

> **dnaA**

Function: protein coding sequence; chromosomal replication initiator protein (core genome, constant)

Best match: dnaA_D89066.1[456:1817] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 9187 ... 10549; Length: 1362 bp

Sequence:

```
ATGTCGGAAAAAGAAATTTGGGAAAAAGTGCTTGAAATTGCTCAAGAAAAATTATCAGC
TGTAAGTTACTCAACTTTCTAAAAGATACTGAGCTTTACACGATTAAGATGGTGAAGC
TATCGTATTATCGAGTATTCCTTTTAATGCAAATTGGTTAAATCAACAATATGCTGAAATT
ATCCAAGCAATCTTATTTGATGTTGTAGGCTATGAAGTTAAACCTCACTTTATTACTACTG
AAGAATTAGCAAATTATAGTAATAATGAAACTGCTACTCCAAAAGAAACAACAAAACCT
TCTACTGAAACAACCTGAGGATAATCATGTGCTTGGTAGAGAGCAATTCAATGCCATAAC
ACATTTGACACTTTTGTAAATCGGACCTGGTAACCGCTTTCCACATGCAGCAAGTTAGCTG
TAGCCGAAGCACCAGCCAAAGCGTACAATCCATTATTTATCTATGGAGGTGTTGGTTTAG
GAAAAACCCATTTAATGCATGCCATTGGTCATCATGTTTTAGATAATAATCCAGATGCCA
AAGTGATTTACACATCAAGTGAAAAATTCACAAATGAATTTATTAATCAATTCGTGATA
ACGAAGGTGAAGCTTTCAGAGAAAGATATCGTAATATCGACGTCTTATTAATCGATGATA
TTCAGTTCATACAAAACAAGGTACAAACACAAGAAGAATTTTTCTATACTTTTAATGAAT
TGCATCAGAATAACAAGCAAATAGTTATTTTCGAGTGATCGACCACCAAAGGAAATTGCAC
AATTAGAAGACCGATTACGTTACGCTTTGAATGGGGGCTAATTGTTGATATTACGCCAC
CAGATTATGAACTCGAATGGCAATTTTGCAGAAGAAAATTGAAGAAGAAAAATTAGAT
ATTCCACCAGAAGCTTTAAATTATATAGCAAATCAAATCAATCTAATATTCGTGAATTA
GAAGGTGCATTAACACGTTTACTTGCATATTCACAATTATTAGGAAAACCAATTACAAC
GAATTAAGTCTGAAGCTTTAAAAGATATCATTCAAGCACCAAATCTAAAAAGATTACC
ATCCAAGATATTCAAAAAATTGTAGGCCAGTACTATAATGTTAGAATTGAAGATTTTCAGT
GCAAAAAAACGTACAAAGTCAATTGCATATCCGCGTCAAATAGCTATGTACTTGTCTAGA
GAGCTTACAGATTTCTCATTACCTAAAATTGGTGAAGAATTTGGTGGGCGTGATCATAACG
ACCGTCATTCATGCTCATGAAAAATATCTAAAGATTTAAAAGAAGATCCTATTTTTAAA
CAAGAAGTAGAGAATCTTGAAAAAGAAATAAGAAATGTATAA
```

> **dnaN**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase III subunit beta (core genome, constant)

Best match: dnaN_CC001-ST772_118_AJGE0100004.1[31202:32335:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 10826 ... 11960; Length: 1134 bp

Sequence:

```
ATGATGGAATTCACTATTAAGAGATTATTTTATTACACAATTAATGACACATTAATAA
GCTATTTACCAAGAACAACATTACCTATATTAAGTGGTATCAAAATCGATGCGAAAGAA
CATGAAGTTATATTAAGTGGTTCAGACTCTGAAATTTCAATAGAAATCACTATTCCTAAA
ACTGTAGATGGCGAAGATATTGTCAATATTTTCAGAAACAGGCTCAGTAGTACTTCCTGGA
CGATTCCTTTGTTGATATTATAAAAAAATTACCTGGTAAAGATGTTAAATTATCTACAAATG
ACAATTCCAGACATTAATTACATCAGGTCATTCTGAATTTAATTTAAGTGGCTTAGATCC
AGATCAATATCCTTTATTACCTCAAGTTTCTAGAGATGACGCAATTCAATTGTCGGTAAAA
GTGCTTAAAAACGTGATTGCACAAACAAATTTTGCAGTGTCCACCTCAGAAACACGCCCA
GTACTAACTGGTGTGAACTGGCTTATACAAGAAAATGAATTAATATGCACAGCGACTGAC
TCACACCGCTTGGCTGTAAGAAAGTTGCAGTTAGAAGATGTTTCTGAAAACAAAAATGTC
ATCATTCCAGGTAAGGCTTTAGCTGAATTAATAAAATTATGTCTGACAATGAAGAAGAC
ATTGATATCTTCTTTGCTTCAAACCAAGTTTTATTAAAGTTGGAAATGTGAACTTTATTT
TCGATTATTAGAAGGACATTATCCTGATACAACACGTTTATTCCCTGAAAACCTATGAAATT
AAATTAAGTATAGACAATGGGGAGTTTTATCATGCGATTGATCGTGCCTCTTTATTAGCAC
GTGAAGGTGGTAATAACGTTATTAATTAAGTACAGGTGATGACGTTGTTGAATTATCTT
CTACATCACCAGAAATTGGTACTGTAAAAGAAGAAGTTGATGCAAACGATGTTGAAGGT
GGTAGCCTGAAAATTTCACTCAACTCTAAATATATGATGGATGCTTTAAAAGCAATCGAT
AATGATGAGGTTGAAGTTGAATTCTTCGGTACAATGAAACCATTTATTCTAAAACCAAAA
GGTGACGACTCGGTAACGCAATTAATTTTACCAATCAGAACTTACTAA
```

> **recF**

Function: protein coding sequence; DNA replication and repair protein F (core genome, constant)

Best match: recF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[3912:5024] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 12582 ... 13695; Length: 1113 bp

Sequence:

```
ATGAAGTTAAATACACTCCAATTAGAAAATTATCGTAACTATGATGAGGTTACGTTGAAA
TGTCATCCTGACGTGAATATCCTCATTGGAGAAAATGCACAAGGAAAGACAAATTTACTT
GAATCAATTTATACCTTAGCTTTAGCAAAAAGTCATAGAACGAGTAATGATAAGGAACTC
ATACGTTTTAATGCTGATTATGCTAAAATAGAAGGTGAGCTTAGTTATAGACACGGCACG
ATGCCATTAACAATGTTTTATAACTAAAAAAGGTAACAAGTCAAAGTGAATCACTTAGAG
CAAAGTCGTCTAACTCAATATATTGGACACCTCAATGTGGTTCTATTTGCGCCAGAAGATT
TGAATATTGTAAGGCTCTCCTCAAATAAGACGACGCTTTATAGATATGGAGTTGGGCC
AAATTTCTGCTGTTTACTTAAATGATTTAGCTCAATACCAACGTATTTTAAAGCAAAAAGAA
TAATTACTTAAAGCAGTTACAATTAGGCCAAAAAAGGACTTAAACAATGTTGGAAGTATT
AAATCAGCAGTTTGCTGAATATGCAATGAAAGTAACTGATAAACGTGCACATTTTATTCA
AGAGCTAGAGTCGTTAGCTAAACCGATTCATGCTGGTATCACAAATGATAAAGAAGCGTT
GTCGCTGAATTATTTACCTAGTCTTAAATTTGATTATGCTCAAAATGAAGCGGCACGACTT
GAAGAAATTATGTCTATTCTTAGCGATAATATGCAAAGAGAAAAAGAACGAGGCATTAG
CTTATTCGGACCACATCGAGATGATATAAGTTTTGATGTGAATGGCATGGATGCTCAAAC
ATATGGTTCTCAAGGACAGCAACGTACAACGGCTTTGTCCATTAAATTAGCTGAAATTGA
GTTAATGAATATCGAAGTTGGGGAATATCCCATCTTATTATTAGACGATGTACTCAGTGA
ATTAGATGATTCGCGTCAAACGCATTTATTAAGTACGATTCAGCATAAAGTACAAACATT
TGTCACTACGACATCTGTAGATGGTATTGATCATGAAATCATGAATAACGCTAAATTGTA
TCGTATTAATCAAGGTGAAATTATAAAGTAA
```

> **yaaA**

Function: protein coding sequence; RNA-binding S4 domain protein (core genome, constant)

Best match: yaaA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[3670:3915] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 12340 ... 12586; Length: 246 bp

Sequence:

```
GTGATTATTTTGGTTCAAGAAGTTGTAGTAGAAGGAGACATTAATTTAGGTCAATTTCTA
AAAACAGAAGGGATTATTGAATCTGGTGGTCAAGCAAAATGGTTCTTGCAAGACGTTGA
AGTATTAATTAATGGAGTGCCTGAAACACGTCGCGGTA AAAAGTTAGAACATCAAGATC
GTATAGATATCCAGAATTACCTGAAGATGCTGGTTCTTTCTTAATCATTCAAGGTGA
ACAATGA
```

> **gyrB**

Function: protein coding sequence; DNA topoisomerase type II subunit B (core genome, constant)

Best match: gyrB_CC001-ST772_118_AJGE0100004.1[27523:29457:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 13704 ... 15639; Length: 1935 bp

Sequence:

```
ATGGTGACTGCATTGTCAGATGTAAACAACACGGATAATTATGGTGCTGGGCAAATACAA
GTATTAGAAGGTTTAGAAGCAGTACGTAAAAGACCAGGTATGTATATAGGATCGACTTCA
GAGAGAGGTTTGCACCATTTAGTGTGGGAAATTGTCGATAATAGTATCGATGAAGCATT
GCTGGTTATGCAAATCAAATTGAAGTTGTTATTGAAAAAGATAACTGGATTAAAGTAACG
GATAACGGACGTGGTATCCAGTTGATATTCAAGAAAAAATGGGACGTCCAGCTGTCTGA
AGTTATTTTAACTGTTTTACATGCTGGTGGTAAATTCGGCGGTGGCGGATACAAAGTATCT
GGTGGTTTACATGGTGTGGTTCATCAGTTGTAAACGCATTGTCACAAGACTTAGAAGTA
TATGTACACAGAAATGAGACTATATATCATCAAGCATATAAAAAAGGTGTACCTCAATTT
GACTTAAAAGAAGTTGGCACAACACTGATAAGACAGGTACTGTCATTTCGTTTTAAAGCAGAT
GGAGAAATCTTCACAGAGACAACACTGTATACAACTATGAAACATTACAGCAGCGTATTAG
AGAGCTTGCTTTCTTAAACAAAGGAATTCAAATCACATTAAGAGATGAACGTGATGAAGA
AAACGTTAGAGAAGACTCCTATCACTATGAGGGCGGTATTAATTCGTACGTTGAGTTATT
GAACGAAAATAAAGAACCTATTCATGATGAGCCAATTTATATTCATCAATCTAAAGATGA
TATTGAAGTAGAAATTGCGATTCAATATAACTCAGGATATGCCACAAATCTTTTAACTTA
CGCAAATAACATTCATACGTATGAAGGTGGTACGCATGAAGACGGATTCAAACGTGCATT
```

AACGCGTGTCTTAAATAGTTATGGTTTAAAGTAGCAAGATTATGAAAGAAGAAAAAGATA
GACTTTCTGGTGAAGATACACGTGAAGGTATGACAGCAATTATATCTATCAAACATGGTG
ATCCTCAATTCGAAGGTCAAACGAAGACAAAATTAGGTAATTCTGAAGTGCCTCAAGTTG
TAGATAAATTATTCTCAGAGCACTTTGAACGATTTTTATATGAAAATCCACAAGTCGCAC
GTACAGTGGTTGAAAAAGGTATTATGGCGGCACGTGCACGTGTTGCTGCGAAAAAAGCG
CGTGAAGTAACACGTTCGTAATCAGCGTTAGATGTAGCAAGTCTTCCAGGTAAATTAGCC
GATTGCTCTAGTAAAAGTCCTGAAGAATGTGAGATTTTCTTAGTTCGAAGGGGACTCTGCC
GGGGGTCTACAAAATCTGGTTCGTGACTCTAGAACGCAGGCGATTTTACCATTACGAGGT
AAGATATTAATGTTGAAAAAGCACGATTAGATAGAATTTTGAATAACAATGAAATTCGT
CAAATGATCACAGCATTGTTGACAGGAATCGGTGGCGACTTTGATCTAGCGAAAGCAAG
ATATCACAAAATCGTCATTATGACTGATGCCGATGTGGATGGAGCGCATATTAGAACATT
GTTATTAACATTCTTCTATCGATTTATGAGACCGTTAATTGAAGCAGGCTATGTGTATATT
GCACAGCCACCGTTGTATAAACTGACACAAGGTAACAAAAGTATTATGTATACAATGAT
AGGGAACCTTGATAAACTTAAATCTGAATTGAATCCAACACCAAAAATGGTCTATTGCACGA
TACAAAGGTCTTGGAGAAATGAATGCAGATCAATTATGGGAAACAACAATGAACCCTGA
GCACCGCGCTCTTTTACAAGTAAAACCTGAAGATGCGATTGAAGCGGACCAACATTTGA
AATGTTAATGGGTGACGTTGTAGAAAACCGTAGACAATTTATAGAAGATAATGCAGTTTA
TGCAAACCTTAGACTTCTAA

> **gyrA**

Function: protein coding sequence; DNA topoisomerase type II subunit A (core genome, constant)

Best match: gyrA_CC005_04-02981_CP001844.2[7005:9674] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 15675 ... 18345; Length: 2670 bp

Sequence:

ATGGCTGAATTACCTCAATCAAGAATAAATGAACGAAATATTACCAGTGAAATGCGTGA
ATCATTTTTAGATTATGCGATGAGTGTATCGTTGCTCGTGCATTGCCAGATGTTTCGTGAC
GGTTTAAAACCAGTACATCGTCGTATACTATATGGATTAATGAACAAGGTATGACACCG
GATAAATCATATAAAAAATCAGCACGTATCGTTGGTGACGTAATGGGTAAATATCACCCCT
CATGGTGACTTATCTATTTATGAAGCAATGGTACGTATGGCTCAAGATTTTCAGTTATCGTT
ATCCGCTTGGTATGGCCAAGGTAACTTTGGTTCAATGGATGGAGATGGCGCAGCAGCAA
TGCGTTATACTGAAGCGCGTATGACTAAAATCACACTTGAACGTTACGTGATATTAATA
AAGATACAATAGATTTTATCGATAACTATGATGGTAATGAAAGAGAGCCGTCAGTCTTAC
CTGCTCGATTCCCTAACTTGTTAGCCAATGGAGCATCAGGTATAGCGGTAGGTATGGCAA
CGAATATCCACCACATAACTTAACAGAATTAATCAATGGTGTACTTAGCTTAAGTAAGA
ACCCTGATATTTCAATTGCTGAGTTAATGGAGGATATTGAAGGTCCTGATTTCCCAACTGC
TGGACTTATTTTAGGTAAGAGTGGTATTAGACGTGCATATGAAACAGGTCGTGGTTCAAT
TCAAATGCGTTCTCGTGCAGTTATTGAAGAACGTGGAGGCGGACGTCAACGTATTGTTGT
CACTGAAATTCCTTTCCAAGTGAATAAGGCTCGTATGATTGAAAAAATTGCAGAGCTCGT
TCGTGACAAGAAAATTGACGGTATCACTGATTTACGTGATGAAACAAGTTTACGTACTGG
TGTGCGTGTGCTTATTGATGTGCGTAAGGATGCAAATGCTAGTGTCAATTTAAATAACTTA
TACAAACAACACCTCTTCAAACATCATTTGGTGTGAATATGATTGCACTTGTAAATGGT
AGACCGAAGCTTATTAATTTAAAAGAAGCGTTGGTACATTATTTAGAGCATCAAAGACA
GTTGTTAGAAGACGTACGCAATACAACCTACGTAAAGCTAAAGATCGTGCCACATTTTA
GAAGGATTACGTATCGCACTTGACCATATCGATGAAATTTTCAACGATTCGTGAGTCA
GATACAGATAAAGTTGCAATGGAAAGCTTGCAACAACGCTTCAAACCTTCTGAAAAACA
AGCTCAAGCTATTTTAGACATGCGTTTAAAGACGTCTAACAGGTTTAGAGAGAGACAAAAT
TGAAGCTGAATATAATGAGTTATTAATTTATATTAGTGAATTAGAAACAATCTTAGCTGA
TGAAGAAGTATTACTACAATTAGTTAGAGATGAATTAACAGAAATTCGAGATCGTTTCGG
TGATGATCGTCGTAAGTAAATCCAATTAGGTGGATTTGAAGATTTAGAAGATGAAGATCT
CATTCCAGAAGAACAATTTGTAATTACACTAAGCCATAATAACTACATTAACGTTTGCC
GGTATCTACATATCGTGCTCAAACCGTGGTGGTTCGTGGTGTCAAGGTATGAATACATT
GGAAGAAGATTTTGTGAGTCAATTGGTAACCTTTAAGTACACATGACCATGTATTGTTCTTT
ACTAACAAGGTCGTGTATACAACTTAAAGGTTATGAAGTGCCTGAGTTATCAAGACAG
TCTAAAGGTATTCCTGTAGTGAATGCTATTGAACTTGAATAATGATGAAGTCATTAGTACA
ATGATTGCTGTAAAGACCTTGAAGTGAAGACAACCTTCTTAGTGTGTTGCAACTAAACGT
GGTGTGCTTAAACGTTTCAGCATTAAGTAACTTCTCAAGAATAAATAGAAATGGTAAGATT

GCGATTTTCGTTTCAGAGAAGATGATGAGTTAATTGCAGTTCGCTTAACAAGTGGTCAAGAA
GATATCTTGATTGGTACATCACATGCATCATTAATTCGATTCCCTGAATCAACATTACGTC
CTTTAGGCCGTACAGCAACGGGTGTGAAAGGTATTACACTTCGTGAAGGTGACGAAGTTG
TAGGGCTTGATGTAGCTCATGCAAACAGTGTTGATGAAGTATTAGTAGTACTGAAAATG
GTTATGGTAAACGTACGCCAGTTAATGACTATCGTTTATCAAATCGTGGTGGTAAAGGTA
TTAAAACAGCTACGATTACTGAGCGTAATGGTAATGTTGTATGTATCACTACAGTAACTG
GTGAAGAAGATTTAATGATTGTTACTAATGCAGGTGTCATTATTCGACTAGATGTTGCAG
ATATTTCTCAAAAATGGTTCGTGCAGCACAAAGGTGTTTCGCTTAATTCGCTTAGGTGATGATCA
ATTTGTTTCAACGGTTGCTAAAAGTAAAAGAAGATGCAGAAGATGAAACGAATGAAGATG
AGCAATCTACTTCAACTGTATCTGAAGATGGTACTGAACAACAACGTGAAGCGGTTGTAA
ATGATGAAACACCAGGAAATGCAATTCATACTGAAGTGATTGATTGAGAAGAAAATGAT
GAAGATGGACGTATTGAAGTAAGACAAGATTTTCATGGATCGTGTTGAAGAAGATATACA
ACAATCATCAGATGAAGATGAAGAATAA

> **txbi_gyrA**

Function: bidirectional rho-independent terminator of gyrA (core genome, constant)

Best match: txbi_gyrA_CC398_SO385-pig_AM990992.19665:9724

Position: 001-contig_254_RC: 18335 ... 18398; Length: 63 bp

Sequence:

TGAAGAATAATAAAAAAATAAGACTTCCCTATATGTAGGGGAGTCTTATTTTTATGCTAG
AAA

> **yjeF**

Function: protein coding sequence; putative carbohydrate kinase (core genome, variable)

Best match: yjeF_CC005_N315_BA000018.3[9762:10592:r]RC (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 18432 ... 19263; Length: 831 bp

Sequence:

TTAACTTTCTAATTGTTTCATTGCGTAAGGTATTTTCATTGATAAGTCTTGATGGTGGTACC
ACATACATATCTTTTGCAAGGTTTTTCGCCAATAAACTATGTGTATATGTGGCACTCATAA
CCGCTTCTTTAAGTTATCAAATTGACCGACAAAACCTTGTAATCATACCAGCAAGTGTATC
GCCCATACCACCAGTCGCCATTGCTGGGCTACCGATTGTTAATTTAAAGTCTTCATCTTTA
AAGAAAATTTTCAGTACCATGTTTTTTAAGTACAACAGTTGCACCTAAACGATCAACTGCT
TCACGATTACGCTCATATGTCTGTTCTCAATAGGAATACCACTTAATCGTTCCCATTCTT
TGAGGTGTGGAGTAAAGATCACACGACATGTAGGTAATTGCGGTTTCAGTTTACTAAAGA
TTGTAATCGCATCGCCGTCTACGATTAAATTTTGATGCGGTTGTATATTTTGTAGTAGGAA
TGTAATGGCATTATTTCCCTTTGAAATCAACGCCAAGACCTGGACCAATTAGTATACTGTCA
GTCATTTCAATCATTTTCGTCAACATTTTCGTATCATTAAATATCAATAACCATCGCTTCTGG
GCAACGAGAATGTAATGCTGAATGATTTGTTGGATGTGTAGCTACAGTGATTAACCACT
ACCGCTAAATACACATGCACGAGCCGCTAACATAATGGCACCACCTAAGTTAGCAGATCC
ACCAATTAATAAAAATTTTGCCATAATCACCTTTATGTGAATCTTCTTTACGCTTAGGAATG
TTAATAGAATTTAACGTTTCCATAGTGATATAACCTCCCAT

> **hutH**

Function: protein coding sequence; histidine ammonia lyase (core genome, constant)

Best match: hutH_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[22077:23591:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 19570 ... 21085; Length: 1515 bp

Sequence:

ATGACTTTATATTTAGATGGTGAACAACACTAACAATTGAGGATATTAATCATTTTTACAAC
ACAATCAAAGATTGAAATTATTGATGATGCGTTAGAACGTGTCAAAAAAAGTAGAGCG
GTAGTTGAACGTATTATTGAAAATGAGGAAACGGTTTACGGTATCACTACAGTTTTGGG
TTATTTAGTGATGTACGTATAGACCCGACGCAATATAATGAATTACAAGTGAATCTGATA
CGCTCACATGCCTGTGGACTAGGTGAGCCATTTTCAAAGAAGTAGCATTAGTCATGATG
ATTTTACGATTGAATACATTATTAAGGTCATTCAGGTGCCACTTTAGAATTAGTGAGA
CAATTACAATTTTTATAAATGAACGTATTATACCGATAATCCCACAACAAGGCTCTCTCG
GTGCATCAGGAGATTTAGCGCCATTATCACATTTAGCATTAGCATTAAATTGGTGAAGGGA

AAGTATTGTACAGAGGGGAAGAAAAGGATAGTGACGATGTATTAAGAGAATTAATAGACAACCTTTGAACCTTCAGGCTAAAGAGGGTTTAGCATTGATTAATGGTACGCAAGCTATGACAGCTCAAGGTGTCATTAGTTATATAGAAGCAGAAGATTTAGGTTACCAATCTGAATGGATTGCTGCATTAACGCATCAGTCTCTTAATGGCATTATAGATGCATATCGACATGATGTGCACTCTGTTTCGTAATTTTCAAGAACAGATTAATGTGGCAGCGCGTATGCGTGATTGGTTAGAAGGATCAACATTAACGACGCGACAAGCAGAAATACGTGTACAAGATGCATATACGTTGCGTTGTATAACCACAAATCCATGGCGCGAGTTTTCAAGTATTCAATTATGTTAAACAGCAATTAGAATTTGAAATGAATGCGGCTAATGATAATCCACTTATATTTGAGGAAGCAAATGAAACGTTTGTATTTCAGGTGGTAACTTCCATGGACAACCTATTGCTTTTGCATTAGATCATCTTAAATTAGGTGTAAGTGAATTAGCAAACGTATCGGAACGTCGTCTAGAGCGACTAGTAAATCCTCAATTAATGGTGATTTACCAGCATTCTTAGTCCAGAGCCAGGATTGCAAAGTGGCGCGATGATTATGCAATATGCTGCTGCAAGTCTCGTTTCTGAAAATAAACTTTAGCGCATCCAGCGAGTGTGATTCTATCACTTCATCTGCGAACCAAGAAGATCACGTATCTATGGAACTACAGCTGCTAGACATGGTTATCAAATTATTGAAAATGCAAGACGTGTGTTGGCAATCGAATGTGTTATTGCATTACAAGCAGCAGAGTTGAAAGGTGTCGAAGGATTATCACCAA AACACGTCGTAAATATGAGGAGTTTCGAAGTATCGTGCCATCCATTACACATGACCGTCAATTTATAAAGATATTGAAGCGGTTGCACAGTATTTAAAGCAATCAATTTATCAAACGACTGCATGTCACTAA

> **tbox01**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox01_CC001-ST772_118_AJGE0100004.1[21788:21999:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 21162 ... 21374; Length: 212 bp

Sequence:

CATTGTTTCGTAGGACAAGTAATATATAGTGTTTCGATATCAGAGAGCTTGTGGTTAGTGTG AACAAGAATCAACATATATATGAATCTACCTACTTAATTTAAAAGAACAATCGGTGATAA CCGTTATTTTAGTGAAGTGCAATTTAGGTTTAGTTTATCTTTATAACTTAAATTGTTAAAT AGGGTGGCAACGCGTAGACCACGTCCCTTGT

> **serS**

Function: protein coding sequence; seryl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: serS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[12793:14079] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 21463 ... 22750; Length: 1287 bp

Sequence:

ATGTTAGACATTAGATTATTCAGAAATGAGCCTGACACAGTTAAGAGCAAAATTGAATTA CGTGGAGATGATCCAAAAGTTGTAGATGAAATTTTAGAATTGGATGAGCAACGACGTAA ATTAATTAGTGCAACAGAAGAAATGAAAGCACGTCGTAATAAAGTAAGCGAAGAAATCG CATTAAAAAACGTAATAAAGAAAATGCTGATGATGTGATTGCTGAAATGCGCACATTA GGTGACGATATTAAGAAAAAGATAGTCAATTAATGAAATTGATAATAAAATGACAGG TATCCTTTGTCGATTCCAAATTTAATAAGTGATGATGTACCTCAAGGTGAATCTGATGAA GATAACGTTGAAGTTAAAAGTGGGGTACACCACGTGAGTTTTTCATTTGAACCAAAGCA CATTGGGATATTGTAGAAGAATTGAAAATGGCTGATTTTGATCGTGACGCAAAAGTTTCA GGTGCGCGTTTTGTATATTTAACAAATGAAGGTGCGCAATTAGAGCGTGCTTTAATGAAC TATATGATTACAAAACATACAACACAACATGGTTATACAGAAATGATGGTACCACAGCTT GTGAACGCAGATACAATGTATGGTACAGGTCAATTACCTAAATTTGAAGAAGATTTATTT AAAGTAGAAAAAGAAGGATTATATACAATTCCAACCTGCTGAAGTACCATTAACGAATTTT TACCGTAATGAAATTATTCAACCAGGTGTACTTCCTGAAAAATTCCTGGTCAATCTGCAT GTTTCCGTAAGTGAAGCAGGATCAGCAGGTAGAGATACAAGAGGATTAATTCGTTTACATC AATTCGATAAAGTGGAAATGGTACGTTTTGAACAACCTGAAGATTCATGGAATGCTTTAG AAGAAATGACAACAAATGCAGAAGCAATTCTAGAAGAGTTAGGTTTACCATACCGTCGT GTTATTTTATGTACAGGTGATATTGGATTTAGTGCAAGCAAAACATATGATATAGAAGTT TGGTTACCAAGCTACAATGATTATAAAGAAATTAGTTCATGCTCAAACCTGTACGGATTTT CAAGCGCGTCGTGCTAACATCCGCTTCAAGCGTGACAAAGCAGCTAAACCAGAATTAGC ACATACATTAATGGTAGTGGTTTAGCAGTTGGACGTACATTTGCTGCTATTGTTGAAAAT

TACCAAAATGAAGATGGAACAGTAACAATTCCAGAAGCATTAGTACCATTTATGGGTGGT
AAAACACAAATTTCAAAACCAGTTAAATAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 21994 ... 22003; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **azlC**

Function: protein coding sequence; branched chain amino acid transporter (core genome, variable)

Best match: azlC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[14730:15425] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 23400 ... 24096; Length: 696 bp

Sequence:

ATGGCAACACATTTAAGTTTTACACAAGGCGTACAAGAGTGTATCCCAACATTATTGGGT
TATGCCGGTGTGGTATTTTCATTTGGTATTGTGGCTTCGTCTCAAACTTTAGTATTTTAGA
AATTATCTTGTTATGTCTTGTTATATATGCCGGTGCTGCGCAATTTATTATGTGCGCGTTGT
TTATAGCAGGTACACCGATATCAGCGATTGTACTAACTGTATTTATCGTAAATTCAAGAA
TGTTCTTTTAAAGTATGTCTGCTTGCACCAAACCTCAAGACATATGGGTTTTGGAACCGTGT
TGGATTAGGTTTATTAGTAAGTACTGACGAAACGTTTGGCGTCGCCATTACACCTTATTTAAAA
GGAGAAGCTATCAATGATCGTTGGATGCATGGTCTTAATATCACAGCATATTTATTTTGG
GCAATTTTATGTGTAGCTGGGGCTTTATTTGGCGAATATATCTCAAATCCGCAAACGCTA
GGGTTAGATTTTGTCTATCACGGCTATGTTTATCTTTTTGGCCATTGCGCAATTTGAATCAA
TTACTAAATCGCGATTAAGAATTTACATAGTACTCATTATTGCCGTCATAGTAATGATGTT
ATCGCTAAGTATGTTTATGCCTTCATATCTAGCAATATTAATTGCAGCCACAATTTTCAGCA
GCGTTAGGAGTGATGATGGAACGATGA

> **azlD**

Function: protein coding sequence; branched chain amino acid transporter (core genome, constant)

Best match: azlD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[15422:15751] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 24092 ... 24422; Length: 330 bp

Sequence:

ATGATAACTCATATGAACATGTTAATACTTATTTTATTGTGTGGTATCGTAAACGCTATTAA
TTCGAATTATACCTTTTATCATGATTTCAAAAGTGCAATTGCCTGATGTTGTGGTTTCGATG
GCTATCATTATCCCAATCACACTATTTACGGCACTTGTCAATTGACAGCATTATTCAACAG
ACGCCTCATGGTGAGGGGTATACATTAACATCCCTTACATTATCGCGCTCATTCCGACG
GTTATTTTATCTATAATCACGCGTAGTTTAACTATTACAATTATTAGTGGGATTGTTATCA
TGGCAACATTACGATTTTTCTTTTAA

> **sam-L1**

Function: noncoding RNA SAM riboswitch locus 1 (core genome, constant)

Best match: sam-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[15949:16047] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 24626 ... 24725; Length: 99 bp

Sequence:

TTCTTATTGTGAGAAGTTGAGGGACTTGGCCCTGTGATACTTCAGCAACCGACTTTATAGC
ACGGTGCTAAAACCAACGAGTTACTCGAATGATAAGTA

> **metX**

Function: protein coding sequence; homoserine O-acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: metX_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[16115:17083] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 24784 ... 25753; Length: 969 bp

Sequence:

ATGACAAATTACACAGTAGATACTTTAAATCTAGGGAAATTTATTACAGAATCTGGGGAA
GTCATAGATAACTTGCCTTTGAGATATGAGCATGTTGGTTATCATGGACAACCATTAGTT

GTAGTTTGTGCATGCATTAACCTGGCAATCATTTAACATATGGAACAGATGATTATCCGGGT
GGTGGCGAGAAATTATTGATGGGGGATATATACCCATTACGATTATCAATTTTAAACAT
TTGATGTTATTGGTAGTCCTTTTCGGTTCAAGTTCACCTTTAAACGACCCTCATTTTCCTAAA
AAATTAACATTAAGAGATATAGTCAGAGCGAATGAACGAGGTATAACAAGCCCTTGGTTAT
GATAAGATTAATATTTTAAATAGGGGGAAGTCTTGGAGGTATGCAAGCAATGGAACACTT
TACAATCAACAGTTTGAAGTAGATAAAGCCATTATCCTTGCTGCAACAAGTCGAACATCA
TCTTATAGTAGAGCTTTCAATGAAATTGCAAGGCAAGCCATTATCTTGGTGGTAAGGAA
GGTCTAAGTATTGCACGCCAATTAGGTTTTTTGACATATCGATCATCAAAAAGTTATGATG
AACGTTTACGCCGGATGAAGTAGTCGCATACCAACAACATCAAGGTAATAAATTTAAAG
AACATTTTGATTTGAATTGTTATCTGACACTGCTAGATGTATTGGATAGTCACAACATTGA
CCGAGGTCGCACAGACGTAACGCATATTTTAAAAATTTAGAAACGAAAGTCTTAACGAT
GGGTTTCATAGATGATTTGCTATATCCGGACGATCAAGTTCGTGCATTAGGTGAACGTTTT
AAATATCATCGTCATTTCTTCGTGCCTGATAATGTTGGACATGATGGATTCTACTAACT
TTAGTACCTGGGCACCTAATTATATCATTTCTTAAATTTAAAGCATTTTAAGCGTAAGTA
A

> Q6GD77

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q6GD77_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[16178:17164:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 25997 ... 26984; Length: 987 bp

Sequence:

TTGTTAATTTCCATTAAGAGAGGTTAAATAAATAGCTATAGTTAAAAATATGGGAGTGGCT
TATGTGTTTTCAAAAATACAACCTAAAGCAACAATAATTGCAACGATTACGTTGGTATTT
GTCGCTTTAGCTTTATATCTAGTGCCTGGTTTGGGACTAATATTTGCATTATTTGCAACCA
TACCAGGTATCGTTTTATGGAATAAATCAATACAATCTTTCGGGGTTAGTGCACCTATTAC
AGTAATTATAACAACCTGTTTTAGGTAATACTTTTCGTTTTAAGTGCCATCATATTAGTCTTA
ATTGCAAGTTAATTATTGGTCAATTGCTCAAAGAAAGAACGTCTAAAGAAAGAATGTTA
TACGTAACAACAGTAGCGATGAGCTTAATTTCAATTCGCTTTTATGTTACTACAAACAT
TCGGAAGGATTCCACCATCAGCGAGCATAGTAAAACCTTCAAGCAAACATTACATGAAG
CGATTACGATGAGCGGTGCCGATGCGAATATGACCCAAATATTAGAAGAAGGGTTTAGA
CAAGCGACCGTTCAATTACCAGGTTTCATCATTATCATTACATTTTAAATTGTCTTAATTA
ACTTAATCGTTACATTTCCGGTTTTACGAAAATTTAAAATCGCTACACCTGTATTTAAGCC
ACTTTTCGCGTGGCAAATGAGCGGTATTTTATTATGGATATACATTATTGTTATCATATGT
TTATTATTTACAGGTCAACCGAGTGTGTTCCAGAGCATTCTTTTAAACTTCCAACCTTGTGT
TATCATTAGTAATGTATATTCAAGGTTTAAAGTGTTATTCATTTCTTTGGTAAAGCGAAAGG
TTTGCCGAATGCAGTAACGATTTTACTATTGATTATCGGTACAATACTGACACCTACGACA
CATATTGTAGGACTACTTGGTGTATCGATTTAAGTTTGAATTTGAAGCGAATCATGAAA
AATAATTCTAAAAAGTGA

> gdpP

Function: protein coding sequence; cyclic di-AMP phosphodiesterase (core genome, constant)

Best match: gdpP_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[14196:16163:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 26998 ... 28966; Length: 1968 bp

Sequence:

ATGAATCGGCAGTCCACTAAGAAAGCTTTACTAATACCATTTGTCATCATGATCATCACA
GCAATTGTTTTAATGGGTGTATGGTTTATCTTTAATAGTCTTATAGCATTAAATTGCATCTAT
CGTTCTTGTGCGTATGATTATTGTTAGCATCATTTTATTCAGACAAGCTTTAATGAAAATG
GATAGTTATGTAGATGGTTTGGAGTCTCAAATTTCAACAACAATAATAAAGCAATCAAA
CATTTACCAATTGGTATCATTGTTTTAGATGAAAATGATCACATCGAATGGGTTAACCAAT
TTATGACAAATCATATGGAAGCAAATGTCATTTCTGAATCTGTAATGAAGTATTTCCAA
ACATTTTAAAGCAATTAGATAGAGTGAAATCCGTTGAAATAGAATATAATCAGTATCATT
TCCAAGTACGTTATTCTGAGAATGATCATTGCCTCTATTTCTTTGATATAACTGAACAAGT
ACAAACAATGAACTATATGAAAATTCTAAACCAATCATTGCGACATTATTTTATAGATAA
CTACGATGAGATTACTCAAATATGAATGATACGCAGCGTTCGGAAATCAATTCAATGGT
AACGCGTGTATTAGTCGATGGGCAACTGAGTATAATATATTCTTTAAAGGTATAGTTC

CGATCAATTCGTAGCCTATTTAAATCAAAAAATATTAGCTGACTTAGAAGAATCTAAATT
TGATATCTTGAGTCAATTACGTGAAAAAGTGTGGTTATCGTGCCCAATTAACATTAAG
TATTGGTGTGGTGAAGGTACTGAAAATTTAATCGATTTAGGTGAATTATCACAATCAGG
CCTAGACTTAGCATTAGGGCGCGGTGGCGACCAAGTTGCAATTAAGTATTAATGGTAA
TGTGCGTTTCTATGGCGGTAAGACTGACCCGATGGAGAAACGTACTCGTGTAAGAGCACG
AGTGATCTCACATGCGTTAAAAGATATCCTTGCAGAGGGTGACAAAGTCATTATCATGGG
ACATAAACGTCCTGACTTAGATGCAATTGGTGCAGCAATCGGTGTGTCTAGATTTGCAAT
GATGAATAATTTAGAAGCATACATCGTATTAATGAGACTGACATTGATCCAACATTACG
ACGCGTGATGAACGAAATTGATAAAAAGCCAGAGTTAAGAGAGCGATTTATAACATCAG
ATGATGCTTGGGATATGATGACATCTAAGACAACCGTAGTGATTGTTGATACGCATAAAC
CGGAACTGGTTTTAGATGAAAATGTCTTAAATAAAGCAAACCGTAAAGTTGTTATCGATC
ATCATAGACGTGGTGAAAGCTTCATCTCTAATCCATTGTTGATATATATGGAACCATACG
CAAGTTCAACAGCTGAATTGGTAACAGAGTTACTGGAATATCAACCAACAGAACAACGTT
TAACACGTCTTGAATCAACAGTGATGTATGCAGGTATTATTGTAGATAACAAGAACTTTA
CATTACGAACAGGATCAAGAACATTCGATGCAGCGAGTTATTTACGTGCACATGGTGCAG
ATACGATTTTAAACGCAACATTTCTTAAAAGATGATGTGGATACTTACATTAATCGATCTGA
ATTAATTCGAACTGTAAAAGTTGAAGATAATGGCATAGCCATTGCGCATGGTTCAGACGA
TAAAATTTATCATCCAGTAACAGTTGCACAAGCAGCAGATGAACTGTTAAGTTTAGAAGG
TATTGAAGCATCATATGTTGTTGCGAGACGTGAAGATAATCTGATTGGTATATCTGCGCG
TTCCTCGTTTCAGTAAATGTTTCAGTTAACAATGGAAGCACTTGGTGGCGGTGGACATTT
AACCAATGCTGCAACACAACCTTAAAGGTGTGACAGTCGAAGAGGCGATAGCACAAATTAC
ACAAGCAATTACAGAACAATTAAGTAGGAGTGAAGATGCATGA

> **rplI**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L9 (core genome, constant)

Best match: rplI_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[20293:20739] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 28962 ... 29409; Length: 447 bp

Sequence:

ATGAAAGTAATTTTTACACAAGATGTTAAAGGTAAAGGTAAAAAAGGTGAAGTTAAAGA
AGTACCAGTAGGTTATGCAAATAACTTCTTATTGAAAAAGAATTATGCTGTAGAAGCAAC
ACCAGGTAACCTTAAACAATTAGAGTTACAGAAAAACGTGCAAAAACAAGAACGCCAAC
AAGAAATTGAAGATGCTAAAGCATTAAAAGAAACGTTATCAAACATTGAAGTTGAAGTA
TCAGCAAAAACCTGGTGAAGGTGGTAAATTGTTTGGATCAGTAAGTACAAAACAATTGCC
GAAGCACTAAAAGCACAAACATGATATTAATTTGATAAACGTAAAATGGATTTACCAA
TGGAATTCATTCCCTAGGATATACGAATGTACCTGTTAAATTAGATAAAGAAGTTGAAGG
TACAATTCGCGTACACACAGTTGAACAATAA

> **dnaC**

Function: protein coding sequence; replicative DNA helicase (core genome, constant)

Best match: dnaC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[20771:22171]

Position: 001-contig_254_RC: 29440 ... 30841; Length: 1401 bp

Sequence:

ATGGATAGAATGTATGAGCAAAATCAAATGCCACATAACAATGAAGCTGAACAGTCTGT
CTTAGGTTCAATTATTATAGATCCAGAATTGATTAATACTACTCAGGAAGTTTTGCTTCT
GAGTCGTTTTATAGGGGTGCCCATCAACATATTTCCGTGCAATGATGCACTTAAATGAA
GATAATAAAGAAATTGATGTTGTAACATTGATGGATCAATTATCGACGGAAGGTACGTTG
AATGAAGCGGGTGGCCCGCAATATCTTGCAGAGTTATCTACAAATGTACCAACGACGCGA
AATGTTTCAGTATTATACTGATATCGTTTCTAAGCATGCATTAACCGTAGATTGATTCAA
CTGCAGATAGTATTGCCAATGATGGATATAATGATGAACTTGAAGTAGATGCGATTTTAA
GTGATGCAGAACGTCGAATTTTAGAGCTGTCATCTTCTCGTGAAAGCGATGGCTTTAAAG
ACATTCGAGACGTCTTAGGACAAGTGTATGAAACAGCTGAAGAGCTTGATCAAAATAGT
GGTCAAACACCAGGTATACCTACAGGGTATCGAGATTTAGACCAAATGACAGCAGGGTT
CAACCGAAATGATTTAATTATCCTTGCAGCGCGTCCATCTGTAGGTAAAGACTGCGTTTCG
ACTAATATTGCACAAAAAGTTGCAACGCATGAAGATATGTATACAGTTGGTATTTTCTC
ACTAGAGATGGGTGCTGATCAGTTAGCCACACGTATGATTTGTAGTTCTGGTAATGTTGA

CTCAAACCGCTTAAGAACGGGTACTATGACTGAGGAAGATTGGAGTCGTTTTACTATAGC
GGTAGGTAAATTATCACGTACGAAGATTTTTATTGATGATACACCGGGTATTTCGAATTAA
TGATTTACGTTCTAAATGTCGTCGATTAAAGCAAGAACATGGCTTAGACATGATTGTGAT
TGACTACTTACAGTTGATTCAAGGTAGTGGTTCACGTGCGTCCGATAACAGACAACAGGA
AGTTTCTGAAATCTCTCGTACATTAAGCATTAGCCCGTGAATTAGAATGTCCAGTTATC
GCATTAAGTCAGTTATCTCGTGGTGTGAACAACGACAAGATAAACGTCCAATGATGAGT
GATATTCGTGAATCTGGTTCGATTGAGCAAGATGCTGATATCGTTGCGTTCCTTATACCGTG
ATGATTACTATAACCGTGGTGGCGATGAAGATGATGACGATGATGGTGGTTTCGAGCCAC
AAACGAATGATGAAAACGGTGAATTTGAAATTATCATTGCTAAGCAACGTAACGGTCCA
ACAGGCACAGTTAAGTTACACTTTATGAAACAATATAATAAATTTACCGATATCGATTAT
GCACATGCAGATATGATGTAA

> **purA**

Function: protein coding sequence; adenylosuccinate synthetase (core genome, constant)

Best match: purA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[22449:23732]

Position: 001-contig_254_RC: 31119 ... 32403; Length: 1284 bp

Sequence:

ATGTCATCAATCGTAGTAGTTGGGACACAATGGGGAGACGAAGGAAAAGGAAAAATAAC
GGATTTCTTGGCAGAACAGTCAGATGTTATCGCGCGTTTTTTCAGGTGGTAATAATGCAGG
CCATACCATTCAATTTGGCGGAGAAACATATAAATTACATTTAGTACCATCTGGTATCTTT
TACAAAGACAAATTAGCGGTAATCGGTAACGGTGTGCTTGTGATCCAGTTGCACTATTG
AAAGAATTAGACGGATTAATGAACGTGGCATTCTACAAGTAATTTACGTATATCTAAT
CGTGCACAAGTGATTTTACCATATCACTTAGCACAAGATGAATATGAAGAACGTTTACGC
GGTGACAATAAGATTGGTACAATAAAAAAGGTATCGGTCCAGCATATGTAGACAAAGT
TCAACGTATCGGTATTCGTATGGCAGATTTACTTGAAAAAGAAACATTCGAAAGATTATT
AAAATCAAACATTGAATATAAACAAGCATATTTCAAAGGTATGTTTAAACGAAACATGTCC
ATCATTGTGATGATATCTTTGAAGAATACTATGCTGCAGGTCAACGTTTAAAGAATTTGTA
ACAGACACATCAAAAATCTTAGACGATGCATTTGTAGCAGATGAAAAGGTACTTTTCGAA
GGTGCACAAGGTGTAATGTTAGATATCGACCATGGTACATACCCATTTCGTTACATCAAGT
AATCCAATTGCAGGTAACGTTACTGTTGGTACAGGTGTAGGTCCTACATTCGTTTCAAAG
GTAATTGGTGTATGTAAAGCTTATACATCACGTGTTGGTGTATGGTCCATTCCCTACTGAAT
TATTCGATGAAGATGGACATCATATTAGAGAGGTTGGTCGTGAATACGGTACAACAACAG
GACGTCCACGTCGTGTAGGTTGGTTTGATTTCAGTTGTATTACGTCCTCTCGTCGTGTAAG
TGGTATTACAGATTTATCTATTAACCTCAATCGATGTTTTAACAGGCCTAGACACAGTGAA
AATCTGTACAGCTTATGAATTAGACGGTAAAGAAATTACTGAGTACCCAGCAAACCTTAGA
TCAATTAACGTTGTAACCAATCTTTGAAGAGTTACCAGGTTGGACAGAAGACGTAAC
AAGTGTGCGTACTTTAGAAGAATTACCTGAAAATGCACGTAAATATTTAGAGCGTATTTTC
AGAATTATGTAATGTACAAATTTCTATCTTCTCAGTTGGTCCAGATAGAGAACAAACAAA
CCTATTAAGAATTGTGGTAG

> **tx_purA**

Function: rho-independent terminator of purA

Best match: tx_purA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[23758:23813] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 32428 ... 32484; Length: 56 bp

Sequence:

ATTATAAATACATGAGCCTTCTATCTTTATTGGTAGGAGGCTTTTGCTTTGTTTGC

> **tRNAglu**

Function: tRNA tRNA glutamate

Best match: tRNAglu_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[24156:24230] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 32831 ... 32906; Length: 75 bp

Sequence:

GGCTCCTTGGTCAAGCGGTTAAGACACCGCCCTTTCACGGCGGTAACACGGGTTTCGAGTC
CCGTAGGAGTCACCA

> **tRNAasp**

Function: tRNA tRNA asparagine

Best match: tRNAasp_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[24238:24313] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 32913 ... 32989; Length: 76 bp

Sequence:

GGTCTCGTAGTGTAGCGGTTAACACGCCTGCCTGTCACGCAGGAGATCGCGGGTTCGATT
CCGTCGAGACCGTAC

> **tx_tRNAasp**

Function: : rho-independent terminator

Best match: tx_tRNAasp_1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[24302:24353] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 32977 ... 33029; Length: 52 bp

Sequence:

TCGAGACCGTACAAATGCCTATCCAAGAGGATAGGCATTTTTTTGCGTTTAA

> **vicR**

Function: protein coding sequence; two-component sensor/response regulator (core genome, constant)

Best match: vicR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[24930:25631]

Position: 001-contig_254_RC: 33598 ... 34300; Length: 702 bp

Sequence:

ATGGCTAGAAAAGTTGTTGTAGTTGATGATGAAAAACCGATTGCTGATATTTTAGAATTT
AACTTAAAAAAGAAGGATACGATGTGTACTGTGCATACGATGGTAATGATGCAGTCGA
CTTAATTTATGAAGAAGAACCAGACATCGTATTATTAGATATCATGTTACCTGGTCGTGAT
GGTATGGAAGTATGTCGTGAAGTGCGCAAAAAATACGAAATGCCAATTATAATGCTTACT
GCTAAAGATTCAGAAATTGATAAAGTGCTTGGTTTAGAAGTGGTGCAGATGACTATGTA
ACGAAACCGTTTACGCGTGAATTAATCGCACGTGTGAAAGCGAACTTACGTCGTCAT
TACTCACAACCAGCACAAGACACTGGAAATGTAACGAATGAAATCACAATTAAGATAT
TGTGATTTATCCAGACGCATATTCTATTAATAAACCGTGGCGAAGATATTGAATTAACACA
TCGTGAATTTGAATTGTTCCATTATTTATCAAACATATGGGACAAGTAATGACACGTGA
ACATTTATTACAAACAGTATGGGGCTATGATTACTTTGGCGATGTACGTACGGTCGATGT
AACGATTCGTCGTTTACGTGAAAAGATTGAAGATGATCCGTCACACCCTGAATATATTGT
GACGCGTAGAGGCGTTGGATATTTCTCCAACAACATGAGTAG

> **vicK**

Function: protein coding sequence; two-component sensor/histidine kinase subunit (core genome, constant)

Best match: vicK_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[7023:8849:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 34312 ... 36139; Length: 1827 bp

Sequence:

ATGAAGTGGCTAAAACAACACTACAATCCCTTCATACTAAACTTGTAATTGTTTATGTATTAC
TGATTATCATTGGTATGCAAATTATCGGGCTGTATTTTACAAATAACCTTGAAAAAGAGC
TGCTTGATAATTTAAGAAGAATATTACGCAGTACGCGAAACAATTAGAAATTAGTATTG
AAAAAGTATATGACGAAAAGGGCTCCGTAAATGCACAAAAGATATTCAAAATTTATTA
AGTGAGTATGCCAACCGTCAAGAAATTGGAGAAATTCGTTTTATAGATAAAGACCAAATT
ATTATTGCGACGACGAAGCAGTCTAACCGGAGTCTAATCAATCAAAAAGCGAATGATAG
TTCTGTCCAAAAGCACTATCACTAGGACAATCAAACGATCATTTAATTTAAAAGATTA
TGGCGGTGGTAAGGACCGTGTCTGGGTATATAATATCCCAGTTAAAGTCGATAAAAAGGT
AATTGGTAATATTTATATCGAATCAAAAATTAATGACGTTTATAACCAATTAATAATAT
AAATCAAATATTCATTGTTGGTACAGCTATTTTATTATTAATCACAGTCATCCTAGGATTC
TTTATAGCGCGAACGATTACCAAACCAATCACCGATATGCGTAACCAGACGGTTGAAATG
TCCAGAGGTAACTATACGCAACGTGTGAAGATTTATGGTAATGATGAAATTGGCGAATTA
GCTTTAGCATTTAATAACTTGTCTAAACGTGTACAAGAAGCGCAGGCTAATACTGAAAGT
GAGAAACGTAGACTGGACTCAGTTATCACCCATATGAGTGATGGTATTATTGCAACAGAC
CGCCGTGGACGTATTCGTATCGTCAATGATATGGCACTTAAGATGCTTGGTATGGCGAAA

GAAGACATCATTGGATATTACATGTTAAGTGTATTAAGTCTTGAAGATGAATTTAACTT
GAAGAAATTC AAGAGAATAATGATAGTTTCTTATTAGATTTAAATGAAGAAGAAGGTCTA
ATCGCACGTGTTAACTTTAGTACGATTGTGCAGGAAACAGGATTTGTAACCTGGTTATATC
GCTGTGTTACATGACGTTACTGAACAACAACAAGTTGAACGTGAACGTCGTGAATTTGTT
GCCAATGTATCACATGAGTTACGTACACCTTTAACTTCTATGAATAGTTACATTGAAGCAC
TTGAAGAAGGTGCATGGAAAGATGAGGAACTTGCGCCACAATTTTTATCTGTTACCCGTG
AAGAAACAGAACGAATGATTCGACTGGTCAATGACTTGCTACAGTTATCTAAAATGGATA
ATGAGTCTGATCAAATCAACAAAGAAATTATCGACTTTAACATGTTCAATTAATAAAATTA
TTAATCGACATGAAATGTCTGCGAAAGATACAACATTTATTCGAGATATTCCGAAAAAGA
CGATTTTCACAGAATTTGATCCTGATAAAATGACGCAAGTATTTGATAATGTCATTACAA
ATGCGATGAAATATTCTAGAGGCGATAAACGTGTGCGAGTTCCACGTGAAACAAAATCCAC
TTTATAATCGAATGACGATTTCGTATTAAGATAATGGCATCGGTATTCCTATCAATAAAG
TCGATAAGATATTCGACCGATTCTATCGTGTAGATAAGGCGCGTACGCGTAAAATGGGTG
GTACTGGATTAGGACTAGCCATTTGAAAGAGATTGTGGAAGCGCACAAATGGTTCGATTT
GGGCAAACAGTGTAGAAGGTCAAGGTACATCTATCTTTATCACACTTCCATGTGAAGTCA
TTGAAGACGGTGATTGGGATGAATAA

> **yycH**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: *yycH_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1*[5696:7030:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 36131 ... 37466; Length: 1335 bp

Sequence:

ATGAATAATAAGGAGCATATTAATCTGTCAATTTAGCGCTACTTGTCTTGATGAGTGTGCG
TATTGACATATATGGTATGGAACCTTTCTCCTGATATTGCAAATGTGCGACAATACAGATAG
TAAGAAGAGTGAAACGAAACCTTTAACGACACCTATGACAGCCAAAATGGATACAACATA
TTACGCCATTTACAGATTATTCATTCGAAAAATGATCATCCAGAAGGTACGATCGCGACGG
TTTCTAATGTGAATAAGCTGACGAAACCTTTAAAAAATAAAGAAGTGAAGTCCGTGGAAC
ATGTTTCGTGCGTATCATAACTTTGATGATTCCTGATTTGAGCAGTGATTTTACATTATTCGA
TTTTACGTATGATTTACCGTTATCAACATATCTTGGTCAAGTACTGAACATGAATGCGAAA
GTACCAAATCATTTCATTTCAATTCGTTTGGTCATAGATCATGATGCTGATGATAATATCG
TGCTTTATGCTATAAGCAAAGATCGCCACGATTACGTAAAATTAACAACACTACAACGAAAA
ATGATCATTTTTTTAGATGCATTAGCAGCAGTGAAAAAAGATATGCAACCATACACAGATA
TCATCACAAACAAGATACAATTGATCGTACGACGCATGTTTTTGCACCAAGTAAACCTG
AAAAGTTAAAAACATATCGCATGGTATTTAACACGATTAGTGTTGAGAAAATGAATGCTA
TACTATTTGACGATTCAACCATCGTTCGTAGTTCAAAGAGTGGTGTACTACTTATAACAA
TAATACAGGTGTGCAAACTATAACGATAAAAATGAAAAATACCATTATAAAAACCTGTC
CGAAGATGAAGCAAGTTCAGCAAAAATGGAAGAAACGATTCCAGGAACCTTTGATTTTAT
TAATGGTCATGGTGGTTTTCTTAAACGAAGACTTCAGATTGTTTAGTACGAATAATCAGTC
AGGCGAGTTAACATATCAACGTTTCTTAAACGTTATCCAACGTTTAAATAAAGAAGGCTC
TAATCAAATTCAAGTCACTTGGGGTGAAAAAGGCGTCTTTGACTATCGTTCGTTTATTG
CGCACCGACGTTGTGTTAAATAGTGAGGATAATAAAACGTTGCCGAAATTAGAGTCTGTA
CGTTCAAGCTTAGCGAACAATAGTGATATTAATTTTGAAAAAGTAACAACATCGCTATC
GGTTACGAAATGCAGGATAAATCAGATCATAATCACATTGAAGTGCAGATTAACAGTGA
ACTCGTACCGCGTTGGTATGTAGAATATGATGGCGAATGGTATGTTTATAACGATGGGAG
GCTTGAATAA

> **yycI**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: *yycI_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1*[4907:5695:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 37466 ... 38255; Length: 789 bp

Sequence:

ATGAACTGGAAACTGACAAAGACACTTTTCATTTTCGTGTTTATTCTTGTCAACATCGTGT
TAGTATCGATTTATGTTAATAAAGTCAATCGCTCACACATTAATGAAGTCGAGAGTAACA
ATGAAGTGAATTTCAACAAGAAGAAATTAGGGTGCCAGCCAGTATTTTAAATAAATCTG
TTAAAGGCATACAATTAGAACAATTAAGGACGATCAAAGACTTTAGTTCAAAGCTA

AAGGTGATTCTGATTTATCCACATCAGATAGTGGAAAATTATTAATGCGAACATCAGCC
AATCGGTA AAAAGTTAGTGATAATAACTTAAAAGATTTAAAAGATTACGTTAACAAACGCG
TATTTAAAGGTGCTGAATATCAATTAAGCGAGATTAGTTCAGATTCTGTAAAATATGAAC
AAACGTATGATGATTTTCCAATTTTAAATAACAGCAAAGCGATGTTGAACTTTAAAATAG
AAGATAACAAAGCAACTAGTTATAAACAGTCAATGATGGATGACATTAAGCCGACTGAT
GGTGCAGATAAGAAGCATCAAGTTATTAGTGTGAGAAAAGCAATCGAGGCATTATATTAT
AATCGTTACTTGAAAAAAGGTGATGAAGTCATTAATGCTAGACTCGGTTACTACTCAGTC
GTGAATGAAACGAATGTTCAATTGTTACAACCAAACACTGGGAAATTAAGTGAAGCATGA
CGGTAAGGACAAAACGAATACTTACTATGTGCGAAGCGACAAATAATAACCCTAAAATTA
TTAATCATTAA

> **yycJ**

Function: protein coding sequence; metallo-beta-lactamase family protein (core genome, variable)

Best match: yycJ_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[3711:4511:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 38650 ... 39451; Length: 801 bp

Sequence:

ATGAGCCGCTTGATACGCATGAGTGTATTAGCAAGTGGTAGTACAGGTAACGCCACTTTT
GTAGAAAATGAAAAAGGTAGTCTATTAGTTGATGTTGGTTTGACTGGCAAGAAAATGGA
AGAATTGTTTAGTCAAATTGACCGTAATATTCAAGATTTAAATGGTATTTTAGTAACCCAT
GAACATATTGATCATATTAAGGATTAGGTGTTTTGGCGCGTAAATATCAATTGCCAATTT
ATGCGAATGAAAAGACTTGGCAGGCAATTGAAAAGAAAGATAGTCGCATCCCTATGGAT
CAGAAATTCATTTTTAATCCTTATGAAACGAAATCTATTGCAGGTTTCGATGTTGAATCGT
TTAACGTGTCACATGATGCAATAGATCCGCAATTTTATATTTCCATAATAACTATAAGAA
GTTTACGATTTTAAACGGATACGGGTTACGTGTCTGATCGTATGAAAGGTATGATACGTGG
CAGCGATGCGTTTTATTTTTGAGAGTAATCATGACGTCGATATGTTGAGAATGTGTCGTTAT
CCATGGAAGACGAAACAACGTATTTTAGGCGATATGGGTCATGTATCTAATGAGGATGCG
GGTCATGCAATGACAGACGTGATTACAGGTAACACGAAACGTATTTACTTATCACATTTA
TCACAAGATAATAATATGAAAGATTTGGCGCGTATGAGTGTGGTCAAGTATTGAACGAA
CACGATATTGATACGGAAAAAGAAGTATTGCTATGTGATACGGATAAAGCTATTCCAACG
CCAATATATACAATATAA

> **sasH**

Function: protein coding sequence; cell-wall attached adenosine synthase A (core genome, variable)

Best match: sasH_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[1166:3484:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 39677 ... 41996; Length: 2319 bp

Sequence:

ATGAAAGCTTTATTACTTAAAACAAGTGTATGGCTCGTTTTGCTTTTTAGTGTAATGGGAT
TATACCATGTCTCGAACGCGGCTGAGCAGCATAACCAATGAAAGCACATGCAGTAACA
ACGATAGACCAAGCAGCAACAGATAAGCAACTAGTAACGCCAACAAAGGAAGCGGCTCA
TTATTATGGTGAAGAAGCGGCAACCAACGTATCAGCATCAGCGCAGGGAACAGCTGATG
ATACAAACAACAAAGTAACATCCAACGAACCATCTAATAAACCATCTACAGCAGTTTCAA
CAACAGTAAACGAAACGCGCGATGTAGATACACAACAAGCCTCAACACAAAAACCAACT
CACACAGCAACATTCACATTATCAAATGCTAAAACAGCATCACTTTCACCACGAATGTTT
GCTGCCAATGTACCACAAACAACAACATAAAATATTACATACAATGATATCCATGGC
CGACTAGCCGAAGAAAAAGGGCGTGCATCGGTATGGCTAAATTA AAAACAGTAAAAGA
ACAAGAAAAGCCTGATTTAATGTTAGATGCAGGAGACGCCTTCCAAGGTTTACCACTTTC
AAACCAGTCTAAAGGTGAAGAAATGGCTAAAGCAATGAATGCAGTAGGTTATGATGCTA
TGCGAGTCGGTAACCACGAATTTGACTTTGGATACGACCAGTTGAAAAGTTAGAGGGTA
TGTTAGACTTCCCGATGCTAAGCACTAACGTTTATAAAGATGGGAAACGCGGTTTTAAAC
CATCAACGATTGTAACAAAAAATGGTATTCGTTTTGGAATTATTGGCGTAACGACACCAG
AAACAAAGACGAAAACAAGACCTGAAGGCATTAAGGTGTTGAATTTAGAGATCCATTA
CAAAGTGTGACAGCAGAAATGATGCGTATTTATAAAGACGTAGATACATTTGTTGTTATA
TCACATTTAGGGATTGATCCTTCAACGCAAGAAACATGGCGTGGTGATTACTTAGTGAAA
CAATTAAGTCAAAATCCACAATTGAAGAAACGTATTACAGTTATTGATGGTCATTCACAT
ACCGTACTTCAAATGGTCAAATTTATAACAATGATGCATTAGCACAAACAGGTACAGCA

CTTGCGAATATCGGTAAGATTACATTTAATTACCGCAATGGAGAGGTATCGAATATTAAG
CCGTCATTGATTAATGTTAAAGACGTTGAAAATGTGACACCGAACAAAGCATTAGCTGAA
CAAATTAATCAAGCTGATCAAACATTTAGAGCACAAACTGCAGAGGTAATTATTCCAAAC
AATACCATTGATTTCAAAGGAGAAAGAGATGACGTTAGAACGCGTGAAACAAATTTAGG
AAACGCGATTGCAGATGCTATGGAAGCGTATGGCGTTAAGAATTTCTCTAAAAAGACTGA
CTTTGCCGTGACAAATGGTGGAGGTATTTCGTGCTCTATCGCAAAGGTAAGGTGACACG
CTATGATTTAATCTCAGTATTACCATTTGGAAATACGATTGCGCAAATTGATGTAAAAGG
TTCAGACGTCTGGACAGCTTTTGAACATAGTTTAGGCGCACCAACAACACAAAAAGATGG
TAAGACAGTATTAACAGCGAATGGTGGTTTACTACATATCTCTGATTCAATCCGTGTTTAC
TATGATATGAATAAACCATCTGGCAAACGAATTAACGCTATTCAAATTTTAAATAAAGAG
ACAGGTAAGTTTGAAAATATTGATTTAAAACGTGTATATCACGTAACGATGAATGACTTC
ACAGCATCAGGTGGCGACGGATATAGTATGTTCCGTGGCCCTAGAGAAGAAGGTATTTCA
TTAGATCAAGTACTAGCAAGTTATTTAAAAACAGCTAACTTAGCTAAGTATGATACGACA
GAACCACAACGTATGTTATTAGGTAACCAGCAGTAAGTGAACAACCAGCTAAAGGACA
ACAAGGTAGCAAAGGTAGTGAGTCTGGTAAAGATGCACAACCAATTGGTGACGACAAAG
TGATGGATCCAGCGAAACAAACAGCTTCAGGTAAAGTTGTGTTGTTACCAGCGTATAGAG
GAACTGTTAGTAGTGGTAGAGAAGGTTCTGATCGCGCATTGGAAGGAACTGCTGTATCAA
GTAAGAGTGGGAAACAATTGGCTAACAAAGTCAGCGCCTAAAGGTAGCGCACATGAGAAA
CAGTTACCAAAAACCTGGAAGTATCAAAGTTCAAGCCAGCAGCGATGTTTGTATTAGTA
GCAGGTATAGGTTTAAATTGCGACTGTACGACGTAGAAAAGCTAGCTAA

> **tx_sasH**

Function: rho independent terminator of sasH

Best match: tx_sasH_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[1099:1164:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 41997 ... 42063; Length: 66 bp

Sequence:

ATATATTGAAAACAATACTACTGTATTTCTTAAATAAGAGGTACGGTAGTGTTTTTTTATG
AAAAA

> **orfX**

Function: protein coding sequence; 23S rRNA methyltransferase (core genome, constant)

Best match: orfX_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[319:798:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 42363 ... 42843; Length: 480 bp

Sequence:

ATGAAAATCACCATTTTAGCTGTAGGGAAACTAAAAGAGAAATACTGGAAGCAAGCCAT
AGCAGAATATGAAAAACGTTTAGGCCCATACCCAAGATAGACATCATAGAAGTTCCAG
ACGAAAAAGCACCAGAAAATATGAGCGACAAAGAAATCGAGCAAGTAAAAGAAAAAGA
AGGCCAACGAATACTAGCCAAAATCAAACCACAATCCACAGTCATTACATTAGAAATAC
AAGGAAAGATGCTATCTTCCGAAGGATTGGCCCAAGAATTGAACCAACGCATGACCCAA
GGCAAAGCGACTTTGTATTTCGTTATTGGCGGATCAAACGGCCTGCACAAGGACGTCTTA
CAACGCAGTAACTACGCACTATCATTAGCAAATGACATTTCCACATCAAATGATGCGG
GTTGTGTTAATTGAACAAGTGTATAGAGCATTTAAGATTATGCGAGGAGAAGCGTATCAC
AAATAA

> **attSCCx**

Function: attachment site of SCC/right part (SCCmec)

Best match: attSCCx-Mu50_part_AY751822_AY751822.1[1:19:r]

Position: 001-contig_254_RC: 42794 ... 42813; Length: 19 bp

Sequence:

AGTGTATAGAGCATTTAAG

> **attSCCy**

Function: attachment site of SCC/left part (SCCmec)

Best match: attSCCy-HU25_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[306:337:r] (completely identical)

Position: 001-contig_254_RC: 42824 ... 42856; Length: 32 bp

Sequence:
AGAAGCGTATCACAAATAAAACTAAAAAATAG

> **sccterm**

Function: terminus of SCC towards orfX (SCCmec)
Best match: sccterm11_ref_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[1:318:r] (completely identical)
Position: 001-contig_254_RC: 42843 ... 43161; Length: 318 bp

Sequence:
AACTAAAAAATAGATTGTGTATAATATAAAAAGGAAGGGATTTATATTTAAAATTTTGAATT
CAAAAATTATTGAAAGGGAAGCTACCTTAGAAATTGAATCTATGGCCACTAATACATTGA
AAATAAACCCAGACATTAATTCTTACTATACAGAAATGTCTTTTCGATGGAGAATTGGAAG
TGTATGATCCTGAAAATTTGAATAAAAAATTTTCGTTGGAAAATACAAGTTCAAGTTAAA
GGAAAAGAAGTAGCTAAAAGAGGAGGTAAGATTATTCGTCTGAAGTAATGGGTTCTGTTG
CAAAGTAAAAAATATAGC

> **tnpIS431-04**

Function: protein coding sequence; insertion sequence IS257e (mobile element)
Best match: tnpIS431-04_CC005_CIG1165_AHVE01000014.1[1655:2329]RC
Position: 001-contig_254_RC: 43191 ... 43221; Length: 30 bp

Sequence:
TTAACTTGCTAGCATGATGCTAATTTTCGTG

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)
Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)
Position: 002-contig_329_RC: 1 ... 10; Length: 9 bp

Sequence:
ATAGTTCAT

> **mvaS-SCC**

Function: protein coding sequence; truncated 3-hydroxy-3-methylglutaryl CoA synthase (SCCmec)
Best match: mvaS-SCC_trunc-ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[37179:37531]
Position: 002-contig_329_RC: 82 ... 435; Length: 353 bp

Sequence:
ATGTTGGTAACATTTATACAGGATCATTATACTTAAGTTTAATTTTCGTTATTACAGAACCA
CACATTCCAACCAGAAGAGAAAGTATGTCTATTTAGTTATGGTTCAGGAGCAGTAGGAGA
AATCTTTAGTGGTTCAATCGTTAAAGGATATGACAAAGCATTAGATAAAGAGAAACACTT
AAATATGCTAGAATCTAGAGAGCAATTATCAGTCGAAGAATACGAAACATTCTTTAACAG
ATTTGATAATCAAGAATTTGATTTTCGAACGTGAATTGACACAAGATCCATATTCAAAGT
ATACTTATACAGTATAGAAGACCATATCAGAACATATAAGATAGAGAAATAA

> **Q5HJW6**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)
Best match: Q5HJW6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[37629:37859]
Position: 002-contig_329_RC: 532 ... 562; Length: 30 bp

Sequence:
ATGCTTATTTTTTATCTTACGATTTTGTA

> **Q5HJW6**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)
Best match: Q5HJW6_part_M06/0171_LCL_10048.1[1:176]
Position: 003-contig_276: 2 ... 258; Length: 256 bp

Sequence:

CTGGAGCCATTAGTCTCTCGCACATACTATTCCCTCAGGCGTCAGCACTTACAAAATCGGT
TGTAATTTTCATTTTTATACGCATTCTTACTGAGATTATACTAATAAGAGGAATAGTAAAA
GCAATTCTAAGTAAAATTGCAGATAAGAGGTTTGTAAAAGCAGTTCTCAGTAAAATTAC
AGATAAGAGGTACGTTAAAAGCAGTTCTAAGTAAAATTGCAGATAAGAGGTTTGTAAA
AGCAGTTCTAAGTAA

> **dru**

Function: SCC direct repeat units (SCCmec)

Best match: dru-45394F_CC008-ST239_T0131-ST239_CP002643.1[37657:38014]

Position: 003-contig_276: 87 ... 525; Length: 438 bp

Sequence:

TCTTACTGAGATTATACTAATAAGAGGAATAGTAAAAGCAATTCTAAGTAAAATTGCAGA
TAAGAGGTTTGTAAAAGCAGTTCTCAGTAAAATTACAGATAAGAGGTACGTTAAAAGCA
GTTCTAAGTAAAATTGCAGATAAGAGGTTTGTAAAAGCAGTTCTAAGTAAAATTGCAGA
TAAGAGGTACGTTAAAAGCAATTCCATGCAAAATTGCTGATAAGGGGTAAGTTAAAAGC
AGTTCTCAGTAAAATTGCAGATAAGAGGTACGTTAAAAGCAGTTCTAGGCAAAATTGCAG
ATAAGAGGTGCGTTAAAAGCAGTTCTCAGTAAAATTGCTGATAAGGGGTAAGTTAAAAG
CAATCCTAAGTAAAATTGCAGATAAGAGGTAAGTTAAAAGCAATCCTAAGTAAAATTGC
AGATAAGGGGTACAGAAAAAC

> **ugpQ**

Function: protein coding sequence; glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (SCCmec)

Best match: ugpQ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[38288:39031] (completely identical)

Position: 003-contig_276: 726 ... 1470; Length: 744 bp

Sequence:

ATGCTAACTGTATATGGACATAGAGGATTACCTAGTAAAGCTCCGGAAAATACAATTGCA
TCATTTAAAGCTGCTTCAGAAGTAGAAGGTATAAACTGGTTGGAGTTAGATGTTGCAATT
ACAAAAGATGAACAACCTGATTATCATTTCATGATGATTATTTAGAACGGACTACAAATATG
TCCGGGGAAATAACTGAATTGAATTATGATGAAATTAAGATGCTTCTGCAGGATCTTGG
TTTGGTGAAAAATTCAAAGATGAACATTTGCCAACTTTCGATGATGTAGTAAAAATAGCA
AATGAATATAATATGAATTTAAATGTAGAATTAAGGTATTACTGGACCGAATGGACTA
GCACTTTCTAAAAGTATGGTTAAGCAAGTGGAAGAACAATTAACAACTTAAATCAGAAT
CAAGAAGTGCTCATTTCAGCTTTAATGTTGTGCTTGTAAACTTGCAGAAGAAATCATG
CCACAATATAACAGAGCAGTTATATCCATACAACTTCGTTTCGTGAAGACTGGAGAACA
CTTTTAGATTACTGTAATGCTAAAATAGTAAACACTGAAGATGCCAACTTACTAAAGCA
AAAGTAAAATGGTAAAAGAAGCGGGTTATGAATTGAACGTATGGACTGTAAACAAACC
AGCACGTGCAAACCAACTTGCTAATTGGGGAGTTGATGGTATCTTTACAGACAATGCAGA
TAAAATGGTGCAATTTGTCTCAATAG

> **ydeM**

Function: protein coding sequence; putative dehydratase (SCCmec)

Best match: ydeM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[39128:39556] (completely identical)

Position: 003-contig_276: 1566 ... 1995; Length: 429 bp

Sequence:

ATGAAATACGATGATTTTATAGTAGGAGAAACATTCAAAAACAAAAGCCTTCATATTACA
GAAGAAGAAATTATCCAATTTGCAACAACTTTTGATCCTCAATATATGCATATAGATAAA
GAAAAGCAGAACAAGTAGATTTAAAGGTATCATTGCATCTGGCATGCATACACTTTCA
ATATCATTTAAATTATGGGTAGAAGAAGGTAAATACGGAGAAGAAGTTGTAGCAGGAAC
ACAAATGAATAACGTTAAATTTATTAACCTGTATACCCAGGTAATACATTGTACGTTAT
CGCTGAAATTACAAATAAGAAATCCATAAAAAAAGAAAATGGACTCGTTACAGTGTAC
TTCAACATACAATGAAAATGAAGAAATTGTATTTAAGGGAGAAGTAACAGCACTTATTA
ATAATTCATAA

> **txbi_mecA**

Function: bidirectional rho-independent terminator of mecA (SCCmec)

Best match: txbi_mecA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[39547:39611:r]RC (completely identical)

Position: 003-contig_276: 1985 ... 2050; Length: 65 bp

Sequence:

TAATTCATAATAAAACAGTGAAGCAACCATCGTTACGGATTGCTTCACTGTTTTGTTATTC
ATCT

> **mecA**

Function: protein coding sequence; penicillin binding protein 2a (SCCmec)

Best match: mecA_CC398_SO385-pig_AM990992.1[47524:49530:r]RC (completely identical)

Position: 003-contig_276: 2040 ... 4047; Length: 2007 bp

Sequence:

TTATTCATCTATATCGTATTTTTATTACCGTTCTCATATAGCTCATCATACACTTTACCTG
AGATTTTGGCATTGTAGCTAGCCATTCTTTATCTTGTACATCTTTAACATTAATAGCCAT
CATCATGTTTGGATTATCTTTATCATATGATATAAACCACCCAATTTGTCTGCCAGTTTCTC
CTTGTTTCATTTTGGAGTTCTGCAGTACCGGATTTGCCAATTAAGTTTGCATAAGATCTATA
AATATCTTCTTTATGTGTTTTATTTACGACTTGTTGCATACCATCAGTTAATAGATTGATAT
TTTCTTTGGAAATAATATTTTCTTCCAACTTTGTTTTTCGTGTCTTTTAATAAGTGAGGT
GCGTTAATATTGCCATTATTTTCTAATGCGCTATAGATTGAAAGGATCTGTACTGGGTTAA
TCAGTATTTACCTTGTCCGTAACCTGAATCAGCTAATAATATTTTCATTATCTAAATTTTTG
TTTGAAATTTGAGCATTATAAAATGGATAATCACTTGGTATATCTTCACCAACACCTAGTT
TTTTCATGCCTTTTTCAAATTTCTTACTGCCTAATTCGAGTGCTACTCTAGCAAAGAAAAT
GTTATCTGATGATTCTATTGCTTGTTTAAGTCGATATTACCATTACCACCTCATATCTTG
TAACGTTGTAACCACCCCAAGATTTATCTTTTTGCCAACCTTTACCATCGATTTTATAACTT
GTTTTATCGTCTAATGTTTTGTTATTTAACCAATCATTGCTGTTAATATTTTTTGAGTTGA
ACCTGGTGAAGTTGTAATCTGGAACCTGTTGAGCAGAGGTTCTTTTTTATCTTCGGTTAAT
TTATTATATTCTTCGTTACTCATGCCATACATAAATGGATAGACGTCATATGAAGGTGTGC
TTACAAGTGCTAATAATTCACCTGTTTGGAGGTTGGATAGCAGTACCTGAGCCATAATCAT
TTTTCATGTTGTTATAAATACTCTTTTGAACCTTTAGCATCAATAGTTAGTTGAATATCTTTG
CCATCTTTTTTCTTTTTCTTATTAATGTATGTGCGATTGTATTGCTATTATCGTCAACGAT
TGTGACACGATAGCCATCTTCATGTTGGAGCTTTTTATCGTAAAGTTTTTCGAGTCCCTTTT
TACCAATAACTGCATCATCTTTATAGCCTTTATATTCTTTTTGTTTTAATTCTTCAGAGTTA
ATGGGACCAACATAACCTAATAGATGTGAAGTCGCTTTTCCTAGAGGATAGTTACGACTT
TCTGTTTCATTAGTTGTAAGATGAAATTTTTTTCGAAATCTCTTAAATATTCATCCATTTT
TTTAACGGTTTTAAGTGGAACGAAGGTATCATCTTGTACCCAATTTTGATCCATTTGTTGT
TTGATATAGTCTTCAGAAATACTTAGTTCTTTAGCGATTGCTTTATAATCTTTTTTAGATAC
ATTCTTTGGAACGATGCCTATCTCATATGCTGTTCTGTATTGGCCAATTCACATTGTTTC
GGTCTAAAATTTTACCACGTTCTGATTTTAAATTTTCAATATGTATGCTTTGGTCTTTCTGC
ATTCCTGGAATAATGACGCTATGATCCCAATCTAACTTCACATAACCATCTTCTTTAACAA
AATTAATTGAACGTTGCGATCAATGTTACCGTAGTTTGTTTAATTTTATATTGAGCATC
TACTCGTTTTTTATTTTTAGATACTTTTTTTATTTTACGATCCTGAATGTTTATATCTTTAAC
GCCTAAACTATTATATATTTTTATCGGACGTTTCAGTCATTTCTACTTCACCATTATCGCTTT
TAGAAATATAACTGCTATCTTTATAAACTTGTGTTGAAATTTTTATCTTCAATTGCATCAAT
AGTATTATTAATTTCTTTATCTTTTGAAGCATAAAAATATATACCAAACCCGACAACACTACA
ACTATTAATAAAGTGGAACAATTTTTATCTTTTTTCAT

> **mecR**

Function: protein coding sequence; signal transducer protein MecR1 (SCCmec)

Best match: mecR_part_CC008_NCTC8325_X52593.1[1:40:r]

Position: 003-contig_276: 4146 ... 4186; Length: 40 bp

Sequence:

GTGTTATCATCTTTTTTAATGTAAAGTATAATCAGTTCAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_FM207105.1[6418:7045]
Position: 004-contig_253_RC: 30 ... 60; Length: 30 bp
Sequence:
ATAAAAAGAACCGCAGGTCTCTTCAGATCT

> Q4LAG7

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)
Best match: Q4LAG7_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[137:565:r]RC (completely identical)
Position: 004-contig_253_RC: 166 ... 595; Length: 429 bp
Sequence:
CTAATTTTTTCTCTTTGTAAATAAATGCAAAGAGATACCATAAGGATCTCTTACATAACCA
TAACCTTCAGTATAGAATTCTGGACTAAATGTTTTCAATACCTCACTGCCTTTTTCTATTA
ACTGGTCATATACATGTTTAGTTTCTTCTACTTGGTCAAAGTGAGACAAAGAGATATATT
ATTACCTTGTGTTATGGGCAAACCTTCAGTGTCTGCGATCATAATTTTTATATCTCCA
AATTGAAGTACACATTGATCAATTTTATTTAAATCATTTCGTCAATATTAAGTTGCTTAT
CTATAGGTCTATCTTTAATACGTTGAATATACAGTGTTTTAGCGCCAAACAGCTCTTCATA
CAACTTTTTTAAACCCTCTGCATTTTGAGTGATTAATAAATATGGACTTACTTGAAATTC
AT

> Q3T2N0-var1

Function: protein coding sequence; transcriptional regulator (SCCmec)
Best match: Q3T2N0-var1_CC398_SO385-pig_AM990992.1[51021:51950] (completely identical)
Position: 004-contig_253_RC: 675 ... 1605; Length: 930 bp
Sequence:
ATGAAAAAATCTGTTAGATTATATAATATGATTGAATATTGTAATGAAAATAGGAACTTC
AAATTAATGATTTAATGTCAGAATTTAATATTTCTCGTAGTACCGCTTTAAGGGATATAA
AAGAAATTGAAGCATTAGGAGTACCTTTATATAGTAATCCAGGGAAAAATGGTGGTTATA
CGATCATAGGTAATCGAGACCAAACGAAAATAGCAATCTCAGATGAAGAGTTGAAAGCT
TTAGTATTTACACTTTTCGAGTATTTCAAATGTGAGTAATCTACCTTTTCAAACAGAATATC
AAGAAATATTAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAAATAA
AATGATCTATTTCAATATTTAATGAAGATAAGTATCAGTTCAAAGTTATAAGTTATTTA
ATGAAATCATTAGATTGATAATTGAGAATAAGTCTTTTGAAACCTGTTATTCACAAAAT
ATATTAAGAACAATATAAAGGTATTGGCATTATGTATAAAAATCATCAATGGTATTTTG
TTGTAGCTAATATAGAATCAAAGTTAGTGAATCTATTAAATATTTGAAAATAAAGAAC
TATATGAAATGGGAGAGACTCAAGAGTGTAATGATATAACTATGCAGAATTTTCAACAGT
TCATGGTTAAAAATGAAACAGCTATTGATATTCTTATTAGAAGCAATGTTATGGGATTGA
ATATCTTGAAAGGCTACCTGTGGAGTGACTATATGATTGAAAATATTGACGAAGAGACAT
ATTTATTTAAATCAAAGTGAACGCGAAAGATATAGATTTTATAGCTAAGTTAATTGTCA
CAGGTGGTGTCAATGTAAAAGTAGAGACCCTAATAGTTTGAAAATGCTGTTAAAGTTG
AATTAATAAATAAATAAACAATGTATTA

> Q4LAG4

Function: protein coding sequence; putative protein in SCCmecV (SCCmec)
Best match: Q4LAG4_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[1737:3725] (completely identical)
Position: 004-contig_253_RC: 1766 ... 3755; Length: 1989 bp
Sequence:
GTGAATAAAAATATTACAGCTCTAAAATCTACTGAAAATACTACATATATGCAGTATACG
GTTTCATATCGATGATCAAATTATAAATAATATAAAAGAGTGTACCAAAAAGTTTAAAATT
TTGCCTATGGAAGATAAAATTCCATTATCACCGTTGTTACAACCAGAATATGCAGGAGAG
GTACAAGATTTTATTAGTACATATGAGCAGTTTATGATTAATTTTGGTAAAGTAATATTGG
ATAGTCAAGGCATAAAAATACAGTTTGAAAGTGAATCATTAAAGTAGTATTCAACGAGGC
ATTCAAGAACATTGTTACTTAAATGAGCGAACAAATGACATTGATGTGACTAAAGAATGG
TATTTATGCAAATTTCAAATCAAACATTAGAAGAGGATAAAAATCAATTGTATAATGCT
TTAAAGCAACTCATGAATGATTCTAAAATAAAAAGCAAGCTTTTCAAGAGGTGTTTAAAG
GTTTCATATTGATATTTATCTCTACAATAAAGAAAAATCTGAATATAAGTATCAAGTATCTA

GTTATTTCAATCTTGTAAGAAAATCCTAAAATAACTTATAAAAAAAGACATTTACAAG
AGAAACAAGGTGTCAAGGGTACAACCTTTCACGAACAAATTAAAATTATTGAACAAAATG
TATGGTGTAGATGTTGCAAAATATCAGCCATTTTATAATTCTAATAATCCTGAATATGAAA
GAGGTCAATTTGGTGAAAGATACATTTCTCAAAGATCTAACTATGAATTTAATAGACTTC
AATATCAAATTATAGATATGTTATCGAAAATACTTGATAAGCATCCATTACCAAAGTCAG
ATAATAATTATAAACATATTCCAACCTATTGAAAAAGCAATATTAAGTGGGGATTCTCATA
GTTTTTATGAGTATTTTGAAGATATAATGAAAGAAATTATAAGTATGGAAAATTCTTCTTT
AAAGGAAAAATTATTGACTGATTTTACATATCAATCTCAATGTAGATGGTACTCTGAAAG
TGAAAAATTAATAATTGCAACTTGAAAGTTTTATGCATAAAGTTTTGGAGAGCAATTATTA
TGAGGGTAACAAATTATATAGAATGTTGTCTCATGCAATTGAAGAAACAATCAATGAGGC
TGATGAAGATAAGGTTCAATTTCAATTATTTTAAAGATTATTTTTTGACAGACGGTGGGGT
AGAATTGGGAGCAGATTAGCGAGAAAATTACTGAATTCATGGTAAAGTTATTAACGA
TATCCAAAATGAATATAATAAGATTCAATTTAATAACGCAAATCGAAATCAGAACTAAA
CTTTAATTATTTATACCATTGCTTTGAGTTTAGTAATAACTTAGTAAAAGCAAGGGTAAAT
GGAAATAGAGGTTACATTTTATATTTGTAGATAAATAAAAATAAAAATGCCCTTTTTG
GATCAATTATTAATCAATTATTTGAATCAAGAAATAGGTCAGGAAAGTATTAATTATAAT
ATGCAACATTGTTTGAAAAAGAAAGATATGATAGAAGTAGTACCATTGAAAAATTAGT
AGCAACAAGCAAATTTAAGTATGAAAAAGATGATTCAGATTTATTCAAACAACCTTTTCAA
TGATGTTGAAAATTCAATAGACAGATTAGGTATTTACTTACTAAATAATGGTATAAATTC
GAATGATGAAAATGCAAGATATTATAGATCGTTTTTAAAGGAACTTAGTAGAATAAAAA
GTAAATTAACGCCATTTTCTCTTGAAATAAGTAAGTCTAGCGGAAGAGAGCAACATTATC
CTGATGATGCTATTGATGATAAAGATGAGAGAAGAAAAAATAAAGAAGAAACATATCAT
GCTTTTGATGATAAAAGCGATATTGACTCCAATTAAGAATAAAAATAAATGTTTCTATC
GATAATTTATTGTCAGTTAAAATTAAGAGCAATTTGTATGATATTAGTCCAATACAAAA
AAACAATAA

> Q4LAG3

Function: protein coding sequence; putative protein in SCCmec III & V (SCCmec)

Best match: Q4LAG3-PM1_CC398_SO385-pig_AM990992.1[54295:55404] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 3949 ... 5059; Length: 1110 bp

Sequence:

ATGTATCAAGCAAATATACGTGATTTAATTACAAAATTGCCTCAAAGCAATAAAACAGAA
CACTTTTTAATGAACAAATTTTCAAATCAAGATAAAGTTCAGCAGCTACAAAGACAAATT
AGCCAACAGCTAGATCAACAATATAATGAGCTTTTGGCTAATGAAAAAGCTAAGCTAGA
CCAATACGTGGAAGTACACCATAATTTAGAACCATTAAGAAAGAGATTGAATCAGAAT
CTATTAACCTTGATACCGATAAATTACCTGATATCAAAGCGACAATGCTTGAAAAGGCTA
AGAACGATGAACATTTTGATAAAATCGAACAGCTATTTGATAGATTAGATCAGTCATTAA
ATGGTACGAATCGATTATATACGCAATTATCGTTGATTGGCACACGAACACATCGGATCA
CAACGAAAAGATTTAATGTTCAAGGCTTGCCTAAATTAGTCCAACAAATGATTTTACCTT
CGCAATTTAAAAGGTTTATACAATAGATTTTAAATCATTCGAACCATCAGTTGCTGCGT
ATATGACACAAGACGAACAACCTGATTGACTACTTGAATCATGAAGAAGGGTTATACGAT
GCATTACTGAGAGACTTATCTTTGTCAAAGAGAAGCGCGTGAGTGTGAAACGTGCATTT
ATAGGGTCATTTCTTTTTGGCGGTCGTTATAGTAGCTCTAAATTCAAAATCAATCAAGAGG
TTAGTGAAATTAAGTGGCTACAAGTAATGAGCAAATTCAGAAGGTCATTGAATTTAAGG
AGCAAGTCGAAAAATATAAAACAATGCCTACGCCTTACGGCATTGAACATGATATGAGC
GCATTTCAAGGTAGTAGTATTATGGCAATTTATGTACAAACGGTAGCAAGCTATATTTT
AAGCACATTTTGTGGAAGTGTACAAAGCACAGTGCGAAAAAAAAACGTTCAAGATTAT
AGTGCCGATACACGATGCGATTATGATTGAATGTAATGATAAGGGGATTGCACAAAATGT
AGCACAGCTCATGAAAGATACAGCTAATCAACTGTTTAAATGGTGAATTTGCACATGTGAC
AGTGAAGCTTTAGGAGGTATAGACAATGAATAA

> Q3T2M7-var1

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)

Best match: Q3T2M7-var1_CC398_SO385-pig_AM990992.1[55397:55765] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 5051 ... 5420; Length: 369 bp

Sequence:

ATGAATAATGATAGAGGAAAAAGTCTTCAAATTCCCCAAAGTACATTGTTAAAAGAAGG
ATCTATATACGTTGCTACGTTACATTCTGTGTACGAGAAGAAGTCTCAGGTGATATTTAA
CATCAGTTTACGTATGAAGTAGAACTTAACCAAGAAACGCACTATGTAAATCGCAATATT
ACCGTAAAATCTATGAGTCACCAATTATCAATTGCTGATTGGATTAAACGTCACAGTAAC
TATAACGTAACCACATTAATTATGATCCATACATTGATCGAAAACATTTGGTCTTGTAG
GGCAATATAACGGAAATTATTATATTCAAGATGTAGCACCATTAGATGAATTTGGAGGGG
TATTGTAA

> **ccrAA**

Function: protein coding sequence; cassette chromosome recombinase AA (SCCmec)

Best match: ccrAA-TSGH17_CC398_SO385-pig_AM990992.1[55765:57381] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 5419 ... 7036; Length: 1617 bp

Sequence:

ATGAATCATATTTTAGAAATGTTAATAAAAATTATTTAAAAGTGGGTATGGAGGCAATCGAC
CGTAAAGGTCTGATTGCCATCCTAACAAGTAGTATTGGAAATGATGAAATGGATGATTCT
GAACAAGCTGTAATGGTGTATAACGAGCTTATCGATAAGCTACAGCTTAACATTCCTAAA
GATGTCGACTATAGACCTAACATATACAGTTATTTTGGTATTCAAAAAAAGCCAAATGAC
ACAATATTAGTGGAAATGATGATATGTATTTTTCATATCAAGCGTTTTGATTCAGAGTTGT
TTGTTTTCAAAGATAAAGGTTGGCAAAGGTAAGTGAAGATGAATTGCAAGGGTTGATAT
CTAAAATGATACAAGTGTGCTAGTTGATTATAAACCTTCACTAAGTACTTTGAAAAACG
TAGTAGATGGCATAACAGAAATCAACGGACATAGAAAACTTGTGAGCATAGACAGTAC
ATTGGTTGTGGACGAAATATGTTCAATCTAAAGACCTTTAAAGTGGTTGATAATGACCTT
GAAATATTCCTAAAACACGCTTAGATTTGGAATTAGATATAAATGACACGATTACGGAC
AAGATACCCCGAATTTCAAACAATATATGTTAGAGTTGGCGAATTATGACCATGATTTA
CAATATTTCTTTTCCAACATATGGCAGTGTTATTGACGGCAGATACTAAACTACGTCGTG
GACTTTTTTTGTATGGAAGTCAAAAAATGGGAAATCGGTCTATATTAATTAGTTAAGT
CATTCTTTTATAGTAATGATATCGTATCTAAAACACTTAATGAACTTGGCGGGCGTTTCGA
TAAGGAAAGTCTAATTGGTAAACGAATTATGGCAAGTGAAGTGGGGAAAGCTAATA
TTGATGAAGCAACTGTGAATGATTTCAAAAAATTACTATCTGTTGAACCAATTCATGCTG
ACCGTAAAGGAAGAACGCAAGTAGAAGTTACTTTAGATTTAAAACCTCATTTTTAATACGA
ATGCTGTACTCAATTTTCCATCATCACATGCAAAGCATTAGAGCGTAGAATTGCTGTTAT
TCCATGTGAATATTATGTTGAAAAAGCTGACCCTGACTTAATTGAAAAGTTACAGGATGA
AAAGAAAGAAATCTTTCTTTACTTGATGTATGTGTATAAGCAAATTGTAAAAAATGATAT
CGAGTACCTCCAAAATGATCGTGTTACTGAAATTTCTCATGATTGGTTAAATTTTGGATAT
GAATTTGTTTCTAGTAAATCAGCAAATATTGCACATCAGAAAGCGTGTATTAATTTACTCA
GAAAACCTTATAGAAATCAAACCAGGGTCACGTATCAAAGTGTCTAGGCTAAATGAGGTT
ATTAGAGATGAAATTAAGTAAGCTCTCAAGTTATTAATGATTTGGTTCAAGCTAACTTT
AATGTACAAAGTAGACTAAATAATGGTTATAAGTATTGGGTCGATTTAGGATGGAAAGA
AACTGATAAAAAAGATGACATGATTTCAATTCGATAAAAAATGAGAATGTAACAGATGATG
AATTCTTATACGAAGATGATTTGAACTTAGGTTGGGAGGACTTTGACGATGAATAA

> **ccrC**

Function: protein coding sequence; cassette chromosome recombinase C (SCCmec)

Best match: ccrC-TSGH17_CC001-ST772_118_AJGE0100059.1[7230:8909] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 7260 ... 8940; Length: 1680 bp

Sequence:

ATGAAGGGTAAAATTGCACTTTATTACGTTAGTACGTCTGAGCAGTCAGAACATGGT
TATTCTGAAAAGGAGCAGGAACAACACTCATCAAAGAAGTTATGAAAAATTTCCAGGT
TATGACTATGAGACATATACTGACTCAGGCATTTTCAAGTAAAAATATTGAAGGTCGTCCG
GCAATGAAACGTCTATTACAAGATGTTAAGGATAATAAAAATCGAAATGGTATTAAGTTGG
AAATTGAATCGTATTTCTCGCTCAATGAGAGACGTGTTTAAATATTATTCATGAATTCAAAG
AACATGACGTAGGGTATAAATCGATTTCTGAGAATATTGATACATCCAATGCTTCTGGAG
AAGTACTCGTTACAATGTTTGGACTAATAGGATCTATAGAACGCCAGACTTTGATTTCCA
ATGTGAAACTTTCTATGAATGCTAAGGCAAGGAGCGGAGAGGCAATCACCGGTCGTGTTT

TAGGCTACAAATTATCACTTAATCCATTGACACAGAAAAATGATTTAGTTATTGATGAAA
ATGAAGCTCATATTGTACGGGAAATCTTTGATTTATATTTGAATCACAATAAAGGATTTA
AAGCAATCACGACAATTCTAAATCAAAAAGGATATCGTACCATTAATCAAAAACCATTTT
CAGTGTGGCGTGAAATACATTTTGAATAATCCAGTCTATAAAGGCTATGTCAGATTCA
ATAATCATCAAAATTGGGCTGTTTCAGCGAAGAAGTGGTAAAAGTGATAAAAATGATGTG
ATATTGGTCAAAGGTAAGCATGAAGCCATTATAAGTGAAGATGATTTGATCAAGTTCAT
GAGAACTAGCTTCTAAAAGTTTTAAACCGGGTCGACCTATTGGTGGAGATTTCTACTTA
CGTGGCCTTATTAATGCCGAGAATGCGGAAATAATATGGTATGTCGACGGACGTATTAT
AAAACGAAAAAGTCCAAGAACGCACAATCAAACGCTATTACATTTGTTCAATTATTCAAT
CGCTCAGGAAGTTCTGCCTGTCATAGTAATGCGATTAATGCTGAAGTCGTCGAACGCGTA
ATCAATGTTCAATTTGAATCGTATTCTTTACAACCTAATGTTATTAAGCAGATTGCGTCAA
GTGTGATAGAAGAACTGAAACAAAAGCATAGTAAACAAACAGAAATAAAAATATGATATT
AATAGTCTAGAAAAACAAAAGCAAAAAGTTAAAACACAACAAGAACGATTATTGGAATT
GTTCTTAGATGATGAAATGGATAGCGAAATGTTAAAAGCTAAACAAAGTGAAATGAATC
AACAGTTAGAAGTATTAGACCAACAAATTAAGAAGCAAAAACAAGCAAATCAATCACAG
GATGATATACCCAATTTTGATAAGTTAAAAGCACGACTCATTGATGATAACACGATTC
AGTGTGACTTAAGAAAGGCTACACCCGAAGCTAAAATCAACTTATGAAAATGTTAATT
GATTCAATTGAAATTACGAAAGATAAACAAGTGAAACTCGTAAGGTATAAAAATTGACGA
AAGTCTTATCCCTCAATCTTTGAAAAAAGATTGGGGGTCTTTTTTATACCTAAATTTAAC
TTTGTGATAAATGTCACAAAGAAAAATAGGATTGAAAATTTATCACTTTTACCCTTTTT
AG

> **Q4LAF9**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)

Best match: Q4LAF9_CC398_SO385-pig_AM990992.1[59374:59712] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 9028 ... 9367; Length: 339 bp

Sequence:

ATGACGCTAAGCAAACAACCTTAAAACGTATATCACTGAACGATTTAAATTAAATTATCAA
GAAACTTGGGCTTGTGAAACCATAGATGCGGTGGCTGAAGATGTATTACCTGAAAAATAT
ATTAATAATAGTCCACTTGAACATAAAATTTTAAATACTTTTACCTATTACAATGATGAAT
TACATGAAATCAGCATTTACCCTTTTTTATGTTATCTAGATAAGGAATTAGTAGCAATAGG
TTATTTAGATAATTTTGATTTAGACTTTATATTTTTAAATGACACTCATCAAGTTATTATTG
ATGAACGCTACTTGTACAAAAAGGGGGCCAGTAA

> **Q7A206**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)

Best match: Q7A206_trunc_AY894416_TSGH17_AY894416.1[5033:5119]

Position: 004-contig_253_RC: 9372 ... 9402; Length: 30 bp

Sequence:

AATTGGATCAAGGTCGCTCAACTATCTGTC

> **Q7A207**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)

Best match: Q7A207_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[9430:9741] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 9460 ... 9772; Length: 312 bp

Sequence:

ATGAACATCAATCGATACATCACAAGAGGAATTAATGAAAGTATTCCACTAGACCTTCAA
ATCTTACTTTGGCACATGGTAGAAGAAAAAGATAACCAGCCTCATACCGATTACCTACAC
ATTTTCAAACCTACAAGAAGATGATAATATGTTGTCAATTAACATGAACAAGAACAGCCC
GCATACAAGTTAGAATATCACTATACAAACTATGAAAAAATCAAAATGCATTACCTAAG
AAAGTCTACGTCATTCGTGAAGATGGCGTAGACGCTTTTTATTATGTGATGCTTTTACCAG
AAGAATACTAA

> **Q9KX75-v1-TYH1**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)

Best match: Q9KX75-v1-TYH1_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[9759:10262] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 9789 ... 10293; Length: 504 bp

Sequence:

```
ATGAATACAATCAAAAATACGATATACACAGAAGCTATATTTAGCAAGGATGAAAAACA
CCGCTATTTACTCAAGAAAACATGGGATGAAAAGAAACCTGCTTGTACAGTGATAACGAT
GTACCCTCATTTAGATGGTGTATTATCACTCGATCTCACAACCTGTTCTTATTCTTAACCAA
TTAGCGAATTCTGAACAATATGGTTCTGTATATCTTGTAAATCTATTCTCTAATATTAATA
CACCAGAGAACCTTAAACATATTAAGAACCTTATGATGAGCACACAGATATACACTTAA
TGAAAGCGATAAGTGAAAGTGACACAGTGATTTTAGCCTATGGTGTATGCAAAGCGTC
CCGTTGTTGTCGAACGTGTTGAGCAAGTGATGGAAATGTTAAAACCTCATAAAAAGAAAG
TAAAAGGCTCATAAATCCAGCAACGAATGATATTATGCATCCGCTTAATCCTAAAGCGC
GTCAAAAATGGACATTGAAATAA
```

> **A9UFT0**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)

Best match: A9UFT0_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[10276:10497] (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 10306 ... 10528; Length: 222 bp

Sequence:

```
ATGAACCATGAACTAAACAATCAGATTGGCATACGGTTGCTAATTGTTTAGAATCGCAA
AATTATACATCGATCGTAAAAGGATTAGTACATCATTTACAGCGATTGAAGATGAAGAA
ATACTTGATAAAATCTATGATGATTTTATGAATGATGACTCTATAACAACGGTACTTAAC
AATGATTTACAGATAATTATTAATCATTACCTATCAAAATGA
```

> **tx_hsdR_WIS_Shae**

Function: bidirectional rho-independent terminator of hsdR_WIS in *S.haemolyticus* (SCCmec)

Best match: tx_hsdR_WIS_Shae_85-2082_AB037671.1[46796:46857]RC

Position: 004-contig_253_RC: 10571 ... 10601; Length: 30 bp

Sequence:

```
CGGTGAGGGATGCTCTTTTAGTTTATTTTT
```

> **hsdRx**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system endonuclease

Best match: hsdR_WIS_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[10571:13690:r]RC (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 10601 ... 13721; Length: 3120 bp

Sequence:

```
TTATTGGTTACTCGCCATAAGCTCTGCTTGTCTACGACTTGCTCTACAGCCATTTTTTGTA
AATCTGGTGGATAGCCATATTTTTTAAGCAATCTTCTAACAGCTACGCGCATTTTAGCTTT
TGCGCTATCACGTTTAGACCAATCAACACCCATGTTTTCTTCACTGTTTAGTTAGCTCAT
GAGCAATCGCACGTAGTTCTTTATCTCCCATGGCTTCTTTTGCTGTTTCATGTGAAGCTAA
AGCATCGTAAAACGCAATCTCATCTGAATTCAGGCCTAATCTTTTCCTCGTTGTTGTTCT
TGTTTGATATCTTTAGCGAGTTGAATAAGTTCTTCAATCACTTTAGATGTTTCAATGGAAC
GACTATTATATTTATTAATCGAGTTTCTTAACATTTTCAGAGAAACGCTTAGATACTGTCGC
GTTTCGTTTTCAATTAATGATTTGACTTGCCCTTTGAGTAATCGATTTAATAATTCTACTGCAA
CATTTTTTTGTTTCAATCCTTCCACGTCTTTTAAGAAATCATCTGATAGGATTGATAAATC
GGGTTGTTCAAGACCTAGCGTTTGATAAACATCAATGACATCTTCAGTCACAACAGATTG
TGACACAAGTTGATTAATCTCTGCTTCAACTTCTGCAGGTGTTTTACGTATTTTTCTTCTT
TTGGCGGTTGTAACAATTTAACAAGTCCTGCTTTAACCGCTTTAAGAAGGCAATTTTCATC
ATTGAGTTCTTGGGCTGTTGGTTTCAGTCGCACAAAGAGCAAAGGCTTTACCTAACTCTGT
GACCGTTTTAATAAAAACGTTGACGTTTCATCTTACCTAAACCAATCACATAATCCATCGTA
TTCGATATTGTATAATAACGTTCCAATTTTTTATTTGAATTAATTTAGAATAATCAAGAT
TATATAACATATCTTGAATTACATCATACTTCAATAACATCAATTCACCGCTTTATCTGT
ATCTATCGCTGTTGAGCTTGATCAGATTCTGTATACTCTTTAAGTGCTTCTTTCAAACCTT
CGGCAATACCCACATAATCGACAATCAATCCACCGGTTTATCTTTAAACACTCGATTAA
```

CTCGGGCAATTGCTTGCATCAAATTATGGCCTTTCATTGGTTTATCAATATACATCGTATG
CATAGAAGGAACATCAAACCCTGTCAGCCACATATCTCGAACAAATCACGAGTTGTAATTC
ATCATTACATCTTTTCATACGTTTTTCTAATAAATTACGACGTTTTTTAGGACCAATATGTC
TTTGAAAAGAAGCTGGGTCAGTAGAGGAGCCCGTCATTACCACTTTAATGACCCCTTTAT
CATCATCATCTGAATGCCATTCTGGTTTTAGACGAATGATTTTCATCATATAAATCAACAGC
AATTTCGACGACTCATCGTTACAATCATTCTTTGCCTTTCATCGCTTGTGACGTGTTTTCAA
AGTGTGGATGATATCTTTGGCTAGGGCTTCGATACGAGGTTTTGCACCTGCTAAGGCTTC
AATTCGTGACCATTTTGATTTTTAAACGCTGTTTTACATCCTCTTCTTGGTCTTCTGTAATGT
CATTATATGCTTCATCTAAATCTAAATTTTGGGGTAGATTTAATGGAATTACACGACTTTC
ATAGTAAATTTTAACTGTACTTCCATCAGCTACAGCTTGTGTCATGTCATAAACATCGATA
TAGTTTTCCGAAAACCATTTGTGTATTTTTATCCGTTGAAGCTACGGGTGTGCCCGTAAATC
CGACGAATGTTGCATTCGGTAAAGCATCTCTTAAATATTTAGCATAACCATATTTAATGCC
TTCACCTTTATCATTATACTTTGCATTAAGCCATATTGTGTACGATGAGCCTCATCTGCC
ATAACAATCACATTTTTACGTTCTGTTAGGGCAGCCATGGTTCGTTTTATTTTGTTCAGGTT
CAAATTTTTGCATTGTTGTAATAACAATACCACCCGACTCAACAGATAATAACGATTTTA
ATTCTTTACGTGTTTCAGCTTGTTTTGGCGTTTGTCTTAATAATCCTTTACCAGAACGTCCT
TTTGATTTAACAATGTACTGTATAGTTGGTTATCTAAATCATTACGATCTGTAACAACGA
CTAAGGTAGGATTATTCAGCATTGAATTAATTTCCAGAGAAAAAGACCATGGTTAAAC
TTTTACCAGACCCTTGGGTATGCCAATAACGCCGCTTTACCATCACCCGCCCAGATG
AAGCTAATAAAGCTCTATCAACAGCTTTATTAACAGCATAGTATTGATGATATGCTGCTA
GAATTTTACTGATATGCCCTTTACCATCATCTTGAATAATAACAAAATATCGAATTAATC
AAGTAGAGTATTAGGATTTAACATCCCATGAATCAGTACGTCTAAGCTAGCTAAACTTGA
CGAAGATTCTGTTTCTCCATCTTTAGAACGCCAAGTCATAAAACGATCATAGTTTCGCAGTT
AGTGAACCTGGCTTTAGTATTAATAACCATCACTTGTAAACAAGCACTTCATTAATGTAAAT
AATTGTGGAATACGCATCTTATACGTTTCTAATTGATGATAACCATCTTCGACGCCTACGG
TTTCATTGGTTGAATTTTTAAGTTCGATCACAACGATAGGCAAGCCATTGATAAAGAGGA
CAATATCGGGACGTTTTGTATAGTCTCCGTTAATGACAGTGAATTGATTGACTGCTAAAA
AATCATTGTTTTGTGGATGTTCAAAATCAACGATTTTAACAATTTCTACTACCGATTGTCC
TTCGTCATCATAGTCTTCGATTTCAATACCATTGATCAAATTTTCATGAAAGGTAAGGTTA
TTTTCTAAAAGATTGGGCGACTTCTCTAAAGTTAGTTCATGTATGGCTTTTTTCGATAAAAC
GATGATGAATATCTGAATTAATCTTTCTTAATGATTTTTCTAATCGTTCATGAAGGACAAC
ATCTTTATCACTTTTACGTTCTGGCGCTAGACCTGTCATACTAATCTCATTACCTTTTTTGT
AGTCATAGCCCAGTGATTGTAGCCATTCTAATGCGACTTGTCTAAATCATCTTCACTAAA
TTGAAAGCTCAT

> **hsdS_CC22**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system site-specificity determinate (genomic island)

Best match: hsdS_CC22_CC093_JKD6159-ST93_CP002114.2[64670:65902]RC

Position: 004-contig_253_RC: 13704 ... 13734; Length: 30 bp

Sequence:

CTAAATTGAAAGCTCATCTTCATTCACCTC

> **hsdM2-scc**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system DNA methylase (SCCmec)

Best match: hsdM2-WIS_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[14821:16335:r]RC (completely identical)

Position: 004-contig_253_RC: 14851 ... 16366; Length: 1515 bp

Sequence:

TTAAACTCCATAGCCTAATCCCTCCAATGATTTGCGGATTTGGTTTTCAAGTTCTTTTGATT
TCGCAAATTGTTTCGCTTAATTCAGAAGTAATGCGTTCCATTTTTTGGCTCAAACGGTTCCTTT
ATCTTCTTCAACATCAGTTAAACCTACATAACGTCCTGGCGTTAAAATATATTCATTATTC
TTAATTTCTTCAAGGTTAGCTACTTTACAAAACCAGCTATATCTTCATAGGATTTGTCGT
TTGTACCTTTCCACGCATGATACGTTTGTGCTACTTTTTGAATATCTTCATCTGAAAATTCT
TTAATGTTCTAGATACCATATGACCGATTTACGAGCATCAATAAATAAAATTTCAATTTT

TACGTTCTTTTTTACCATTTTGACCTTTATTATTACTAATGAACCAAAGACATACAGGTAT
TTGTGTTGAATAAAAGAGTTGACCTGGTAAGGTAACAATACATTCCACTAAATCTTGTTCT
GATAAGATTTTTTCGGATTTCTAATTCATCTTTTCCACTTGTAGACATTGAACCGTTGGCT
AATACAAATCCTGCTGTACCATTAGGTGCTAATTTTGAATCATATGTTCAATCCATGCAT
AGTTGGCATTACCTTTTGGCGGAATACCAAATTGCCAACGGTAATCATCAAGTAATCGTT
CTTGACCCCAATCACTTGGCGTTAAAAGGAGGATTGGCTAATATGTAATCTGCTTTTAATCC
TTTATGTAAATCGTTATGGAATGTATCAGCATTTCGTTACCTAAGTCATTATCAATACCA
CGAATCGCTAAGTTCATTTTAGCTAATTTCCAAGTTGTAGGATTAGATTCTTGCCATAAA
TCGCAATATCGTCTAATCGACCTTGATGTCTTTCAACGAAGCGTTCCTTTGTACAAACAT
CCCACCTGAACCACAGCATGGATCGTAGATACGACCTTTATAAGGTTCAATCATCTCAAC
CAATAATTTTACAATTGATGAGGGGGTATAGAACTCTCCGGCATTTTTCCCTTCAGCGCTT
GCAAAGTTAGCAATAAAATACTCATACACTCGGCCTAATACATCTTGCTTACGACTTTCA
GTATCGCCTACCTTAAAAGTAAATAAATCAATAATATCGCCTAATTTTTCTTTATCTAACG
CAGGGCGCGCATATTCTTTAGGTAACACACCTTTAATGATTCATTTTCTTTTCAATCGC
AATCATGGCTTTATCAATAATTTGTCCAATTTCTGGTTTTTTCGCATTATCATTAAATATATT
GCCATCTTGCTTCTTTTGGCACCCAGAAAATATTTTCTGCTAAATATTCATCTTGATCCTCT
TCATCAGCATAAGGATCTTGCTTCAATTCTTCATACTTTTCTTCAAAGAATCTGATACAT
ATTTTAAAAGATTAAACCTAATGCTACGTTCTTATATTCAGCAGCATCCATACTTCCTCT
TAATTTATCGGCAGCTTGCCATAATTTTTCTTCAAATCCGATTGTGCCAT

> **dus**

Function: protein coding sequence; tRNA-dihydrouridine synthase (core genome, constant)

Best match: dus_part_CC005_MR1_ACZQ01000311.1[1:278:r]

Position: 005-contig_59: 43 ... 73; Length: 30 bp

Sequence:

TGAAGCCCAAATGGACGAAGACGTTAAAAT

> **entCM14**

Function: protein coding sequence; enterotoxin-like protein (genomic island)

Best match: entCM14_CC001-ST772_AJGE01000059.1[26448:27227]RC (completely identical)

Position: 005-contig_59: 265 ... 1045; Length: 780 bp

Sequence:

CTACTTTTTAGTTAAGTGCACCTTCTATTTCCGTTTTGGCTGATTCAACTGTTTCATTACCTC
GATATATCATCAAATATTTAGACTGAGTAAAGCCAGGGTCTGGCATCATATCATACCAAT
AATATCGATTACCATTTTCTATAAATTTAATGTATCCCGTTTCATATGAAGTGCCACCTAA
ATGGTATAAATTGATTTTAGAAATTAATTTATTTCTCACTTTATAATCTAACTCTTGAATA
GTTACAGTCTCTTTATCAATATTGATATCAAAGAAAGAGTAACACTGTCATTCTCGTAA
ACTTTTACAACAATAGGCTGAATTCTATTATTGGTATTGTTCTCATTTAATGTTATACCAC
CATACATAACAAGTTTTTTTACTTCCAGCTCCTTGATTACTATCACACTGTATATTTTCATTT
GAAAAATAGCATTGATCAAAAATAATTGACGCCAAAAATATCGACTTCTTTCCCATCAAAT
GAACTAGCCATTGACTGTCTTTTAACTCAGTTTTAACATAGTCATAATGACCAGGGTTAT
TTATTGGAACAATGAAGTCATGACTCAAAAATTTGTCACTTAGCTTTATTTTTTTAGCATT
AACTGGATCGCTATTATATAAATACCATATATTATGCCAAGAACCCGTATATTGACTAGA
TTTGTTTAAATCACTTATATTTGGATCATTTTGTGTCTCTGCTCTAGCTTCCAACAAAGAAT
AGCTACTGTAACCAAATAACAAAGTGATTAGTATAAATACTTTTCTCAT

> **tx_entCM**

Function: rho independent terminator of entCM_bov (genomic island)

Best match: tx_entCM_CC001-ST772_AJGE01000059.1[27283:27330]RC (completely identical)

Position: 005-contig_59: 162 ... 210; Length: 48 bp

Sequence:

AAGTAATTAAAAAAAGCAACTTTTCCAAGTCGCTTTAATTCATTAATA

> **Q6GKL6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GKL6_CC001-ST772_118_AJGE01000059.1[25912:26070]RC (completely identical)
Position: 005-contig_59: 1422 ... 1581; Length: 159 bp
Sequence:
TTATTTAAAAGCGATTTTACGAATAAGTTCATTTGTAATTTCTTTCTCATTATTAATTGCAT
GAAGAATTTGTATTTGCAGTTCTCGTGTAACATACATACCTTCAAGTGAAAGGTTTTTAGC
GATTTGTTTATTAATCTTTGAATCAATAGTAATCAT

> **tnpIS232**

Function: protein coding sequence; transposase for IS232
Best match: tnpIS232_trunc_15584_EU272081.1[7731:7833:r]
Position: 005-contig_59: 1819 ... 1922; Length: 103 bp
Sequence:
AAATTATTTTTAGATATAAATGCGAATTTGAAGTTGCTACTCTTTAAGGTTTACTAAAAT
AAAAGTTTATATAAAGAACTTGAACATGAGAACAAATAAAA

> **mcrC**

Function: protein coding sequence; type IV 5-methylcytosine-specific restriction enzyme subunit C
(genomic island)
Best match: mcrC_trunc_15584_EU272081.1[7531:7640]RC
Position: 005-contig_59: 2012 ... 2122; Length: 110 bp
Sequence:
TTATTTTAGTAAAAATATATCATTA ACTATCCCATTCAACTGTTTTTTAATAATAGTAAAA
TCACAGTTCAAATCTAATGTCTTAATAATGATTTGACTACCACTCATAT

> **Q9KX84-M10**

Function: protein coding sequence; putative protein (SCCmec)
Best match: Q9KX84-M10_trunc_CC012_21266_AFTT01000014.1[137215:137286:r]
Position: 005-contig_59: 3779 ... 3851; Length: 72 bp
Sequence:
ATGAACAGCAATTGGAGACGTGGTTGCAAGCAATAATTGGAAATATGGATACGAAAGAT
GTAAAAGATGTGA

> **Q8VUY2-GI**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)
Best match: Q8VUY2-GI_CC001-ST772_118_AJGE01000054.1[314:1069:r]RC (completely identical)
Position: 006-contig_274: 241 ... 997; Length: 756 bp
Sequence:
TTATAAAATGAGTTGAACTATAGCAAAAACGATTA AAAATACTGATAATCCATTTTTGTAT
TATGTTAGGGACTTTTTTACTTAATTTTAAACCCTATTGGAGCAAATATAACTCCCTATT
ATAAGGAATAAGGCGTCATATAAAGGGATATAACCTTGAATAAGTTTGATGACAAAAGC
ACCAATTGAAGATATAAAAGCAATTACTATACTATTAGCGACTACAGTATTCATTGGTAA
TTTGAATAAAACCAATAATATAGGAATAATAATGAAGGCACCACCTGCACCTACTATACC
TGAAATAATACCAATGAAAAGGCCAATGATAACTAATAAATATTTATTAAATGAAGACTT
TTCGGAAGTACTGTTTCACTTTAATAAACATTAATGTTAATGCAAGTAAAGCAATAATGAT
ATATACCGTATTTACAAATGTAGCATCAAATAAATTTGCTAGAAATGCACCTAACATACT
CCCTATAATCATGCCGCCACCCATATAAAGA ACTAATTGTGGCGAGA ACTCTGTTTTTTTT
CGAGCTTTTAAATGAGCCACTTAATGTACTGAAAAAGACTTGGCTAGAAGTAAGACCTGAT
GCGATATATGCGCTATATGCAGGGGCTCCGAATAATGGTGGTAATAATAAAATAGCTGGA
TAAATAATGATAGCACCACTACGCCTACTAGACCAGATATGAACCCGCCGAATACCCCA
ATGAGTAACATGATAACTATATTAACAATATCCAT

> **Q9XBC0-GI**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9XBC0-GI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[64924:65184:r]RC (completely identical)

Position: 006-contig_274: 996 ... 1257; Length: 261 bp

Sequence:

```
TTACTTACTTTTTACCAATAAGTTTACAGCTTCATTAATTAACCTCTGGGAGCTTTCTTCAT
CATCCGCAGCTGCTTTTTACACATTCTATTAATTTCTACTAATAATGATACCCATCAAGCG
TTGGAGTGAACCTCTTTGATGCACTTATTTGTGTAATGACATCTTTACAGTCTTTTCCTTCCT
CCATCATTTTAATAAATTCCATTTAGTTGCCCTTGTATTCTATTAATACGATTAATCATTFFFF
TTATCATAATTCAT
```

> Q9XB85

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9XB85_CC001-ST772_118_AJGE01000054.1[1466:2533] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 1393 ... 2461; Length: 1068 bp

Sequence:

```
ATGAAACAATACGGAGAAAAGTTTATCGATGAATTTAGTAAAGCAGAATTGGAAAAACT
AGCCAAGCAAGGGCAATTAATTGATGTTAGAACAGAAGAGGAGTATGCATTAGGACATA
TCAATGGTTCCATACTTCATCCTGTTGATGAGATTGAGTCATTCAATAAAGAAAAAATA
AAACCTATTATGTAATCTGTAGAAGTGGTAACAGAAGTGCTAATGCTAGTAAATATTTAG
CTAAACAAGGTTATAACGTTATAAATCTTGATGGTGGTTATAAAGCTTATGAAGAAGAAA
ACGATAGTTATGATACACAAGAAGAATATAAAAGTATAGAAATTAAGCAGATCGTAAA
CAATTTAACTATCGTGGTCTTCAATGTCCAGGGCCAATTGTAAAAATTAGTCAAGAAATG
AAGAATATTGAAGTAGGTGACCAAATTGAAGTCAAAGTCACAGACCCTGGATTCCTTAGT
GACATTA AAAAGTTGGGTGAAACAAACAAGGCATACTTTAGTTAAGCTTGATGAAAATAA
CAATGGAATTAATGCGATTATTCAAAAAGAAAAAGCAAAAAGATTTAGATATAAATTATTC
TGCTAAAGGTACTACAATTGTATTATTTAGTGGAGAATTAGACAAAGCTGTAGCAGCATT
GATTATTGCAAATGGCGCTAGAGCTGCTGGAAAAGATGTAACCTATCTTCTTTACTTTTTGG
GGGCTTAATGCATTA AAAAAGTGCAAACAGTTAATGTTAAAAAGCAAGGTATTGCAAAA
AATGTTTGATTTAATGTTGCCAAAAAAGAATATACGAATGCCTCTTTCCAAAATGAATAT
GTTTGGTTTAGGAAATATGATGATGCGCTACGTAATGAAAAAGAAAAATGTTGATTTCATT
ACCAACACTTATCAATCAAGCTATTGAGCAAAATATCAAATTAATCGCTTGTACGATGAG
TATGGATGTCATGGGTATTCAGAAAGAAGAACTTAGAGATGAAGTTGAGTACGGTGGTGT
AGGCACTTATATTGGTGCTACTGAAAATGCGAATCATAATTTATTTATCTAA
```

> Q2G1R6

Function: protein coding sequence; putative hydroxyacylglutathione hydrolase (?) (genomic island)

Best match: Q2G1R6_CC001-ST772_118_AJGE01000054.1[2564:3898] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 2491 ... 3826; Length: 1335 bp

Sequence:

```
ATGTTTTTTAAACAGTTTTACGATAATCATTTATCTCAAGCATCATATTTAGTGGGTTGTC
AACGTACAGGAGAGGCAATAATAATAGACCCTGTTCTGATTTATCGAAATATATAGAAG
TTGCAGATTCTGAAGGTTAACAATTACACAAGCTACAGAAACACATATTCATGCTGATT
TTGCTTCAGGAATTCGTGATGTGGCTAAACGTTTAAATGCAAATATATATGTGTCTGGCG
AAGGTGAAGATGCATTAGGGTATAAAAATATGCCATCAAAAACACAATTTGTTAAACAT
GGAGATATCATTCAAGTAGGCAATGTTAAATTAGAAGTTCTGCATACTCCAGGGCACACG
CCTGAAAGTATTAGCTTTTTACTCACTGATTTAGGCGGTGGTTCAAGTGTTCCGATGGGAT
TATTTAGTGGTGACTTTATTTTTGTTGGTGATATAGGTAGACCTGATTTATTAGAAAAATC
TGTTCAAATAAAGGGTTCTACAGAAATTAGCGCGAAACAAATGTATGAGTCCGTTCAAAA
TATTA AAAAATTTACCAGACTATGTTCAAATCTGGCCGGGTCATGGTGCTGGAAGCCCTTG
TGGTAAAGCATTAGGTGCCATACCTATATCTACAATAGGTTATGAGAAAATTAATAACTG
GGCATTTAATGAAATTGATGAGACTAAATTTATTGAATCATTAACATCAAATCAACCAGC
ACCACCGCATCATTTTGCACAAATGAAACAAGTTAATCAGTTTGGTATGAATTTATATCA
ATCATATGATGTTTATCCTAGTTTAGATAATAAGAGAGTAGCATTTGATCTTCGTAGCAAA
GAGGCCTTTCACGGTGGCCACACAAAAGGAACAATCAATATACCATACAACAAAAAATT
TATTAATCAAATTGGTTGGTACTTAGATTTTGAAAAAGATATAGATTTAATTGGAGATAA
```

ATCTACTGTTGAGAAAGCGAAACACACTTTACAATTAATTGGGTTTGATAAAGGTAGCAGG
CTATCGTTTGCCAAAATCAGGCATTTCAACCCAGTCCGTTTCATAGCGCTGATATGACAGG
TAAAGAAGAACATGTATTAGACGTACGTAATGATGAAGAGTGAATAATGGACACTTAG
ATCAAGCAGTTAATATTCCACATGGTAAATTATTAATGAAAATATTCCTTTTAATAAAG
AGGATAAAATATATGTACATTGTACAGTCAGGTGTTAGAAGTTCAATTGCAGTGGGTATAT
TGGAAGCAAAGTTTTGAAAATGTGGTGAATATTAGAGAAGGCTATCAAGATTTTCCAG
AATCATTAATAAATAA

> **Q2G1R5-GI**

Function: protein coding sequence; putative sulfide-quinone reductase (genomic island)

Best match: Q2G1R5-GI_CC001-ST772_118_AJGE01000054.1[3917:5110] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 3844 ... 5038; Length: 1194 bp

Sequence:

ATGAATAAGCATTATCAAATTGTTATTATTGGTGGCGGTACAGCAGGTGTTACCGTAGCA
TCAAGACTATTAAGAAAAAATCAAACCTTAAAAGAGAAAATAGCAATTATAGACCCAGC
AGACCATCATTACTATCAACCATTATGGACGTTGGTTGGTGCAGGGGTATCTAGTTTGAA
AAGTTCTCGTAAAGATATGGAAAGTGTTATACCTGAAGGTGCTCACTGGATAAAACAGGC
TGTTTCAAGTTTTCAACCTGAAAATAATAGCGTTATTTTAGGAGATAATACAGTCGTTTAT
TATGATTTTTTAGTAGTAGCTCCAGGATTACAGATTAATTGGTCTTCAATTAAGGACTAA
AAGAAAATATAGGTA AAAATGGTGTGCTCTAACTATTCACCTGACTATGTTAACGAAA
CTTGGAAACCAATTTCTAATTTTAAACAAGGAAATGCCATTTTTACGCATCCAAACACCC
CTATAAAGTGTGGAGGTGCGCCTATGAAAATTATGTATTTAGCTGAAGATTATTTTAGGA
AACATAAAATCCGTTCTAACGCTAATGTGATATATGCAACGCCAAAAGATGCTTTATTTG
ACGTAGGAAAATATAATAAAGAATTAGAGAGGATTGTTGAAGAAAGAAATATAACAGTC
AATTATAATTATAACCTTGTGAAATCGACGGTGACAAAAAAGTGGCTACATTCGAACAT
ATCAAAACATACGATAGAAAAACAATAAGTTATGATATGTTACATGTAACACCACCTATG
GGTCCCTTAGATGTAGTAAAAGAAAGTACACTTTCAGATAGTGAGGGTTGGGTAGATGTT
AACCCAACCACATTACAGCATAAAAGCTACTCTAATGTATTTGCACTTGGTGATGCTTCA
AATGTACCTACTTCAAAAACAGGCGCAGCTATTCGTAAGCAAGCACCTATCGTCGCTAAT
AATTTATTGCAAGTGATGAATAATCAAATGTTAACGCATCATTATGATGGTTATACTTCAT
GTCCTATTGTTACTGGATATAATAGGTTAATACTTGCAGAGTTTGATTATAATAAAAATAC
TAAAGAAACAATGCCGTTTAATCAGGCCAAAGAACGTAGAAGTATGTATATATTTAAGA
AAGATTTATTACCTAAAATGTATTGGTACGGCATGCTAAAAGGATTAATATAA

> **txbi_Q5HJT6**

Function: rho independent terminator of Q5HJT6

Best match: txbi_Q5HJT6_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[78806:78878:r]RC (completely identical)

Position: 006-contig_274: 5216 ... 5289; Length: 73 bp

Sequence:

TTATGAAAATAGAAACAGCAGTAAGATGTTTTCTAATTGAAAATCATCTCACTGCTGTTTT
TTTAAAGGTTTA

> **Q5HJT6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HJT6_CC001-ST772_118_AJGE01000054.1[5378:5479:r]RC (completely identical)

Position: 006-contig_274: 5305 ... 5407; Length: 102 bp

Sequence:

TTATTTAATAATAATTAATGGTATTTGAGCAAGTTTAGCGACTTTATGACTGACATTACCA
ATTTCCATTTCTTGCCAGATATTCAAACCACGTGTACTCAA

> **dus**

Function: protein coding sequence; tRNA-dihydrouridine synthase (core genome, constant)

Best match: dus_CC005_21318_AFNQ01000029.1[56403:57389]RC

Position: 006-contig_274: 5701 ... 6688; Length: 987 bp

Sequence:

```
CTATAATTCTATTTTAAACGTCTTCGTCCATTTGGGCTTCAAATTCATCGAGTAGTGCTCGT
GCTTCTGCAATTGATTGTGTGTTTCATCAATTGATGGCGAAGTTCGCTAGCGCCTCTTATGC
CACGCACATAGATTTTAAAGAATCTACGCAAGCTCTTGAATTGTCGTATCTCATCTTTCTC
ATATTTGTAAACAATGATAGATGCAATCTCAACAGATCTAATAGTTCTTTGCTTGTGTGT
TCACGTGGTTCTTTTTCAAAGCGAATGGATTGTGGAAAATGCCTCTACCAATCATGACG
CCATCAATGCCATATTTTTCTGCCAGTTC AAGTCCTGTTTTTCTATCGGGAATATCACCGTT
AATTGTAAACAATGTATTTGGTGCAATTCGTCACGTAAATTTTTAATAGCTTCGATTAAT
TCCAATGTGCATCTACTTTACTCATTCTTTACGTGTACGAAGATGAATAGATAAATTGG
CAATGCTTGTTCGAAGACGTGCTTCAACCAATCTTTCCATTCATCGATTCATAGTAGCC
AAGGCGTGTTTTAAACACTTACCGGAAGCCACCTGCTTTAGTCGCTTGAATAATTTCCGCA
GCAACGTCAGGTCTTAAGATTAAGCCGGAACCCTTACCCTTTTTAGCAACATTTGCTACA
GGACATCCCATATTTAAGTCTATGCCTTTAAAGCCCATTTTAGCTAGTTGAATACTCGTTT
CACGGAAGTGTCTGGCTTATCTCCCATATATGAGCGACCATCGGCTGTTTCATCTTCGCT
AAAAGTTAAGCGTCCACGCACACTATGTATGCCTTCAGGGTGGCAAAGCTTTCAGTATT
TGTAATTCAGTGAAAAACACATCCGGTCTAGCTGCTTCACTTACAACGTGTCGAAAGAC
GATATCTGTAACGTCTTCCATTGGCGCCAAAATAAAAAATGGACGTGGTAATTCACCTCA
AAAATTTCTTTTCAT
```

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 006-contig_274: 6875 ... 6884; Length: 9 bp

Sequence:

```
ATAGTTCAT
```

> **A6TXM6**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A6TXM6_CC001-ST772_118_AJGE01000049.1[1164:1367] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 6996 ... 7200; Length: 204 bp

Sequence:

```
ATGGAAGATTTAAAGCATTCTTTAAAAAGTTTAGGTTGGTGGGATTTATTTTTTGCATAC
CTATGTTTCTACTATTCGCATACCTTCCAAACTATAATTTTATAACGATATTTCTTAACATT
GTTATCATTATTTTCTTTTCCATAGGTTTGATTTTAACTACGCATATAATTATAGATAAAAT
TAAGAGCAACACGAAATGA
```

> **A6QD71**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A6QD71_CC001-ST772_118_AJGE01000049.1[1416:1712] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 7248 ... 7545; Length: 297 bp

Sequence:

```
ATGGCGACTAAGAAAGATGTACATGATTTATTTTTAAATCATGTGAATTCAAATGCCGTT
AAAAGTAGAAAGATGATGGGAGAATATATTATTTATTATGATGGTGTGTTATAGGTGGT
TTGTATGATAATAGATTATTGGTCAAGGCGACTAAAAGTGCACGTCAATTTCAAGAT
AATACATTAGTATCGCCGTATCCTGGTGCTAAAGAGATGATATTAATTCCAGATTTTGAC
GAAGCAACAAATCTCACTGATTTATTTAAGACCATAAAAAATGATTTGAAAAACTAA
```

> **Q6GKK6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GKK6_CC008_NCTC8325_CP000253.1[49481:50092] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 7743 ... 8355; Length: 612 bp

Sequence:

```
GTGAACGATATGTTAATTAGTCTTGTAATCCCAGTTTTTGGCTTTGTTAGTTATTGGTGGTAT
TATTTGGATGATTATAGAAGGTATAGTACATATTTCAAAAAAGAATAAAGCAATTGATAA
CTTTTTTAAACCAAGTTAATAAAGTAAGTGAGACATATAAATTCGCTACTACTTTTTTATTT
```

CTAATCTTGGCTACGGCTGGTATTTCTCAATTTTATCTATATTATATAGTATCAGCGTTTCT
TTTTTGGCTTGTCACTACTACCTTTGGCATTGCAGGTATCATTTTTTTAATGCCATATGGAT
TATGTTTTCTACCGTTTTATAAGCAAAAAAAGAAAAAACAGACATTTAAAAAATACATGG
TTTACTACTACGATTGGTTTGTCAATTTGTCTAGGCTTATCTCTAGTTTTGGTTCACACTACG
AAAATTTATATGGACGAAGGTGGCGTAAGATACTATTACGGTAGTTTTGTAAATGAAACAA
GCGGGCGGTTATGCTTATTTAGCTTTAGCGGTACTTTCAACGTTGTTAATTGTTGCGAAAA
AAGCTACAAATAAAAAATAAAGAAATCGAAACCGTCGACAATACAAATATAACGGAAAGA
TAA

> **Q7A890**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q7A890_CC001_MSSA476_BX571857.1[76016:79168]

Position: 006-contig_274: 8621 ... 11774; Length: 3153 bp

Sequence:

ATGAGTCAATTGCTAAATGATACGTTATCGGCTTGGTTGTTAATTGAATCTTTAAGTGCAG
GAGAAGTAAATTTTACAGCGGAAGATATACTCTCAGCTGAACATTTTAAAAATGGTACAA
AGCAAGCACAGCTTCAAAGTTTTGATGAATATTTTAAAATATGGAACGATGAACGTTTTA
TTGTGTCAGAAGAAAAATCAGAGACTGGGGAACCTATATTTAAATTTTATAGACATTGCT
TCCGCTATAATGAAATTAATTTGAAAATTCAAGATATTTTTGAAAATCACTCTGATATTCA
TAATCCAAATGGGACACACTGTTATGGTTACACATTTAACACAGATAAACACGGCAAAGT
GATAGTTGATTCTATACATATTCCGATGATTATGAGTGCATTAAGAAATTGAAAAGAA
CAAAAATGCCAATATAGAAGAAAAATTTAATGATTCTGTTGAAAAATTTGTTCAAAAAGT
AAAAGAAATTTAGCAGATGAACCAATTAATGAATTTAAATTGAAGAAGATGGACAAAG
CTTATGATGAGTACTTTTCTGTATTAATTCAAAGAAAGATGGATTATTTGGACATTATGT
AGCAATAGAATATGTGAAAGATAGTGATTTACCACAGCCGGAATTTAACAGTTTCTTCAT
AAGTGATATTGAGAAAGCAAGAAAATCTCCAACCAAACTTTAATTGATTACATTGAAGG
TGTAAGAAGAAAGTCAGCGCATAGAAGTAGATGAAAATAAAGAAATGTTTGACAAATTTT
TACATCCTTCACGTTTGCCTGATGGACGATGGCCATCACAGACTGAGTTTAGATTGTCTTT
AATGCAACAACCTTGCTGTAAACCAATTACGAGTGGTAATGAAAGAATAAGTTCAGTTAA
TGGGCCACCAGGGACAGGTAAGACTACTTTATTAAGATATATTTGCTCATCTAGTAGT
TGAAAGAGGTAAAGAGTTAGCTAAACTAAATAATCCTAAAGATGCATTTGTCAAAACAA
AAATTCATGAAACGGATGATAAATACGTATACTTACTAAAGGAATCTATTGCCAATATA
AGATGGTAGTCGCATCTAGTAATAATGGAGCTGTTGAAAATATATCTAAAGATTTACCGA
AAATTGAAGAAATTATAAGAAATCCCGAAAAATGTAAATTCCTAAATATGAACAGAAT
TATGCAAATTTAGCACATGAATTAAGAGATTTTGGCTGAAATAGCTGAAGGTTTGATTGGT
GAAAGTGCCTGGGGCTTATTTTCTGGAGTATTTGGAAAAAGCAGTAACATTAATAAAGTA
TTGGAGCACATGCTAAAAAAAGATGGGAATGATATTGGCTTTGCTAAATTACTACAAAAT
GAGAATAATCGTATGAGTTATAACGAGTTAATGAGTGAATGGCAATCACATCAACGTGCA
TTTTTAGAAGAGTTGAGGCATGTTGAAATGTTAAAGAAGAATCTATTAGAGCATATGAT
GTTTATAAAAATTGTGAGTCTTCTCTAAGATTGAACAGGTTATTAATAGTGAAAAAACA
AGTATTGAAGAACAGGTATATCATTTAGATAATGAAACGTTACGAGACAATAAAGAAAT
AGAAGATTTGGATAATCGAATTAATTATATTGTTAAGCAAATAGAACTTTAAATGAGTT
AATTAATCCATCAAAGAAAGCAACAAAGGTTTTATTAACAACTGAAAGCGATGTTTAA
TTCAGAAGAAGATGAAAGCTATAAAGATCATAATAAAGAGAAGCAACAATTATTAACAC
AACAGTTAGAGTTAGAGAAATGTAAAAAAAACAAACATGAAGACCTTGTTAGCAAACATA
AAAGAAAAAGAGAAATTAATTAACAATTAACTAAAGTACAGTTGCAATTAGACGAGTT
AAATTCACAGTTACAAGAGTTAGAAGCATATCGTATTGAGTCAAAAATTACAATTCAGA
AAAAGATTTTTGGAGTGACAACAATTATGATGAGCGCCAAGTTACTAATCTGTGGACGAG
TGACGAACTTCAATACAGACGTGCCATGCTCTTTTTAAGAGCAATGATATTGCATAAATT
ATTATTGATTGCTAATAATACAACATTTATTATGCGATTAATGATTTTAAAGATAGAAGG
AAATTAATTGATGCAAATCCAGATAAAGTACACAACGCATGGAATGTGATGCATTTAATA
TTCCAGTAGTTAGTACGACGTTTGAAGTTTTAAATCTATGTATGGGGGCATACCAAAA
GATTCATAGACTACTTATTTATTGATGAAGCAGGACAAGCAATACCTCAAGCAGCTGTG
GGAGCATTATATCGTTCAAAAAAAGTTGTAGCTGTAGGTGATCCGATTCAAATAGAACCG
GTTGTGACTTTAGAAAGTCATTTAATTGATAACATTCGTAAAAATTATCATGTTCCGGAAT
ATCTAGTTTCTAAAGAAGCTTCTGTGCAGTCTGTTGCAGACAACGCCAATCAATATGGTTT

TTGGAAATCTGATGCTACTGATAGTAATCAAAAAACCTGGATAGGCATACCTTTATGGGT
GCACAGACGATGTTTAAAACCTATGTTACGATAGCTAACCAAATCGCTTATAATAATAA
AATGGTGTTGCCAAGTAATATTACAAAAGTAGGTAAAACAGGTTGGTATGACGTAAAG
GAAACGCAGTTCAAAAACAATTTGTGAAAAGAGCATGGTGAAAAAGTAGTGGGATTATTA
GCTGATGATTGGATTGAAGCAATTAAGGAAGGTAAAAATGAACCGAGCTCATTTGTAATA
TCGCCTTTTTTCAGCAGTACAGCAACAGATTAACGTATGTTAAAGCAACAACACTACCGACT
AGAATTGATATTGAACGTACAAAAATTAATCAATGGGTCGATAAATCCATTGGTACTGTT
CATACTTTTTCAAGGTAAAGAGGCTCAGAAGGTGTATTTTGTAATAGGTACTGATAATACC
CAAGATGGTGCTGTGAACTGGTCATGCGAAAAACCAAACCTTGTTAAACGTTGCAGTGACA
AGAGCTAAGAAAGAGTTTTATGTAATTGGCGACATGCAAAGAATACAGATGAAACCATT
TTATGAGACGATTTTTAAAGAAAGAAATGTAAAATAA

> **Q2YUT2**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q2YUT2_CC001-ST772_118_AJGE01000049.1[5998:6480] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 11830 ... 12313; Length: 483 bp

Sequence:

ATGGAGAAATTTAACAACCTGGATATTAATGCAATAAGTGGATCTCAAACAGACAAGAA
TGGAACAACCTAAAGAATTAAGAGGGGCAAAATTTATCATTTTATATGCATATTCAATGCT
CGTTTTGCTTGCCTTAGTAATTTCTAACATATTCATTCACATTTTGGAGCCTAAACTATCA
ATCACCCTCAAATCATCATCGTTTTGATTTAATTGAAGCACTAATTGGACTGCGTTTTCT
TGAAAGCGTACGATGTTAAGCGTGGCAAAGATAAAGAAAATAAGAAAAATAGTAAGGAT
TTCGTTAAACTAAATCAATTTTAGTAGCAATTTTATTACATCATTGGCGCTGACAGCAG
GTACTGTAGCTGATATATACGGTTTCACTGACTTAGGAAATACTAGAAGTGATTTAATCG
TTTGGAGCATAGGTGGTATTATATTTGGCCTCGTATGTTACACAATGGAAGATAAAAGAT
AA

> **plc**

Function: protein coding sequence; phosphatidylinositol-specific phospholipase C (core genome, constant)

Best match: plc_CC001-ST772_118_AJGE01000049.1[6685:7671] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 12517 ... 13504; Length: 987 bp

Sequence:

ATGAAAAAGTGATTAAGACTTTGTTTTTAAGTATCATTTTAGTAGTGATGAGTGGTTGGT
ATCATTACAGCACATGCGTCAGATTCGTTGAGTAAAAGTCCAGAAAATTGGATGAGTAAAC
TTGATGATGGAAAACATTTAACTGAGATTAATATACCGGGTTCACATGATAGTGGCTCAT
TCACTTTAAAGGATCCATTAATAATCAGTTTGGGCAAAGACTCAAGATAAAGATTACCTTA
CCCAAATGAAGTCGGGAGTCAGGTTTTTTGATATTAGAGGTAGAGCAAGTGCTGATAATA
TGATTTACAGTTCATCACGGCATGGTTTTATTTGCATCATGAATTAGGAAAATTTCTCGATGA
TGCTAAATATTACTTGAGTGCTTATCCAAACGAAACAATTGTGATGTCTATGAAAAAGGA
CTACGATAGCGATTCTAAAGTTACGAAGACATTTGAAGAAAATTTTAGAGAATATTATTA
TAATAACCCGCAATATCAGAATCTTTTTTACACAGGAAGTAATGCGAATCCTACTTTAAA
AGAAACGAAAGGTAATAATTGTCTATTCAATAGAATGGGGGGTACGTACATAAAAAGTG
GTTATGGTGCTGACACGTCAGGTATTCAATGGGCAGACAATGCGACATTTGAAACGAAAA
TTAATAATGGTAGCTTAAATTTAAAAGTACAAGATGAGTATAAAGATTACTATGATAAAA
AAGTTGAAGCTGTTAAAAATTTATTGGCTAAAGCTAAAACGGATAGTAACAAAGACAAT
GTATATGTGAATTTCTTGAGTGTAGCGTCTGGAGGCAGCGCATTAAATAGTACTTATAACT
ATGCATCACATATAAATCCTGAAATTGCAAAAACGATTAAGCAAATGGGAAAGCTAGA
ACGGGTTGGCTGATTGTTGACTATGCAGGATATACGTGGCCTGGATATGATGATATCGTA
AGTGAATTATAGATAGTAATAAATAA

> **lpl-SAOUHSC_00054**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)

Best match: lpl-SAOUHSC_00054_CC008_COL_CP000046.1[91050:91823]

Position: 006-contig_274: 13724 ... 14495; Length: 771 bp

Sequence:

ATGATGAAACGATTAACAAATTAGTGTTAGGCATTATTTTTCTGTTTTTAGTCATTAGTA
TCACTGCTGGTTGTGGCATAGGTAAGAAGCGGAAATAAAGAAAAGCTTTGAAAAACA
TTGAGTATGTACCCTATTA AAAATCTAGAGGATTTATACGATAAGGAAGGCTATCGTGAT
GATCAGTTTTGATAAAAATGATAAAGGTACATGGATTATAAATTCTGAAATGGTTATTCAA
CCTAATAATGAAGATATGGTAGCTAAAGGCATGGTTCTATATATGAATAGAAATACCAA
ACAACAAATGGTTACTACTATGTTCGATGTGACTAAGGACGAGGATGAAGGAAAACCGCA
CGACAATGAAAAAAGATATCCGGTTAAAATGGTCGATAATAAATCATTCCAACAAAAG
AAATTAAGATGAAAAATAAAAAAAGAAATCGAAAACCTTAAGTTCTTTGTTCAATATG
GCGACTTTAAAGATTTGTCTGAAGTATAAAGATGGAGACATTTTCATATAATCCAGAGGTGC
CGAGTTATTCAGCCAAATATCAATTA ACTAATGATGATTATAATGTAAAACAATTACGTA
AAAGATATGATATACCAACAAATAACGCGCCGAAGTTGTTGTTGAAAGGTACAGGGAAT
TTAAAAGGTTTCATCAGTTGGATATAAAGATATTGAATTTACGTTTGTAGAGAAAAAAGAA
GAAAACATTTACTTTAGTGATGGGTTAATTTTTAAACCAAGTGAGGATAAATAA

> **lplTerminator-2**

Function: protein coding sequence; (genomic island)

Best match: lplTerminator-MW2-2_CC001_MSSA476_BX571857.1[83756:85132]

Position: 006-contig_274: 16558 ... 16708; Length: 150 bp

Sequence:

GAACCACATAATGAAATAAAAGACAAACTAAATAAAATTACGGACTTATCTAAGAAATA
TAATTCGTATTTACAGCAAATCGAAAAAGTATTAATGAAATAGTTGCTAAGGATCAACA
ATTGGCAGGGCAAATAGGTGATTTAATATGA

> **Q8NYT6**

Function: protein coding sequence; HTH-type transcript regulator (core genome, variable)

Best match: Q8NYT6_CC001-ST772_118_AJGE01000049.1[13632:15869] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 17600 ... 19838; Length: 2238 bp

Sequence:

ATGCAACGTGATTATTTAATTCGAGTAGAACTGAGAGTATGTCAGATTTCAAAGGCTC
AATGGTTAATGATTGGTTTTGTTATTAAGGTGAGGCGCATATTTATGATGAAAATAAT
ATGACGCAATACAACAGTGGCGACATTTTCATCATTAAACCACCGCGACTTGTATCGATTT
CAACTTCAACAAGAGGGCATCATATGTTATATCCAATTCCAAATGAAATATTTAGCAGAC
AAGTTTGATGATGCGCATTGTCTATATTTTCACTAACAGATGCGACCACAACCAAGAAT
ATACATCAACTGAGAAATATAATGGCAAGACTGGTTTCAACACACATTCGACATAATGAG
TTGTCTAAATTGACTGAGCAACA ACTTGTGATTCAGTTGCTTATGCATATGATTCATTATG
TCCCGCGTACATATCATTTCGAACCAAAGTATCTTAAATGATGATAAAGTGAATCAAGTAT
GCGACTATATCGAGTTACATTTTCATGAAGATTTAAGCCTTTCAGAATTAAGCGAATACG
TTGGGTGGTCAGAGAGCCATCTGTCTAAAAAGTTTACAGAATCGCTAGGTGTAGGATTCC
AACATTTCTTAAATACGACGCGAATTGAGCATGCGAAACTCGATTTAACATACACAGATG
AAACGATTACTGATATTGCATTGCAAAATGGCTTTTCAAGTGCAGCGAGCTTTGCGAGAA
CATTTAAACACTTTACGCATCAAACGCCTAAACAATATCGAGGTGATCGTCCAGCAATCA
CTGAAAACCAGCAATCGTTACAACATAATTATCACGACCGTGAATTGATTA TTTTAA
ATGACTACATTGAAGAAATGAATCATTTCATTGAAGATATTGAAAAGGTGAACTATAAAG
AGATTGCCTTTAAACCAACTAATCAACA ACTAATCAATTTAATCATATTATTCAAGTGG
GCTATTTGAGGAATTTGCTCAATACACAGTATCAATCACAGTACTTACATGCCATCATGA
TTTTCATGTCAATGAAGTATTAGCATATGATGTGATGCCATATATTATGAAAAGCTCAAT
GCGCCATTCACGTATGATGCAGAGATTTTCGAATATATTTTATGATATCGATTTGTGTTAG
ACTTTTTATTAGATCATAACTTTAGTTTGACAATGCATTTGGATCAGTATGACTCACGTGA
TTATATCGATGCATTCAAAGTATTTATCCATCACGTTGCCCTGCATGTCAGTCATAGAAAA
GATTTGAAGTTCAACTTGTATGTGACGACATTGCACAATTCTTTGATTGAAATGATTGATT
ATTTTAAAGCATTATTTCCCAATGGTGGCTTGTACGTTCACTTAGATCAAGCTACGGAAA
GACATCTACCATTGTTGAAACGACTTGAGCCACACATCGACCATTTTGTATTTGATGCCAA
TTCAAATGACGCTGTTGATTTTAAATAAAATGAATGATGATGAATTTAAAACCGCAAGTCA
AATGATTATTAATAAAACGAATTACCTTATCGACTTAATGCATCGCCATAACCTAAAGCG

TCCACTCATTTTACTCAATTGGAATACATTGACGGGTGATACATTTATTACAAACGGCGA
ATATTTTAGAGGTGGTATCATCATTGAGCAATTATTAATAAAGTTCTAAAGTAGAGGG
TATCGGGTATTGGTTGAATTATGATTTGCACGTCAGTCATTGTAGAAATGAACGGGATTA
TATGAATTCTATTGAACTGTTTCATCAATATAATGGAAAACGTCCGGTCTATTTACGGCA
TTGCTATTTAATAAATTAACAAGTAATATTTTATATTCTGATGATACATGTATTGTCACGG
GAACTGATTCAAATTTTCAAATATTGTTATATGATGCAAAGCATTTTAATCCGTA CTTAGC
GTTGGACAATCAAATGAATATGCGTGCAACGGAAATGATCCATTTGAACATTAATGCCTT
GGAAGAAGGTATGTATAAGATTA AACATTTTACCTTAGATAAAGAAAATGGTGC GTTATT
TAATCTTTGGCGCAAACATCATACGATACATGGCATGGACAAGGACTCTATAGATTACGT
TAATCGAATGAGTTTTCCGAAATTAGAAGTATATGATATAGATATCACGGACACACTGGC
ATTAACATTAATAAATGATTACGAATGGGATTCACTTAATTGAAGTAAAACGTTACCCAAG
TTCATAA

> **Q8NYT5**

Function: protein coding sequence; aminoacylase (core genome, constant)

Best match: Q8NYT5_CC001_MSSA476_BX571857.1[88413:89591] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 19988 ... 21167; Length: 1179 bp

Sequence:

ATGAATCAACAATTAATTGAAACTTTAAAATCTAAAGAAGGCAAAAATGATTGAGATCAG
ACGTTATTTACATCAGCATCCAGAATTATCTTTTCATGAAGATGAAACGGCGAAATACAT
CGCTGAATTTTACAAAGGTAAGATGTGGAAGTAGAAACGAATATCGGACCACGTGGAA
TTAAAGTAACGATTGATTCAGGGAAACCTGGTAAAACATTAGCAATCCGTGCAGACTTTG
ATGCATTACCTATTACTGAAGATACAGGATTATCTTTTGCATCACAAAATAAAGGTGTTAT
GCACGCATGTGGTCACGATGCACATACAGCATAACATGCTTGTATTAGCAGAGACGCTTGC
TGAAATGAAAGATAGTTTTACAGGAAAAGTCGTTGTGATACATCAACCAGCTGAAGAAG
TACCACCAGGTGGTGCTAAAGCAATGATTGAAAATGGTGTATTAGACGGTGTGATCATG
TATTAGGTGTACACGTCATGAGCACAATGAAAACAGGTAATGTGTATTACAGACCTGGTT
ATGTTCAAACAGGACGCGCATTTTTCAAATTGAAAGTTCAAGGTAAAGGTGGTCATGGTT
CATCACCCCATATGGCCAATGATGCCATTGTTGCAGGTAGCTACTTCGTACACAGCGTTAC
AAACAGTTGTATCTAGACGACTAAGTCCATTTGAAACCGGTGTTGTCACAATCGGTTTCAT
TTGACGGTAAAGGTCAATCAATGTCATTAAAGATGTTGTTGAAATTGAAGGTGATGTAC
GTGGATTAACAGATGCTACAAAAGCAACAATTGAAACAGAAATTAACGTTTATCAAAA
GGATTAGAAGCATTGTATGGTGTAACTTGCACATTAGAATATAACGATGATTATCCTGCA
TTATATAATGATCCAGAGTTTACTGAGTACGTGGCTAAGACGTTAAAAGAAGCAAACCTT
GATTTTGGTGTGCAAATATGTGAACCACAACCACCTTCAGAAGACTTTGCATACTATGCT
AAAGAACGTCCAAGTGCCTTTATTTATACAGGTGCAGCTGTGGAAGATGGTGAATTTAC
CCACATCATCCTAAATTTAACATTTACAGAAAATCATTACTTATTTCCGGCAGAAGCTG
TAGGGACAGTTGTTTTAGATTACCTTAAAGGAGATAACTAA

> **norC**

Function: protein coding sequence; multidrug efflux pump (core genome, constant)

Best match: norC_CC001-ST772_118_AJGE01000049.1[17200:18588] (completely identical)

Position: 006-contig_274: 21168 ... 22557; Length: 1389 bp

Sequence:

ATGAATGAAACGTATCGCGGGGGCAACAAGTTAATCTTAGGTATTGTATTAGGTGTTATT
ACATTTTGGTTGTTTGCACAATCACTTGTAATGTTGTACCAAATTTACAACAAAGTTTTG
GTGCAGACATGGGAACAATTAGTATTGCGGTAAGTCTAACC GCACTATTTTCAGGCATGT
TTGTTGTTGGAGCAGGCGGCCTAGCAGATAAAAATTGGGCGCGTGAAAATGACGAATATC
GGTTTATTGTTAAGTATTATTGGTTCAGCATTAAATTATTATTACGAATTTACCGGCATTATT
AATTTTAGGTCGTATTATACAAGGCGTATCAGCAGCGTGTATTATGCCTTCCACATTGGCC
ATTATGAAAAC TTATTATGAGGGTGCTGAACGTCAGCGCGCCTTAAGCTACTGGTCTATC
GGTTCTTGGGGTGGAAAGTGGTATCTGTTCACTCTTCGGTGGGGCAGTTGCGACA ACTATG
GGTTGGAGATGGATTTTCATCTTCTCAATTATCGTTGCCGTA CTTTCAATGTTACTCATCA
AAGGGACGCCTGAAACGAAATCAGAAGTTACCAATACACATAAATTTGACGTTGCAGGG
CTAATTGTTCTAGTAGTTATGTTGCTAAGTTTAAACGTTGTCATTACTAAAGGTGCAGCAC

TTGGTTACACATCATTATGGTTCTTTGGTTAATTGCAATCGTAATTGTAGCATTCTTTATT
TTCTTAAAAGTTGAGAAAAAAGTAGATAATCCGCTTATTGATTTTAAATTATTTGAAAAT
AAACCATATACAGGTGCAACGATTTCTGAACCTTCTTATTAACGGTGTTCAGGTACATTA
ATTGTAGCGAATACATTTCGTGCAACAAGGTTTAGGTTATACAGCATTGCAGGCAGGATAC
TTATCAATTACTTATTTAATCATGGTGTTATTGATGATTTCGAGTTGGTGAAAAATTATTAC
AAAAAATGGGTTCTAAGCGACCAATGTTATTAGGTACATTCATTGTGGTCATTGGTATTG
CACTTATTTTCATTAGTATTCTTACCAGGCATATTTTATGTTATCAGTTGTGTCGTAGGATAT
TTATGTTTCGGACTAGGCTTAGGTATTTATGCAACACCTTCTACAGATACAGCTATTTCAA
ATGCACCGTTAGATAAAGTTGGCGTTGCTTCAGGTATTTATAAAATGGCTTCATCACTTGG
TGGTGCATTTCGGTGTGCAATTAGTGGTGCAGTATATGCCGGTGCAGTTGCTGCAACGAG
CATTACATACAGGTGCGATGATTGCACTTTGGGTTAACGTATTAATGGGAATCATGGCATT
ATCGCAATTTTATTTGCGATTCTAATGATGATAAACGTGTCAAAGATGCGAAATAA

> txbi_universal1

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC022_HE681097.1[2619148:2619217:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 14 ... 84; Length: 70 bp

Sequence:

TGTATAAATATAGAACAGCAGTAAGATATCTTCTAATTGAAAATTATCTTACTGCTGTTTT
TTAGGGATT

> Q1Y1J7

Function: protein coding sequence; putative Na⁺/Pi-cotransporter protein (core genome, constant)

Best match: Q1Y1J7_CC009_21334_AGTW01000007.1[298140:299801:r]RC (completely identical)

Position: 007-contig_191: 159 ... 1821; Length: 1662 bp

Sequence:

TTAAATTTTCAGTTGTTGCAATTTCTTCATCTGTAGGTACATCATCGTTAAGGCCAACAAAGT
GCTTCAGAAACATTTTCGTGAATGATAACCGATACGTTCAAGAACACCAATCATATCGATA
TATAGTAATCCGCCTTTTGTGTACATTCACCACGATTAAGGCGTTTAAATATGACCTTTCG
GTAGTTTATGTTCAATATTAATGATTCTCTACTACGTTCTACAATTTTCATCTTTTTTCGTT
TTGTCATAAACATCTAACATGTCGATGGCTTTATCAAATGACTCAGCAACATGGTTGAAT
AATTTATCCATACCGCGTTGTGCATCTTCTGTAATGCGAATATCTTCATCATGTTGGCGTT
TTAATTGAGCGACATACTCTTCTGTTAGCTCTGCTACTTTTAAAATAGAGCGATTGACATC
AAACATAACTGCTAAACGCTCAACGTCAGCCTTCGTTATGGCTTTTGTAGAAATTCTAACT
AAATAATTTTCGAATGCTATCATTGATTGTTTTCAACAGCTTGGTGCTTTTGTTCAGCTTTT
GATCAATTTTTTATCGTCTTTTTGTAATTTTCGCGAATGTCTTCAAACATTGATAAGACAATC
TGACCAACATTTTGTAAATCTTTTTGAGTTTCTTGTAAATGCAACACCAGGTGCGTGATAAA
CAAGATCTTTGTTAAGTGCTGAGGTTTATAGTCATCAGCAATATCTTTACCTGGGACAAG
CTTTGTAACAATCCATGCTAAACCTGCTACAAATGGTAATTGAATCAAAGTATTTGTTATG
TTGAAGATACCATGTGATACTGCAATCGTCATCGCTGGTTTTAAGTGCCATACATCTTGTA
ACAACTAATCAAATGAATCACAACCTGGCAAGAAAATTGTGAAGATAATTACCCCGATT
AAGTTAAAGATGACGTGTACAAGCGCCGACGTTTTGTCAGCGATTGAGCCGGCTAAACTA
GCTAAGATAGCTGTAATCGTTGTACCAATATTATCGCCTAGTAACACAGGGATTGCTGCG
TTAAGCTAATTAATCTTGTGATAAAATCTTGTAAAATACCAATCGTCGCACTTGAAC
TTTGAAGTACTGCTGTTAACCCTGCGCCGACAATGACAGCAAGTATTGGATTTGTAGACA
TATCAAGCATTAAATTGCTTAAATCCATCTAATGATGCTAAAGGTTTAAACGGCATCACCCAT
AAATTCTAGACCGAAGAATAGAGAACCGAAACCGAATAGTATGCGGCCAATGTTATTGA
TTTTAGAGCGTTTAAAGAAAAAGATTAATAAATGCACCTAATGCTAAAATTGGCATTGCAT
ATTCGCCTAAATCTATACCGATAATAAATGCGGTTACCGTTGTTCCGATATTGGCACCCAT
TATCACTCCAATAGCTTGTTTTAAACGTCATAAATCCAGCTGTTACCAGTCCGATTGTGATA
ACGGTCGTACCTGAACACTTTGTATTAATAATAGTTACAACGATACCTGCAATAACACCT
AATACTGGATTTGATGTAATTTGTTTAAAATATCTCGTAGCCTGTCTCCTGCTGATGCTT
GAAGCCCGTCTCCCATGATTTTTAAGCCGTAAAGGAAAATACCTAAACCACCTAAAAAGG
AGAAAATGACTTCTGTAACCGACAT

> **Q2YUS5**

Function: protein coding sequence; 67 kDa myosin-crossreactive streptococcal antigen homologue (core genome, constant)

Best match: Q2YUS5_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[33670:35445]RC (completely identical)

Position: 007-contig_191: 2144 ... 3920; Length: 1776 bp

Sequence:

```
TTATAACAATTTGTGTTCTTTTAATAATGTCTCAATGTACGTACCTTTTACCTTTTTAAGGA
ATCCAGCTAATGCGAGTTTTTGTATTTTCGAATCTTTAGTAATCTCGCGCAAATCTTGATG
GTCATTTCAGTTCGTATACGGCATCCATTAAGACGCGAAGATCAAATGTACTATTGATGAC
CTCTGGAATACCACGATCTATATTTAGTAATTGATAAACAGCTTCCATGGCAGTACGAAC
CGAATATTCTGTTGTAATAACAGTGTCTCGCTCTGTTTCTGCAAAGTTACCAATAAATGCT
AAATTTTGTGATTGATGCGGAACGACTAAAGGTCTGTGCGCGATAGCACGCGTCATGAAA
TAAGAGGTAATATATGGCATATAAACAGGAATCGTATTAGATGCATGTTTTGCTAAGTCT
TCAATTTTGTGAGTTGGTACACCTAAGTGATATAGCCATTCTTGACATATTTTATTACCAC
TACATTCTGTGATTGGCTTTTTAATATAATCGCCGTTTACATCTGAATATAAAGCATAAAT
CCACGTAGATATTTTCAATTTTAGGTTGGTCTTTAAACTGTTGCTGACGATTGATTGTAATA
CTGATTTGCCATGCAGAATCATTGATTGTAATAATTCCGCCAGTAACCGTTTTGCCTGCAA
GAGGGTCACGTTTACAAATGCTTTCTATTGTATCGATAAATATCTTTATTGTTTGTGTCGAT
GTTGCAGAAACAAACCAACTCTTTTGGAGGAATATTTTGGCAAACCTTATCAGGATTACCA
AATTCAGGACTTTGTGCGGCTAAATTTTTCCATAGTGTCCAACCTACCACCTAATTCGTCAG
TTGGTGGTGTGGTGTATCATTATCACCATACGTAGAGCTTTCCGTAATACTACCGTTTGT
CACAAAGACAAGATCATCTACAGTCAGTTTAATTGACTCTGCTTTGCCATGTGCGGTGAATT
AATATTTCTCGGGCAATTTTTTGTACTTGTGCGTAACATCTACTTTAATATCTTCTACTTTTAC
ATCGTATTCAAATTGAACCCCATGCGATTTTAAATATTCAACCATAGGTAATACTAAAGA
TTCATATTGATTATATTTAGTGAATTTTAAAGCTGAAAAGTCTGCGAGACCACCAATATG
ATGAACGAATCGCATTAGATAGCGACGCATTTCCATAGCAGAATGCCACGGTTCAAATGC
AAACATCGTTTTCCAGTAAATACAAAAGTTTGAATTAAGAAGTCATCGGAAAATACATC
TGTTATTTTGTGACATCATCTAAATCTTCTTTCATTTCGTTAAGCATAAATCTAAAATTTCTTTAA
TCGCTTTTTTGGTCAAAGTGAAGTCTCCATCGGTAACCTAAACGTTGACCCTGTTTTTCAAT
AACTCGACAGCGAGAATAGTTAGGGTCTTCTTTGTTTAGCCAATAGAACTCATCTAATAC
AGACGCGTTATCGATTTCTAATGAAGGGATAGATCTGAATAAGTCCCACAAACATTCAA
GTGGTTCTCCATTTACGACCACCTCGGACAACATAGCCTTTTAAAGGCATATTTTACCA
TCAAGACTACCACCTGCTTTAGGTAACCTCTTCTAAAATATGAATCTTCGAACCTTCCATTT
GACCATCCCTAATTAAGAAACAAGCTGCCGCAAGTGAAGCTAACCAGACCCGATTAAA
TAAGCAGATTTGTTTTCTACATTTTTCAGGTTTTTTAGGGCGCGCAAATGCTTCATAATTC
CATAACTGTAATACAT
```

> **A5INY0**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A5INY0_CC009_21334_AGTW01000007.1[302251:302724] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 4270 ... 4744; Length: 474 bp

Sequence:

```
ATGTCTAAAATCAGGTCTTTTACAATATTAAGTCTACTTATTTACTTAGCTATGATGTGCT
ATACAGTAGTGACCTATTCAAATTTACCAACCAAAGTACCTATTCAATATAATTTAGCAG
GGGATGCTGATAACTTTGCTGATAAATGGGTACTGCTTTTGATAAATAGCGCATTATAGT
GATTTGGCTTATATTTTTCATTGCAGGTAGATACTATGAACGATTTGCCAAATGGTCACAT
TATAATCATAACACCAGTGAATTCGAGCGATTAAATATTTTTAAGTACGTTAAATTTAG
AGATTATGAGCTATATGTCTATCTTCACAGTATTAGAAATTTGGCAAATACAACACCATC
ATCAATTAATTTACTATGGTTTAATATGATATTTATCATTATCATTGGTTTGACGCTTGTC
ATATTTTGTTTACTTCTACAATTCACAAAATGAGAGATTCTCAATAA
```

> **lctP-L1**

Function: protein coding sequence; L-lactate permease (core genome, variable)

Best match: lctP-locus1_CC009_21334_AGTW01000007.1[302986:304578] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 5005 ... 6598; Length: 1593 bp

Sequence:

```
ATGACACTACTTACTGTAAATCCATTTCGATAATGTTGGATTATCAGCCTTAGTTGCAGCAG
TACCTATTATTTTATTTTATTATGCTTAACCGTTTTTAAAATGAAAGGCATTTATGCAGCA
TTGACAACCTTTGGTTGTTACATTGATTGTGGCTTTATTTGTATTTGAATTACCAGCGCGTGT
ATCAGCAGGTGCGATTACAGAAGGCGTTGTTGCCGGTATTTTCCCAATAGGATATATCGT
TTTAATGGCAGTTTGGTTATATAAAGTTTCTATTAACAGGACAATTTTCTATTATTCAA
GATAGTATTGCAAGTATTTTCAGTGGACCAAAGAATCCAACCTATTATTAATTGGATTTTGT
TCAACGCATTTTLAGAAGGTGCAGCAGGATTTGGTGTGCCAATTGCGATTTGTGCAGTATT
ATTAATTCAACTTGGATTTGAACCATTAAGCAGCGATGTTATGTTTAATTGCTAATGGT
GCGGCGGGTGCCTTTGGTGC AATTGGTTTACCAGTTAGTATTATTGATACGTTTAACTTAA
GTGGAGGCGTTACAACATTAGATGTTGCGAGATACTCAGCATTAACTTCCAATTTTAA
ACTTTATTATTCCATTTGTTTTAGTATTCATTGTAGATGGTATGAAAGGTATTAAGAAAT
TTTACCTGTCATTTTAAACAGTGAGTGGTACATATACTGGATTACAATTATTATTAACAATA
TTCCATGGTCCAGAACTAGCAGACATTATTCCATCACTAGCAACAATGGTGGTGTAGCA
TTTGTGTTGTCGTAAATTTAAACCGAAAAACATTTTCAGATTGGAAGCGTCTGAACATAAA
ATTCAAAAACGAACGCCTAAAGAAATTGTCTTTGCTTGGAGTCCGTTTCGTAATTTTAACTG
CCTTTGTATTAGTATGGAGTGCACCATTTTCAAAAATTTTCCAACCTGGAGGTGCACT
TGAAAGTTTAGTAATAAAATTGCCAATTCCAATACTGTGAGTGATTTATCGCCTAAAGG
AATTGCGTTGCGTCTCGATTTAATTGGTGC AACTGGGACAGCGATTTTATTAACAGTAATT
ATTACAATTTTAAATTACGAAGTTAAAATGGAAAAGTGCAGGTGCTTTATTGGTCAAGCA
ATTAAGAATTATGGTTACCGATCCTTACAATTTTCACTATCCTAGCTATTGCTAAAGTTA
TGACATACGGTGGTTTACTGTAGCAATTGGACAAGGTATTGCTAAAGCGGGAGCAATTT
TCCCATTATTCTCTCCAGTATTAGGTTGGATTGGTGTGTTTATGACGGGTTTCAAGTTGTA
TAACAATACTTTATTTCGCACCTATTCAAGCGACAGTGGCACAACAATTTCAACAAGCGG
TTCATTACTTGTGGCAGCTAACACTGCAGGTGGTGTAGCAGCGAACTTATTTCAACACA
ATCAATTGCCATTGCGACTGCAGCTGTTAAAAAAGTTGGTGAAGAATCTGCATTATTA
AATGACGCTAAAATACAGTATTATTTGTTGCTTTTATTTGTGTTTGGACGTTTATACTA
ACGTTAATATTCTAA
```

> **txbi_lctP**

Function: bidirectional rho-independent terminator of lctP (core genome, constant)

Best match: txbi_lctP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[99244:99315] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 6641 ... 6713; Length: 72 bp

Sequence:

```
CTAATTATTCATGAATCGAACTAGTACGAAATGCATTGAGCATCTTGTCTAGTTTCGATTTT
TTAATGTCTAA
```

> **txbi_proteinA**

Function: bidirectional rho-independent terminator of protein A (core genome, constant)

Best match: txbi_proteinA_CC705_RF122-cow_AJ938182.165518:65579

Position: 007-contig_191: 6772 ... 6838; Length: 66 bp

Sequence:

```
AAGTAAGTAAAATAAAAAATGCACTGAGCAACAAAAGATGTTGCTAGTGCATTTAGATG
ATTCTTA
```

> **spa**

Function: protein coding sequence; immunoglobulin G binding protein A chv

Best match: spa_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[29545:30663]RC

Position: 007-contig_191: 6926 ... 8417; Length: 1491 bp

Sequence:

```
TTATAGTTCGCGACGACGTCCAGCTAATAACGCTGCACCTAACGCTAATGATAATCCACC
AAATACAGTTGTACCGATGAATGGATTTTCTTCACCAGTTTCTGGTAATGCTTGAGCTTTG
TTAGCATCTGCATGGTTTGTGGTTGCTTCTTATCAACAACAAGTTCTTGACCAGGTTTGA
TCATGTTTTTATCAGCTAATTTGTTATCTGCAGCAATTTTGTGTCAGCAGTAGTGCCGTTTGT
TTTGCAATGTCATTTACTGTATCACCAGGTTTAAACGACATGTACTCCGTTGCCGTTCTTCTT
```

ACCAGGTTTTTTGTTGTCTTCTTTGCCAGGCTTGTTGCCATCTTCTTTACCAGGTTTTTTGTT
GTCTTCTTTACCAGGCTTGTTGCCGTCTTCTTTGCCAGGCTTGTTGTTGTCTTCTTTACCAG
GTTTTGTTGCCGTCTTCTTTACCAGGTTTTTTGTTGTCTTCTTCTTTTGGTGCTTGAGCATCGT
TTAGCTTTTTAGCTTCTGCTAAAATTTCTTTGCTCACTGAAGGATCGTCTTTAAGGCTTTGG
ATGAAGCCGTTACGTTGTTCTTTCAGTTAAGTTAGGTAATGTAAAATTTTCATAGAAAGCA
TTTTGTTGTTCTTTGTTGAAATTTGTTGTCAGCTTTTGGTGCTTGTGCATCATTTAGCTTTTTA
GCTTCTGCTAAAAGGTTAGCGCTTTGGCTTGGGTCATCTTTTAAGCTTTGGATGAAACCAT
TGC GTTGTCTTCGTTTAAGTTAGGTAATGTAAAGATTTTCATAGAAAGCATTTTGTTGTTC
TTTGTGAAATTTGTTATCCGCTTTTCGGTGCTTGAGATTCATTTAACTTTTTAGCTTCTGACA
ATAGGTTAGCACTTTGACTTGGGTCATCTTTTAAGCTTTGGATGAAACCATTTGCGTTGTTC
TTCGTTCAAGTTAGGCATGTTCAAGATTTTCATAGAAAGCATTTTGTTGTTCTTTGTTGAAA
TTGTTGTCAGCTTTTCGGTGCTTGAGATTCGTTTAATTTTTTAGCTTCACCTAAAACGTTAGT
GCTTTGGCTTGGATCGTCTTTAAGACTTTGAATGAAACCATTTGCGTTGCGCTTCGTTAAG
TTAGGCATGTTCAAAAATTTTCATAGAAGGCGCTTTGTTGATCTTTGTTGAAGTTATTTTGT
GCGCATCAGCTTTTGGAGCTTGAGAGTCATTAAGTTTTTTAGCTTCACCTAAAACGTTAGC
ACTTTGGCTTGGATCATCTTTAAGGCTTTGGATAAAAACCATTTGCGTTGATCAGCATTTAAG
TTAGGCATATTTAAGACTTGATAAAAAGCATTTTGTTGAGCTTCATCGTTGCGCAGCAT
TTGCAGCAGGTGTTACGCCACCAGATATAAGTAATGTACCTAAAGTTACAGATGCAATAC
CTACACCTAGTTTACGAATTGAATAAATGTTTTCTTTTCAAATTAATACCCCTGTATGT
ATTTGTAAAGTCATCAT

> **tx_sarS**

Function: rho independent terminator of sarS (core genome, constant)

Best match: tx_sarS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[101369:101431:r]RC (completely identical)

Position: 007-contig_191: 8742 ... 8805; Length: 63 bp

Sequence:

TTAAAAAATAGAAAACACAAGTGCACCTTAGAATACAGCACACTTGCGTAATAGAGATA
TTAT

> **sarS**

Function: protein coding sequence; HTH-type transcript regulator (core genome, constant)

Best match: sarS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[101428:102180:r]RC (completely identical)

Position: 007-contig_191: 8801 ... 9554; Length: 753 bp

Sequence:

TTATTCAAAAACAAGATGTAAATGATCTTTATCTGCTAATAAATTGATTCACCTTGAGCTAAT
AATTGTTTCAGCATGGTCTTGCTGCGCGTCATCCATATGAATTAATAATTTTTCTTTCATCTTC
AGTTGAGCGTTCTTTTATTAGATAGCCTTGCTTTTTTAAATTATTGAGAGCTCTAACAGTTT
GAGGGTATTTATGGTGGATTGTTTCAATTAATCTTTAAGAAGAACGATGTTTTTATTTTG
AGAAGTGATAATAGCTAGAATTGTGAATTCTACAAAACCTTAATGTTAGATGTTTTTTGAT
AATATTTCTTGAAATACATTGTATACATCATCAAGTTTAGAAATCTTTACTATCTTTTGGT
ATCATCTGTGATTCACCTTTGATCTGCAAGGTTAAATTGTTTAATGATTTGATCAAACAATG
TAACACGTTCTGCAATTTTCTCTCGTTGTTCTTCAGATATTGAAATGTAAGTATTACGCTC
ATCAATTTTACTTCGAACTTTACTAATATATGAATGTTTCACAAGTACTTTTATATGCTGT
ACTAAATCCGATTGTTTATAACATAAATCTGAAACAATCTTCTTAAATGGAAGTGTGTTTT
CTTGCTGATGAAATAAATAAGTCAGTAATATAAATTCTTTTATAGTCATATCGACTTCAGG
CTTGACTTTTTTCTTAAAACGAAACATATATGCTTCAATGATTATAAAATCTCTAATTTTG
TCATGGTTATTATATTTTCAT

> **sirC**

Function: protein coding sequence; siderophore 'staphylobactin' ABC transporter/permease (core genome, constant)

Best match: sirC_CC005_ED98-hen_CP001781.1[88085:89083:r]RC

Position: 007-contig_191: 9922 ... 10921; Length: 999 bp

Sequence:

TTATAACTTTTTACGGTTAATAATAAGTATATGAAGAATGGGGCACCAAAAAGCAGCAAT
AAATACACCTGCTGGCACTTCTTTAGGCAAGAATAAGGTACGCCAATTAAGTCTGCAAT
ACAATTGATATGGCACCAATCATTGCTGACATTAGTAACCTTTTTAGCATAACTTCCGCGA
ACGATTGTTTTCGCGATATGTGGTGCGATTAAACCGACAAACCCAATGTTACCTACTAAA
CTGATTGCCATAGATACGAGTATAGTAGAAGTGATTAATTGGATTAGTTTCATACGTTGT
ACATGTAAGCCTAAGCCAATCGCTACAGGGTCATCAAGTATAGATATTTTTCATTTTTGGTA
TAACAAGAAATAACAACGGCACAAACAGCTAAAATAACCATACCCAAAATGATTGTATCT
TTAAACGTAGCACCGTAAAGACTTCCGACTAGCCATGTATAAGCTTTGGCAGCAGATAAT
TGCTTCGTTGTAATGAGTAATCCTTGGACAAGCGCAATAAACAACGTTTGCATCGAAATA
CCGATGATTATGAGTGTTGTCGGGCGTATTTGTCCTTTCGTTTGAAACACTAATAGTATCA
TCATTGCAACTGCGCCACCTAATACTGCAATAGTGAAAGTAAATGTATCGTTAAATGGC
TGAAAAATGCAATAAAGACAACAGCACTTAAGCTAGCACCACTGTGATACCGATAATA
TCAGGTGAGGCAATTGGATTTTTAATACATTTTGCAACATTAACCCTCATTCTAGTG
CGGCACCTGCTAAAATCGCAAGTGTAATGCGAGGTAAGCGTAATACTTCTAAAGTGAATT
GATCCATACTGTCATTTGGATTTATAAAGTACATCAGTACGCGTTGTAATGGTATAAAGCT
TGAACCAATCATCATACTTACCCTGAAACGATGGCTAAAAAGATTAACGCGAAGATGA
GATGGTAATTGTCTTTTTTATTAATCTTTTCGGTTCAT

> **sirB**

Function: protein coding sequence; siderophore 'staphylobactin' ABC transporter/permease (core genome, constant)

Best match: sirB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[126499:127494:r]RC (completely identical)

Position: 007-contig_191: 10917 ... 11913; Length: 996 bp

Sequence:

TCATAAGCGTTGACGTCCTTTCTTCATAATATAGATTAAGACAATAGCGCCAATGACAGC
GGTAACGACACCGATAGGCAACTCTAGTGGCTTAATTATTATACGAGCAACAATGTCTGA
AATGATCATTAGGATTGCTCCAGCTAATGCAGTAAAAGGAATTAATACTTATAGTTTGG
TGGTAATAATCGTTTGCTAATATTCGGTACGATAAGACCCACAAAGACGATTGATCCAGC
TACGGCTACCGAAATACCGGCTAACATACTGATGAGCATAATAATCATCCATTTGATTAA
TTTTATGTTTTGACCGAGGCCGGTTGCAATGTCGTCACCTTGTCATCAAGATGTTGATGTGT
GCAGCCATGCTAAATGCAATTAATAAAGTATCAATACAAGCGGAATAATCCATGGGAT
ATCCCAAATATTACGTAATGAAACGGAGCCACTTAACCAAATAATAGGCCTTGTAAGTC
TGTTTCGTTTATAATAAGTATGCCTTGAGTAAAGGCTGTAATAGCATCGCAATCGCAGC
ACCTGCCAAAATGACACGGTGAGGTGAGAATAGTGTGTTGTCTAAACATACCTAGCGCAAC
AACTAATATAGTAACAACAATGGCACCTAAAAATGCAATAACTACAATCATTTTTAAAAGA
TTGAATTTGGATAAATGTAATACTAAAAATGACAAAAAATACTGCGCCTGCATTGACACC
GAAAAGCCCTGGTGAGGCTATTGGGTTTCGTGTAAGTGCTTGCATCAACAAACCTGAGAC
AGCAAGGGCAGCACCAAGTCAATAACGCAATGATTGTTCTCGACGCCCGTGCACCAGTGAC
AACATCATGTAAATCGTTTTCACTATCAAAGTTGAATAACGCCTGTATCACCGTACCTGGT
GACACAAGCGTATTTCCAATCATTAACTTAAGATAGCTACTATTGCAAGACATAAACCA
GCAATAACGATTTGGTATTTTGGTTTAAGTAGCAT

> **sirA**

Function: protein coding sequence; siderophore 'staphylobactin' ABC transporter/substrate-binding protein (core genome, variable)

Best match: sirA_sabac-114_AC025949.4[1:518]RC (completely identical)

Position: 007-contig_191: 11928 ... 12446; Length: 518 bp

Sequence:

TTATTTTGATTGTTTTCAATATTTAACTTTTCATATAAATCGTCAATAAGTTTTAATGAAG
ATTTATATCCGCCAGCTAAGTTCCAAGTGATTTTCATCTAAATCATCAGATACTTGGTTGTT
TTAACTGCGTCTAAATTTTTCCACTCTTTACTTGAAGTCCATTCGCTTTCAGTCTTTTTAA
CTAATGCAGCATCTTTCGCATTTGGATCTGATTTTACTACAAAAATATGATCAGCGTTCAT
TAATGGAATGCTTTCTTTAGATGTAAGTTGGATAATATCTTTACCATTATCAACTTGTTTTT
GTAAGTCTTTATTACGTTTGAATCCTAAATCATTTAAGATTTTACCAGCATATCCACCAGC
ATAAATTCTTGTATGATCAGCACGGAAGTTAACAACTGAAGCTTTCATGGCCATGCATC

TTTATACTTTGCTTTTGCATCTTTTGGGAATGCAGCTACTTTATCATCGTACTTTTTAAGTA
AATCTTCAGCTTCTTTTTCTTTCCCTA

> **sbnA**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein A (core genome, constant)

Best match: *sbnA*_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[23830:24810:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 13151 ... 14132; Length: 981 bp

Sequence:

TTGATTGAAAAAAGTCAAGCATGTCACGATTCATTGTTAGATTCTGTAGGGCAAACACCT
ATGGTTCAACTTCATCAACTATTTCCGAAACATGAAGTGTGGCAAAGTTAGAGTATATG
AATCCTGGAGGCAGCATGAAAGATCGACCTGCCAAGTACATCATTGAACATGGTATTAAA
CATGGTTAATCACTGAGAATACACATTTAATTGAAAGTACTTCTGGTAATTTAGGCATTG
CGTTGGCAATGATATCTAAAATCAAGGGATTAAACTCACGTGTGTTGTTGATCCTAAAA
TATACCAACAAATTTGAAAATTATTAAGTTATGGTGCCAATGTAGAAATGGTTGAAG
AACCTGATGCACATGGGGGTTATTTAATGACTCGTATTGCAAAGGTGCAAGAAATGTTAG
CCACTATTGACGATGCATATTGGATTAATCAATATGCGAATGAGTTAAATTGGCAATCCC
ATTATCATGGTGCAGGCACAGAGATTGTTGAAACAATTAAGCAACCTATAGATTATTTTG
TCGCGCCAGTCAGCACGACAGGTAGCATTATGGGTATGAGTAGAAAAATAAAAGAAGTG
CATCCAAACGCACAAATTTGTTGCTGTTGATGCGAAAGGGTCAGTCATTTTTGGTGACAAA
CCTATTAATAGAGAATTACCTGGTATCGGTGCTAGTCGTGTACCCGAAATATTGAATAGA
TCAGAAATTAATCAAGTGATCCATGTAGATGATTATCAATCTGCTTTGGGCTGTGAAAA
CTGATTGATTATGAAGGCATATTTGCCGGAGGTTCAACAGGCTCGATTATTGCAGCGATT
GAGCAGTTGATAACGTCAATTGAAGAAGGTGCAACAATTGTCACGATTTACCAGATCGA
GGCGATCGTTACTTAGATTTAGTTTATTCAGATACATGGTTAGAAAAAATGAAATCAAGA
CAAGGAGTTAAATCAGAATGA

> **sbnB**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein B (core genome, constant)

Best match: *sbnB*_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[22823:23833:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 14128 ... 15139; Length: 1011 bp

Sequence:

ATGAATAGAGAGATGTTGTATTTAAATAGATCAGATATTGAACAAGCGGGAGGTAATCAT
TCACAAGTTTATGTGGACGCATTAACAGAAGCATTAAACAGCCCATGCGCACAATGATTTT
GTACAACCGCTTAAGCCGTATTTAAGACAGGATCCTGAAAATGGACACATCGCAGATCGA
ATTATTGCAATGCCAAGTCATATCGGTGGTGAACACGCAATTCAGGTATTAAGTGGATA
GGTAGTAAGCACGACAATCCATCGAAACGTAATATGGAGCGTGCAAGTGGTGTCAATTATT
TTGAATGATCCAGAAACGAATTATCCAATTGCAGTTATGGAAGCAAGTTTAATTAGTAGT
ATGCGTACTGCAGCAGTTTCAGTGATTGCAGCTAAGCATTGGCTAAAAAAGGATTTAAA
GACTTAACAATCATTGGATGCGGGCTAATCGGAGACAAGCAATTACAAAGTATGTTAGA
GCAATTCGATCATATTGAACGCGTGTGTTTACGATCAATTCTCTGAAGCATGTGCACGC
TTTGTTGATAGATGGCAACAACAGCGTCCGGAAATTAATTTTATTGCGACAGAAAATGCT
AAAGAAGCAGTATCAAATGGTGAAGTAGTCATTACATGTACCGTAACGGATCAACCATA
CATTGAATATGATTGGTTACAAAAGGGTGCATTTATTAGCAACATTTCTATCATGGATGTG
CATAAAGAAGTCTTTATTAAGCTGACAAAGTCGTAGTAGATGACTGGTCACAATGTAAT
CGAGAAAAGAAAACCTATTAACCAATTGGTGTAGAAAGGTAATTCAGCAAAGAAGCACT
TCATGCTGAACTAGGACAACCTTGTGACAGGTGACATACCAGGACGTGAAGACGATGATG
AAATCATATTACTTAATCCGATGGGTATGGCTATCGAAGATATTTCAAGTGCTTACTTTAT
TTATCAACAGGCACAACAACAAAATATTGGGACAACATTGAACCTATATTA

> **sbnC**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein C (core genome, variable)

Best match: *sbnC*_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[21048:22802:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 15159 ... 16914; Length: 1755 bp

Sequence:

TTGCAGAATCATACAGCAGTCAATACAGCACAAACGATAATATTAAGAGATTTAGTTGAT
GCATTATTATTTGAAGATATAGCCGGTATTGTATCGAATAGTGAGATTACTAAAGAAAAT
GGACAAACCATTTTGATATACAAACGTGAAACACAGCAAATAAAGATACCTGTTTATTTT
AGTGCTTTAAATATGTTTCGTTATGAAAGTTCACAACCAATTACGATAGAGGGGAAGGCTG
TCTAAGCAACCTTTAACGGCAGCTGAATTTTGGCAAACAATTGCTAATATGAATTGTGAT
TTAAGTCATGAATGGGAAGTGGCTCGCGTTGAAGAAGGACTGACTACTGCTGCCACACAG
CTTGCTAAACAATTATCAGAATTAGATTTAGCGTCACATCCTTTTGTGATGTCAGAGCAGT
TTGCAAGTTTAAAAGATCGTCCATTTTCATCCATTAGCTAAAGAAAAAAGAGGATTAAGAG
AAGTGGATTATCAAGTGTATCAAGCTGAATTAATCAATCATTTCCTTTAATGGTTGCAGC
AGTTAAAAAGACACATATGATTCATGGCGATACTGCAAATATCGATGAATTAGAAAATTT
GACAGCACCTATAAAAGAACAAGCGACAGACATGTTAAATGATCAAGGGTTATCAATAG
ATGACTATGTAATTTCCAGTACATCCTTGGCAATATCAGCATATTCTGCCGAACGTCTT
TGCGAAAGAGATTAGTGAAGTGGTTGTTACTATTACCGTTAAAATTTGGAGATTATCT
GTCGTCTTCAAGTATGCGTTCATTAATTGATATTGGCGCACCGTATAACCATGTCAAAGTA
CCATTTGCAATGCAGTCATTAGGCGCATTAAAGGCTAACGCCTACGCGTTACATGAAAAAC
GGAGAACAAGCAGAACAATTATTACGTCAGCTTATAGAAAAAGATGAAGCACTAGCTAA
GTATGTCATGGTTTGTGATGAAACAGCTTGGTGGTCATATATGGGTCAAGATAATGATAT
TTTCAAAGATCAATTAGGTCATCTAACTGTTTCAAGTAAAGAAAATATCCCGAAGTGCTAGC
CAAAAATGATACGCAACAGCTAGTGTCAATGGCAGCACTCGCGGCAAATGATCGCACTTT
ATATCAAATGATTTGTGGAAAAGATAATATTTCTAAAAATGATGTCATGACGTTATTTGA
AGATATCGCACAAAGTCTTTTTAAAGGTAACACTATCATTATGCAATACGGCGCATTACC
AGAGTTGCATGGTCAAAAATATATTGTTGTCATTTGAAGATGGACGTGTACAAAAATGCGT
GTTACGTGATCATGATACTGTCAGAATTTATAAACCATGGCTAACAGCACATCAGCTTTC
ATTGCCGAAGTATGTCGTCAGAGAAGATACACCTAATACGCTAATTAATGAAGATTTGGA
AACATTTCTTGCTTATTTTCAAACATTAGCTGTATCGGTAATCTATATGCCATTATTGAT
GCAATTCAGATTTATTTGGTGTAAAGTGAAGCATGAACTTATGTCGTTGTTAAAACAAATTT
TAAAAAATGAAGTGGCAACTATTTCCCTGGGTTATAACTGATCAGCTAGCTATCAGACACA
TTTTATTTGATAAACAGACGTGGCCATTCAAACAAATTTTATTACCATTGCTATATCAACG
TGATAGTGGTGGAGGTAGTATGCCTTCAGGTTTAACTACCGTACCAAATCCAATGGTGAC
ATATGATTAA

> **sbnD**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein C (core genome, constant)

Best match: sbnD_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[19799:21055:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 16906 ... 18163; Length: 1257 bp

Sequence:

ATGATTAATCAGTCTATATGGCGCAGTAACTTTTCGCATTTTATGGCTCAGTCAGTTTATAG
CGATTGCTGGACTGACAGTACTTGTGCCATTATTGCCAATTTATATGGCATCACTACAAAA
TCTATCAGTTCGTAGAAATACAGTTGTGGAGTGGTATAGCGATTGCTGCTCCAGCTGTAAC
GACGATGATAGCTTCGCCGATATGGGGGAAGCTAGGTGATAAGATCAGCCGAAAATGGA
TGGTGTAAAGAGCGTTACTTGGTTTGGCGGTATGCTTATTTTTAATGGCATTGTGTACGAC
ACCATTACAGTTTGTACTTGTGAGGTTATTGCAGGGACTATTTGGTGGTGTGTTGATGCA
TCAAGTGCCTTTGCGAGTGCAGAGGCCAGCTGAAGATCGTGGAAAGGTATTAGGAAG
ACTGCAAAGTTCAGTCAGCGCAGGGTCTCTTGTGGGGCCATTAATTGGCGGTGTTACAGC
TTCGATATTAGGTTTTAGTGCCTTACTGATGAGTATTGCCGTTATTACTTTTATTGTCTGTA
TTTTCGGTGCATTAATAATTGATTGAAACGACACATATGCCAAAATCACAAACACCAAATA
TTAATAAAGGTATTCGCCGTTCAATTCATGTCTATTATGCACACAACAACATGTCGATT
TATTATCGTTGGCGTTTTAGCAAACCTTGCTATGTATGGCATGCTAACTGCATTATACCA
CTTGCTTCATCAGTGAATCATACAGCGATAGATGACCGTAGTGTGATTGGATTTTTACAGT
CCGCATTTTGGACGGCTTCGATATTAAGCGCGCCTTTATGGGGACGCTTAATGATAAATC
ATATGTTAAATCAGTATATATATTTGCCACGATTGCATGTGGTTGTAGTGCGATACTGCAA
GGTTTAGCGACGAATATAGAGTTTTTAATGGCTGCAAGAATACTTCAAGGATTAACATAT
AGTGCATTGATTCAAAGTGTATGTTTGTGTCGTAATGCGTGTATCAACAACCTAAAG
GCACATTTGTTGGAACGACGAACAGTATGTTAGTTGTTGGTCAAATATTGGCAGTCTTA
GTGGCGCTGCCATTACAAGTTATACTACACCAGCTACTACGTTTATTGTTATGGGCGTAGT

ATTTGCAGTAAGTAGTTTATTTTTAATTTGTTCAACCATCACTAATCAAATCAACGATCAC
ACATTAATGAAATTATGGGAGTTGAAACAAAAAAGTGCAAATAA

> **sbnE**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein D (core genome, variable)

Best match: *sbnE*_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[18073:19809:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 18152 ... 19889; Length: 1737 bp

Sequence:

GTGCAAAATAAAGAATTAATACAACATGCAGCGTATGCGGCTATCGAACGCATTTTAAAT
GAATATTTTAGAGAAGAAAATTTATATCAAGTACCACCTCAAATCATCAATGGTCTATA
CAATTATCAGAGCTCGAAACTTTAACGGGTGAATTTTCGCTATTGGTCTGCGATGGGGCAT
CATATGTATCATCCAGAGGTATGGCTTATCGATGGAAAAAGTAAAAAATAACAACCTTAT
AAAGAAGCAATTGCGCGTATTTTGCAACATATGGCTCAAATTGCAGATAATCAAACGGCA
GTGCAACAACATATGGCGCAAATTATGTCTGACATCGATAATAGCATTTCATCGCACGGCG
CGTTATTTGCAAAGTAACACAATAGACTACACAGAAGATCGCTATATCGTTTCAGAACAT
TCTTTATACTTAGGTCATCCATTTTCATCCGACTCCTAAGAGTGCAAGTGGGTTTTCAAAG
CAGATTTAGAGAAATATGCACCCGAATGTCATACATCATTCCAATTGCATTATTTAGCTGT
GCATAAAGATGTTCTGCTCACGCGCTATGTAGAAGGTAAAGAAGATCAGGTTGAGAAAG
TGTTGTATCAATTAGCAGATATAGACATATCAGAGATACCCAAAGATTTTATTTTATTACC
AATACATCCTTATCAAATCAATGTGTTGCGACAGCATCCACAGTATATGCAATATAGTGA
ACAAGGTTTAATAAAAGACCTTGGCATTTCGCGTGATTCAGTGTACCCGACGTCTTCGGTT
AGAAGTGTATTTCAAAGCATTAAACATTTATTTAAAATTACCGATACACGTTAAAATT
ACTAATTTTATACGTACGAATGATCTTGAACAGATTGAACGGACAATCGATGCCGCGCAA
GTTATTGCATCAGTCAAAGATGAGGTTGAAACACCCCATTTTAAATTGATGTTTGAAGAA
GGATATCGTGCATTGTTACCGAATCCGTTAGGGCAAACAGTTGAACCTGAAATGGATTTA
TTAACAAATAGTGCCATGATTGTTTCGTGAAGGGATACCGAATTACCATGCTGATAAAGAT
ATTCATGTATTGGCGTCATTATTTGAAACGATGCCTGATTCACCGACCTCTAAGTTATCAC
AAGTGATTGAGCAAAGTGGTTTAGCACCAGAAGCATGGCTTGAATGTTATTTGGATCGTA
CATTATTGCCGATATTAAGCTGTTTAGTAACACAGGCATTAGTCTAGAAGCACATGTAC
AAAATACATTAATTGAATTAAGATGGCATAACCCGACGTGTGCTATGTCAGAGATTTAG
AAGGCATTTGTCTATCTAGAACGATTGCTACTGAAAACAGCTTGTGCCAAATGTTGTGG
CAGCATCAAGCCCTGTTGTATATGCACATGATGAAGCATGGCATCGTCTTAAATATTACG
TTGTAGTAAATCACTTAGGACATTTAGTATCAACTATTGGTAAAGCGACTAGAAATGAAG
TTGTGTTATGGCAAATTGTAGCGCATCGTCTTATGACATGGAAAAAAGAATACGCGAATA
ACGCAGTATTTGTTGACTGTGTAGAAGATTTATATCAAACGCCGACCATTGCGGCTAAAG
CGAATTTGATGAGTAAATTGAATGATTGTGGTGCAAACCCTATTTATACACATATACCAA
ATCCAATTTGTCATAACAAGGAGGTATCGTATTGTGAATCAAACAATTCTTAA

> **sbnF**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein F (core genome, constant)

Best match: *sbnF*_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[16314:18053:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 19908 ... 21648; Length: 1740 bp

Sequence:

ATGCACCAACTGGTATCATCACTTATTTATGAGAATATTGTTGTGTATAAAGCGTCATATC
AAGACGGTGTCCGGTCATTTTACAATAGAAGGACATGATTCAGAGTATCGTTTTACTGCTG
AAAAGACACATAGCTTTGATCGTATACGTATCACATCACCAATTGAGCGTGTCTGATAGGAG
ATGAGGCAGATACAACAACAGACTATACACAATTATTGAGAGAGGCTGTATTTACATTTT
CTAAAAATGATGAAAAGCTAGAACAATTTATTGTTGAGTTATTACAGACAGAATTAAG
ATACACAAAGTATGCAGTATCGAGAATCAAACCCACCAGCAACACCTGAGACATTTAAC
GACTATGAATTTTATGCGATGGAAGGGCATCAGTATCATCCAAGTTACAAATCACGTTTA
GGATTTACGTTGAGTGATAATTTGAAATTTGGTCCTGATTTTGTACCAAACATTAAGTGC
AGTGGTTAGCTATCGACAAAGGTAAAGTAGAAACGACGGTATCAAGAAATGTTGTAGTT
AACGAAATGTTACGTCAACAAGTTGGCGATAAAGACTTATGAACATTTTGTACAGCAAATT
GAAGCGTCTGGCAAACATGTAATGATGTTGAGATGATACCTGTACACCCATGGCAGTTT
GAACATGTCATCCAAGTTGATTTGGCTGAAGAAAGGCTTAATGGCACAGTACTATGGTTA

GGGGAAAGTGATGAGCTATATCACCCCTCAACAATCGATTTCGTACGATGTCGCCAATAGAC
ACGACAAAATATTATTTAAAGGTACCAATAAGTATAACGAACACTTCAACGAAACGAGT
GTTGGCGCCTCATACAATTGAAAATGCAGCGCAAATTACGGATTGGTTAAAGCAGATACA
GCAACAAGATACGTATTTAAAAGATGAATTAAGACAGCTTTTCTAGGGGAAGTCTTAGG
ACAGTCTTATTTAAATACACAACCTTCGCCTTATAAAACAAACTCAAGTTTATGGTGCCTTA
GGTGTATATGGCGTGAAAATATATATCACATGTTAATCGATGAAGAGGATGCGATACCA
TTAATGCACTTTATGCAAGTGATAAGGATGGTGTACCATTCAATAAAAATTGGATTAAA
CAATATGGTTCTGAAGCTTGGACAAAGCAATTTTATAGCTGTAGCGATTTCGTCCAATGATTC
ATATGCTTTATTATCACGGTATTGCCTTTGAATCGCATGCACAAAATATGATGCTCATTCA
TGAAAATGGTTGGCCTACACGTATTGCCTTAAAAGATTTCCATGATGGTGTTCGTTTTAAG
CGTGAGCATTAAAGTGAAGCTGCTTACACCTGACATTAAGCCAATGCCAGAAGCACAT
AAAAAAGTGAATAGTAATTCATTTATTGAAACAGATGACGAACGTTTAGTACGCGACTTT
TTACACGATGCATTTTCTTTATTAATATCGCCGAAATCATCTTATTTATTGAAAAGCAAT
ATGGTATCGATGAGCAGCGACAATGGCAATGGGTAAAGGCATCATCGAGGCGTATCAA
GAAGCATTTCAGAGTTGAATAACTATCAACATTTTCGATTTGTTTGAACCTACGATTCAAG
TTGAAAAGTTAACGACACGTCGATTATTAAGTGACTCCGAGTTAAGAATTCATCATGTTA
CAAATCCATTAGGTGTAGGAGGTATCAATGATGCAACAACATCTCTGAAACATAG

> **sbnG**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein G (core genome, constant)
Best match: *sbnG_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1*[15563:16339:r] (completely identical)
Position: 007-contig_191: 21622 ... 22399; Length: 777 bp

Sequence:

ATGCAACAACATCTCTGAAACATAGATTAACAATGGTGATTTCAGTTTATGGCATTTTTA
ATTCTATACCGGACCCATTGATGATCGAGGTTATCGCAGCAAGCGGGTATGACTTTGTTG
TGATTGATACAGAACACGTGGCGATTAATGATGAGACACTAGCGCATTTAATTCGTGCAG
CTGAAGCAGCGCATATTATACCAATTGTACGTGTCAGTGCAGTGATAGATAGAGATATCA
TTAAAGTGTTGGATATGGGTGCGAGAGGTATTATTGTGCCACACGTTAAAGATCGTGAGA
CAGTTGAGCATATTGTGAAATTAAGTCGTTATTACCCGCAAGGATTAAGAAGTTTGAATG
GTGGTCGCATGGCAAGATTTGGACGTACACCATTACTTGATGCAATGGAGATGGCTAATG
AGCATATTATGGTGATTGCCATGATAGAAGATGTTGAAGGGGTTATGGCCATTGACGATA
TAGCTCAAGTCGAAGGTTTAGACATGATAGTTCGAAGGTGCCGCAGATTTATCGCAGTCAC
TTGGCATAACCATGGCAAACGCGTGATGATCAAGTAACATCACATGTTCAACATATTTTTG
AAGTTGTGAATGCACATGGTAAACATTTTTGTGCATTACCACGTGAAGATGAAGATATTG
CAAATGGCAGGCACAAGGTGTACAAACATTTATTTTAGGTGATGATCGCGGAAAAATAT
ATCGCCATTTAAGTGCATCTCTAGCGACGTCTAAACAGAAAGGGGATGAAGGCTAA

> **sbnH**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein H (core genome, variable)
Best match: *sbnH_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1*[14361:15563:r] (completely identical)
Position: 007-contig_191: 22398 ... 23601; Length: 1203 bp

Sequence:

ATGCGTATAGTTCAACCTGTTATTGAACAATTAAGCACAATCTCATCCAGTTTGTTCATT
ATATCTATGATTTAGTCGGACTGGAACATCATTGCAACATATTACATCGTCATTGCCGAG
TAATTGTCAAATGTACTATGCAATGAAAGCAAATAGTGAACGAAAAATCCTAGATACAAT
TAGTCAGTATGTTGAAGGATTCGAAGTTGCATCTCAAGGTGAAATAGCAAAAGGTCTTGC
TTTTAAACCAGCAAATCATATTATTTTTGGTGGCCCTGGTAAGACAGACGAGGAACTAAG
ATATGCAGTAAGTGAAGGTGTTTCAGCGTATTTCATGTTGAAAGTATGCATGAATTACAACG
GCTAAATGCCATCTTAGAACATGAAGATAAGACACAACACATTTTATTGCGTGTTAATTT
AGCAGGACCATTTCCCAATGCAACGTTGCATATGGCAGGACGCCAACACAATTTGGTAT
TTCTGAAGACGAAGTTGATGATGTCATTGAAGCTGCGCTCGCAATGCCAAAGATTCATCT
AGATGGATTTTCAATTTTCAATTTCTAATTTCTAACAATTTAGACTCGAATTTACATGTCGATGTA
GTGAAACTTTATTTTAAAAAAGCAAAGGCATGGTCTGAAAAACATCGATTTCCACTCAA
CATATCAATCTTGGTGGTGGCATAGGCGTTAACTATGCAGATTTAACTAACCAATTTGAA
TGGGATAATTTTGTAGAAAATTTTAAAACACTTATCGTTGAGCAAGAAATGGAAGATGTG

ACATTGAACTTTGAATGTGGGCGCTTTATTGTGGCACATATTGGTTACTATGTGACAGAA
GTGCTAGATATTAAGAAAGTGCATGGTGCCTTGGTATGCCATTTTAAGAGGAGGTACGCAA
CAATTTAGACTGCCGGTATCTTGGCAGCATAACCATCCTTTTGAATTTATCGTTATAAGG
ACAATCCATATTCATTTGAAAAAGTTTCAATTTTCGAGACAGGACACAACGTTAGTCGGTC
AATTATGTACACCGAAAGATGTCTTTGCTAGAGAAGTGCAGATAGACTCAATCAGTACAG
GCGACGTTATTGTTTTCAAATATGCAGGTGCATACGGATGGTCTATTTACATCACGATTT
CTTAAGCCATCCACATCCTGAATTTATTTATTTAACGCAAACAAAGGAGGATGAATAA

> **sbnI**

Function: protein coding sequence; siderophore biosynthesis protein I (core genome, constant)

Best match: *sbnI_CC093_JKD6159-ST93_CP002114.2*[122755:123519] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 23604 ... 24369; Length: 765 bp

Sequence:

TTGAATCATATTCATGAACATTTAAAATTGGTACCAGTAGATAAGATTGATCTTCACGAA
ACATTCGAACCTTTAAGATTGGAAAAGACGAAAAGTAGTATTGAAGCAGATGATTTTATA
CGTCATCCTATTTTAGTGACAGCGATGCAACATGGTAGATATATGGTTATAGATGGTGTG
CATCGGTATACAAGTTTGAAAGCGTTAGGATGTAAGAAAGTTCCAGTGCAAGAAATCCAT
GAAACACAATATTCAATTAGTACATGGCAACATAAAGTTCCATTTGGTGTGTGGTGGGAA
ACGTTACAACAAGAACATCGCTTGCCATGGACTACTGAGACAAGACAAGAAGCGCCATT
TATTACGATGTGTTCATGGTGATACAGAACAATTTTGTATACAAAAGATTTAGGCGAAGC
ACATTTTCAAGTATGGGAAAAGGTTGTGCGCAAGTTATAGTGGTTGTTGTTCTGTAGAGAG
AATTGCACAAGGTACATATCCTTGTCTTTCTCAACAAGATGTACTCATGAAGTATCAGCC
ATTGAGTTATAAGGAAATTGAAGCGGTTGTTTCATAAAGGGGAAACTGTGCCAGCAGGTGT
GACACGCTTTAATATTTTCAGGACGATGTCTTAATCTTCAAGTACCACTGGCATTACTTAAA
CAAGATGATGATGTTGAACAACCTGCGCAATTGGAAGCAGTTTTTTAGCAGATAAGTTTGCC
AATATGAGATGCTATACTGAAAAAGTATACTTGGTGGAGCAATAG

> **Q5HJP3-var1**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: *Q5HJP3-var1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[117648:118274]

Position: 007-contig_191: 25021 ... 25648; Length: 627 bp

Sequence:

ATGGAAAAAATGTAGAAAAATCATTTCATAAAGATAGGTTTATATTTTCAAATAGCTTAT
ATAGTACTCATGGCTATAACTTTATGTGGGTTTGTAAATTTGCTATGGACTAATTTTCGGCC
TTTTCTATTTATTATCAGGTAGCAAAGTTGATTATTTAATAGTAACAATAGTTATATCGGC
AATAATTTCTATATTTGTAATTATACTTTCAATCGTACCTGTCATCGTATTGGCATCTGACT
TATTTAAAGAAAGGATTTCAAAGGTGTCATATTAATTGTATTGGCTATTATTGCTTTAGT
ATTATGCAACTTTGTATCTGCAATACTCTGGTTTGTTCAGCCATATCTATTTTAGGTAGA
AAAAAATTAGTAGCTGCAGCAGATACTACCACTATTCAAAAAAGTAAAGGGAACGCAAA
TCAAGCATCACATAAAGACACGTGTA AAAAGGAACCTTGATAGTCAAGACATGATGGAAC
ATCCTGAGGTTAAAAATCCCACGACTAAAAACCTTGAAGGATTTAACGAAGAAATACAT
AAAGATGAAGCTACAACATAAAGTTGTGTCAGTGATAACACGGAACCGCCGATTGAATCAA
AGACCATGTCTCGAAAAAAGATTGA

> **butA**

Function: protein coding sequence; acetoin(diacetyl) reductase

Best match: *butA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[140984:141760] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 25859 ... 26636; Length: 777 bp

Sequence:

ATGACAAACAACAAAGTAGCATTAGTAACTGGCGGAGCACAAGGATTGGTTTTAAAAT
TGCAGAACGTTTAGTGGAAGATGGTTTCAAAGTAGCAGTTGTTGATTTCAATGAAGAAGG
GGCAAAGCAGCTGCACTTAAATTATCAAGTGATGGTACAAAAGCTATTGCTATCAAAGC
AGATGTATCAAACCGTGATGATGATTTAACGCAGTAAGACAAACTGCCGCGCAATTTGG
CGATTTCCATGTCATGGTTAACAATGCCGGCCTTGGACCAACAACACCAATCGATACAAT
TACTGAAGAACAGTTTAAAACAGTATATGGCGTGAACGTTGCAGGTGTGCTATGGGGTAT

TCAAGCCGCACATGAACAATTTAAAAAATTCAATCATGGCGGTAAAATTATCAATGCAAC
ATCTCAAGCAGGCGTTGAGGGTAACCCAGGCTTGTCTTTATATTGCAGTACAAAATTCGC
AGTGCGAGGTTTAAACACAAGTAGCCGCACAAGATTTAGCGTCTGAAGGTACTACTGTGAA
TGCATTTCGCACCTGGTATCGTTCAAACACCAATGATGGAAAGTATCGCAGTGGCAACAGC
CGAAGAAGCAGGTAAACCTGAAGCATGGGGTTGGGAACAATTTACAAGTCAGATTGCTT
TGGGCAGAGTTTCTCAACCAGAAGATGTTTCAAATGTAGTGAGCTTCTTAGCTGGTAAAG
ACTCTGATTACACTACTGGACAAACAATTATTGTAGATGGTGGTATGAGATTCCGTTAA

> **capX_epi**

Function: protein coding sequence; UDP-glucose 4-epimerase (core genome, variable)

Best match: capX_epi_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[119607:120578] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 26980 ... 27952; Length: 972 bp

Sequence:

TTGGAAGAGTTTTGATAACTGGTGGGGCTGGTTTTATTGGGTCGCATTTAGTAGATGATT
TACAACAAGATTATGATGTTTTATGTTCTAGATAACTATAGAACAGGTAAACGAGAAAATA
TTAAAAGTTTGGCTGACGATCATGTGTTTGAATTAGATATTCGTGAATATGATGCAGTTGA
ACAAATCATGAAGACATATCAATTTGATTATGTTATTCATTTAGCAGCATTAGTTAGTGTT
GCTGAGTCGGTTGAGAAACCTATCTTATCTCAAGAAATAAACGTCGTAGCAACATTAAGA
TTGTTAGAAATCATTAATAAATAATAATAGTCATATAAAAACGTTTTATCTTTGCTTCGTCAG
CAGCTGTTTATGGTGATCTTCCTGATTTGCCTAAAAGTGATCAATCATTAATCTTACCATT
ATCACCATATGCAATAGATAAATATTACGGCGAACGGACGACATTAATTAATTGTTTCGTT
ATATAACATACCAACAGCGGTTGTTAAATTTTTTAATGTATTTGGGCCAAGACAGGATCC
TAAGTCACAATATTCAGGTGTGATTTCAAAGATGTTTCGATTCATTTGAGCATAACAAGCC
ATTTACATTTTTTGGTGACGGACTGCAAACCTAGAGATTTTGTATATGTATATGATGTTGTT
CAATCTGTACGCTTAATTATGGAACACAAAGATGCAATTGGACACGGTTATAACATTGGT
ACAGGCACTTTTACTAATTTATTAGAGGTTTATCGTATTATTGGTGAATTATATGGAAAAT
CAGTCGAGCATGAATTTAAGAAGCACGAAAAGGAGATATTAAGCATTCTTATGCAGAT
ATTTCTAACTTAAAGGCATTAGGATTTGTTTCTAAATATACAGTAGAAACAGGTTTAAAG
GATTACTTTAATTTTGAGGTAGATAATATTGAAGAAGTTACAGCTAAAGAAGTGGAATG
TCGTGA

> **capX_5M**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis glycosyltransferase

Best match: capX_5M_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[120541:121233] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 27914 ... 28607; Length: 693 bp

Sequence:

TTGAAGAAGTTACAGCTAAAGAAGTGGAAATGTCGTGAAAATGACATTGAAGCTGTCCA
TAATAATAAGGGTTATGCCTATCAAAGAAAATTAGACAAACTAGAAGAAGTGAGAAAAA
GCTATTACCAATTAACGTCGATTGACTTAATTTAAGCATTGTTTTATTATTTTTAACT
TTACCGATTATGGTTATATTCGCCATTGCTATCGTCATAGATTCGCCAGGAAACCCTATTT
ATAGTCAGGTTAGAGTTGGGAAGATGGGTAAATTAATTAATAATATACAAATTACGTTCGA
TGTGCAAAAACGCAGAGAAAAACGGTGCGCAATGGGCTGATAAAGATGATGATCGTATA
ACAAATGTCGGGAAGTTTATTCGTAAAACACGCATTGATGAATTACCACAATAATTAAT
GTTGTTAAAGGGGAAATGAGTTTTATTGGACCACGCCCGGAACGTCCGGAATTTGTAGAA
TTATTTAGTTCAGAAGTGATAGGTTTCGAGCAAAGATGTCTTGTTACACCAGGGTTAACA
GGACTTGCGCAAATTCAGGTGGATATGACTTAACACCGCAACAAAACTGAAATATGA
CATGAAATATATACATAAAGGTAGTTAATGATGGAACCTATATATATCAATTAGAACATT
GATGGTTGTTATTACAGGGGAAGGCTCAAGGTAG

> **capX_cps2H**

Function: protein coding sequence; O-antigen polymerase

Best match: capX_cps2H_CC001_MSSA476_BX571857.1[121296:122534]

Position: 007-contig_191: 29963 ... 31202; Length: 1239 bp

Sequence:

ATGGAAAATCAACACAATAGTAAATTACTAACATTGTTACTTATCGGTTTAGCGGTTTTTA
TTCAGCAATCTTCGGTTATTGCCGGTGTGAATGTTTCTATAGCTGACTTTATCACATTACT
AATATTAGTTTATTTACTGTTTTTCGCTAACCATTTATTAAGGCAAATCATTTTTTACAGT
TTTTTATTATTTGTATACATATCGTATGATTATTACGCTTTGTTTGCTATTTTTTGTATGATT
TGATATTTATTACGGTTAAGGAAGTCCTTGCATCTACAGTTAAATATGCATTTGTAGTCAT
TTATTTCTATTTAGGGATGATCATCTTTAAGTTAGGTAATAGCAAAAAAGTGATCGTTACC
TCTTATATTATAAGCAGTGTGACTATAGGTCTATTTTGTATTATAGCTGGTTTGAACAAGT
CCCCTTTACTAATGAAATTGTTATATTTTTGATGAAATACGTTCAAAGGATTAATGAATGA
CCCTAACTATTTTCGCGATGACACAGATTATTACATTGGTACTTGCTTACAAGTATATTCAT
AATTACATATTC AAGGTCCTTGCATGTGGTATTTTGGCTATGGTCTTTAACTACAACGGGGT
CTAAGACTGCGTTTATCATATTAATCGTCTTAGCCATTTATTTCTTTATTA AAAAGTTATTT
AGTAGAAATGCGGTAAGTGTGTGAGTATGTTAGTGATTATGCTGATATTACTTTGTTTTA
CCTTTTATAATATCAACTACTATTTATTCCAATTAAGCGACCTTGATGCCTTACCGTCATT
AGATCGAATGGCGTCTATTTTTGAAGAGGGGTTTGCATCATTAATGATAGTGGATCTGA
GCGAAGTGTGTATGGATAAATGCCATTT CAGTAATTAATATACATTAGGTTTTGGTGT
GGCTTAGTGGATTATGTACATATGGCTCGCAAATTAATGGTATTTTACTTGTTGCCATA
ATACATATTTGCAAATTTTTGCGGAATGGGGCATTTTATTCGGTGC GTTATTTATCATATT
TATGCTTTATTTACTGTTTGAATTATTTAGATTTAACATTTCTGGGAAAATGTAACAGCA
ATTGTTGTAATGTTGACGATGCTGATTTACTTTTTAACAGTATCATTTAATAACTCAAGAT
ATGTCGCTTTTATTTAGGAATTATCGTCTTTATTGTTCAATATGAAAAGATGGAAAGGA
TCGTAATGAAGAGTGA

> **capX_wzy**

Function: protein coding sequence; lipopolysaccharide flipase (wzy)

Best match: capX_wzy_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[146316:147746]

Position: 007-contig_191: 31191 ... 32622; Length: 1431 bp

Sequence:

ATGAAGAGTGATTCACTAAAAGAAAATATTATTTATCAAGGGCTATACCAATTGATTAGA
ACGATGACACCACTGATTACAATACCCATTATTTACGTCATTTGGTCCCAGTGGTGTGG
GTATTGTTTCATTTTCTTTCAATATCGTGCAATACTTTTTGATGATTGCAAGTGTGGCGTT
CAGTTATATTTAATAGAGTTATCGCGAAGTCCGTTAACGACAAACGGCAATTGTACAG
CAGTTTTGGGATATCTTTGTCAGTAAATTATTTTTAGCGTTAACAGTTTTTGCATGTATAT
GGTCGTAATTACTATATTTATTGATGATTACTATCTTATTTTCTACTACAAGGAATCTAT
ATTATAGGTGCAGCACTCGATATTTATGTTTATGCTGGAAGTAAAAGTTAAAATTC
CTAGCCTCAGTAATATTGTTGCGTCTGGTATTGTATTAAGTGTAGTTGTTATCTTTGTCAA
AGATCAATCAGATTTATCATTGTATGTTTACTATTGCTATTGTGACGGTATTAACCAA
TTACCTTTGTTTATCTATTTAAAACGATACATTAGCTTTGTTTTCGGTTAATTGGATACCGT
CTGGCAATTGTTTCGTTTCGTCATTAGCATACTTATTACCAAATGGACAGCTCAACTTATAT
ACTAGTATTTCTTGC GTTGTCTTGGTTTAGTAGGCACATACCAACAAGTTGGTATCTTTT
CTAACGCATTTAATATTTAACGGTTCGCAATCATAATGATTAATACATTTGATCTTGTAAT
GATTCCGCGTATTACCAAAAATGTCTATCCAGCAATCACATAGTTTAACTAAAACGTTAGC
TAATAATATGAATATTC AATTGATATTAACAATACCTATGGTCTTTGGTTAATTGCAATT
ATGCCATCATTTTATTTATGGTCTTTGGTGAGGAATTCGCATCAACTGTCCCATGATGA
CCATTTTAGCGATACTTGTATTAATCATTCTTTAAATATGTTGATAAGCAGGCAATATTT
ATTAATAGTGAATAAAATAAGGTTATATAATGCGTCAATTACTATTGGTGC GGTAATGAA
TTTAGTATTATGTCTTGTTTTGTATATTTTTATGGAATTTACGGTGCTGCTATTGCGCGTT
TAATTACAGAGTTTTTCTTGCTCATTGGCGATTTATTGATATTACTAAAATCAATGTGAA
GTTGAATATTGTAAGTACGATTCAATGTGTCATTGCTGCCGTTATGATGTTTATTGTGCTT
GGTGTGGTCAATCATTATTTGCCCCCTACAATGTACGCTACGCTGCTATTAATTGCGATTG
GTATAGTAGTTTATCTTTTATTAATGATGACTATGAAAATCAATACGTATGGCAAATATT
GAGGCATCTTCGACATAAAACAATTTAA

> **sodA-L1**

Function: protein coding sequence; superoxide dismutase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: sodA-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[125516:126115] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 32888 ... 33488; Length: 600 bp

Sequence:

```
ATGGCATTAAATTACCAAATTTACCATATGCATATGATGCATTGGAACCATATATAGAT
CAAAGAACAATGGAGTTTCATCACGACAAACATCACAATACGTACGTGACGAAATTA
CGCAACAGTTGAAGGAACAGAGTTAGAGCATCAATCATTAGCGGATATGATTGCTAACT
AGACAAGGTACCGGAAGCGATGAGGATGTCAGTCCGTAATAATGGCGGTGGTCATTTA
ACCATTCAATTATTCTGGGAAATACTATCACCTAATTCTGAAGAAAAGGTGGCGTAATAG
ATGACATCAAAGCGCAGTGGGGCACTTTAGATGAATTTAAAATGAATTTGCAAATAAA
GCAACAACATTATTTGGATCAGTTGGACTTGGTTAGTTGTTAATGATGGCAAATTAGAA
ATTGTGACAACGCCAAACCAAGATAATCCATTAACAGAAGGCCAAAACACCAATCTTACT
ATTTGATGTTTGGGAGCATGCCTACTATCTGAAATATCAAATAAACGTCCAGACTATAT
GACTGCATTTTGAATATTGTTAACTGGAAAAAGTTGATGAATTATACCAAGCAGCAA
ATAA
```

> **sasD**

Function: protein coding sequence; Staphylococcus aureus surface protein D (core genome, variable)

Best match: sasD_CC001-ST772_118_AJGE01000014.1[3380:4105:r] (completely identical)

Position: 007-contig_191: 33856 ... 34582; Length: 726 bp

Sequence:

```
ATGAAAAAATTAGCAACAGTAGGTTCTTTAATTGTAACAAGCACTTTAGTATTCTCAAGT
ATGCCTTTTCAAATGCGCATGCCGACACAACCTTCAATGAATGTGTCGAATAAACAAAGC
CAAATGTACAAAATCATCGTCCTTATGGCGGAGTAGTACCACAAGGAATGACGCAAGC
ACAATATACTGAATTAGAGAAAGCTTTACCCCAATTAAGCGCTGACAGTAATATGCAAGA
CTATAATATGAAATTGTATGATGCGACGCAAAATATTGCTGATAAATACAATGTGATAAT
TACAACATAATGTAGGGGTATTTAAACCACATGCTGTTAGAGATATGAATGGCCATGCGTT
ACCTTTAACAAAAGATGGCAATTTTATCAAACGAATGTAGATGCAAATGGTATTAATCA
TGGTGGTAGTGAATGGTGCAAAATAAAACAGGTCATATGAGTCAACAAGGCCATATGA
ATCAGAACACACACATGAACCAACAGCCACACATGCAACAAGGTCATATGCAATCATCA
AACCATCAAATGATGAGTCCAAAAGCAAATATGCATTCATCAAATCATCAAATGAACCA
AAGTAACAAAAAAGTTTTACCAGCTGCTGGTGAAAGTATGACATCAAGTATTCTTACTGC
AAGTATTGCCGCACTACTATTAGTATCTGGGTTATTCTTAGCATTTAGACGACGTTCAACA
AATAAATAA
```

> **Q5HJN3**

Function: protein coding sequence; transcript regulator/GntR family (core genome, constant)

Best match: Q5HJN3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[127399:128154:r]RC

Position: 007-contig_191: 34772 ... 35528; Length: 756 bp

Sequence:

```
TTAATAATCCGATTGTCTTATACGTGTCAGTGTTAATTCAGAGATTTCTGTGGAATATAC
CACTTATTAATCATAATTGGATAAGGTGTTTGTGCGTACAATGTTTCAATAATCAGCCAAC
AATGTGTATCACCATCAAACACGTGACTATGATTTTTGAAGTGGGGCGCTTTGGTAATAG
ACATTTTTAAATCTGATTGATATGCATTGTTATAAATCGTTTGCTCAACGAACGTCTTCAT
GTCGTCTTCGTTTTGTGTAATCACTTTAAATGTGTCAATGACATTTAACGGTATAAAGGTA
AAACAAAATGCATCAGCTTGCTTAGAATGATTGTCTTTTTTTGATAATAGCGTTCCATTG
CAATGACGGCAGAAGGATGGTTTGCAAACAAATGATTTGTATATTTCACTTTCTAAATCAA
CACGATAATTAATTGATGACATAGATACGCGAGCTAGCAATATTTGATCAAGTGGATGCT
TAAATTGATCCATACTTGAAGCGTGTTGGGCATTTGTTTGTGGAATAACAAAGTGTCCCTT
CCCTCTTGTACTCTCTACGATGCCATCTTCGGCTAACAAATTTTATAGCTTGGCGCAAAGTC
ATGCGACTGACATCAAAGCGCGCACAAAGTTCCTTTTCAGTAGGTAATGCATGGCCACTC
GGATATTTTCTATTTGAATTTCTTTATATAACGTATTATAAATCGTTAAAAATTTGGTTG
TGTTTGCATCACGTAGACAACCTCCAT
```

> **deoD-L1**

Function: protein coding sequence; purine nucleoside phosphorylase locus 1 (core genome, constant)

Best match: deoD-L1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[150887:151594]

Position: 007-contig_191: 35763 ... 36471; Length: 708 bp

Sequence:

```
ATGAAATCAACACCACACATTAACCAATGAATGACGTCGAAATTGCAGAAACGGTTCT
ATTGCCAGGAGATCCGTTAAGAGCTAAGTTCATTGCAGAAACTTATTTGGATGATGTGGA
ACAGTTCAATACAGTGCAGAAACATGTTTGGTTTTACCGGAACATATAAAGGTAAAAAAGT
TTCTGTCATGGGTTCCGGTATGGGTATGCCATCTATTGGCATTACTCTTATGAATTAATT
CATACATTTGGTTGTAAAAAATTAATTCGCGTTGGCTCTTGTGGCGCGATGCAAGAAAAC
ATTGATTTATATGATGTGATTATTGCACAAGGTGCCTCTACTGATTCAAATTACGTTCAAC
AATATCAATTACCAGGTCATTTTGCGCCAATTGCTTCTTATCAATTATTAGAAAAAGCAGT
TGAAACAGCACGTGACAAAGGTGTACGTCATCATGTAGGTAATGTGTTATCAAGTGATAT
TTTCTATAACGCGGATACAACAGCGAGTGAACGTTGGATGCGTATGGGTATTTTAGGTGT
AGAAATGGAATCAGCTGCATTATACATGAATGCAATTTACGCTGGTGTGCAAGCATTAGG
TGTGTTACAGTGAGCGATCATTTAATTCATGAAACGTCAACAACACCTGAGGAAAGGGA
ACGTGCATTTACAGATATGATTGAAATTGCACTGTCATTGGTGTAG
```

> **tet38**

Function: protein coding sequence; membrane transport protein (core genome, variable)

Best match: tet38_CC008_A9765_ACSN01000018.1[60782:62134]

Position: 007-contig_191: 36477 ... 37830; Length: 1353 bp

Sequence:

```
ATGAATGTTGAATATTCTAAAATAAAGAAAGCAGTACCTATTTTATTATTCTTATTTGTAT
TCAGTTTGGTTATAGACAACTCATTTAAATTGATTTCTGTAGCCATTGCTGATGACTTAAA
CATATCTGTAACGACAGTAAGTTGGCAAGCGACATTAGCCGGTTTAGTAATTGGTATTGG
CGCTGTAGTATACGCTTCATTATCTGATGCCATTAGTATACGCACACTATTTATTTATGGC
GTGATATTAATCATTATCGGATCAATTATTGGTTACATTTTCCAACATCAATTCCCATTAC
TTTTAGTTGGACGTATTATTCAAACCTGCCGGTTTAGCTGCTGCAGAGACATTATATGTGAT
ATATGTTGCAAAGTATCTTTCTAAAGAGGACCAGAAGACTTACCTTGGCTTAAGTACGAG
CAGTTATTCCTTGTCAATTAGTTATCGGTACATTATCAGGTGGATTTATTTCTACGTATTTAC
ACTGGACAAATATGTTTTTAATTGCATTAATCGTAGTATTTACGTTGCCATTCCTATTTAA
ATTATTACAAAAGAAAATAAATACGAATAAAGCTCATTTAGATTTTGGTTGGCTTAATTCTA
GTGGCAACTATTGCTACAACAGTCATGCTGTTTATTACGAACTTTAATTGGTTATATATGA
TTGGTGCCTTAATTGCGATTATCGTTTTTTCGCTATATATTAAAAATGCGCAACGTCCATT
AGTAAATAAATCATTTTTTCCAAAATAAACGTTATGCTTCATTTTTATTTATAGTATTTGTA
ATGTATGCTATCCAATTGAGTTATATTTTTACGTTCCCATTTCATAATGGAGCAAATTTATC
ATCTGCAACTAGACACAACATCACTGTTATTAGTACCGGGTTATATAGTAGCAGTCATTG
TTGGTGCACCTAAGTGGTAAAATCGGCGAATATCTGAATTCAAAACAAGCGATTATCACAG
CAATTATTTTAATAGCACTGAGCTTGATTTTACCTGCATTTGCAGTAGGTAATCACATTTT
AATCTTCGTCATTTCTATGATATTCTTTGCAGGTAGCTTTGCTTTAATGTATGCACCTTTAC
TTAACGAAGCCATTAACAATAGATCTTAATATGACAGGTGTGGCTATTGGTTTTTTATA
ATTTAATTATTAATGTGGCGGTATCTGTAGGTATTGCGATTGCTGCGGCTCTAATCGATTT
TAAAGCATTAAATTTCCAGGCAATGATGCATTAAGTTCACATTTCCGGTATTATTTTAATT
ATTTTAGGTTAATGAGTATTGTCGGATTAGTTTTATTCGTCAGCTTAAATCGTTGGACAC
AATCTGAAAAATAA
```

> **deoC-L1**

Function: protein coding sequence; deoxyribose-phosphate aldolase locus 1 (core genome, constant)

Best match: deoC-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[130537:131199]

Position: 007-contig_191: 37910 ... 38573; Length: 663 bp

Sequence:

```
ATGAAATTTGAGAAATATATAGATCACACTTTATTGAAGCCTGAGTCAACACGTACGCAA
ATCGATCAAATCATCGATGAAGCGAAAGCATACAATTTTAAATCTGTATGTGTGAATCCA
ACGCATGTTAAATATGCAGCAGAGCGACTAGCTGATTACAGAGGTGCTCGTTTGTACGGTA
ATAGGATTCCCATTAGGTGCGTCGACAACTGCAACGAAAGCATTGAAACAGAAGATGC
AATTCAAAATGGTGCAGATGAAATTGACATGGTCATCAACATCGGCGCATTAAGAAGATG
GACGTTTTGATGATGTACAACAAGACATTGAAGCAGTGGTGAAAGCTGCGAAAGGTCAC
```

ACAGTAAAAGTGATTATTGAGACGGTATTGTTGGACCATGACGAAATCGTAAAAGCGAG
TGAATTAACAAAAGTGGCTGGTGC GGACTTCGTTAAAACCTTCAACAGGTTTTGCAGGTGG
CGGTGCGACTGCAGAAGACGTTAAATTAATGAAAGATACAGTAGGTGCTGATATAGAAG
TAAAAGCATCAGGTGGCGTACGTAATTTAGAAGATTTCAATAAAAATGGTTGAAGCAGGTG
CGACACGTATTGGTGCGAGCGCAGGCGTTCAAATTATGCAAGGTTTAGAAGCAGATTCAG
ATTACTAA

> **deoB**

Function: protein coding sequence; phosphopentomutase (core genome, constant)

Best match: deoB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[153724:154902] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 46 ... 1225; Length: 1179 bp

Sequence:

ATGACAAGACCATTTAATCGTGTACATTTAATCGTAATGGATTTCAGTAGGTATTGGTGAA
GCGCCAGACGCAGCTGATTTTTAAAGATGAAGGTTTACATACTTTAAGACATACCTTAGAA
GGTTTCGATCAAACCTTTACCAAACCTTAAAAGTTAGGTCTAGGGAACATCGATAAATTA
CCAGTAGTAAATGCAGTTGAACAACCAGAAGCATACTATACTAAATTGAGTGAAGCTTCA
GTTGGTAAAGATACAATGACTGGTCACTGGGAAATTATGGGATTAATATTATGCAACCT
TTTTAAAGTATACCCTAATGGATTCCCTGAAGAGTTAATTCAACAAATTGAAGAAATGACA
GGTCGTAAAGTTGTTGCTAACAAACCGGCATCGGGTACGCAAATTATCGATGAGTGGGGC
GAGCACAAATGAAAACCTGGTGACTTAATTGTTTATACAAGTGCAGACCCAGTATTGCAA
ATTGCTGCACATGAAGACATTATCCCATTAGAAGAGTTATATGATATTTGTGAAAAGGTT
CGTGAGTTGACAAAAGACCCTAAATATTTAATTGGTTCGTATTATCGCACGTCCATATGTTG
GTGAACCAGGAAACTTTACACGTACATCTAATCGACATGACTATGCGTTAAAACCTTTG
GTAAAACCTGTCTTAGATCATTGAAAGACGGTGGTTATGATGTTATTGCCATCGGTAAAA
TTAATGACATTTATGATGGTGAAGGTGTAACAGAAGCGGTTTCGTACGAAGAGTAACATGG
ACGGTATGGATCAATTGATGAAAATTGTTAAGAAAGATTTACAGGTATTAGCTTCTTAA
ACTTAGTAGACTTTGATGCATTATACGGTCATCGTCGTGATAAACCAGGTTATGCACAAG
CAATTAAGATTTTCGATGATCGCTTGCCAGAAGCTGTTAGCAACTTAAAAGAAGACGATT
TAGTAATTATTACAGCAGACCATGGTAATGACCCGACAGCGCCAGGTACGGACCATACG
AGAGAATATATCCCAGTAATTATGTACAGTCCGAAATTTAAAGGTGGTCATGCACTAGAA
AGTGATACTACATTCAGTTCTATCGGTGCAACTATAGCAGATAATTTCAACGTAACATTA
CCAGAGTTCGGTAAAAGTTATTTAAAGGAATTGAAATAG

> **phnE2**

Function: protein coding sequence; phosphonate ABC transporter/permease protein 2 (core genome, variable)

Best match: phnE2_CC188_21340_AGTX01000018.1[42261:43076:r]RC

Position: 008-contig_256: 1355 ... 2171; Length: 816 bp

Sequence:

TTAAACAATACGTTTTTCGGATTGAACCGGAAATTAATCTACAATTGCGACCATTAGTAC
TAAACCGATTAATATAATACCTACACGGTCCCAAGAACGTGTTTGAATGGCAAATATGAG
TGGTGTCCCGATACCACCAGCCCAATTAGCCCAGTATAGAAGCTGAACGTAAGTTTAG
TTCAAAGCGATAAAGTATGAGAGATAGAAAGGCAGGCATAATTTGTGGTATGACTGCAA
ATACGAGTGTTTAATCTTATTTGCACCACTGGCCTTTAATGATTCTATAGCACTGAAATC
TAGACCTTCAATATCTTCAGCTAAAAGTTTCCCAAGCATACCTACAGAATGGATACCTAA
AGCTAATACACCTGAAAATGAACCTGGGCCAACAGCTTTGATAAATATAAGTGCCATTAC
AATTTCTGGGAAGACACGTATAACACTTAAAATAAATTTGCTAACACCTGAAACCGGGCG
TAACTTTACCATATTATTTGCACCTAGAAATGCTAATGGAATACAGATAAATTGCGGCGAT
GAAAGTACCTACAACGGCTATCGCAAAGGTTTCAAGTAAACCACGTAATAAGTCTTCGCC
ATCTGGTATATAGATATAGCTGATGTCAGGATGGAATAATCCGCTGAATATGGATTTTAA
GATTTCTAATGATTTACTTTTAAAGTTCTAAACTTGGTACACCTGCAAATGCCAGATGATA
ATAGCTAAGACGACAATTGCAATAAGCCATCTTTAATCAATTTTCGTTTTGTGTGCTTTTG
TGTGAACATTATATTTTGCTATTTGCTGTGTCAT

> **phnE1**

Function: protein coding sequence; phosphonate ABC transporter/permease protein 1 (core genome, variable)

Best match: phnE1_CC188_21340_AGTX01000018.1[43073:43873:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 2167 ... 2968; Length: 801 bp

Sequence:

```
TCATGCGAGATGTGCCCTCACTTTCGTAAGTCAATGACGACGACGATAACTAA
AGTAAATAAAATAATCGTTGCTGTTTTTGGATATTGAAATAAACCAAGTGTGATCATA
AAACAATCCAATACCGCCAGCGCCGACTAATCCAAGAACAGCTGAAGCACGTATATTTAC
TTCAAATGCATATAATACGTATGACATAAATGACGATATGGCTTGTGGTACAACACCGAA
ACAATCCATTTTATTTTATTAGCACCAACAGCCGTCATTGCTTCCATTGGACCTGGATCT
ATCGTTTCCAATGATTCATATAATAATTTTCCAATAATACAGATAGTTAAAATAACAAT
GCTAATATCCCTGGAATTTGACCGATTCCAAATACCGCCACAAAGATTGCTGCTAATAGC
AAATCCGGTATAGTACGAACTATATTTAAAATAAACGCGAGGGTATTGAAATCCACTTT
TGATGAACGATATTGCTAGCACATAATAACGCAATTGGTATTGAAACGATGCTACCTAAT
ACTGTACTTACGATAGCCATTCGAATGGTATCTAACATTGGCGTTGTAATTTGTTGTAAT
ACTCGAAATCAGGTGGAATCATTGTTTGAATAGATCACCTATTTGAGGTATTCCTATCAT
TAAATCTCCAAAATTAACCCCGTATAAATGAAGCTCCAAATGATAAGCACGATGATTAA
CATGAAGGTAAACTCGTTTTTAAAGAAACCTTTTTCTTTAAAGGGAGTCATACTTTGTA
GGTGTCTTAAAGGCAT
```

> **phnC**

Function: protein coding sequence; phosphonate ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: phnC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[156645:157418:r]RC

Position: 008-contig_256: 2969 ... 3743; Length: 774 bp

Sequence:

```
TTAGTTCACTCCTAGCTTTTCATCTTCTTTAATTGTACGTCCATATATTTCACTAAATACGT
CATCTGTTGCTTCAGATGCAGGACCATCATAGACAACTTCACCATCACGTAAACCAATGA
TGCGTGTGCCATATCTTTTGCCAAGTCAACAAAATGTAAATTAATTAATAATTGTAATGCC
TAATCTTGGTTGATTTTTCTTAAATCATCCATAACCTGTTTCGTTGTTAATGGGTCTAATG
AAGCAACTGGTTCATCTGCAAGAATAATTTTCGGATTCTTGGCATAGCGCACGTGCAATAG
ATATACGTTGTTGTTGGCCACCTGATAATTCATCAGAGCGTTGATTATATTTATCTAAGAT
GTTGACCCGTTCTAGTGCATCCATTGCTTTAATTTTGTCTTCTTTTGGAAATAAACCTAATA
CCATTTTCCAAGTAGGGTGATAACCTACACGTCCACTTAGTACATTTCTGTAATACACTTGA
CCGTTTAACTAAATTAATAATGTTGGAAAATCATACTATATTTTCGGCGCATTTCTAATAAT
GCTTTACCATGGGCTTTAGTGATTGATTTACCTTGGATGAAAATTTACCTGACGTGATAT
TATGCAAACGATTTACAGATCTTAATAACGTGGATTTCCAGCACCAGATAGTCCGACAA
TAACTGCAAATTCACCTTTTTCAATATTTAAGTTAATATTTTTCAAGCCTACATGACCGTT
AGGATAGACTTTACTGACGTTTTTAAATTCGATTTGACTCAT
```

> **phnB**

Function: protein coding sequence; phosphonate ABC transporter/substrate-binding protein (core genome, variable)

Best match: phnB_CC007_TCH959-USA300_AASB02000033.1[3918:4874:r]RC

Position: 008-contig_256: 3956 ... 4913; Length: 957 bp

Sequence:

```
TTATTTTCATATCTTTAACTAATTTTTTCGTAAGTCAATGTCGAAATTTGAATCTTTTCG
TTTCTGTGTATCCTTCATGTGAATAAACTTCGCTAATAATTTTGTGACCTTCTTTTGATTTA
GCAATGTCTATAAAAGCTTTTTTCAATTTTTCTTGAATAATCTTTATCCATATCTGGTCTTAC
AGAAATTGTGTCATTCGGAATAGCTTGTGTTAATTTTAAAATTCGTGTGTCTTTAAATACA
TTTGGTTGGTCTTTTTTTCACAGTATTACGTGCATCGTTAAATACAGCTGCAGCATCTACAT
CTCCATTTAATAATGAGATAACTGCTTGGTTCATGACCTTTAACATTCACAATTTTCATATC
TTTAGTTGCATTAATACCTGCTTCGTTTTTAAACATCGCAAGTGGGAATGTATATCCAGCA
GTTGATGTTACATCTTGTAAAGCAATTTTCTTACCTTTTAAATCTTTCAAGCTTTTAAATTT
TGAGTCTTTTTTAAACAAGAATTTCTGATTTATAGCTATCTACAAGTTCTTTACTTGCTGAAC
```

CATCTTCTTTTACACCGAAACGTTGTGCTTGTAAATAATAAATCAGCTGCTTTTTGATCATG
TGCTAATGTGTATGCCGTTGGTGGTAAGAAACCAACATCAACTTTTTAGACTTCATAGCT
TCAACAATTGTATTGTAGTTAGTTGATACAGACACTTTAACTGGAATCCCTAATTCTTTAG
ATAGTAATTTTTCTAATGGTTTTGCTTTAGCTTCTAATGTTCCAGCATTTTTGCGAAGGTAC
AAATTGAACGGTTAATTCTTTAGGTTTGTATCCTCCTGATTTAGAATCCGAATCATTACTA
GCGTTCTTTTGATTATCTAAAGAACTTGAATTTCCACATGCTGCTGCAAAAACAATGACTG
CTAACATTAATACAAATAAACACTTAAAATTTTTTCAT

> Q5HJM4

Function: protein coding sequence; putative exported protein (core genome, variable)

Best match: Q5HJM4_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[101146:102690:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 5142 ... 6687; Length: 1545 bp

Sequence:

ATGAAAAAATATATAAGTCATTAAGTGTCTCTGCAATTGTTGCAACGGTATCATTAAAGT
GCTTTACCGCAATCTTTAGCTATAACGCATGAATCGCAACCTACAAAGCAACAGCGAACG
GTATTATTCGATCGTTCTCATGGTCAAACAGCTGGTGTGCTGAGATTGGGTTAGTGATGGTG
CATTTTCAGATTATGCGGATTCAATACAAAAACAAGGTTATGACGTTAAAGCTATTGATG
GTCATTGCAACATAACAGAAGCAAGTTTGAAAATTTCCAAAATATTTGTAATTCCTGAGG
CTAACATTCCTTTCAAAGAATCAGAACAGGCAGCAATTGTTAACTATGTGAAACAAGGTG
GCAATGTTGTCTTTATTTAGATCATTACAATGCTGACCGAAATTTAAATCGTATTGATTC
ATCAGAGGCAATGAATGGTTATCGACGTGGAGCGTATGAAGATATGTCGAAAGGTATGA
ATGCAGAAGAAAAAAGTTCTACTACAATGCAAGGTGTGAAAAGTTCAGATTGGTTATCTA
CAAACCTTTGGCGTACGTTTTTCGATATAATGCACTAGGTGATTTAAATACGAGCAATATTGT
TTCTTCAAAGAAAGTTTCGGTATTACTGAAGGTGTGAAATCTGTCTCTATGCATGCCGG
ATCGACATTAGCAATTAATCCAGAGAAAGCAAAAGGTATTGTGTATACACCAGAAC
AATTGCCAGCGAAAAGTAAATGGTCAATGCTGTAGATCAAGGTATTTATAATGGGGGCG
GTAAAGCAGAAGGCCCTATGTAGCAATTTCTAAAGTTGGAAAAGGTAAAGCAGCATTT
ATCGGTGATTCATCACTTGTGGAAGATAGTTCGCCCAAATATGTAAGAGAAGATAATGGA
GAAAAGAAGAAAACATATGATGGTTTTAAAGAACAAGACAACGGTAAGCTATTAATAAA
TATAACGGCTTGGATGTCTAAAGATAATGATGGGAAATCACTTAAGGCGAGTGGCCTAAC
ATTAGATACAAAGACTAAGTTGCTTGATTTTGAACGACCAGAGCGTTCAACTGAGCCTGA
AAAAGAGCCATGGTCAACACCGCCGAGTGGTTATAAATGGTATGATCCAACAACATTTAA
AGCAGGTAGTTATGGCAGCGAAAAGGCGCAGATCCTCAGCCAAACACACCAGATGATC
ATACACCACCAAATCAGAACGAAAAGTAACATTTGATATCCCGCAAATGTTTTCTGTAA
ATGAGCCATTTGAAATGACAATACATTTAAAAGGATTTGAAGCAAATCAAACACTTGAAA
ATCTTAGAGTTGGTATTTACAAAGAAGGCGGACGTCAAATCGGACAATTTTCAAGTAAAG
ATAACGATTATAACCCACCAGGTTACAGTACTTTGCCAACAGTTAAAGCAGATGAAAACG
GAAATGTCACAATTAAGGTCAATGCTAAAGTACTTTGAAAGTATGGAAGGTTCAAAGATTC
GTTTAAAACCTCGGTGACAAAACCTTGATTACAACAGACTTCAAATAA

> cpdB

Function: protein coding sequence; putative 5' nucleotidase (core genome, constant)

Best match: cpdB_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[139788:141323]

Position: 008-contig_256: 6737 ... 8273; Length: 1536 bp

Sequence:

ATGTCAAACATAGCATTTTATGTCGTGAGTGACGTACATGGTTATATTTTCCCAACAGATT
TTACGAGTAGAAATCAATATCAACCTATGGGATTGTTACTAGCGAATCATGTTATAGAAC
AAGACAGAAGGCAGTATGACCAAAGTTTTAAAATAGATAATGGTGATTTTTTGAAGGGT
CACCATTTTGTAACTTAATCGCGCATAGCGGCAGTAGCCAGCCTTTAGTTGATTTTTTA
TAATCGAATGGCATTCAACTTTGGTACGCTTGGTAATCATGAATTTAATTATGGATTACCA
TACTTAAAAGACACTTTACGCAGACTCAATTATCCAGTTTTGTGCGCTAATATTTATGAAA
ATGATAGTACATTGACTGATAACGGTGTGCAGTATTTTCAGGTTGGAGATCAAACGGTTG
GTGTGATAGGTTTAAACGACACAATTTATCCCCATTGGGAACAACCAGAGCATATTCAGT
CACTTACGTTTCATAGTGCTTTTGAACACTTCAACAACACTTACCTGAAATGAAGCGAC

ATGCAGATATCATTGTGGTTTGTACCATGGTGGATTTGAAAAGGATTTAGAAAGTGGTA
TGCCGACCGAAGTGTTAACGGGTGAAAATGAAGGATATGCCATGTTAGAAGCATTCTTA
AAGATATAGATATCTTTATTACGGGTCACCAACATCGACAAATTGCTGAAAGATTTAAGC
AAACGGCTGTGATTCAACCTGGTACGAGAGGTACAACCTGTAGGCAAAGTTGTCTTGAGTA
CTGATGAATATGAAAATGTATCCGTTGAATCATGTGAATTACTTCCTGTTATAGATGATTC
CACATTTACTATTGATGAAGATGACCAACATTTACGAAAGCAGTTAGAGGACTGGTTAGA
TTACGAAATTACTACATTGCCATATGATATGACGATTAATCATGCATTTGAGGCACGTGT
GGCACCGCATCCTTTACTAATTTTATGAATTACGCTTTATTAGAAAAAAGTGGTGCAGAT
GTTGCCTGTACAGCTTTGTTTGATTCTGCTAGTGGTTTCAAGCAAGTCGTGACGATGCGAG
ATGTTATTAACAATTACCCATTTCCAATACATTTAAAGTTTTAGCTGTAAGTGGTGCCAA
ACTTAAAGAAGCCATTGAACGATCAGCAGAATATTTTGACGTGAAAAATGATGAAGTAA
GTGTGAGCGCAGACTTCCTTGAACCCAAACCCCAACACTTTAATTATGATATATATGGTG
GCGTAAGTTATAACATTCATGTTGGAAGGCCAAAGGGACAACGTGTGAGCAATATGATG
ATCCAAGGGCACGCAGTTGATTTAAAGCAGACATATACAATTTGTGTAATAATTATCGT
GCAGTTGGCGGTGGTCAGTATGATATGATATCGACGCGCCAGTTGAAAAGATATTTCAA
GTTGAAGGCGCACAATTACTTATTGATTTTTTATCAAATAATAATTTGATGCGCATCCCCG
AAGTTGTTGATTTTAAAGTTGAAAAGTGA

> **A5IP16**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A5IP16_CC005_N315_BA000018.3[162124:162891]

Position: 008-contig_256: 8429 ... 9197; Length: 768 bp

Sequence:

TTGGAACAATTAACAAGAAGTAAGAGAATCTATTGTTAAAGGAATTATCGCGGGATA
TAAGGACTATGTTAATGAGAGAAATGAAGTCAAGAAACGTATGGTGATTAGTGATGCCT
ATGCCTTTACTAAATCTAATCATATTGAAAGTCAAGTTGCTAAGCATTGGAAAATTTGT
TAAGTATATTAAGAAAATGCTGGACCGTCATGGAAGTATTTAAAGTTTATATTTAATAT
GGATGAAGAGAAAAATAATATCATGTTTATATTGAAAAATGAAGATTACTTTGATGAAAA
AAATGTAAGCGTAGGGAAGAGTTTAGTTGCCGATAAAAATCAAAAAAGTAAAAACTATC
TAGAGGGACTTATGGCTAAGAATAGGGACATTAATTTTGATACTGTTGAAGAAGATTTTA
AAATTAGGCATCAAATGACTGCAGATAGTATATTATTTAATATAAAAAGAAGGCAGTAATA
GAGATATCAATTCTTATTTTTTAATTATTACATATCGTATTGATAAAGAATCAAAGCAATT
AGCTGCAATCAAACAATGGTTACCAAATCCAGAAACAAATTCTGCAATTATGGTTGATGA
TTTGATAGAGTTGATAGAAAAAGTAATAGTAGAAAGAGAAGATTATCATATTGACGAAG
AAGAGTTAGAAGTACTTAAAAACGATGGAGAGTTAGAACTCATAGATGTGGAACATGCA
TTTGGTATCAGTATCGATGAAGGTAACGATATGATTGAAAGTGAAAGGTGA

> **Q1Y4B9**

Function: protein coding sequence; putative DNA-binding protein (core genome, variable)

Best match: Q1Y4B9_CC005_N315_BA000018.3[162897:164072]

Position: 008-contig_256: 9202 ... 10378; Length: 1176 bp

Sequence:

ATGTTTATTGGCAAGAATTTAGAATACGTGAGAAAGCTTAATGCTCTAAGTAGAAAAGAA
TTATCAGAAAAATAAATGTGAGTGAACAAGCAATTTGGCAATATGAAACAAAAAATAT
GATGCCAGAAATTAGTAAAATTTATGATATGACATCTATTTTTAATGTTAAATCTAGCTAC
TTTATTAGCGAGCAGCCCGAAGAGCTCCTAATAAATTCTGTGATAAACATAGTATAGCT
TTTAGAGCAAAAAATTATAAAGTATCTACGAACTATTAATAAAGCAATATTATCAAGCA
ATGTATTTATCTAATTTAACTAACTACTTATTTTCTTTGTAAAGATAACCGGATAATATTAT
TTTATCGTTAATAAATAATTTAGATGACTTGTGAAATGGCAATTTAGAATCACTAAATAAA
AAAGAAAGCATAAAAGAAACTGCTAAAGTTGTGAGGGCTAAAATTTCTCAAGACGAAAG
CAATGAAGCACTATTATTTATGCTTGAAAAAGCGGGTATAGTTATATACGAAAAGCGAAT
TAATGATAGCATAGACGCATATAGTTTTTGGAGTAAAGATCTGACACCTTTTATTATACTG
GGTACAAATAAGGGGGTAGCAGTTAGAAGGAATTTTGATCTTGACATGAGCTGGGACA
TCTCGTTCTACATCGTCATATTCAATTCGACTTATTATCTCCTGAAGAATATAAGACAATT
GAACATGAGGCAGATATTTTCGCCTCTGAATTTTTACTACCTGAAGAAGCGTTTAAAAAA

GACTTTGATCAAATGACCAAAAAATCAAATCCTGACTATTTAGCTGTATTGAAAGAAAA
TGGTATGTTTCTATACAAGCAATTGCAATGAGAGCGTATTATCTAGGCCTAATGTCTAGTA
CTCAGTACAGATATTTTTGGGCATCATTAATAAAAAAGGCTATAAAAGTAAAGAGCCTT
TAGACGACGTGATTGAAATGTCACGTCCTGTCAAAATGAATAGTTTATTAAGTTGTATTT
TGATAGAAATTTACTGACACCACAAAAATTATTGAATTATTTAAAAGTCGATGAAACATT
TTTGAATCATCTAGCAGGTATTAATTTAAAACCTTTAAGGATTATGTTAATGAAAATAGA
GAATATAATATAACGAATCTATATAAATAA

> **txbi_Q1Y4B9**

Function: bidirectional rho independent terminator of Q1Y4B9 (core genome, constant)
Best match: txbi_Q1Y4B9_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[164035:164097] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 10379 ... 10442; Length: 63 bp

Sequence:

GCACCAATATTTAAAACCTCGAGCTGAAAAGATCATCATTTTCAGTTCGAGTTTTTTTTGTGTA
AC

> **adhE**

Function: protein coding sequence; alcohol-acetaldehyde dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: adhE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[142665:145274]

Position: 008-contig_256: 10762 ... 13372; Length: 2610 bp

Sequence:

ATGTTAACTATACCTGAAAAAGAAAATCGTGGATCGAAAGAACAAGAAGTGGCAATTAT
GATTGATGCTCTAGCTGACAAAGGGAAAAAAGCATTAGAAGCATTATCTAAAAAGTCAC
AAGAAGAAATTGATCATATTGTTTCATCAAATGAGCTTAGCAGCTGTTGATCAACATATGG
TGCTAGCAAAATTAGCACATGAAGAACTGGAAGAGGTATATACGAAGATAAAGCGATT
AAAAATTTATACGCTTCTGAATATATATGGAATTCATAAAAGACAATAAGACAGTAGGG
ATTATTGGTGAAGATAAAGAAAAAGGATTAACGTATGTAGCGGAACCAATTGGTGTATT
TGTGGTGTACGCCAACAAACAATCCTACGTCGACAACCTATTTTTAAAGCGATGATTGCA
ATTAAGACAGGAAATCCAATCATTTTTGCATTCCATCCAAGTGCACAAGAATCGTCGAAG
CGTGCAGCAGAAGTTGTATTAGAAGCGGCAATGAAGGCAGGTGCACCTAAAGATATTAT
TCAGTGGATTGAAGTGCCTTCTATCGAAGCAACAAAACAATTAATGAATCACAAAGGTAT
TGCATTAGTTCTAGCAACAGGTGGTTCGGGCATGGTTAAGTCTGCATATTCAACTGGCAA
ACCGGCATTAGGTGTGGGACCAGGTAACGTGCCGTCTTACATTGAAAAACAGCACACAT
TAAACGTGCAGTAAATGATATCATTGGTTCAAAACATTTGATAATGGTATGATTTGTGC
TTCTGAACAAGTTGTAGTCATTGATAAAGAAATTTATAAAGACGTTACTAATGAATTTAA
AGCACATCAAGCATATTTTGTTAAAAAAGATGAATTACAACGCTTAGAAAAATGCAATTAT
GAATGAACAAAAACAGGTATTAAGCCTGATATTGTCGGTAAATCTGCAGTTGAAATAGC
TGAATTAGCAGGTATACCTGTCCCCGAAAATACAAAACCTTATCATAGCCGAAATTAGCGG
TGTAGGTTCAGACTATCCGTTATCTCGTGAAAAATTATCTCCAGTATTAGCCTTAGTAAAA
GCCAATCTACAAAACAAGCATTTCAAATTTGTGAAGACACACTACATTTTGGTGGATTA
GGACACACAGCCGTTATCCATACAGAAGATGAAACATTACAAAAGATTTTGGACTAAG
AATGAAAGCTTGTCGTGTAAGTGTAAATACACCATCAGCGGTTGGAGGTATTGGTGATAT
GTATAACGAATTGATTCCGTCTTTAACATTAGGTTGTGGTTCCTACGGTAGAACTCAATT
TCACATAATGTTAGTGCGACAGATTTATTAACATTAACGATTGCTAAACGACGTAAT
AATACTCAAATTTCAAGGTGCCTGCTCAAATTTATTTGAAGAAAATGCAATCATGAGT
CTAACAACAATGGACAAGATTGAAAAAGTGATGATTGTCTGTGACCCTGGTATGGTAGAA
TTCGGTTATACAAAACAGTTGAGAATGTATTAAGACAAAGAACGGAACAGCCTCAAAT
TAAAATATTTAGCGAAGTCGAACCGAACCCATCAACTAATACAGTATATAAAGGTCTGGA
AATGATGGTTGATTTCCAACCGGATACAATCATTGCACTTGGTGGTGGTTCAGCGATGGA
TGCTGCAAAAGCAATGTGGATGTTCTTTGAACACCCTGAGACATCATTCTTCGGTGCTAA
ACAAAAGTTCCTAGACATCGGTAACGTAATTATAAAATAGGCATGCCTGAAAATGCGAC
GTTCAATTTGTATCCCTACGACATCAGGTACAGGTTTCAGAAGTAACACCATTTGCAGTTATC
ACAGATAGTGAACAAATGTAAAATATCCGTTGGCTGATTTTGCTTTAACACCTGACGTT
GCAATTATTGACCCTCAATTTGTGATGAGTGTGCCAAAAGCGTTACAGCAGATACAGGA

ATGGATGTACTAACGCATGCAATGGAATCATATGTATCTGTAATGGCTTCAGACTATACA
AGAGGTTTGAGTCTACAAGCGATTAATTTGACGTTTGAATATTTAAAATCATCTGTTGAA
AAGGGTGATAAAGTTTCAAGAGAGAAAATGCATAACGCATCAACTTTGGCTGGTATGGC
ATTTGCAAATGCATTCTTAGGTATTGCACACTCAATTGCACATAAAATTGGTGGCGAATA
TGGTATTCCGCATGGTAGAGCGAATGCGATATTACTACCGCATATTATCCGTTATAATGCC
AAAGACCCGCAAAAACATGCATTATTCCCTAAATATGAGTTCTTCAGAGCAGATACAGAT
TATGCAGATATTGCCAAATTCTTAGGATTA AAAAGGGAATACGACAGAAGCACTCGTAGA
ATCATTAGCTAAAGCTGTCTACGAATTAGGTCAATCAGTCGGAATTGAAATGAATTTGAA
ATCACAAGGTGTGTCTGAAGAAGAATTAATGAGTCAATTGATAGAATGGCAGAGCTCG
CATTTGAAGATCAATGTACAACCTGCTAATCCTAAAGAAGCACTAATCAGTGAAATCAAAG
ATATCATTCAAACATCATATGATTATAAGCAATAA

> **tx_adhE**

Function: (core genome, constant)

Best match: tx_adhE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[145327:145383] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 13424 ... 13481; Length: 57 bp

Sequence:

CCACATAAACTTTAAGTCGATAATCATTATACGGTTATCGGCTTTTATTTATTGCCA

> **capA-L1**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein A/locus 1 (core genome, constant)

Best match: capA-L1_CC001_MSSA476_BX571857.1[144318:144986] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 13716 ... 14385; Length: 669 bp

Sequence:

ATGGAAAGTACATTAGAATTAACAAAAATTAAAGAAGTATTACAAAAAACTTGAAGAT
TTTAATTATTTTACCGCTATTATTTTAATTATTAGCGCTATTGTTACATTTTTTCGTCTTATC
ACCTAAATATCAAGCTAATACTCAAATCTTAGTGAATCAAACCTAAGGGTGACAATCCTCA
GTTTATGGCACAAGAGGTTCAAAGTAATATTCAACTTGTAATACGTATAAAGAAATTGT
TAAAAGTCCTAGAATTTTAGATGAGGTGTCAAAGGACTTAAATGATAAGTATTCACCATC
TAAATTGTCGAGTATGTTGACAATTACAAACCAAGAAAATACGCAACTTATCAACATCCA
AGTTAAAAGTGGTCATAAACAAGATTTCGGAAAAAATTGCGAATAGCTTCGCTAAAGTTAC
AAGTAAACAAATTCGGAAGATTATGAGTGTGGATAACGTATCAATTTTATCTAAAGCAGA
CGGTACAGCAGTTAAAGTCGCACCAAAAACCTGTAGTGAATCTAATCGGTGCATTCTTTTT
AGGATTAGTTGTCGCGCTTATATATATCTTCTTCAAAGTAATTTTCGATAAGCGAATTA
AAGATGAAGAAGATGTAGAGAAAGAATTAGGATTGCCTGTATTGGGTTCAATTCAAAAATTT
AATTAA

> **capB-L1**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein B/locus 1 (core genome, constant)

Best match: capB-L1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[168054:168740] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 14400 ... 15087; Length: 687 bp

Sequence:

ATGTCAAAAAAGGAAAATACGACAACAACACTATTTGTATATGAAAAACCAAAATCAAC
AATTAGTGAAAAGTTTCGAGGTATACGTTCAAACATCATGTTTTCAAAGCAAATGGTGA
AGTAAAGCGCTTATTGGTACTTCTGAAAAGCCTGGTGCAGGTAAAAGTACAGTTGTATC
GAATGTAGCGATTACTTATGCACAAGCAGGCTATAAGACATTAGTTATTGATGGCGATAT
GCGTAAGCCAACACAAAACCTATATTTTTAATGAGCAAAAATAATAATGGACTATCAAGCTT
AATCATTGGTTCGAACGACTATGTCAGAAGCAATTACGTCGACAGAAATTGAAAATTTAGA
TTTGCTAACAGCTGGCCCTGTACCTCCAAATCCATCTGAGTTAATTGGGTCTGAAAGGTT
AAAGAATTAGTTGATCTGTTTAATAAACGTTACGACATTATTATTGTCGATACACCGCCA
GTTAATACTGTGACTGATGCACAACCTATATGCGCGTGCTATTAAGATAGTCTGTAGTA
ATTGATAGTAAAAAAATGATAAAAATGAAGTTAAAAAAGCAAAAGCACTTATGGAAAA

AGCAGGCAGTAACATTCTAGGTGTCATTTTGAACAAGACAAAGGTCGATAAATCTTCTAG
TTATTATCACTATTATGGAGATGAATAA

> **capC-L1**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein C/locus 1 (core genome, constant)

Best match: capC-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[146991:147755]

Position: 008-contig_256: 15089 ... 15854; Length: 765 bp

Sequence:

ATGATTGATATTCATAACCATATATTGCCTAATATCGATGACGGTCCGACAAATGAAACA
GAGATGCTGGATCTTTTAAAACAAGCGACAACACAAGGTGTTACAGAAATCATTGTAACA
TCACATCACTTACATCCTCGATATACCACACCTATAGAAAAAGTGAAATCATGTTTAAAC
CATATTGAAAGCTTAGAGGAAGTACAAGCACTAAATCTAAAGTTTTATTATGGTCAGGAA
ATAAGAATTACCGATCAAATTCTTAATGATATTGATCGAAAAGTTATTACCGGTATTAAT
GATTCACGCTATTTACTAATAGAATTTCCATCAAATGAAGTTCCACACTATACTGATCAAT
TATTTTTCGAATTACAGAGTAAAGGCTTTGTACCGATTATTGCACATCCAGAGCGGAATA
AAGCAATAAGTCAAAACCTTGACATACTATACGATTTAATTAACAAAGGTGCTTTAAGTC
AAGTGACAACGGCGTCATTAGCGGGTATTTCCGGTAAAAAATTAGAAAATTAGCAATTC
AAATGATTGAAAACAATCTGACACATTTTCATCGGTTTCAGATGCGCATAACACAGAAATCA
GACCGTTCTTAATGAAAGACTTATTTAATGATAAGAAATTACGTGATTATTATGAAGATA
TGAACGGATTATTAGTAATGCGAAGTTAGTTGTTGATGATAAAAAAATTCCTAAACGAA
TGCCACAACAAGATTATAAACAGAAAAGATGGTTTGGGTTATAA

> **capD**

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: capD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[147775:149598]

Position: 008-contig_256: 15873 ... 17697; Length: 1824 bp

Sequence:

ATGGCACATTTATCTGTGAAATTGCGGCTTTTAATACTAGTATTAATCGATTCACTGATAG
TGACATTTTCAGTATTCGTAAGTTATTACATTTTAGAACCGTATTTCAAAACATATTCTGT
CAAATTATTAATATTGGCAGCTATATCACTATTCATATCGCATCATATTTTCAGCATTATT
TTTAATATGTATCATCGAGCGTGGGAATATGCCAGTGTGAGTGAATTGATTTTAATTGTTA
AAGCTGTGACGACATCTATCGTTATTACGATGGTGGTTCGTGACAATTGTTACAGGCAATA
GACCGTTTTTTAGATTGTATTTAATTACTTGGATGATGCACTTGATTTTAATAGGTGGCTC
AAGGTTATTTTGGCGTATTTATCGGAAATACCTTGGAGGTAAGTCATTTAATAAGAAGCC
AACTTTAGTTGTTGGTGCTGGTCAAGCAGGTTCAATGCTGATTAGACAAATGTTGAAAAG
TGACGAAATGAACTTGAACCGGTATTAGCAGTCGATGATGACGAACATAAACGCAATA
TCACAATTACTGAGGGTGTAAGTCCAAGGTAATAATTGCGGATATTCCAGAAGTACTAGTGA
GGAAATATAAGATTAATAAATCATCATTGCAATTCCAATATTGGTCAAGAGCGTTTGA
AAGAAATTAATAATATTGCCATATGGATGGCGTTGAGTTATTGAAAATGCCAAATATAG
AAGACGTATGTCTGGTGAGTTAGAAGTGAACCAACTTAAAAAAGTTGAAGTAGAAGAT
TACTAGGCAGAGATCCTGTTGAATTAGATATGGATATGATATCAAATGAATTGACGAAT
AAAATTTTTAGTTACGGGTGCAGGTGGTTCAATAGGATCAGAAATTTGTAGACAAGTT
TGTAATTTCTATCCAGAACGTATTATTCTACTTGGCCATGGTAAAACAGTATTTATTTAA
TCAATCGTGAATTGCGAAATCGCTTCGGAAAAAATGTTGATATCGTTTCTATTATAGCGG
ATGTGCAAAATAGAGCGCGTATGTTTGAAATTATGGAAACGTATAAACCATACGCAGTTT
ATCATGCAGCAGCACACAAGCACGTGCCGTTAATGGAAGACAACCTGAAGAAGCAGTA
CGTAATAATATTTTAGGTACGAAAAATACTGCTGAAGCTGCTAAAAATGCAGAGGTA
GAAATTCGTTATGATTTCTACGGATAAAGCCGTTAATCCGCCTAATGTCATGGGCGCTTCA
AAGCGAATTGCAGAAATGATTATTCAAAGTTTAAATGATGAAACGCATCGAACAAATTTT
GTTGCAGTGAGATTTGGTAATGTACTTGGATCGAGAGGATCTGTGATTCCACTTTTCAA
AGTCAAATTGAAGAAGGTGGGCCAGTTACTGTGACACATCCTGAAATGACACGTTACTTT
ATGACAATTCCTGAAGCTTCTAGACTAGTTTTGCAGGCAGGGGCATTAGCAGAAGGTGGC
GAAGTATTTGTGCTAGATATGGGAGAACCAGTGAAAATTGTTGATTTGGCACGTAATTTA
ATTAAGCTAAGTGGTAAAAAAGAGGACGACATACGCATTACTTATACAGGGATTAGACC

CGGCGAAAAAATGTTTGAAGAGCTTATGAATAAAGATGAAGTTCATCCTGAACAAGTATT
TGAAAAAATTTATCGTGGCAAAGTACAACATATGAAATGTAATGAAGTTGAAGCCATTAT
TCAAGACATCGTCAATGACTTTAGTAAAGAAAAAATTATTA ACTATGCCAATGGCAAAAA
GGGAGATAATTATGTTTCGATGA

> **capE**

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: capE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[149588:150616]

Position: 008-contig_256: 17686 ... 18715; Length: 1029 bp

Sequence:

ATGTTTCGATGACAAAATTTTATTAATTACTGGGGGCACAGGATCATTCCGTAATGCTGTT
ATGAAACGGTTTTTTAGATTCTAATATTAAGAAATTCGTATTTTTTTCACGCGATGAGAAA
AAACAAGATGACATTCGAAAAAATATAATAATTCAAAATTAAGTTCTACATTGGTGAT
GTGCGTGATAGTCAAAGTGTAGAAACAGCAATGCGAGATGTTGATTACGTATTCCATGCA
GCAGCTTTAAAACAAGTGCCGTCATGTGAATTCTTTCCAGTTGAGGCAGTGAAGACAAAT
ATTATTGGTACAGAAAATGTCTTACAAAGTGCTATTTCATCAAATGTTAAAAAAGTCATA
TGTTTATCTACAGATAAGGCAGCGTATCCTATTAATGCTATGGGTATTTCAAAGCAATG
ATGAAAAAAGTATTCGTAGCCAAATCAAGAAATATTCGTAGTGAACAAACGCTTATTTGT
GGTACAAGATACGGTAATGTGATGGCTTCAAGAGGATCAGTAATACCTTTGTTTATCGAC
AAAATCAAAGCTGGAGAACCCTTTAACGATTACAGATCCTGATATGACAAGATTTTTAATG
AGCTTAGAAGATGCGGTAGAACTAGTTGTTTCATGCATTTAAGCATGCAGAGACAGGAGAT
ATTATGGTTCAAAGCACCAGCTCAACGGTAGGGGATCTTGCGACCGCATTATTAGAA
TTGTTTGAAGCTGATAATGCAATTGAAATCATTGGTACGCGACATGGAGAGAAAAAAGC
AGAAACATTGTTGACGAGAGAAGAATACGCACAATGTGAAGATATGGGTGATTATTTTA
GAGTGCCCGCAGACTCCAGAGATTTAAATTATAGTAATTATGTTGAACCCGGTAACGAAA
AGATTACGCAATCTTATGAATATAACTCCGATAATACACATATTTTAAACGGTGGAAGAGA
TAAAAGAAAAACTTTTAACTAGAAATATGTTAGAAACGAATTGAATGATTATAAAGCTT
CAATGAGATAG

> **capF**

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: capF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[150629:151738]

Position: 008-contig_256: 18727 ... 19837; Length: 1110 bp

Sequence:

TTGAATATTGTAATTACAGGAGCAAAGGTTTTGTAGGAAAAA ACTTGAAAGCAGATTTA
ACATCAACGACAGATCATCATATTTTCGAAGTACATCGACAAACTAAAGAGGAAGAATT
AGAGTCAGCATTGTTGAAAGCAGACTTTGTCGTGCATTTAGCGGGTGTTAATCGACCTGA
ACATGACAAAGAATTCAGCTTAGGAAACGTGAGTTATTTAGATCATGTACTTGATATATT
AACTAGAAATACGAAAAAGCCAGCGATATTATTATTGTCTTCAATACAAGCAACACAAG
ATAATCCTTATGGTGAGAGTAAGTTGCAAGGGGAACAGCTATTAAGAGAGTATGCCGAA
GAGTATGGCAATACGGTTTATATTTATCGCTGGCCAAATTTATTCGGCAAGTGGTGTAAG
CCGAATTATAACTCAGTGATAGCAACATTTTGTACAAAATTGCACGTAACGAAGAGATT
CAAGTTAATGATCGGAATGTTGAACTAACGCTAAACTACGTGGATGATATCGTCGCTGAA
ATAAAGCGTGCTATTGAAGGAACTCCAACGATTGAAAATGGTGTACCTACAGTACCAAAC
GTATTTAAAGTGACATTGGGAGAAATTGTAGATTTATTATACAAGTTCAAACAGTCACGT
CTCGATCGAACATTGCCGAAATTAGATAACTTGTGTTGAAAAAGATTTGTATAGTACGTAT
TTAAGCTATCTACCTAGTACAGACTTTAGTTATCCCTTACTTATGAATGTGGATGATAGGG
GTTCTTTTACAGAATTTATAAAAACACCGGATCGTGGTCAAGTTTCTGTAAATATTTCTAA
GCCAGGTATTACTAAAGGTAATCACTGGCATCATACTAAAAACGAAAAATTTCTAGTCGT
ATCAGGTAAAGGGGTAATTCGTTTTAGACATGTTAATGATGATGAAATCATTGAGTATTA
CGTTTCTGGCGACAAATTAGAAGTTGTAGACATAACCAGTAGGATACACACATAATATTGA
AAATTTAGGTGACACAGATATGGTAACTATTATGTGGGTGAATGAAATGTTTGATCCAAA
TCAGCCAGATACGTATTTCTTGGAGGTATAG

> **capG**

Function: protein coding sequence; (core genome, variable)
Best match: capG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[151742:152866]
Position: 008-contig_256: 19840 ... 20965; Length: 1125 bp
Sequence:

```
ATGGAAAACTAAAATTAATGACAATAGTTGGTACAAGGCCTGAAATCATTTCGTTTATCA
TCAACGATTAAGCATGTGATCAATATTTAATCAGATATTAGTACACACTGGTCAAAAT
TATGATTATACATTGAATCAAATTTTCTTTGATGATTTGGAATTGAGACAACCGGACCACT
ACTTAGAGGCAGTTGGAAGTAACCTTGGAGAAACGATGGGGAATATTATTGCGAAGACA
TATGACGTTTTATTACGCGAACAACCAGATGCACTTTTAATTCTTGGTGATACAAATAGTT
GTTTAGCAGCAGTATCTGCTAAACGATTAAAGATTCCTGTGTTCCACATGGAAGCGGGTA
ATAGATGCTTTGATCAGAATGTACCTGAAGAAATCAATCGTAAAATTGTTGACCATGTCA
GTGATGTGAATCTACCTTATACGGAACATAGCAGACGTTATTTATTAGATGAAGGCTTCA
ATAAAGCGAATATCTTTGTGACAGGATCACCGATGACAGAAGTGATAGAAGCGCATCGA
GATAAAATTAATCACAGTGACGTTTTAAATAAACTAGGATTAGAACCGCAACAATACATT
TTAGTATCTGCGCATAGAGAAGAGAATATCGATAATGAAAAGAATTTTAAATCATTAATG
AATGCGATAAATGATATTGCCAAAAAGTATAAAATGCCTGTGATTTATTCAACGCATCCA
AGAAGTTGGAAGAAAATTGAAGAAAGTAAATTTGAATTTGATCCATTAGTTAAACAGTTA
AAGCCATTTGGTTTCTTTGATTATAATGCATTGCAAAAAGATGCATTTGTTGTGCTATCAG
ATAGTGAACATTGTCAGAAGAGTCGTCTATTTTGAAGTTCCTGGTGTCTTATTTCGAAC
TTCCACAGAAAGACCGGAAGTACTAGATAAAGGTACGGTTATTGTAGGTGGTATTACCTA
TAACAATCTAATCCAATCCGTTGAACTAGCAAGAGAGATGCAAAAACAATAACGAACCGA
TGATTGATGCTATTGATTATAAAGACACTAACGTTTCGACAAAGGTAGTTAAAATTATTC
AAAGCTATAAAGATATTATCAATCGAAATACTTGGAGGAAATGA
```

> **capH**

Function: protein coding sequence; O-acetyl transferase (genomic island)
Best match: capH5_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[86222:86848:r] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 20967 ... 21594; Length: 627 bp
Sequence:

```
ATGAGGATAGCGATTGAAAAGATAAATTGGTTTGCTGAAAACCAGTCCTCTAAAGAATCG
AATGTTAAGATTTCATCGCTTGGCGTATATTACAAACTCAAATTTGATGGCAATAACTAT
ATAGATAGATGGTGTAAAATCAGGAATTCTCACATTGGTGAATACAGTTATATTGGATTT
GGTAGTGATTTTAATAATGTAGAAGTAGGAAGATATTGTTTCGATATCTTCGGATGTAAAA
ATTGGGTTAGGAAAACATCCTACACACTTTTTTAGCTCATCACCGATTTTTTATTCTAATA
ATAATCCATTTAACATAAAGCAAAAAGTTTATAGACTTTAATGACCAACCAAGCCGTACAA
CAATTA AAAATGATGTGTGGATTGGTGCAAATGTAATTATTATGGATGGTTTAAACAATAA
ATACTGGTGCAGTCATAGCAGCCGGCTCAGTTGTTACTAAAAATGTAGGAGCATATGAGG
TTGTTGGTGGGGTTTCTTGCAAAAAGTGATTAAGAAGCGATTTGACAATAAAACAATTGAAA
AACTTTTGGAAAGCAAGTGGTGGGAGAAAACGCCTGATAAACTAAAAGGATTTTTCGGTT
GAATATTTAAATAAAAAGGATACTTAA
```

> **capI**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein Cap5I (genomic island)
Best match: capI5_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[85108:86217:r] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 21598 ... 22708; Length: 1110 bp
Sequence:

```
ATGAGAATTTTAAATATTGTATCGAGTAATATTGTTCAAGACCCAAGGGTACTTAAACAA
ATGGAAACAATTAAGACGTTACGGATGATTATAAAATTGTTGGAATGAATAATTCACAA
GCTACTAATAAGCGATTGGAAAATTTAGATTGTAATTATCGTTTGTAGGTAGCAAGGTA
GATCCAAAAAATATTCTTTCTAAATTAATTAAGCGTATAAGATTTGCAACAGGTGTTATCC
GAGAAATTAAGCTTATAAACCTGACGTGATTCATGCAAATGATTTGACGATTTATTTAA
TGGTCTATTTAAGCAATTATAAAAAAGCTAATATTGTTTATGATGCGCATGAAATATATG
CGAAAAATGCCTTTATTAATAAAGTTCCACTTATTTCAAAGTTTGTAGAAAGTATAGAAA
AACACATAGTAAAACATCGTGTTAATGCCTTCGTAACAGTAAGTCATGCAGCAAAAAGAA
```

ATTATCAATCTAAAGGATATAAGAAGGAAGCGAATGTTATTACGAATGCACCTATTTTAA
ATGATAGCAGAGAATTTAAAGAAATCGAAAACCTTTAAAGAAATTGTATATCAAGGTCAA
ATTGTAATGGACAGAGGATATGAAGAGTTTATTATTGCTTCATCAGCTTTTAAACAAAAT
GCTCCTTCATTCATAATTCGAGGGTTTGGTCCGCATGAAGAAGTGATAAAAAGAAGTATT
AGTTATAACTCGGAAAATATTAGGTTGGATAAACAGTTGAAGTAAAAGAATTGGTTGAT
AAGTTAGCAGAAAGTAATGTTGGTGTATCTTGACGAAACCTGTATCTATTAATTTTGAAT
ATACAGTATCTAATAAAAATTTTGAATGTATACATGCTGGTTTACCAGTAATTTTATCTCC
TGTCAAAGAGCATATTTATCTCAATGAAAAATATAAATTTGGCATTGTTTTAAAGGAAGT
TACGCCGTTAGAAATTGAAAAGGCGGTTAGAAAATTAAGAGATAATCACGATTTGTTTAA
TCATTTACGTCAAATGCAATTAAGGCGTCTAAAATTTTGAATTGGCAAATAGAAAGTGA
ACGATTAGTAGAATTATATAAATTTTAA

> **capJ**

Function: protein coding sequence; O-antigen polymerase (genomic island)

Best match: capJ5_CC009_21334_AGTW01000044.1[118940:120106:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 22721 ... 23888; Length: 1167 bp

Sequence:

ATGAAATTTTTTGTACTTTGTGCAATTATCAGCATGAACATATTTATAGTAATCTCTACAT
TTACTAAAGAAGTATTAGGGTTCCTATAGAGCCGGTGTATTACTCTACCATGGTTGGTAT
AGCATTAACTACTACGGTGTGTTGCTATTTATAAGATAATTGTCACGCAAGAAATTCGCG
AGGGTTAATATTATTAATTGCTATATGTTTGCTTTATCTAGCTTTTTATTATTTTTCCACCAG
ATAAGGAAGAGAACTAGCTAAAAATAATATTCTATTCTTTTTAACATGGGCAGTTCCAG
CGGCAATTAGTGGTATTTATATTAATATATAACAAGGCTACGGTAGAAAGATTTTTTA
AATTAGTATTTTTCATATTTTCTATTTCAATTTATTTTTGTAATTTAATAACAAAACCTTACA
GGTGAGATACCTAGCTATATCAATTTGGACTTATGAACTATCAAACGCTTCGTACCTTT
CAGCATTTACTGCCGGATTAGGCATTTATTTCAATATGAAAGGTTTCAGTGAAACATAAGT
GGATATATGTTCTATTTACAATAATTGATATCCCTATTGTGTTTATACCAGGAGGGCGTGG
AGGTGCTATTTTATTAATTCTTTACGGCTTATTTGCATTTATACTTATTACGTTTAAAAGAG
GAATACCTATTGCAGTAAAAGCATTATGTATATTTTTGCATTAAGCATATCTAGTGTATT
GATTTACTTTCTTTTTACAAAAGGTTTCGAATACTAGAACATTTTCATATCTACAAGGTGGA
ACACTTAATTTAGAAGGTACTTCTGGAAGAGGACCGATTTATGAAAAGGTATTTACTTT
ATTCAACAAAGTCCGTTATTAGGCTATGGGCCATTTAACTATTATAAACTAATCGGAAAT
ATACCACATAACATCATTATTGAGTTGATTCTATCATTGGCTTATTAGGGTTTTTTATCAT
AATGATTTGCATTTTGCTACTAGTTTATAAAATGATTAGGAAGTATGATCCAAACACTATA
GATTTACTCGTTATGTTTATAGCAATCTATCCAATCACATTATTAATGTTTAGTTCAAATT
ATTTAGTTGTAAGTGAATTTGGTTTGTGTTGTTCTATTTTATTACAAAAGGACGGCGTCA
TCATGGTTAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 23180 ... 23189; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **capK**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein Cap5K (genomic island)

Best match: capK5_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[177534:178739] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 23880 ... 25086; Length: 1206 bp

Sequence:

ATGGTTAAGAAAGTTTTTATTATGGATAGCGTAAAGACAATAAATTGGTACGTTGCTTATA
GCTTTAGGATTACAATTTTAGCTTATCCAATTATTAATCAACGAGTAGGTAATGAAGCGT
TTGGTTCTATTTAACGATTTATACAATAATAACAATCACGAGTGTGTTATTAGGCAATAC
GCTTAACAATATACGATTAATTAATATGAATCTATACAAATCCAATCATTACTACTGGAA

ATTTGTGTCGATACTTTTAATTTCAATTCTGATTGAGAGTATAGCTTTAATTATTGTATTTCT
TTACTTTTTTAATTTGAACACCATCGATATTATCTTTTTAATTCTACTTAATATTTTAATG
TGTTAAAGGATTTATCTGAATGTATTTTTTAGGATGACTTTAAAATATAATCAGATTTTGT
ATATTGCTCTTATTCAATTTTTAGGTTTGCTGATAGGACTATTTCTATATTATTTAATCCAA
AACTGGATTGTTTGTTTTATTACCAGTGAATTGTTTGAACGATATATACATTGGTTAAAT
TACGGGGATTAAGTATAGGCGAGTATCAAAGTGAAGATAATAATGTGGTCAAAGATTAT
GTGATGCTACTGAGTACAAATAGCCTTAATAATTTGAATCTCTACTTAGATAGATTAATCT
TATTACCAATTATAGGTGGAACAGCTGTAAGTATATCATTCTTTCAACATTTATTGGGAA
AATGTTAGCTACATTTCTGTATCCGATTAATAATGTAGTACTTTCATATATTTCTGTAAAT
GAAAGCGACAATATAAAGAAGCAATATTTGAAAATACTATTTGCTATAGCTGCACTA
TGTTTAGTCATGATTATATGTTATCCAATTACATTAATTATTGTCTCTTTACTGTATAACAT
TGATTCAAGTTTATATTCGAAGTTTATTATTTTAGGTAATATAGGTGTTTATTCAATGCA
GTGAGTATTATGATCCAACTTTAAATACAAAACACGCATCAATAACATTACAAGCGAAT
TATATGACGCTTCACACGATTACATTTATATTCATAACTATTTAATGACAATTGCGTTTG
GTCTAAATGGATTCTTTTGGACAACGCTGTTCAGCAACATTATTAAGTATGTGATTTTAA
TATTATAGGTTTAAAGTCTAAATTCATTAATAAAAAGGACGTCGATTAG

> **capL**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide synthesis enzyme (core genome, variable)

Best match: capL_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[81524:82729:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 25086 ... 26292; Length: 1206 bp

Sequence:

ATGAGTGAAGAAAAAGATTTTGATTTTATGTCAGTATTTTATCCGGAATATGTATCTTCTG
CGACGTTACCAACTCAATTGGCGGAAGATTTAATTGCGAATCACATTAATGTCGATGTCA
TGTGTGGATGGCCATATGAATATAGTAATCATAAACAGGTTTCTAAAACCGAGATGCATC
GTGGTATTCGCATTTCGACGTCTCAAGTATTCGAGGTTTAAATAACAAAAGTAAGGTTGGAA
GGATCATCAATTTCTTTAGTTTATTTTCAAATTCGTGATTAATATACCTAAAATGTTGAA
ATATGATCAGATTCTTGTACTCTAATCCACCAATCTTGCCATTAATACCAGACGTTTAA
CACAGACTGCTTAAGAAAAAATATTCTTTTGTGGTGTATGATATAGCACCTGATAATGCG
ATTAAGACAGGTGCAACTCGTCCAGGTAGCATGATTGATAAGCTGATGCGTTACATTAAT
AGACATGTCTACAAGAATGCTGAAAATGTCATTGTCTTGGTACGGAAATGAAAACTAC
TTACTAAATCATCAAATTTCTAAAATGCTGACAATATCCATGTGATTCCCTAACTGGTATG
ACATGCGTCAATTACAAGACAATCGTATCTATAATGACACATTTAAAGCTTACCGTGAGC
AATACGACAAAATTTTATTGTATAGCGGTAATATGGGGCAGTTACAGGATATGGAGACAC
TTATCTCATTTTTAAAATTAATAAAGGATCAGCCTCAAACGTTAACAATACTTTGTGGTCA
TGGTAAGAAATTTGCAGATGTCAAACGGCAATAGAAGACCATCGTATTGAAAATGTTA
AAATGTTTGAGTTTTTAAACAGGTACAGACTATGCTGACGTATTAATAAATTGCGGATGTAT
GTATTGCATCGCTGATTAAGAAGGCGTTCGTTTAGGCGTGCCGAGCAAGAATTATGGCT
ACCTTGACGCTAAGAAACCGTTGGTACTCATCATGGATAAGCAATCTGATATCGTTCAAC
ATGTTGAACAATATGATGCGGGTATCCAAATTGATAATGGCGATGCACATGCCATTTATA
ACTTCATCAACACTCACTCGAGTAAGGAATTGCACGAGATGGGTGAGCGCGCACATCAAC
TGTTTAAAGATAAATATACGAGAGAAATTAATACTATGAAGTATTACAATCTGTTGAAGT
GA

> **capM**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide synthesis enzyme (core genome, variable)

Best match: capM_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[179956:180513] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 26302 ... 26860; Length: 558 bp

Sequence:

ATGAAGCGATTATTCGATGTAGTGAGTTCAATATATGGTTTAGTAGTTTTAAGTCCGATTC
TGTTAATTACAGCATTACTAATTAATAATGGAATCACCTGGACCAGCCATTTTCAAACAAA
AAAGACCGACGATTAATAATGAATTGTTTAAATTTTATAAGTTTAGATCAATGAAAATAG
ACACACCTAATGTTGCAACTGATTTAATGGATTCAACATCGTATATAACAAAGACAGGGA
AGGTCATTCGTAAGACCTCTATTGATGAATTGCCACAATTATTGAATGTTTTAAAAGGAG
AAATGTCAATTGTAGGTCCTAGACCAGCGCTTTATAATCAATACGAATTAATCGAAAAAC

GTACAAAAGCGAACGTGCATACGATTAGACCAGGTGTGACAGGACTAGCTCAAGTGATG
GGGAGAGATGATATTACTGATGATCAAAAAGTAGCGTATGATCATTATTACTTAACACAT
CAATCTATGATGCTTGATATGTATATCATATATAAAAACAATTA AAAATATCGTTACTTCAG
AAGGTGTGCATCACTAA

> **capN**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide synthesis enzyme (core genome, variable)

Best match: capN_CC001_MSSA476_BX571857.1[157643:158530]

Position: 008-contig_256: 27717 ... 27747; Length: 30 bp

Sequence:

GATGAAACGACAACCAAAGATAAGGCATAA

> **capO**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide synthesis enzyme (core genome, constant)

Best match: capO_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[78753:80015:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 27800 ... 29063; Length: 1263 bp

Sequence:

ATGAAGTTAACAGTAGTTGGCTTAGGTTATATTGGTTTACCAACATCAATTATGTTTGCAA
AACATGGCGTCGATGTGCTTGGTGTGATATTAATCAGCAAACGATTGATAAGTTACAAA
GTGGTCAAATTAGTATTGAAGAACCTGGATTACAAGAGGTTTATGAAGAGGTACTGTCAT
CGGGAAAATTGAAGGTATCTACAACGCCAGAAGCATCTGATGTTTTTATCATTGCCGTT
CGACGCCGAATAATGATGATCAGTACCGGTCATGTGACATTTTCGCTAGTTATGCGTGCAT
TAGATAGTATTTTATCATTTTTAGAAAAAGGAAATACTATTATTGTAGAGTCGACAATTGC
GCCTAAAACGATGGATGATTTTGTAAAACCAGTCATCGAAAATTTAGGATTTACAATAGG
TGAAGATATTTATTTAGTGCATTGTCCAGAACGTGTACTGCCAGGAAAAATTTAGAAGA
ATTAGTTCATAACAATCGTATCATTGGCGGTGTGACTAAAGCTTGTATTGAAGCGGGTAA
ATGTGTCTATCGCACATTCGTTTCAGGGAGAAATGATTGAAACAGATGCACGTACTGCTGA
AATGAGTAAGCTAATGGA AAAACACATATAGAGACGTGAACATTGCTTTAGCTAATGAATT
AACAAAAATTTGCAACA ACTTAAATATTAATGTATTAGATGTGATTGAAATGGCAAACAA
ACATCCGCGTGTTAATATCCATCAACCTGGTCCAGGTGTAGGCGGTCATTGTTTAGCTGTT
GATCCGTA CTTTATTATTGCTAAAGACCCTGAAAATGCAAAGTTAATTCAA ACTGGACGT
GAAATTAATAATTCAATGCCGGCCTATGTTGTTGATACAACGAAGCAAATCATCAAAGCG
TTGAGCGGGAATAAAGTCACAGTCTTTGGTTTAACTTATAAAGGTGATGTTGATGATATA
AGAGAATCGCCAGCATTTGATATTTATGAGCTATTA AATCAAGAACCAGACATAGAAGTA
TGTGCTTATGATCCACATGTTGAATTAGATTTTGTGGAACATGATATGTCACATGCTGTCA
AAGACGCATCGCTAGTATTGATTTTAAAGTGACCACTCAGAATTTAAAAATTTATCGGACA
GTCATTTTGATAAAATGAAGCATAAAGTGATTTTGTGATACAAAAAATGTTGTGAAATCAT
CATTGGAAGATGTATCGTATTATAATTATGGCAATATATTTAATTTTATCGACAAATAA

> **capP**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide synthesis enzyme (core genome, constant)

Best match: capP_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[77531:78706:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 29109 ... 30285; Length: 1176 bp

Sequence:

ATGTGTTTGAAC TTCAGAGAGGATAATGTTATGAAAAAATTATGGTTATTTTCGGTACG
AGACCCGAAGCAATAAAAAATGGCACCATTAGTAAAAGAAATTGATCATAATGGGAACTT
TGAAGCGAACATTGTGATTACAGCACAACATAGAGATATGTTAGATAGTGTGTTAAGTAT
ATTTGATATTCAAGCTGATCATGATTTAAATATTATGCAAGATCAACAAACGTTAGCGGG
CCTTACGGCGAATGCGCTTGCTAAACTTGATAGCATCATTAAATGAGGAACAACCGGATAT
GATTTTAGTACATGGTGATACTACAACGACTTTTGTAGGAAGTTTGGCAGCATTTTATCAT
CAAATTCGGTTCGGACATGTAGAAGCTGGACTTCGAACACATCAGAAATACTCACCATT
CCTGAAGAGTTAAATCGAGTCATGGTAAGTAATATTGCTGAATTGAATTTTGCGCCAACA
GTAATTGCAGCTAAAAATTTACTTTTTGAAAACAAAGACAAAGAGCGTATCTTTATTACT
GGAAATACAGTTATTGACGCATTGTCAACAACAGTTCAA AATGATTTTGTTC AACGATT
ATTAATAAACATAAAGGCAAGAAAGTATTTTACTAACAGCGCATCGTCTGAAAATATT

GGGGAACCGATGCATCAGATTTTTAAAGCAGTAAGAGATTTGGCAGATGAATATAAAGA
TGTTGTCTTCATTTATCCAATGCATCGTAATCCAAAGGTAAGAGCGATTGCCGAAAAATA
TTTATCTGGGAGAAATCGGATTGAATTAATTGAGCCATTAGATGCGATTGAGTCCATAA
TTTTACAAATCAATCGTACCTCGTGCTGACAGATTCTGGTGGTATTCAAGAGGAGGCTCCT
ACATTTGGAAAACCTGTGTTGGTATTAAGGAATCATAACAGAGCGTCCCGAAGGCGTTGAG
GCGGGAACATCGAGAGTAATTGGCACAGATTATGACAATATTGTTTCGAAATGTGAAACA
ATTGATTGAGGATGATGAAGCGTATCAACGTATGAGTCAAGCGAATAATCCATATGGTGA
TGGACAAGCATCACGACGATTTTGTGAAGCAATAGAATATTATTTTGGATTGCGCACAGA
CAAGCCGGATGAATTCGTACCTTTACGTCACAAATAA

> **isdI**

Function: protein coding sequence; heme-degrading monooxygenase (core genome, variable)
Best match: *isdI_CC008_NCTC8325_CP000253.1*[136125:136451:r]RC (completely identical)
Position: 008-contig_256: 30349 ... 30676; Length: 327 bp

Sequence:

TTATTTTTGATAGTGGTAGCCAATATCATATTTGAATACTTTATTTGATAAATATTGGACTTT
GCTGTCCATCGTCATCACTTTTTAAACGTACATTTTTATGAGCTTCTTTAAATACATCGGA
ATTCAACCAATTATTAAGCTATCTTCAGATTCCCAAATAGTTAAGATTTTAACTTCGTCT
GTATCCTCGGTATTTAATGTTTTAGTGACAAACATTTGTTGGAAGCCTTCAATAGTTTCAA
TACCTTGTCTATTGTAAAACGTTCAATCGTTTCTTCCGCACTGCCTTTTTGTAATTGTAAT
CTATTTTCTGCCATAAACAT

> **aldA1**

Function: protein coding sequence; aldehyde dehydrogenase/locus 1 (core genome, constant)
Best match: *aldA1_CC001_MSSA476_BX571857.1*[162276:163763]
Position: 008-contig_256: 31492 ... 32980; Length: 1488 bp

Sequence:

ATGGCAGTAAACGTTTCGAGATTATATAGCAGAGAATTATGGTTTATTTATCAATGGGGAA
TTTGTTAAAGGTAGCAGTGACGAAACAATCGAAGTGACTAATCCAGCAACTGGAGAAAC
ACTATCACATATTACAAGAGCAAAAGATAAAGATGTCGATCATGCAGTCAAAGTGGCGC
AAGAGGCATTTGAATCATGGTCATTAACCTTCTAAATCAGAACGTGCACAAATGTTGCGTG
ATATTGGTGATAAATTAATGGCACAAAAGATAAAAATTGCAATGATTGAAACATTAATA
ATGGTAAACCGATTCGTGAGACAACAGCAATTGATATTCCATTTGCTGCAAGACATTTCC
ATTATTTGCAAGTGTTATTGAAACAGAAGAAGGTACAGTAAATGATATCGATAAAGACA
CAATGAGTATCGTACGACATGAGCCGATTGGCGTTCGTAGGTGCTGTTGTTGCTTGGAACT
TCCAATGCTATTAGCTGCATGGAAGATTGCGCCAGCCATTGCTGCAGGTAATACAATTG
TGATTCAACCTTCGTCTTCAACACCATTAAGTTTATTGGAAGTTGCTAAAATTTCCAAGA
GGTATTACCTAAAGGTGTTGTCAATATACTAACGGGTAAAGGTTTCAGAATCAGGTAATGC
AATTTTCAATCATGATGGTGTAGATAAATTATCATTTACGGGCTCAACTGATGTAGGTTAT
CAAGTTGCCGAAGCTGCAGCAAAACATCTAGTACCCGCTACATTAGAGCTTGGTGGTAAA
AGCGCCAATATCATATTAGATGATGCTAATTTAGACCTTGCAGTTGAAGGTATTCAGTTA
GGTATTTTATTCAACCAAGGTGAAGTATGTAGTGCAGGTTCTCGATTATTAGTTCATGAAA
AAATTTATGATCAATTGGTGCCACGTTTACAAGAGGCATTTTCAAATATTAAGTTGGAG
ATCCACAAGATGAAGCTACACAAATGGGTAGTCAAACCTGGTAAGGATCAATTAGATAAA
ATTCAATCATATATTGATGCAGCAAAAGAATCAGATGCACAAATTTAGCAGGCGGTCAT
CGCTTAACTGAAAATGGATTAGATAAAGGGTCTTCTTTGAGCCGACATTAATTGCTGTG
CCAGACAATCATCACAAATTAGCACAGAAGAATATTTGGACCAGTGTTAACAGTTATT
AAAGTGAAGGACGATAAAGAAGCAATTGATATAGCTAATGATTCTGAGTATGGTTTAC
AGGCGGTGATTTTCTCAAATATCACACGTGCATTAATATTGCTAAAGCTGTACGTAC
AGGACGTATTTGGATTAACACTTACAACCAAGTACCAGAAGGCGCACCATTTGGTGGTTA
TAAAAAATCAGGTATCGGTGAGAACTTATAAAGGTGCGTTAAGTAACTATCAACAAGT
TAAAAATATTTATATTGATACAAGCAATGCTTTAAAAGGTTTGTACTAG

> **tauB**

Function: protein coding sequence; taurine ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: tauB_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[71192:71932:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 35883 ... 36624; Length: 741 bp

Sequence:

```
ATGATTA AAAATTCAACAATTACAACATCACTTTGGATCACATAAAGTAATTCATAACTTT
AATTTGGACATTAGCAAGGGAGAAATAGTCACTTTCATAGGGAAAAGTGGTTGCGGAAA
GTCTACTTTACTCAATATTATCGGTGGATTTATTCATCCATCGTCTGGTCTGTCATTATTG
ATAACGAAATTAACAACAGCCATCTCCAGATTGTTTAATGTTATTTCAACATCATAAATT
GCTGCCATGGAAAACGATTAATGACAACATTAGGATTGGATTTCAACAGAAAATTAGTGA
TGAAGAGATTAACGCACAGCTTAAATTAGTTGATTTAGAAGACAGGGGAAAGCATTTTCC
CGAGCAACTGTCCGGGGGTATGAAACAACGTGTGGCACTATGTGCGAGCGCATGTGCATA
AGCCTAACGTTATATTGATGGATGAGCCATTAGGTGCATTAGATGCATTTACACGTTATA
AACTTCAGGATCAACTAGTGCAACTAAAACATAAAAACGCAATCAACTATTATTTTAGTGA
CGCATGACATTGATGAAGCTATTTATCTTTCTGACCGCATTGTTCTGTTAGGTGAAGGGTG
CAATATTATTTCTCAATATGAAATTACAGCATCACATCCACGCAGTCGTAATGATAGCCA
CCTACTTAAGATTCGTAATGAAATTATGGAAACATTTGCATTGAATCATCATCAAGTTGA
ACCTGAATATTATTTATAA
```

> tauA

Function: protein coding sequence; taurine ABC transporter/substrate-binding protein (core genome, variable)

Best match: tauA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[168952:169926] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 36637 ... 37612; Length: 975 bp

Sequence:

```
ATGAAAAGGTTAAGCATAATCGTCATCATTGGAATCTTTATAATTACAGGATGTGATTGG
CAAAGGACGTCTAAAGAACCGTCTAAAAATGCCCAAATCAGCAAGTGATTA AAAATTGG
ATATTTGCCGATTACACATTCAGCTAATTTGATGATGACTAAAAAATTATTATCACAAATAC
AATCATCCGAAATATAAACTAGAATTAGTTAAATTC AATAATTGGCCAGATTTAATGGAC
GCATTAAACAGTGGTTCGTATTGATGGTGCATCAACTTTAATAGAGCTAGCGATGAAATCA
AAACAGAAGGGCTCAAATATAAAGGCTGTGGCATTGGGCCATCATGAAGGCAATGTCAT
TATGGGACAAAAGGTATGCACTTAAATGAATTTAATAATAATGGCGATGATTACCATTT
TGGTATACCACATCGTTATTCAACACATTATCTTTTACTTGAGGAATTACGTAAACAATTA
AAGATTA AACCGGGGCATTTTAGCTATCATGAAATGTGCGCCAGCAGAAATGCCAGCCGCA
TTGAGTGAACACAGAATTACAGGGTATTCTGTAGCCGAACCATTCCGGTGCCTGGGTGAA
AAGTTAGGCAAAGGTAAGACTTTGAAACATGGTGTGACGTTATACCTGATGCGTATTGC
TGTGTGCTAGTACTGAGAGGGGAATTGCTTGATCAACACAAGGATGTAGCGCAAGCATT
GTACAAGATTATAAAAAGTCTGGCTTTAAAATGAATGATCGCAAGCAAAGTGTAGACATT
ATGACGCATCATTTTAAACAAAGTCGTGACGTTTTTAACACAGTCAGCGGCATGGACATCC
TATGGTGATTTAACAATTAAGCCATCCGGCTATCAAGAAATTACGACATTGGTAAAACAA
CATCATTTGTTTAATCCACCTGCATATGATGACTTTGTTGAACCGTCATTGTATAAGGAGG
CATCGCGTTCATGA
```

> DUF2294

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: DUF2294_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[171945:172304] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 39631 ... 39991; Length: 360 bp

Sequence:

```
GTGAATACTATAGATACGCATACTAAAGAACAACAATTCTCGAATCTAGTAAGATCTTAT
CGTAAAGAATACGTGGGTAAAGGACCCAATAGTATTCGAGTGTGCTTTAAAGATAATTGG
GCGATTGCACATATGACAGGTGTTTTGAGTAAAGTTGAGAGTTTTTACCTAAACGACAAA
CGCAATGAATCGATGCTCCATTATACACGCACAGAGAAGATTAAACAGATGTATAAAGA
AATAGATGTAAATGAGATGGAAAGTCTTGTAGGCGCTAAGTTTGTAAAATTATTTACAGA
TATTGATTTGAATGATGATGAAGTCATTTCAATATTTGTTTTTCGATAAGTCAATAGAATAA
```

> **fdh**

Function: protein coding sequence; NAD-dependent formate dehydrogenase (genomic island)
Best match: fdh_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[66627:67652:r] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 40163 ... 41189; Length: 1026 bp

Sequence:

```
ATGAAAATCGTAGCGTTATTTCCAGAAGCAGTAGAAGGTCAAGAAAATCAATTACTTAAT
ACTAAAAAAGCATTAGGATTAACAAACATTTTTAGAGGAAAGAGGACATGAGTTCATTAT
ATTAGCAGATAATGGTGAAGACTTAGATAAACATTTACCAGATATGGATGTGATTATTAG
TGCGCCATTTTATCCTGCATATATGACTCGTGAACGTATTGAAAAAGCACCGAACTTGAA
ATTAGCAATTACAGCAGGTGTAGGATCTGACCATGTAGATTTAGCGGCAGCAAGTGAACA
CAATATTGGTGTCTGTTGAAGTTACAGGAAGTAATACAGTTAGTGTGGCAGAACATGCGGT
TATGGATTTATTAATACTTCTTAGAAACTATGAAGAAGGTCATCGTCAATCAGTAGAAGG
TGAATGGAACCTGTCTCAAGTAGGTAATCATGCGCATGAATTACAACACAAAACAATTGG
TATTTTTGGATTTGGTTCGAATTGGACAACCTTGTGCTGAAAGATTAGCGCCATTTAATGTA
ACATTACAACACTATGATCCAATCAATCAACAAGACCATAAATTGTCTGAATTTGTAAGC
TTTGATGAACTTGTTCACAACAAGTGATGCGATTACAATTCATGCACCATTAACACCAGAA
ACTGATAACTTATTTGATAAAGATGTTTTAAGTCGTATGAAAAAACACAGTTATTTAGTG
AATACTGCACGTGGTAAAATTGTAAATCGCGATGCGTTAGTTGAAGCGTTAGCATCCGAG
CATTTACAAGGATATGCTGGTGTGTTGGTATCCACAACCTGCACCTGCTGATCATCCAT
GGAGAACAATGCCTAGAAATGCTATGACGGTTCCTACTATTCAGGTATGACTTTAGAAGCAC
AAAAACGTATTGAAGATGGAGTTAAAGATATTTTAGAGCGTTTCTTCAATCATGAACCTT
TCCAAGATAAAGATATTATTGTTGCAAGTGGTCGTATTGCTAGTAAAAGTTATACAGCTA
AATAG
```

> **lmrP**

Function: protein coding sequence; integral membrane transport protein (core genome, variable)
Best match: lmrP_CC008_NCTC8325_CP000253.1[147348:148598] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 41574 ... 42825; Length: 1251 bp

Sequence:

```
ATGAAACGCTTAAGTACGACTTTGAAAGTACGATTGATTAGCAATTTTTTACAGCTAATT
ATTACGACAGCATTATACCGTTTATAGCACTATATTTAACAGATATGTTAAGTCAATCAA
TTGTCGGTATATATCTTGTGGTTTGTGGTTCTAAAATTTCCATTGTCCATTATATCTGGT
TACCTTATTGAGATATTTCCGAAAAAGTTGCTAGTACTTATTTATCAAGCGACGATGGTGA
TAATGCTTGTGTTTCATGGGCGTATTTGGGTACATCAATTGTGGCAAATTATTGGTTTTTG
TGTTGCATATGCCATATTTACAATCGTTTGGGGATTACAATTTCCAGTTATGGACACATTA
ATTATGGATGCAATTACCGAAGACGTGGAACATTATATTTACAAGATTAGCTATTGGATG
ACAACTTATCGGTAGCTATTGGGGCATTGTTAGGTGGCTTGATGTATGGCTACAGTATG
TTACTACTTTTCTTAATAGCAGCTTGTATATTTTTAATTGTACTCTTATTTTATATATTTGG
TTACCTCAAGACCGAAATCAAGTAAAGCAAAGTGATGACAAGAGGCATGCAAGTCGTTA
TCAAAAATTACAAATAATGAATATATTTTCGCAGTTATAAATTAGTTTTGAAAGACCGTAA
TTATATGTTATTGATTTCTGGGGTTCAGTATCATCATGATGGGTGAATTTCAATCTCCTCA
TATATTGCTATTAGACTAAAGGATCAGTTTGAACAATAAGTATAGGTTTCATATGATATT
ACAGGTGCTAAGATGTTAGCAATCTTGCTAATGATTAATACGGTTCGTCGTCATTTTACTCA
CGTATTCAATCTCGAAAGTTGTATTGAAAATAGATTTTAAAAAAGCTTTAATCACTGGTTT
GCTGATTTATATTGTTGGCTATAGTGGTCTAACCTATCTTAATCAGTTTGGCTTATTAGTTG
TTTTTATGATAAATTGCGACTGTAGGTGAAATTATTTATTCGCCTATAGTTTCAGAACACCG
CTTTAAAATTATTCCTAAAGCTAAAAGAGGAACATATAGTGCAGTTAATGCATTAGGTAT
TCATTTTTTCAGAAACACTAGCTAGGTTAGGGATTGTGTTGGGTGTTTTCTTAACGTCATTA
CAAATGGGACTGTATATGTTTATCGTTTTAACAATTGGTGCTAGCATGCTTGTGCTGGTG
TATTTGGGGGACAAAAACAAGTGAATACAAATTGA
```

> **ausA**

Function: protein coding sequence; non-ribosomal peptide synthetase (core genome, variable)
Best match: ausA_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[57369:64544:r] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 43271 ... 50447; Length: 7176 bp

Sequence:

ATGATTATGGGTAATTTGAGATTTCAACAGGAATATTTTCGTATATACAAAAATAATACA
GAATCAACGACACACCGTAATGCGTATTGGGTTAAACTCGCTAAAAATGTTGAAGCTACT
AAAATGATGTATGCATTATCGACAATTGTGCAACAACATGCATCTATAAGACATTTTTTTG
ATGTTACTACCGATGACAATTTAACAATGATACTTCATGAATTTCTGCCTTTTATTGAGAT
AAAACAAGTTCCATCTTCTTCCGCAAACATGATTTAGAAGCTTTTTTTAAGCAAGAATTA
AGTACTTACCATTTTAATGATTCACCTTTATTCAAAGTTAAATTGTTTCAGTTCGCTGATG
CTGCATATATACTATTAGATTTTCATGTGTCCATTTTCGATGATAGTCAAATTGATATTTTT
CTTGATGATTTATGCAATGCATATCGTGGCAATACTGTTATTAACAATACTCGACAGCATG
CACATATAAATAGAAATGATGATAAAGACAATCAAGATGCATCGCATATAGCATTAGAC
TCAAACATTTTCGGTTAGAGAATAACTCTGACATCCATATTGATAGTTATTTTCCAATTA
AGCATCCATTTGAACAAGCTTTATATCAAACGTATTTGATTGATGATATGACATCAATAG
ATATGGCATCGTTGGCTGTTAGTGTGTATTTAGCTAATCATATAATGAGTCAACAACATG
ATGTCACATTAGGTATACATGTACCATCACATTTACCAAATGATTTACACGGAAATATTGT
GCCGTTAACGTTAAACAATCGATGCAAAAGATGTATGTCAACGTTTTACAACAGATTTTAA
TAAATGTGTGTTGCAAAATATGTCGCAATTACAGTGCGCGAAGTCTTCGCTTTCCTAGTA
GACTATTTTTCATTGTTATCATCATATGATGTCTTGTTGTAATGATGTTATTGAGGATGTAC
ATCAAATACATGATGCACATACATCTTTAGCGGATATTGAAATTTTTCCACATCAACACG
GGTTCAAATATATATAACAGTGCAGCATATGATTTGCTCTCAATCGAGACGCTGAGTG
ACTTAGTTCGAAATATTTATTTGCAAATTACTGAAGAAAATGGAAATAAACGAACAACCTG
TAGATGAACTTAATTTGATGACAGAACGTGATATTCAATTATATGACGATATCAATTTAA
GTTTGCCTGAGATAGATGATGCGCAAACAGTTGTTACCTTATTTGAGCAACAAGTTGAAG
CAACGCCGAATCATGTCGCTGTGCAATTTGACGGAGTGTTTATAACATATCAAACATTGA
ATGCACGCGCGAATGATTTAGCACACCGTTTGAGAAACCAGTATGGTGTTGAACCTAATG
ATCGTGTGCTGTATAGCTGAAAAAAGTATTGAGATGATAATAGCGATGATAGGTGTGT
TGAAAGCTGGTGGGGCTTACGTGCCAATTGATCCGAACTATCCAAGTATCGTCAGGAGT
ACATTTTAAAAGATGCAACGCCTAAAGTTGTAATAACGTACCAAGCTTTATATGAAAATG
GTAAACAAAATATTAATCACATTGATTTGAATAAGATAGCGTGGAAAAATATTGATAATC
TTTCTAAATGTAACACGTTAGAAGATCATGCTTATGTTATTTACACGTCGGGGACAACCTG
GTAACCCTAAAGGGACATTAATTCGCACCGAGGTATTGTTTCGCTTGGTCCATCAAATC
ATTATGTACCATTAATGAAGAGACGACGATTTTGTATCAGGAACTATAGCCTTTGATG
CTGCAACATTTGAAATATATGGTGCATTGCTCAATGGTGGAAAGTTGATTGTTGCTAAAA
AAGAACAATTATTAATCCAATAGCGTTAGAACAATTAATCAATGAAAATGACGTTAATA
CTATGTGGTTAACCTCCTCATTATTTAATCAGATTGCTAGTGAACGAATAGAAGTATTGGT
ACCGTTAAAGTATTTATTAATTGGTGGAGAAGTATTGAATGCTAAGTGGGTGGATTTGCT
TAATCAAAAACCGAAGCATCCTCAAATTATTAATGGTTATGGACCAACTGAAAATACAAC
ATTTACAACGACTTATAATATACCTAACAAAGTTCCAAATTGTATTCCATTGGTAAACCG
ATTCTTGGTACTCATGTTTATATCATGCAAGGCGAGCGTCGATGTGGCGTTGGTATTCCCTG
GAGAATTATGTACAAGTGGCTTTGGGTTAGCTGCAGGTTATTTAAATCAGCCAGAATTGA
CAGCAGATAAATTTATCAAAGATTCAAATATAAATCAGCTGATGTATAGAAGTGGTGATA
TCGTTTCGTTTGTACCCGATGGCAACATAGATTATTTATATCGAAAGGACAAACAAGTTA
AGATTCGAGGGTTTAGGATTGAGTTGTCAGAGGTTGAGCATGCGCTCGAGCGTATACAAG
GTATTAATAAAGCAGTTGTTATTGTTCAAAATCATGATCAAGATCAGTATATCGTTGCTTA
TTATGAAGCGATGCATACATTATCACATAATAAGATTAATCACAATTACGTATGACCTT
ACCGGAGTACATGATACCAGTTAATTTTCATGCATATTGAGCAAATTCCTATTACTATTAAT
GGGAAATTAGATAAGAAGGCATTGCCTATCATGGACTATGTCGATACGGATGCCTATGTA
GCACCGAGTACAGATACCGAACACTTGCTATGCCAAATTTTTGCAGATATTTTACATGTG
AATCAAGTAGGTATTCATGATAATTTCTTTGAATTAGGTGGCCATTCATTAAGCAACG
TTAGTGGTGAATCGGATAGAGGCATCTACTGGGAAACGATTACAAATTTGGTGATTTATTA
CAAAAGCCAACTGTATTTGAACTAGCACAAGCGATTGCTAAGGTTCAAGAACAAAACCTAT
GAAGTGATTCCAGAACTATAGTTAAAGATGATTATGTGCTGAGCTCTGCACAAAAGCGT
ATGTATTTATTATGGAAATCAAACCATAAAGATACGGTGTATAACGTACCTTTTTTATGGC
GGTTATCATCAGAACTTAATGTAGCTCAATTGCGACAAGCAGTGCAGCGTTTGATAGCGC
GACATGAGATTTTACGAACACAATATAATTGTTGTAGATGATGAGGTTTCGACAACGTATTG
TGGCAGATGTTGCAGTTGACTTTGAAGAAGTTAACACGCATTTTACGGATGAACAAGAAA
TCATGCGCCAATTTGTAGCACCTTTTAATTTGGAAAAGCCAAGTCAAATTAGAGTGAGAT

ACATTAGAAGTCCCTTACATGCATACCTCTTTATAGATACACATCATATCATTAAATGACGG
TATGAGTAATATAACAATTAATGAATGATCTTAACGCACTTTATCAACATAAATTATTGTTA
CCACTTAAATTGCAATATAAAGACTATAGTGAGTGGATGTCGCATCGTGATATGACGAAA
CATAGACAATATTGGTTATCTCAATTCAAAGATGAAGTACCTATTTTAAGCTTACCGACA
GACTATGTTAGACCAAATATTA AAAACGACAAATGGAGCAATGATGTCATTTACAATGAAT
CAACAAATGAGACAGCTACTTCAAAGTATGTAGAAAAGCATCAAATTA CTGATTTTATG
TTCTTTATGAGTGTGGTCATGACGTTGTTAAGCAGATATGCTCGAAAAGATGATGTTGTTG
TCGGTAGTGTGATGAGTGCGCGTATGCATAAAGGCACGGAGCAAATGCTAGGCATGTTTG
CTAATACGTTGGTATATAGAGGGCAACCGTCACCTGATAAAAATGTGGACACAGTTTTTAC
AAGAGGTTAAGGAAATGAGTTTGGGTGCATACGAGCATCAAGAATACCCATT CGAATGTT
TAGTAAATGACTTAGATCAATCACATGATGCCTCACGGAATCCATTATTTGATGTCATGTT
AGTACTACAAAACAATGAAACGAATCATGCTCATTTTGGGCATAGTAAATTAACACACAT
TCAACCCAAATCAGTGACGGCGAAATTTGATTTATCTTTCATCATTGAAGAAGATCGCGA
TGACTATACAATCAATATCGAGTATAATACCGATTTATATCACTCAGAAAACAGTTCGTC
CATGGGTAATCAATGTATGATTATGATTGATTATTTTTGAAGCATCAAGATACACTACA
AATTTGTGATATACCAAACGGTACGGAGGAACTTCTAAATGGGTCAATACGCATGTTAA
CGATCGAATGCTTAATGTCCCGGAAATAAATCTATCATAAGTTACTTTAATGAAGCTGT
CTCACGACAAGGTAATCATGTTGCGCTAGTCATGAATGATTTGACAATGACGTATGAAAC
ATTACGCAACTATGTGGATGCCATTGCGCACATGCTCCTATCAAATGGTGTGGGCAATGG
TCAACGGGTTGCCTTGTTTACAGAACGTAGTTTTGAAATGATTGCGGCGATGTTGGCGAC
AGTTAAAGTAGGTGCATCTTATATACCTATCGATATTGATTTTCCGAATAAACGACAAGG
TGCAATTTTGGAGGATGCTAAAGTAACTGCAGTCATGTCTTACGGCGTTGAAATTGAAAC
GACATTACCAGTCATTCAATTGAAAATGCTAAAGGCTTTGTTGAATCAAAGGAAAATGA
ACAATATGATGATTTACATGGCAATCAACTTGAAAACACAGCGATGTTAGATAATGAGAT
GTATGCTATTTACACATCTGGTACGACCGGGATGCCTAAAGGGGTTGCCATACGACAACG
AAATTTGTTGAATTTAGTGCATGCATGGTCAACTGAATTGCAATTAGGCGACAATGAAGT
ATTTTTGCAACATGCAAATATTGTTTTTGATGCATCAGTTATGGAGATTTATTGTTGTTTGT
TAAATGGTCATACGCTTGTGATTCCAGATAGAGAGGAACGTGTTAATCCAGAACAGTTAC
AACAAC TCATTAATAAGCATCGTGTGACGGTTGCGTCGATTCCGTTACAGATGTGTAGTG
TTATGGAAGACTTTTATATTGAAAAGTTGATTACAGGCGGGGCAACTAGTACGGCATCCT
TTGTTAAATATATTGAGAAGCATTGTGGCACGTATTTCAATGCCTATGGACCATCTGAGTC
AACAGTCATCACATCGTATTGGTCACATCATTGTGGTGATTTGATACCTGAGACGATTCCA
ATTGGCAAACCCTTATCTAACATCCAAGTGTATATTATGTCAGATGGTTTGTATGCGGTA
TTGGTATGCCAGGCGAGTTGTGTATTGCAGGTGATAGTTTAGCGATAGGATATATTAATC
GTCCAGAATTAATGGCTGATAAATGGCAAATAATCCATTTGGTAAAGGAAAGTTGTATC
ATAGTGGTGATTTAGCACGTTATACATCTGATGGTCAAATTTGAATTTTTAGGAAGAATAG
ATAACAAGTGAAAGTTAACGGGTACCGTATTGAACTTGATGAAATTGAAAATGCAATAT
TAGCTATTCGTGGTATATCTGATTGTGTTGTAACAGTAAGTCACTTTGATACGCATGATAT
ATTGAATGCTTATTATGTTGGAGAGCAACAAGTGGAGCAGGATTTGAAGCAATATTTAAA
TGATCAGCTGCCTAAGTATATGATTCCTAAGACTATAACGCATATCGATTGTATGCCATTA
ACCACGAATGACAAGGTGGATACTACGCGTTTGCCAAATCCATCACCTATAACAACAGTCT
AATAAAGTGTATAGCGAACCCCTCTAATGAAATTGAGCAGACATTTGTTGATGTATTTGGA
GAGGTATTGAAACAAAATGATGTCGGTGTGACGATGATTTCTTTGAACTTGGTGGTAAC
TCATTAGAGGCGATGTTAGTTGTCTCGCATTTAAAACGATTTGGCCATCATATTTCAATGC
AGACATTATACCAATATAAAACCGTGCGACAGATTGTTAATTATATGTACCAAATCAAC
AATCATTAGTTGCATTACCGGATAATCTTTCGGAATTACAAAAGATTGTTATGTCTCGTTA
TAAC TTGGGTATTTTTAGAGGATAGTCTAAGTCATCGACCTCTAGGAAATACACTATTGAC
TGGCGCGACAGTTTTTTTAGGTGCTTATCTGATTGAAGCACTACAAGGATACAGTCATCG
CATTATTTGTTTCATACGTGCTGATAATGAGGAAATAGCATGGTATAAGTTGATGACGAA
TTTTAAATGATTATTTTTCAGAAGAGACGGTTGAAATGATGTTATCAAACATTGAAGTCATT
GTTGGTGATTTTCGAGTGTATGGATGATGTTGTTTTACCAGAAAACATGGATACGATTATTC
ATGCAGGTGCTCGTACAGATCACTTTGGTGATGATGATGAATTTGAAAAAGTAAATGTTT
AAGGTACTGTTGATGTCATACGTTTGGCACAACAACATCATGCAAGGTTAATATATGTGT
CTACGATAAGTGTGGGAACTTATTTTGATATAGACACAGAAGATGTGACATTTTCAGAAG
CGGATGTCTATAAAGGGCAACTACTAACATCACCATATACACGGAGCAAATTTTATAGTG
AATTA AAAGTATTAGAAGCTGTAATAATGGCTTAGATGGTCCGATTGTACGTGTTGGTA

ATTTGACGAGTCCTTACAATGGAAGATGGCATATGAGAAATATAAAGACTAACCGTTTTT
CAATGGTAATGAATGATTTGTTACAACCTGGATTGTATCGGGGTTAGCATGGCTGAAATGC
CTGTAGATTTTTCTTTTGTGGATACGACTGCAAGACAAATTGTTCGCATTAGCACAGGTCAA
CACACCACAAATCATTTACCATGTGCTATCACCTAATAAAATGCCGGTGAATCTTTGTTA
GAATGCGTTAAGCGCAAAGAAATTGAACTCGTCAGCGATGAATCATTTAATGAAATTTTA
CAGAAACAAGACATGTACGAAACGATTGGATTAAGTGTGACCGTGAACAACAACCT
AGCAATGATAGATACAACATTAACATTAATAATAATGAATCACATCAGTGAAAAATGGC
CAACGATAACTAACAATTGGCTGTATCATTGGGCACAATATATCAAAACAATATTCAATA
AGTAA

> **ausB**

Function: protein coding sequence; holo-acyl-carrier-protein synthase (core genome, constant)
Best match: ausB_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[56712:57356:r] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 50459 ... 51104; Length: 645 bp

Sequence:

ATGACAGTATTTGTAATGCAATTACAGAGTAACTTGAAAAGTATTGAAGAATTAATATCA
CAAAGTCGTTGGTCATATAAAAAACCGCGTACAGTCAACTATAGATACAATCAAGATAA
ACTCATGCACAGATTGGGAGATATTTTAGTGCAATATGGAATTCAACATGACACAGGTTT
ATTACCACATGAATGGCATTATCACATTTGCCACGAGGTAAGGCAGATATTGTTCAACA
CAATCGTGATGGACAGCCATCTATGTGAGCTTATCATATAGTTATCCTTATATCGTGTGT
GTTGTCGATAAAGAACCAGTTGGTATTGATATCGAAAAGATATCACAACGTTTAGACTGG
CGTACGTTAGTGACGTGTTTCTCTACAAACGAAGCACATCAAATATGTAGTTTAAATGAT
TTTTATCAAATATGGACACA AAAAGAAAGTTTTACAAAATTGATTGGTGAAGGTTTAATC
AAAGGATTGGATATTTATGATATGACACAATCACACTTTTATCAATCACGTGAAGTGAAG
TTCAAACAATTTATTTTTGATCAGTTTATGGTACAGGTATGTTTCTTAGGAGAGGCACCCT
GGGGTTATAAAAAAGTGTCTGTATTTTCAGTTATTGAGTAGTTAA

> **argB**

Function: protein coding sequence; acetylglutamate kinase
Best match: argB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[184495:185259:r]RC
Position: 008-contig_256: 52178 ... 52943; Length: 765 bp

Sequence:

TTATGAATTAAGGATTGTTGTGCCAACAAAATCATTATTGTAAATAGATTCAATGATATTT
GGCTTGTTCCTGATGCAATGATAACTTTAGGACAGCCATTTTCAATCGCATTTTTGGCAT
CTAGCACTTTGGGAATCATACTCCATAAATATCACCATGTTCAATATATTGATGAATATC
GACTAATGGCAATTGAGGTATAACCATATCATTGATGAGTACACCTGCAATATTACTTAA
TACATAAATAGGCGCTTTTAATGATGATGCAATAAAATAGGCAAGCGTGTGAGCATTAAAT
ATTGTAAAATTCTCCATCATGGTTATTGAAACCAATCGAATTGATGATAGGTACAAATTT
AGTACATATACTGTAAAGCATCCTTATTTAAAGCGGTCGGGACACCGACATATCCATA
TTGTTGATCAAAACGTTTAATTTCAAATAATTGAGCATCCAAACCACATAAGCCTATCGC
AGAACATTGGTGCTGGTTAAATTGAGCTACTAATGCAGTGTTAACGTCTGCAATGAGCGT
GTGTTTAGTAATGGTCATGGTTGCTTTATCAGTCACTCTTAGGCCATTAACAAAGTGTGGC
TCGATTTGCTGGTTTGATAATGCATCATTAATAAATGGGCCACCGCCATGAACGATAATA
GGGTAGATGTTGTTAATCGTAAATGCTTAATAATTGTTAATAATTGATGGATGCATGTCAC
TAAGTGTACTGCCACCAATTTAATGACAATAAATTTTCAT

> **argJ**

Function: protein coding sequence; arginine biosynthesis bifunct protein
Best match: argJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[185275:186516:r]RC (completely identical)
Position: 008-contig_256: 52958 ... 54200; Length: 1242 bp

Sequence:

TTATGTTTCGATATGATGCGTTGATACGCACATAATCATAGGATAAATCACAACCGTATGC
AGTCGCTGCAGCGTTACCTAAACCAAGCTGAACGTCAATTGTGACATTTTCATGAGTTAA
TGTATTTCGACATAGCTTGCTCATCAAATAGTACAGCCATACCTTTATCAACGACAGGTATT
TGGTTCAGTTGAACATATGTGCAGTTAGGATCAATTTACATCCGCTGTAGCCAATAGCT

GTAATGATTTCGACCAAAATTGGCATCTTCGCCAAAAATAGCTGATTTTACTAGATTTGAA
CTTACGATAGTTTTACCGATTTTTCTTGCATCTGATATTGATTTAGCGCCTGACACATTGA
CGCTGATTAACCTTTGTTGCGCCTTCGCCATCTCTGGCTATAGCTTTAGCTAAAAATGTACA
GACAAAATTGAATGCATCAACAAATGTTTCCCATTGTGGATGGTCTTGACTAAGTATTTG
GTGTTCAACTTGGTGATTTGCCATGACTAATACCATGTCATTTGTACTTGTATCGCCATCA
ACAGTAATCATATTAATGTATGGTCAGTCGAAGATTTTAATAATTGATGAAGTGTATTC
GATTCAATCGATGCATCGGTTGTTATAAAAAGCAAGCATGGTAGCCATATTTGGGTGAATC
ATACCTGAACCTTTGGTGCTACCACCAATTGTAACGGTTTTACCATCGATTTTTAGTGATA
CAGCGATATGTTTTGTACAGGTATCAGTTGTTAAAATTGCCTCGTTAAACGCACCTGGCGT
TGCAAAAATTAGCATCCTTAATATGTTTCGGTCCCAGTCTTAATTTTATCCATAGGCCAAATAT
TCACCAATGACCCAGTTGAAGCAACAGCAACATGCTCAGATGGTATTTGAAGTTGTTGA
GCAACCCATGTTTGTGTTTGTTCGTGCATCATCTATGCCTTGTGACCGGTACAAGAATTTG
CATTAGCTGAATTAACAACAAGTGTCTTGTAAATTTTCTTTAGACTTTTGTAAAGTGTCTTC
AGTGACAATAAGTGGTGCAGCTTTAAACTGATTTAAAGTATATACGGCAGCTGCACTTGC
CAAAGACGATGAGTAAATCCACCCAAAGTCTTTTTTGTAGCGCGTAAACCGATGTGCAT
ACCACCAGCCGTGAAGCCTTGAGGTGACTGATATCGCCATGTTTAATAATTGAAAAGTT
ATATTGTTGTGATGTCGTTTCTTGATGTTTCAT

> **argC**

Function: protein coding sequence; N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase

Best match: argC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[186528:187562:r]RC

Position: 008-contig_256: 54211 ... 55246; Length: 1035 bp

Sequence:

TTATGGATAAACTGGTGATTGATTTAGGCCAGTCGTCACCTTCAAATCATATAATATATTT
AAATTTTGAATGGCTTGCCCACTTGCGCCTTTGACAAGGTTATCAATCACTGATACTAAAA
TTGCTGTTTGCCTTGTTCATCTACATAGATGCCGATATCGCAGTAGTTACTACCGAGTAC
TTCTTTTGTGGTTGGAAAAGTCCAATATCTCTAATTCTGACAAATGGCTGATTAGCATAA
TAAGAGGTCATTAATTTATGTAATGATTCAGTCGTATATTCAGATGATAATTTGACATATA
TTGTTGATAAAATACCTCGTGTCATTGGTACGAGATGTGGTGTAATATGACTGATACAT
CTTGACCCGCAATGATAGATAAATATTGCTCGATTTCCGGTTTGTGTTTATGGTTTCCGAT
TGCATAAGCGCTTAGATTTTCATTCATTTCTGAAAATGAACACGTTGTGATAATGAACG
ACCAGCACCTGACACGCCGGTCTTAGCATCAATAATAATAGATGACAAATCTACTATTTT
TTCGCTAATAAGTGGATGTAATGCTAATAATGTTGCTGTAGGGAAACAGCCAGGATTAGA
AATGAGCTTCGTTCCATTGTTATCAAACGATTGCCATTCTGAAATGCTGTAAATAGCATGA
TTCAAATCATCTTGTGCTGCAGCAGTTTCTTTGTAATATGCTTCATATATTTACGATTCTT
AATTCTAAATGCGCCAGATAAATCGATAACATGAATACCTTTTTCTACTAAGGGAGGGAT
ACATGTTTTACTTACGGGTGCTGGTGTGCAAAAGAAAATCACATCACAGTCATTATTGTCC
ACTGTAAGTGCTTCGAAATGTTGCATAATATGTTGTAATGTGGAAATGTTAATTTCAAC
GGTTCATCTACTTTTGAATGTGAGTAGATGTGTGCAATCGTTACATGAGGATGTGTTTGT
ACAATCGAATTAATTCAATTGCGCCATAACCGCTACCGCCAACGATACCTACTTTAATCA
TCAT

> **argD1**

Function:

Best match: argD1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[187598:188782:r]RC

Position: 008-contig_256: 55281 ... 56466; Length: 1185 bp

Sequence:

TTAATTTTTAAAAACGTCTTGAAAAGCTGCAACAATTTGATGGATTTCTCTTTATCAATG
ACTAGAGGTGGTGACAATCGAATGATAGTACGATGCGTGTCTTTGCACAAGATTCCACGT
TGAATCAGTTGATCCACAAAAGGTGCAGCATCTGTGTTAAGCTCTATGCCTATAAATAAA
CCACGACCTCTAATTTCTTTAATACTAGGATGTTTAAAGTTGTAGCAACGCTTTTAATAAAA
ATGAACCTAAGCGTTCTGATCGTTCAACCAGTTGTTTCATCTTTAAGTACATCAAGCGCTGC
CGTCGATATTGCAATGGCTAAAGGGTTACCACCAAATGTGCAACCATGTGTACCTGGTGT
TAGAACACGCATGACATCATTATTTGCAAGTACAGCAGATACAGGGTATAAGCCGCCACC
CAATGCCTTACCTAAAATATAAATGTCTGGAACAACCTTGCTCCCATTCATCGCAAACCA

TTTCCCAGTTCTACCAAGACCAACTTGAATTTTCATCTGCAATCAATAATATTTGATATTTA
TCACATAGATGACGCACAGCTTGAATATATCCTTTTCGGTGGTATATTAACGCCACCTTCAC
CTTGAATTGGTTCCAAAATAATTGCTGCTGTATTTGGTGAAATAGCTTGTGTTAATTGTTC
AATGTCTCCAAAATCTACAGTTGTAGTGCCTTGAAGTAGGGGGTGAAATCCTGCTTTATA
TGCGTCGTGGTTAGATAGTGATAATGAGCCAAGTGTACGACCGTGAAAATTGTTATTCAT
AGCGATGATTTCAACTTGTCCGTCAGTAATGCCTTTAACTTCAGAGCCCCATTTTCTAGCA
ATTTAATGGCTGCTTCAACAGCTTCAGTACCAGAGTTAAGGGGGAGTACTTTGTCTTTCT
TAGCAAGATGACAAATTTTTTCTTCCCATTTCCCAGATTGTCACTATAAAGGACACGTGA
AATGATAGACAACTTTGAAGCTTGTCTGTCATCGCTTTAACAATTGTTGGATGACAATGG
CCTTGGTTTGCAACTGAAAAACCCGAAATGCAATCTATATATTGTTTGCCATCAGTATCCC
AACTTTGACACCTTTACCTTTAGAAATGACAAGCTTAAGTGGTGCATAATTATTAGAGC
TATAATAATCAGTTAATTCAATGATTGAATTCAT

> **rocD1**

Function: protein coding sequence; ornithine aminotransferase 1 (core genome, variable)

Best match: rocD1_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[51350:52534]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 55281 ... 56466; Length: 1185 bp

Sequence:

TTAATTTTTAAAAACGTCTTGAAAAGCTGCAACAATTTGATGGATTTCTCTTTATCAATG
ACTAGAGGTGGTGACAATCGAATGATAGTACGATGCGTGTCTTTGCACAAGATTCCACGT
TGAATCAGTTGATCCACAAAAGGTGCAGCATCTGTGTTAAGCTCTATGCCATAAATAAA
CCACGACCTCTAATTTCTTTAATACTAGGATGTTAAGTTGTAGCAACGCTTTTAATAAAA
ATGAACCTAAGCGTTCTGATCGTTCAACCAGTTGTTTCATCTTTAAGTACATCAAGCGCTGC
CGTCGATATTGCAATGGCTAAAGGGTTACCACCAAATGTCGAACCATGTGTACCTGGTGT
TAGAACACGCATGACATCATTATTTGCAAGTACAGCAGATACAGGGTATAAGCCGCCACC
CAATGCCTTACCTAAAATATAAATGTCTGGAACAACCTGCTCCCATTCCATCGCAAACCA
TTTCCCAGTTCTACCAAGACCAACTTGAATTTTCATCTGCAATCAATAATATTTGATATTTA
TCACATAGATGACGCACAGCTTGAATATATCCTTTTCGGTGGTATATTAACGCCACCTTCAC
CTTGAATTGGTTCCAAAATAATTGCTGCTGTATTTGGTGAAATAGCTTGTGTTAATTGTTC
AATGTCTCCAAAATCTACAGTTGTAGTGCCTTGAAGTAGGGGGTGAAATCCTGCTTTATA
TGCGTCGTGGTTAGATAGTGATAATGAGCCAAGTGTACGACCGTGAAAATTGTTATTCAT
AGCGATGATTTCAACTTGTCCGTCAGTAATGCCTTTAACTTCAGAGCCCCATTTTCTAGCA
ATTTAATGGCTGCTTCAACAGCTTCAGTACCAGAGTTAAGGGGGAGTACTTTGTCTTTCT
TAGCAAGATGACAAATTTTTTCTTCCCATTTCCCAGATTGTCACTATAAAGGACACGTGA
AATGATAGACAACTTTGAAGCTTGTCTGTCATCGCTTTAACAATTGTTGGATGACAATGG
CCTTGGTTTGCAACTGAAAAACCCGAAATGCAATCTATATATTGTTTGCCATCAGTATCCC
AACTTTGACACCTTTACCTTTAGAAATGACAAGCTTAAGTGGTGCATAATTATTAGAGC
TATAATAATCAGTTAATTCAATGATTGAATTCAT

> **brnQ1**

Function: protein coding sequence; branched-chain amino acid transport system II carrier protein

Best match: brnQ1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[162494:163849:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 56718 ... 58074; Length: 1356 bp

Sequence:

TTATGCTTGTGGAATTTTACGATGCTTAATTTTATAAATAATGAAGCCGATAATGAAACCA
ATCAAACCTGAGAACAACCCAGCCCATACCAATGTCTGATAATGGTAAATATTTTTGGCTG
AAATTAATCAAAGTTTGTGAGAATGATGTGCTTGAATGAACTCTGGACTAGCTTTTAAT
CCATCTACTAATGCAGCAATCATTGTAAAGAAAATGGTACATTGATAAATAAGTTTTGAA
TGATGGAATTTGCTACTAAATAATGTTAGTACAATCAAGGCAATTGCTAATGGATATAAG
AACATTAACACTGGGACTGAGTACATAATAATCTTAGTTAAACCAACATTTCGCGAATAAG
AACGAAATAAAGCTTACAACCTGTTGCAATCGCTAGGTAATTCATTTTAGGGAAAAGGTGT
TCGAATGTTTCTGAAAATGCCGTAATCAAACCGATGGCTGTTTTTAACAAGCAACCATA
ACGATAAGTGACAACAGGACGATACCGTAGTTACCTAAGTAGTATTGAGTAATTTGCGCT
AAGGCAATACCACCATTTTCACTAAGTTTGAATGACCAATACTTAATGTACCCATGATT
GCTAGTAGGGTATAAATGATCCCCATCATAATGATACTGATAGTACCAGACTTAATTGTT

TCTTTAGCGATATCAGTTGGATTTTCGATACCTAACTTTTTAATCGTTGCAACAATGATAA
TACCAAATGCCAATGACGCTAGCGCATCTAAGGTATTGTATCCATCTAAAAAGCCGTTAA
ATAAGGCATGTGATTGATATTGTTTACTAATAGGTGCATCAGATATGCCACCTAATGGAT
GGATAAAAGCAAATAATAAAATAATTGCTAATAATACTAAGAATACCGGATTTAAAAAT
TTACCGATATATTCTAAAATTCTTGATGGCTTTCTCGCAAAAAACCATGCAATCACAAAG
AAGACGAAGCTAAAAATAAATAAATAAAGTGATTTGCTTTGGTGATAAAAAATGGCGA
AAATGCAATTTCAAATGATGTCGTTGCCAGTCTAGGTAAGGCGAAAAATGGTCCGATAAC
TAGATATAAGGCAATCGTGAAAATGTAAGCATATGTTTTATTAACACGCGATGCAATTC
AAATAAACCAGATGTCTTTGAAATGCCAATAGCAATGATACCTAGAAATGGTAAGCCAAT
TGCTGTAATTA AAAATCCTAAGTTAGCGATAAAAACGTTAGAACCAGCAGCTTGACCCAA
GTGTATTGGGAAGATAAGATTGCCGGCACCAAAGAATAAACCAATAACATAGAACCTA
TAAACATGTTTTCTTTAAATGTTAGTTTCTTCTTCAT

> **Q5HJ16**

Function: protein coding sequence; isochorismatase (core genome, variable)

Best match: Q5HJ16_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4212238:212735:rRC

Position: 008-contig_256: 58350 ... 58848; Length: 498 bp

Sequence:

TTAGTTCAATATATTTAGTAATTCGCTTGTGGTTACTGTTTGCCTTATTATAGGGAATACA
TTATCTATTGGAAATTGATGTAGCGTTTCGTTTTGTGCACTCATCATATCTGTAACAAAAA
ACTGATTGTAGTTAATTGATAGGCATCTCGCGCTGTCGTATCTACGCCAATATGCGTTGC
GACACCACCAAGAACAATCGTATCAATTCCTCGACGTCGCAATTGTAAGTCCAAATCTGT
TCCTACAAATGCACTAAAATGTCGTTTGTCTATGACAAAATCGTCATCTCTCTGTCTAAT
AAATGATGGAAACGACTGTAGTCGTCGCCTTCTTTTGGTGGTAATGAGATCATTGCATTTG
GTTGCAATACATCTTTACCATCATAGAAATTCACGCGAACAAAAGCGATAAAGCCATTGT
TTTTTCTAAAACATCTATTAATTTATTAGCGTTTTGAACGACATTTTCAGCTGTATGTGG
CGCATAATCCAT

> **ipdC**

Function: protein coding sequence; indole-3-pyruvate decarboxylase (core genome, constant)

Best match: ipdC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[191290:192930:r]RC

Position: 008-contig_256: 58974 ... 60615; Length: 1641 bp

Sequence:

TTATTTATTTTGTGTGAAAAGCTTTAGCGATATCGATGAGTTTCTTCGGTGCGTCTTCG
ACAGACATTTTGACTTCGACAAAATGCATCACATCGGGATGACCATTAATTGCATTAAAC
GTGTCTTGTAATCTTTTGTGATTCAACGTCATGAATTTCAACATTTTACCACCAATA
CAGCTGGTAAAGCTTTATAATCCCACATGTGAATTTCAATTATAAGGTTACATACATGCCGTG
AATAAGTCGTTCTACCGTATAGCCGTCATTATTAATCACAAATAATACCGGTTAATATGC
TGTCTAATCATAGTTGAAATAGCTTGAACAGTTAGTTGCAATGAGCCATCACCAATTAAT
AATAAGTTACGACGATCTTTGTCTGCTAATTGTGAACCTAATGTTGCAGGTAATGTATAGC
CGATAGAACCCCATAAACGGTTGCCCTATAAAAGTATTGTTTTGTATAATGCTAAATCATA
AGCACCAAAGAATGATGTACCTTGATCAGCAATAATGACATCATTGGTTTTAAGAAATT
TTGCATCATTTTAAAATAAGTTTGTGTGTTAATGGTTCTGTGCCAACTGTATAATCGGGT
GATGTTGGACGATGATACGCAGGGAACGTTGCGTTATTCGTATGTGAAATATTGGATAAC
TGTTTTAACAAATGATGGTAGAGATATTTATCATTGTAACATCGTCAATTTTGATATTGT
GATGATTTAACATAACGACATCATCGATATTGAATTGGTATGAAAAACCTGCTGTTGCTG
AATCTGTTAATTTGGCTCCAATATTTAAAATTAATCGCTGTTGTCCACATAATCTCGTAT
TTATCTTCGGCAATTTTCCCATCGTAAATACCCATATAATATGGATTTTCTCATTAAAA
GCACCTTTTCTAATGAAAGTTGTGCTACTGGTATCTGTGTTTGATTTACAAAATCTTCTA
ATTCTTGATGAAGGTGAAAACCTGTTAATTTTCATGTCCAGTAATGATGATAGGCTGCTTCG
ATTGATGCAATTTAGATGTTAATAACTCTATATATGTTGATGCATCCGTATCTTTGGCTGC
CGTTACTTCAAATGGTGTGCGGTATCTCAATTTTCAGAGATTGCGACATCGATTGGTAAATGT
AAATGAACTGGGCGTCTTTCGGCGATTGCTGTATTAATTAACGTGGTATTTTCGGTTGTTG
CATTTTCAGGTGTGATATAACCTTGTGCAACGGTTATATGTGCAAACATTTTTCGGTAGTC
GTCAAATGTACCTTCACCAAGTGAGTGATGTACATATTTACCGGCATGTTCAACAGCACG

TGTCGGCGCACCTGTAATCGCAATGACAGGTATGCGTTCAGCATATGAACCTGCGATAACC
GTTGACGGCACTTAATTCGCCAACACCAAATGTAGTAACTAATGCAGCGAGTCCATTAAG
ACGGGCATAACCGTCCGCTGCGTAACTTGCCTTTAATTCATTTGTATTCCTACCCAATCT
ACATTGGGATTGCTGATAATATCGTCTAGAAAAGCGAGATTAATAATCACCAGGAACACC
AAAAATTTTATCGACGCCTGCTCGATGAATAGCGTCAATTAAGTAAGCTCCAATGCGTTG
TTTCAT

> **glcA**

Function: protein coding sequence; glucose-specific PTS transporter protein/IIABC component (core genome, constant)

Best match: glcA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[214774:216819:r]RC

Position: 008-contig_256: 60887 ... 62933; Length: 2046 bp

Sequence:

TTATTTAGCTTCAAATAATTGATCGCCAAATGAAATGTTGCCATGTTACCTTGTTTTAAAA
TCAAGGTTTGTAATGTTTCCTTGTGTACAGATAATAGGCGTAATATCACTCTTTCATGAT
TGCGGATGTAGTCTAAATCAAAGTTGATTAATAAATCACCTTGTTTAACTTCTTGACCTTC
CTCAACATGTAAAGTAAAGCCTTCTCCGTTTAAATTTAACAGTGTCTAAACCGATGTGGATT
AATAGTTCTAAACCACTATCTGATACAAGACCAATTGCATGTTTTGTTGGGAAAATCATT
GTACTTTACCGTTGAATGGTGCACGAACCTTACCTTGTGAAGGTTTGATAGCGATACCGTC
ACCCATCATTTTTTCGCTGAACACTTGATCAGGCACTTCTGATAAAGGTGTTACTTCACCA
GTTAATGGTGCATGAACGATATGGCTCAATTCGCTTGTTCAGATTTATCTTCTGCAACAA
CAACAGTTTCGTCTTTATCGTCTTCCATAGTAGTAGGGTTTTTCTACTACTTGACCATTCTA
ATCTGTTGCATTTTCATGTTTGATTTGGTTCAGATTTAGGACCAAAAATTGCTTGCATATTAT
TGCCGACTTCTAATACACCAGATGCGCCTAAATCTTCAAACCAGGAACATCAACTTTAG
ATTTGTCGTTAACTTCAACACGTAGACGTGTGATACAAGCGTCTAAATGTTTAAATGTTTGC
TTTGCCACCCATAGCTTCTAATACTGCATATGGTAATTCAGTTGCTGAAGCAGTAGCCGCT
TGTGATTGTTTATCTTACGACCTGGTGTGTTTTGATTTTTAATTTTACAATTAAGAATCGGA
ATACGAAGTAGTAAATAACTGCGTATACAAGACCTACAGGAATGACTAACCCATTGTG
TCTTATTAGGTAGTATACCGAGTAAGAAGTAGTCGATGAAACCACCTGAGAATGTATAAC
CTAGATGAAGATCTAATAAGTACAATGTTAAGAATGATAAACCATCAAGTACTGCGTGAA
TAAAGAATAATAATGGTGCTACAAATAAGAATGAGAATTCTAATGGTTCTGTAATACCAG
TTAAGAATGATGTTAAAGCAGCAGAACCCATTAACCTGCTACCCTTCTTATTTTCAGG
TTTAGCTGTGTGATAAATTGCTAAAGCTGCTGCAGGTAAACCGAACATCATAACAGGGAA
TTCACCTTGCATGAATTTACCAGCTGTCAAATGTGCGCCTTACGAATTTGTTTCGATAAAG
ATACGTTGGTCACCGTGAATAATTTACCAGCTGCATTTTTCCATGAACCAAACCTCGAACC
AGAACGGTGCCTGGAAAATGTGATGTAGACCGAATGGAATTAATAAACGCTTGATGAAA
CCAAATAAGAATACGGCAACACCAGTATTTGAATCTAATAATCCTGTACTGAATGCATTT
AATCCTGATTGAATCGTTGGCCAAATTAATGCCATTGGGAATGCTAAAATAAATGATGTT
GTAGCCATCATAATAGGTACGAAACGCTTACCAGCAAAGAAACCTAAATAAGATGGTAA
GTTAATGTTATAGAACTTGTATAACACCAAGCTGCCAGGGCCCCGATAATAATACCGCC
GAACACACCTGTTTGTAAATGTTGGAATACCTAAAATGCTAGCGTAACCACTCGCTGGATC
AGTAACATTTTTAGGTGTAACCTGTAAAAAGTCGCCATTGTTTTGTTTCATGATTATGTAA
CCGACGAATGCTGCGATAGCTGCTACGCCATCACCGCCAGCTAATCCGATTGCGACACCT
AATGCGAAAATCATAGGTAAGTTTTCAAAAATAATACTACCGGCAGCTGTCATTAATTTA
GCGACATTTTGAACGCCACCATTTTGTATAAACGGCAAGTAGTGTGTAATGCTTCGCCTT
GTATAGCTGTACCGATAGCTAATAACAGACCCGCTGCTGGTAAAATTGCAACAGGTAACA
TTAGCGCTTTACCAATACGTTGCAATTGACCGAAAAGTTTCTTCCTCAC

> **rsaK**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus K (core genome, constant)

Best match: rsaK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[195307:195518:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 62991 ... 63203; Length: 212 bp

Sequence:

AATAGACTGTGTTGGTAACCATCACAGCTTAATTTAACTCATGCCTAATCTTACTTAGTAA
CACGTTGGTGTATGTAATTAATGTAAAAGAAGCAATTGACTAAGTAGTATATAAACTGA

TACGTTAGTTTATCTAGCTTACCATCACATCTTATTGAATCTTATTTGTTTGC GACTCCTAT
TTTAGCATGGTGAAGTATGCGTTTTCAAT

> **murQ**

Function: protein coding sequence; N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase (core genome, constant)

Best match: murQ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2196885:197784

Position: 008-contig_256: 64569 ... 65469; Length: 900 bp

Sequence:

GTGATGGAAAATAGTACGACCGAAGCACGTAATGAAGCGACGATGCATCTTGATGAAAT
GACTGTGGAAGAGGCTTTAATTACGATGAATAAAGAAGATCAGCAAGTCCCGTTAGCAG
TTCGAAAGGCAATACCACAATTGACAAAAGTAATTAATAAAAAACAATTGCACAGTATAAA
AAGGGTGGACGATTGATCTATATCGGTGCAGGTACAAGTGAAGATTGGGTGTCTTAGAT
GCAGCGGAGTGTGTACCTACATTCAATACTGACCCTCATGAAATTATAGGTATTATTGCT
GGTGGACAACATGCTATGACGATGGCTGTAGAAGGTGCGGAAGATCACAAAAAATTAGC
GGAAGAAGATTTGAAAAATATAGATTTAACATCAAAAGATGTCGTTATAGGAATTGCCGC
GAGTGGCAAAACGCCATATGTTATAGGCGGTTTAACATTTGCTAACACAATCGGTGCTAC
AACAGTATCTATTTTCATGCAATGAACATGCAGTTATAAGTGAATTGCGCAGTATCCAGT
AGAAGTTAAAGTTGGTCCAGAAGTATTAAGTGGTTCAACGCGTTTAAAGTCTGGTACAGC
ACAAAAATTAATTTTAAATATGATTTCAACCATCACAAATGGTTGGTGTGCGAAAAGTTTA
TGATAACCTCATGATTGATGTTAAAGCAACCAATCAAAAAGTATCGACCGTTCAGTGCG
TATTATTCAAGAAATATGTGCTATCACATATGATGAAGCAATGGCGTTATATCAGGTATC
TGAGCATGATGTGAAAGTTGCGACAGTTATGGGTATGTGTGGCATTCTAAGGAAGAAGC
ACAAGACGTTATTAACAATGGTGACATTGTTAAACGAGCAATCAGAGATAGACAAC
CTTAG

> **A6QDH7**

Function: protein coding sequence; putative phosphosugar-binding transcript regulator/RpiR family (core genome, constant)

Best match: A6QDH7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[199250:200128] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 66934 ... 67813; Length: 879 bp

Sequence:

ATGATGACAAATATTTTATATCGCATTGATAAGCAGTTGAGTGATTTTACGAAGACAGAA
AAGATAATCGCTGATTACATTTTAAAGAATCCACATAAAATCATTGATATGACTGTGAAT
GATTTGGCAGATGTTACGAATGTTAGTACAGCATCAATTGTTAGATTTAGTCGGAAAATG
ACACATCAAGGTTTTCAAGAGCTAAAGATTGCGATATCTCGATACTTACCCGAAGATATT
GCAACCAATCCACATTTAGAATTGATTGAAAATGAATCTGTAGAAACTTTGAAAAATAAA
ATGATTGCTAGAGCAACGAATACGATGCGATTTGTAGCTACTAATATTATGGATGCGCAA
ATTGATGCAATTTGTGATGTGTTGAAAAATGCCAGGACAATATTTTATTTGGATTTGGCG
CATCGAGTTTACTATTGGTGATCTTTTTCAAAGTTATCTCGTATTGGCTTAAATGTCAG
GTTATTACATGAAACGCATTTACTTGTGTCAACATTTGCGACGCATGATGATAGAGATTG
CATGATTTTTGTGACGAATCAAGGTAGTCATAGTGAATTGCAGTCAATTGCACAGGTGGC
CACACATTACAGTATCCCATCATAACTATATCTAGTACAGCTAATAATCCAGTGGCTCA
AATTGCAGACTATGCATTGATTTATGGCAGAAGTATGAAAATGAAATGCGTATGGCGGC
TACAACGTCACTATTTGCACAGTTATTCACGGTAGATATATTGTACTATCGATTTGTAGCA
TTAAATTATCATGCGATTCTAGATTGTATAACCAATCGAAAATGGCACTTGATAATTAC
AGGAAGCATCTTGCGACGATAGATTTTAAACATTAG

> **A5IP63**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A5IP63_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[200322:200603:r]RC

Position: 008-contig_256: 68125 ... 68275; Length: 150 bp

Sequence:

TAGGTAGTAGTACATAAAGAGTATGGCTGCGAACATGCCGAATATTGAAGTGAAGTTACC
TACAGTGACTGCCATGTAATGATTTAAAGTTAAATAGTAACTTAGACTAATAATAAAAAA
TAAATGATTTGATAGGTAATTAACACCAT

> **hsdR**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system endonuclease (core genome, constant)

Best match: hsdR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[200816:203605]

Position: 008-contig_256: 68487 ... 71277; Length: 2790 bp

Sequence:

ATGGCATAACCAAAGTGAATACGCATTAGAAAATGAAATGATGAATCAACTTGAACAATT
GGGTTACGAAAGAGTAACAATACGTGATAATAAGCAATTGCTTGATAATTTTAGAACGAT
TTTAAATGAGCGTCATGCGGACAAATTAGAAGGCAATCCCTAACAGATAAAGAATTTCA
ACGTCTGTTAACGATGATTGATGGGAAAAGTATTTTCGAGAGTGCCCGTATTTTACGTGA
TAAATTACCACTTAGACGTGATGATGAGTCTGAGGTTTATTTGTCGTTTTTAGATACGAAA
AGTTGGTGTAAAAATAAGTTTCAAGTGACGAATCAAGTATCTGTCGAGGATACATATAAA
GCACGTTATGATGTAACGATATTAATCAACGGACTACCCCTTGCCAAGTTGAATTGAAA
CGTCGAGGTATTGATATTAATGAGGCGTTTAAACCAAGTAAAACGTTACCGCAAACAAAAT
TACACAGGCTTATTCCGCTACATACAAATGTTTATCATTAGTAATGGTGTTGAAACGCGAT
ACTTTTCTAATAATGATAGCGAACTATTGAAGAGTCACATGTTTTATTGGAGTGATAAAC
AGAATAACCGAATCAATACATTACAATCGTTTGCTGAGTCGTTTATGAGACCTTGTC AATT
AGCTAAGATGATATCGCGCTATATGATTATTAATGAAACAGATAGAATACTGATGGCAAT
GCGTCCGTATCAAGTGTATGCGGTAGAAGCACTTATTCAACAAGCGACTGAGACAGGGA
ATAATGGATATGTATGGCATAACA ACTGGAAGTGGTAAGACATTGACTTCTTTTAAAGCGA
GTCAGATTTTATCACAGCAAGATGACATTAAGAAAGTTATCTTTTTGGTTGACCGTAAAG
ACTTGGATAGTCAAACAGAAGAGGAATTTAATAAATTTGCTAAGGGTGCTGTAGACAAA
ACTTTTAATACCTCGCAACTGGTACGCCAACTAAATGATAAAAAGTTTGCCACTTATTGTA
CGACGATACAAAAAATGGCTAAAGCGATTCAAGGTAATGCCCATTTATTAGAACAGTATA
AAACGAATAAAGTTGTATTTATTATTGATGAGTGTCATCGCAGTCAATTTGGTGACATGC
ATCGTCTAGTTAAACAACATTTCAAAAATGCCCAATACTTTGGATTCACTGGTACGCCAC
GTTTTCCAGAAAATAGTAGTCAAGATGGTAGAACAACTGCAGATATTTCCGGTAGATGCT
TACATACGTATTTAATTAGAGATGCCATTCATGATGGTAATGTACTTGGTTTCTCAGTTGA
CTATATTAATACTTTTTAAAAATAAAGCTTTAAAAGCAGAAGATAACAGCATGGTTGAAGC
AATTGATACGGAAGAAGTATGGTTAGCGGATAAACGTGTGGAATTAGTAACACGACATA
TCATCAATAATCATGATAAATATACACGTAATCGTCAATATTCAAGTATATTTACAGTCCA
AAGTATTCACGCGCTTATTAATATTATGAGACATTTAAGCGACTTAACAAAAAGTTGGA
ACAACCGTTAACGATAGCTGGTATATTTACGTTTAAACCTAATGAAGATGATCGTGATGG
TGAAGTGCCATATCATTACGTGAAAAATTAGAGATAATGATTAGCGATTATAATAAAAA
GTTTCGAGACGAATTTTTCAACAGACACA ACTAATGAGTATTTTAATCATATTTCAAAAAA
CGTTAAAAAAGGGCGTTAAAGATAGTAAAATTGATATCTTAATCGTTGTTAATATGTTCTTA
ACTGGTTTTGATAGTAAAGTACTGAACACTTTATATGTTGATAAGAATTTAATGTATCATG
ATTTAATTCAAGCGTATTCACGTACAAATAGGGTTGAAAAAGAATCAAAGCCATTTGGTA
AAATTGTAAACTATCGTGACTTGAAAAAAGAGACAGACGATGCACTGAGAGTATTCTCAC
AAACAAATGATACGGATACAATTTAATGCGCAGTTATGAAGAGTATAAAAAAGAATTT
ATGGACGCTTATCGTGAGCTTAAATGATTGTGCCGACACCACACATGGTTGATGACATT
CAAGATGAAGAAGAGCTAAAGCGCTTTGTTGAAGCTTATCGTTTATTAGCTAAAATAATA
TTACGTTTAAAAGCATTGACGAGTTTGAGTTTACAATTGATGAAATTGGAATGGATGAA
CAAGAGAATGAAGACTATAAAAGTAAATATTTAGCTGTGTACGATCAAGTAAAAGAGC
GACGGCTGAGAAAAATAAAGTATCCATTTAAATGATATTGATTTGAAAATAGAAATGAT
GCGTAATGATACGATTAATGTGAATTATATTATGAATATATTGAGACAAATTGATCTTGA
AGACAAAGCGGAACAACGTCTGAACCAAGAACA AATTAGACGCATTTTAGATCATGCAG
ATGATCCGACATTGAGGTTAAAACGAGATCTAATTAGAGAATTCATCGACAATGTTGTAC
CTTCTTTAAATAAGGATGATGATATCGATCAAGAATATGTTAATTTGAAAAGTATTA AAA
AAGAAGCGGAGTTCAAAGGATTTGCTGGAGAGAGATCTATCGATGAACAAGCCCTAAAA
ACAATTTCAAATGACTACCAGTATAGTGGTGTTGTA AACCCACATCACCTTAAAAAATG

ATTGGTGATTTGCCATTGAAAGAAAAGCGTAAAGCAAGAAAAGCCATTGAATCTTTCGTG
GCAGAAACAACCTGAAAAATACGGTGTGTAA

> **hsdRx**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system endonuclease

Best match: hsdR_part_DQ413432.1[1:432]

Position: 008-contig_256: 69888 ... 70320; Length: 432 bp

Sequence:

TGGTTAGCGGATAAACGTGTGGAATTAGTAACACGACATATCATCAATAATCATGATAAA
TATACACGTAATCGTCAATATTCAAGTATATTTACAGTCCAAAGTATTCACGCGCTTATTA
AATATTATGAGACATTTAAGCGACTTAACAAAAAGTTGGAACAACCGTTAACGATAGCTG
GTATATTTACGTTTAAACCTAATGAAGATGATCGTGATGGTGAAGTGCCATATCATTAC
GTGAAAAATTAGAGATAATGATTAGCGATTATAATAAAAAGTTTCGAGACGAATTTTTCAA
CAGACACAACCTAATGAGTATTTAATCATATTTCAAAAACGTTAAAAAGGGCGTTAAAG
ATAGTAAAATTGATATCTTAATCGTTGTTAATATGTTCTTAACTGGTTTTGATAGTAAAGT
ACTGAACACT

> **Q5HJH7**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HJH7_CC080_11819-97_CP003194.1[219535:220377] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 71481 ... 72324; Length: 843 bp

Sequence:

ATGGATAATAGAAATATGATTAATCGTGTTTTTAGTCAAAAAGATATTACATCAAATTGCA
ATCAAAAATAAAAAGTGATGTTGTTGATGAGGCATATGATTTTTATATACAGGGACCTAAA
AATATCAATGTAATACAGAAGATGAAATCTTTATATAATTATCTTAAAAAGTCTTATCGT
AACGAATATTTTTACAAAACACAATACTTAATAAACTCCTTCTAGGACGACATTCTATT
AATACAACACTACTGCACTTTCTGAGATGCCCATAGGGAAAAGTATTGCTGATTTTTATATTGT
TAAACGGCAAAGGCGTTGTCTATGAGATTAACAGAAATTAGATAAGCTGGATAGATTA
GATAATCAAATTAATGATTATTATGAAGTGTTAATTATGTAGTAGTTATTACAAATGACA
AACATCTGAATAAAGTTATGGCTAGATACAAAGATACAACAGTTGGAATTTTAGTGTTAA
CACTAGAAATACACTGAGTGAAGTTCAAAAACCTAAAGAAAACAATAGTCTCTTAAAC
ACAAAAGCGATGTATAACTTTTTACGAAAAGAAGAAAAGAAAAGAGTTATTGCACAAAA
TCATATGGATGTGCCAACTTATAATGATTTTACAGAGTATGATGTGTTATTTGACGTGTTT
AAAGAAATACCAATGACGAACTGCATAACAATATGATTTCTGAGTTGAAAAAAAGAGG
CAACATGAAAGAATACAAAGATGAATTTTTAGCAGCGCCGGCTGAAATTAAGTTCTTGTT
ATATTTTCGCAAAAATGACAAAGAAAGATAAAAATAAACTATATCATTTTCTTAAAGGAGGA
TTAA

> **Q9RL82**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9RL82_CC012_21266_AFTT01000027.1[229333:230256:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 72325 ... 73249; Length: 924 bp

Sequence:

ATGTATTATCCTTATTTGCGTGGGAAACAAAATGAACTATTTGCAATTAGAGAATTGTTA
GAGAAAGGTTTGATTGGTGATTGTATTCAACCTATAAATTGAACCGATTAAGTATACAACC
ACGTTTAAAAATGTTTTGAAATATTGTGGTGAAAAAGAATTTTCGTATAAATTTAGTAGTA
AATTCGAAGTTAACTGAAGAAGAGATTAGTAACGAACTGTTGAAGACTTAAGCGAAAT
AATAACAAAAAACAAAAGTGTTATTCAAAAAGCTTACTTGGGTCCTTCTGATGAAGGCGA
TGATAGGTTGAAACAGCAATTTTCAAGTAATAGTTTAGCTATTTTAAACAAGTGTAGATGA
CTGGGAAATGTTTGGAGATAAAAATAAACTTGAATGGTTTTTGTACCAGATGATAGACA
CATTAAACGTAAATTGCGTAATATTCCAACAAAGGCATCATTATGGATCCTTTTAATAA
ACTAAGTCGTAATGTTGATTATTTAGATAAATGATGACGAGTTTTATAGCGACGATCACCTT
TATTATAAGGAAGATGGATACGTAGCATTTTTCAGACTATTCTGTTATAGGTGGAGAATAT
GTAGACGGTGGCTTTTCGCCATTAGCTATTGCGATACATATTGTCTATTTTGATGAGGCTA
ATGAGTTAAGAGTTAAACATTTTGTCTCTGATTCTAATAACGATAGATTAATCCAGCTA

AAAAGTTTTTTGAGGCTGTAGATAAATTAGTAACTTGGTCTAAAACTTAGATAATAAAA
ATAGATCTTATGCAATCGGACAATTTGAAGAATTAATGAAAATAATAAGTATCCAGGAT
TAGGTTTAATTAAGGTTATCTATCATGCATCATCTAGAAATTATGAATAGATACTTGG
AGTCTCAAAATGAAAATATGTGA

> **A6QDI2**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A6QDI2_CC080_11819-97_CP003194.1[221289:222401] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 73235 ... 74348; Length: 1113 bp

Sequence:

ATGAAAATATGTGAAAAATGTTTTAATAATACTGAAATCGTAGAAATCATTGTAAATGAT
AATAGCAAATTTGACAATTGTGATATTGATAACGATCATCTTGGTGTAAAATATTTGATA
CGACTCGACACATAGATAAATTAGAGCAGATTAGAGATTATTTAAGACCAGCGTTAGAAT
TATATGATATTAGTATAAATTTACCAGATACTTTTAGCCAAAAAGAAGGTAaaaaaATTG
AAACAGCATTAAAAGATGATTGGAGTATATTTAATGTTGAAGAAGCTCAAATAAGTTGTA
TTTTAAATGAACTTTTTAAAGATGATGAAAATATAGATAGACGGGTGTTGGAAGGTTAG
TAAGCGCTAAAATCATTAAAGATAAAAAATATACAAATGAAAATCTAATTGTAGCAAAT
AATGACTGGGATGGATTTTGTGAGAGCTTGAAGTATAAAAAATAGATTCATAATAATATG
ATCAATTTAGAGAATTTAGCGTTCTTTCTCGATATCACTACTAATTACTATAGTATTGAGG
AATTTAGAGAAAGATTTGAACCATTATATAGATCTAGAATAGTTAAGTTCATTACAGAGA
AAAGTGAACATAATGTCACCACCAAAGGGATTTGCAACGGCAGGAAGATTGAATTCTAAA
TGGATAAGCGTATTATACCTTAGTACAAAAGAACAGGTCAGTATAGAAGAAGTTAAACCT
AAGCATAATGACATTATTTATATAGGTAAGGTTAAGTTACAAAAAACGTTACAAAAGA
GAAATTGAAAATTGCGAATTTAACTAATTTAACTAGTAATGCAATCAAAGCTGGCGATGA
TGGATTTAGAAAGTATTTTGTAAATCACCAAACATTAaaaaaAGATTCATAAAGGAATAAC
AAATCCAAGCGATGAACAAGGAATAGATTATTTGCCATTTCAATATTTAGCTGATTATAT
TCGAAGCCTTAAATATGACGGGATAATGTATGAGAGCATATTGCAAGATGGTACTTTTAA
CTTTGTGTTTTTTGATCAAAATTTATTTGAATGTGTTAATTATGAAAGAAAAAGAGTAAGT
GATGTTAAATATACATTGACTAAGCTAAGTTGA

> **tx_oppF2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_oppF2_CC008_TCH1516_CP000730.1[234728:234786:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 74373 ... 74432; Length: 59 bp

Sequence:

ATAAAATATAAATAATCCCCGCACTTCACATAGTGGCGGGGGATTTATTCTGGCGTTA

> **oppF2**

Function: protein coding sequence; putative oligopeptide ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: oppF2_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[31611:33203]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 74612 ... 76205; Length: 1593 bp

Sequence:

TTATTTAGCAATAACTGCTACTTCTGAAATAAGTTGCTTTGCATAGTCTGATTGCGGATGT
TTGATAATATCTTCTGTGTTATTCAGTTCAACGATTTTCGCCATTTTTCATAACTGCTACGCG
ATCACATATTTCAATTGATAACCCCATGTGATGTGTGATGAATAAATAAGTGATGCCGAA
GTCTAACTGTAATTTGTTTTAATAACTCGATGATATCTTTTTGAATTGAAACGCTAAAGCG
GACTGCTCGTCGCAACAATCACTTTAGGTTCTACAGCAAGTGCTCTCGCGATACTT
ACACGCTGACGTTGCCACCAGATAATTCGTGTGGATAGCGATATAAGAACTTTGATCT
AGGCCAACTTTTTCTAACAACGATACGACAGTTTTAATAATGTCATCATTATCTTTGACTT
TCCCATGAATGATTAGTGGTCGTTAATCACATCAATGACTTTAAATCTTGGATTAATAGA
TGCGAATGGATCTTGAAAAATCATTGTATCTCTTGTGCGTAAAGATTTCAATTCATCATCT
TTAAATAAACTTAATGGTAATTCGTTATACCAAATAAAGCCTTCTGACTTCCTTTAGAC
CGACGACCGTCTTAGCTAATGTCGATTTCCCTGACCCTGATTCACCGACAATGCCTAATGT
TTCGCCTTTTCTAATACCCAAGTTAATATCATTAACTGCTCGGTATAGGCTGCCACTCGGT

GATGTGTAATCCACGCTCACGCGATCGAATTTTAATAAAAATATCATTGTTTAACGGTCTTG
GCGGACGCGTTTGATGAATATCAGGAATCGCATCTATTAAGCGTTTTGTATAGGTATGTT
GTGGCGATTTAAAAATACTTTCAACCGTGCCACTTTCAACGACACTTCCATCTTTCATTAC
AATCACATCGTCGCAAAATTGATACACAGCGCCTAAATCGTGAGTGATAAAAATAATAG
ATGTTTCTGTGTACTCATAAAGGGACTTCATTAACTGCAGTAATTGATTTTGTGTACTGGC
ATCTAATGCCGTTGTTGGTTCATCTGCGATTAATAATTTGTGGCTTTAAAATCAATGCCATT
GCTATCATGACACGTTGACGCATAACCACCAGAAAGTTCATGTGGATAAGCATCAAATTGT
CGAGTTGCATGTTTTATACCTACTTTTTCTAAAATGTCTATTGTTCATCGACTTTGCTTCAGA
TTAGATACACGTTTATGTTGAAATAGTACTTCTGTAATTTGTTTGCCAATCGTTAATCTTG
GATTCAACGAAGAGAGTGGATCTTGAAAAATCATTGAAATATCCTTACCTCGAATTTGTT
GTAACGCTGAAGTTGATAAATTATTTAACGATTGCCATTAAAAATAATTTCTCCTGTAA
TGTGTGATCTGGATAATCTGGTAGTAGCCCTAAAATAGATTTAGCAGTAATACTTTTCT
GATCCTGATTCACCAACAATACCTAGGATATGTTTTTTTCGTAATTCGAAAGAGACATTT
TTACCGCTTGAACGTGAGTTTCATCATAATTGAATTGTACATTACAGACTGTTGACTTCTAA
TAAATTTGACAT

> oppB4

Function: protein coding sequence; putative oligopeptide ABC transporter/permease protein (core genome, constant)

Best match: oppB4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[213096:214403]

Position: 008-contig_256: 76332 ... 77640; Length: 1308 bp

Sequence:

TTGTATCACAAGGCATTTTACAAGTTTGTATTATCGGTATTAAGCTTGCCAATATTTTTAT
ATGCAGTGATAAAGTTTTCTTTCTGCTAAGAGAAAAAATTTTTACGCTAATAAATTCTGA
AATTTAGAAATTGAACGAGCGTTACATCAAAAATATAAATATTTATCGCAGCAAAAAGTC
ATCCACACAAATACATAAAGAAGCATTAAAAATATTTCAAGGCACAAAGTTCTAATACGA
GTTCAAAGAATATTGAACAAGCACATTTTCAACATACTTTGAAAATTTATTATTTTCATAA
GTTTCATCATGATCAAAGTAATATTGGCCTTGCCGATGTTTCATCTTATTGACTATTTATTA
CAGCCATTAGTTAGATATATTTTTGAGAGAAATTGTCATGGCTGTGATTGTCATCATTGGTG
TTATTGTCAGTGTGTTTACCATTCTGTATTTTTACCGCTTGATGCGGCTTATAGCATACTG
GGACAAAATGCAACAAAGGCACAGATACATCAATTCAATGTATTACATCATCTTAACGAA
CCTTATTTTTATTCAATTGTGGGATACCATCAAGGGTGTTTTTACCTTTGACTTAGGTACGA
CTTACAAAGGGAATGAGGTTGTGACTAAAGCAGTTGGCGAAAGAATTCCAATTACAATA
ATTGTCGCAGTATTAGCGCTAATTGTGGCATTAAATTATTGCAATACCAATTGGTATTATCA
GTGCGATGAAGCGAAATAGTTGGCTTGATATCACGTTAATGATAATTGTATTAATTGGTTT
ATCTATTCCAAGTTTCTGGCAAGGGCTATTATTCATTTTAGCGTTCTCATTGAAATTGGAT
ATTTTGCCACCATCTTATATGCCAGAACATCCAATATCGTTGATTTTACCTGTACTTGTCA
TTGGAACAAGTATTGCTGCTTCTATCACGCGTATGACAAGGTCTTCTGTACTTGAAGTAAT
GCGCAGCGATTATGTTTTAACTGCTTATGCAAAAGGATTATCGACGACACAAGTTGTTAT
TAAACATATTTTAAAAATGCCATTATTCCAATTGTAACGTTAGTTGGTCTTCTAGTGGCA
GAGTTACTAGGCGGTTTACGAGTGACGGAACAAGTATTTAACATTAATGGTATCGGGCGT
TATATCGTCCAAAAACAATAACCTGATATCCAGCAGTCATGGGTGGGGTTCGTATAT
ATATCAATTGTAATATCTTTAGCAAATTAATTATTGATATATTTTATGCTTTAATCGATCC
AAAATTACGTAGTGAATTAACGAAAGGAAGTGA

> Q8NYL1

Function: protein coding sequence; putative oligopeptide ABC transporter/membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q8NYL1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[214409:215572] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 77645 ... 78809; Length: 1164 bp

Sequence:

ATGGTAAAACCTTACAACAAAGATAGCTTCCCTTAAAACCTATTCGCAAGTTATGCTATAGCA
ACTTATATTTTAGTTATATTAACGAGTGCATTAAATCTTTTTAAAGGTTATGTGGCCGATA
CGTTCTATATTGCTGAAACATTGCTAATCGTTTTAACCATCATTTTAATTATCATTTTAAACA
ACGGAACAAACATGGAAGCATCATGACTTATGGCGACGTATCGTCGAAGTGTTGTTATTG

TTGATGACATTAACAGGCAACGTATTTACATTATTAATGTTTGTAAGTATTAGACGTTACC
AACGTACATCGCAAATACATAGTTATAACGGGTGGGAATCGTTTATACGAAAACTACTA
GACATCGTATTGCGATTATCGGGTACTTATTTTAGTCTACATGCTGACATTATCAATTGT
GTCACAATTTACATTTGATACGACATTGGCTACTAAAAATCAGTTCAATGCACTGTTACAT
GGACCGAGTCTAGCCTATCCGTTTGGTACTGATGATTTTCGGTAGAGACTTATTTACACGCG
TAGTTGTAGGAACGAAGCTGACATTTTCAATTTCAATTATTTTCAGTAGTTATTGCAGTTAT
TTTTGGTGTGTTACTAGGCACTATCGCAGGTTATTTAATCATATTGATAATTTAATAATG
CGAATTTTAGATGTAGTGTGTTGCAATTCATCATTATTGTTAGCGGTGGCAATTATTGCAT
CATTTGGAGCAAGTATTCCAAATTTAATTATTGCTTTAAGTATCGGTAATATACCATCATT
TGCACGGACAATGCGTGCCAGTGTGTTTAGAAATTAACGCATGGAATATGTAGATGCAGC
ACGTATCACTGGTGAAAACACTTGAATATCATATGGCGTTATATTTACCGAATGCGAT
TGCGCCTATGATTGTACGTTTTTCATTAATATAGGTGTGGTTGTATTAACAACAAGTAGT
TTAAGTTTCTAGGACTTGGTGTGACCTGATGTAGCTGAATGGGGCAACATTTTACGTA
CCGGTAGTAACACTTGGAAACGCACAGTAATTTAGCTATTGTACCTGGTGTGTTGATTAT
GTTTCGTCGTTTTAGCATTTAATTTTATAGGTGATGCAGTGCCTGATGCACTAGATCCAAGA
ATTCATTA

> **rlp**

Function: protein coding sequence; RGD-containing lipoprotein (core genome, constant)

Best match: rlp_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[237518:239293]

Position: 008-contig_256: 78825 ... 80601; Length: 1776 bp

Sequence:

GTGAAGAAAATCATTAGTATCGCAATTATAGTTTTAGCGTTGGTATTAAGTGGTTGTGGT
GTCCCTACGAAATCAGAAGTGGCTCAAAAGTCATCGAAAGTTGAAGTGAAAGGCGAGCG
ACCAACAATACATTTCTAGGACAAGCAAGTTATGAAAATGATATGAATATCGTTAAAGA
TCAATTGGAAAATGCAGGATTTAACGTGAAGATGAATATCCAACCAGATTATGGTAGCTA
TCGTACACAACGTCAAGCCGGCAATTATGATATCCAAATTGATGACTGGATGACAGTGTT
TGGTGACCCGAACTATGCTATGACGGCATTATTTAGTTCTACAGGATCAAATAGTTTATTG
AAAGATAAACATGTAGACCAGTTGTTAAATAAAGCTTCTACTCAAATGAAGCAGATGTT
AAACAAACATATAAGCAAATTGAAGATGAAGTTGATTTGATAAAGGGTATATGGCGCCT
TTATATGGATCAAAAAGAATTTAGTATATGACAATAAAGTGTTAGATAAAAATAGTGTT
GGATTGCCAAATTCACGTGCATTAATATGGCAACAATTTGATTACAACAATAGTAGAGAA
CGAGATACGCGGCCACTTGTGATGACACAACAAGATGGTGAAATTCCTACATTGGATCCA
ATACGTTCAATTGCGCCGTCAGTATATTCAATTAATATGAATATGTACACAAGGTTATTAT
TATTAGATGAAAATGATCACTTAACAACGAAAGGTTTCGTTAAGTCGTGATTATGCTGTGA
ATAAGGACAATAAAGCATTTTTATTTCTTGTTAAGAGATGATGATTATTTTGTGAAAGTGGT
CAATGGACAAGCACGTAATACTGGAGAGCGTGTATCGGCTGAAGATGTTAAGTTTTCTTT
AGATAGAGCACGTGATAAAAAGTCTGTGCCTAACAATAACTTACAATATGCACAAAC
ATATAAATGACATCAAGATATTA AAAAGATGAGGACATCGATCAGTTGCGTAAAGAGAAA
GACAAGGACGATAAATCAATCTATGATAAGTTGATTAAAGCTTATAACGTCAAATCGTTA
ACGACAGATGGTCAAAAAGTAAATAATAAAGACGGTATTTATCAAATTGTTAAAATTACG
ACAGATCAATCGATGCCTCGAGAGGTA AATTA ACTTAACACACTCTTCGGCAGGCATTTTA
TCTAAAAAATTTGTTAATCAAGTAAATCAAGAATATCCAAAAGGATATGGGGATAGCAGT
ACAATTCCTGCAAATTCAGATGGGAAAAATGCGCTGTATGCAAGTGGCGCATAACATTATG
ACACAGAAAAATGCATATCAAGCAACGTTTCAACGTAATCCAGGATTCAACGAAACAGA
AAAAGGTAGTTATGGACCAGCTAAAATTA AAAATATTACATTGAAGTTAATGGTGACCC
GAATAATGCATTGTCAGA ACTTAGAAATCATTCAATTGATATGTTGGCAGATGTGAATCA
AAAACATTTTGATTTAATTAAGTCGGATAAAAATTTAAGCATTATTCGAAAAATGGACG
CAAGTCAGTCTTTTTAATGCTAAATATTA AAAAAGGTATATTTAAGACGCATCCAACTT
GAGACAAGCAGTAGTTAATGCGATAGATCAGGATCAATTTATTAAGTTTTATCGTGGCGA
TAAATTTAAAATTGCATCACCGATTACACCACTTGTGCTACTGGTAACGAGCAACGTCA
AGATATAGAAAAAGTAGAAAAAGCCATTAATCAATAA

> **ggt**

Function: protein coding sequence; gamma-glutamyltransferase (core genome, constant)

Best match: ggt_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[239331:241337]

Position: 008-contig_256: 80638 ... 82645; Length: 2007 bp

Sequence:

```
ATGGTCATTAACCTTAAATGACAAACAGACAAAAACATCTAAAGAAGGGTAAATTTCCGTA
TCACATCCTCTTGC GGCTAAAATTGGTAAGGATGTATTAGATCAAGGTGGCAACGCCATG
GATGCAGTGATTGCAATTCAACTGGCATTGAATGTGGTAGAACCATTTGCATCAGGTATT
GGTGGTGGCGGGTATTTGCTATATTATGAGCAAAGTACTGGCAGTATAACTGCTTTTGAT
GCGCGTGAGACAGCCCCTGCACATGTAGACAAACAATTTTATCTAGATGATTCAGGCGAA
TATAAATCATTTTTTGGATATGACTACACATGGTAAAACCTGTCGCTGTGCCAGCAATTCCAA
AGCTGTTTGATTATATTCACAAGCGTTATGCTAAGTTGTCATTGGAAGATTTAATTAATCC
TGCAATTGAACTAGCTATTGAAGGTCATGCAGCCAATTGGGCTACTGAAAAATATTCGCG
CCAGCAACACGCACGATTGACAAAGTATCATGAAACGGCACAAGTATTTACGCATGAAA
ATCAATATTGGCGTGAAGGTGATTGGATTGTACAACCCGAATTAGGTAAGACATTTCAA
TATTAAGAGAACAAGGGTTAATGCATTTATAAAGGTGACATTGCGAAACAATTAGTCA
ATGTTGTTAAAGCATGTGGTGGGACAATCACTTTAGAGGATCTAGCCAATTATGACATTC
AGATTAAGCGCCAATCAGTGCGACATTTAAAGACTATGACATTTATTCAATGGGACCAT
CTAGTTCTGGCGGTATCACGGTCATTCAAATATTGAAGTTATTAGAACATGTTCGATTTACC
ATCTATGGGTCCAAGATCTGTCGATTACTTGCATCATTTGATACAAGCGATGCATTTAGCA
TATAGTGATCGCGCGCAATACTTGGCGGATGATAATTTTCATGAGGTGCCTGTACAGTCA
TTAATTGATGACGATTATTTAAAAGCACGCAGTACGCTCATTGATAGCAATAAAGCAAAT
ATTGATATAGAGCATGGTGTGTGTCTGATTGCATTAGTCATACAGATGTTGAAGAAAAT
CATACCGAAACAACCTCATTTTTGTGTGATTGATAAGGAAGGTAATATTGCTTCATTTACGA
CATCAATCGGTATGATTTACGGATCGGGTATTACGATTCAGGGTACGGCGTGTATTGA
ATACCACAATGGATGGTTTTGATGTAGTAGATGGTGGTATTAACGAAATTGCACCATATA
AACGACCACTAAGTAACATGGCTCCAACGATTGTGATGCATCACGGGAAGCCGATATTA
CAGTAGGTGCACCTGGTGCCATAAGTATCATTGCTAGTGTTGCGCAAACATTAATCAATG
TATTAGTGTTTGGCATGGATATTCAGCAGGCTATAGATGAACCTAGAATTTATAGTAGCC
ATCCTAATCGCATTGAATGGGAGCCTCAATTTTACAATCTACAATATTAGCATTGATTGC
ACGTGGACATGCAATGGAACATAAACCAGATGCCTATATTGGAGATGTACATGGGTTACA
GGTTGACTTGAATACACGTGACGCGTCGGGAGGTGCTGATGATACGAGGGAAGGCACAG
TGATAGGTGGCGATGTATTATCAATTAGAAAACAACCATTACCTAGTCCGAAAATATACG
ATAATGACACCCATCGAGTATATTTCAATGATATGCAGTTGCCATTATATGCTGAACAAG
TGCGGTGGATGCATGACAAATATTGGGTTGATGAAAGTGTTATTAGAATCATTTTCCCTG
AAGTTAGTGTGCATATTGAAGATTTAAGAAGTTATGAAATCGCCGGAAAAAATTATATAG
ATATTGCCTGGTTGGCACGGAAGAAAGGTTATCAAGTTACCTTAAAGGATGACAGTTTAT
ACTTAACTGATGAAACATATCATTCAAGTAAAGCAAACACAAATGCATACTATAGATATG
ATCGAGATAGTATCACAAAGATAA
```

> **acpD**

Function: protein coding sequence; FMN-dependent NADH-azoreductase (core genome, variable)

Best match: acpD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[220684:221310:r]RC

Position: 008-contig_256: 84381 ... 84531; Length: 150 bp

Sequence:

```
TGGAATATAAGTTTCAAATAAATCAATATGTTTCACTTCATCATCAGGATGTTGTTGTTGA
TATGTTTCGATAAATGCTTTACCAGCCGCATAGAATTTGATACCAGTTCATTAAGGGT
GTGCTGTAATATATAATACTTTTGCCAT
```

> **msmX**

Function: protein coding sequence; maltose ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: msmX_CC030_MRSA252_BX571856.1[238058:239155]

Position: 008-contig_256: 85701 ... 86799; Length: 1098 bp

Sequence:

```
ATGGCAGAACTAAAGTTAGAGCATATTA AAAAGACGTATGATAACAACAATACTGTAGT
GAAAGATTTAATCTACATATTACTGACAAAGAATTCATTGTATTTGTTGGACCATCGGG
```

ATGTGGTAAATCAACAACATTACGAATGGTTGCTGGACTAGAGTCTATCACATCTGGAGA
TTTTTATATTGATGGGGAACGCATGAACGATGTTGAACCAAAGAATAGAGATATTGCGAT
GGTATTTCAAACACTATGCATTATATCCACATATGACTGTTTTTGAAAATATGGCATTGGG
CTAAAGCTACGTAAAGTAAATAAAAAAGAGATTGAACAAAAAGTTAATGAAGCAGCTGA
AATATTAGGATTAAGTATCTTGGTCGTAAACCAAAGCGTTATCTGGCGGACAGCG
TCAACGTGTTGCTTTGGGCAGAGCTATTGTTAGGGATGCGAAAGTCTTTTTAATGGATGA
ACCATTATCGAATCTTGATGCGAAGCTTCGAGTACAAATGCGCACAGAAATATTGAAATT
ACATAAGCGACTTAATACTACGACAATTTATGTTACACATGATCAAACCTGAAGCATTGAC
GATGGCTAGTCGAATTGTTGTTTTGAAAGATGGCGACATTATGCAAGTCGGCACACCTAG
AGAAATATATGATGCCCTAATTGCATATTTGTGGCGCAATTTATCGGCTCACCAGCAAT
GAATATGTTGAATGCTACAGTTGAAATGGACGGATTGAAGGTAGGAACACACCATTTTAA
ATTACATAATAAAAAATTTGAAAAGTTAAAAGCTGCTGGCTACTTAGACAAGGAAATTAT
TTTAGGTATTCGAGCTGAAGACATTCATGAAGAACCAATATTTATTCAAACCTTCTCCAGA
GACACAATTTGAATCTGAAGTAGTTGTATCCGAACTGTTAGGTTTCAGAAATTATGGTACA
TAGCACATTCCAAGGAATGGAATTGATTTCTAAATTAGATTCAAGAACACAAGTGATGGC
GAACGACAAGATTACACTAGCATTTGATATGAATAAGTGTCACTTTTTTGGATGAAAAAAC
AGGAAATCGTATCGTCTAA

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC001_MW2-USA400_BA000033.22371925:2372149:r

Position: 008-contig_256: 90261 ... 90370; Length: 109 bp

Sequence:

GGGAGTGGGACAGAAATGATATTTTCGCAAATTTATTTTCGTTCGTCACCCCAACTTGC
ATTGTCTGTAGAAATTGGGAATCCAATTTCTCTATGTTGGGGCCCCGCC

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC001_MSSA476_BX571857.1[1167133:1167311]RC

Position: 008-contig_256: 90348 ... 90378; Length: 30 bp

Sequence:

TTCTCTATGTTGGGGCCCCGCCAACTTGCA

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MSSA476_BX571857.1[2756252:2756375]

Position: 008-contig_256: 90357 ... 90387; Length: 30 bp

Sequence:

TTGGGGCCCCGCCAACTTGACATTATTGT

> **mviM**

Function: protein coding sequence; NADH-dependent dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: mviM_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[15157:16197:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 91618 ... 92659; Length: 1041 bp

Sequence:

ATGACAAAATTA AAAAGTTGGTGTGATAGGTGTTGGTGGTATTGCACAAGACCGTCATATT
CCAGCATTGCTGAAACTCAAAGACACAGTCTCATTAGTTGCAGTACAAGATATTAATACA
GTGCAGATGATTGATGTTGCGAAGCGCTTTAATATACCTCATGCAGTTGAGACACCTAGC
GAGCTGTTTAAACTTGTTGATGCGGTGGTCATTTGTACACCCAATAAAATTCATGCTGATC
TTTCTATAGAAGCATTGAACCATGGTGTCCATGTTTTATGCGAAAAGCCAATGGCAATGA
CGACGGAAGAGTGTGACCGCATGATTGAAGCGGCTAATAAAAATCACAAATTACTAACT
GTCGCTTATCATTATCGCCACACAGATGTGGCAATTA CTGCTAAAAAGCAATTGAATCA
GGTGTGGTTGGTAAACCTTTAGTAGCACGTGTACAAGCGATGCGTAGGCGTAAAGTACCT
GGGTGGGGCGTTTTTACCAATAAAGCGTTGCAAGGTGGCGGTAGTTTAAATCGATTATGGT
TGCCACTTGTTAGACTTATCTTTGTGGCTATTAGGCAAAGATATGGTGCCGCATGAAGTGC

TAGGAAAAACATATAATCAATTGAGTAAACAACCGAATCAAATTAATGATTGGGGAACA
TTTGATCATACTAAATTTGATGTCGATGATCATGTTACTAGTTATATGACATTTGCCAATC
GAGCAAGCATGCAGTTTGAATGTTCTGCTGGTCTGCAAATATAAAGGAAGATAAGGTACAC
GTTAGTTTATCAGGCGAAGATGGCGGTATCAATTTATTTCCATTTGAAATATATGAGCCCC
GCTTTGAACTATTTTTGAAAACAAAGCTAATGTTGAGCATAACGAAGACATTGCTGGTG
AGAGACAGGCGCTAACTTTGTCAATGCGTGTAGGGATAGAAGAGATTGTGGTGA
CCGGAAGAAGCACGCAATGTAAATGCCCTTATAGAAGCGATTTATCGTAGCGATCTTGAT
ACAAGAGCATACAACCTTAA

> **iolE**

Function: protein coding sequence; sugar phosphate isomerase/epimerase (core genome, variable)

Best match: iolE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[251172:252140] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 92713 ... 93682; Length: 969 bp

Sequence:

ATGAAAATAGGTGTATTTTCAGTATTATTTTACGATAAAAATTTTGAAGATATGTTAGATT
ATGTCGCAGAATCTGGATTGGATATGATTGAAGTTGGAACAGGTGGTAACCCAGGAGAT
AAATTTTGTAAAGTTAGATGAGTTGTTAGAAAATGAAGACAAGCGACAAGCATTATGAAG
TCAATCACAGACAGAGGCTTACAAATAAGTGGTTTCAGTTGTCATAACAATCCAATTTCT
CCAGATCCGATAGAAGCGAAAAGAAGCCGATGAAACGTTACGTAAAACAATCCGTTTAGC
AAATCTATTAGACGTGCCAGTTGTTAATACATTTTCTGGCATTGCAGGGTCAGATGATACC
GCTAAAAGCCTAATTGGCCTGTTACACCTTGGCCAACAGCCTACTCTGAAATTTATGATT
ATCAGTGGAATGAAAAGTTGATACCATATTGGCAAGATTTAGCTGAGTTTGCAAAAGAGC
AAGATGTAAAATTTGCCATAGAGTTACATGCAGGATTTTATGTTTCATACACCATATACGA
TGTTAAAGTTACGTGAGGCTACAAATGAATATATCGGTGCTAACTTAGATCCTAGTCATTT
ATGGTGGCAAGGTATTGATCCAATTGCTGCGATTTCGCATATTAGGCCAAGCAAATGCAAT
TCATCACTTCCATGCTAAAGATACGTATATTAATCAAGAAAATGTAAATATGTATGGTCT
AACTGATATGCAACCATATGGTAACGTTGCGACAAGAGCATGGACATTCCGTACAGTTGG
TTATGGACATAGTCCATATGTATGGGCAGATATCATAAGTCAACTTATTATTAATGGATAT
GATTATGTATTAAGTATTGAACATGAAGATCCTATTATGTTCAGTAGAAGAAGGTTTCCAA
AAAGCTTGTCAAACTTTGAAATCTGTTAATATTTACGACAAGCCAGCAGACATGTGGTGG
GCATAA

> **Q7A1X1**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q7A1X1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[230572:231066:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 94042 ... 94537; Length: 495 bp

Sequence:

TTAAATATTCATTAATTTCTCTTCTTGTTTAATACGTACATATAAGAAATACGCATACGGT
ACTAATAAAAATAGTTGTATATGTTGCGTGTGTTAATAATAATACCCGATTAATTCAGGA
ATGATGTTTAAAGAAGTAATTTGGGTGTTTTGTAATTTTATATAATCCAGATTTAATAATAG
GATGGTTAGGTAAAATGAATAATTTAATGTCCAAATACCACCTAAAGTTTTAATAACCA
TAAATAACATGATATAAGCAAAGATTAATATAACTAAGCCAATACCATTTGCAAAGCTAA
ATGTATCTTTATTAATAAATGCCTCTACACCAGCCAATACATAAATTAACCGTGTGTTAT
TGCTAAAACCTTCGAATTTTAAACGCCATATCAACTGCACCGTCTGCTTTTAATTGTTTT
GAGTGATTAATAGATATCTTTAAGCTGACAAGTCTGATACAGAAAAGATAAGTAATATA
GATAGAATCAT

> **uhpT**

Function: protein coding sequence; putative hexose phosphate transporter (core genome, constant)

Best match: uhpT_part_AJ566817.1[1:1373]

Position: 008-contig_256: 94769 ... 96142; Length: 1373 bp

Sequence:

ATGAACTTTTTTGATATCCATAAGATTCCGAACAAAGGCATTCCATTATCGGTACAACGT
AAATTATGGCTTAGAACTTCATGCAAGCTTCTTTGTAGTGTCTTTGTTTATATGGCTAT

GTATTTAATTCGAAACAACCTTTAAGGCGGCCCAACCGTTTTTAAAAGAGGAAATTGGATT
ATCTACATTAGAACTTGGTTATATCGGATTAGCATTTAGTATCACGTACGGTTTAGGGAA
AACATTACTTGGATATTTTGTTCGATGGACGTAACACAAAACGTATTATCTCGTTCTTACTT
ATCTTATCTGCGATTACAGTTTTAATTATGGGATTTGTTTTAAGTTACTTTGGTTCTGTAAT
GGGATTATTAATTGTACTTTGGGGACTTAACGGGGTGTCCAATCAGTTGGTGGACCTGC
AAGTTATTCAACGATTTCAAGATGGGCGCCAAGAACGAAACGTGGCCGATACTTAGGATT
TTGGAATACATCACATAATATCGGTGGTGCCATTGCAGGTGGTGTGCACTTTGGGGTGC
TAATGTATTCTTCCATGGAAATGTTATAGGGATGTTCAATTTCCCATCGGTGATTGCATTA
CTTATTGGTATCGCAACATTATTTATCGGAAAAGATGATCCGGAAGAATTAGGATGGAAT
CGTGCTGAAGAAATTTGGGAAGAGCCGGTTCGATAAAGAAAATATTGATTCTCAAGGTAT
GACGAAATGGGAGATCTTTAAAAAATATATCCTGGGAAATCCTGTTATATGGATTCTATG
TGTTTCAAACGTCTTTGTATACATTGTACGAATCGGTATTGATAACTGGGCACCGTTATAT
GTGTCAGAGCATTACACTTTAGTAAAGGCGATGCAGTTAATACGATATTCTACTTTGAA
ATTGGTGCATTAGTTGCAAGTTTATTATGGGGCTACGTATCAGACTTATTAAGGTGCTC
GTGCAATTGTAGCTATTGGCTGTATGTTTATGATTACATTTGTTGTCTTATTCTACACAAAT
GCTACAAGTGTGATGATGGTTAACATTTTATTGTTTGCATTAGGTGCGTTAATCTTTGGTC
CGCAATTATTAATTGGTGTATCATTGACTGGTTTTGTTCCCTAAAAATGCCATCAGTGTAGC
AAACGGAATGACAGGTTTCAATTCGCGTATCTATTCGGTACTCAATGGCGAAAGTTGGTTT
GGCGGCTATTGCTGATCCAACACGTAACGGTTTAAACATCTTTGGATATACATTAAGTGG
ATGGACAGATGTTTTATCGTCTTCTATGTTGCATTATTCCTAGGCATGATTCTATTAGGA
ATCGTTGCTTTCTATGAAGAAAAGAAAATTAGAAGTTTAAA

> **rsaG**

Function: noncoding RNA ncRNA of *Staphylococcus aureus* G (core genome, constant)

Best match: *rsaG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[232733:232926] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 96203 ... 96397; Length: 194 bp

Sequence:

CCCCGACGGCATGTGCGTGAAGAGATGAAAGATACTGCTTCTACCCTTGCAAATATATCA
TCTCTATGTCTCGGGCAGATCATAATTCCTGTTATGAAGTATCCTTATTTGCCCGACTT
AGGGTACTCAATGAATTTACTCCTTACAATAAAGACATATAGCGGTGTCAATATTGTAG
GGAGTATTGTTTT

> **txbi_rsaG**

Function: bidirectional rho-independent terminator of *rsaG* (core genome, variable)

Best match: *txbi_rsaG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[232932:233001] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 96402 ... 96472; Length: 70 bp

Sequence:

TAAACTCTCTAAAAAGCGGACTGAAAGAAAAGTGAAAACCTTCTCTATCAGTCCGCTTTTT
CATAGAACAA

> **yesN**

Function: protein coding sequence; two-component sensor/response regulator (core genome, variable)

Best match: *yesN_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1*[10550:11308]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 96507 ... 97266; Length: 759 bp

Sequence:

CTATTTTGCTTGCTTACAATAATCACTTGGCGACATTTGTAAATATTTTTTAAAATGATAG
CTAAACATTTTATACTCTGAAAAGCCTACTTTGTCTGCAATTTCATAGTGTTTGTAATGTC
GATCTAACAATTGCAGAGATTGTAATAACGATAGCGATTTAAATAATCGACAATTGTAA
TACCAACATGATCTTTAAATGTTTCGCATCGCATAACGATTCACCTAACATCGATATGTTGAAT
TAAATCTGAAACAGTCACTTTTCGTTTGTAAAGATTGCTTAATTTGATCAACAATCTGATTT
ACATAATAATCATCGTATTCTACTTTTAAATAGTGGTTGGAAGGCATCATGACAAGATGCT
AAGCTACGGCCGTTCTGTGATTGTTGCTCTAATAAGGTACGGACAAGTCTTCCTAAAATA
ACTTCTAATTGTGCATGGTCTACTGGTTTTAATAAATAATCAAGAACATGATGTTGAATAC
CGGCTTTCATATATTCAAAGTCATCGTAACTCGATAATATGATGACATTACAATCTAGATG
CGCAATATCATTGAGTAAATCGACGCCATTCTTACGTGGCATAACGAATATCAGTAATTAC

TAATTCTGGCTGATGTTGTTGAATTAGTGATAATGCTTCAACACCATCTTTAGCAGTGTAT
ATTGTATTGAAATGATAGTCTCCCCACGGAATGATTTGCTTTAAACCTTCTCGAATAATAC
GCTCATCATCACAAATAACTACCTTAAACAT

> **yesM**

Function: protein coding sequence; two-component sensor/histidine kinase subunit (core genome, variable)

Best match: yesM_CC001_MSSA476_BX571857.1[232488:234044:r]RC

Position: 008-contig_256: 97258 ... 98815; Length: 1557 bp

Sequence:

TTAAACATCTACATTCCCCCTTGAAAGTGGTATTTTATAACAAATTAACGTACCTTGATTA
CGCTTTGAAAAAATATGGAGTCGTGCATGTGAACCATATTGAATCATTGCTTTATTATGTA
AATGATTTAATCCCAAATGCTTAGTATCAAATACATCATTATTAAGAGATTGGCGTACAT
ATTGCAGGCGAGATGACGACATCCCAATACCATTGTCGCAAACAAAACATGTAAATTCT
GACGTGCCAATGTCAGGCGTATAGTAATGTCCAATGACTCAGTATCTCTACCATGTTTAAT
AGCATTTTCTATGAGTGGCTGAAGCATCATTTTACCAATTGTCTGGTGACGCGCTTCTCA
GAACCTTCGATATGGAGCTTAATCATGTCATCAAAACGGATGTTTTGTATCGCAACATACT
GTTCAATGTAGTTCAACTCTTCGTTTAATTCCACTGTATGTGAGTTTGTACGTAATGAGTA
ACGTAACATTTGCGATAATTGTTGGACCACAGTTTGTGCTAATTTAGGAGATAACGTAAT
TAAATATTGTATTGTTTGCATCGTATTGAATAGGAAATGAGGTTGGAATTGGCGCTCTATT
TCCTTTAACTGAATATCACGCAAGCGACGTTCTGTATGCTCGATAGAATGGATTAGTTGCT
CATTTGATTCAAATAAATCGTAAATATAATTATTAATTTCTTCTAGTTCACTGTTGTTTTTT
AAAGGCGTATATGTACCTAGATGACGATTTTTGGCATAGTAAATTTTTGAATAATCGTTT
CGATATCTTTTGTGTCGTTTAGCCATATTATCTGCGCTAATGAAACCAAATATTACTAG
TAAAACAAGAACTACGGCCATAACAATTAACAACGTGATACCATCTTCAATGTTTTCATG
TATATCTTTATAAATAATGAGACGATGGTCAGCATGGTTTAATTTTACAGATTCATTCATA
AATCCGAATTGTTGCGGTCTATACTTTTCACCTATAGTAAAACGGTCATCGTTGGCGTATA
AAATATTGTCATATTGATCAACGATAAGTGCGAATTGTCGGCTATCTTTCTTAATTTCACT
TAAACGTGGGGTGTTAGCCATATAAATTTAAGCATATATGTAATTTAAGT
TGATGCGTTGAAAATAAATACATATTTTAGTGTTTAAATGTTTCATAATTATTGGTTATAA
ACTGATTTGGTCCAGATAATTCATAATAAAGTGTTGCGGGCTGTTGGTGTATTAATTTAA
TAATTCACGTTTTGTAGCGGTAACATCATGATGATTTGTTAAATCGAGCTCTTGAAACGAA
TTATTATGCTGTGTAATAAATGTCTGAATCTGCTTTTCAGTGTGATGTAAAGATGACTGAC
TTTCATCAACATGTTGATGAATCGTACGATGCTCAATCCAAATATAGATGGCATAGAAGC
TTACTAGTCCAATAATAATGACTAAAAATACTGGAAAAATAGTAGACGCAAATAACGAT
CGTCTCAATTGATGTCTATAAGGTTTGTATGCCGTCAT

> **Q8NYJ7**

Function: protein coding sequence; iron(III) transport system substrate-binding protein (core genome, variable)

Best match: Q8NYJ7_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[235341:236309:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 98811 ... 99780; Length: 969 bp

Sequence:

TCATTGAATCATCTCCAAAAATTTATGATGTGGAATGTCCGGTAATTTAGATTTCCGGTATT
AAAGGTATGTTCTTAAGATTTTCGATAGACTGATCGCTTTGTTCACTAACATCCTTTTCGAA
TTGACTTGGCATCGAACTCTGCAACTAATCGTTGTTGTACTGAGCGGCTTGTTAAATATTG
CACTAACTTTTTACGCTTAGGATGAGGGTGTGCATTTTTAACTAAAGCAATACCATCAAC
ATTTAACATTGTTCCCTTCAATTGGATAAACGATTGATACAGGATAACCTTTGTTTTTCCAT
GTGCGTGCATCTTGTTTCGTAGCTTAGACCTGCGTAATATTTACCTTTTGCAACATCTTCAA
TGACTTTAGACGTCTTTGACAGTTGCATCGCATGGTTTTGGAATTGATGCACATCACTTAC
TCGATGATGCATGCTATAAATAGCGCGCATATGTTGATAGCCTGTCGTTGTTGTATTTGGA
TTTGAGTACGCAATTTTACCTTTAAGTATAGGTTGTAATAAATCTTGATAACCTCGAATCT
TAATATCTCCTTGTAATCTGAATTCACTACTATAACTGTTGGCATTAAATAGAAAACCTAGT
AACATATTTATTGTTTCGAGCGATAATCCTCTAATTGCTGTGTTACAGATGTATCTTGATAG

GGAACAAAATCTTCTGGATGATCAATTGTTTCTGATAACACACCACCCATAAAGACGTCA
CCACGCTCCGAAAAATCTTCGTTATGCAAGTTTGAAAGCAGTACTTGAGTAGATCCATGT
TTGATTTCAATTTTGACATGCTCTTGTGTTTTCAAATTCATTTAAAATTGGACGAATCAAGTT
TGATTGATACGGAGAATAAACTGTTAATACATTTTTATCTGATTCAGAGTGACGCGTATTA
GCGCATGCTGATAAAAAAATGAGAAATAATAGCAAGATATAAATTTTTGATTTTCAT

> **pflB**

Function: protein coding sequence; formate acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: pflB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[236897:239146]

Position: 008-contig_256: 100367 ... 102617; Length: 2250 bp

Sequence:

ATGTTAGAAACAAATAAAAATCATGCAACAGCTTGGCAAGGATTTAAAATGGAAGATG
GAACAGACACGTAGATGTAAGAGAGTTTATCCAATTAACACTACACTCTTTATGAAGGTAA
TGATTCATTTTTAGCAGGACCAACAGAAGCAACTTCTAAACTTTGGGAACAAGTAATGCA
GTTATCGAAAGAAGAACGTGAACGTGGCGGCATGTGGGATATGGACACGAAAGTAGCTT
CAACAATCACATCTCATGATGCTGGTTATTTAGACAAAGATTTAGAAACAATTGTAGGTG
TACAACTGAAAAGCCATTCAAACGTTCAATGCAACCATTCCGGTGGTATTCGTATGGCGA
AAGCAGCTTGTGAAGCTTACGGTTACGAATTAGACGAAGAACTGAAAAAATCTTTACA
GATTATCGTAAAACACATAACCAAGGTGTATTCGATGCATATTCTAGAGAAATGTTGAAC
TGCCGTAAAGCAGGTGTAATCACTGGTTTACCTGATGCATACGGACGTGGACGTATTATC
GGTACTATCGTCGTGTAGCTTTATATGGTGTAGATTTCTTAATGGAAGAAAAAATGCAC
GACTTCAACACGATGTCTACAGAAATGTCAGAAGATGTAATTCGTTTACGTGAAGAATTA
TCAGAACAATATCGTGCATTAAGAATTAAAAGAAGCTTGGACAAAAATATGGTTTCGAT
TTAAGCCGTCCAGCAGAAAACCTTCAAAGAAGCAGTTCAATGGTTATACTTAGCATACTT
GCTGCAATTAAGAACAACCGGTGCAGCAATGAGTTTAGGTCGTACATCAACATTCTTA
GATATCTATGCTGAACGTGACCTTAAAGCAGGCGTTATTACTGAAAGCGAAGTTCAAGAA
ATTATTGACCACTTCATCATGAAATTACGTATTGTTAAATTTGCTCGTACACCTGATTACA
ATGAATTATTCTCTGGAGACCCAACCTGGGTAACCTGAATCTATCGGTGGTGTAGGTATTG
ACGGACGTCCACTTGTACGAAAACTCATTCCGTTTCTTACACTCATTAGATAACTTAGG
TCCAGCACCAGAACCAAACTTAACAGTATTATGGTCAGTACGTTTACCTGACAACCTCAA
AACATACTGTGCAAAAATGAGTATTAACAAGTTCTATCCAATATGAAAATGATGACAT
TATGCGTGAAAGCTATGGCGATGACTATGGTATCGCATGTTGTGTATCAGCGATGACAAT
TGGTAAACAAATGCAATTCTTCGGTGCACGTGCGAACTTAGCTAAACATTACTTTACGC
TATCAATGGTGGTAAAGATGAAAAATCTGGTGCACAAGTTGGTCCAACTTCGAAGGTAT
TAACAGCGAAGTATTAGAATATGACGAAGTATCAAGAAATTTGATCAAATGATGGATTG
GCTAGCAGGTGTTACATTAACCTAATAATGTTATTCACTACATGCACGATAAATACAG
CTATGAACGTATTGAAATGGCATTACATGATACAGAAATTGTACGTACAATGGCAACAGG
TATCGCTGGTTTATCAGTAGCAGCTGACTCATTATCTGCAATTAATATGCACAAGTTAAA
CCAATTCGTAACGAAGAAGGTCTTGTAGTAGACTTTGAAATCGAAGGCGACTTCCCTAAA
TACGGTAAACAATGACGACCGTGTAGATGATATCGCAGTTGATTTAGTAGAACGCTTCATG
ACTAAATTACGTAGTCATAAAACATATCGTGATTCAGAACATACAATGAGTGTATTAACA
ATTACTTCAAACGTTGTATACGGTAAGAAAACCTGGTAACACACCAGACGGACGTAAAGCT
GGCGAACCATTTGCACCAGGTGCAAACCCAATGCATGGCCGTGACCAAAAAGGTGCATT
ATCTTCATTAAGTTCTGTAGCTAAGATCCCTTACGATTGCTGTAAAGATGGTATTTCAAAT
ACATTCAGTATCGTACCAAAATCATTAGGTAAAGAACCAGAAGATCAAACCGTAACTTA
ACTAGTATGTTAGATGGTTACGCAATGCAATGTGGTCACCACTTAAATATTAACGTATTTA
ACCGTGAACATTAATAGATGCAATGGAACATCCAGAAGAATATCCACAGTTAAACAATC
CGTGTATCTGGTTACGCTGTTAACTTCATTAATTAACACGTGAACAACAATTAGATGTA
ATTTCTCGTACATTCCATGAAAGTATGTAA

> **pflA**

Function: protein coding sequence; pyruvate formate-lyase-activating enzyme (core genome, constant)

Best match: pflA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[239169:239924]

Position: 008-contig_256: 102639 ... 103395; Length: 756 bp

Sequence:

ATGCTTAAGGGACACTTACATTCTGTGCGAAAGTTTAGGTACTGTGCGATGGACCGGGATTA
AGATATATATTATTTACACAAGGATGCTTACTTAGATGCTTGTATTGCCATAATCCAGATA
CTTGGAAAATTAGTGAGCCATCAAGAGAAGTCACAGTTGATGAAATGGTGAATGAAATA
TTACCATACAAACCATACTTTGATGCATCGGGTGGCGGTGTAACAGTCAGTGGTGGCGAA
CCATTGTTACAAATGCCATTCTTAGAAAAATTATTTGCAGAATTA AAAAGAAAATGGTGTG
CACACTTGCTTAGACACATCGGCTGGATGTGCTAATGATACAAAAGCATTTC AAAGGCAT
TTTGAAGAATTACAAAACATACAGACTTGATATTATTAGATATAAAAACATATTGATAAT
GACAAACATATTAGATTGACAGGAAAGCCTAATACACACATCCTTAACCTTCGCGCGCAAA
CTGTCAGATATGAAACAACCTGTATGGATTCGACATGTCCTTGTGCCTGGTTATTCTGATG
ATAAAGACGATTTAATTA AACTAGGGGAATTTATTAATTCTCTTGATAACGTCGAAAAGT
TTGAAATTCTGCCATATCATCAGTTAGGTGTT CATAAGTGGAAAACATTGGGCATTGCAT
ATGAATTAGAAGATGTCGAAGCGCCCGATGATGAAGCTGTTAAAGCAGCCTACCGTTATG
TTAACTTCAAAGGGAAAATTCCCGTTGAATTATAA

> **glpQ1**

Function: protein coding sequence; glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (core genome, variable)

Best match: glpQ1_AB158555.1[1:1764]

Position: 008-contig_256: 103730 ... 105494; Length: 1764 bp

Sequence:

ATGAAGAGAATTAGTAAAGATATATGGGCAGTATTTAAATTACTGTATCAAAAATAAAGG
GCGTTTTAGCATTAAATGCCTTACTATTGCAGTTAATCATGATTTTTATTAGTAGTACATAC
TTAATTTTACTATTTAATATGATGTTAAAAGTAGCTGGGCAAAGCCAACCTTACGATTAAC
AATTGGACGGAAATCATAAGTCATCCTGCCAGTGTGATACTTCTTATTATATTCATATTA
GTGTTGCTTTTCTGATTTATGTAGAGTTTTCAATTGTTAGTTTATATGGTTTATGCCGGCTTT
GATCGACAGATTATTACATTTAAATCCATTTTTAAAAATGCCTTTGTAAATGTGCGTAAAC
TCATAGGTGTACCAGTTATTTCTTTGTCATTTATTTAATGTTAATGATACCCATTGCCAAC
CTAGGACTAAGTTCAGTATTAACAAAAAATATTTACATACCTAAATTTTTAACGGAAGAA
CTTATGAAAACGACGAAAGGTATAATCATTACGGTACCTTTATGATTGCTGTATTTATAT
TAACTTTAAATTAATATTTACCTTACCGTTAACGATTTTAAACCGTCAGTCGTTATTTAA
AAATATGAGACTAAGTTGGCAAATTACGAAGCGAAATAAGTTTTCGACTTGTATAGAAAT
AGTTATATTGGAACCTCATCATTGGTGCATTTTTAACATTAATTATTTTCAGGAGCAACATAT
CTTGCTATTTGTGTAGATGAAGAAGGAGATAAGTTTTTGTCTCATCAATTTTATTTGTTG
TATTGAAAAGCGCATTGTTCTTCTATTATTTATTTACGAAATTATCATTAAATCAGTGTGTT
AGTACTGCACTTAAAACAAGAGAATGTATTAGACCAACCGGGCTTAGAATTTAAATACCC
AAAACCGAAACGGAAGTCTAGGTTCTTTATAATTTCAATGGTGCTTGCAGTGACATGTTTT
ATCGGTTATAACATGTACTTACTTTACAATAATACTATCAATACAAATATCTCCATTATTG
GCCATCGTGGTTTCGAAGATAAAGGCGTTGAAAATTTCTATTCCGTCATTGAAAGCTGCTG
CAAAGCGAATGTCGAATACGTTGAGTTAGATACAATTATGACGAAAGATAAACAATTT
GTTGTTAGTCATGATAACAATTTGAAACGTTTAAACAGGTGTTAATAAAAACATTTCTGAA
TCTAATTTCAAAGATGTCGTCGGTTTTGAAAATGCGTCAAAAATGGACATGAAGCAAAACTT
GTATCCTTAGACGAATTTATTGAAACGGCTAAACAATCAAATGTGAAGCTATTAGTAGAG
TTAAAGCCACATGGTAAAGAACCAGCAAATTATACACAACGTGTTATTGATATTTTGAAA
AAGCATGGTGTGGAACATCAATATCGTGTGATGTCATTGGATTATGATGTGATGACTAAG
TTGAAAAAAGAAGCGCCATATCTCAAGTGTGGTTATATCATTCCGTTGCAGTTTGGTCATT
TTAAAGAAACATCATTAGATTTCTTTGTCATCGAAGATTTTCTTATTCCGCAAGACTTGT
TAATCAAGCGCACTTGGAAAATAAAGAAGTCTATACTTGGACTATTAACGGCGAAGAAG
ATTTAACGAAATACTTACAAACCAATGTTGATGGTATTATCACAGATGACCCAGCATTAG
CTGATCAGATTAAGAAGAAAAGAAAGACGAAACATACTTCGATCGTTCTATAAGAATTT
TGTTTGAATAA

> **Q2YV49**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2YV49_CC001-ST772_118_AJGE01000016.1[1814:2158]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 105657 ... 106002; Length: 345 bp

Sequence:

```
TTAATTGTTTTGTGAATGCAAAGGGTTAGAAATTGAATCGTAAATACTTTCTAATCTATGT
TTCGCTTTAGTCATTTGATCCAAATTTTTAGTGCGTATAACGGATTTTGCAATATAATGTG
CAGCTAAAATATCGCGTTTTTGATAAGCGTCTAAATTTAGGTACGATAATTTATTTAAGTC
AGTGTGGCTATTAATTCATGTAATTGATCTACAAGCGCTTGATGTTGATACGTATGTGAT
GTAGTTTCAGATTTGCTTGCTAATTTAATACCAGTCGTATCAAGGAGCGCCGCTTTAATAC
CAGCAACTAAATATGTTTTGATTTTCATTTGTGTTGTCAT
```

> **coa**

Function: protein coding sequence; staph coagulase chv

Best match: coa-SV06_ref_AB158552.1[2462:4450] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 106191 ... 108180; Length: 1989 bp

Sequence:

```
ATGAAAAAGCAAATAATTTGCTAGGCGCATTAGCAGTTGCATCTAGCTTATTTACATGG
GATAACAAAGCAGATGCGATAGTAACAAAGGATTATAGTGGGAAATCACAAGTTAATGC
TGGGAGTAAAAATGGGACACCGATTTCTAATGGTTACTTTTGGGGGAAAATCGATAGTCT
AGAATCACAATTTCTAAAGCATTAGCAATAATTGAAGAGTATCAATATGGTGAGAAAGA
ATATAAAGATGCAAAGATAAGTTTATGGATAGAATTTTGTGAGAAGATCAATATCTTTT
GGAGAAAAAGAAAGCTCTGTATGAGAAATATAAAGAGTGGTATAAAAAGCACAAAGAG
ATAAACCCAACTTATCCAAAATGCAAACATTCCATGAATTTAGTGTATATAATCTAACT
ATGGAAGAATACAATGAGATTTCTAAATCTTTGAAAGATGCGGAAGAAGAGTTTCGTAA
AAATGTAAGAGAAGTTCAAGAGAAAGAAGTCAAATTA AAAACATATAGCGAAGATGAA
GAAGAAAAGGCAACTAAAGAAGTATACGATCTTGTAGCCGAAGTTGATACTATATATGT
ATCTTATTTTGGACATGATAAACATGGTCAAAGTGCTAAAGAATTGCGTGCGAAATTAGA
TTTAATAATTGGAGAGGAAAAAACGCCTTTTCGTATTACTAATGAACGTATAAAAAATGA
AATGATTTATGACTTAAATTCTATTATTGACGATTTCTTTATGGAAACTAACCAAAATAGA
CCGAAAATATAACAAAATTTGATTGGGATAAGCATGATTATAGAAATAAACCAGAAAA
CAAAGCAAATTTTGAGGCTCTAGTTAAAGAACTAAAGGTGCGGTGCGATAAGGCAGATG
ATTCTTGGAAAACAAAACGTCAAAAATTACGGTGAATCTGAAACAAAATCGCCAGTAG
TAAAAGAAGAGAAGAAAGTTGAAGAACCTCAAGCACCTAAAGTTGATAACCAACAAGAA
GTTAAACTACTGCTGGTAAAGCTGAAGAAACAACACAACCAGTGGCACAGCCATTAGT
AAAATTCCACAAGGAACAATCTATGGTAAAACCTGTA AAAAGGTCCAGACTATCCAACAT
GGAAAATAAAACGTTACAAGGTGTAATTGTTCAAGGTCCAGATTTCCCAACAATGGAACA
AAGCGGCCCATCATTAAAGCAATAATTATACAAACCCACCGTTAACGAACCCTATTTTAGA
AGGTCTTGAAGGTAGCTCATCTAACTTGAATAAAAACCACAAGGTACTGAATCAACGTT
AAAAGGTACTCAAGGAGAATCAAGTGATATTGAAGTTAAACCTCAAGCATCTGAAACAA
CAGAAGCATCACATTATCCAGCGAGACCTCAATTTAACAAAACACCTAAATATGTTAAAT
ATAGAGATGCTGGTACAGGTATCCGTGAATACAACGATGGAACATTTGGATATGAAGCG
AGACCAAGATTCAATAAGCCATCAGAAACAAACGCATACAACGTAACGACAAATCAAGA
TGGCACAGTAACATATGGCGCTCGTCCAACACAAAACAAGGCAAGCAAAAACAAACGCAT
ATAACGTAACAACACATGCAAACGGTCAAGTATCATAACGAGCTCGTCCGACATACAAG
AAGCCAAGCAAAAACAAATGCATACAACGTAACAACACATGCAAATGGTCAAGTATCATA
TGGCGCTCGCCCGACACAAAACAAGCCAAGCAAAAACAAATGCATATAACGTAACAACAC
ATGCAAATGGTCAAGTATCATAACGAGCTCGCCCGACATACAAGAAGCCAAGCGAAACA
AATGCATACAACGTAACAACACATGCAAATGGTCAAGTATCATATGGCGCTCGCCCGACA
CAAAAAAGCCAAGCGAAACAACGCATATAACGTAACAACACATGCAGATGGTACTGC
GACATATGGGCCTAGAGTAACAAAATAA
```

> **tx_coa**

Function: rho-independent terminator

Best match: tx_coa_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[244890:244937] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 108447 ... 108495; Length: 48 bp

Sequence:

```
CAAGTCTAGTTCGAACACACACTGATGTGAGTGGTTTTCTTTATTTTA
```

> **fadA**

Function: protein coding sequence; 3-ketoacyl-CoA transferase (core genome, variable)

Best match: fadA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[267199:268383:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 108766 ... 109951; Length: 1185 bp

Sequence:

```
CTAACGCACATACTCAAATATAGCAGCTGCACCCATGCCGACACCAATACACATCGTAAC
CATGCCGTAACGGCTATCGGGACGTCTACCCATTTCAATTAAGTAAACGCGCGGTTAACAT
TGCCCCTGTAGCACCTAATGGATGACCTAAAGCAATAGCGCCACCATTACATTTCGTACG
TGATATATCTAGACCTACTTCTTTAATAGATGCAATCGTTTGAGAAGCAAATGCTTCGTTT
AATTCGATCAAATCAATGTCTTCAACAGATAGATTGCTGAGTGACAATACTTCAGGAATC
GCATATGCAGGCCAATACCCATAATTTTCGGGTCAACGCCTACTGCCTTATAACCAACG
AATCGTGCAATAGGTGTCACGCCTAGTTCTTTCACCTTATCTCCAGACATTAAAACACTACAA
ATCCTGCACCATCAGAAAGTGGGGCAGATGTTCCCGCAGTCACAGTGCCGTCAGCTTTAA
ATACTGTACGTAATTTGGCTAATGCCTCCATCGTGGTGTGAGGGCGTATAAATTCATCTTG
GTCAAAGATATTTGTGTGTACTTTTGGTCCTGCGTTTGTATATCAACTGAGTTTACCCGT
ATTGGAATAAATTTTCACTTTTGAACCGACCATCACGTTGTGCGTCATAGGCACGTTGATGAC
TTCTGACAGCATAAGCATCTTGATCTTCGCGTGATACGTCAAATTGGGATGCTACATTTTC
AGCAGTTAAACCCATAGGATATGACGCACCTATATCATCATATTGTAAGGTTGGATTGTT
TGTGGGCTCGTTGCCACCCATTGGTACGGCACTCATCAATTCAACGCCACCAGCTACAAG
TATATCTCCTTGACCAGCCATAATTTGATTGGCTGCAATCGCGATGGTTTGTAAATCCTGAT
GAGCAGTAGCGATTCACTGTTTGACCCGGTACCGTGTGAGATAATCCCGCACGCAATGCA
ATCGTTTCGTGCAATGTTTTGTCCTTGTAAATCCTTCTGGAAAAGCCGTACCAACAATGACAT
CTTCAATCATATTCTTATTGAATTTCCGTCAATACGTTTCAATACGCCTTGTAATACTTTG
GCTGCGACATCATCAGGTCTTTCGTGGAATAATGCGCCTTGCTTTGCTTTCGCTGCGGCTG
AACGCCATAAGCTACAATGTATGCTTCTTGCAT
```

> **fadB**

Function: protein coding sequence; NAD binding 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: fadB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[268413:270674:r]RC

Position: 008-contig_256: 109980 ... 112242; Length: 2262 bp

Sequence:

```
TTAATTACGTAATGGCTTACCAGTTTTTAACATATGTGCAATTCTTTCATATGATTTTTTTAG
ATTTTAGTAAGTCAATAAAGCCAATTTTCTCCAACGATTGAATGTAACGTTGATTTATAAA
TGATTTTCTTGGTAAATCACCACCCGCTAAAATTGTGGCGATATTTAAGGCGATATGATA
ATCATGGTCGCTAATAAAAATGCCCCCGTCTTTGCGCATCTAATTGTCCTTGGATCAATGCT
TTGAAGTCTTCACCTAAAGCGATATATTGATGTCTAGGATTCGGAATATAGTTTGTTTCTG
CTTCATATTTTCGCACGTTTGTGAGCGCAACTTCGACACGTTGTGCTGTATTGAAAATAATCGT
ATCTGTATCACGTAAATAACCATAACGACGTGCCTCAAAGGCATTTGTAGAGACTTTTCGC
AAATGCGATATTCGTCAGTACTTTTGTGTCATGGAAGCTTGTGTCATCAAACCTTATGCGAT
GTGCGTAATATGCGATCAGCCATTTCTGCAAGGCCACCGCCACTCGGTAATAAGCCAACG
CCTGCTTCAACAAGACCTATATATGTTTCACTTGCAGCGACAACAATAGGTGAGTAAAGT
ACAAGCTCACAGCCACCGCCTAAGGCACGACCTTGAACAGCTGTGACTACTGGTTTCAA
CTATACTTCAAACGATTAAAGCTATAATGTAATTTATCAATTGATTGTGCAACGACATCAT
CTACAAGACCGTCTTCATGCGCCTTTTTCATTAAGAAAAGGTTAGCACCCACACTGAAAT
TATTACCATCTGCATAAATGACCATACTTGTGTAATGGTCATTTTCCAGTAAATCAATGGC
ATCAACTAACGCATCGTTGAATTCATCGGTAATGACATTATTTTACTTTGTAATTTTCAAGT
AACAGTTGATCATCATGAGTTACGGAAAGTTTGGCATCACCTTTATCCCAAAGTTCATCTT
TTACGAAGTGAGAAACAGGTGTTGCATATTCGATGGTCTCATCTTGTGTTATAAAAGCCAC
CATCTAAATCACTAATCCATTGTGGTAAGTCTCCAATTTTCGTCTTCCATACGTGTTTTAAC
ACGTTTCATATCCCATTGCATCCCATAATTGGAATGGACCAAGTTTCCAGTTGAACCCCA
GACAAGCGCACGGTCTATGTCTCGGAAATCATCGGTAGCTTTAGGTACATTGATAGCAGA
GTAATAGAAATTATTACGTAATGTCTCCATAAAAATAGTCCCGCTTCGTCTTGCAGATTG
AATATGACATCAAGGTTATGCACTAAGTCTTTATTAATTCATTTAAAATTTGGTAATTGTG
GTTGCGATACAGGTACATAATCTTGTTTTTCAACATCGTAAACAAGTCGAGCTTTAGTTTC
```

TTTATCCTTTTTGTAAAATCCTTGTTTTCGTTTTACGTCCGAGTGCGCCATTGTCAAACAACG
TATTTACAATTTTGACATCATGAAAATAAGGCGTTTCTTCAGGTACTTGTTGCATGCCTTT
AATTACAGACACTGCAATATCTAAACCGACTAGGTCAGATAGGGCATATGTACCTGTTTT
AGGACGACCAATCGCTTGCCCAGTTAAAGCATCCACATCTACAATGCTTAACTTGTGTTG
CTCGGCGCGATAATAATATCATTCAATTGTTTGCCTGCGGACTCTATTTGCGACAAAGCCA
GGCACATCATTGACGACAATGACACCTTTACCTAACACATTTTGCAGGAAATTTTTTACAT
CTAATATGATAGATTCCCTTCGTGTGTGACGTAGGTATTAACCTCCACTAATTCATAATACG
TGGTGGGTTAAAGAAATGTAGACCAAAGAATCGTTCCTTGATCCTTCTCGTTAAATGTTTG
AGCAATCGCATTAAATTGGAATACCTGATGTATTTGTAGCGAATAAAGCATCTTCTTTAGC
ATGTTGTAGAAGTTGTTGCCAAACAGCATGCTTAATTTCAATATCTTCTTTAACTGCTTCG
ATATATAAATCAGCATCATCATTTACCAAGTCATCATCAAAATTACCATATGTTAAATGA
CTCGCTAGATTTAAGTCGAATAGTAGCGGCCGTTTCTTATCTGTAATTTTATCGTAAGATT
TTTTCGCAATGAGATTTGGATCGTTTTTGTCCACTACAATATCTAATAGTTTTACTTTAAGT
CCAGCATTCACAAAGAGTGCTGCCAGTTGAGCGCCCATCGTGCCTGCGCCAAGAACGGTT
ACTTTATTAATTGTCAT

> **fadD**

Function: protein coding sequence; putative acyl-CoA dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: fadD_CC001_MSSA476_BX571857.1[247587:248798:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 112428 ... 113640; Length: 1212 bp

Sequence:

TTATACGAAAGCAGAATCTCCAGTCAAAGCGCGTCCAATTAAGGCATTAATTTTCATG
TGTACCTTCGTACGTGTAATCGCTTCTGCATCAGAGAAGAAACGTGCAATATCATAATC
GTCAGCTAGTATGCCATTACCACCTGTAATACCACGGCCCATAGCTACTGTCTCACGCAA
ACGTAAGGCATTCATCATCTTCGCCGTTGAAGTTGCAACCTCGTCATATTCACCATGTGCT
TGCATATTAGCTAATTGAGCACATGTTGCCATTGCTTGAGCTAAATTACCTTGCATCATTG
CTAGCTTTTCTTGTATTAAGTATTTACTAATTGGTTTGGCCGAATTGCTTACGCTCAGTG
ACATAATCTAATGTGGCACGTAAAGCGCCAGCCATACCACCTGTAGCCATATAAGCAACG
CCTGCTCTCGTTGAATAAAGAATTTTGGCAATATCTTTAAAGCTTGTTATGTTTTGTAAGC
GATCCGCTTCATCTACTTTGACATTAGTTAATTTAATTAGGGCGTTAGGAACAATGCGAA
GTGCGATTTTATTATCAATGACTTCAATATCGACGCCATCTTGTCTGGTCTGACTACAAA
GCAATGGGGTTTGCCAGTTTCTTTATTTACTGCGAATACTGGAATGACATCAGATACATGT
GCACCACCAATCCATTTCTTTTACCATTGATAACCCAAGTATCGCCCTGGCGTTCAGCGA
CTGTTTCAAGACCTCCCGCAACGTCCGAACCGTGTCTGGTTCAGTTAAAGCAAAGCATG
TACGCAGTTCATGTGACTGTAATTTAGGTACATATTTGCAATTTGTTCTTTGCTACCTCC
GAAATAGAAAGTGTTATGCCCTAAACCTTGGTGAACACCGAGTAGGGTAGCTAAGGAAA
TATCAAATCGCGCGAGTAGGTAAGACATGAAAAACTGAAATAGTTGACTAGGCATTTTGG
CGTTTGGACGATCCTTGTAAGTAATGGATTGTTAAAATAATTTAATTCTCCAGATCTTT
AAAATAGTCCCTCGGGTACAGTAGCGTCTATCCAATGTTGATTAATATTTTACGGTACTTA
CTTTCTAGCAATGAATCTACTTGTGTAATAAATTCGACTTCACCGTCTGTTAAACCTTTAG
CAATACTAAGTACATCTTCAGGAAATAATGTTTTTAAGACCGTTTCTTTTCAAATGTCAT

> **fadE**

Function: protein coding sequence; putative acyl-CoA synthetase (core genome, constant)

Best match: fadE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[250210:251715:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 113751 ... 115257; Length: 1506 bp

Sequence:

TTAAAGTGTTTGTGAGACTTTGTCATTCATCATTTGTGCAATCGCAAGTTTATCTGGTTTCT
GCGTACTGTTTAAACGGCATATGTGTCACTGGTACATACATTCTTGGGACTTTATAACCTGC
TAAACGACTTCGCATATGTTGATCTAAAATTTACAGCGTAATGAGGTTTCATCTTCGCGAAGT
ATAATGGCTGCAGCAATTGATTCACCATATTTTGGATGATCATAGCCAACGACCACACAC
CGGTCTACTAGTGGATGCTCAGCTAAAGCATTTTCGACTTCGGATGGTAAGACATTTTCGC
CACCAGTTATGATTAATTCTTTTTTTCGGTCAATAAATAAATATATCGCCATCGTCGTCAT
CTTCGCTAAGTACCAGTTAATAAATAACGACCATGAAATGCTTTGGCAGTCTCTGCTGG
TTTATTCCAATATCCTGGCGTGACATTTTTAGCCTTAATTGCAAGTTCGCCAATCTCACCA

GTAGGTACTTCCTCACCGTTATCATCAAGGATACGTGCATCAACGAACATGACTGCTTTA
CCAATACTCATTGGCTTACGTTTTGAATTTTCCGGTGTATTAACAAGTACAAGAGGTGCTT
CAGTTAAACCATAGCCGTTAATAATGTTTATGCCATATTGTTTAAAAGCTGCTTGGATACT
TGTAATGGTTGTGAACCACCTTGGATGATATAATCCATAGCTTTAAAATTTTCAGGATTA
AAATTACTAGCACGTAGCGTACTATAATACATTGTCGGAATCATGATAATAAATGTAGGG
TGATATTGTGCAATCATGTCATTCAATTCTTCGCCGTTAAAGTAACGTTGAAGAATAAGTG
TGCCACCTGACATCAATACTGGTAATACAGTATCGTTAAACCCTAAAACATGGAACATTG
GTGTTGATACAATCGTAATATAGTTTGAATTGAACTTATACGTCAGCTCTAAGTTTGCACC
GTTATGAACAAATGATTCATATGAGAACATCACACCTTTAGGTGATCCGTTGTACCACT
TGTATAAATTAATGCTGCAAGATCTTGTGGTTCGACAGGTGTTGCTTGAAAAGGTTGGTG
ATAATCTGGATTTACGATTTTCATCATATTGCGCTACATCAATATCCATATGCAATAAGTTT
TGGTCAATATCGGTGAGTGAACCTTAAATGTTTTTCAGCATAGAAGAGCAGTTTTAATTGT
GCATCTTCCACAATGGCTGCAATTTCTTTGGGTTAAGCCGCAATTCAATGGTAAAAAA
ACCGCACCTGTTTTAAAACAAGCAAACAATAAATCTAATATTGCAATATCATTTGGCGCA
AAAATACCGATAACATCGCCTTTTTAACACCTTGAGATGTTAAATAATGTGCCATATTAT
CAGCGCGTGCATTGAGTTGTTGGTATGTCCAAGATGTTTGTGTTTGCCTGATCAATAACGGC
AGGCTTGTATCATCGAAGTCTGAACGCGTTTTTATCCAATCGAAATTCAT

> **fadX**

Function: protein coding sequence; putative acetyl-CoA/acetoacetyl-CoA transferase (core genome, constant)

Best match: fadX_CC001_MSSA476_BX571857.1[250441:252003:r]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 115282 ... 116845; Length: 1563 bp

Sequence:

TCATACTTTATGAATTGATTGTTTAAAGTTGTCCCATTTTTCTTTGTAATGCTGGTATCAA
TTAATTTTAAATGATCAGCAATAATTGGTTTAAAAGCCATTTGATTCAAAATATCTTTATG
CAAATCAAGACCTGGTGAATTTCAATTAGTTTCAAGCCTTGATTGGTGAGTTCGAATACT
GCACGCTCAGTAACAAAATAGACTTCTTGCTCGAGTGATTGTGAATATTGTGCATTAAG
TCGATATGGCTCACATCTGATACAAATTTCTGGTTTTGTCCTTCAGTTTCAATGTTTAAATCG
TTGATTATGGCATGAGACATGACTGCCAGCTACAAAAGTACCTGAAAAGATAATTTTATT
TACAGATTGCGTAATGTCTATAAAGCCACCACATCCATTTAGTCGGTCATTGAAGTAAGA
CACGTTGACATTGCCGTATTGATCAACCTCAGCAAAGCTAAGATAGGCAACTGATACACC
ATTGTTATAAATAAAATCCCATGCTCGATCATGAGGCATGCGCACATCTGCATTGTAATTC
ATACCAAATGTTACGACTCCCAACGAATCCACCGAAAATGCCAACATCTAAAATCGGT
TGCACATCATGTTCAACACATTCTTCGTGCAATAAATTAGAGAGTTCATTATTGATGCCAT
AACCGATGCTAATTGTATCGCCATAAGTTAAAAACTGAGCAGCACGTCGGAGAATCAATT
TGCGACTATTAAGGTAATGCGGGTTCAGGTATTCCATCAATTCTGTTCTTCTCCAGACAA
GGCTGGTAAATAATGACTCTGAATTACTTGGCGGTGATTCTTTTCATCTTCTGTGACGTAT
ACATAATCGACAAGATTTCTGGGATAACAACCTTCATTCGGTTTTAGTTGATATCCGTCAA
CTAAAGCTTTAACTTGTACAATAACTTTCCCATGATTGGCTTTCGCGTTTAAATGCGACATG
ATAACACTCGCTCAAGTACGCTTCTTGAGTTAAATAAATGTTACCTTGTTGATCTGCGTAT
GTTCTCTCAGTAGTGCCACATCAACGCTAGGGAATGTGTAATGTAAGTATGTTTCATCGT
TGATGGTTACTAATGAACTAAATCATCAGTTGTTCTGTGATTTACTTTACCGCCACCGTA
TCTAGGATCAACAGCTGTGTTTAAATCCGATTTTAGTAATAACTCCAGGTAATAATTGATTA
CTCTGACGATAATGAGTTGCAATGATACCTTGTGGTAAAAAATAAGCTTCAATGTCATTA
TTTTTCATTGCTTGTGCCGTTTTGGAAGAAGCCGTTAAAATGCTCATAATGACACGTTTAA
TCATGCGACGTTCTATAAAATCATCTAAATCCGGTGCGGCACCTAAACTATGGATATCAT
TCGCTAATAATAACGTTAAATCTTTGGGCGTATGATATGTGTCATGTTGCGCTAACACAGC
ACGTAGAACTTCGGCGGGTAAGTTGGCTACAGCTAATGCTGGTAAACCAATCACATCACC
ATCTTTAATGATATGTTGTAAGTCGTGCCATGTGATTTGTTCAA

> **Q5HJE2**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HJE2_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[68669:69811:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 117300 ... 118443; Length: 1143 bp

Sequence:

```
ATGTCATCAGCAAGTACACAATCAACTAAGACGTCCGACATACATAATGAATCTATCAAT
AAACAAATGGAAGCCAAAGCGCATGAAACAGCGCAAATGCAGATTTAAAAACCGAAG
CAAGAAGTTTATTTGATAATGCAACCAAATCAATCGGTAGACTAGCCGGCAATGATGAAA
GCTTAAATCTTAATTTAAAAAGATATGTTTTCTGAAGTATTTAAGCCGCATACTAAAAACG
AAGCAGATGAAATATTTATAGCGGGTACTGCTAAAACACTACGCCAGCAATTTGTGACATAT
CAGAAGAATGGGGGAAGCCATGGCTCTTTTCTCGAGTATTCATCGCTTTCACAGTAACAT
TTATTGGATTATGGGTCATGGCAGCGATTTTTTAATAACACTAACGCGATTCCGGGTCTCAT
TTTTATAGGGGCTTTAACAGTACCATTATCGGGTTTGTCTTCTTTTATGAATCAAATGCG
TTTTAAAAATATTAGCATTTTTGAAGTTATTATCATGTTCTTTATTGGCGGCGTATTTTCATT
ACTAAGTACGATGGTATTATATAGATTTGTCTGTTTTAGTGATCAATTCGAAAGGTTTGGT
TCTTTAACATTTTTCGATGCATTTTGTAGTAGGATTAGTTGAAGAACTGGAAAAGCACTCA
TTATTGTTTATTTTCGTCATAAAATTGAAAACAAATAAGATTTTGAATGGATTATTAATCGG
TGCTGCTATTGGTGCAGGGTTCGCAGTTTTTGAATCAGCAGGTATATTTTGAATTCGCT
TTAGGGGAAAATGTCCATTATTAGATATTGTCTTCACACGTGCGTGGACTGCGATTGGT
GGTCATTTAGTTGGTCAGCGATTGTTGGTGCTGCAATAGTTATTGCGAAAGAACAGCAT
GGCTTTGAATTCAAAGATATTTTTGATAAACGCTTTTTAATATTCTTTTTATCAGCCGTTGG
TTTACATGGCATTGTTGGGATACATCTTTAACTGTACTTGGCAGTGATACGTTGAAAATATTT
ATTTAATCGTTATTGTGTGGATACTTGTATTCAATTTAATGGGGGCAGGTTTAAAACAAG
TGAATTTACTGCAGAAAGAATTTAAGAACAACAGAAAAAAGTAGGCGAATAA
```

> **hmp**

Function: protein coding sequence; FAD-binding oxidoreductase (core genome, variable)

Best match: hmp_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[64825:65970]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 121141 ... 122287; Length: 1146 bp

Sequence:

```
TTATACTGCAACGCTTAGTCTTGGAAATAAATGTTTCGTAGTGTACGCGATCCATATCGTAA
TTTAAAGATTTAAGTGCTTCGATCATAGATTGTAAGAATTTTGTACCACCACAGATATAA
ATTTACAGGTTTATTTGCTAAAAATACTTGTAAATCTTCAGCGCCAATATAGCCTTGTTTAT
CTTTTAAAGTGAGTATATAACTTAGCGTTGTCATGATGGCTTGCGATACTGTTGAAGTTGTC
TTTGAAAGGTAAATGTTGTTTCAATTTTCAGCAACTTGAACCATCTGTGTATCTAAACCTTTG
GCAGAGGCAGCTTCATACATAGCTACTAAAGGTGTAACACCAATACCTGAACCTAAGAA
AAGTTGTGGTTCAGTCGTATTCTCTAATACGAATCCACCTACAGGTGCAACTAAATTAATC
ATATCGCCTTCTTTAATCTCATCGTGTAATAATTGTTGAAACTTCGCCTTCATGTTCTGTTGT
GACATCACGTTTAAACGCCAAAAGTTAAATGGTTTTTATCACCTGATACGATAGAATAGTG
ACGTTTAGCTCTATATGGAAGTTTATCACTAGAAACATCAACTGTGATGTATTGGCCTGGT
ATAAATTCACTAAAGTCATATTCTTCAGTTTCAACTGTAAATGATTTAATGTCTTCAGATT
CTTGTTTAAATATTGGTAATTTTGAATGGTTTAAAACCAATCCACATCATTTGATCATAAAT
TTCTTTTTCAATTTGGATGAACACGTCCGCAATAACGCCATATGCTTTCGCCAAGCTTGA
ATGACAGGGTCATTTTCTTCTAATCCTGTACACATCTTGAATGGCTTTTAAATAAATTTCCCC
CACAATTGGATAATGTTTCAGCATAAACTTGTAGTGCGCAGTGTTTATATGCGACTGGCAT
AATGACTGGTTTAAATAACACTTAAATTATCGATATTAACCGCTGCAGCCATTACAGCTTGT
GCTAATGCTGAAGATTGCATGCCTCGTTTTTGGTTTCGTTTGATTAAACATGTTTAAAAGTT
CAGGATGCGCTTTAAACATTTTGGATAAAAAGATTGACGTAATTTCTGTCCCTTTCTCTTT
AAGTAAAGGCACCGTTTGGTTTGATAATGTCTTTCTTGTCTGTGAATCAT
```

> **lctE**

Function: protein coding sequence; L-lactate dehydrogenase 1 (core genome, constant)

Best match: lctE_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[63299:64252:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 122859 ... 123813; Length: 954 bp

Sequence:

```
ATGAACAAATTTAAAGGGAACAAAGTTGTATTAATAGGTAATGGTGCAGTAGGTTCAAG
CTACGCATTTTCATTAGTGAACCAAAGCATTGTTGATGAATTAGTCATCATTGATTTAGAC
ACTGAAAAAGTTTCGAGGAGATGTTATGGATTTAAAACATGCTACACCATATTCTCCAACA
ACAGTTCGTGTGAAAGCTGGCGAATACAGTGATTGTCATGATGCGGATCTAGTTGTCATC
```

TGTGCTGGTGGCTGCACAAAAACCTGGAGAAACACGTTTGTAGATTTAGTATCTAAAACTTG
AAAATATTCAAATCAATTGTTGGTGAAGTAATGGCATCAAAAATTTGATGGTATTTTCTTGG
TAGCTACAAATCCTGTTGATATTTTAGCGTATGCAACATGGAAATTTCTCTGGTTTACCTAA
AGAACGTGTTATAGTTCTGGTACAATTTAGACTCTGCACGCTTTAGATTATTGTTAAGC
GAAGCGTTCGATGTTGCGCCACGTAGCGTCGATGCTCAAATTTGTTGAACATGGTGAC
ACTGAATTACCAGTATGGTCACACGCTAATATTGCGGGTCAACCTTTGAAGACATTACTT
GAACAACGTCCTGAGGGCAAAGCGCAAATTTGAACAAATTTTGTTCAAACACGTGATGCA
GCATATGACATTATTCAAGCTAAAGGTGCCACTTATTATGGTGTTCGAATGGGATTAGCT
AGAATTACTGAAGCGATTTTCAGAAATGAAGATGCCGTATTGACTGTATCAGCATTATTA
GAAGGCGAATATGATGAAGAAGATGTTTATATTGGTGTTCAGCAGTCATCAATAGAAAC
GGTATTTCGCAACGTCGTAGAAATCCCATTAAACGACGAAGAACAAGCAAGTTCGCACA
TTCAGCTAAAACATTAAGATATTATGGCTGAAGCAGAAGAAGCAACTTAAATAA

> ptsIIBC

Function: protein coding sequence; putative PTS transport system/IIBC component (core genome, variable)

Best match: ptsIIBC_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[61449:62978]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 124133 ... 125663; Length: 1530 bp

Sequence:

TTAATCCCCGAGCAATTCTTCAATCTCATTTTTGATAACTGTAACGTGAGGCCCATAAATT
ACTGACACCAGTGCCTTGCTGGATTACACCTTTGGCACCAGTACTTTTCGAGTAATACTT
TATCGACTTTGTCATTTTGTGATGAAGTGTGACGCGTAGTCTCGTTGCACAACAGTCAACGAT
TTCAATGTTATCCTTGCCTCCCAAACCAGCAACAATAGTTTGTGCTCTTTCAGTAGCCTCA
ACTTGTGTTGTGCTGCAGCTTTATCTTCTCGACCAGGTGTTTTGAAATTAATTTTCGTAATTA
AGAATCTGAAAACGATGTAATACAAACAGAACCACACAATTCCAATAGGTATGACGTAT
AGGTAGTTTGTGTTTACTATTACCTTGTAGCACACCAAAAAGTAAGAAATCGATAAAGCCT
CCACTGAAGGTTTGACCAATTGTAATGTTGAAAATGTCTGCCATCATAAATGCTAATCCA
TCAAAGAAGGCATGGATTACATAAAGAATAGGTGCGACAAAACAAGAACTAAACTCTAA
AGGTTTCGGTAATACCTGTTAAAAATGAAGTGAGTGCAGCGGATAACATTAACCCGCCGA
CAACTTTTTTATGTTTCAGGTTTAGCTGTGTGATAAATTGCAAGTGCGGCACCACATAAGCC
GAACATCATCGTAATAAAACGGCCTGACATAAAGCGTGACACACCTGAATAATACTTCGT
CACATCTGGATACCAAGTTGAGCAAAGAAGATGTTCTGCGTACCTTGAACCTAAGTGCCC
TTTGACTTCTAAAGTACCACCAAGTGCCGTCTGCCAAAACGGTAAGTAAAAAATATGGTG
TAAACCGAGTGGACCTAACAACTTAAGATGAAGCCATAAACAAGTACCGATGGCAC
CTGTTTTTCGTTACAAATCCACCAACATGATAAATGCCGGCTTGTATGCTTGGCCAAATGA
AAAACATCAATACACCTAAAAAGATTGCGGCAAATGCTGTGACAATAGGGACAAATCTA
GAGCCACCAAAGAAACCTAAATACGGTGGTAATACCACTTTGTGATATTTGTTGTGAAGT
ATTGCGGTTCATAATACCTGTGATAATCCCGCCAAAACACCGGTTTCAACCGTTTGTATA
CCGAGCACCATGCCTTGTCCATTTTGTGCAAGCTGATCTTTTGCCAATGTGCCCGTGATAG
TTAATAAGCCATTCATAGTTACGTTTATAAATTAAGAAACCGAGCAGCGCAGCTAAACCTG
CAGTACCTTTATCGCTTCTAGATAATCCGATTGCGACACCAATGGCAAAGATGACCGGTA
AATTTTGGAAAACAATACTACCTGCAGCTGACATTAATGTAAAAATATTTTGTAAATAAGG
TAATATCTAAAATAGGGTATGCTTTAACGGTGTGTTGGATTACTTAATGCACCACCGATACC
CAACAATAGACCTGCAGCTGGTAAGATTGCGATAGGTAGCATAAAGGACTTGCCGAAC
GCTGTGCTTTTTCAAATAAAGATTTTCAT

> rihA

Function: protein coding sequence; inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (core genome, variable)

Best match: rihA_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[60152:61087:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 126024 ... 126960; Length: 936 bp

Sequence:

ATGAAAAGAAAGATTATTATGGATTGTGATCCAGGACACGATGATGCAATAGCATTAAATT
TTAGCGGGGGCAATTGACAGTCCACTAGAGATATTAGCTGTAACAACAGTCGCAGGTAAT
CAATCAGTTGACAAGAATACGACAAACGCCTTGAACGTATTGGATATTATGGGACGCCAA

GATATAGCAGTAGCGAAAGGTGCGGATAGGCCGTTAATTAACCAGCTGCCTTTGCTTCT
GAAATACATGGGGAATCTGGATTAGATGGTCCGAAACTACCGTCGACACCATCACGTCAA
GCAGTTGCAATGCCAGCATCAGATGTGATTATAAACAAAGTGATGACGAGTGATACACCT
GTAACAATTGTAGCGACAGGTCCTCTTACGAATGTAGCAACGGCATTGATTCGTGAGCCA
AGAATCGCTGAGCATATTGAATCTATTACTTTGATGGGTGGTGGTACATTTGGAAATTGG
ACGCTACAGCAGAATTC AATATTTGGGTAGATGCTGAAGCAGCGAAGCGTGT TTTTGA
AGTGGGATTACTATAAATGTGTTTGGTCTAGATGTAACACATCAAGTTTTAGCCGACAAT
CACGTGATTGAACGCTTTGAAAGTATCAATAATCCTGTTGCACAGTTCGTCGTAGAATTAT
TGCAATTCTTTAAGAAGACATACAAGACTCACTTTAATATGGATGGTGGTCCAATACATG
ATGCTTGTACAATTTTGTATTTGTTACAACCAGAATTGTTTACAATGGTACCCGTTAATAT
CGACATTGAACATCAAAGTCCACTAACTTATGGCACTATGGCTGTCGATTTAAATCATGTT
ACAGGTAAGCCTGTCAATGCTTATTTTGGCTACAGCAGTTGATGTTGAAGAAGTGTGGAAC
TTGATAGATTATAAGTTACGTACTTACGAATAA

> **bglG**

Function: protein coding sequence; transcript antiterminator/PTS regulator (core genome, variable)

Best match: bglG_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[57718:59814:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 127297 ... 129394; Length: 2097 bp

Sequence:

ATGAACGGGGATAATCAGCAAATACTCAGAGAAATTGTATTGAATCCTACTATTCATGGT
AAAGAACTTGAATCGATATTTGGTTTGTCTCGTAGACAACCTAGGATATCGCATTCAAAAA
ATCAATTTGTGGCTTGAACAAGAGGGTTATCCAAAACCTGAAAGAACAAGCCAAGGAAA
TTTTATTGTAAGTCTGAAATCATGACGTTATTCAAGCGAGATGTATCGGAGCAGCAAAT
GTTAAACGGCAACAATGTCATTTTTAGCATAGAAACACGTCGTTATTATTTAATGCTCATG
CTTTTTAGTAAGGAAAATGCAATGTCTCTAAACCATTTTTCAATTGATTTACAAGTCAGTA
AAAATACTGTCATTCACGATATAAATCATGTGAAAGAGCAATTGGAAGATCATGGTTTTGT
CACTTAAGTATTCTCGAAAGCATGGTTATGAAATTGTTGGTGTGATGAATTTGAAGTTCGCC
GTTTCTTCATTAAGTTGATTGATCAAAGGTTGAATCATGATTAATAAAGTGAAGTTTT
AAAGGCGCTCAACTAACATTCGAAGATATCGCATATCAAAAAGACAAGATCAAACAGG
TAGAACAATTTTTGAAGAGTCGCTTATAGACAAATCACTTAGTTCATTGCCTTATGTCCT
TTGTGTGATTTCGTAGACGAATTCAAAGTGGTTCATGTGATGAATCCATTAATATTAATTAT
CAGTATTTGAGGGATACGAAAGAATATCAAGCAACGGAGATTATGACGCAACATGAGCC
GGATTTGCCAGAAGCGGAAAAGTTATATTTGACATTACACTTACTTTCAACAAGTGTGCA
ATGGACTGATTTGCAGGAATCAGATAACATATCGAATTTAACGATGGCCATCGCTCAAAT
GATTCACCATTTTGAACAAATCACTTTTATTAACATTGAAGATAAGGAGAAATTATCACA
GCAACTCTTGTTACATTTAACGCCTGCTTTTTATAGGATTAATATAACTTAACGGATCGT
GATGAATTAATAAATCCTTTACAAGGAAATTATCAATCCTTATTTTCATATGGTGAACAA
TCATGTCAATCGTTAACTGAATATTTTCGGAAAATCGTTGCCTGATAATGAAATAGCATATT
TAACCATGTTGTTTCGGAGGTAGTTTGTGAGACGTCAAGATGAAAACCTTCGATGGCAAGATAA
AAGCTATTATCGTGTGTACACAAGGCACGTCAGTATCACAAATGATGTTATACGAGTTGC
GAAACTTATTTCCAGAAATTATTTTCTTAGATGCGATTTCACTTAGAACATTTGAAAATTA
CACATTAGATTATGACATCGTCTTTTACCAATGTTTGTCTAACACATAAAAAAATTATTT
ATCACAAAAGTAGCTTTATCTGAAAATGAGCAACGAAAGTTACGTAAAGATGTGATGAA
GTACATTAATAAGGAATCGGCTGACATTGATAAGGAAATAAACAAGTTAATGGCATTAAAT
TGAACGCACAACGACAGTTAATGACATTACAGAACTACGTGATGGTTTAGAAGATTTTAT
TGCCAATTATAATTCAATTTCAACCATTAATGGATCGATTGTCACACAAAATAAGACATT
AGATTTAGCTGACTTGATACCGGCAAGGCACGTGAAAAGAATGCATCATGTTGAAAATAT
TGATGAAGCTATTGCTAAAGCAAGTGATGTGTTAGTTGCTAATCATTTTATTGATATTA
TATATTCATGAGATGCAACAGGTATTTGATGATTCGTATATGGTTATCATGCAAAATATTG
CTATCCACATGCATACTCTGAAAAGCATGTACATAAAACAGCGATGAGTATGTTGATAT
TACAAGAACCAATATACATGTCAGATGGCACAGCAATCCATATTATTGTACCTATTGCTG
CTGTTGATAAAGTGACACACTTAAGAGCGTTACTACAATTGAGAGATGTGGCGCAAGACA
ATGACGCAATTAAGCGCATCATACAAAGTCGCAAAAATTCTGATGTAATGAGATTTTAA
AAAATTATTCAAATAAAGAAGCGAGGGAAAATGGATGGGACAGCAATTAG

> Q5HJD2

Function: protein coding sequence; phosphotransferase system sugar-specific component IIA (core genome, variable)

Best match: Q5HJD2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[234857:235324] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 129378 ... 129846; Length: 468 bp

Sequence:

```
ATGGGACAGCAATTAGTGCATAAAGAAAATATAATGCTCAATTTGTCGGCAACTGATAAA
GAATCCGTATTGTCACAAATGTCAGATGTGTTATTTCAAATGGGTTTCGTGAAGTCAACG
TTTAAAGATGCAGTCATCGACAGAGAAAAAGAATTTGCTACTGGTTTACCAACGCATCTA
TGTTCCGGTCGCTATACCGCATAACAGATGTCGAACATATTAACCATAGAACGATAGGTGTG
GCTGTTCTAGAAAAAGAAGTGCCGTTTATTGAAATGGGAACACTTGATCAACAGACAGA
AGTGA AAAATCGTTTTTATGTTAGCAATGGATAAAGTAGATGATCAACTTAAGCTGTTACA
ACAGTTGATGCAAATTTTTCAAAGTGAAGAAAAATTGGAGCAGATTCTACGAACGAAAG
ATGAAACAATTTTAGCAACACTAATCAATGATTATTTGGAATATAACTAA
```

> Q5HJD1

Function: protein coding sequence; phosphotransferasesystem sugar-specific IIB component (core genome, constant)

Best match: Q5HJD1_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[56965:57243:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 129868 ... 130147; Length: 279 bp

Sequence:

```
ATGAAACAAGTATTAGTAGCGTGTGGTGCAGGTATTGCAACGTCAACAGTAGTAAATAAT
GCAATTGAAGAAATGGCAAAGGAACACAATATTAAGTAGATATTAACAAATCAAAAT
TACAGAAGTTGGACCTTATGAAGACACTGCAGATTTATTAGTTACAACCTGCAATGACAAA
AAAAGAATATAAATTCCCAGTTATCAACGCACGTAATTTTTAACTGGTATTGGTATTGA
AGAAACAAAACAACAAATCTTAACAGAGTTACAAAATAA
```

> gatC1

Function: protein coding sequence; PTS system/sorbitol-specific IIC component (core genome, constant)

Best match: gatC1_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[55479:56738:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 130373 ... 131633; Length: 1260 bp

Sequence:

```
ATGAGTTACTTCACTGATTTTGTAAAGGGATTTTTAGATTTAGGTGCAACTGTTATTTTAC
CGGTTGTCATATTCTTGCTTGGCCTATTCTTTAGGCAGAAAATTGGAGCGGCATTTAGGTC
TGGTTTAAACAATAGGTGTGGCTTTTGTAGGGATTTTCTTAGTCATCGATTTATTAGTTAAA
AATTTAGGGCCAGCAGCACAAGCGATGGTTAAAAATTTAGGCGTCAGTCTGAATGTGATT
GATGTAGGTTGGCCAGCAACATCATCTATCGCTTGGGCATCATCTGTGCGCAGCATTTATTA
TTCCACTCGGAATCATAGTTAACGTTGTATTGCTAGTAACTAAAGTGACAAAGACGATGA
ATGTAGATATTTGGAATTTTTGGCATTATACGTTTACAGCAGCAATGGTTTATGCCGTATC
AGGCAGTATTTGGCAAGCGTTATTAGCAGCAGTATTTTCCAAGTTATCTGTTTGAAAGTA
GCAGATTGGACAGCACCGATGATGAGTGAGTTCTTTGATTTACCAGGTGTATCGATTGCT
ACAGGAAGTACAATTTCTTATGCACCAGGTATTTACTTAGTTAAATTGTTACAAAAGTA
CCCGGTCTGAATAAGTTAGATGCTGATCCTGAAACAATTCAAAAACGTTTTGGCGCATTT
GGAGAGTCTATCTTTGTCGGCTTAATTTTAGGTTTAGGTATTGGTGTGTTAGCAGGTTACA
AACCTGGAGACATCATTAATTTAGGAATGTCAATGGCTGCAGTAATGGTATTAATGCCTA
GAATGGTAAAAATCTTAATGGAAGGTTAATGCCAGTTTCAGAGTCTGCAAGAACATGGC
TAAATAAACGTTTTGGCGAACGTGAAATTTATATTGGTTTGGATGCAGCAGTAGCATTAG
GTCATCCAGCGGTTATTTGACAGCATTAAATTTAGTACCTATCACTGTTTTATTAGCCGT
TATTTTACCAGGAAACCAAGTACTACCTTTTGGTGACTTAGCAACGATACCATTGTGTGTC
GCGTTTATTGTTGGTGCAGCAAGAGGAAACATTATTCATTCTGTCATTGTGGGTACGATTA
TGATTGCAATTTCACTATATATTGCAACAGACGTAGCACCTATTTTACAGATATGGCGA
AAGGTACGAATGTACAAATGCCAAAAGGTTTCATCTGAAATTTCAAGTATTGATCAAGGTG
GTAATATCGTTAACTATCTTATCTTTAACTATTTAGTCTATTCAATTA
```


> **gutB**

Function: protein coding sequence; L-iditol 2-dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: gutB_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[54406:55461:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 131650 ... 132706; Length: 1056 bp

Sequence:

```
GTGAAAGCTTTAGTAAAAACAAGAGAAGGACATGGCAACTTAGAACTTCTTGATAAAGA
AGTTGCAACACCGCTAGATGATAAAGTAAAGATTAAGTACATTATGCAGGAATTTGTGG
CACAGATATTCATACTTATGAAGGTCATTATAAAGTTAATTTTCCAGTGACATTAGGTCAT
GAATTTTCTGGTCAAATCGTTGAAGTTGGAGCAGACGTTAAAGATTTTAAAGTTGGTGAC
CGTGTCACCTTCTGAAACGACATTCTATGTTTGTAAATGAGTGTGAATACTGTAAATCAAAA
GACTATAATTTATGCAACCATCGAAAAGGTATTGGAACACAAGTTGATGGCGCATTTACT
AATTATGTCATTGCACGTGAAGAAAGTTTGCATCATATTCCAGATGAAGTATCGTATCAG
TCTGCAGCTATGACAGAACCATTAGCATGTGCACATCATGGCGTTTCTAAGATTCAAGTC
AATTCAGGCGATGTAGCAGTTGTAATGGGACCTGGGCCAATCGGATTACTTGTAGCACAA
GTGTTAAAAAGTAAAGGCGCAACTGTTGTGGTAACTGGATTGGACAATGACAAAGTCAG
ATTAGATAAAGCAGAAGCATTGCACATGGATTATGTAGTCAATTTACAACAAACAGACTT
AAAAACGTATATCAATGGAATTACAGACGGTTACGGTGCAGATGTTGTTGTTGAATGTTT
AGGTGCAGTTCAGCAGCACGACAAGGTTTGGATATTTTACGCAAAAAAGGTTTCTACAG
TCAAATAGGTATTTTAAAGGATGCTGAAATTCCATTTGATATGGAAAAAGTGATTCAAAA
AGAAATAACAGTTGTTGGTAGTAGAAGTCAAAAGCCAGCAGATTGGGAACCTTCATTGC
AACTTATGGCGGATGGTTTAGTAAATGCTGAAGCTTTGGTGACAAAAATATATGATATTT
CGAAATGGGACGAGGCGTATCAACATTTAAATCCGGCGAAGGTATTAAGCATTACTTA
AGCCGCTCGATTTAGATGAAAATGAAGGAGAGAATTAA
```

> **Q5HJC7**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HJC7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[269164:269310] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 132707 ... 132854; Length: 147 bp

Sequence:

```
ATGGTAGAATCAATGCTAACTTTTATGCTTGGGCCATTAAGACAAATCACTGATTTTTATA
TGGAACATTTACTCGTAAGTAATTCATTGTCATTGCAGGTTATTTTGCAGCAGGTATTTT
TAAAAAGAAAAAAGTTGTGAATTAA
```

> **Q5HJC6**

Function: protein coding sequence; putative sugar-phosphate dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: Q5HJC6_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[53191:54234:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 132877 ... 133921; Length: 1044 bp

Sequence:

```
GTGAAAGCATTGAAATTATATGGCGTGGAAGATTTACGGTATGAGGATAACGAAAAGCC
AGTCATTGAAAGTGCGAATGACGTTATTATTAAGTACGAGCGACTGGCATATGTGGTTC
AGACACGTCACGATACAAAAAATGGGGCCATACATTAAGGTATGCCATTTGGTCATG
AATTTTCCAGGTGTAGTAGATGCCATTGGAAGTGATGTTACGCATGTTAATGTGGGCGACA
AAGTGACAGGTTGCCAGCAATACCTTGTATCAATGCGAGTATTGTTTAAAGGTGAAT
ATGCACGATGTGAAAAGTTATTCGTCATTGGCTCATATGAACCTGGATCGTTCGCGGAAT
ATGTCAAATTGCCAGCGCAAAATGTTTTAAAGGTTCCAGACAATGTTGATTACATTGAAG
CAGCAATGGTTGAGCCATCAGCCGTTGTTGCGCATGGGTTTTATAAATCGAATATACAAC
CTGGTATGACTGTTGCAGTAATGGGGTGTGGCAGTATAGGTTTGTAGCTATTCAATGGG
CACGAATATTTGGTGCTGCACATATCATCGCTATAGATATAGATGCGCATAAACTAGATA
TTGCAACATCATTGGGCGCACATCAAACAATCAATTCAAAAGAAGAAAATCTTGAGAAA
TTCATCGAAAATCATTACGCCAATCAAATCGATTTAGCTATAGAATCATCAGGTGCTAAA
GTTACGATTGGTCAAATATTGACGCTACCTAAAAAAGGTGGCGAGGTGGTATTACTCGGA
ATACCATATGATGATATTGAGATTGATCGCGTTCATTTTGAAAAAATCTGCGTAACGAG
TTGACAGTATGTGGCTCTTGGAACTGTTTGTCCAGTAATTTCCGGGCAAAGAGTGGACG
GCAACCTTACATTATATGAAGACGAAAGATATTAATGTAAAGCCTATTATTTCTATTTTT
```

TACCGTTAGAAAAAGGCCCGGAGACATTTGATAAATTAGTTAACAAGAAAGAACGATT
GATAAAGTCATGTTTACGATTTATTAG

> **tarI1**

Function: protein coding sequence; 2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase 1 (core genome, variable)

Best match: tarI1_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[51947:52663:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 134448 ... 135165; Length: 717 bp

Sequence:

ATGATTTATGCAGGTATTTTAGCAGGAGGTATTGGTTCGAGAATGGGGAACGTGCCATTA
CCAAAACAATTTTATAGATATTGATAATAAACCGATTTAATCCATACAATTGAGAAGTTC
ATTTAGTGAGTGAATTTAATGAGATTATTATCGCAACGCCAGCACAGTGGATTCCC
ACACAGGATATTTAAAAAATATAACATTACAGATCAACGTGTCAAAGTAGTTGCAGGT
GGTACGGATCGAAACGAAACAATTATGAACATTATCGACCATATTCGCAATGTAAATGGA
ATTAATAATGATGATGTGATTGTAACCTCATGATGCCGTAAGACCATTTTAACTCAACGTA
TTATTAAGAGAACATTGAAGTAGCAGCAAAATATGGTGCAGTAGATACAGTCATTGAA
GCAATTGATACGATTGTAATGTCTAAAGATAAACAGAACATACACAGTATCCCTGTAAGG
AATGAAATGTATCAAGGCCAAACACCACAATCATTTAATATTAATTATTACAAGATAGT
TATCGCGCCTTAAGTAGTGAACAAAAAGAAATCTTATCAGATGCATGTAAAATCATTGTC
GAATCTGGATATGCAGTTAAATTGGTACGTGGAGAACTATACAACATTAAGTGACAACA
CCGTATGATTTAAAAGTAGCAAATGCCATTATTCAAGGTGATATTGCCGATGATTAA

> **tarJ1**

Function: protein coding sequence; CDP-ribitol synthetase (core genome, variable)

Best match: tarJ1_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[50929:51954:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 135157 ... 136183; Length: 1026 bp

Sequence:

ATGATTAATCAAGTATATCAACTCGTTGCACCGAGACAGTTCGACGTCACATATAATAAT
GTTGATATTTATGGTAATCATGTCATCGTAAGACCTTTATACTTGTCTATTTGTGCAGCTG
ATCAAAGGTATTACACAGGTCGAAGAGATGAAAATGTACTGCGCAAAAAATTGCCAATG
TCATTAGTTCATGAAGCTGTTGGTGAAGTTGTATTTCGATAGTAAAGGCGTATTTGAAAA
GGTACGAAAGTAGTAATGGTGCCGAATACACCTACAGAGCAACATCATATTATTGCGGA
GAATTACTTAGCCTCTAGTTATTTTAGATCTAGTGGTTATGATGGTTTTATGCAAGACTAC
GTTGTGATGGCACATGATCGTATCGTTCGCTGCCTAATGCCATTGATTTGAGTACGATTT
CATACACAGAGTTAGTGTACAGTAAGTTATCATGCTATACAACGATTTGAACGTAAATCTA
TACTTTTGAAAACCAGCTTTGGTATTTGGGGTGATGGTAACTTAAGTTATATTACTGCTAT
TTTGCTACGTAAGTTGTACCCAGAAGCTAAAATTTATGATTTGGTAAGACAGACTATAA
ATTAAGTCATTTTTCATTTGTAGATGACATCTTTACAGTAAATCAAATACCAGATGATCTT
AAAATTAATCATGCATTTGAATGTGTTGGAGGTAAAGGAAGTCAAGTTGCACTTCAACAA
ATAGTTGAACATATTTACCAGAAAGGCAGTATTGCTTTGTTAGGCGTAAGTGAATTACCC
GTGGAAGTGAATACACGATTAGTACTTAAAAAGGATTAACATTGATTGGTAGTAGTCGA
AGCGGCTCTAAAGATTTTGAGCAAGTTGTTGATTTATATCGTAAGTACCCAGACATTGTTG
AAAAGTTAGCATTATTAAGGACATGAAATTAATGTATGTACGATGCAAGATATCGTCC
AAGCGTTTGAATGGATTTATCGACATCTTGGGGAAAAACAGTATTGAAATGGACGATTT
AA

> **tarL1**

Function: protein coding sequence; glycosyl/glycerophosphate transferase (core genome, variable)

Best match: tarL1_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[49213:50907:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 136204 ... 137899; Length: 1695 bp

Sequence:

ATGACAAAAACGAAACAAGCAATACATATTGATAACATATACTGGGAACGTGTTTCAGTT
ATATATTGAAGGACATAGTGAAGGTGTCGATTTAACATCAGGACAATTTGTTCTGAGGAA
TTTAAACGAAACAAAAACATTAGAAGCAAATGAAATGAAATAGACGGTAATACATTTA
TATGTAGATTCAACGTCGCAATATTAGACGATGGGTATTATTTACCAATGGATAAATATTT

ATTTGTTTATCATGACCAGTTAGAGTATATTGGACAACCTTAATCCAAATATTATTGATCAA
GCTTATGCGGCATTAATGAAGAGCAAATTGAAGAATACAATGAGCTGACTACACAAAA
TGGAAAAGTGAACATTTTATTAGCGTATGATGCTAAAGTTTTCCGTAAAGGTGGCGTATC
ACAACATACGGTCTATACCATTACTCCGGAAATAGCAAGTGACGTTAACGAATTTGTATT
TGATATTGAAATCACCTTACCTCAAGAGAAAATCAGGGGTCATTGCGACAAGCGCACACTG
GCTTCATAAACAAGGACATAAAGCTTCATTTGAAAGTAGAAGTTTCTTATTTAAAGCTAT
TTTTAATATTACAAAGTTACTACATATTAAGAAGCAAAACAATATTATTCACATCAGA
TTCGCGTCCGAATTTATCAGGGAATTTCAAGTATGTATATGATGAGTTACTTCGCCAAAA
AGTAGATTTTGATTATGATATTAACCGGTATTTAAGGCGAATATTACGGATAGACGTAA
ATGGAGAGACAAGTTTAGATTGCCATATTTACTTGGTAAGGCAGATTATATTTTTGTTGAT
GATTTCCATCCATTAATTTATACGGTTCGCTTTAGACCATCACAAGAAATTATTCAAGTGT
GGCATGCCGTTGGTGCTTTTAAAACAGTTGGCTTTAGTCGTACAGGAAAAAAAGGTGGTC
CGTTTATCGATTCAATTAACCATCGTAGTTACACGAAAGCATATGTTTCATCAGAAACCG
ATATTCCATTTTATGCTGAAGCATTTGGAATTAGAGAAGAAAATGTTGTACCAACAGGTG
TACCACGTACTGATGTAATTTGATGAAGCTTATGCAACACAAATTAACAAGAGATGG
AAGATGAATTGCCAATTATAAAGGTAAGAAAGTTATTCTATTCGCACCGACATTTAGAG
GTAATGGTCACGGTACGGCACATTATCCATTTTTTAAAATTGATTTTGAACGTTTAGCAAG
ATACTGCGAGAAGCATAATGCAGTTGTGTTATTCAAAATGCATCCGTTTCGTAATAAATAG
ACTAATATTTACGTGAACATAGACAATACTTTATCGATGTGTCAGATCATCGTGAAGTT
AACGATATTCTCTTTGTTACAGACTTGTGATTAGTGATTATTCATCTTTAATATATGAAT
ATGCAGTATTTAAAAGCCGATGATTTTCTATGCATTTGACTTAGAAGATTACATTACGAC
GCGTGATTTCTATGAACCATATGAATCATTTGTTCCAGGTAATAATTGTACAATCCTTTGAT
GCATTAATGGATGCTTTGGACAATGAAGATTATGAGGTTGAAAAAGTTGTGCCATTCTTA
GATAAACATTTTAAATATCAAGATGGTCGCTCAAGTGAACGTTTAGTCAAAGATTTGTTT
AGACGCTAA

> **tarL2**

Function: protein coding sequence; glycosyl/glycerophosphate transferase (core genome, constant)

Best match: tarL2_part_CC009_21334_AGTW01000002.1[1:1438:r]

Position: 008-contig_256: 137633 ... 137663; Length: 30 bp

Sequence:

CTTTAATATATGAATATGCAGTATTTAAAA

> **tarF**

Function: protein coding sequence; CDP-glycerol-poly(Glycerophosphate) glycerophosphotransferase (core genome, variable)

Best match: tarF_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[47616:48785:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 138326 ... 139496; Length: 1170 bp

Sequence:

ATGATTAATAACAATTAATAAATTGATAGAACATAGTATATATACGACTTTTAAATTA
CTATCAAAATTGCCAAACAAGAATCTAATTTATTTTGAAGCTTTTCATGGTAAACAATAC
AGCGACAACCCCAAAGCATTATATGAATACTTAACTGAACATAGTGATGCCCAATTAATA
TGGGGTGTGAAAAAAGGATATGAACACATATCCAACAGCACAATGTACCATATGTTACA
AAGTTTTCAATGAAATGGTTTTTAGCGATGCCAAGAGCGAAAGCATGGATGATTAACACA
CGTACACCAGATTGGTTATATAAATCACCGCGAACGACTTACAAACATGGCATGGC
ACGCCATTGAAAAAGATTGGTTTTGGATATTAGTAACGTTAAAATGCTAGGAACAAATACT
CAAATTACCAAGATGGTTTTTAAAAAAGAAAGCCAACGTTGGGATTATCTAGTGTCACCT
AATCCATATTCGACATCGATATTTCAACATGCATTTTCATGTTAGTCGAGATAAGATTTTGG
AAACAGGTTATCCAAGAAATGATAAATTATCACATAAACGCAATGATACTGAATATATTA
ACGGTATTAAGACAAAATTAATATTTCCATTAGATAAAAAAGTGATTATGTACGCGCCAA
CTTGGCGTGACGATGAAGCGATTTCGAGAAGGTTTCATATCAATTTAATGTTAACTTTGATA
TAGAAGCTTTGCGTCAAGCGCTGGATGATGATTATGTTATTTTATTACGCATGCATTATTT
AGTTGTGACACGTATTGATGAACATGATGATTTTGTGAAAGACGTTTCAGATTATGAAGA
TATTCGGATTTATACTTAATCAGCGATGCGTTAGTTACCGACTACTCATCTGTCATGTTT
GACTTCGGTGTATTAAGCGTCCGCAAATTTTCTATGCGTATGACTTAGATAAATATGGC

GATGAGCTTAGAGGTTTTACATGGATTATAAAAAAGAGTTGCCAGGTCCAATTGTTGAA
AATCAAACAGCACTCATTGATGCATTA AAAACATATCGATGAGACTGCAAATGAGTATATT
GAAGCACGAACGGTATTTTATCAAAAATTCTGTTCAATAGAAAGATGGACACGCGTCACAA
CGAATTTGCCAAACGATTTTTTAAGTGA

> **tarI2**

Function: protein coding sequence; 2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase 2 (core genome, variable)

Best match: tarI2_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[46624:47340:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 139771 ... 140488; Length: 717 bp

Sequence:

ATGAAATACGCTGGTATTCTAGCTGGAGGTATAGGCTCAAGAATGGGTAACGTACCTTTA
CCTAAACAATTTTTAGATTTAGACAACAAACCGATTTTAATCCATACATTAGAAAAATTT
ATTTTAATTAATGATTTTGAAAAAATTATTATCGCGACGCCACAACAATGGATGACGCAT
ACGAAAGATACACTTAGAAAATTCAAAATTTCTGATGAAAGAATTGAAGTCATTCAAGGT
GGTAGCGATCGTAACGATACAATTATGAATATCGTTAAACATATTGAATCAACAAATGGT
ATTAACGATGACGATGTTATTGTGACACATGATGCAGTTAGACCATTTTTAACGCATCGT
ATTATTAAGAAAATATTCAAGCTGCTTTAGAGTACGGTGCAGTAGATACAGTGATTGAT
GCTATAGATACGATTGTTACATCTAAAGATAATCAAACGATTGATGCAATTCCAGTGCCT
AATGAAATGTACCAAGGTCAAACACCTCAATCGTTTAATATTAATTTATTA AAAAGAAAAGC
TATGCACAGTTGAGTGATGAGCAAAAAGAGTATTTTATCTGATGCTTGTAAGATTATTGTA
GAAACAAACAAACCGGTTTCGACTTGTA AAAAGGTGAGTTATATAACATTAAAGTAACAAC
ACCTTACGATTTAAAAGTAGCGAATGCTATTATTCGAGGTGGTATTGCCGATGATTAA

> **tarJ2**

Function: protein coding sequence; CDP-ribitol synthetase (core genome, variable)

Best match: tarJ2_CC001_MSSA476_BX571857.1[276235:277260] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 140480 ... 141506; Length: 1026 bp

Sequence:

ATGATTAATCAAGTATATCAATTAGTTGCACCTAGACAATTTGAAGTTACGTATAACAAC
GTAGATATTTACAGTGACTATGTCATTGTACGTCCTTTATATATGTCAATTTGTGCTGCCG
ATCAAAGATATTATACTGGTAGCCGTGATGAGAATGTCTTATCTCAGAAATTGCCAATGT
CTTTAATTCATGAAGGTGTTGGTGAGGTCGATTTGACAGTAAAGGTGTGTTTAATAAAG
GTACAAAAGTAGTTATGGTACCGAATACGCCGACAGAAAAAGACGATGTCATTGCTGAA
AACTATTTAAAATCGAGCTACTTCAGATCAAGTGGACATGATGGGTTTTATGCAAGATTTT
GTGTTGCTAAATCATGATAGAGCTGTACCACTACCTGATGATATTGATTTAAGTATTATTT
CATATACAGAGCTTGTAACAGTAAGTTTGCATGCTATTCGTCGTTTTGAAAAGAAATCTAT
TTCAAATAAAAATACATTTGGTATTTGGGGTGATGGTAACTTAGGTTACATTACAGCCATT
TTATTACGTAAATTATATCCAGAGTCTAAAATATATGTCTTTGGTAAAACAGATTATAAAT
TGAGTCACTTCTCATTTGTTGATGATGTCTTCTTTATTAATAAAAATACCTGAAGGCTTAAC
ATTTGATCATGCAATTTGAGTGTGTGGGTGGTCGCGGTAGTCAATCAGCCATAAATCAAAT
GATCGATTACATTTACCAGAAGGAAGCATTGCACTGTTAGGTGTAAGTGAGTTCCAGT
AGAAGTTAATACACGTCTAGTATTGGAAAAAGGACTAACGTTGATTGGTAGTAGTCGAAG
TGGTTCAAAGATTTCCAAGATGTTGTAGACTTATACATTCAATACCCAGATATTGTAGAT
AAATTAGCGTTGTTAAAAGGTCAAGAATTTGAAATTGCAACAATTAATGATCTTACAGAA
GCTTTTGAAGCAGACCTGTCTACATCTTGGGGTAAAACAGTATTAAAATGGATTATGTAA

> **Q5HJB8**

Function: protein coding sequence; glycosyl transferase/group 2 family protein (core genome, variable)

Best match: Q5HJB8_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[42138:43863:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 143248 ... 144974; Length: 1726 bp

Sequence:

ATGATGAAATTTTCAGTAATAGTTCCAACATACAATTCAGAAAAGTATATAACAGAATTA
CTTAATAGCCTTGCGAAACAAGATTTCCGAAAACCTGAATTTGAAGTGGTTGTAGTTGAT

GACTGTTCAACAGATCAAACGTTACAAATAGTTGAAAAGTATCGTAATAAATTGAACTTG
AAAGTAAGTCAACTCGAAACAAATTCTGGTGGTCCAGGTAAACCTAGAAATGTGGCGTTA
AAACAAGCAGAAGGTGAATTTGTATTATTTGTGGACTCCGATGACTATATAACAAAGAG
ACTTTAAAGGATGCAGCAGCATTATTTGATGAACATCACTCAGATGTCTTGTTGATTTAA
ATGAAAGGTGTTAATGGTCGTGGTGTACCACAATCTATGTTTAAAGAAACAGCACCTGAA
GTTACTTTGTTAAATTCAAGAATTATCTATACTTTAAGCCCAACTAAAATCTATAGAACAG
CATTACTAAAAGATAATGACATTTATTTTCCAGAAGAATTAAGAGAGTGCAGAAGATCAAT
TATTTACAATGAAAGCATATTTGAATGCAAATCGAATCAGTGTGTTAAGTGATAAAGCGT
ATTATTATGCTACAAAGCGTGAAGGTGAACATATGAGTAGTGCGTATGTTTCACCTGAAG
ACTTTTACGAAGTCATGAGATTGATTGCTGTAGAAATATTAATGCAGATTTAGAAGAAG
CTCATAAAGATCAAATCTTAGCAGAATTTTTAAATCGTCATTTTAGTTTTCTCGTACGAA
TGGCTTCTCACTTAAAGTTAACTAGAAGATCAACCGCAATGGATTAATGCTCTAGGAGA
CTTTATAACAAGCAGTTCAGAACGTGTAGATGCATTGGTGATGAGTAAATTACGACCATT
GTTGCACTACGCGAGAGCGAAAGATATAGACAACCTATAGAAGTGTAGAAGAAAGTTACC
GTCAAGGTCAATACTACCGTTTTGATATTGTAGATGGTAAATTAACATTCATTTCAATG
AAGGCGAACCATACTTTGAAGGCATTGATATCGCTAAGCCAAAAGTGAAAATGACAGCA
TTTAAATTTGATAATCATAAAATTTGTTACAGAGCTAACGTTAAATGAATTTATGATTGGCG
AAGGACATTATGATGTCAGACTTAAATTACATTCACGAAACAAGAAGCACACAATGTATG
TACTTTTAAGTGCAATGCGAATAACAATATCGTTTTAACATTATGTTAGAAGATATTTAA
AGCGTATTTACCTAAAGAAAAAATTTGGGATGTTTTCTTAGAAGTCCAAATAGGTACGGA
AGTATTTGAAGTGCGTGTGGTAATCAACGTAATAAATATGCATATACTGCAGAAACAAG
TGCATTAATTCATTTGAATAATGATTTTTATAGATTAACACCGTATTTACAAAAGACTTT
AATAACATTTGTTATACTTTACAGCTATTACATTAACGGATTCAATCTCAATGAAGTTAA
AAGGTAAAAACAAAATCATTTTAACTGGTCTGGATCGTGGTTATGTATTTGAAGAAGGTA
TGGCTAGTGTGCTGCTAAAAGACGACATGATTATGGGAATGTTAAGCCAAACGTCAGAA
AACGAAGTGGAATCTTACTTAGTAAAGATATTAAGAAGCGAGACTTCAAAAATATTGTT
AAGTTAAACACTGCACATATGACTTACTCGCTAAAATAAATAA

> **scdA**

Function: protein coding sequence; cell wall metabolism protein (genomic island)

Best match: scdA_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[41324:41998:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 145113 ... 145788; Length: 675 bp

Sequence:

ATGATAAATAAAAATGACATAGTAGCAGATGTAGTAACAGATTATCCGAAAGCAGCAGA
TATTTTTAGAAGCGTAGGTATAGACTTTTGTGCGGTGGACAAGTAAGTATAGAAGCAGC
ATCCTTAGAAAAGAAATATGTAGATTTGAACGAATTATTACAGCGTCTCAATGACGTTGA
ACAAACGAATACACCAGGTTTCGCTTAAACCCTAAATTTTTAAATGTTTCGTCCTTATTCAA
TATATTCAAGCAGCATATCATGAACCTCTTAGAGAAGAATTTAAAAATTTAACACCTTAT
GTGACGAAATTATCGAAAGTACATGGACCTAACCATCCATATTTAGTCGAGTTAAAAGAA
ACATATGATACATTTAAAAATGGCATGTTAGAGCATATGCAAAAAGAAGATGATGTTGAT
TTTCCAAAACCTAATTAATATGAACAAGGTGAAGTAGTAGACGATATTAATACAGTGATT
GATGATTTAGTATCTGATCACATTGCAACAGGACAATTGTTAGTGAAAATGAGCGATTTA
ACATCTAGCTATGAACCACCGATAGAGGCATGTGGTACGTGGCGACTCGTTTATCAGAGA
TTAAAAGCACTTGAAGTGTTAACACATGAGCATGTTTCATTTAGAGAATCATGTTTTATTTA
AAAAGTATCATAA

> **lytS**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase/subunit S (core genome, constant)

Best match: lytS_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[39325:41079:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 146032 ... 147787; Length: 1755 bp

Sequence:

GTGCTATCGCTAACAATGTTATTACTTGAGCGTGTAGGTTTAAATTATTATTTTGGCCTATG
TGTTGATGAATATTCCATATTTTAAAACTTAATGAATCGTCGACGTACATGGAAAGCAC
GTTGGCAATTATGTATTATTTTTCAGTTTGTGTTGCTTAATGTCTAATTTAACTGGTATCGTC
ATCGATCATCAACATAGTTTGTGAGGAAGTGTGTACTTCCGTTTAGATGATGATGATCTT

TAGCTAACACACGTGTATTAACGATAGGTGTCGCAGGATTAGTTGGTGGTCCTTTTGTAG
GTCTATTTGTTGGCGTTATTTTCAGGTATTTTCAGAGTGTATATGGGTGGGGCGGATGCACA
AGTTTATCTTATCTCATCTATATTTATCGGTATAAATTGCTGGTTATTTTGGCTTACAAGCTC
AAAGACGCAAGCGTTACCCGAGTATTGCGAAAAGTGCCATGATTGGAATTGTTATGGAA
ATGATTCAAATGTTGAGCATTTTAACATTTTCCCACGACAAAGCATATGCGGTTGACCTCA
TATCATTAATTGCACTACCAATGATTATTGTTAATAGCGTTGGTACGGCGATTTTTATGTC
TATTATCATTTC AACATTAAGCAAGAAGAGCAAATGAAGGCTGTTCAAACACATGACGT
ACTGCAATTGATGAACCAGACATTGCCGTATTTTAAAGAAGGATTGAATAGAGAATCGGC
ACAGCAAATTGCGATGATTATTA AAAAATTTAATGAAAGTATCTGCCGTAGCAATTACAAG
CAAAAATGAAATCTTATCGCATGTAGGTGCAGGTAGTGATCATCACATACCAACAAATGA
AATATTAACAAGTCTGTCTAAAGATGTATTGAAATCAGGAAAGTTGAAAGAAGTTCATAC
TAAAGAAGAGATTGGTTGTAGTCATCCGAATTGCCCGCTTAGAGCAGCTATCGTGATACC
ACTTGAGATGCATGGTTCTATCGTCGGTACATTGAAGATGTATTTTACAAACCCTAATGAT
TTAACTTTTGTGGAACGTCAACTTGCAGAAGGATTGGCAAATATTTTATAGTAGCCAAATT
GAACTTGGTGAAGCCGAAACGCAAAGTAAGTTATTGAAAGATGCTGAGATTAAGTCATT
ACAGGCACAAGTGAGTCCACATTTTTTCTTCAATTCAATTAACACGATTTTCAGCTTTAGTT
AGAATAAATAGCGAAAAGGCACGAGAGTTACTATTAGAATTGAGTTATTTTTTTCAGAGCG
AATTTACAAGGCTCAAAGCAACATACGATTACTTTAGATAAAGAGTTAAGTCAAGTGCCT
GCATACTTATCACTCGAACAAGCACGTTATCCAGGAAGATTTAATATCAATATTAATGTT
GAAGACAAATATCGCGATGTGCTTGTACCACCATTTTTTAATTCAAATTTTAGTTGAAAATG
CCATCAAACATGCGTTTACGAATCGAAAGCAAGGTAACGATATTGACGTGTCAGTGATTA
AAGAACTGCAACACATGTACGTATTATTGTACAAGATAATGGTCAGGGTATTTCTAAAG
ATAAAATGCATTTGTTGGGAGAAACATCTGTAGAATCAGAATCTGGAAGTGGTAGTGCTT
TAGAAAATTTAACTTACGCCTAAAAGGATTATTTGGAAAATCCGCAGCATTACAATTTG
AATCGACATCGAGCGGTACCCTTTTTGGTGTGTACTTCTTATGAAAGACAAGAGGAGG
AATAA

> **lytR**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase/subunit R (core genome, constant)
Best match: lytR_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[38582:39322:r] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 147789 ... 148530; Length: 741 bp

Sequence:

ATGAAAGCATTAAATCATAGATGATGAGCCATTAGCACGTAATGAATTAACATATTTATTA
AATGAAATTGGTGGTTTTGAAGAAATTAATGAGGCAGAAAATGTAAGAAACATTGGA
AGCACTACTGATCAATCAATATGACATTATTTTTTAGATGTCAATTTAATGGATGAAAAT
GGGATCGAATTAGGAGCTAAGATTCAAAGATGAAAGAGCCACCTGCGATTATTTTTGCA
ACTGCACATGACCAATACGCAGTACAGGCATTTGAATTAATGCGACAGACTATTTTTG
AAACCGTTTGGTCAAAAACGTATTGAACAAGCAGTCAATAAAGTGCCTGCGACTAAAGC
CAAAGATGATAATAACGCAAGTGCAATTGCGAATGATATGTCGGCGAATTTTGATCAAAG
TTTACCTGTTGAAATTGACGATAAAATTCACATGTTAAAGCAACAAAATATTATTGGGAT
TGGCACACATAATGGTATTACAACCATACATAACAACGAATCATAAATACGAAACAACAG
AGCCATTGAATCGTTATGAAAAACGATTGAATCCCCTTATTTTATACGTATTCATCGTTC
ATATATTATTAACACTAAACACATTAAGAAGTGCAACAATGGTTTAACTACACTTATAT
GGTAATATTGACAAATGGTGTCAAGATGCAAGTTGGACGTTTCATTTATGAAAGATTTTAA
AGCGTCGATAGGATTACTTTAA

> **lrgA**

Function: protein coding sequence; holin-like protein (core genome, constant)
Best match: lrgA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[307072:307515] (completely identical)
Position: 008-contig_256: 148642 ... 149086; Length: 444 bp

Sequence:

ATGGTCGTGAAACAACAAAAGACGCATCAAACCAGCACACTTTTTTTCACCAAGTCATT
GTAATTGCTTTAGTACTCTTTGTATCGAAAATAATTGAATCATTTATGCCAATTCCTATGC
CTGCATCAGTAATCGGTTTAGTATTATTATTTGTATTATTATGTACTGGTGCTGTTAAGTTA
GGCGAAGTCGAAAAGTAGGAACGACACTAACAAATAACATTGGCTTACTCTTCGTACC

AGCCGGTATCTCAGTTGTTAACTCTTTAGGTGTCATTAGCCAAGCACCATTTTAAATCATT
GGACTAATAATCGTCTCAACAATACTATTACTTATTTGTACTGGCTATGTCACACAAATTA
TTATGAAAGTTACTTCGAGATCTAAAGGTGACAAAGTCACAAAAAAGATCAAAATAGAG
GAGGCACAAGCTCATGATTAA

> **lrgB**

Function: protein coding sequence; antiholin-like protein (core genome, constant)

Best match: lrgB_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[37332:38033:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 149078 ... 149780; Length: 702 bp

Sequence:

ATGATTAACCACTTAGCACTAAACACACCTTACTTCGGAATACTGTTATCCGTTATACCAT
TTTTCTTAGCGACCATATTATTTGAAAAACTAATCGTTTCTTCTTATTCGCACCGCTATTT
GTCAGTATGGTATTTGGTGTGGCCTTCTCTATTAAACAGGCATTCCGTATAAGACTTACA
AAATAGGTGGAGACATTATTTATTTCTTCTTAGAACCGGCAACAATCTGTTTTGCGATTCC
GTTATATAAAAAGCGTGAAGTGCTTGTTAAACATTGGCATCGTATCATCGGAGGTATTGG
CATCGGTACAGTTGTAGCGTTATTAATTATTTAACTTTTGCGAAGTTAGCACAAATTTGCC
AATGATGTTATTTTATCAATGTTACCTCAAGCAGCAACTACAGCGATTGCGTTACCAGTAT
CAGCTGGTATCGGTGGTATAAAAGAATTAACATCATTAGCAGTTATTTAAATGGTGTCA
TTATTTATGCCCTAGGTAATAAATTCTTGAAGCTTTTCCGAATTACTAACCCATTGCCCCG
AGGATTAGCACTTGGAAACAAGTGGTCACACATTAGGTGTAGCACCAGCCAAAGAATTAG
GACCTGTAGAAGAATCAATGGCAAGTATAGCTTTAGTGTTAGTTGGTGTAGTTGTTGTAG
CAGTTGTGCCTGTCTTTGTAGCAATATTCTTCTAA

> **Q6GK48**

Function: protein coding sequence; putative nitric oxide reductase (genomic island)

Best match: Q6GK48_CC022_21310_AFNP01000014.1[33698:35989:r]

Position: 008-contig_256: 150119 ... 152411; Length: 2292 bp

Sequence:

ATGAGTATGCAAAGTTCATATAAACGTTTGTAAAGTGCTACTAACGATTTTGTAGTGATT
GTGTTTTCAATTTTACTAGTAGGTGGTTGGTATATTTTTAAAAATGAAGCACCTCGTCCAA
CAAAGATAGTAGATCAACAAGGTCATACGCTTGTTACAAAAGACGAGCTGATCAGTGGG
CAAGCGATATATGAGAAATATGGGTTAACAGATTATGGCTCCTACCTAGGCAATGGTTCT
TACTTAGGCCAGATTATACAGCAGAGGCATTACATCATTACCTGATTGGTATGCGTAAA
TATTATGCACAAGATTTTATCATAAGCAACTTCATAAATTAATCATGCAGAGTTAGCC
GTAGTTAAAGATAAAGTGATGAAAGAAATACGGATTAATCGTTATTCTGAAAAAGAAGA
TCAACTTGTATTAACGCCAGGACAAGTATACGGTCTAAAATATTTGCAAGATTATTATAA
AGAAGAGTTTGTAAATAACCCTAAACAAGTAGGGTTAAATGAAAATATGATTAAACAGTT
TCAAATGATGATTATATGGTTCGCAGGAAATAAAGTTGAACATTTAAGTCAATTCTTTTTC
TGGGGTGCTTGGCTATCGTCAACAGATAGACCTGGAAAAACATTTTCATATACAAATAAT
TGGCCATACGATGTGGATGCAGGAAATACGTTGCCTAGTGCAGGGATTTTATGGACTGCT
ATATCTGTAACATTACTGATTGCAGGCTTGGCATCCATTATATATATTCAAAGCGTTATC
AATTTGACATGAAGCCGACGTATGAGTCGGAACGGGAACTACCAAAGAGTGAAGTGGAT
CGTAAAATCACTGATAGTCAACGAAAAGTTGGGAAATATTTAGTCGTTGTATGTTACTA
TTTTTGGTTCAAATATTATTAGGCGAATTACTGGCACATTATTATGTAGAGAATAAATTTT
TTGGTATAGAAATACAAAGGCTCTTCCATTTAATATTGCGAAGACATGGCATGTGCAAT
TAGTTATTTTCTGGGTTGCTACGACTTGGTTAGCAGCAGGAATATACATTGTACCTAAAGT
ATTGGGCAAAGAACCAAAGAAACAAGGCGTATTAGTAGATATATTGTTTTGGCCTTAAT
CATAGTTGTGATGGGCAGCATGATTGGAGAATGGGGTCATATTTTAGGTTGGATTGATTC
TCATTGGTGGCTATTCGGGCACCTTTGGTTGGGAATATATAGAATTAGGTAAATTTTGGCA
AATATTATTTATAGTAGGTATGATCTTATGGGTTATCATTCTTTGTCGAGGTTTTTTACCAG
CTATTCGCAACAAAGTACAAGTGAATCATGATAAACGTCACCTATTGACGCTATTGTTTGT
TGGAGCAATTGCAATTCGTTATTTTATCTTGCATCATTATTTATAATGCCGAATTCACAT
GTGACGTTTGCCGATTACTGGCGATGGTGGATTGTTCACTTATGGGTTGAAGGTATATTTG
AAGCATTTGCCGTAGTGTGATTGGTTTCTTAATGGTTAATATGAAATTAACCTACCATTGA
AACGACGATTCGTGCATTATATTTCAATTAATCTTATTACTAGGTACAGGTATTGTTGGT

ATGGGTCATCATTACTATTGGCAAGGTGATCATTCCATATGGCTAGCACTGGGTTCTTGTT
TTTCAGCATTAGAAGTCGTGCCGCTTTGTTTTATTAATTTGGGAAGCATAACACACTATCG
CTTATATAAGAATAGTGACATCGCTTTTCCTTACAAAGGTACATTTATTTTTCTTGCTTCA
ACAGGATTGTGGAATGCAATTGGTGCTGGAGCATTAGGCTTTTTAATTAACACACCAGCA
GTAACTACTTTGAACATGGTACGCAATGGACTGCAGCACATGCCCATGGTTCTATGGCT
GGCGTGTATGGTATGTTCTCAATTGCAATTGCGTTGTATGTTTTTAAAAATATTACTAAAA
AAGAATTTGGACACCGAAAGTTGAAAAATGGATAAAAAATATCATGTTGGGCTTTAAATA
TTGGCTTGGCAGGTATGGTTTTCGTTACATTAATGCCAGTAGGTTATATCCAACCTTAAAGA
TGCATTAGAACATGGTTATTGGCATTCAAGACTAACGTCATTTTATGAACAACCACTTGTA
AAAGCAATCATGTGGGGGAGAATGCCTTGGGACATTATATTCACAGTAGGTGTCATTATA
TTAGTAGTTATTTTATAAGGGGATACAGACACTTAAAACCAAATAACAGAGTATAG

> Q5HJB2

Function: protein coding sequence; putative transcript regulator/GntR family (core genome, variable)

Best match: Q5HJB2_CC025_21193_AFEG01000009.1[165880:166584]RC

Position: 008-contig_256: 152636 ... 153341; Length: 705 bp

Sequence:

CTACTTTTTACTTGGAAATATAAACTGTGCATGACGATAATGAAATACGATGTCAGACGA
ATCAAAAGGTTTGCCAGTCATTGTATAAAACGTTTGGTGATAACGTAACATGGTTTCGCC
TGCAGATAATTGTAGTAATGTCGCTTCACTTGAAGTGAGTTTATCTACATTAAAGAAAAT
ATCTGAAAAACCAATACGAAGTTTCATGTTTGATTCTAAATAATCGAAGATAGAGCCCTT
AGCAATATCATCATTAAATATTTACGATTTCTTTATGATAATAAGAATATTCGATACAT
AAAACATCATCGTCCACGAATCTTAATCGCTCTAAATAGTAGACGGTATCATCTGCATTT
AATTGGAGTTCATCTTGTACAGATTTAGGTGGCGTTGCCATCTCCTTAAAAACAAGTACCT
TACTTGTCATTTCGATGTTACCTAAACTTTTAGAGAAACCATTAGTCTTAAAGACGTTGAT
ACGATTGGCATCTGCAATATTTCTCACATAAATACCACTGCCTTGTGCTTGATAGATCAAA
CCATCTTGTTCOAATAAGCCTAATGCTTTAATGATAGTACTCTTACTTACTTGATAACGTT
CTTTAATTGCGTCACGCTTGGCAATTTATCACCGGGTTTGAAATTAGATTGATGTATAAA
CGCATTAAGTTGCTTAGCAATATGTTCACTTTAAACA

> Q1YAD5

Function: protein coding sequence; PTS system/IIA component (core genome, variable)

Best match: Q1YAD5_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[32831:33622:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 153489 ... 154281; Length: 792 bp

Sequence:

ATGAGCAATAAATATAAAGAACAAGCCCAAGACATTCTTACAGCTGTAGGTGGTGTGCGA
AAACATTGTTGATGCAACGTATGATACGAAGTGCATTACAATTCATATGCAACATACAAT
TCCTTCTACAGCAAATGAAGTGAAACAAATAGTTGATGTGACATCTGTAGCAGAAAATGA
TGCGCAGTTAGTTATAAAATTAATGGAAATGTTGATGAAGTGTATCAGCAATTACAGCG
ATTAATTAAGAATGCTAATGTCGAAGAGAGTGAGAATACTGACAATATTAATAGCCAAG
ATACAAGTTATACACCTCAAGTAAAAGTAACAACACCAATTTTAGTGAAAGCACCAATCG
CTGGTCGTCGTATTTACTTAAAGAAGTAAGAGATTCAATTTTAGAGAGAAAATGGTAG
GCGAAGGCTTGGCAATCAAAGCTCATGAAGAATCCAAAGTAATCGCACCGTTCAATGGTT
TAGTATCTATGATTGTACCAACTAAGCATGCAGTTGGTATTCAATCAGAAGACGGTGTGG
ACATAGTCATTCATATTGGCGTGAATACAGTTGACTTGGAAAGGTAAAGGGTTCAAGTGCT
TTGTAAAGCAAATGATCGTGTTGAAGCAGGGCAAACGTTGTTACAATTCGACCAGCAAT
ATATAACAACAAGGCTACAATGCTGACGTTATTGTCGTTATTAGCAACTCTGCCGATTT
AGGAAAAGTAGAACTGACAATGAATGAAATCATTACGACTGAAGATGTTATTTTTAAAT
ATTTAAAAACTAG

> bglA

Function: protein coding sequence; putative 6-phospho-beta-glucosidase (core genome, variable)

Best match: bglA_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[31379:32815:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 154296 ... 155733; Length: 1437 bp

Sequence:

ATGACAAAATTACCGCAAATTTTCATGTGGGGTGGCGCACTTGCCGCAAATCAATTTGAA
GGTGGATATGATAAAGGTGGTAAAGGGTTAAGTGAATTGATGTTATGACGAGTGGTGCA
CATGGCAAAGCACGTCAGATTACAGAATTTATAGATCCCAATCACTATTATCCAAATCAT
GAAGGTATTGATTTTTATCATCGTTATAAGGAAGATATTGCCTTGTTAAAGAAATGGGA
TTGAAATGTTTACGTACGTCGATTGCGTGGACACGTATCTTTCCGAATGGGGATGAAGAT
GTGCCAAACGAAGAAGGACTCGCCTTTTATGATCGTATCTTTGATGAATTAATTGCACAA
GGTATTGAACCTGTTGTGACGTTATCACATTTTGAGATGCCACTTCATTTAGCGAAACATT
ATGGTGGATTTAGAAATAGAGAAGTTGTCGATTATTTTGTGCATTTTGC CGGTGTTGTATT
TGAAAGATATAAAGATAAAGTTACATATTGGATGACGTTTAATGAAATTAATAATCAGAT
GGACACATCAAATCCTATCTTTTTATGGACGAATTCTGGGGTAGCATTGACAGAAAATGA
TAATCCTGAAGAAGTCTTGTATCAAGTAGCACATCATGAACTTTTAGCCAGTGCTTTAGC
AGTTCGTCTTGGTAAAGAGATTAATCCGAAGTTTAAGATTGGAACAATGATTTACATGT
ACCCATTTATCCATATTCGTGTCATCCGAAAGATATGATGGAAGCACAAATTGCGAATCG
CTTACGTTTCTTTTTCCCGGATGTCCAAGTGAGAGGTTATTATCCAAGCTATGCTAAAAAA
ATGTTGGCACGAAAAGGATATGATGTTGGATGGCAAGAAGGGGACGACAGTATTTTACA
GCAGGGCACGGTTGATTATATTGGCTTTAGTTATTACATGTCTACGGCTGTAAAACATGAT
GTTGATACTACAGTTGAAAACAACATCGTCAACGGTGGTTTGAATCATTCTGTGGAGAAT
CCGCATATCGCAACGAGTGATTGGGGTTGGGCGATTGATCCAGATGGCTTAAGATATACA
TTGAATGTGTTATATGATCGTTATCAGTTACCACTTTTTATTGTGGAATAATGGTTTTGGTG
CAGTTGATGAAGTGGTAGATGGACATATTCATGATGATTATCGCATTGAATATTTAAAAG
CACATATTACAGCAGCGATAGAAGCAGTTGATCAAGATGGTGTAGATTTAATCGGTTATA
CACCGTGGGAATCATTGATATTGTTTCATTTACAACCGGTGAAATGAAGAAACGCTATG
GTTTAATATATGTTGATCGAGATAATGATGGTCATGGCACGATGGAACGCTTGAAAAAAG
ATTCGTTCTATTGGTATCAACAAGTGATAGCATCAAATGGAGATAAATTATAA

> **Q5HJA9**

Function: protein coding sequence; putative methyltransferase (genomic island)

Best match: Q5HJA9_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[30213:30974]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 156248 ... 157010; Length: 762 bp

Sequence:

TTAGTGCTCTTTTTTAGCGACAAAAGTAATATAATTCATATCTTTACGCAATTTAGTCATC
GTTTTAAACATTTTACAAAACATTGGTCGATTTTCTTTTTTAAAGCATTGTTGATAATCTT
TATAGTTCCAACAATACCTTCGTCATAAATTAACCTTTTGGTGTCAATTAACCTCATTGGA
CCAGTATGATAATGCACATGATTAACCAGCTTGATTATATAAATCTAACCAGCCAAGT
TTCGTCTGCGGTGAGACATTGACATTAATTGCTGCAGATAATGATTTAACTACATGTGTGG
CATGTGATTCATTAACGATGACAATATCATGTGTTAACAAGATACCCCGAGGCTTTAAGA
CTCGGTAGTACTCGCGTAATGCTTTTTCTTTATGGCGATGGGTAACATTGTTAACATTGC
TTCATTTAAAACGATATCGAATTGATTGTCATCAAAGGGCAATTTAACAGCATTTCGCTTGT
TGAACCTGAATATATGATTCAAGACCTGCTGCTGAAATATTTTCTGTGCTTTTTCTAATG
CTTTCTTATTTATATCAACGCCTTGAATGTGACAGCCATATGTATGAGCTAGATAAATAGA
TGTTGTGCACATATTACATGCCACTTCTAACACTTTTTTATCTTGTGAAATGCCCTTGT
GTATTAACCAATCTGTTGCTGCTTACCACCGGGCGTAGACGAGTTTTTCTAATTTAGC
TAAAAATGTATGACCAGCTTCTTTGGACAT

> **rbsK**

Function: protein coding sequence; ribokinase (core genome, variable)

Best match: rbsK_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[29048:29962]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 157260 ... 158175; Length: 915 bp

Sequence:

TTACACTTGATTTACTTCTTCTAGTAGAGGAATAGATGCTTGC CGCGCCGTGTTTTGTACA
GTGAGTGAGCTCGCTTTATTACCAAATCAATAGCATCTGCTAAGTTATCTTGC GACTTGT
TTAAGCGACTGACAAATGCACCAATAAATGTGTCGCCTGCAGCAGTTGTATCAATCGCAT
TTACTTTATAAGCTTCGATGTGTTGGCTTTGATTTTTAGTAGCAAATATGTACCTTGCTTA
CCTAGCGTAATCAAACAGTCTTAATGCCTAAAGATAAAAAGTAATTGGCATTGTCTTTC
ATAGATTGTTTATTAGTTACTTTAATCCAGATAACAATTCGGCTTCTGTTTCGTTTGGCA

CAATAATATCGATTAATGATAATAATTCATTAGGTAATGCTTTCGCTGGTGCAGGATTTAA
TACTGTGTCACACCATGTGCCTTGGCAATTTCAAATGCAGATATAATAGCCGGGATGGG
TACTTCTAATTGTGCAACGACAAAGTCTGCATTGATTATAGCGTCTTTTTCGTTAATAACA
TCTTCAGGTGTCATCGTCATATTCGCACCACCATAAACATAGATGGTATTTTGTCTTCTG
CATTACAGTGATAAAGGCTTGGCCCGTTTTTGTCTCAGTTGATTTGATAATATATGATGT
ATCAATATGAGCTGCTTTAAAATCTTCTAAGATGAAATCAGCAACGCCATCAGTGCCAAT
TTAGTAATAAATGTTGTGTCTGCTTGCATGCGTGCAGTGGCAATAGCCTGGTTGGCACCT
TTACCTCCGCCGAATGCTTTTTGTGCTTCTTCAACATGTAATGTTTTCGCCTGGTTGTGCATA
TCTTCAACTGTTAAAATGATCGACATTCGTTGAACCTAAAATAACAACCTTTGTTGGTC
AT

> **rbsD**

Function: protein coding sequence; D-ribose pyranase (core genome, constant)

Best match: rbsD_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[28616:29020]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 158202 ... 158607; Length: 405 bp

Sequence:

TTAAAAAGTAACATTTCGATTCTAATGCAATATTAGAGTAGGGCGTTGTTTCACCAGTACG
AATATTACCTTTATTTAATGGGTGAGCTAAGTTACTTTTCATTTCTTCGTGAGGAATGAAA
ATGATTTTCGATTTCCGATGAAATCAATTGTTAATTTGTTGCAATTGTGTAGGGTTATGTT
CTTTTATTTCTTCTGCTAAGTATATTTTTTGTATTTCCATTTCTTCTAACACTGTAGCTAAG
ACATCAATAAAGCGTGGTAAGTTTTTAGTTACAGCTAGGTCGATACGACGATGATCATT
GGAATTGGCATGCCAGCGTCATTAATCGTTAATAGATCAAATGACCAATTGTTCGCGATT
GCTTTTGAAATATGTTCAATTTAAAACAGCTGTTTTTTTCAT

> **rbsU**

Function: protein coding sequence; ribose uptake protein (core genome, constant)

Best match: rbsU_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[27720:28601]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 158621 ... 159503; Length: 882 bp

Sequence:

TTATTTTATAAATACTGTAACAGAAGCGGCTACTAAAATGAGTACTAAGCCGATGATTGT
AATAACCATTTCTTTTGACGTTTTATGTTGTTTTAAGAAATAAATACCAGTTAATGTAGCA
AGCACAACGGATGTTTGAGAAAGAATAAATCCAGTTGCTAAACCATTCATATTAGGTTGT
GCTGAAATAAGATATGTTAAGGCACCAAATGCAAAGAAGAAACCTGAAATAATTTGTAA
CCACGTAATTTTATTACGGAATGGATTCTCTGCTTTCATATTCATAAAGCCATAAATGACT
GCAACAATTACCATAACCCATTGCTTGAGGTAAAAAGGCAGTTAGGCCATCAATAGAAGTT
GCTTGCGGTGCAGCTGAATATAACCAGTATCCAAATTCACCAATTAACAGAAGTACCACT
GCACGACGTAAATTTTTGGCGTTACTTGTCTTTGCGTTCACTCCAACTGTCATACGCG
CACCAATTAGAATAACGACTAAAGCTGTAATCCAATGATTTTATGACCAATGCCTGGCC
AATTTCTAATGCAAAGACACCCATAAAGATGCGCCTAATAAATTGGAATGCTGTTGTGA
CTGGCATGGCACGAGATGAGCCGACTAATTCGAACGCTTTAAATGTAATGATTTGTCCGA
ATCCCCATCCTGCACCTGATAATAAGGCGAATAGCAAATTGGTTCCAGTAGGGAAGCCAC
TTGATGTGACTACGGCTAATAAATAGCGAAGATTAACGTACCTACAGTAGCACCATAA
TTGATGTACAGGTTTACCACCAAACCTTTGAAGCGACTGTTGGGAAGAAGCCCCAGCCAA
TTAAGGGGCTAACCCGATAAGTAATGCAACAATGCTCAT

> **rbsR**

Function: protein coding sequence; ribose operon transcript repressor (core genome, variable)

Best match: rbsR_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000041.1[145517:146515]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 159734 ... 160733; Length: 999 bp

Sequence:

TTAGTTTGAAAGATGATAGCCAGTTGTTGCACGAATTTTTAAAGTCGTTGGTAATTC AATC
ATATCAATGGATTTATCTAAGTGCTGTAATCGTTGAAGTAATAAGGTTAAAGATGTTTTGC
CAATATCAGTTATAGGTTGTGCCACAGTAGTTAAAGGTGGCGAGACGTACGCTGCATAAT
CAATGTCGTCATAACCTATTAATGAGATATCTTTCGGAATACTGATGCCATGTTCAATTAG

TCCTCGTAAAATGCCAATAGCGAGTTCATCGTTAATAGCGAAGATTGCAGTGGCAGATTG
AACCATGATGTCATCAACAATGGTTAGCCACCGCGCTTAGATAAATTCAGTATGGACGAT
TTGTGGTTCTGGCAATTGATTCGCGCGCAAAGTATCAACAAATCCAGCGACACGAGTCGA
CATATTCGCCATCATGTATATGGTGCAACAATCATCATATTGTTGTGACCGAGTTCTATT
AAATGTTGTGCTGCAAGTTGTCCGCCTTGATATTCATTTGTCCGAACAAAATCTGTATAGC
CTTGATGGTCATTTTGTATCCAGTACGACATAAGGTACATGATGTTTCTTTAGATAGTTATT
TAGGGCGTCCGGGGATGAAATGTATTGTGCGATAATTAATCCGTCAATACCTCGATCAAT
TAAATGTTTAAATATTGTCATACAAATCAGTTGCTGTAGATGTTAAAAAGCATAAATCAAC
ATCAGATGGTTTATGGTCATGAATACTTTGCATCAGTGCTGAGAAAAACGGATTTGTTAA
GCTAGGCAAAATGACGCCAATAGTTTGAATTTTACTGCCGCGCAATTGTTTTGCATGTTTA
TTAGGGGCATAGCCTAAACGTTCTGAAACAGCATGTACGTTTTTTATCGTTGTTGCGGAA
AAACGACTATCATTATGATTTAAAATATGTGACACAGTTGTAAGTATACACCAGCTTCT
CTAGCAACATCTTTAATTGACACTTTTTTTCAT

> **lytM**

Function: protein coding sequence; lysostaphin (core genome, variable)

Best match: lytM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2298898:299848 [4_50ANF10END]

Position: 008-contig_256: 164560 ... 165511; Length: 951 bp

Sequence:

ATGAAAAAATTAACAGCAGCAGCGATTGCAACGATGGGGCTTCGCTACATTTACAATGGCG
CATCAAGCAGATGCAGCAGAAACGACAAACACCCAACAAGCACATACACAAATGTCAAC
ACAATCACAAGACGTATCTTATGGTACTTATTATACAATTGATTCTAATGGGGATTATCAT
CACACACCTGATGGTAACTGGAATCAAGCAATGTTTGATAATAAAGAATATAGCTATACA
TTCGTAGATGCTCAAGGACATACGCATTATTTTTATAACTGTTATCCAAAAAATGCAAAT
GCCAATGGAAGCGGCCAAACATATGTGAATCCAGCAACAGCAGGAGATAACAATGACTA
CACAGCGAGTCAAAGCCAACAGCATATTAATCAATATGGCTATCAATCAAATGTAGGTCC
AGACGCGAGCTATTATTCACATAGTAACAACAACCAAGCGTATAACAGCCATGATGGTA
ATGGAAAGGTCAATTCCCCTAATGGCACGTCTAATCAAAATGGCGGATCAGCAAGTAAA
GCGACAGCTAGTGGTCATGCGAAAGACGCAAGCTGGTTAACAAGTCGTAACAACACTACA
ACCATATGGACAATATCACGGTGGTGGTGCGCATTACGGTGTGCGACTATGCAATGCCTGA
AAATTCACCAGTTTACTCATTAACTGATGGTACAGTAGTACAAGCAGGTTGGAGTAACTA
TGGTGGTGGTAATCAAGTAACGATTAAGAAGCGAACAGTAATAACTACCAATGGTATA
TGCATAATAATCGTTTAACTGTTTCAGCTGGTGATAAAGTCAAAGCTGGTGACCAAATTG
CATATTCAGGTAGTACGGGTAATTC AACAGCGCCTCACGTACACTTCCAACGTATGTCTG
GTGGCATCGGTAATCAATATGCAGTAGACCCAATGTCATACTTGCAAAGTAGATAA

> **ssaA**

Function: protein coding sequence; staph secretory antigen A (core genome, constant)

Best match: ssaA_CC001-ST772_118_AJGE01000065.1[16080:16982]RC (completely identical)

Position: 008-contig_256: 170240 ... 171143; Length: 903 bp

Sequence:

TTAATGGATGTAATTATATGATGAACTTCTGAAGCAGAGATGGTTCTTGATGAAACGAT
ATATTCACCGATCCAATTCATTTCTGAAATTAGAATGCTTCCATCAATATTAACTTTTTCA
ACGTAGGCTACATGACCAAATGGACCGTTTACTGTTTGTA AAAATTGAACCTCGTGTTGGG
TGTCTATCTACTTTGAAGCCATTGCTTGAAGCTTGGCCTGCCAGTTTTTAGCATCTCCCC
AAAATGTACTAATCGTGTGTCCATCTTTGGCACGTTTATCAAAGACATACCATGTACATTG
TCCAGCAGTATATAAGTTGTTCTTACTTGTGATAAGAGGCTGATCAATGATTTTACCGTTA
CCTAATGCTAAAGGTTTACCGTCAGCAGTCTTTGCTTTGTCATTAAATTCGGCGATTTGTA
ATTCGTCATACAATTCGTCTAAATCGATGCCTGTAATAAGCCCTTTGTTATCTTTGAAAA
AGCGTTATTTAATTCATCGTCATTGTCTTCGACATTCGGTATTGCTGGTGTCAAAGGATTG
CTTGGTGACGTTTGAGGCGGTGTGTGTGAATCAATTGCGTCATTAATGTGCGTATACTGAC
CACTTAATGAAGAATGGTACTGATTGTTGTTAAGATCACGTTGATTTGCGTGTTGATGATT
GTCGTTTGTACGTGACTGGTTTTGATGATTGTTGTTTGGCGTGTTGTTTTTGCATATGTAT
AAGTATACGCGCCGGTGTCTTTATCACTTTGAACTGTGCGTTTGGGTGTGCTTTCTTTGCT

TCTTCTAATGTTTTGCTATCATTCGTATATGCTTGAGCCGAGTTAGGCGACATACTAAATA
AAGTAAGAGTTGTCATCGTCAGTAAAATTGTTTTCTTCATAATAACCAT

> **esxA**

Function: protein coding sequence; virulence factor esxA (core genome, constant)

Best match: esxA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[305719:306012] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 171381 ... 171675; Length: 294 bp

Sequence:

ATGGCAATGATTAAGATGAGTCCAGAGGAAATCAGAGCAAAAATCGCAATCTTACGGGCA
AGGTCAGACCAAATCCGTCAAATTTTATCTGATTTAACACGTGCACAAGGTGAAATTGC
AGCGAACTGGGAAGGTCAAGCTTTCAGCCGTTTCGAAGAGCAATTCCAACAACCTTAGTCC
TAAAGTAGAAAAATTTGCACAATTATTAGAAGAAATTAACAACAATTGAATAGCACTG
CTGATGCCGTTCAAGAACAAGACCAACAACCTTTCTAATAATTTTCGGTTTGCAATAA

> **esaA**

Function: protein coding sequence; protein esaA (core genome, constant)

Best match: esaA_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[273193:276222]

Position: 008-contig_256: 171757 ... 174787; Length: 3030 bp

Sequence:

ATGAAAAGAAAAATTGGATTTATGCATTAATTGTCACCTTAATTATTATAATTGCCATAG
TTAGTATGATATTTTTTGTTCAAACAAAATATGGAGATCAATCAGAAAAAGGATCCCAAA
GTGTAAGTAATAAAAAATAAAAAACATATCGCAATTGTTAACGAGGATCAACCAACG
ACATATAACGGTAAAAAAGTTGAGCTGGGTCAAGCATTTATTTAAAAGGTTAGCAAATGA
GAAAACTATAAATTTGAAACAGTAACAAGAAACGTTGCTGAGTCTGGTTTGAAAAATG
GTGGATACCAAGTCATGATTGTTATCCCAGAAAACCTTTTCAAATTTGGCAATGCAATTAG
ACGCTAAAACACCATCGAAAATATCGCTACAGTATAAACAGCTGTAGGACAAAAAGAA
GAAGTAGCTAAAACACAGAAAAAGTTGTAAGTAATGTACTTAACGACTTTAACAAAAA
CTTAGTCGAAATTTATTTAACAAGCATCATTGATAATTTACATAATGCACAAAAAATGT
TGGCGCTATTATGACGCGTGAACATGGTGTGAATAGTAAATTCTCGAATTACTTATTTAA
TCCAATTAACGACTTCCCGGAATTATTTACAGATACGCTTGTAATTTCAATTTCTGCAAC
AAAGACATTACAAAATGGTTCCAAACATACAATAAATCATTATTGAGTGCGAATTCAGAT
ACGTTTCAGGGTGAACACAGATTATAATGTTTCGACTTTAATTGAAAAACAAAATTCATTA
TTTGACGAGCACAATACAGCGATGGATAAAATGTTACAAGATTATAAATCGCAAAAAGA
TAGTGTGGAACCTTGATAACTATATCAATGCATTAACAGATGGACAGCCAAATTGATCA
ACAATCAAGTATGCAAGATACAGGTAAGAAGAATATAAACAACTGTTAAAGAAAACCT
TAGATAAATTAAGAGAAATCATTCAATCACAAGAGTCACCATTTTCAAAGGTATGATTG
AAGACTATCGTAAGCAATTAACAGAATCACTGCAAGATGAGCTTGCAAATAACAAAGAC
TTACAAGATGCGCTAACAGTATTTAAATGAACAATGCTCAATTTGCTGAAAATCTAGAA
AAACAGCTACATGATGATATCGTTAAAGAACCAGATAAAGATACAACATTTATCTATAAC
ATGTCTCAACAAGACTTTATAGCTGCAGGTTTAAATGAGGATGAAGCTAATAAATACGAA
GCAATTGTCAAAGAAGCAAAACGTTATAAAAACGAATATAATTTGAAAAACCGTTAGC
AGAACACATTAATTTAACAGATTACGATAACCAAGTTGCGCAAGACACAAGTAGTTTGAT
TAATGATGGTGTCAAAGTGCAACGTAACGTAACGATTAAGTAATGATATTAATCAATT
AACTGTTGCAACAGATCCTCATTTTAAATTTTGAAGGCGACATTAATAATTAATGGTAAAAA
ATATGACATTAAGGATCAAAGTGTTCAACTCGATACATCTAACAAAGGAATATAAAGTTGA
AGTCAATGGCGTTGCTAAATTGAAAAAGGATGCTGAGAAAGATTTCTTAAAAGATAAAA
CAATGCATTTACAATTGTTATTTGGACAAGCAAATCGTCAAGAAGAACCAATGATAAGA
AAGCAACGAGTGTGTGGACGTAACATTGAATCATAACTTTGATGATCGCTTATCGAAAG
ATGCATTAAGCCAGCAATTGAGTGCCTTATCTAGGTTTGTGACATTATCAAATGTACA
CAGATACAAAAGGCAGAGAAGATAAACCATTCGATAACAAACGTTTAAATTGATATGATG
GTTGACCAAGTTATCAATGACATGGAAAGTTTCAAAGACGATAAAGTAGCTGTGTTACAT
CAAATTGATTCAATGGAAGAAAACCTCAGACAACTGATTGATGACATTTTAAATAACAAA
AAGAATACAACAAAAAATAAAGAAGATATTTCTAAGCTGATTGATCAGTTAGAAAACGT
TAAAAAGACATTTGCTGAAGAGCCACAAGAACCAAAAATTGATAAAGGCAAAAATGATG
AATTAATACGATGTCTTCAAATTTAGATAAAGAAATTAGTAGAATTTCTGAGAAAAGTA

CGCAATTGCTATCAGATACACAAGAATCAAAAACAATTGCAGATTCAGTTAGTGGACAAT
TAAATCAATTAGATAATAATGTGAATAAACTACATGCGACAGGTCGAGCATTAGGCGTAA
GAGCGAATGATTTGAACCGTCAAATGGCTAAAAACGATAAAGATAATGAGTTGTTGCGCTA
AAGAGTTTAAAAAAGTATTACAAAATTCTAAAGATGGCGACAGACAAAACCAAGCATT
AAAGCATTTATGAGTAATCCGGTTCAAAGAAAAACTTAGAAAATGTTTTAGCTAATAAT
GGTAATACAGACGTGATTTACCGGACATTATTCGTATTATTGATGTATTTACTATCAATGA
TTACAGCATATATTTTCTATAGTTATGAACGTGCCAAAGGACAAATGAATTTTCATTAAG
ATGATTATAGTAGTAAAAACCATCTTTGGAATAATGTCATTACGTCAGGTGTTATTGGTAC
AACTGGTTTGGTAGAAGGATTAATTGTCGGTTTAATTGCAATGAATAAGTTCATGTATTA
GCTGGCTATAGAGCGAAATTCATCTTAATGGTGATTTAACTATGATGGTCTTCGTA
TTAATACGTATTTACTAAGACAGGTAAAATCTATCGGTATGTTCTTAATGATTGCTGCATT
GGGTCTATACTTTGTAGCTATGAATAATTTGAAAGCGGCTGGACAAGGTGTGACTAATAA
AATTTACCATTGTCTTATATCGATAACATGTTCTTCAATTATTTAAATGCAGAGCATCCT
ATAGGCTTGGCGCTAGTAATATTAACAGTACTTGTGATTATTGGCTTTGTACTGAACATGT
TTATAAAACACTTTAAGAAAGAGAGATTAATCTAA

> **essA**

Function: protein coding sequence; protein *essA* (core genome, constant)

Best match: *essA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[309124:309582] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 174786 ... 175245; Length: 459 bp

Sequence:

ATGTTGATGAATAGCGTGATTGCTTTAACTTTTTTAAACAGCATCTAGCAATAATGGCGGAC
TTAATATTGACGTGCAACAAGAAGAGGAAAAGCGAATCAATAATGATTTAAATCAATAT
GATACAACGCTATTTAATAAAGACAGCAAAGCGGTTAATGATGCGATTGCTAAGCAGAA
AAAAGAACGACAACAACAATAAAAAATGATATGTTTCAAATCAAGCGAGTCACTCGA
CTCGCTTGAATGAAACTAAAAAAGTGTTATTTTCAAATCTAACTTAGAAAAGACTTCGG
AGAGTGATAAAAGCCCCTATATTCAAACAAGCAGGAGAAAAAATATTCCCGTACATT
TTGATGTCTGTAGGGGCTTTTTGACTTTAGGATTTGTCATTTTTTCAATTCATAAAGGGA
GACGAACGAAAAATGAATCAGCACGTAAAAGTAACATTTGA

> **esaB**

Function: protein coding sequence; protein *esaB* (core genome, constant)

Best match: *esaB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[330865:331107] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 175216 ... 175459; Length: 243 bp

Sequence:

ATGAATCAGCACGTAAAAGTAACATTTGATTTTACTAATTATAATTACGGCACATATGAC
TTAGCAGTACCAGCATATTTACCGATAAAAAATTTAATAGCTTTAGTATTGGATAGTTTGG
ACATTTCAATATTTGATGTCAATACACAAATTAAGTGATGACGAAAGGTCAATTA
TTGAAAATGATCGACTCATTGATTATCAAATCGCTGATGGAGATATTTTGAAGTTACTATA
G

> **essB**

Function: protein coding sequence; protein *essB* (core genome, constant)

Best match: *essB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[309809:311143]

Position: 008-contig_256: 175471 ... 176806; Length: 1335 bp

Sequence:

ATGGTTAAAAATCATAACCCTAAAAATGAAATGCAAGATATGTTAACGCCTTTAGATGCT
GAAGAAGCAGCTAAAACAAAATTACGCTTAGATATGAGAGAGATTCCTAAGTCTTCAATT
AAACCAGAACATTTTCATTTAATGTACTTATTAGAACAACATTCCTCATATTTTATAGATG
CTGAATTAACCTGAACTACGTGATAGTTTCAAATACATTATGACATTAATGACAATCATA
CACTTTTTGATAATATTAATCATTACTAAAAATGAAAAATTACGTTACTTACTCAATAT
CAAAAATTTAGAAGAAGTAAATCGTACACGCTACACATTTGTGTTGGCACCAGATGAATT
ATTTTTACAAGAGATGGATTACCAATTGCTAAAACAAGAGGTTTACAAAATGTTGTTGA
CCCATTACCGGTGTCAGAAGCTGAATTTTTAACAAGATATAAAGCACTGGTTATCTGTGC
ATTCAATGAGAAACAATCATTGATGCTTTAGTTGAAGGAAACTTAGAATTACATAAAGG

AACGCCATTTGAAACTAAAGTTATTGAAGCGGCAACGTTAGATTTACTAACGGCATT
AGATGAACAGTATCAGAAACAAGAACAAGATTATAGTCAAAATTATGCATATGTACGCA
AAGTAGGGCATACCGTTTTTAAATGGGTTGCTATCGGTATGACAACGTTAAGTGT
AATTGCATTCTTAGCCTTTTTATATTTTTTCAGTAATGAAGCATAATGAGCGCATTG
GGATACCAAGCATTGTAAAGGATGATTATACGCAAGTACTAAATACGTATGATGATTA
GATGGTAAAAAATTAGATAAAGAGGCCTTTACATTTATGCCAAAAGTTATATCCAAACA
AATAAACAAAGGTTTAGAAAAAGATAAGAAAGAAAATTTACTTAATAACGTGACACCAA
TTCAAATAAAGACTACTTATTATATTGGATGGAATTAGGACAAGGACATCTTGATGAAGC
GATTAATATTGCCACTTATTTAGATGATAACGATATTACAAAGTTAGCGTTGATTAATA
GTTAAATGAGATTAATAAATAACGGAGATTTATCGAATGATAAACGTTCTGAAGAAACGA
AAAAGTATAACGATAAATTGCAAGATATTTTAGACAAAGAAAAACAAGTTAAAGATGAA
AAAGCGAAATCTGAAGAAGAGAAAGCAAAAGCGAAAGATGAGAAATTAAGCAACAAG
AAGAGAACGAAAAGAAACAAAAAGAACAAGCACAAAAAGATAAAGAAAAACGCCAAG
AAGCTGAAAGAAAAAATAG

> **essC**

Function: protein coding sequence; protein essC (core genome, variable)
Best match: [essC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2\[311165:315604\]](#)
Position: 008-contig_256: 176827 ... 176857; Length: 30 bp
Sequence:
ATGCATAAATTGATTATAAAATATAACAAA

> **orfHyp-MRSA252**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)
Best match: [orfHyp-MRSA252_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1\[333582:334646\]](#)
Position: 008-contig_256: 180211 ... 181276; Length: 1065 bp
Sequence:
ATGGAAGAATATGAAGAAATGATGTCTAAGGTGACACGTGAAGGTTTAGCATTAGGGGT
ATACATCATTCTTTCAGGATCAAGATCAAGTGCAATAAAATCAGCTATATTTACTAACATT
AAAACAAGAGTTGCACTATACCTCTTTGAAAATAATGAATTAACAAATATTATTGGTTCT
TATAAAAAAGGTGTGAAAGATGTTAAAGGTAGAGCTGCAATAAATGATGATAACTTCAC
ACAGTTCCAAATTGCGCAACCATTTGAATTAGCAGAAGGACAAACATATAACGAGCGCA
TTAAAAATGAAGTAGCACAAATGAAAGAATTCTATGTAGGAGATTATCCAAAACATATCC
CAATGATGCCAGATAAGGTATTAATGGATGATATTCAAGAAACATATGATTTGGAAAAA
ATCATTATCATGAAGAACACAAATTACCATTAGGATTAGACTTTGAGGATGTGGAAGTACTAGTT
AGCTTAGATCTGACAAGTTCTTCGATTGTAACAGCAATTAACCAACTGAGATGGAAAAA
ATGAATGATGTTATAATGTCTAGTTTATCAGTATATAGTAAAAACCAATTTGTTATCTTGG
TTGATGCAGAAGATAATATGAGCCAGTATGCAGAAGATGTAACCTCTTATTATTCAGCAC
CATCAGATTTGAGCAACATTAGATTAGGATTTAAGCAAGAAATAGAAGCAAGGAAAAAAT
GGCGAGAAAAGTATAGAGGAATGCAAGATTGTATTTATAAATAATATTAACGATTCAAT
CAATTAACCTGGAATGACAGAAGATGAAATTCGTGTGTTATTTAATGAAGGTCAAAAAGTT
AATATTATCATTATTGCAAGTGGACTATACTCAGATACAATTGGTGCATTTGATAGAGAA
AGTAAAATGATGGTAAGAACTATAAATCAAGCTTTGATTAGTCATAAGATATCGGAACAA
GAATTTATAAGAGTTAAAGATCGATTTGGTGAACCAGAATTAAGTGGGAGAAATGTA
TTACATTAATAATCAAGAATATCAAAAAATAAACTAATGGAGGGATAG

> **Q6GK23**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)
Best match: [Q6GK23-MRSA252_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1\[334649:334915\]](#)
Position: 008-contig_256: 181395 ... 181545; Length: 150 bp
Sequence:
TTTAAAGAATATGTAAATATGTTTGAAGATTATCAATCAGCTCTATCTAATTATGAAAAC
ATAATTGAACAAGATACGACGGCTATGGATACAACGGTAACAGAAATTGTTGAAAACGA
TAGAGAAATAGCAGGACAAATTAATAAATAA

> Q6GK22

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GK22-MRSA252_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1[334938:335333]

Position: 008-contig_256: 181567 ... 181963; Length: 396 bp

Sequence:

```
ATGAGTAATAAGGGAGAAATAAGAAGGCCAAATTGCTAATAAAGAAAGAGAAAAAGCAA
GTAAAGAAGCACAACTAACAGATTTAAAAGAGGATTTAAGAAGGTTGAAAGACGCTTCG
AAAAAATTGGATACAGCAGGAGAAGATTTTAACAAAGGACAGAGTAGTTATAACAAAGT
AGAAATTAGTACTTCAGATTGGAAAGGAGAAAGAAGGACTAAAAGTGACAGCAAAAAG
AAAGATGTCGATTCTGAATTAATAAAAAGTTGAACAAGACTTTGATGATGCGAAGAAGGC
TATTAATAAAGATATTCAGGATAAAGAAGGAGAAATCAAGGGAGTCGAAGGAGAAATC
AGTACTATAAATGCAGCTATAGATGCACTTAAATCAAATTATAA
```

> Q6GK21

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GK21-MRSA252_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1[335355:337025]

Position: 008-contig_256: 181984 ... 182134; Length: 150 bp

Sequence:

```
ATGGGGTACAAAGTTGATATGTCTGAAGTGCACAATATGCAAAGTCTATTGATTCAAGC
TTAAGTGCATAAATAACAAAGGTTAGCACGCTTAGCAGTAGCATAAACCAACCTTATAAAT
ACTGAAGGATTCGAAGGTCAGACAGCAAGT
```

> Q6GK19

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GK19-MRSA252_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1[337685:338140]

Position: 008-contig_256: 184314 ... 184770; Length: 456 bp

Sequence:

```
ATGGAAGTAGGAATGTTAATTATGCCGTTTTGTGTGAAGATTACATTTGAAATTGATAAA
AATGATAAATTGGTTAAATGCATTAGATACAGTAAATGAATTTTTTATGGATAAAGATATA
TATCCTACTGGACCTATAATTTTCCAAAGAGAATTAGCAGGTTTGGGTGAATATAAATAT
ACAGCATATATAGCTCTTAATGATGAACTCCAAGATATACCTGAATTGAACATTAATAT
ATTGATTGTTTAGAGGTAGGACCTACGTTATCAACTAAGTGTTTTGAAGAAGAGGAATTT
GAAAGAGCCTATAAAGAAATTGAATATGTAGCTAACGAAAATAATATTAAGATTCTAAA
TCAACCATATTATCATGTAATGGTGGATTATTTGGTGGTACGGCTTTTGAATTTATGCT
CAAGTAGATTTGGATGAGAGTGAAGTATATGGATAA
```

> Q6GK17-var1

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GK17-var1_CC012_21266_AFTT01000027.1[118923:119510:r] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 185245 ... 185833; Length: 588 bp

Sequence:

```
ATGATAATTTTTATTTTAATAACAATATTTGCTATTTATTATATAGCTATGATTGCTAGTTT
GTTTAAAAGTGAAGGTTTTTCAATAATAGGTTAATATTGGATATAGTTATTTTGACAACG
TTAATTTTTTATTATTTGTAGGTGCGCGTTTTGTTGATCATGATTTAAGCAACTTTTTAGC
ATTTATGCATTTGGGTTCAATTTGTGTATATTTACTTTGCAATTAAGTGTTTTATGGGTGAAA
CCTAAGGTAGTAAATTATTTGATTGCAAAAGAATTGGATGAATCTAAAGAGGTCATTGAA
GAGCAGGAATTAGATTTACAGACATCAAAGATAAGAGGTATCTACTTTTTTATTATTGCA
GTAGTGATGTTAATTATTGCTAAATTAAGGATGCAACCAGAATTACAAGTAGATGCGTTA
TCAATGAATCCAGTTTTTATTTTTATAGGAGTTATTATCATCTTAATTTGGCTAGTACTGG
ATATATATCGTAAAGAAAAAATACGGTATATTCTTATTCAAGACGATAGTGCCATTAGTTG
TTACGACTTGGATTATTATAGCTACTATTGTACTTTCGTAA
```

> Q9L3N6

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9L3N6_CC030_MRSA252_BX571856.1[339379:339597] (completely identical)

Position: 008-contig_256: 186013 ... 186232; Length: 219 bp

Sequence:

ATGGAAAACCAAAAACAAGGCAATGGCTTAAAAATTGCAACATGGGTATTTATTGTATTA
ACAGTAGTTACACCGCTATTTGGTATTGGAAGTATTGTTTGTAGTATTAATTACAAAAAAT
ACGATGCAGAAAAAGGTTTCGAAGTTATTGAAAATTGCAATTATCGTAACAATAATTGTTT
TTGTTTTAAATTTATTAGCATATTTAGGTTTAAGATAA

> Q9L3N5-locus1

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9L3N5-locus1_CC030_MRSA252_BX571856.1[339729:340229]

Position: 008-contig_256: 186363 ... 186393; Length: 30 bp

Sequence:

ATGACTTTCGAAGAGAAGTTAAGTCAAATG

> Q9L3N5-locus10

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9L3N5-locus10_CC008_NCTC8325_CP000253.1[293073:293573]

Position: 009-contig_245_RC: 57 ... 207; Length: 150 bp

Sequence:

GATTGGGCGAATTCAGAGTTTGGACAAATGGGAAGAGAACATTATTACATGTATAAAAA
ATTTGGAATTTGGCCTGAAAAAGAATATGCCATAAATTGGGTAAAAAAAATAAAAAGATT
ATGTTAAAGAGCAAGATGAAGCTGAACCTATAG

> Q9L3N5-locus4

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q9L3N5-locus4_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[325134:325622]

Position: 009-contig_245_RC: 217 ... 1217; Length: 1000 bp

Sequence:

ATGACTTTCGAAGAAAAGCTAAGTCAAATGTACAATGAAATTGCAGATGAAATCAGTGG
AATGATACCAGTTGAATGGGAAAATATATATACAATTGCCTATGTAACCTGATCAAGGTGG
AGAGGTCATTTTTAATTATACTAAACCAGGTAGCGATGAATTGAATTATTACACGGATAT
CCCTAGAGAGTATAATGTCTCTGAAAAAGTATTTTATGATTTGTGGACGGATTTATATAG
ATTGTTTAAGAAGTTAAGAGAACTTTTAAAGAAGAAGGGCTTGAACCATGGACATCAA
GTGAATTTGACTTTACAAGCGAAGGTAAATTTAAAGTTTCATTTGATTATATTGATTGGAT
AAATACAGAGTTTGATCAATTAGGCCGTGAAAACCTATTATATGTATAAAAAGTTTGGTGT
TTTACCAGAAATGGAATACGAAATGGAAGAAGTTAAAGAAATCGAGCAATATATTAAG
AGCAAGATGAAGCTGAACTATAGGGGCGATAACATGACTTTCGAAGAAAAGCTAAGTCA
AATGTACAATGAAATTGCAAAATGAAATCAGTGGAATGATACCAGTAGAATGGGAAAAAG
TATATACAATTGCCTACGTAGATGATGAAGGTGGAGAGGTTGTTTTTAATTATACTAAAC
CAGGAAGTGAAGATTTGAATTATTATTCAGATATTCCTAAAGATTGCAATGTCTCAAAG
ATATTTTTAAGAATTCATGGTTTAAAGTTTATCGAATGTTTGTGATGAGTTAAGAGAACTTT
TAAAAAAGAAGATTTAGAACCGTGGACATCATGTGAATTTGACTTTACAAGAAAGGGAA
ATTTAAAAGTATCATTTGATTATATAGATTGGATTAATAGGTTTTGGCCCATCAGGAAA
GGAAAACCTACTATATGTACAAAAAATTGGTATTTTACCAGATATGGAATATGAAATGGA
AGAAATTCGAGAAGTAGAGAAGTATGTTAAAGACCAAGAGTAG

> Q1Y4S0

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q1Y4S0_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[109069:109443:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 1839 ... 2214; Length: 375 bp

Sequence:

ATGAAAAGAATATTGGTAGTATTTTTAATGTTAGCAATTATATTGGCAGGTTGTTCTAATA
AAGGTGAAAAGTATCAAAAAGATATTGATAAAGTGTACAAAGAACAGAATCAAATGAAT
AAAATTGCCTCGAAAGTACAAAACACTATTTAAAACAGACATTAACAAGAAGACAGTAA

TACACATGTTTATAAAGATGGTAAAGTCATTGTTATTGGTATTCAATTATATAAAGATCGT
GAAAAAATGTATTATTTTCGCATATGAAATAAAAGATGGTAAGGCAGAAATCAATAGAGA
AATAGACCCAATTAAGTATATGAAAGACCATAAAGCAGATTATGAAGATGAAAATGTAG
AAGTGGAAAAAGATTAA

> **Q2G173**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q2G173_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[326771:327169]

Position: 009-contig_245_RC: 2363 ... 2762; Length: 399 bp

Sequence:

ATGGAAAAATCGATCAAAAATAATGACAATAATAGGAATTGTGATTCAGGGTTTAGCAAC
GGTATTTAGTTTACTATTGATGGTTTTAGCAGCATCAGGTGTAATGACTACAGATGTGTCA
ACAACAGTTAATGGTGAGGTTGACCCAGTTGATGCAGAAACAGCAGCAGCAATTTTCACT
GTATTATTCTTATCCCTATTCATATTTGGAATCATTTCATTATTTTAGGTGCAATCGGTAT
GTTTAAAGCATCTAAAAACAAAAAATGAGTGGTATATTGTTGATTATTGGAGCTGTAAT
AAGTGGTAACATAATTACATTTGCTTTATGGTTAGTCAGTGGTATTAACCTCCTTACTAAT
ACAAGCCTAAAGATGAAATAAGCGACTTATCATAA

> **nirC-L1**

Function: protein coding sequence; formate/nitrite transporter/locus 1 (core genome, variable)

Best match: nirC-L1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[347433:348257:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 2976 ... 3801; Length: 825 bp

Sequence:

TTAATTATTTTTATAAAAATTGATGATGATCATTCAAGTAAGCATAGAATAAACCTATAATG
AGTCCGCCTCCAATATAGTTACCGATAAAAGCCGCAGCGATATTCGAAATAGCTGGTATG
AAGTGAATGTATCAACTTGATAAATTAACCACCCATAAATAAGCAACTGTTGTAAACG
ACATGTTCATAACCCATAAAGGCGAATATGGTAACACCGAACATCATGACAAACATTTTT
GCGAGTACATCGTCAATTTGCATGGCAATAACTAATGAAATATTGATAAAGAAATTGGCG
AATATCGCTTTCATTAATATACTTACAAAACCAGTAGACAACGTTTTATGCTCTATAACTG
CTGATAACTGATTTAACATATCTGGCGTCATTACATTTGAAAAACGCATGAAACTAAATA
AAATAGCAGCACCTAAAATATTTTCTGCAAAGCACAATAAAAAATATTTTCAATACTCTAG
TCGGTTTAATTACTTTATAATACAGGCCTACAGTAAAGTACATGAAGTTACTGGTTAGTA
GTTTCGGAGTTTGTAATAAAAATGAGTACTAACGCAAACCTGAATGTAATGGCGCTGGCCA
TATTCACAATGCCTGGCGGTAAATCTGGTTTCGTGTGTTGCTTTAACTGATAATACGAAGAC
CGTAATAATCCCGATAATAAATCCTGCCATCATAGCGCGTAATAAATAACGTTTTAAATA
AACGCTTTGTAATATATCTTTCGTTCTTATCGTTTCGACTACGTTATTTACCCAGTCGTCCC
CATAAAAAATCTTATCCCATTTAATATGTTTTCTCCTTCAC

> **brnQ2**

Function: protein coding sequence; branched-chain amino acid transport system II carrier protein (core genome, variable)

Best match: brnQ2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[297408:298715:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 4039 ... 5347; Length: 1308 bp

Sequence:

TTAAGTTGTTCGCTTGTTCGGACGGCGTATAACTACATCGATGATGAAACCTATGATTGCC
AAAAGAATGAATGGTACAAGCCAAGCTAAATCGATATCTGCTAAAGGTAACATCATAAA
CCATTTCAAATAACACCGTGTAATAAGTTGAAACTATTTAGTATTTGTAATAATTGAAAT
AATCAATGTAATAACAGTTGCGAGTCGATAGGCCCAACTGAATCTGAATGTGCTAAACAT
GTTAGCAAATGATATCAGTACAAGTGCAATAGACACGGGATATATTAATGTCAACAATGG
TACAGCAATTTTTAAAATCATTCTAAACCAAGTGTGTAATAAGAACCCTATGATAGA
GAAATAAGTGCGAATATTTTATAAGAAAACCTTAGGTACGTGTTTCTTAGTAAATGTGGC
GCAAGCATTGACGAGTCCTATACATGTTGTTAAACATGCAAGTATCACTGTCATACCAA
TACTATGTTGCCAAATGAACCAAATACGCGTAATGAATTGTACGTCAATATATCAGTACC
ATCTTTAAAGTTTCTGGAGCTGTTGACGCACCTACATATGCCAACGCAAAGTAAATCAT
ACCAAGTAATATAGCTGCAATAAATCCTGAAAAGCAGACATACTTTAATATTTTCATGCG

ATCTGTGAGGCCTTTAAACTTATAGCCATTGACAATGACTACGGAAAAAGCTAACGCAGC
AACAAGATCCATTGTAAAATAGCCTTCCAAACTTCCTGAAATGAAAGGATGTGTTATATA
TTTATCCTTAGGTGCACTTAGTGCAGATTCAGGGTTGAAAATGACAGCAATACTTAATAG
AGCGACCATTAATAGTAATAACGGTGTTAATAATTTACCTAAATTATCAACGATTTTCGAT
GGATTTAAACTAATCCAGTAAACGATGGCAAAAAAGACTGCTGCGAATATAATTAAGT
CCATTGGTTGTGCACAGGTAATAATGTGTCTTGTACCAATTTTCGTACGCGACATTTGCAGCA
CGTGAATACCGTAAAATGCTCCGATAGACATGTAAATCACGACAGCAAAAAATAAACCC
GAACCATGGATGTATACGATTGCCTACACTTTC AACACCTTCATCATAAAAATGCAACAAC
AATAACAGTAATAAAGGGGAGTAATATGCCTGTAAGGGCAAAGCCTAACATACCAATCC
ACATATTTTGACCTGCTGTATGGCCAAGCATGGGCGGGAATATTAATTTCCGGCTCCAA
AAAATAGTAAAATAACATGAGGCCCGAAATAATAACTTGTTTTTTCAA

> Q99WS0

Function: protein coding sequence; acid phosphatase precursor (core genome, variable)

Best match: Q99WS0_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[330373:331263]

Position: 009-contig_245_RC: 5930 ... 6821; Length: 891 bp

Sequence:

ATGAATAAAAATTTCAAAGTATATTGCAATAGCATCATTATCGGTAGCGGTTACAGTTTCG
GCACCACAAACGACAAATTCTACAGCGTTTGCCAAAAGTTCTGCTGAAGTTCAACAAACA
CAACAAGCTTCTATACCAGCATCACAAAAGGCGAATCTTGGTAATCAAAAATATTATGGCA
GTGGCTTGGTATCAAAAATTCAGCTGAAGCAAAGCATTATATTTACAAGGTTATAACAGT
GCAAAGACTCAGTTAGATAAAGAGATTA AAAAAGAATAAAGGTAAACATAAGTTAGCTAT
TGCTTTGGATTTAGATGAAACAGTTTTAGATAATTCTCCATATCAAGGCTATGCATCAATA
CATAATAAACCTTTCCAGAAAGTTGGCATGAATGGGTACAAGCTGCTAAAGCTAAACCT
GTCTATGGCGCAAAAAGAATTCTTGAAATATGCTGACAAAAAAGGTGTCGATATCTACTAT
ATTTCTGATAGAGATAAAGAAAAAGATTTAAAGGCAACACAAAAGA ACTTAAAACAACA
AGGTATCCCTCAAGCTAAGAAGAGTCATATTTACTAAAAGGTAAAGATGATAAGAGTA
AAGAATCACGCAGACAAATGGTTCAAAGGATCATAAACTTGTCATGCTATTTGGAGATA
ATTTATTAGACTTTACAGATCCAAAAGAAGCTACAGCTGAATCTCGTGAAGCATTAAATTG
AAAACATAAAGACGATTTCCGGTAAGAAATATATCATTTTCCCTAACCCAATGTATGGTA
GTTGGGAAGCTACAATTTACAACAATAACTATAAAGCAAGTGACAAAGCAAAGATAAA
TTACGTAAAATGCTATTAAGCAATTCGATCCTAAAACAGGCCGAAGTTAAATAA

> Q2G168

Function: protein coding sequence; ABC transporter/permease protein (core genome, constant)

Best match: Q2G168_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[351524:352573]

Position: 009-contig_245_RC: 7070 ... 8120; Length: 1050 bp

Sequence:

ATGTTTTTAGCTTGAATGAAATACGGCGCAACAAATTGAAGTTTGGACTAATTATTGGT
GTGTTAACGATGATTAGTTACTTGCTATTTTTATTATCTGGATTGGCGAATGGTCTTATCA
ATATGAATAAAGAAGGCATTGATAAGTGGCAAGCAGATGCCATTGTTCTAAATAAAGAT
GCCAATCAAACCTGTGCAACAATCTGTTTTTAACAAGAAAGATATTGAAAATAAATAACAAG
AAGCAAGCTACTTTGAAGCAAACAGGGGAAATTGTGTCTAATGGCCATCAAAAAGACAA
TGTTTTAGTGTTCCGGTGTGAAAAGTCATCATTTTTAGTTCCGAGTTTAAATAGAAGGGCAT
AAAGCGACTAAAGATAATGAAGTGTTAGCTGATGAAACACTTAAAATAAAGGATTTAA
AATTGGCGACACATTATCACTATCTCAATCAGATGAAAAATTGCATATCGTAGGTTTTAC
AGAAAGTGCAAAATATAATGCGTCACCAGTCATTTTCACGAATGACGCTACCATTGCCAA
GATCAATCCTAGATTGACTGGAGATAAAATTAATGCAGTTGTTGTACGTGATTCAAATTG
GAAAGACAAAAAATTAACCAAGAGCTTGAAGCGGTAAGTATTAATGACTTTATTGAAA
ATTTACCAGGTTATAAACCGCAGAACTTAACATTA AACTTTATGATTTCAATTCTTATTTGT
CATTTACAGCTACAGTTATAGGCATTTTCTTATATGTCATGACATTACAAAAACAAGTTTA
TTTGGCATATTAAGGCTCAAGGATTTACGAATGGCTATTTAGCGAACGTAGTTATTTCCG
AGACGCTCATATTAGCATTATTTGGTACGGCATTTGGCTTACTGTTAACAGGGCGTTACAGG
TGCATTTTTACCTGATGCAGTACCTGTCAAATTCGATGTACTAACATTGCTCGTATTTGCA

ATTGTGTTAATGATTGTCTCTGTATTAGGAAGTTTATTCTCCATTTTAACAATTAGAAAA
TAGATCCGTTAAAGGCGATTGGGTAG

> **A5IPH6**

Function: protein coding sequence; ABC transporter related protein (core genome, constant)

Best match: A5IPH6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[332575:333252] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 8132 ... 8810; Length: 678 bp

Sequence:

ATGTTGAAATTTGAAAATGTAACAAAGTCATTTAAAGATGGGAATCGTAACATTGAAGCG
GTAAAGATACAAATTTTGAGATAAATAAAGGTGATATTATAGCATTGGTTGGACCTTCT
GGCTCTGGTAAAAGTACATTTCTAACTATGGCAGGTGCTTTACAAACGCCGACATCTGGG
CACATTTTAATCAATAACCAAGATATTACGACAATGAAGCAAAAAGCATTGGCAAAAAGTT
AGAATGTCTGAAATAGGTTTTATTTTACAAGCTACAAACCTTGTGCCATTTTAAACGGTAA
AGCAACAATTTACATTATTGAAAAAGAAAAATAAGAATGTTATGTCTAATGAAGACTATC
AGCAACTTATGTCACAATTAGGGCTAACTTCATTGCTTAATAAGTTACCTTCAGAAATTC
AGGTGGTCAGAAACAACGTGTGGCGATAGCTAAAGCGTTATATACGAATCCGTCGATTAT
TTTAGCGGATGAACCTACCGCGGCGTTAGATACTGAAAATGCGATTGAAGTCATTTAAAT
TCTACGTGATCAAGCCAAACAAAGAAAGAAAGCATGTATTATTGTTACACATGATGAACG
ACTTAAAGCATATTGTGATCGTTCATATCATATGAAAGATGGCGTCCTTAATCTTGAAAAT
GAAACAGTAGAATAG

> **pfoR**

Function: protein coding sequence; putative perfringolysin O regulator protein (core genome, constant)

Best match: pfoR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[333460:334491]

Position: 009-contig_245_RC: 9017 ... 10049; Length: 1032 bp

Sequence:

ATGGATTTATTGATAGGTACTTTATTTTTATTTTTGGTCTTAGTGATTTTACATTATTTAC
ATATAAAGCACCTAATGGTATGCGTGCCATGGGAGCATTAGCTAATGCAGCAATCGCAAC
ATTTTTAGTAGAAGCATTTAATAAATATGTTGGTGGCGAAGTATTCGGTATTAATTTTTA
GAAGAGCTAGGAGACGCTGCGGGAGGTCTAGGTGGTGTGCTGCTGCCGCTGGATTAACAGC
ATTAGCTATCGGTGTGTCACCAGTATATGCATTAGTTATAGCAGCCGCGTGCGGTGGTAT
GGATTTATTACCAGGTTTCTTTGCGGGTTATATGATTGGATATGTGATGAAATATACAGAG
AAATATGTGCCGGATGGTGTGCGACTTAATTGGATCGATTGTCATCTTAGCGCCATTAGCTC
GTCTTATTGCAGTATTATTAACGCCAGTAGTGAATAGTACATTGATTCGAATTGGTGATAT
TATCCAAAGTAGTACGAATACGAATCCAATTATCATGGGTATCATTTTAGGTGGTATTATT
ACGTTGTGCGGCACAGCGCCATTGAGTTCAATGGCATTGACAGCATTATTAGGTTTAAACG
GGTGTACCTATGGCTATTGGTGCCATGGCAGCATTAGTTCGGCATTATGAATGGGACG
CTATCCATCGCTTAAAATTAGGTGATCGTAAGTCTACGATTGCAGTAAGTATTGAACCTT
TATCAAAAGCAGATATTGTATCAGCCAATCCAATCTATATTACAAATTTCTTTGG
TGGTGCATTGCTGGTTAATTATTGCTATGTCAGGTTAATTAACGATGCGACAGGTACA
GCTACACCGATTGCAGGATTTTAGTTATGTTTGGATTAAATCATCCGACGACAATTGTGA
TTTATGGTGTAGTAATGGCGATTGTAGGTGCGCTTGCAGGTTATCTTGGTTCAATTGTATT
TAAAAAATATCCAATTGTTACTAAGCAAGACATGATTAATCGAGGTGCAGTAGACGCATA
G

> **Q5HJ57**

Function: protein coding sequence; PfkB family carbohydrate kinase (core genome, constant)

Best match: Q5HJ57_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[334834:335952]

Position: 009-contig_245_RC: 10391 ... 11510; Length: 1119 bp

Sequence:

ATGAGCGATTCTGAGAAAGAAATTTTAAAAAGAATTAAGATAATCCGTTTATTTACAA
CGTGAACCTTGCTGAGGCAATTGGATTATCTAGACCCAGCGTAGCAAACATTATTTAGGA
TTAATACAAAAGGAATATGTTATGGGAAAGGCATATGTTTTAAATGAAGATTATCCTATT
GTTTGTATTGGCGCAGCGAATGTAGATCGTAAGTTTTATGTGCATAAAAATTTAGTTGCA

GAAACATCAAATCCTGTAACGTCAACACGCTCTATTGGTGGCGTAGCAAGAAATATTGCT
GAGAACTTAGGTAGGCTTGGCGAAACGGTCGCTTTTTTATCTGCTAGTGGACAAGATAGT
GAATGGGAAATGATTAACGATTGTCCACACCATTTATGAATTTGGATCATGTTCAACAA
TTTGAAAATGCGAGTACAGGTTTCATATACAGCTTTAATTAGTAAAGAAGGCGACATGACA
TATGGCTTAGCAGATATGGAAGTATTTGACTACATTACGCCTGAATTTTTAATTAAGCGTT
CACACTTATTGAAAAAGGCTAAGTGCATTATTGTTCGATTTGAATTTAGGCAAAGAGGCAT
TAAACTTCTTATGTGCCTATACCACGAAACATCAAATCAAATTAGTTATCACCACGGTTTC
TTCCCCAAAATGAAAAATATGCCTGATTCATTACATGCTATTGATTGGATTATCACGAAT
AAAGATGAAACAGAAACATACTTAAATTTAAAAATAGAATCTACTGATGATATAAAAAT
AGCTGCTAAACGCTGGAATGATTTAGGTGTTAAAAATGTTATTGTGACAAATGGCGTGAA
AGAACTCATTTATCGAAGTGGTGAGGAAGAAATCATCAAGTCAGTTATGCCATCAAATAG
TGTGAAAGATGTTACAGGTGCAGGTGATTCATTCTGTGCTGCAGTAGTGTATAGCTGGTT
AAATGGGATGTCTACTGAAGATATATTAATTGCTGGTATGGTTAACGCAAAGAAAACGAT
AGAAACGAAATATACAGTTAGGCAAACCTAGATCAACAGCAACTTTATCACGATATGG
AGGATTATAAAAATGGCAAATTTACAAAAGTATATTGA

> **psuG**

Function: protein coding sequence; pseudouridine-5'-phosphate glycosidase (core genome, variable)

Best match: psuG_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[98875:99798:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 11484 ... 12408; Length: 924 bp

Sequence:

ATGGCAAATTTACAAAAGTATATTGAGTATTCTCGAGAAGTTCAGCAAGCACGGGAGAA
CAATCAACCGATTGTAGCATTAGAATCAACAATTATTTTCGCATGGTATGCCGTACCCACA
AAATGTTGAAATGGCAACAACAGTAGAGCAAATTATCAGGAATAATGGTGCCATTCCAG
CAACCATAGCCATTATAGATGGCAAAAATTAATAATTGGTTTAGAAAAGCGAAGATTTAGAA
ATACTGGCAACTAGTAAAGACGTTGCTAAAGTATCTAGAAGGGATTTAGCAGAAGTTGTT
GCGATGAAGTGTATTGGTGCTACTACTGTAGCGACGACGATGATATGTGCTGCAATGGCT
GGTATTCAATTTTTTTGTTACAGGAGGTATTGGGGGCGTCCATAAAGGTGCAGAACATACG
ATGGACATTTTCAGCAGACTTAGAAGAAGTGTCTAAAACAAATGTCACTGTTATCTGTGCA
GGTGCCAAATCAATTTTAGACTTACCTAAGACGATGGAGTATTTAGAAAACAAAAGGCGTT
CCAGTTATTGGATATCAAACGAATGAATTGCCAGCATTCTTCACTCGCGAAAGCGGTGTT
AAGTTAACAAGTTCGGTTGAAACGCCAGAACGACTTGTGACATTCATTTAACAAAACAG
CAGTTAAATCTTGAAGGCGGCATTGTTGTTGCTAATCCAATTCCATATGAGCATGCCTTAT
CAAAGCATATATTGAGGCAATCATAAATGAAGCTGTTGTTGAAGCGGAAAATCAAGGT
ATTAAGGTAAGGACGCCACACCGTTCTTGTTAGGGAAAATTGTAGAAAAAACGAATGG
TAAAAGTTTAGCAGCAAATATAAACTTGTTGAAAACAATGCGGCGTTGGGTGCTAAAAT
TGCTGTGCTGTTAATAAATTATTGTAG

> **nupC2**

Function: protein coding sequence; nucleoside permease C/locus 2 (core genome, variable)

Best match: nupC2_CC015_CIGC93_AHVD01000006.1[17555:18775]

Position: 009-contig_245_RC: 12418 ... 13639; Length: 1221 bp

Sequence:

ATGAATATTTTATTCGCTATCACAGGGATAGCATTTCGACTATTTGTTGCGTTTTTTATTCA
GTTTTGATCGTAAAAACATAGACTTCAAAAAGACGTTAATAATGATATTTATTCAAGTGT
TGATTGTGTTATTTATGATGAACACAACGATTGGTTTAAACAATCTTAACTGCATTAGGCTC
ATTTTTTTGAAGGGTTAATAAATGTTAGTAAAGCAGGTATAAACTTTGTTTTTTGGAGATATA
CAAATAAAAATGGCTTTACGTTCTTTTTAAATGTGTTGCTGCCATTAGTGTTTCATTTCTG
TATTAATAGGCATTTTTAATTATATTAAGGTATTACCATTTATTATCAAATATGTAGGTAT
CGCTATTAATAAAAATAACGAGAATGGGGCGCTTAGAAAAGTTACTTTGCTATTTCAACAGC
AATGTTTGGACAACCAGAAGTATATTTAACAATAAAAAGATATTATTCCAAGATTATCTAG
AGCGAAATTATATACAATTGCGACGTCTGGTATGAGTGCTGTTAGTATGGCAATGTTGGG
TTCATATATGCAGATGATTGAGCCCAAGTTCGTAGTTACAGCTGTAATGTTAAATATTTTT
AGTGCGCTTATCATCGCCAGTGAATCAATCCCTATAAATCTGATGATAGTGATGTTGAA
ATTGATAACTTAACTAAATCAACGGAAACGAAATCAGTGAATGGAAAACAGGAAAACC

TAAGAAAGTTGCCTTTTTCCAAATGATTGGTGATAGTGCGATGGATGGGTTTAAAATCGC
TGTTGTAGTAGCCGTGATGTTGTTAGCGTTTATTTTCATTAATGGAAGCAATCAATATCATT
TTTGGTAGTGTGGTTTGAATTTTAAACAGTTAATTGGTTATTTGTTTGCACCTATCGCATT
CTTAATGGGGATTCCCTGGAGTGAAGCTGTTCCAGCTGGCTCTTTAATGGCTACAAAATTA
ATTACAAATGAGTTTGTAGCAATGCTAGATTTTAAAAATGTTTTGGGTGACGTATCAGCT
AGAACACAAGGTATTATCTCAGTTTACTTAGTGAGTTTTGCTAATTTCCGGTACTGTTGGTA
TCATCGTTGGTTCAATTAAGGAATTAGTGATAAGCAAGGAGAAAAAGTTGCATCCTTTG
CAATGAGGTTGCTACTTGGTTCAACTCTAGCTTCAATCATTTCAGGATCAATTATTGGCTT
AGTATTGTAA

> **sss**

Function: protein coding sequence; sodium solute symporter (core genome, variable)

Best match: sss_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[96007:97539]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 13743 ... 15276; Length: 1533 bp

Sequence:

CTACTTTTTTCGTAGCCGTTTTTGAATGTATGTTGATGGTTTATCTTTTTCAAAAATTGTTA
ATCCCGTTATATCTTTTTTATGTTTTGAAGGGACAATGAAGCTAAGTATATAAGCAAAGA
CAAAGCAACTGTAAATGAAATGGTAGATACATAGAAAGGTGAGTTACCTTTGCCAACA
CCATTATAGATATAAGCAAAGATGATACCCAATATTAATCCACAAATAACACCGAATGTA
TTCGTACGTTTGTAGTAAAATACCAACTGCAAATACACCAGCTAATGGAACACCGAATAAT
CCAGTTACAAACAAGAATAAATCCCATAGTCATTTGAATTAGAAGCAATTAAGTATAGT
GACATTCCAAACCGAAAATACCTGCAATGATGATAATCAAACGTGCAAAGTTAACTTCG
TGTCGCTCGCTACCTTTTCCGAAGAAGCGTTGCTTAATGTCGATTGAAATACAAGCAGAT
ATAGAATTTAACTAGATGAAATGGTAGACTGTGCAGCGGCGAAAATGGCTGCAATAAG
TAATCCTGCTACAAATGGTGGCATCTCAGTCAAATGAAATATGGCACTACAGATGATGT
ATTGAAGCCTTTTGGTAAAACAGCTTCATGTGTATAAAATGAATACAGCATTGTACCCAT
ACCATAAAATAAGGGTGTGAAATTAAGCTAGGATACCATTTGTCCATAACGATTTATT
TGTTTCTTTTAACTATCAGAAGCTTGATAACGCTGCACGACGTCTTGACTCGCTGTGTAT
TGATACAAGTTGTTGAAAATATTTCTAGGAAAATAATTGGAATGGCAGCTGCCGCAGTG
TTAGCTTCCAATTATCTGCACTAATTAATTTTTTGTGCTCAATCGCATCTGCAAAGACAG
TGCCAAAACCGCCTTTAATGTTTATAACACCTAGATAATAATAACTAAAGCGCCGCCTA
ATAAAATGACGCCTTGAATGAAATCACTCCAACCCACACCTTCGAATCCACCTAAAAATG
TATATAAAATACATAGTAAACCAACGAGTGATGCAACGATATAAGGGTTCATGTCTGATA
CAGATGTGATTGCTAATGTTGGTAAGTAGATAACGATTGCAACACGCCCTAAATGGTAAA
CGACAAATAATAATGAGCCAATAACACGTATGCTAGGGCCGAATCTAGCTTCTAAATATT
CATATGCAGATGTTACCTTTAACTTTTTAAAGAATGGAACATAGAAATAAATGAGTAATG
GAATAATTGCTACGATAGCGATGTTACCTGCAATATATGACCAATCTGTTAAAAATGCTT
TCTCTGGTGTAGACATAAACGTAATTGCACTTAATGTAGTAGCATAAATGGAAAAACCA
CTACCCAAGATGGCAAGCGACCACTTGCGGTAAAGAACTATTCGTACTTTGACTCGCGC
GCTTGGTAAAATAAACGCCAATGAGTAACATAGCTAGTAGATAAATGATAACGGCAACC
CAGTTTAGTGTGCCAAATCCAACCTTCTTTCAT

> **nanA**

Function: protein coding sequence; N-acetylneuraminase lyase (core genome, variable)

Best match: nanA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[339759:340640:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 15315 ... 16197; Length: 882 bp

Sequence:

CTATAAATCGTATTTTGAATGAGTTGATCTAATGTTTGTGCGATGTGCTTCGTTAAAAGGT
TTGAAAGGTCTTTTTCGGTAATCCTGCATCAATGCCACGATGACGTAATATTTCTTTCAATG
TTGGATAAATCCCCATTGATAACACTGTTTCGATAATGTCGTTTGAATCATGTTGTAGTTG
GTAAGCTTCTTGAATTTGACCTTGTCTTGCTAAGTTCGAAGATTTTTCTAGCGCGGCGACCA
TTAACGTTATATGTAGAACCAATTGCACCATCTACGCCAGAAATCGTAGCTTGAACCTAAC
ATTTTCATCAAAGCCAGATAAGATTAATTTGTCTGGGAATGCTTTTCTAATACGTTTCGAGTA
GGAAGAAGTTTGGCGCTGTATATTTAACACCAACAATTTTTTCATGATTAATAGCTCGCT
GAATTGTTCAATAGAAATATTCACACCTGTTAAATCTGGTATTGCATAAATAATCATATTG

TTCTGAGTTGCTTCGATAATATCGAAATAGTAATCTCTAATTTCTTCAAAAAGTAAATGGAT
AGTAGAATGGTGTACGGCGGAAAGTGCATCATAACCGAGTTCTGTGGCATATTTTCCAA
GTTCAATGGCTTCATTTAAATCTAACGAACCTACTTGAGCAATCAATTTCACTTTATCCCC
AACTGCCTCTTTGGCAACTTTGAAAAGTCTTCTTCTGCTCTGTATTTAATAAAAAGTTTT
CGCCTGAGCTACCATTTACATAAAGACCGTCTAATTCTTCAGTTTCAATGGCATTGAGC
AATTTGTTGAGTCTTGTTCATTTACTTGACCATTTTCATCAAAGGAACGAGTAACGCT
GCATATAAACCTTTTAAATCTTTGTTCAT

> **rok**

Function: protein coding sequence; putative protein/repressor/ORF/kinase-family (core genome, variable)

Best match: rok_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[340798:341658] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 16354 ... 17215; Length: 861 bp

Sequence:

GTGTATTACATCGCAATCGATATTGGAGGCACTCAAATTAATCGGCAGTTATTGATAAG
CAATTGAATATGTTTGACTATCAACAAATATCAACGCCGGACAACAAAAGTGAGCTTATT
ACTGACAAAGTATATGAGATTGTAACAGGATATATGAAGCAATATCAGTTGATCCAACCT
GTCATAGGTATTTTCATCAGCAGGCGTTGTTGATGAACAAAAAGGCGAAATTGTATACGCA
GGGCCAACCAATTCCGAATTATAAAGGTAATAATTTAAGCGATTATTAATAAATCACTGTCT
CCTTATGTCAAAGTAAAAAATGATGTAAACGCTGCATTACTAGGCGAATTGAAATTACAT
CAATATCAAGCAGAACGGATCTTTTGTATGACGCTTGGTACAGGCATTGGGGGTGCGTAC
AAGAATAATCAAGGTCATATTGATAATGGTGAGCTTCATAAGGCAAATGAAGTTGGGTAT
TTATTGTATCGTCCAACCTGAAAATACAACGTTTGGAGCAACGTGCTGCAACGAGTGCATTG
AAAAAGCGCATGATTGCCGGAGGATTTACGAGAAGCACACATGTGCCAGTATTGTTTGAA
GCAGCTGAAGAAGGTGATGATATTGCAAAACAAATATTGAATGAGTGGGCAGAAGATGT
AGCAGAAGGGATTGCCCAAATACAGGTCATGTATGATCCAGGGCTTATATTAATTGGGGG
CGGTATATCTGAACAAGGAGATAATCTCATTAAATATATCGAGCCGAAAGTTGCACACTA
TTTACCAAAGACTATGTTTATGCACCAATACAAACGACTAAGAGTAAAAATGATGCAGC
ATTATATGGCTGTTTGAATGA

> **nanE**

Function: protein coding sequence; N-acetylmannosamine-6-phosphate 2-epimerase (core genome, constant)

Best match: nanE_CC008_NCTC8325_CP000253.1[311800:312468]

Position: 009-contig_245_RC: 18431 ... 19100; Length: 669 bp

Sequence:

ATGTTACCACATGGATTAATAGTATCTTGTTCAGGCACTACCAGATGAACCATTGCATTTCAT
CTTTTATTATGTGCGAAAATGGCATTAGCTGCGTATGAAGGTGGTGCTGTTGGTATTCGCGC
AAATACTAAGGAAGACATTTTAGCAATTAAGAAACGGTAGATTTACCAGTTATTGGCAT
TGTGAAACGTGACTATGATCACTCAGATGTTTTTACTTACTGCAACGTCAAAGAAGTTGA
TGAAGTATAGAAAGCCAATGTGAAGTCATTGCATTGGATGCAACGTTACAGCAACGTTCC
GAAAGAAACGTTAGACGAATTAGTATCATATATTAGAACACATGCACCGAACGTTGAAA
TCATGGCTGATATCGCGACCGTTGAAGAAGCTAAAAATGCCGCACGACTTGGCTTTGATT
ATATTGGCACGACGTTACATGGCTATACTAGTTATACGCAAGGACAATTACTTTATCAGA
ATGACTTCCAATTTCTAAAAGATGTACTACAAAGTGTTGATGCAAAAGTTATTGCGGAAG
GTAATGTCATTACACCGGATATGTATAACGTTGTGATGGACTTAGGCGTTTATTGTTTCAAT
CGTTGGTGGTGCATAACACGACCAAAGAAATTACGAAACGTTTTTGTTCAAATTATGGA
AGATTAA

> **A6TYA3**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: A6TYA3_CC008_NCTC8325_CP000253.1[312595:313908:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 19226 ... 20540; Length: 1314 bp

Sequence:

TTATCCAAAATAAGTAAAGCGACGGGGATGGTGATTAATAGCGACAACGCCACGCGTA
AAAACCAAATGATGATGAGTTTCCAGACAGGTATTTTAATTTTCAGTTGCTAGTATACATG
GACTAATGCTGAGAAAAAGATAATGGCTGATACGCTTACTACACCGACGACAAATTTAG
TACTCATTGCAGCTTTAGTTACTAACAAAGATGGTAGAAACATTTCTACAATAGAAATCG
CTGACGCTTTTGCAAGTACAGCCTGATCAGCAATTGGGAAGATATAAATAAATGGATAGA
ATATATAGCCAAGCCAATCAATGAATGGTGTATAGTTCGCTACAATCAGTCCTAAAAAAC
CAATCGATAATATAGAAGGTAAAATACCAACAGTCATTTCTAAACCGTCTTTCAAATTGT
CCCAAACGTTCTTCACGAGAGATGGTGTTAATGCATTTTGTATCATCGCCTCTGCATATGC
AGTTTTTCAGTCTGCTTCCTTCAATAGCAACTTCTTGTTCCTTCTTGTCCGTTATAATATT
CTGTTGATTCATTGCTGATTGGCGGTAGCCATGCAGTAATTGCAGTCACGACAAATGTGA
TGACTAAAGTTATCCAAAAGTATAAATTCCAATGCGGCATTAATCCTAAAGTTTTAGCAA
CGATAATCATAAAAGTTGCTGAAACTGTTGAAAAGCCAGTCGCAATAATCGTGGCTTCTC
GTTTGTGTACATCCCTTGCTTATAGACACGATTAGTAATCAATAATCCTAAGGAATAACT
GCCGACAAACGAAGCCACTGCATCGACAGCGGATTTTCTGGTGTTTTAAAAATAGGTCT
CATAATAGGCTCCATATAAACACCGACAAATTCTAATAAGCCATAGCCACTAATAAAGA
AAGCGCAATTGCACCTACTGGAATTAAGATACTAATGGCATCATTAATTTTTCAAACAA
AAACGGACCATAGTTAGCTTTAAATAGTATTGATGGACCGATTTTAAATACATACATTAT
ACCAATCATTGCACCTGCAACTTTAAATAATGTAATGACCAAGTTTGTGATTGAAGTCAT
AAAAGTACGTCTCACTATTGGTAACGCTGTACCAATTAATAATCATAATCAGTGCAACATA
GGGCATAAGTGGACCTATGATTGAGCGAATGGCTAGATGAACATGATCGACGAAAATAG
TGTTGTTACCATTAATCGTAAAAGGAATAAAGAAACATAGTATGCCCACTAAACTATAGA
CAAAAAACGCCATGCACCTGGTTGTTGTGCATTAGAATGATATTGATTCAT

> lip2

Function: protein coding sequence; lipase 2 (core genome, constant)

Best match: lip2_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[88253:90325:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 20957 ... 23030; Length: 2073 bp

Sequence:

ATGTTAAGAGGACAAGAAGAAAGAAAGTATAGTATTAGAAAAGTATTCAATAGGCGTGGT
GTCAGTGTTAGCGGCTACAATGTTTGTGTGTCATCACATGAAGCACAAGCCTCGGAAAA
AACACCAACTAATGCAGCGGCACAAAAAGAAACACTAAATCAACCGGGAGAACAAGGG
AATGCGATAACGTCACATCAAATGCAGTCAGGAAAGCAATTAGACGATATGCATAAAGA
GAATGGTAAAAGTGGAACAGTGACAGAAGGTAAAGATACGCTTCAATCATCGAAGCATC
AATCAACACAAAATAGTAAAACAATCAGAACGCAAAATGATAATCAAGTAAAGCAAGAT
TCTGAACGACAAGGTTCTAAACAGTCACACCAAAAACAATGCGACTAACAAAACCTGAACG
TCAAAATGATCAGGTTCAAAATACCCATCATGCTGAACGTAATGGATCACAATCGACAAC
GTCACAATCGAATGATGTTGATAAATCACAACCATCCATTCCGGCACAAAAGGTAATACC
CAATCATGATAAAGCAGCACCAACTTCAACTACAACCCCGTCTAATGATAAACTGCACC
TAAATCAACAAAAGCACAAGATGCAACCACGGACAAACATCCAAATCAACAAGATACAC
ATCAACCCCGCGCATCAAATCATAGATGCAAAGCAAGATGATACTGTTTCGCCAAAGTGAA
CAGAAACCACAAGTTGGCGATTTAAGTAAACATATCGATGGTCAAATTTCCCAGAGAA
ACCGACAGATAAAAATACTGATAATAAACAACATAATCAAAGATGCGCTTCAAGCGCCTA
AAACACGTTTCGACTACAAATGCAGCAGCAGATGCTAAAAAGGTTTCGACCACTTAAAGCG
AATCAAGTACAACCACTTAACAAATATCCAGTTGTTTTTGTACATGGATTTTTAGGATTAG
TAGGCGATAATGCACCTGCTTTATATCCAAATTATTGGGGTGGAAATAAATTTAAAGTTA
TCGAAGAATTGAGAAATCAAGGCTATAATGTACATCAAGCAAGTGTTAGTGCATTTGGTA
GCAACTATGATCGTGCTGTAGAACTTTATTATTACATCAAAGGTGGTTCGCGTAGATTATG
GTGCAGCACATGCAGCTAAATACGGACATGAGCGCTATGGTAAGACATATAAAGGAATC
ATGCCTAATTGGGAACCTGGTAAAAAGGTACATCTTGTAGGGCATAGTATGGGTGGTCAA
ACAATTCGTTAATGGAAGAGTTTTTAAAGAAATGGTAACAAAGAAGAAATTGCCTATCAT
AAAGCGCATGGTGGAGAAATATCACCATTATTCCTGGTGGTGCATAACAATATGGTTGCA
TCAATCACAACATTAGCAACACCACATAATGGTTCACAAGCAGCTGATAAGTTTGGAAAT
ACAGAAGCTGTTAGAAAAATCATGTTTCGCTTTAAATCGATTTATGGGTAACAAGTATTCCG
AATATCGATTTAGGATTAACGCAATGGGGCTTTAAACAATTACCAATGAGAGTTACATT
GACTATATAAAACGCGTTAGTAAAAGCAAAATTTGGACATCAGACGACAATGCTGCCTAT
GATTTAACGTTAGATGGCTCTGCAAATTTGAACAACATGACAAGTATGAATCCTAATATT

ACGTATACGACTTATACAGGTGTATCATCTCATACTGGTCCATTAGGTTATGAAAATCCTG
ATTTAGGTACATTTTTCTTAATGGATACAACGAGTAGAATTATTGGTCATGATGCAAGAG
AAGAATGGCGTAAAAATGATGGTGTCTGACCAGTAATTTTCGTCATTACATCCGTCCAATC
AACCATTTGTTAATGTTACGAATGATGAACCTGCCACACGAAGAGGTATCTGGCAAGTTA
AACCAATCATACAAGGATGGGATCATGTCTGATTTTATCGGTGTAGATTTTCTAGATTTCA
AGCGTAAAGGTGCAGAAGCTCGCCAAGTCTATACAGGTATTATAAATGACTTGTTCGCTG
TTGAAGCGACTGAAAGTAAAGGAACACAATTGAAAGCAAGTTAA

> attB_phiSa5

Function: attachment site in bacterial chromosome for int1-phiL54a (mobile element)

Best match: attB_phiSa5_empty_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[342202:342299:r]RC

(completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 22831 ... 22929; Length: 98 bp

Sequence:

TGAACCTGCCACACGAAGAGGTATCTGGCAAGTTAAACCAATCATACAAGGATGGGATC
ATGTCTGATTTTATCGGTGTAGATTTTCTAGATTTCAAGC

> A5IPQ2

Function: protein coding sequence; esterase/lipase-like protein (core genome, variable)

Best match: A5IPQ2_CC001-ST772_118_AJGE0100018.1[87184:88011]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 23271 ... 24099; Length: 828 bp

Sequence:

TTACATCATTGTTATAGCGTTTAAGAAATCAACAACCTTACGATAAAATAGTGATTGCTTCG
TCATTAGGTCTACGATCAAAATCATGCTCGTTTTTATTCACGCGTTCAAATGTTGAATGTG
GAACATGATTCATGATATGTTTCGCTTTCCTCAACGGGAACATCATAATCGCCATTACAAT
GCGTAATGAACACCGGGGGAAGTGTTTTAAGTTCATATGGTGCAATATTATATTTTGAAT
CAGTATAATCAGCAATGTTAATCATATTTATCCATTTACCTGTGCCACGTGCATAAACGTA
GATTAACAAACGTTGTGCGATTTGATCTTGAACAACCGGTGTTGGTGAAGTGAGTTGTGC
AATCATTGTTTCGTTTACGCTTTGAGCTATTTTTGCGTAATAACTATTAGTTGTTTTAAAG
GTTTCAGTGTTGATGCGACTATAACCATAAAAATCAATAACACCATCAATATCTCTGTCTC
GTGCAATTAATAGACTTAAATATGCACCTGATGATCTGCCAAAGGTAAAAATAGGGCAAT
TAGAATATTGTGATTGAATCGCATCGAATGATGCGTAGACATCCTCAATAATGCAATCGA
GACTTACTTCTGGTAATAAACGATAACTTAGTTGAATTAATCGTAATGTTCCGTAAGGA
TATCGATATACTGTGGGGATAAATCGTTAGCTTTACCGAACATTAATCCACCACCGTGGA
TGTAGACAATAGCGCCTTTTGTGGTTGATTTTTTGTCTTAATAATTGTGTAAGGTAATGC
AAATGCATCTTTAGTAATTACTTTATCTTTAATTTTCAGTCAC

> Q6GJZ4

Function: protein coding sequence; putative NADH-flavin oxidoreductase (core genome, variable)

Best match: Q6GJZ4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[348620:349819:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 24171 ... 25371; Length: 1200 bp

Sequence:

TTAAGACGATGAGTCATGATAATTCTGTTCCAATTGACGTAAAGCGTCACGGGTATGCTT
CTTTAGACCTTCCCATAATCCATCATTTTAACAATATCTTTAAAAGCAGCATGTGGAATG
GCTAAATCTTCTAAATCTGCCATAGAAAATTCAAGATTGATATCATGTGGTCGCTGTTTACG
CAAGTTTATGCACAAAGTCAGGTTCTGTGACAAAAGGCGAAGACATGCCGACCATATCTG
CATGTTGTAAAGCATCTAAAGCAGACTCTGGAGAATTAATCCCGCCACTTGCAATTAAG
GGATACGACCTGCTAAATGTTTCATAGACAATTTGGTTAACTGGTTCGACCGAAATGATCAC
CTGGTGTACGAGACGTATTTTGATAAATATGTCTGACCCCAGCTAGCGATTGCTAAGTATT
GGATGTTTGAACGTCATGACCAATCGATTAATTGGTTGAACTCGTCAATGGTATATC
CTAAATCACTGCCTCTGGTTTCTTCTGGCGTTGCTCGAAATCCTAAAATAAAATTGTCAGG
TGCTTCTTTATCAATCACTTCTTGTACCGCACGCATAACTTCTAAACATAATCTTGCACGA
TTTTTTAATGAGTCGGCACCGTAATGGTCTGTACGTTTATTCGAAAAAGTTGAGAAAAAT
GTTTGAATCAGCAAACGTTGTGCAATCGAAATTTCCACACCATCAAAACCTGCTTTAATC
GCGCGTAATGTAGCATCGCGATACTGCTGAATGATGCTATTGATTTTCTCATGAGACATG

GCGATAACATCGTGTTC AATCGGTGAATGCAAAGTCATAGGACTTGGTCCATACACCTTT
CCAAAATTTAAAATGGCTTGATTTGAAAAACGACCAGCATGCGCTAGCTGGATAATAGCG
AGGCTACCATGTTGTTTCATCGTAGATGCCATGTTAGTTAATCCAGGGATAACAAGCATCA
TGATCAATATTAAGCCATATTC AAACAATTGACCATAAGGTTCAATGTAAGCAGCGCCG
GTGACTTGCATTCCAGCTGAATTAGAGCGACGTGCAGCATAAGCCAAGTCTGCTTTTGTA
ATATAGCCTTCTTTTGTGATGTGTTTACGGTCATTGGTGATAATACAAAGCGATTTCGAAA
TTTTGATGCCATTAGGTAAGTGGATTGATTGTAAAAGTGGTTTGTATCGGTACAT

> **lplA1**

Function: protein coding sequence; lipoate-protein ligase A/locus 1 (core genome, variable)

Best match: lplA1_CC008-ST239_16K-ST239_BABZ01000038.1[6384:7406]

Position: 009-contig_245_RC: 28752 ... 29775; Length: 1023 bp

Sequence:

ATGTACTTAATAGAACCGATTAGGAATGGAGAATATATTACTGATGGTGC GATTGCACTC
GCTATGCAAGTTTATGTTAATCAGCATATCTTTTTAGATGAAGATATTTTATTCCCTTATTA
TTGTGATCCAAAAGTGGAAATTGGACGTTTTCAAATACTGCTATAGAAGTGAATCAAGA
TTATATAGATAAACACAGTATTCAAGTAGTTCGCCGAGATACTGGTGGTGGCGCTGTGTA
TGTTGATAAAGGTGCCGTTAATATGTGTTGATTTTTAGAACAAGACACTTCAATTTATGGT
GATTTTCAACGATTTTATCAGCCAGCTATAAAGGCGTTGCATACATTAGGTGCAACAGAT
GTGATACAAAGCGGTAGAAATGATTTAACATTGAATGGTAAAAAAGTGCAGGCCGCCGC
AATGACATTAATGAACAATCGTATTTATGGCGGTTATTCGCTATTACTTGATGTTAATTAT
GAAGCAATGGATAAAGTGTTAAAGCCTAATCGCAAAAAGATTGCATCGAAAGGGATTAA
ATCTGTGCGTGCACGTGTTGGTCATCTTAGAGAAGCACTGGATGAAAAGTATCGTGATAT
ACAATTGAAGAATTTAAAAATTTAATGGTGACGCAGATTTTGGGAATCGATGACATTAA
AGAGGCAAAACGATACGAATTATCTGATGCAGATTGGGAAGCGATTGAAGAATTGGCGA
GTAAAAAGTATAAAAATTGGGATTGGAATTATGGGAAGTCACCTAAATATGAATATAATC
GAAGTGAAAGATTATCATCAGGTACGGTAGACATAACAATTTCTGTTGAACAAAATCGTA
TCGCAGATTGTCGATTTTATGGGGATTTCTTTGGACAAGGTGATATAAAAGATGTGGAAAG
AAGCATTACAAGGAACAAAATGACAAGAGAAGATTTAACGCACCAGTTAAAGCAATTA
GACATCGTTTATTATTTTGGCAATGTTACGGTAGAATCATTGGTTGAGATGATTTTAAGTT
AA

> **Q5HIW6**

Function: protein coding sequence; putative NAD-dependend oxidoreductase (genomic island)

Best match: Q5HIW6_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[80167:81192:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 30090 ... 31116; Length: 1026 bp

Sequence:

ATGAATAATAAAGTATTAGTAACCGGTGGTACAGGGTTTGTGGCATGCGAATTATTTCA
CGATTATTAGAACAAGGTTATGAGGTACAAACAACGATACGTGATTTAAGTAAAGCTGAT
AAAGTAATTTAAAACAATGCAAGACAATGGCATTTCACAGAGCGATTAATGTTTGTGCGAA
GCGGATTTATCACAAGATGAACATTGGGATGAAGCAATGAAAGATTGTAAATATGTCTTG
AGTGTAGCATCTCCGGTGTTTTTCGGTAAAACAGACGATGCAGAAGTGATGGCGAAGCCT
GCCATTGAAGGCATACAACGTATTTTAAAGAGCTGCAGAACATGCTGGCGTGAAGCGTGTG
GTGATGACTGCAAACCTTGGTGCAGTTGGTTTTAGCAATAAAGATAAAAAATTCATCACA
AATGAAAGTCATTGGACAAATGAAGATGAACCAGGCTTATCAGTATATGAAAAATCAAA
ATTGTTAGCTGAAAAGGCAGCGTGGGATTTTGTGAGAATGAAAATACAACAGTAGAATT
TGCCACAATCAATCCAGTTGCAATTTTTGGGCCATCATTAGATGCACACGTTTCAGGAAG
CTTTCATTTATTAGAAAATTTATTGAATGGTTCAATGAAACGTGTACCGCAAATTCATTG
AATGTTGTTGATGTGAGAGACGTAGCTGAACTACACATTTTGGCAATGACAAATGAACAG
GCTAATGGCAAGCGATTTATTGCTACAGCTGATGGACAAATTAATTTGTTGGAAATTGCA
AAATTAATTAAGAAAAGAGACCTGAAATAGCTCAAAAAGTTTCTACTAAAAAATTACC
AGACTTTGTTTTGAGTCTAGGTGCTAAATTTAATCATCAAGCTAAAGAAGGTAAACTTTTA
TTAGATATGAATCGAAATGTAAGTAACGAACGAGCAAAAATACTTCTTGGTTGGGAACCG
ATTGCGACACAAAAGAAGCAATTTTAGCAGCTGTCGATAGTATGGCTAAGTATCATTTA
ATATAA

> **break**

Function: integration site of chromosomal replacement

Best match: break_ST239_2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[355545:355593] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 31096 ... 31145; Length: 49 bp

Sequence:

CTAAGTATCATTTAATATAATACAAAACACCGTCCATAAGTAAGTGGCT

> **ulaA**

Function: protein coding sequence; putative sugar-specific permease/SgaT/UlaA (core genome, constant)

Best match: ulaA_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000041.1[83583:84929]RC

Position: 009-contig_245_RC: 31208 ... 32555; Length: 1347 bp

Sequence:

CTATTGCTGTGGCTTTTGACGGCCTTTTAATAAAAATTGCTGTTCGCACCTACGATAATAATA
AATAGAATCGCACCAAATAATCCCATATATTTACTGCGTTACCGAACACGATACCGACA
GTTAAAAAGTCTGTATCTGAGAATGTTGTTGCAGCACCACCTAATTCGCCTAAAAATGGC
AAGAATAATAATGGTAAAAACGTGATTAGGATACCATTTAGAGCGGCGCCAGCAACAGC
ACCTTTAATACCGCCTCTTGCATTACCGAATACAGCAGCCGTTGCACCTAAGAAGAAGTG
TGCAACTACGCCAGGTAAAATGACGACGCCACCAAATAAGAATAAGATAAACATACCGA
TGACACCTGTAATAAAGCTGACAAAGAATCCAATTAATACTGCATTTTGTGCATAAGGGA
ACACAATAGGGCAGTCTAATGCAGGTTTAGAATTTGGTACAAGCTTTTCAGAAATTCCTT
TAAATGCTGGGACGATTTTCAGCTAAGATTAACGAACGCCCGTTAAAAATAATAAATACAC
CAGCAGCAAATGTCACACCTTGAATTAAGAAAAGACAATAAAGTTTTGACCATCACTAA
TAGATTCGTGTACATAACTAACGCCCGCAAATAAGCATGCGATGAAGTAAAGTAATGCCA
TCGTAATCGAGATACTAATTGTAATTTCTCGTAAGAACTTAAGCCTTTTGGAAATTTAAT
CTCTCCGTTGATTTAGACTTACCTTTGAATAATTGACCTACAGCACCTGCGGCAAAGTAA
CTGATTGAGCCAAAATGACCTAACGCTACTTGGTCATTCCTGTAATTTTTTCGCATTGTAG
GTTGGAGTAATGCAGGTAAGACTGCCATGATTAATCCTAATACGAGTGCGCCGATAACAA
TCGTTAGCCAGCCTTTAATATGACTGACTGTTAAAATGATTGCTAAAAACGCAGCCATGT
AAAATGTATGATGACCTGTTAAAAAGATATATTTTAAATTAGTGAAGCGGGCAATTA
TATTAACAATCATGCCACAGACCATGATGAGTGCAGCTGTTGTTCCAAAATCTTTTAAGG
CTAGTGAGACGATAGCTTCGTTGTTAGGTACGATACCTTGACACCAAATGCGTGTTGGA
ATATTTTGCCGAATGGTTCAAGAGATCGAACGACGACATCAGCACCTGCACTTAAAATTA
AGAAGCCTAATATCGTTTTAATGGTTCCTGAAGTGATCGTTGCGGCAGGTTTTTTCTGAAC
GATTAACCTATAAAGGCAATCAGTGCAACAAGAATGGCTGGTTGACTTAAAATATCGAC
TATAAAATTAAGGATTGCTTGCAT

> **A8YZF7**

Function: protein coding sequence; transcript antiterminator/BglG family (core genome, variable)

Best match: A8YZF7_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[76024:77979]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 33303 ... 35259; Length: 1956 bp

Sequence:

TTAAGCCTCCTTTGTCATAGTTAAAGCAATGTGTTGTTTAAATTTAAAAATATTCCCATCT
AAGAAATCTTGTGCATATAAGTCGTTGCTTAAAGCATTTCGCTTAACTGTCCCAATGCCTTTA
AATGTGCATTGGGGTGGTCCGTTGCTAATGTAATTACAAGGTGAACGGGATCGTTAGCTT
TACTACCAAAGATAATCCCTTCAGTGAAATATGTTAGTGCGAAACCTACACCATTCTGTA
CATAATCAGTACCAGCGTGAATAAGTGCAATATGTGGACTAATGACCATATATGACCCGA
ATTGTTCAAATTTGTTTTAAAATTGCAGCTGTATAATTTGAATAGACAATGCCATCATTGAT
TAAAGGTTGCACAGCCACTGCAATTGCGGATTCAATTGATAATGGTTGTTTATTTATAATG
ATGCGATGTTCAAGCAATAAATCTGCGAGTGACTTGCCATCAGTTGCCATTTTCATGACTC
GTTGTTCTCTTGAGTCATTGATAATTTGATTCAATTTTTGACGAGATTGTTGATTGATAAA
TGGATCGACATGAATAACTGGTACAGCTGATATTTACAAGGTAAGTGTGAAATGACATA
ATCAATGTTATCTTGCAATAATCGACTTTCTTCCAATTGATAAATGGAATAGGCATCCCAA

ATGTGAAACTCAGGATACAGGTGATTTAGTTTTGATTTTAAAAGTTGCGACGTGCCTATA
CCAGAACCACATAGTAAGACAACCTTAATCATTGATTGTTTATGTGTTGCAACACGCTCT
ATACTTGATGCGAAGTGAATTGTAATGTATGTTAATTCATCTTCGTTGAAGCGAATAGCA
GCATCTTGTTCAATTGGGCTAATATGCTTGCTAACGGCTTCAATGATTTGAGGATAGCGAC
GCATAACTTCTTGCCCTCAAAGGATTAGGTTGTAGCATATCATATTTAATACGATGTATAGC
TGGTTTGATATGTGTGATCAGACTGGTATGTAACCTTGTTGCTTTTGACATATCAATGCCT
AATTCTTGGCTAACACAAGTGATTAATTCATGTATATTTTGCATAAATCATGGTATTCAA
AGGCAATTGAAGACGCTGTATGTTCCGGTCATTTTAGAGCCTAGTAAATGTAACGTGATAA
AGATAATTTTCAGACTCTGGAAATGTGACATTACAACACTACGTTCTAAGTTTTCTATCATTTT
TGAAGCAATAGCATACTGATTAGTATGTGCGCATTATCAATTTTCATTGATAGGTATATCG
AACGAAAAATTTTCATTTAGACGCTGAATGGCAATGAGTATATGATAGATTAAGCCATCG
ATAGCCGACTGAACTAAATGATAATTTTCACTATTTAATGTCTTAATAATGGCACGGCGA
ACCAATGCGATTGATTCTGAATTAAGATATCCGCCTCTATAAAAGGTGCAGCTTGTTTC
ATATATTGATGTATAAAGTGTGCATACGCTTTACGATAGTGATCTTCCCTACCAATAATAT
TGAATCCTTTATTGTGGACATAATTTAACTTTAAATGGTATTGATCTAGTTGGGCTTGAAT
CATTTTAATATCATCTGCAATTGTCCGACGCGAAACATTAGCATCTTGCGCAAGTTGCTTT
GTTGAAACAGGATCGGTTGTTTCGAATAACTTTAAAGCGATATGTGTGAGTCGTTTCATCTT
TTGAAAAATGAATTTGATTTGTTAGATTGTGCTCTAATTCATTTAATAGTGTGCGGTGAGC
TGTTGTTACTTTGATGCCTGCAGCTTTATTACGGCTGACTTGGTAATGATAAGTTTCAGCA
TATTGCTCAATATATGCTATATCATATTGAATGGTACGAGGTGATACACCAAGTTGATTA
GCAATGGTATTGATTGGAATAAACGTTTGCTCATGAATTAAGATAACAAAATTTTCGATT
TGCTATAACTTAACAA

> **mepR**

Function: protein coding sequence; MATE regulatory protein (core genome, constant)

Best match: mepR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[359919:360338] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 35470 ... 35890; Length: 420 bp

Sequence:

ATGGAATTCACTTATTCGTATTTATTTAGAATGATTAGTCATGAGATGAAACAAAAGGCT
GATCAAAAGTTAGAGCAATTTGATATTACAAATGAGCAAGGTCATACGTTAGGTTATCTT
TATGCACATCAACAAGATGGACTGACACAAAATGATATTGCTAAAGCATTACAACGAAC
AGGTCCAACCTGTCAGTAATTTATTAAGGAACCTTGAACGTAAAAAGCTGATCTATCGCTA
TGTCGATGCACAAGATACGAGAAGAAAGAATATAGGGCTGACTACCTCTGGGATTA AAC
TCGTAGAAGCATTCACTTCGATATTTGATGAAATGGAACAAACTCGTATCGCAGTTAT
CTGAAGAAGAAAATGAACAAATGAAAGCAAACCTTAACTAAAATGTTATCTAGTTTACAA
TAA

> **mepA**

Function: protein coding sequence; staph virulence regulator A (core genome, constant)

Best match: mepA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[360445:361800]

Position: 009-contig_245_RC: 35996 ... 37352; Length: 1356 bp

Sequence:

ATGAAAGACGAACAATTATATTATTTTGGAGAAATCGCCAGTATTTAAAGCGATGATGCAT
TTCTCATTGCCAATGATGATAGGGACTTTATTAAGCGTTATTTATGGCATATTAATATTT
ACTTTATAGGATTTTTAGAAGATAGCCACATGATTTCTGCTATCTCTAACACTGCCAGT
ATTTGCTATCTTAATGGGGTTAGGTAATTTATTTGGCGTTGGTGCAGGAACCTTATATTTCA
CGTTTATTAGGTGCGAAAGACTATAGTAAGAGTAAATTTGTAAGTAGTTTCTCTATTTATG
GTGGTATTGCACTAGGACTTATCGTGATTTTAGTTACTTTACCATTCAAGTATCAAAATCGC
AGCAATTTTAGGGGCGAGAGGTGAAACGTTAGCTTTAACAAGTAATTTTGAAGTAAT
GTTTTTAAGTGCACCTTTTGTAAATTTTGTCTTCATATTAGAACAATTTGCACGTGCAATTG
GGGCACCAATGGTTTCTATGATTGGTATGTTAGCTAGTGTAGGCTTAAATATTATTTTAGA
TCCAATTTTAATTTTGGTTTTGATTTAAACGTTGTTGGTGCAGCTTTGGGTAAGTCAATCA
GTAATGTTGCTGCTGCTCTGTTCTTTATCATTTATTTTATGAAAAATAGTGACGTTGTGTCA
GTTAATATTAACCTTGCAGAAACCTAATAAAGAAATGCTTTCTGAAATCTTTAAAATAGGT
ATTCCTGCATTTTAAATGAGTATCTTAATGGGATTCACAGGATTAGTTTTAAATTTATTTTT

AGCACATTATGGAAACTTCGCGATTGCAAGTTATGGTATCTCATTTAGACTTGTGCAATTT
CCAGAACTTATTATCATGGGATTATGTGAAGGTGTTGTACCACTAATTGCATATAACTTTA
TGGCAAATAAAGGTCGTATGAAAGACGTTATCAAAGCAGTTATCATGTCTATCGGTGTTA
TCTTTGTTGTATGTATGATTGCTGTATTTACAATTGGACATCATATGGTTGGACTATTTACT
ACTGATCAAGCCATTGTTGAGATGGCGACATTTATTTTGAAGTAACAATGACATCATT
TTATTAATGGTATAGGTTTCTTGTTTACTGGTATGCTTCAAGCAACTGGTCAAGGTCGTG
GAGCTACAATTATGGCTATTTTACAAGGTGCGATTATCATTCCAGTATTATTTATTATGAA
TGCTTTGTTTGGACTAACAGGTGTCATTTGGTCATTATTAATTGCTGAGTCACTTTGTGCA
TTTGCTGCAATGTTAATTGTCTATTTATTACGTAATCGTTTGACAGTTGATACATCTGAATT
AATAGAAGGTTAA

> **mepB**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: mepB_CC022_HE681097.1[355767:356197]

Position: 009-contig_245_RC: 37455 ... 37886; Length: 431 bp

Sequence:

ATGTATAAATCTAAAATACTGTTGAAATATATTTTTAGTGAAGAATCAGAAGTTAAAGAC
TTAACTGAAGAAAAATATAATCAAGATTACGAAGCATTAAACATTTAGCTTTAAAGAGGAA
ACATATCAAAGTAGGTTAGCTAAGAAAACACCGACTAAAACAGGGTATTTTGTACATGT
TGGACAAAAGACGAGAACAATTGCAATCAACCATACTCAAAGAGGCATTTGCAGATTA
CTTAATGATTATAGTTATTGATGAAGAATTAAGCGGTTATTTCTTATTTCCCTAGGGAATTA
TTGGTAGAAAAAGGCATCTTAACTACATTTGAACATAAAGGTAAGATAGCTTTTAGAGTT
TATCCTAAGTGGTGTAAATCAATTGAATAAAACAGCAGGGCAAACACAAAAGTGGCAATG
TAAATATTTTTT

> **txbi_glpT**

Function: bidirectional rho-independent terminator of glpT and mepB (core genome, constant)

Best match: txbi_glpT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2362340:362428 [4_50ANF10END]

Position: 009-contig_245_RC: 37888 ... 37977; Length: 89 bp

Sequence:

AATACTAATAAAAAGTCATATGGTTGAACTTATAAGAGATGAATATATCATCTTTTCGATA
AGATAACCCTATGACTTTATTTTTTATCA

> **glpT**

Function: protein coding sequence; glycerol-3-phosphate transporter (core genome, constant)

Best match: glpT_AJ563809.1[1:1359]RC

Position: 009-contig_245_RC: 37978 ... 39337; Length: 1359 bp

Sequence:

TTAATGATGAACGGTTTCTTGTCCTACTTTATTCCAAGTGAGGATAAAGCTCAACATTGCA
AACACACTGATTGCTGTTAATAAAAATAAAACCGACATCCCATCCGAATTTATCAACTACA
GCACCTAAGACGATGTTGGCCATTACAGCACCAAACAGATAACCAAATAATCCTGTTAAT
CCAGCTGCTGTGCCAGCTGCTTTTTTAGGTACATAATCTAATGCTTGTAACCAATTAACA
TAACTGGTCCATATATTAAGAAACCAATGGCAATTAATGAGACATTGTCTAACCAAGCAT
TGCCTGGAGGATTTAACCAATAAATTAATACAAATACTGTGACACCTAACATAAAGAAGA
AACCTGCAGGTCCACGACGACCTTTGAATAATTTATCAGAAATGTAACCACATAATAATG
TACCAGGAATTCAGCCCATTCGTATAAGAAGTATGCCAACCTGATGCTTTTAAAGTCGA
AATGTTTTTCTTCACTTAAGTAGACTGGCGCCCAATCAAGTACACCATAACGCACGAAAT
AAACAAATATATTTGCAAAGGCAATTGCCCATACCCATTTATTGTTTCAGTACATATTTAA
TAAAATTTCTTTTGTAGTTAATTCTGTTTCTAATGTTTTCTTATCGCTTGTAAGCAAGTCAT
TTTTATAAATTTTCGATTGGAGGTAACCTTGAGATTGAGGTGTGTCTCTAATCAATACGTA
TGAAATTGCGGCAATGATAAGTGCTAAGAGTGCAGGGTAAATGAATACACCTTCGAAAC
CTTTTAAATAACCAAAGTTGATAAATGCTGTTGTTGTAATACCCCAAGCAGCAATAGGTG
CCATAATACCTCCACCAACATTATGCGCAACGTTCCAAAGGGCAGTCTTACTTCCGCGTTC
ACTTACACTAAACCAGTGAACGAGAACACGGCCTGAAGGTGGCCAGCCCATACCTTGAA
ACCATCCATTTAAGAATAATAGGACAAACATAATACCGATACCTGATGTAAAGAACGGT

ACAAATCCCATTAACAAATTGACGATAGCAGTGAGTGCTAATCCAAGAACTAAGAATATC
CGAGCATTGCTCCGATCACTTACAGTACCCATAAAGAACTTACTAAATCCATATGCGATG
GAAACAGCAGAAAGTGCAAACCTAGTTCCGCTTTTGTAAAACCTTGCTCTTGCAATGCC
GGCATCGCTAATGAAAAGTTTTTACGTAATAAATAGTACCCAGCGTAACCGATGAAAATA
CCAAGAAATACTTGGAGACGTAATCGTTTATAGGTATCATCTATCTGATTTTCTGGCAA
GGCTTAATATGCTTTGCAGGTTTAAGAAAATTCAT

> **yeiH**

Function: protein coding sequence; UPF0324 membrane protein (core genome, variable)

Best match: yeiH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[366741:367736:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 42289 ... 43285; Length: 996 bp

Sequence:

TTAACTATATAGCCAATGAACGACGATAAAGGCAAGTGATGACAAGCATATTGAGGTAA
TAATGATTGTCATAAGCGGTTTAAGTGCGGATTTTAAAGATCTTAAATGCCACATTTAA
CCCTAAAGCAACCATGGCCATTAATAAGCAAATTGTTGATACAGTATTTAAAATATTTAG
CAATGCTGACGGAATAGTTACATATGTATTCACTAAGGCCATAATGACAAATCCAATTAA
AAAGTATGGAATGCTTATTCGACCCTTGCTAGATGATTCTGATGAACGGAAACGCATAAT
TAAAATAAGTACGATGGTTAATGGAATCAGTAAGAATACTCTACCAAGTTTGCCGAGAAG
TGCAATTTTAAGTGCATCACTACCACCAAAGCCACCAGCTAAGACAACGTGTGCAATTTT
ATGAAGACTAACACCAGACCAAGCGCCATAAACATTTGTCGTCATTGAAAAGATAGCGT
AGATAGCTGTATATATAAGTGAGAATATCGTACCAATCAATGCGATGATACCGATACTAA
TAGCTGTATCCTTTTCACGTGATTTGAATATTGGAGCTACTGCAGCAATAGCGGCAGCAC
CACAAACGCCTGTACCTACACCTAGTAATAATGCGATGTTTTTGTACCATGTAACAGTTT
GTTGACAAAGAGCATCATTACAATACTAAAAATAACGCACACCTACATCGATGGCTAATAG
TCTACTACCTTGACCGATAATATCGAATATATTGAGTTTAAAGTCCATATAGGATGATTGCA
AATCTTAATAAATATTTAGATGAAAACGTAATACCTGAGCTATATTGTTTCAGGATATCCTC
TAAAGTGACGATATAGAATAGCGATTAATATCGCGATAGTTAATGCGCCAACCTTATCTA
AGATTGGCAATTTAGCTGCTAAAAAGCTAAATAATGCGACTATAAATGTTAATGATAGTC
CAATCATAAAATGCTTATTTTTCAATGATGCCAT

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC121_21269_AFTU01000042.1[72955:73177]RC

Position: 009-contig_245_RC: 43434 ... 43464; Length: 30 bp

Sequence:

GGCGGGGCCCAACAAAGAAGCTGACGAAA

> **repeat_nySAGamma**

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAGamma_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1695238:1695347:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 43461 ... 43491; Length: 30 bp

Sequence:

AAAAGTCAGCTTACAATAATGTGCAAGTTG

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]

Position: 009-contig_245_RC: 43462 ... 43492; Length: 30 bp

Sequence:

AAAGTCAGCTTACAATAATGTGCAAGTTGG

> **furbox-fep**

Function: binding site of ferric uptake regulator next to fep

Best match: furbox-fep_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[368688:368722:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 44405 ... 44440; Length: 35 bp

Sequence:

ATAATGATTTTGATAATTATTATCAACTAGATAAT

> **fepA**

Function: protein coding sequence; lipoprotein (core genome, variable)

Best match: fepA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[368853:369707]

Position: 009-contig_245_RC: 44570 ... 45425; Length: 855 bp

Sequence:

ATGAAAAAGTTAACAACGCTATTATTAGCATCAACGTTATTAATTGCTGCATGTGGGAAC
GACGATAGTAAGAAGGATGATTCAAAGACATTGAAAAAGATGATGGTGTTAAAGCAGA
ATTAACAACAGCAACAAAAGCATATGATAAATACTGATGAACAGTTAAATGAATTTTT
AAAAGGTACAGAAAAATTTGTTAAAGCGATTGAAAATAATGATATGGCCAAGCAAAAG
CGTTATATCCAAAAGTTCGTATGTATTATGAACGCTCTGAACCAGTTGCAGAAGCATTG
GAGATTTAGATCCTAAAATTGATGCACGTCTTGCAGATATGAAAGAAGAGAAAAAGGAA
AAAGAATGGTCAGGATATCATAAGATTGAAAAAGCATTATACGAAGATAAGAAAATTGA
TGATGTGACTAAAAAGATGCACAACAATTATTGAAAGATGCAAAAAGAATTGCATGCCA
AAGCTGATACATTAGATATCACACCAAAATTAATGTTACAAGGTTCTGTTGACCTATTAA
ATGAAGTTGCAACTTCTAAAATCACAGGTGAAGAAGAAATTTATTCACATACAGATTTAT
ATGATTTTAAAGCGAACGTTGAAGGCGCACAAAAAATTTATGACTTATTTAAACCTATTT
TAGAGAAAAAGATAAAAAATTAAGTGATGATATTCAAATGAACTTCGATAAAGTGAAT
CAATTATTGGATAAATATAAAGATAACAACGGCGGTTATGAGTCATTTGAAAAAGTATCG
AAGAAAGACCGTAAAGCATTGCGGATGCTGTTAATGCATTAGGAGAGCCACTAAGTAA
AATGGCTGTGATTACTGAATGA

> **fepB**

Function: protein coding sequence; iron-dependent Dyp-type peroxidase (core genome, variable)

Best match: fepB_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[64632:65861:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 45421 ... 46651; Length: 1230 bp

Sequence:

ATGACAAATTATGAACAAGTTAACGATAGTACGCAATTTTCAAGACGTACATTTTTGAAA
ATGTTAGGTATTGGCGGTGCCGGTGTGCAATTGGCGCAAGTGGTGTTGGTAGCATGTGG
TCTTTCAAATCAATGTTCAATACACCAGAAGATCCGGAAAAAGATGCGTATGAATTTTAT
GGTAAAGTGCAACCAGGCATTACCACACCCACGCAAAAAACATGCAATTTTCGTTGCGTTA
GATTTGAAGTCAAAAGATAGAGATGCAATTAAGGCAATGTTTAAAAAGTGGACGGTTAT
GGCTGATCGTATGATGGATGGTGATACAGTTGGCAAGCCGAGTAACAATCCTTTAATGCC
ACCAGTAGATACCGGTGAATCGATAGGATTAGGTGCAAGCAAGTTAACGATTACCTTTGG
GATTAGTAAGTCTTTGATGAAGAAAATTGGGTTATCTAGTAAAATTCCCGATGCCTTTAA
AGATTTACCGCATTTTCCGAATGATCAGTTAATAGACGATTACAGCGATGGTGATATTAT
GATTCAAGCATGCTCAAATGATTCGCAAGTATCCTTTTCATGCGGTTTCATAATTTAGTTTCGT
CCATTTTCGAGATATTGTTAAGGTACGTTGGGCGCAATCTGGTTTTATCTCTGCTAAAGGTA
AGGAAACACCTAGAAATTTAATGGCATTAAAGATGGAACAATTAATCCTAGAAAAAGT
AATCAACTTAAAGATTATGTGTTTATTGATGACGGATGGGCGAAACATGGAACCTATTGT
GTTGTCAGACGTATTCAAATACACATTGAAACGTGGGATCGTACTGCACTGGAAGAACAA
GAGGCTACATTTGGTTCGGAAACGACATAGTGGTGCGCCGTTAACAGGTGGGAAAGAGTT
TGATGAAATTGACTTAAAAGCGAAAGATAGTCATGGCGAGTATATTATTGATAAAGATGC
CCATACGAGACTAGCGAAAGAAGCAAATACGTCAATTTTACGTAGAGCCTTTAATTATGT
TGATGGTACGGATGACCGCACAGGTAACCTTCGAAACAGGCTTGTTGTTTCATTGCTTTTCA
AAAAGCGACAAAACAATTTATCGATATACAAAATAATTTAGGTAGTAATGATAAATTA
ATGAATATATTACACATAGAGGTTCTGCTTCATTTTTAGTATTACCAGGTGTTAGTAAGGG
AGGATACCTTGGTGAACATTATTTGACTAA

> **fepC**

Function: protein coding sequence; high-affinity iron transporter (core genome, variable)

Best match: fepC_CC005_04-02981_CP001844.2[390150:391862]

Position: 009-contig_245_RC: 46631 ... 48344; Length: 1713 bp

Sequence:

```
GTGAAACATTATTTGACTAAATTTGTAGCAATGCTAATAACTGCTGCTATGGTGTGTAGCT
TTGGGTTACTGAAAAGTCAGGCAGCAGAACAACAAAGTATTAGTGATGTATATAGTGTGA
TAACGGATGCGAAATCTGCACTTTCTAATAATTTCGATATCGAATGACAATAAGCAGAAAG
CAATTGAGCAAGTGGTAAGTGCAGTTAAGAAATTATCGCTTGAAGATAATAGTGAAAGT
AATGCTGTCAAATCAGATGTGAGAAAGCTTGAAGATGCAAAAGCGAATGATAATCAAAA
AGATACACTTTCGCAATTAACGAAGTCATTAATTGCTTATGAAGAGAAATTGGCTAGTAA
AGATGCGGGTTCTAAAATTAACACTATTGCAACAGCAAGTCGATGCCAAAGATGCAGTAAT
GACAAAAGCGATTAAAGATAAAAATAAAGCAGAGCTAGAATCGCTGAACAATAGTTTGA
ATCAGATTTGGACAAGTAATGAAACGGTAATTCGCAATTATGACGCAAATCAATATGGAC
AAATTGAAGTCGCATTACTGCAACTTAGAATCGCAATTCATAAGTCGCCATTAGATACAG
CGAAAGTGTACATGCTTGGACAACCTTTTAAATCAAATATTGATCATGTGCATAAGAAAA
GTGATACGTCTGCAAATGATCAATACCGTGTATCACAATTAATGATGAGTTAGAGAAGG
CGATTAAAGCTATCGACGACAATCAATTGTCGGATGCTGATGCTGCGCTTACACATTTTAT
AGAAATTTGGCCGTATGTTGAAGGTCAAATTCAACTAAAGACGGTGTCTTGTATACGAA
AATTGAAGATAAAAATACCATATTATCAAAGTGTATTAGACGAACATAATAAAGCACATGT
GAAAGATGGTTTAGTAGATTTAAATAACCAAATTAAGAGGTTGTTGGCCATAGTTATAG
CTTCGTGATGTGATGATTATCTTTTACGTGAAGGGCTAGAAGTGTGTTAATTGTAATG
ACATTGACTACCATGACGCGTAATGTAAAAGATAAGAAAGGGACTGCAAGTGTGATTGG
TGGTGCAATTGCCGGACTTGTACTGAGTATTATCTTAGCAATTACGTTTGTAGAACTTTA
GGGAATAGTGGCATTCTTCGTGAAAGTATGGAAGCGGGATTAGGTATCGTTGCGGTCATA
TTAATGTTTATCGTTGGTGTGGATGCACAAACGTTCAAATGCAAAACGTTGGAATGAC
ATGATTAATAATATGTATGCTAATGCGATTAGTAATGGTAATTTGGTATTGTTAGCGACG
ATTGGTTTAAATATCTGTGTTGCGTGAAGGTGTTGAGGTTATCATTTTCTATATGGGGATGA
TAGGTGAGCTAGCGACAAAAGATTTTATTATTGGTATTGCTTTAGCTATCGTTATATTAAT
TATCTTTGCGTTATTATTTAGATTTATCGTCAGATTGATACCTATATTCTATATATTTAGAG
TATTGTCGATCTTTATTTTATTATGGGATTCAAAATGCTTGGCGTAAGTATTCAAAAATT
ACAATTATTAGGTGCGATGCCGAGACATGTTATCGAAGGATTCCCAACGATTAACCTGGTT
AGGATTCTATCCAAGTTATGAACCATTGATAGCACAAGCTGCCTATATTATGGTAGTTGCT
ATCTTAATCTTTAAATTTAAAAAATAA
```

> **tatC**

Function: protein coding sequence; twin-arginine translocation protein C (core genome, variable)

Best match: tatC_CC188_21340_AGTX01000031.1[74906:75607:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 48435 ... 49137; Length: 702 bp

Sequence:

```
TTAATGTGTTGGCGGTTTGCCTCGGTATGTAAATTTAACGATGAACGTAAGTGAACACTCAA
GAGCAATATGAGTGGCAATGTGAGTAATATATTTAATGTTAAATCGGGTGGTGCAATGAT
ACTTGCTAATACAAAGCAAGCGAAATAAATATATTTTCGATAATGCTTCAATGATGTGGT
ATCTATAAGACCGAATTTTGCAAGTCCTATGAATAATATTGGCAATTGGAATAAAATGCC
AAAAGTGAAGCAACCGGATAAGTTCAACTAAATACGCTTTAAAGCCAATGACAGGCG
AAATGTTTAAAGTTAATGATAATTTTAAACGCGAATTGAATGATCATTGGAAAGCTAACAT
AAAATGCAAAAGCGACGCCAGCACAGAATAATAACACGCTGAAAAAACTATATTTATAA
ATAAATTGGCGCTCATTATTATGCAAACCAGGCGCAACAAACGCCCAATGATAAAAC
ATAACCGGTGAAATGAGACAAAACGCGATGAAAAATATAATCATCACGTATATTTGGAT
CATTTCTGTGAATGAAAATGCATGTAAGGACACATGTGCACGGGTAATATACGTTATGAA
TGGTGTGATCCACCAAAATGATGAAACATATACGACGATGACCGTAATGACGAACGACA
ATAAAATTTTACTAACCGATGGCGTAGTTTCGCTAAAGTGAACCAT
```

> **tatA**

Function: protein coding sequence; twin-arginine translocation protein A (core genome, constant)

Best match: tatA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[373436:373651:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 49153 ... 49369; Length: 216 bp

Sequence:

CTATTGCTCTCGCTGTTGCTTCGATTCCCTTACTGGGTGTATCGTGAGACTCTTTATCTAAAT
CTTCTGTTGCAGATTTAAATTCTTTTAAAGTAGAACCGATAGCACGACCAAATTGTGGTA
ATTTTTTCGGACCAAAAATAATTAAGCGATAATGCTAATGACGACAAGACTTGTGGAC
CTGTGATGCCTAAAATAAAAAGTGTTAGTTATCAT

> **ltrA**

Function: protein coding sequence; low temperature requirement A (core genome, constant)

Best match: ltrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[377187:378320:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 52884 ... 54018; Length: 1134 bp

Sequence:

TTATTCATGTTTATTACGTAGACGTTGATTTTTAAAATAAATCAGCATGATGCAGAAAGTC
GCAACGGATACCGAGATAATCATTACTTGGTCATGCCCTTAAAGATAAGGCTGATGATA
TATGATACTACAAGTATGCCTAGTGAAGAAGAAATATATTTTGCGTTTGTGAGTTCATTAT
GGAAATAAGGCGTGATTAACCATAATCCAATATAGAATATTAAAAACACTGATATACATCA
TATTAATTTCAAACAAGTCATTTAGTTTATTGTTATTACTAAAAACAATTGCAGCATTAAAT
CACACCTAAAGCGATATTGATTAATAGATGCGTATACGATAAACGGAAACCGATAGATG
ACAATTTATGATTAATGTAATTTTCAGTAATGATCCAATATACACCGAAAAGACTAATTA
AAATCATAAATTGGAATATATAAATGTAACCTAAAATGATCAATGCTAAATGATGACGAA
GCTAAACCAACCAGTACCTCGCCAAAAGATAATAATTGTTAGTAACGAAAAACGTTCTACT
AAATGCATCATATTAACAGGTGATAATACAAGATATTTCTGAAATGGAATAAGTCCTGTC
GCTGCAATGAATACGCCTAAAATCCAGGGATGTAATGGATACTTTGTGGTAGTACTAAT
GATAGAAATGATAAAAATGAAATCACAAAGGCTACGCTCGCAAAGCTTGACATGTACG
CTTATCGCCATAATCTAACCTGTACGTATATGTAATAAATACTGTAATCCGATACTTAAA
TACATAATTGCCACGCATAAGAAGAATGGGAAGAATGTCTTTTCAAAGTCCGGATATAGG
CTGTTAGATAGGAAGACCATGATGAACATATTAACATCATAAACGAGACGTCTTTGAAT
GTAACCTGACCAAATCGATTTGTAAAAAATGTTTGTGATGAGACCACATTAACCATAAGAAC
AAACTCATGACGATGTATTTGAAAAATAAATCAGCTGAAATGGAACCGTTTTGTGTTGTT
AAAATCACATGTGCAATTTTTTGAATGGCATAGACGAAAATTAATCAAAGAACAACCTCA
TGGAATCCTGCACGCTTTTCAGCTAAATGTTTTGGTGTTAATGCATTAACCAT

> **thlA/yqil**

Function: protein coding sequence; acetyl-CoA acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: thlA_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[55545:56726:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 54556 ... 55738; Length: 1182 bp

Sequence:

ATGACGAGAGTCGTATTAGCAGCAGCATAACAGGACACCTATTGGCGTTTTTGGAGGTGCG
TTTAAAGACGTGCCAGCCTATGATTTAGGTGCGACTTTAATAGAACATATTATTAAGAG
ACGGGTTTGAATCCAAGTGAGATTGATGAAGTTATCATCGGTAACGTAACACTACAAGCAGGA
CAAGGACAAAATCCAGCACGAATTGCTGCTATGAAAGGTGGCTTGCCAGAAACAGTACC
TGCATTTACAGTGAATAAAGTATGTGGTTCTGGGTTAAAGTCGATTCAATTAGCATATCA
ATCTATTGTGACTGGTGAAAATGACATCGTGCTAGCTGGCGGTATGGAGAATATGTCTCA
GTCACCAATGCTTGTCAACAACAGTCGCTTCGGTTTTAAAATGGGACATCAATCAATGGT
TGATAGCATGGTATATGATGGTTTAAACAGATGTATTTAATCAATATCATATGGGTATTACT
GCTGAAAATTTAGTGGAGCAATATGGTATTTCAAGAGAAGAACAAGATACATTTGCTGTA
AACTCACAACAAAAGCAGTACGTGCACAGCAAAAATGGTGAATTTGATAGTGAAATAGT
TCCAGTATCGATTCTCAACGTAAAGGTGAACCAATCTTAGTCACTAAGGATGAAGGTGT
ACGTGAAAATGTATCAGTCGAAAATTAAGTCGCTTAAAGACCAGCTTTCAAAAAGACG
GGACAGTTACAGCAGGTAATGCATCAGGAATCAATGATGGTGCTGCGATGATGTTAGTCA
TGTCAGAAGACAAAGCTAAAGAATTAATATCGAACCATTGGCAGTGCTTGTGCTTTG
GAAGTCATGGCGTAGATCCTTCTATTATGGGTATTGCACCAGTTGGCGCTGTAGAAAAGG
CTTTGAAACGTAGTAAAAAAGAATTAAGCGATATTGATGTATTTGAATTAATGAAGCAT
TTGCAGCACAATCATTAGCTGTTGATCGTGAATTAATAATTACCTCCTGAAAAGGTGAATG
TTAAAGGTGGCGCTATTGCATTAGGACACCCTATTGGTGCATCTGGTGCTAGAGTTTTAGT
GACATTATTGCATCAACTGAATGATGAAGTTGAAACTGGTTTAAACATCATTGTGTATTGGT
GGCGGTCAAGCTATCGCTGCAGTTGTATCAAAGTATAAATAA

> **Q5HIT9**

Function: protein coding sequence; cyclase family protein (core genome, constant)

Best match: Q5HIT9_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[380123:380875:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 55820 ... 56573; Length: 753 bp

Sequence:

```
TTAGTCATTTGATGGTTTAATTGCAAATGCTCTAACAGGGAACCCAGGTGCATCTTTTGGT
TTAGGGCTGATAGCGTAAATGATGGCGCCACGAGTTGGTAATTGATCTAAATTAGTTAAT
AACTCGACTTGGTATTTATCCTGACCAAGAATATAACGTTCCGCAACTAAATCACCATTTT
TTACAACGTCCACAGATGCATCGGTATCGAATGTTTCATGACCAACAGCTTCAACACGAC
GTTCTTCAATTAAGTACTTCAAAGCATCTAATCCCCAACCCGGTGCATGTTGTTGTCGGTT
CGCATCTTTGTTTTCAAACCTTTCAATATTAGGCCAACGTTTTGACCAATCGGTACGAAGT
GCAACAAAAGTGCCAGGTTCAATAGTACCATGCTCTTTTTCCCATGCTTCTATATGCGCAC
GTGTTACAATGAAATCATTGTTGTTGCTACTTCTGTTGAAAAGTCTAATACAATTAACGG
CAATACCAATCTTTTAAATCAATGTCTTCTAAATAACGTTTATTCTCGACAAAGTGAATT
GGTGCATCAATGTGAGTACCATATTGCGTTACAATATCCAACGTTGCACATAGAAACCA
TGATCTTTAACCGTGAATAAAGTTGAAACTTCGCCTTTTTCAAACCTACTAAAACGTGGTA
TTCCGGATCAAATGTATGCGTTAAATCAACCCAAGTTGCTTGTTTTAAAGTATTTAATTG
TTGCCATAAAGGATATTGTGTCAT
```

> **metE**

Function: protein coding sequence; 5-methyltetrahydropteroyltrimethylglutamate--homocysteine methyltransferase (core genome, constant)

Best match: metE_CC030_MRSA252_BX571856.1[397296:399524:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 56615 ... 58844; Length: 2229 bp

Sequence:

```
TTATTCTTGGCGTTTAGCTTTAACAGCATTACACAAGCACAGTCAATGCATCTTTAACTTCT
TCTTCTTTTCGCGTTTTCAAACCACAGTCAGGGTTTACCCAGAATAATGAGCGGTTCGATTT
GTTGTAGTGAACGATTGATTGCTGTAGTAATTTCTTCTTTTGTGGAATACGTGGACTATG
AATATCATAACACACCTAGACCAATACCTAAATCATAATTAATATCTTCAAAGTCTTTAATT
AAATCACCATGGCTACGAGATGTTTCAATTGAAATAACATCAGCATCTAAGTCATGAATA
GCATGAATGATTTGACCGAATTGAGAATAACACATATGTGTATGGATTTGAGTTTCATCA
CGAACTGAAGACGTTGCAAGTTTAAATGATAAAACAGCATCTTTAAGATATTGTTTCGTGA
TATTCAGAGCGTAATGGTAAGCCTTACGTAATGCAGGTTTCGTCAACTTGGATAACTTTG
ATTCTGCAGCTTCAAGTGCTAATACTTCTTCGTTGATTGCTAAAGCAATTTGATCTTGAA
CGACTTTACGTGGTAAATCAACACGTTCAAATGACCAGTTTAGAATTGTTACAGGTCCAG
TTAACATACCTTTAACTGGTTTATCTGTAAAGCTTTGTGCATAAACTGTTTCATCAACAGT
TAAAGGCGCTGTCCATTTTACATCACCATAAATGATTGGTGGTTTTACGGCACGTGAACC
ATATGATTGCACCCAACCGAATTTAGTTACTAAGAAACCTTGTAATTTTTCTCCGAAGAAT
TCAACCATGTCATTACGTTCAAATTCACCGTGAACATAACATCTAAGCCAATGTCTTCTT
GAATTTTAAATCCATCGAGCAATTTTCAATTTTTAAGAATGTTTCATATGCTTCGTCTGTAAT
GCGTTTGTCTTCCAATCTGCACGGTATTTTCGAACTTCTCGGCTTTGTGGGAATGATCCA
ATAGTTGTTGTTGGTAAATCCGGTAAAGTTCAAACGTTTTTGTGTTGTTCAATACGTTGCG
CGAATGGTGATTGTCTTGAAGTACGCACGCTTTCGAAATCATAATCTAAGTTTTTGAATGA
TTGATTTTGGAAACGCTCATAACGTGCTTTTAAATTTATCATATTTAACACTATCGTTTTGAT
TAAATAGGCGACGCAATGCATCTAATTCGTCTAATTTTTTCAGTTGCAAAGCTTAAGCCTTC
GCCAACACTTGTATCTAATGTTTCATCATCTAAAGATACTGGAACATGTAATAATGAAGA
TGATGGTTGAATGACAAGTTCATTAGTGTGTGCTAACAATTTATCGATTAAGACTTTTTTA
GCTTCAATGTCACTTGGCCACACATTACGACCATCAATAATTCCAGCGTATAATGTTTTTG
ATTTATCAAAATCTCCAGCTTCAATTTGTTTAAAGTTATAGCCATTATCATGGACAAAGTC
TAAACCTAAACCACCAACAGGTAAGAAGTAAAGAATTTAAGATGTGCACGTTCAAAGT
ATGTTTGAATGACTAATTTTTTAGCAACACCAGCTTTTTTCGAAATAGTCATAAGCTTCACG
TGTAATATTTTCATAGCTTTCGCTGTCGTCTGTAACATAAGATTGGCTCATCAACTTGAATG
TACTCAGCACCTGCATCAATTAATGATTCAAACACTTCTTTATAAAGTGGTAATAACGTTT
```

TAACTTTTCTTCAAAGTTTGGTGACCGCCTTTTGATAATTTAACAAAAGTAATCGGACC
ACAATGACAGGGTGAGCGTTAACGTTTAAAGATTGGGCATATTTAAAGCGATCTAATAA
TACATTGCGACTCACTTTAGGCTCAACATTGTCCCATTCAGGTACGATGTAATGATAGTTA
GTGTTAAACCATTTTATAAGTGCACCTTGCAACATGGTCTTTATTACCGCGAGCAATATCAA
ATAATAAATCATCATCAATAGTTCTTCCCTTGGAACGTTCAAGGGATGATGTTGAATAATA
ATGACGTATCTAATATATGGTCATATAAAGAGAAATCACCAACTGGGATGCTATCTAAGT
GATAGTACTTTTGTAAATAATAAATTTCTTTATGTAGATCAGTTAATGTTTGATCTAATTCT
TCTTTAGAAATCTTCTTTGCCCAATAACTTTCGATGGCTTTTTTCCATTCTTTTTTCTACCT
AATCTTGGGAATCCTAAGTTTGATGTTTTAATTGTTGTCAT

> **metH**

Function: protein coding sequence; methylenetetrahydrofolate reductase (core genome, constant)

Best match: meth_CC008_NCTC8325_CP000253.1[352150:353991:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 58840 ... 60682; Length: 1842 bp

Sequence:

TCATAATATTGCCTCCTTGTGAGCAGTAATAGATTTTGAGTATGCTGCAAGTTCTAATGAA
TCTTCGACATTTTGAAACGGTGTGATAATGTATAAACCATTAAAATATTCATGAACAGTA
TCGATTAATCCTTTGAAAGCTTAAGACTTAGTTCTCGTGTTTTGGCTTTATCATCTTTAAC
TGCTTCAAATTGTTGTAATAATTCATCTGACATCTTGATTCTTGGCACTTCATTATGCAAA
AAGAGTGCGTTTTTTGTAACCTTGCATAGGCATAATGCCTATGAAAAATGGTTTGTTC AAG
TGCTTAGTGGCATGGTAAATTTCAATGATTTTCTCTTTGCTGTACACGGGTTGTGTTATAA
AATAAGACATTCCGCTTTCTATCTTTTTCTCTAATCTTTTGACGGCACCATCTAATTTACGA
ACATTAGGGTTAAAGGCGCCAGCGATGTTGAAGTGTGTACGTTTCTTCAGCGCATCACCG
TCAGTGTTAATACCTTGATTAAATCTTAGAGCGAGTTCAGTTAATCCTTTAGAATTAACAT
CATAGACATTGGTTGCACCTGGTAAGTGACCAACTTTTGAAGGATCACCAAGTTATGGCTA
ATATTTTCGTTAACGCCAATGAGCGATAATCCAAGTAAATGGGACTGCAAGCCGATTAAGT
TTCGGTCTCGACATGTAATATGTACGAGTGGTTCAATATTGTAATATTGCTTAATTAAGCT
AGCAGCAGCAATATTGCTAATTCTGACAGTTGCCAATGAATTATCTGCGAGTGTTACCGC
ATCTACATTAGCTTTATCAAGTTTAGCGATATTTTCAAAAAATCTATCCGTGTCTAAATGT
TTCGGTGTATCCAATTCGATAATAACGGTTGGACGTTCTTGAACCTTAGATGTTAATGATT
GTCTAACTTTATTTTGAGATGGATTGAAAAGTGCTTTCGTTGGTATCGGAATCACTTTTTT
GTCATTAACAGGTTTAAGTGTCTGAATAGATTCTTTAATAAATTTGATGTGCTCTGGCGTT
GTACCACAGCAACCACCAATTAACGAACACCTTCGCGAATTAGATTTTGAGCAACTTGA
CCGAAATATTGTGCATTGTCACTATACTTAAATTCACTATTTTCAATATCTAATAAGCTGG
CATTTGGATAACAAGATAAGAATGCGTGCTCTGGTAATTCAATATGTGTGAAAGACTCTT
GCATATGGTGCGGGCCATGATGACAATTGAGTCCCACGATGTTTGCACCACATTGAACGA
GTTGTTTTAATCCTTCATTGATTGCCTGACCATTAACTAAGTAATTTGTGTTTGAAGCGGT
TAATTGAGCAATGATTGGAATGTCGATTTTCTTTCTCGTTTCGTGAAATGACATTTGTAAAC
TCTTCTAGGTCGTAATAACGTTTCGAAAAGTAGCGCGTCAACGCCTTCTTCAATTAAGGTGT
CTATTTGAATTTCAAGTATGATAAAGAATAGTTTGTAAAGCTGATATCCTCTTGTTTGATACC
TCTAAACCCACCAACTGTGCCTAATATATACGTATCTTTATTTGCTGCTTTTTTTGCGATGC
GAACGGCGGCTTGATGTATTGCTTTAACTTTATCTTCAAGACCGAATCGTTTTAACTTTTC
AAAATTTGCACCATAAGTATTGTTTTGAATGACATCAGCACCGGCTTCAATATATGAACG
ATGGATGCGTTCAACTTTATCTGGATGGCTAAGATTATATGCTTCTGGACAGGTGTCTAAT
CCTTCAGAGTATAAAATGGTTCCCTATAGCGCCATCAGCTACTAAAACATTATCTTTCAATT
GTGTGAGGAATTGACTCAT

> **A5IPT9**

Function: protein coding sequence; putative cystathionine beta-lyase (core genome, variable)

Best match: A5IPT9_CC007_TCH959-USA300_AASB02000040.1[61053:62213:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 60650 ... 61811; Length: 1161 bp

Sequence:

TTATCTTTCAATTGTGTGAGGAATTGACTCATTGAATGCCTCCTTTAATGCGTATTTGATG
TCTGCAATGAGTTCATCAGGATCTTCGAGACCAACACTTAATCGGAATAGACCGAAAGTG

ATACCACGTTCTTGCCTCACTTCTTCAGGTAGTGTGCGTGAGACATTGTTGCTGGGTGCG
AAAGTATTGTTTCCACACCACCTAGACTCACTGAAACGAGTGGTAATGTCAGTGCATCGA
CAAATTGTTGTGCTTTAGACTCATCAGCTAAACGTAAGCCAATAACGGCACCGCCATTTTT
AGCTTGTCTAAATGAGATGCAGTAAGTCCCGGATAATAAACTTCTGAAATTCATCTTGC
TTTATTA AAAATGACACGATTTTTTTCGCGCTTTTCGACAGATTGTTTAAATCTGATTGGAA
ATGTTTTTAAATGTTTAGCAAGTGTCCAGCTATCTTGAGCAGATAACATATTGCCTGTACC
ATTTTGTATTAAATAAAGAGCTTCACTAATTGCCTCATTATTAGTAATGACAGCACCAGCA
ATTAATCGCTATGTCCACTTAAAAATTTGTAGCACTATGAATGACAATATCAGCGCCA
AGTAATAAAGGTGATTGACCTAACGGTGTATGAATGTATTGTCCACAGCTACCAGTAGT
TCATGCTTTTCGGCTATTTTAGAAACAGCTTTGATATCAGTAATTTTAAAACAGGGATTTCG
ATGGTGTTCGATATAAATTAATTTTGTGTTTGATTGAATGGCACCCCTCGATTTGTTTCGAG
CTTGGTAGTATCTACGGTTGTAATTTCAATATTAATCGATTCAAATTTGCTCAGTGAGG
CGAAAAGTACCGCCATATACATCATCGGGTAAGATGACATGATCACCAGATTTGAAAGTC
AAAAGTACTGCTGAAATCGCAGCAATACCTGATGCAAAAAGCAAAAAGCGAATTTCCCTGT
TCTAATCGTGCTAACTTCTTCTAAAAGTTACGGTTAGGGTTGCCACTTCGTGCATAAT
CATATTTAACATCGCCACCAAGACTTGTGTTGATGGAATGTTGAAGAATCATAGAGTGGTG
GGTTAGCTGAATGATATTCCACACCTCTACGCCAATCGAATATCACTTCTGTCTTTTTGA
AAGTGTCAAT

> **A5IPU0**

Function: protein coding sequence; putative cystathionine gamma-synthase/cysteine synthase (core genome, variable)

Best match: A5IPU0_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[386110:387213:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 61807 ... 62911; Length: 1104 bp

Sequence:

TCATACAATCTCTCCAATCTGAGCTTTATCTAATGCTTGGATGATATCGCGTTCGATGTCT
TCATAATTTTCAACACCTAGTGATAAGCGGATTAATACTCATCAATGCCACGTTTATCTT
TTTCAGCATCTGGCATATCAACATGTGTTTGGGTGTAAGGGAAGGTCACTAATGTTTCAGT
ACCTCCTAAACTTTCTGCAAAAATGCAAATGTCTAAATTTTTTAATAATTTAGCGACGCTA
TAGGCCTTGTTAAGTCTTAAACTAAGCATGCCAGTTTGGCCGCTATATAGTACTTCGTCAA
TTGCTTGAAGTGACTGACATTTTTTAGCAAGTTTTCTAGCGTTTGATTGCGCACGCTCAAT
GCGTAAATGCAAAGTTTTAAGTCCACGTAACAACAATAACTATCTATTGGTGAAAGTGT
TGCGCCAGTCATGTTGTGAAAATCAAACAAGTGTGCGCGAGTGATTACCTTTGACGGT
TACGACACCTGCTAGTACATCATTATGTCCACCAATATATTTTCGTAGCTGAATGTAAGACT
ATATCAGCACCTTCTGCTAATGGTGTGAAAGATAAGGTGTTAAAAATGTATTGTTCGATA
ATTGACAATAAGCCTTTAGCTTTACAAAGTTGATAGTACGGCTTTACATCAATAGCAATC
ATTTGTGGGTTAGATATTGGTTCAATGAATAATGCAACTGTTTTATCAGTGATTTCTTTTTC
AACTTGTTCATAATCTGTA AAAATCAACGTACTTAAATTTGATATTGTATTGTTGCTCATAA
AATTCAAATAATCTAAATGTGCCGCCGTATAAATCGAATGAAACTAAAATTTTCATCGTGT
GGTTTAAATAAATTACATATTAATTGAATGGCTGACATTCCACTTGATGTAGCGAATGAT
GCAATACCATGTTTCGAGTTTGGCAAAAACAGGTTTCAAATGTTGAGCGTGTAGGATTTTTA
GTACGTGTATAATCAAACCTGTTCGATTGTCCTAGTTTTGGATGCTTGTAGGCAGTAGATA
AATGGATTGGATTCGCTATAGCACCGGTTGAATCATCGGTTAATGTGATTTGGGCTAACT
GTGTATCCTTCAT

> **tbox02**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox02_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[387279:387648:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 62976 ... 63346; Length: 370 bp

Sequence:

AAAAAGGACGAAAGCTTATGTTTCGCGGTACCACCTTTATTTGTTATTCCATCGCTGAAAT
AACCTTATTACGTACGCATTA AAAAGTAAATATGCTTACTGAACAATTATCACAATTA AAG
TCAGTAAGTAAGGATATAGTAATGTGCTATCCATACTTATTAACAAAAAATCGTGCAGTA
AAGAATCCAGTACGCCATTTAACATCAATGTTAATACTGTATCGCTATAACGGGCGAACC

CGTAGACACCTCATATTGGCATCAACACTCCAAGGCCATTTTCAAACACGCTTTCAAAT
CTTCTCTCAGCTACTAAAGACTCTCTGTATAAGCAGGGTGTGTTTTACTTTCCTCTTTATTG
TGTTTAC

> **spo0J**

Function: protein coding sequence; chromosome partitioning protein (core genome, variable)

Best match: spo0J_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[387877:388722] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 63574 ... 64420; Length: 846 bp

Sequence:

GTGAGTGAATTGTCAAAAAGTGAAGATCAACGTATTACTAAAACAAAAGATGAACAAAT
TAAGCAAATAGATATATCGGATATCAAACCGAATCCGTATCAGCCCCGAAAAACTTTCGA
TGAAAATCATTAAATGATTTGGCAGATTCAATTAAGCAATATGGAATTTTGAACCAAT
TGTGCTTAGAAAAACAGTTC AAGGTTATTACATTGTAGTTGGTGAAGAAGGTTTAGAGC
TTCGAAAATTGCTGGTCTAAAATACGTATCAGCGATTATCAAAGATTTAACAGATGAAGA
TATGATGGAACCTGGCGGTCATCGAAAATTTACAACGAGAAGACTTAAATGCGATTGAAG
AAGCTGAAAGTTATCAACGTTTGATGACAGATTTGAAAATTACACAACAAGAAGTAGCG
AAGCGATTGAGTAAGTCGCGCCCGTATATAGCGAATATGTTGAGGTTATTACATTTGCCG
AAAAAGATTGCTGACATGGTAAAAGATGGGCGACTGACAAGTGCACATGGACGAACGTT
ATTGGCAATTAAGATGAACAACAATGCTTAGGTTAGCGAAACGGGTTGTTAAAGAAA
AGTGGAGTGTTAGATATTTAGAAAACCATGTTAATGAATTAATAAATGTTTCGTCAAAGT
CGGAAACAGACAAAGTAGATATAACTAAGCCTAAATTTATAAAGCAACAAGAACGACAG
TTGCGAGAACAGTATGGTACCAAAGTAGATATATCAATAAAAAAATCGGTTGGTAAAAT
CTCATTTGAGTTTGATTCACAAGAAGATTTTCTAAGAATAATTGAACAATTAATCGTAG
GTATGGTAAATAG

> **engD**

Function: protein coding sequence; GTP-dependent nucleic acid-binding protein EngD (core genome, constant)

Best match: engD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[390005:391102]

Position: 009-contig_245_RC: 65702 ... 66800; Length: 1098 bp

Sequence:

ATGGCTTTAACAGCAGGTATCGTTGGATTGCCAAACGTTGGTAAATCAACATTATTTAAT
GCAATAACAAAAGCAGGTGCTTTAGCAGCGAACTATCCATTCGCTACGATTGATCCTAAT
GTAGGGATAGTAGAAGTGCCAGATGCTAGATTACTTAAATTAGAAGAAATGGTTCAACCT
AAAAAGACATTGCCGACTACATTTGAATTTACAGATATCGCTGGTATTGTGAAAGGTGCT
TCAAAGGGAGAAGGGTTAGGTAATAAATTCTTATCACATATTAGAGAAGTAGATGCGATT
TGTCAGGTCGTTTCGTGCATTTGATGATGATAACGTAACCTCATGTTGCTGGTCGAGTAGACC
CTATTGATGATATTGAAGTTATTAATATGGAATTAGTACTAGCGGACTTAGAATCTGTTGA
GAAACGTTTGCCTAGAATTGAAAAATTAGCACGTCAAAAAGATAAGACTGCTGAAATGG
AAGTACGTATTTTAACTATTAAGAAGCTTTAGAAAATGGTAAACCCGCTCGTAGTA
TTGACTTTAATGAAGAAGATCAAAAATGGGTGAATCAAGCGCAATTACTGACTTCTAAAA
AAATGCTTTATATCGCTAATGTTGGTGAAGATGAAATTTGGTGATGATGATAATGATAAAG
TAAAAGCGATTCGTGAATATGCAGCGCAAGAAGACTCTGAAGTGATTGTTATTAGTGCAA
AAATTGAAGAAGAAATTGCTACATTAGATGATGAAGATAAAGAAATGTTCTTAGAAGAT
TTAGGTATCGAAGAACCAGGATTAGATCGATTAATTAGAACAACCTTATGAATTATTAGGA
TTATCAACATATTTTACTGCTGGTGTGCAAGAAGTACGTGCTTGGACATTTAAACAAGGT
ATGACTGCACCTCAATGTGCTGGTATCATTACTGATTTTGAACGTGGATTTATCCGTG
CCGAAGTAACAAGTTATGACGACTATGTAATAATATGGTGGCGAAAGTGGCGCTAAAGAA
GCGGGCAGACAACGATTAGAAGGTAAAGAATATATTATGCAAGATGGCGATATCGTTCA
TTTCAGATTTAATGTATAA

> **rpsF**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S6 (core genome, constant)

Best match: rpsF_CC008-ST72_21259_AFTS01000010.1[98755:99033:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 67338 ... 67617; Length: 279 bp

Sequence:

ATGTACATCGTACGCCCAAACATTGAGGAAGATGCTAAAAAAGCGTTAGTTGAACGTTTC
AACGGCATCTTAGCTACTGAAGGTGCAGAAGTTTTAGAAGCAAAGACTGGGGTAAACG
TCGCCTAGCTTATGAAATCAATGATTTCAAAGATGGCTTCTACAACATCGTACGTGTTAA
ATCTGATAACAACAAAGCTACTGACGAATTCCAGCGTCTAGCTAAAATCAGTGACGATAT
CATTCGTTACATGGTTATTCGTGAAGACGAAGACAAGTAA

> **ssb**

Function: protein coding sequence; single-stranded DNA-binding protein/chromosomal (core genome, constant)

Best match: ssb_CC008-ST72_21259_AFTS01000010.1[98231:98734:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 67637 ... 68141; Length: 504 bp

Sequence:

ATGCTAAATAGAGTTGTATTAGTAGGTCGTTTAACGAAAGATCCGGAATACAGAACCACT
CCCTCAGGTGTGAGTGTAGCGACATTCCTTGCAGTAAATCGTACGTTACGAATGCT
CAAGGGGAGCGCGAAGCAGATTTTATTAAGTGTGTTGTTTTTAGAAGACAAGCAGATAAT
GTAAATAACTATTTATCTAAAGGTAGTTTAGCTGGTGTAGATGGTCGCTTACAATCCCGTA
ATTATGAAAATCAAGAAGGTCGTCGTGTTTGTACTGAAGTTGTATGTGATAGCGTTC
AATTCCTTGAACCTAAAAATGCGCAACAAAATGGTGGCCAACGTCAACAAAATGAATTCC
AAGATTACGGTCAAGGATTCGGTGGTCAACAATCAGGACAAAACAATTTCGTACAATAATT
CATCAAACACGAAACAATCTGATAATCCATTTGCAAATGCAAACGGACCGATTGATATAA
GTGATGATGACTTACCATTCTAA

> **rpsR**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S18 (core genome, constant)

Best match: rpsR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[392495:392737] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 68192 ... 68435; Length: 243 bp

Sequence:

ATGGCAGGTGGACCAAGAAGAGGCGGACGTCGTCGTAAAAAAGTATGCTATTTACACAGC
AAATGGTATTACACATATCGACTACAAAGACACTGAATTATTAACGTTTTATCTCAGA
ACGCGGTAAAATTTTACCACGTCGTGTAAGTACTTTCAGCTAAATATCAACGTATGTT
GACTACAGCTATCAAACGTTCTCGTCATATGGCATTATTACCATATGTTAAAGAAGAACA
ATAA

> **txbi_rpsR**

Function: bidirectional rho-independent terminator of rpsR

Best match: txbi_rpsR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[392742:392795] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 68439 ... 68493; Length: 54 bp

Sequence:

TAATTTATTGTCAAACCCCGTAGGCATAGGCTTACGGGGCTTTTTGTGTTTTGG

> **txbi_Q1XZL6**

Function: bidirectional rho-independent terminator of Q1XZL6 (genomic island)

Best match: txbi_Q1XZL6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[392889:392950] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 68586 ... 68648; Length: 62 bp

Sequence:

AGATGCATAAAAAAAGAACTACGCATTTTAAATAAAAATGCATAGCTCTTCTTTTTCTTGC
AT

> **Q1XZL6**

Function: protein coding sequence; Abi-like protein (genomic island)

Best match: Q1XZL6_CC005_A6300_ACKF01000002.1[51616:52554:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 68700 ... 69639; Length: 939 bp

Sequence:

TTATACTTTTGGTCTGTTGAAGTCAATAATTTTATCTAAAGCTATAAAAAATCTTTTGATA
GCTAATGCATTATTATAATAGCTTTCGTTTCTTTTATATCGCTTTTGAAGTTGGTCCAAATC
GTGATATCTTGCTGGATAATTGCATTACTACAACTTGATTATGTAATTCTAGCGTAGCG
AAAGTATCTATGAAATTTTTTATTCCGAACATGTTTCTAGATATGCCTATATTATCCCTTT
TTCAAATAAATATTGAGGAGATCTACTGTCATAATTTAGATTTGCTATGATGGGTTGGTTA
TGAGCTGATTTGTTTCTTATATTTTTAACTAAAGGCATTAATAATTAGCAACTCTCAATT
CTTCGTCATTGTACTTCTTGTAATAGAAGTTGAGAAACGAAACGAATTGACCTAGTTGCA
TGAATTC AATGCAAACCTCATGCGGGTGGATTTTGATAGTATTTATTCAACTTCTCGGGTAG
TTGTCCTCGTTTATTCATATGCTTGAATATTTTCGTTTATTTTTGATTTTGGTTCCATAAC
TTCTTCTGGTGTCTTGAATTTGTGTCAAATTTGAATTGCTATATGATTTATCAATACATA
AGA ACTCATCTATTATTTATAACCATCTTCTTGGTTATTTCTGTTATTAGTTTTAAGACT
AGACACTTTAACTATGTTCAATATCTAAAGTTAAATGCAACATTGTGTATCTTAATTTCA
TATCTATAGTTGCTAAATCTGATAAATAAGCAAATTCTATGAAATAGCCGCCATTCTTTTT
TTCGAAATTTTTTCGGAAATAAGCTAGTTTGAAGAAGTAATTATTTTTTCTAAGAATTTCA
TTTGCTTTTTTCGGTGTCAATAATATTA AAAAATATATTCATCTGTTTTAATTTTCGCTATTTG
CTCATCAAAATTGAGCAT

> **int5-setC**

Function: protein coding sequence; (mobile element)

Best match: int5-setC-COL_trunc_CC008_NCTC8325_CP000253.1[362987:363688:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 69677 ... 70379; Length: 702 bp

Sequence:

TAACTCCCAATCGTTCAAATTTATTCATCATATCTTTCGCCATCTGATTAGTAACATGT
GTGTATATCTCTAGATTTTTTTTATAATCTGAATGACCTACATGCTCTTGCATTGCTTTTAA
GTTAATTCCTAATTGAGCAAGTGTAGATATATGCGAATGATGTAATGTATGCGTCGTTAT
AGGTTTCTTAATAGA ACTAATATCAGCGCCCCCTTAAATAATGTGGCTAATTTTGTTCGA
GTCGATAGGGCTACCAGCCGTATTTGTGAATATGTACTCTCTATCAATAAACTTATCATTC
CAAGCATAAGTGTCTTAGTAAGTCGATGCTTTGGGTAGTGAGCCCTATGGCCTTATAGCT
ATTACTTCTTTCAGTTGTCTCTTTACTCCGAATGCTCCCGTCTTTTTTTCAGTTATCCAATT
AATTGTACCATCGATATCTAGCGTTTTATCTTCATAGTTTATATTTTCTCTTTTATTGCAA
GTAGCTCACCGATACGCATGTCATTAGCAATTTGAAACTGTACCATAGCTTTTACCATTTT
ATAATTACGTTTTGTGCTTGGATATTTTTTATACTTAATTACATAGTCGAAACAATCCAGTA
ACTCCTTATCTTCATTATCTTCTAAAGTGTATTACGTTTAGCTAGTAACGCATCACTATA
GGGATATCTATTTTATCTATTACACATAT

> **setC**

Function: protein coding sequence; staph enterotoxin-like toxin X (genomic island)

Best match: setC_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[40087:40698:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 70584 ... 71196; Length: 612 bp

Sequence:

ATGTTCAAAAAACATCATTCTAAAAATTCAATTGTATTA A AATCTATTCTATCGCTAGGTA
TCATCTATGGGGGAACATTTGGAATATATCCAAAAGGAGACGCGTCAACACAAAATTCCT
CAAGTGTA CAAGATAAACAATTC AAAAAGTTGAAGAAGTACCAAATAATTTCAGAAAAA
GCTTTGGTTAAAAAACTTTACGATAGATACAGCCAAAATACAATAAACGGAAAATCTAAT
AAATCTAGGAATTGGGTTTATTCAGAGAGACCTTTAAATGAAAATCAAGTTCGCATACAT
TTAGAAGGTACATACACAGTTGCTGGCAGAGTGTATACACCTAAGAGGAACATTACTCTT
AATAAAGAAGTTGTCACTTTAAAAGAATTGGATCATATCATAAGATTTGCTCATATTTCTT
ATGGCTTATATATGGGAGAACATTTGCCTAAAGGTAACATCGTCATAAATACAAAAGATG
GCGGTAAATATACATTAGAGTCGCATAAAGAGCTACAAAAGATAGGGAAAATGTAGAA
ATTAATACTGATGATATAAAAAATGTAACTTTCGAACTTGTGAAAAGTGTTAATGACATT
GAACAAGTTTGA

> **tx_setC**

Function: rho-independent terminator of setC (genomic island)

Best match: tx_setC_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[39995:40056:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 71226 ... 71288; Length: 62 bp

Sequence:

TATCGCTAATACTTTGAAAGTTAGGTATCCGAAGATGCCTAACTTTCTTTGTTATGATTAG
C

> Q2G106

Function: protein coding sequence; putative exported protein (core genome, variable)

Best match: Q2G106_CC080_11819-97_CP003194.1[407424:407792]

Position: 009-contig_245_RC: 71564 ... 71933; Length: 369 bp

Sequence:

TTGAAAACGATTTTAAAAACAATAACATATCTTGCCTTACTATCATTGGCGCTTATGCTG
CTTTATTCATTTTAAAAACAATAGACTCTCATGGTATAACAGATCAATTTAACCCATTAGT
AAAGGAAGATGATTCTTATGTTAAAACGACAGAGGTGTCTACTAGAATGGATGATCAACT
CCGAAGTTATACTCAAAGTGCTTTTAAATAAAGAAGGGAAAGAAACGCAATTAATGTATAC
TGCTACATTTGATGTTAAACCGCATAGATACTTGAAAATTACACATAAAGGTCATCATGT
AGAAACTTTTGAAGAAGTTGAAAAGGAAGAAGTACCTAAAAAAGCATTAGACAAACTGA
GTCGATAA

> Q1Y9M1

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q1Y9M1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[396429:397001]

Position: 009-contig_245_RC: 72113 ... 72686; Length: 573 bp

Sequence:

ATGAAATTTAAAATCATTAGCAGTGTTATCAATGTCAGCGGTGGTGCTTACTGCATGTGGC
AATGATACTCCAAAAGATGAAACAAAATCAACAGAGTCAAATACTAATCAAGACACTAA
TACAACAAAAGATGTTATTTCTTTAAAAGATGTTAAAACAAGCCCAGAAGATGCTGTGAA
AAAAGCTGAAGAACTTACAAAGGCCAAAAGTTGAAAGGAATTTCAATTTGAAAATTCTA
ATGGTGAATGGGCTTATAAAGTGACGCAACAAAATCTGGTGAAGAGTCAGAAGTACTT
GTTGCTGATAAAAATAAAAAAGTGATTAATAAAAAGACTGAAAAAGAAGATACAGTGAA
TGAAAATGATAACTTTAAATATAGCGATGCTATAGATTACAAAAAAGCCATTAAGAAG
GACAAAAAGAATTTGATGGTGATATTAAGAATGGTCACTTGAAAAAGATGATGGCAA
CTTGTTTACAATATCGATTTGAAAAAAGGTAATAAAAAACAAGAAGTTACTGTTGATGCT
AAGAACGGTAAAGTATTAAGAGTGAGCAAGATCACTAA

> Q5HIS2

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HIS2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[366133:366396:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 72823 ... 73087; Length: 264 bp

Sequence:

CTATTTATCCATGCGAATATCGACTTCTTCTAAATGTTTCTGATATTCTTTAACCTTACTTT
CTAAAAACATTTTCATATGGTGCATCAAAGAAGTCAGCTAAATGCATGGCATCTTTAAATT
TAGGTTTCATGGTGATGATTCTCCATTCCCAAATTTGATGTGCTTCATATTTAGTACCATA
TTTCTCATTTAATTGCTGTGCTAATTCGTCAATTTCTAAATTATGTTTAGTTCGTAAGTTAT
ATAAAATATGCATATTCAT

> Q7A7J4

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q7A7J4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[398373:398954]

Position: 009-contig_245_RC: 74060 ... 74642; Length: 582 bp

Sequence:

ATGACGATTTATTTAGTTAGACATGGCGAATCAAAAATCGAATTATGATAATAAACATTTT
AGATCTTATTTTTGTGGACAATTAGATGTGCCGTTAACGGATACTGGCACAAAAAGTGCG
GACGATTTATGTGATTATTTTAAAGAGAAACAGATTAAACATGTATATGTTTCAGACTTAT
TAAGAACACAGCAAACGTTTGAACATATTTTTCCATATGACATTGCATCAACGACTACGC
CTCTATTAAGAGAACGTTCACTTGGCGTATTTGAGGGTGAATATAAAGATGAAATCAGTG

CGAATCCGAAATATGAAAAATATTTCAATGATTCAAACCTTTAAAGACTTTCGTCATAGTTT
TTCACAAAAAGCGCCTGAAGGAGAAAGTTATGAAGATGTATATCAACGCGTAGAACATT
TTATGAATCATGTTGTCAATGAAGATACACAAAAAGATGATATTGTCATTGTTGCACATC
AAGTTGTCATTTCGTTGTTAATGGTTTATTTTAATAACGTTTCACGGGAAGAAGCTGTGGA
TTTAAAAGTTGAAAATTGCAAACCATATATCATTGAATAG

> **A5IPV8**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, constant)

Best match: A5IPV8_CC008_NCTC8325_CP000253.1[368658:369284:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 75346 ... 75973; Length: 627 bp

Sequence:

TTATTTATCGATAACATCACTCTTGATACCTTTAGATTTTAAGAAATCTTTAATTTTATCTT
GTTGCTTTTTATTAACATCACCGGCATATTTTGTGTCACGTCGACAACATTGATTTTATTT
TGCGGTTGATAGCTAAGCTTTTCAATATCTTCATCAACATTGGCGATTGTAATTTAAAG
CTTTGAAGTAATTCATCATTAAATTCAACGGGTTTCTTATATTCTTTAGGAATATTGTTTTCA
GTGACAAATTTCTTGAAATGCAAATCGTTTTTAACAGCTAAGTTAGATAAGTGGCTAAGT
GTTTCTGCTTGTTTTTCAGTCACTTTTGTGTTGACTGTCAATTTGTTTATCTAGTTTATGTTGC
ATAATATATTTGTTATCAAGTATATCGCTATTTACAGACAAATACTTTTCTATAGCTTGCT
TCATCTCTGCATCACTAATATCACTATTTTTCTTATCTGAGTTAAAGATATCTTTTGTCT
AATTTTTAGCGCTTTTAGGTGCATGGATGCCAGTACTTGTATGATGATCTTCGTTATCAG
ATTGATCGGACGCGCAACCTGTAAGAATTAATGTTCGATGCTAAAAATGTACTTAGTAGTA
ATCTCTTTTTCAT

> **ahpF**

Function: protein coding sequence; alkyl hydroperoxide reductase subunit F (core genome, constant)

Best match: ahpF_CC001_MSSA476_BX571857.1[400727:402250:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 76417 ... 77941; Length: 1524 bp

Sequence:

TTAGTTTCTGATAATATAGTCAAAGGCATTTAATGCTGCATTTGCACCAGCGCCCATTGAA
ATAATAATTTGTTTGTCTTCTGATCTGTGACATCGCCAGCAGCAAATATTCCAGGTACGT
CAGTATTATTGTTACGATCAATAACAATTTACCACGTTTCGTTTAATTCAACAGCATCTTT
TAACCATGATGTGTTTGGAAAGTAAACCAATTTGAACAAAGATACCATCTAAGTTAAGTAG
ATGTTCTTCGCCGGTGCTCATGTCTTCGTAACGTATAACCTGTAACATGGTCTTCTCCGACA
ACTTCAGTAGTTTTGGCATTTGTTTTGATATCAACATTTGATAAAGAACGTAAACGATCTT
GTAACACGTTGTCTGCTTTTAATTCGCTAGCGAATTCGAATAATGTAACATGATTAACGAT
ACCAGCAAGGTCAATTGCTGCTTCAACCCAGAGTTACCGCCACCGATAACTGCTACGTC
TTTATTTTCAAATAGAGGTCCGTCACAGTGAGGGCAGAATGCAACACCTTTATTAATCAA
TTGCTCTTCACCTGGAATGTTTAGCTTACGCCAACCTGCACCAGTAGCAATAATGACTGTT
TTACTTTCTAAGACAGCACCGTTTTCTAACGTAACCTTTAATTGCTTCGTCAGTCTTTTCGAT
ATCTGTAGCACGTATACCTGTCATTGCATCAATGTCATATTGATCAATGTGCGCTGCTAAG
TTAGAAGAAAATTCAGAACCAGTTGTTTCTTTAACAGTAATGAAGTTCTCAATACCAGCA
GTATCATTAACCTTGGCCACCGATACGATCAGCAACTATACCAGTACGTAAACCTTTACGT
GCTGTGTAATCGCTGCACTACCACTAGCAGGACCACCACCAACGATTAAGACATCATAA
GGTTCTTTATTTCAAACCTCAGATGCATCTGCCGTAAGTTCGAAAGAATATCTT
GGATTGTCATACGACCATTGCCAAATCTTCGCCGTTTAAAAAGACAGCAGGGACTGCCA
TGATGTTTTTACGATTCTTCACGGAACACTGCACCATCAATCATAGAATGCGTGATGTTAG
GGTTGATCACACTCATTAAAGTTAAGTGCTTGAACGACATCAGGACATTTTTGACACGTTA
AACTAATGAATGTTTCAAATGGAATGAACCTTCTAAGTTTTTAATTTGGTCAATAATTGA
CTGTTTTTCTTTAGGTGCACGACCACTAACCTGTAAAATTGCTAAAACAAGTGAGTTAAA
CTCGTGACCTAATGGAATTCCTGCAAATGTTACACCTGTTTCTTCGCCAGGACGGTTGACT
GAGAAACTTGGTGTACGTTTTAAAGACTTTTCAGAAAGTGAAAGTCTAGGTGACATATCA
GAAATTTCTGTTAATAATTTCTTTGAGTTCCTTAGATTTTTTCATCTGAACCAAGGCTGGCAA
CGAATTCACGTTGCCCTCCATTAGTTCTAATAATTGTTTAAAGTTGTTGTTTTAAATCAGC
ATTAAGCAT

> **ahpC**

Function: protein coding sequence; alkyl hydroperoxide reductase subunit C (core genome, constant)

Best match: ahpC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[403621:404190:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 77956 ... 78526; Length: 570 bp

Sequence:

```
TTAGATTTTACCTACTAAATCTAAACCAGGTTGCAATGTTTTAGCGCCTTCTTCCCATTTA
GCTGGGCATACTTCGCCAGGGTTTTTACGAACATATTGAGCTGCTTTGATTTTGTGAGCTA
ATGTACTAGCGTCACGGCCAATTCCGTCAGCGTTAATTTTCAGATGCTTGTACAACACCGTC
TGGGTCGATAATGAATGTACCACGTTGAGCTAAACCAGTAGCTTCATCTAATACATCAAA
ATTACGAGTGATTGTTTGTGATGGGTCACCAATCATAGTGTAAAGTGATTTTGCTAATTGCA
TCTGAATGGTCATGCCATGCTTTGTGTACGAAGTGAGTATCAGTTGATACTGAGAATACA
TTTACGCCTAATTTTTGTAATTCCTTCATATTGGTTTTGTAAAGTCTTCTAATTCAGTTGGACA
AACGAATGAGAAGTCAGCAGGATAGAAGCATACTACGCTCCAAGAACCTTTTAAATCTTC
TTGTGTAACCTCTTAAATTGATCTTTTTTTGGATCGAAAGCTTGCGCTGTAAATGGTAAG
ATTTCTTTGTTAATTAATGACAT
```

> **nfrA**

Function: protein coding sequence; NADPH-dependent oxidoreductase (core genome, constant)

Best match: nfrA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[372329:373084] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 79017 ... 79773; Length: 756 bp

Sequence:

```
GTGTCAGAACATGTATATAATCTTGTGAAAAAGCATCATTCTGTTAGAAAATTTAAGAAT
AAACCTTTAAGTGAAGACGTTGTTAAGAAATTGGTAGAAGCTGGACAAAGCGCTTCGAC
GTCAAGTTTCTGCAAGCATACTCAATTATTGGTATCGACGATGAGAAGATTAAAGAAAA
TTTACGAGAAGTTTCTGGACAACCTTATGTTGTAGAAAATGGCTATTTATTCGTCTTTGTT
ATTGATTATTATCGTCATCATTAGTTGATCAACATGCTGAAACTGATATGGAAAATGCAT
ATGGTTCAACGGAAGGTTTGTAGTAGGTGCAATCGATGCAGCATTAGTTGCCGAAAATA
TTGCGGTAACGCTGAAGATATGGGGTATGGCATTGTCTTTTTAGGATCATTAAAGAAATG
ATGTTGAACGCGTTCGAGAAATTTAGACTTACCTGACTATGTCTTCCCGGTATTTGGTAT
GGCAGTAGGGGAACCCGCAGATGACGAAAATGGTGCAGCCAAGCCACGCTTACCATTTG
ACCATGTCTTCCATCATAATAAGTATCATGCTGATAAGGAAACACAGTATGCACAAATGG
CAGATTACGACCAGACAATCAGCGAGTACTATGATCAACGTACAAACGGGAATCGCAAA
GAAACATGGTTCGAGCAAATTGAGATGTTCTTAGGAAACAAAGCAAGATTAGATATGTT
AGAACAATTGCAAAAATCAGGCTTAATACAGCGATAG
```

> **A6TYN5**

Function: protein coding sequence; putative transporter (core genome, constant)

Best match: A6TYN5_CC008_NCTC8325_CP000253.1[373165:374553:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 79853 ... 81242; Length: 1389 bp

Sequence:

```
TTAGTGTGAAGTTAATGCAGCATTATCATTGAAATCGAAAGTATCTTTATCCCAATGTTTA
GTAACTTGGCGGTACCTGTACCAGCTAGCATTGAATCGTTCACGTTAATGCTGTTCTAC
CCATGTCAATCAATGGTTCAACGGAGATGAGCACGCCGGCTAAAGCGACTGGCAAGTTTA
ACGTTGACAACACCAATATGGATGCAAATGTAGCCCCGCCACCGACGCCAGCAACGCCG
AATGAACTAATAATCACGACAGCGATTAACGTTACAATAAATTGTAAATCAATTTCTACA
TTAGCGACGGGTGCGACCATAATTGCAAGCATGGCAGGGTAAATGCCTGCACAACCATTT
TGTTCAATCGACAATCCAAATGTCGCAGCGAAATTGGCAATACCTTCTGGCACGCCTAGA
CGTCTTGTGTTGTTGTACATTCAATGGTAAGGCACCCGCGCTTGAGCGTGATGTGAATG
CAAAGATTAATACTTCCAAAGTCTTTTTAACATAGCGAATTGGGCTAATACCTAACAGGC
TTAAAATAATTAAGTGAATGATATACATCGTAATTAATGCAGCGTACGATGCGATTAAGA
ATTTTCCTAAAGTCCAAATGGCGCCAAAGTCACTTGTGATAATGTGTTGGCCATAATTGC
TAATACACCGTATGGCGTTAAACGTAAGACGAACGTCACAATCGCCATTACTAGTGAATA
GATAGCGTCAATCGCACGCTTAAGCAATTCACCATGATCAGGTTGTTTGGCGTGCTACGCG
TAAATAAGCAAATCCTATAAACGAAGCAAATATCACGACAGCAATCGTGGAAGTTGCAC
GTTGTCCAGTGAATCTAAGAATGGATTTTTAGGCAATAATTCAAAATTTGTTGTGGTA
```

ACGTATGTGCTGTTAAATCTTTCGCTTGTTTAGCAATTTTCGCTTCCACGTGCTTGTTTCAGCG
TTACCAAGGTTAATTGTTGATGCATCTAAACCAAACACCAAGGCATACACAACACCAACA
ATCGCAGCAATGGTGACAGTGCCAATTA AAAAAGATAAAAATGAGACTACCAATTTTAGC
AAACTTTTCTCCGATTTGAATTTTAGTGAATGCAGCTACAATAGAAATGAAAATTAAGG
CATAACAATCATTGCAACAATGCAACGTAACCTTGCCGACAATGTTGAACCAGTCACT
TGTTGATGTAATAACATTCGAATGTGTGCCATAAATAAGATGCAATAACACACCGAATAC
TATACCAATCCCTAAAGCTGTAAACACACGTTTCGCAAAAGATATATGTTTTCGAGCCAT
CATGTGCAATATTACGATGAAAATCACCAATACAATAATATTAATCAGTGTAAGAAAAGC
ATTCAT

> **yflT**

Function: protein coding sequence; heat induced stress protein (core genome, variable)
Best match: yflT_CC008_NCTC8325_CP000253.1[377409:377816:r]RC (completely identical)
Position: 009-contig_245_RC: 84097 ... 84505; Length: 408 bp

Sequence:

CTAAGCTTTGGGACCTTTAGATGCTTCAGCAAAATGTGTAATATCAATCTCTTCATAAGCT
GAATTATTTTCATGCACTTCTTGATGTGATGATTTGTCACGAACCGCTACAACCTAACATTT
TATCGTCTAAAATAAGTTGTTTATATTTTCTAATTCATCAGGCGCTAAGTTGTAGCGTGA
TAAACTGCATGTTCCACCATCTTCTCCTGTTAACAGTTTAGTCATTCTATCACTAAATGTT
CCACTTGTTGAGATAAGGGAGATTTTCAGAGTCGTGTAAGTCATTTAGGTGTAATTTACTTT
TACTAATAATTGTTAGCTCTGATTCTAAATAACCTTCAGATTTCTTTTGATTGATTACGTTG
TATAATTCGCCAGTGTCATTTACTACAGTAATATCTGCCAT

> **RF00167**

Function: noncoding RNA purine riboswitch (core genome, constant)
Best match: RF00167_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[410546:410648] (completely identical)
Position: 009-contig_245_RC: 84684 ... 84787; Length: 103 bp

Sequence:

GTAAATAATTTACATAAACTCATATAATCTAAAGAATATGGCTTTAGAAGTTTCTACCAT
GTTGCCTTGAACGACATGACTATGAGTAACAACAATACTA

> **xpt**

Function: protein coding sequence; xanthine phosphoribosyltransferase (core genome, constant)
Best match: xpt_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[410879:411457]
Position: 009-contig_245_RC: 85017 ... 85596; Length: 579 bp

Sequence:

GTGGAGTTACTAGGACAAAAAGTAAAGGAAGACGGCGTTGTCATTGATGAGAAGATTTT
AAAAGTCGATGGATTTTAAATCATCAAATGATGCAAAGTTAATGAATGAAGTTGGTGC
CACTTTTTACGAGCAATTTAAAGATAAAGGGATTACTAAAATCTTAACCATTGAAGCTTC
CGGTATCGCACCTGCAATCATGGCTGCACTGCAATTTGATGTGCCATGTTTATTTGCGAAA
AAAGCAAACCTAGCACTTTGACGGATGGTTATTATGAAACATCTATTCATTCATTTACTA
AAAATAAAACAAGTACGGTCATTGTTTCAAAGAGTTTTTATCAGAAGAAGATACTGTAC
TTATCATCGATGACTTTGTAGCAAATGGTGTGCTTCATTAGGATTATACGATATCGCACA
GCAAGCGAATGCTAAGACAGCTGGTATTGGTATTGTTGTTGAAAAGAGTTTCCAAAATGG
GCATCAACGTTTAGAAGAAGCAGGTTTAAACAGTTTCTTCTCTCTGCAAGGTTGCTTCACTA
GAAGGAAACAAAGTGACATTGGTGGGAGAAGAATAA

> **pbuX**

Function: protein coding sequence; xanthine permease (core genome, constant)
Best match: pbuX_CC007_TCH959-USA300_AASB02000040.1[87381:88649]
Position: 009-contig_245_RC: 85595 ... 86864; Length: 1269 bp

Sequence:

ATGAAAATTTAATCCTAAGTGTTCAACATCTTTTAGCTATGTACGCAGGTGCTATCTTAG
TTCCAATCATTGTTGGTACAAGTTTGAAGTTTACACCTGAACAAATCGCTTACTTAGTTAC
AGTAGATATATTTATGTGTGGGGTTGCCACATTTTACAAGCCAATAAAGTAACAGGAAC

AGGATTACCAATCGTTCCTTGGATGTACATTCACGGCTGTTGCGCCCATGATTTTAATTGGT
CAAACGAAAGGAATAGATGTACTTTATGGTTCGCTATTTTTATCAGGGATATTAGTTATTA
TCATCGCGCCTTTCTTTTCACATCTTGTAATAATTCTTCCCACCAGTAGTAACGGGTAGTGT
TGTTACTATCATTGGTATCAATTTAATGCCAGTAGCAATGAATTACTTAGCTGGAGGTCAA
GGTGCAAAGGACTATGGAGATGTTAAGAACATTTTGTAGGTTAATGACATTAATCATT
ATTCTTGTTTTACAAAGATTCACAACCTGGATTTATTAAGAGTATTGCCATATTAATTGGAC
TCGTTTTAGGAACGATAGGTGCTGGCTTACTTGGGATGGTCGATATTAATCAAGTCAATC
ATGCCGGTTGGTTAGGCATCCCAGTGCCGTTTAGATTCTCAGGATTTAGCTTTGATGTGAC
ATCGACGTTAGTGTCTTTATTGTAGCTATCGTTAGTTAATTGAGTCGACAGGTGTCTAT
CATGCGTTAAGTGAAATTACCGGTAAGAAGTTAGAAAAGAAAAGATTTTCGTAAAGGTTAT
ACTGCGGAAGGTCTAGCGATAGTGTAGGTTCTATATTCAATTCATTTCCGTATACAGCCT
ATTCGCAAAATGTAGGACTTGTTTCTTTATCCGGCGCTAAGAAAAACAATGTTATATACG
GCATGGTCGTGTTACTTATATGTGGTTGTATACCTAAGCTTGGCGCATTAGCAAATAT
CATACCGCTACCTGTGTTAGGCGGTGCGATGATAGCTATGTTTGGCATGGTAATGGCATA
TGGTGTAGTATATTAGGACATATCGATTTTAAAAATCAAAAACAATTTATTAATTATCGCT
GTATCAGTAGGATTAGGTAAGGATAAGCGCTGTACCACAAGCATTAAAGGTTTAGGT
GAACAATTTGCATGGTTGACTCAAAACGGAATTGTTTTAGGCGCAATCTCTGCAATTATTC
TTAATTTCTTTTTAATGGAATAAAGTATAAACAAACGGAAGAAAATGTGAAATAA

> **guaB**

Function: protein coding sequence; inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: *guaB_CC009_21334_AGTW01000029.1*[87100:88566]

Position: 009-contig_245_RC: 86901 ... 88368; Length: 1467 bp

Sequence:

ATGTGGGAAAGTAAATTTGCAAAAGAATCATTAAACGTTTGATGATGTGTTATTAATTCCA
GCACAATCTGATATTTTACCGAAAGACGTTGATTTAAGCGTACAATTATCAGACAAAGTT
AAATTAATATTTCCAGTTATTTCTGCTGGTATGGATACTGTAAGTGAATCTAAAATGGCG
ATTGCTATGGCTCGTCAAGGTGGTTTAGGTGTTATTCATAAAAATATGGGCGTTGAAGAA
CAAGCGGACGAAGTTCAAAAAGTAAAACGCTCAGAAAATGGTGTCAATTTCAAACCCATTT
TTCTTAACGCCAGAAGAAAGCGTTTATGAAGCAGAAGCATTAAATGGGTAAATACCGTATT
TCAGGTGTACCAATTGTTGATAATAAAGAAGATCGCAACTTAGTAGGTATTTTAAACAAAC
CGTGACTIONCGTTTTATTGAAGACTTCTCGATTAAAATTGTAGATGTAATGACGCAAGAA
AATTTAATTACAGCTCCAGTGAATACAACACTTGAAGAAGCAGAAAAAATTCTCCAAA
ACATAAGATTGAAAAGTTACCATTAGTTAAAGACGGACGTCTAGAAGGTCTTATTACTAT
TAAAGATATTGAAAAGTTATCGAATTCCTAATGCAGCAAAAGATGAACATGGTCGTCT
ACTTGTAGCCGCAGCAATTGGTATTTCAAAGATACTGATATTCGTGCTCAAAAATTAGT
CGAAGCAGGTGTGGATGTCTTAGTTATCGATACAGCACATGGTCACTCTAAAGGCGTTAT
CGATCAAGTGAAACATATTAAGAAGACTTACCAGAAATCACATTAGTAGCTGGTAACGT
AGCAACTGCAGAAGCAACAAAAGATTTATTTGAAGCGGGTGCAGATATTGTTAAAGTTG
GTATTGGCCCAGGTTCAATTTGTACGACGCGTGTGTAGCAGGTGTTGGTGTACCACAAA
TTACAGCAATTTATGATTGTGCAACTGAAGCACGCAAACATGGTAAAGCTATCATTGCTG
ATGGCGGTATTAATTTCTCAGGAGATATCATTAAAGCATTAGCTGCTGGTGGACATGCGG
TTATGTTAGGTAGCTTATTAGCAGGTAAGTGAAGAAAGTCCAGGTGCTACAGAAATTTCC
AAGGTAGACAATACAAAGTATATCGCGGTATGGGTTCTTTAGGTGCGATGGAAAAAGGTT
CAAACGACCGTTACTTCCAAGAAGACAAAGCGCCTAAGAAATTTGTACCTGAAGGTATCG
AAGGACGTACAGCATATAAAGGTGCTTTACAAGATACAATTTACCAATTAATGGGCGGA
GTGCGTGCTGGTATGGGTTACTGGTTCACACGATTTAAGAGAATTACGCGAAGAAGCA
CAATTCACACGTATGGGTCCTGCTGGTTTAGCAGAAAGCCACCCACATAATTTCAAATT
ACGAAAGAATCACCGAACTACTCATTCTAA

> **guaA**

Function: protein coding sequence; GMP synthase glutamine-hydrolyzing (core genome, variable)

Best match: *guaA_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1*[21349:22890:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 88392 ... 89934; Length: 1542 bp

Sequence:

ATGGAAATGGCAAAAGAACAAGAGTTAATCCTTGTCTTAGACTTTGGTAGCCAATACAAC
CAATTAATTACACGCCGAATTCGTGAAATGGGCGTTTATAGTGAATTACACGATCATGAA
ATTTCAATTGAAGAAATTAAGAAAATGAATCCAAAAGGTATTATCTTATCAGGTGGTCCA
AATTCAGTTTATGAAGAAGGTTCAATTAACAATTGATCCGGAAATATATAATTTAGGAATT
CCAGTACTTGGTATTTGTTACGGCATGCAATTAATACTACTAAATTATTAGGTGGTAAAGTTG
AACGTGCCAATGAACGTGAATACGGTAAAGCAATCATTAATGCGAAGTCAGATGAGTTA
TTCGCTGGCTTACCAGCAGAACAACACTGTTTGGATGAGTCATTCTGATAAAGTTATTGAA
ATTCCAGAAGGCTTTGAAGTTATCGCTGATAGCCCAAGTACAGACTATGCAGCAATCGAA
GATAAGAAACGTCGCATTTATGGTGTTC AATTCCATCCAGAAGTACGTCATACAGAATAT
GGTAATGATTTATTAATAATTTTGTCCGTCGTGTTTGTGATTGTA AAGGTCAATGGACAA
TGGAAAAC TTTATCGAAATCGAAATTGAAAAGATTCGTCAACGAGTAGGAGACCGTCGT
GTATTATGTGCGATGAGTGGCGGCGTAGATTCACTCTGTTGTTGCTGTATTATTGCATAAAG
CAATTGGGGATCAACTAACATGTATCTTTGTAGACCATGGCTTACTTCGTAAAGGTGAAG
GCGACATGGTTATGGAACAATTCGGTGAAGGGTTCAACATGAATATTATTTCGTGTTAATG
CGAAAGATCGTTTTATGAATAAATTA AAGGTGTTTCAGATCCTGAACAAAAACGTAAAA
TCATTGGTAATGAATTTGTATATGTATTTGATGATGAAGCATCAAAACTGAAAGGTGTAG
ACTTCCTTGC CAAGGAACACTTTATACAGACGTTATCGAATCAGGTACCAAGACAGCAC
AAACAATCAAATCACATCACAATGTTGGTGGATTACCAGAAGACATGGAATTCGAATTA
TCGAACCAATCAATACATTGTTTAAAGATGAGGTACGTA AATTAGGTATTGAATTAGGTA
TTCCAGAACATTTAGTATGGAGACAACCATTCCCAGGACCTGGTCTTGGTATTCGTGTACT
TGGAGAAATTACTGAAGATAAACTAGAAATCGTTAGAGAATCAGACGCAATTTTACGCC
AAGTGATTAGAGAAGAAGGTCTTGAAAGAGAAATTTGGCAATACTTCACAGTGTTACCA
AACATTCAATCAGTAGGTGTTATGGGAGACTACCGTACGTATGATCACACAGTAGGTATC
CGTGCAGTAACATCTATCGACGGCATGACAAGTGATTTTGCACGCATCGATTGGGAAGTC
TTACAAAAGATTTCAAGTCGTATCGTAAACGAAGTAGACCACGTTAACCGCGTAGTCTAT
GACATTACATCAAAACCACCAAGCACAATTGAGTGGGAATAA

> attB_nySa2

Function: attachment site for int8-tetM (mobile element)

Best match: attB_nySa2_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[415744:415804:r]RC

Position: 009-contig_245_RC: 89882 ... 89943; Length: 61 bp

Sequence:

CGTAGTCTATGACATTACATCAA AACCAAGCACAATTGAGTGGGAATAATTATATAT
A

> tx_guaA_int7

Function: rho independent terminator of guaA

Best match: tx_guaA_int7_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000041.1[24733:24786:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 89938 ... 89992; Length: 54 bp

Sequence:

ATATAGCAAATGATAGGCTGGAGTTACCGT TACTATGCGGTTTCCAGCCTTTTT

> Q8NY68

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q8NY68_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[416307:417413] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 90445 ... 91552; Length: 1107 bp

Sequence:

ATGGATAAATCACTTGAAATTA ACTTAAAAGAATTAGAAGGCATAATGTATAAAGAAAA
AGTAATCGACGTTAAAGAGTATGATAATTTAAAAGTAACTTTTGAGACACTAAACGATGC
TCCTAAAAGTGAAATACCCACTCCCTTTACAATAGAACAAATGTTATATAAATTAGAAAC
TAAAATTTTATATTTTCTGAAATTAAGTCAAAGAAAAATGTGTGGAGCTTTTACATAG
TGTTGGCTATTATAATTTGAAGCATTTTATGTATAATGAATTTGGTAAAGATGAGCCGAA
AAATTTTGATGAAGTATATACTTTATAAATTTGATAGATATTTATTGAAACAATTATTT

AGTTTAGTAAATATGTTGGAACTCATATAAGAAATATTATTTTAGAAGTATATATGTTA
GAAATTGAGTATAATAACAAGCCTTCGACACTGTTCTATTTAGATAAAGATTTATATTTTG
AGAAAGTTAATGATGAGTATAAATATTCTGCCAAAAAGCTAAAAGAGTTCAATAGGTTAC
AAAATGTTTTTTGGAGAGCTATAGAAAAAAGAAAAGTAACGATAACGTTAAACATAAT
ATTAATAAATAACAATATTATACCAGCTTGGGTTTTATTCCAAAATTTTAGTTTTGGAGATT
TGTCTACTTTTTATAGAACTACATTACCAACTTATAGAAATAAAGTAAGTAAGCGAATTG
AAAATTTAATAGAAAAAATACTGGTATAAGCATAAAACCTCCAGAAAAGTTATTGTGTG
CATGGTTGAATAGTATCAGGTTTTTGAGAAATAGAATAGCTCACACAGATATAATTTATG
GAATTAATTTTACAAACACCTGTGCAAAACATCATAGTGATGAGGAAATGTATGTAAATA
TAGAAAAGTATAAATATCAGCAAAGGTTAGTTACATTTTTATTAGCTATGAAGAAAATAT
TTATGAGTATGCCAGAAAATAATATTATTGAATGGAATGAGACTCTAACTAAGATAGAGA
ATAAATGTTTCAGAACATAACTTTATTAACCTTTCTAGGTTAGGAGTTATTGAAAATAACCT
TTCTTACTTTAAAATAACTAAATAA

> Q6GC78

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GC78_CC009_21334_AGTW01000029.1[92374:92766:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 92176 ... 92569; Length: 393 bp

Sequence:

TTAAAAATCTATACTATTTATATTGAAATTTTTATTTATGGTTATGCCATAACTACTTTGTA
TTCCGGTACTAACTTTGCAATATTGGGTAATAGTTATTAGCGAAACCAATAATAATGG
AATTAATCACATTGATACTAAGTTCTTTATCTTCAGGTAATGCATTTTCTATTATTTTGATT
AAGTCTATATATTTTTATTTTCATCAGAATTTTTATGTGCTAAATACTTCATAAAATCAGTTT
GCACTTTTTCGAAAACGCTATATCTTAAGTCCATTTGTACAAATATTAAGCTGACAGTTTT
AGTTTCGAATTGACTTTGACCCAAAACCTGAAGCAAGTTCTTCTATTGATTGATATAGCAAT
CTGATATCGCCGCTATCTTCAAGCAT

> Q6GC73

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q6GC73_CC009_21334_AGTW01000029.1[93820:94242:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 93621 ... 94044; Length: 423 bp

Sequence:

TTAGTTAATATATTTAATTGCTAACTTATTATTAGGGTCTCTTTCAAGAATTTTTATTTGCGA
CCAATTGAATATTCTCATGTGAAATCATATCAAAGTCTGGTTCTCCAAGGATTTCTAAAAA
TTCGTATAATAAATTAGCATTATTAATTGCGAAATCTCTAACGATTGCCAATAATGATA
GTATGCTAAATCATAGGCATTATCTATGTAATTGAAATGAAAGTGATAGATGCTTGCGAC
CATTTCATGATATTCAATTGTATTTATTTGATTTCGCAAGATTTGATAAATATGATACTAAT
TTTTCATCTGAAATTTTCGTTTCGACATAAAGTATGTTAGAATATTCTCCATATCTTTATTCTC
TAACATATTTTTAATTCAGTTGGTAATAAATTTAATAGAATGTTAACGCTTTTCAT

> Q8NY63

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q8NY63_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[419858:420190] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 97533 ... 97866; Length: 333 bp

Sequence:

GTGGCAACACTAAAAGATGTAAAGACTGGTAAAAAGGAAATTTTGCCATCAACTGCAAA
AGATAAAAATGGTAAAAATGTTACGTTAATTTATTTTGAAAAAGACGGTAAATTAGGTTT
TTATGTGCAGAAAACACAAAAAGAACGTGGAGTAGGGAAATGCGTTTCTGGTATAGCGG
GTGGCGCAGTGACAGGAGGCACTACTTTAGGTCTTGCAGGTGCAGGAGTAGGAACAGTT
ACTATTCCAGTAATTGGGACAGTTAGTGGAGGCGTAGTTGGAGCTGTTGGTGGTGTCTGC
GGCGGTGGTCTAACCGGTGGAGCCACATTCTGCTAA

> Q2YVN4

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q2YVN4_CC008-ST72_21259_AFTS01000010.1[65761:66347]RC

Position: 009-contig_245_RC: 98465 ... 99052; Length: 587 bp

Sequence:

```
TTACTTAAGCTTGTA AAAATGCGGAAATAAGTTTTCTTTTTAGTTATTTTTCTTGGTATA
TTTTAAATCCACAATTATTGCAATAAAAATTCTTTCAAATTCTTATTATCATACCAATCAAC
ACAAACATGTCTTAGTGCAGTACGATCATAAATTCAGAAGCAATAGATAAGGCATAGTC
CATTACAATTTCTCCTGGTATATGCTTTTTGTGTTATCGCTCCTACCTAATTTAGTTATTA
ATAATGCTTGAAATTCTCCATTCTTTTTAGCATCAGACGAGATTTTTCTTTTTTCGTTTTTC
CACTAACGTCTTTTTCAAGCTTTATATTTACAATTTTTAAGAAGAAGTATCCCATTATTTTC
AAGGTCTGATTTATCTATAATTAATACGTACGTAAGGAATTTTGATCGTTCATTGTTATT
GCTTTATGTTTTAGGGAATGTGCTATTGAAGGGTTAAAGATGTTTGAAATGTCTTGGTTT
CTTGACTTATATAGTTATGAAAGAGGGCGTTGTCCTTTATAGCATTCTGAGATTAGAAAT
GCTATAAATAAAGTGATTAAGATTTTTTGTTCAT
```

> Q5HIQ1

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q5HIQ1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[386599:386958:r]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 99708 ... 100068; Length: 360 bp

Sequence:

```
TTACCAAAGCATTGATATGAGTGCCAATACTGGCAATGTGCCTTGTTTGAAAAAGATACT
AATATTGCTTGAAAGGCCACCATAAATAGCAACGCCAATGATATACCTAAAATAGCTGC
GCATATTTCTTTGGATTACTGCTGATAAACAACCGTATATTAGCAAACTCCGATTAAA
CCGTTATATACGCCTTGGTTCTTCAAAGTAGGTTAATATTTTTGTCTTTCAATTTATCGAC
GCTTATATTAATGTCTCGCTAGTCTTTTTGGAAGTTGTAGCAATCGTTTCAAGGTACATA
ATATAGAAAACTCTAATGCCACAAATATGATTA AAAATTGTTGAGATGATATTCAC
```

> Q2G0Y0

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2G0Y0_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[10351:11196]RC (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 100086 ... 100932; Length: 846 bp

Sequence:

```
TTAAATATTTTCTTGTA AAAAATGATTGCAGTGTCTGTGGTTGATCATTGACTAATTGTTGG
AAATCATTGGATTCTTGGTCTAATAGTCCTCTTGCTCCTGCGTCGTACATTGATGCCAATA
ATGCACCAAAGCCTTTAGGTTTCATCGTACATTTCTGCAAATGTCTCTAATGAAACGGGCTC
ATATTTAATTTCTGTGCCTGATGCCTCAGATAAAAATTGCAGCAAGTTCTTTCATATCATAA
CTGTAGCCTGATAATAAGTAGCGTTTGCCCCAAGTATCTGGATTTTTAATAATAGCAATG
ACACCTCTAGCAATATCATTCTAGTAATATAATTAATACGACCATCGCCAGCTGGATAA
ATCAGTTTATGCATATTCATCAATTCTGGTAAATATGGTTTAAGTGGATCCATGTACATTG
CCATTCTTACATACGTATAGTCAATGCCACTTGTTGCCAATAGACGTGCTGCATAACCAA
AATAAGGACTCATATGGAATGGATTATTATGCTGATCTGCGTAATAACCTATGAAAATGA
TATGAGCAACGCCGCTCTGCTTTGCCGCATATACTAAATTTTCCACTTCAGGAATACGTTT
GAATGATGGATGGATAATACTTGAATAAACACAACGGTATCCATTCTTTAAATGCTTC
TACCATGCTTTCTTGATTA AAAATAATCTAATTGTCGAACAGGAACTTTTCCGCGCCAATCT
TCTGGA ACTTTCTCAACATTTCTAACACCAATGTGAAAATGATCTATGTGATTTGCAATGG
CTTGATTTGTAATATGTGTGCCTAAATGACCTGTAGCACCTGTTAACATAATATTCAT
```

> ssl01

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 1 (genomic island)

Best match: ssl01-COL_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[9199:9879:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 101403 ... 102084; Length: 681 bp

Sequence:

```
ATGAAATTTAAAGCGATAGCAAAGCAAGTTTAGCATTGGGAATGTTAGCAACAGGTGT
AATTACATCGAATGTACAATCAGTACAAGCGAAAGCAGAAGTTAAACAACAAAGTGAAT
CAGAGTTAAAACACTATTATAATAAACCAATTTTAGAGCGTAAAAATGTGACTGGATTTA
AATATACTGATGAGGGTAAACACTATTTAGAAGTCACAGTAGGGCAACAGCATTCTCGAA
```

TCACCTTACTTGGATCTGATAAAGATAAATTTAAAGACGGAGAAAACCTCAAATATAGATG
TGTTTATCCTTAGAGAAGGTGACAGTAGACAAGCAACAAATTACTCAATTGGTGGCGTTA
CAAATCAAATAGTGTGCAGTATATTGATTATATCAATACGCCAATTTTAGAAATCAAGA
AAGATAATGAAGATGTACTTAAAGATTTTTACTACATTTCAAAGAAGACATCTCATTA
AAGAAGTATTGATTATAGATTAAGAGAACGTGCGATTAAACAACACGGCTTGTATTCAAATG
GTCTTAAACAAGGTCAAATTACAATTACAATGAATGATGGCACAACACATACAATCGATT
TAAGTCAAAAACCTTGAAAAAGAACGTATGGGTGAGTCAATCGACGGCACTAAGATTAAT
AAAATTCTAGTAGAAATCAAATAA

> **ssl02**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 2 (genomic island)

Best match: ssl02_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[8218:8913:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 102369 ... 103065; Length: 696 bp

Sequence:

ATGAAAATGAAATCAATTGCAAAAATAAGTTTGTATTAGGAATATTAGCAACAGGTGTA
AACACTACAACGGAAAAACCAGTTCATGCCGAAAAGAAACCTATTGTAATAAGTGAAAA
TAGCAAAAATTTAAAGCTTATTATAATCAACCTAGTATTGAATATAAAAATGTGACAGG
TTATATCAGTTTCATTCAACCAAGTATTAATTTATGAATATCATAGATGGTAATTCTGTT
AATAATATTGCTTTAATTGGCAAAGATAAGCAACATTATCATAACGGGTGTACATCGTAAT
CTTAATATATTTTACGTTAATGAGGATAAGAGATTTGAAGGTGCAAAGTACTCTATTGGG
GGTATCACGAGTGCAAACGATAAAGCTGTGACCTAATAGCAGAAGCAAGAGTTATTAA
AGAAGATCATACTGGTGAATATGATTATGACTTTTTCCCATTTAAAATAGATAAAGAAGC
GATGTCATTGAAAGAGATTGATTTTAAATTAAGAAAATACCTTATTGATAATTATGGTCTT
TACGGTGAAATGAGTACAGGAAAAATTACAGTCAAAAAGAAATACTATGGAAAGTATAC
ATTTGAATTGGATAAAAAGTTACAAGAAGACCGTATGTCCGATGTTATCAATGTCACAGA
TATTGATAGAATTGAAATCAAAGTTATAAAAAGCATAA

> **ssl03**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 3 (genomic island)

Best match: ssl03_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[6818:7927:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 103355 ... 104465; Length: 1110 bp

Sequence:

ATGAAAATGAGAACAATTGCTAAAACCAGTTTAGCACTAGGGCTTTTAAACAACAGGCGC
AATTACAGTAACGACGCAATCGGTCAAAGCAGAAAAAGTACAATCAACTATAGTTGACA
AAGTACCAACGCTTAAAGCAGAGCGATCAGCAATGATAAACATAAACAGGTGCAAAT
ACAGGGGCAACGCAAGCAGCTAACACAAGACAAGAACGCATGCCTAAACTCGAAAAGG
CACCAAATACTAATGAGGAAAAAACTTCAATTTCCAAAATAGAAAAAATATCACAACCT
AAACAAGAAGCGCAGAAATCGCTTAATATATCCACAACGCCAGCGCCTAAACAAGAACA
TTCACAAACGACAACCGAATCCACAACGCAGCAAACCTAAAGTGACAACACCTCCATCAA
CAAACACGCAGCAAACCTAAAGTGACAACACCTCCATCAACAAACACGCCACAACCAATG
CAATCTACTAAATCAGACACACCACAATCTCCAACCATAAAACAAGCACAAACAGATAT
GACTCCTAAATATGAAGATTTAAGAGCGTATTACACGAAACCGAGTTTTGAATTTGAAAA
GCAGTTTGGATTTATGCTCAAACCATGGACGACGGTTAGGTTTATGAATGTTATTCCAAAT
AGGTTTATCTATAAAAATAGCTTTAGTTGGAAAAGATGAGAAAAAATATAAAGATGGACC
TTACGATAATATCGATGTATTTATCGTTTTAGAAAGACAATAAATATCAATTAAAAAAATA
TTCTGTGCGGTGGCATCACGAAGACTAATAGTAAAAAAGTTGATCACAAAGCAGAATTAA
GCGTTACTAAAAAAGATAATCAAGGTATGATTTACATGATGTTTCAGAATACATGATTA
CTAAGGAAGAGATTTCTTGAAGAGCTTGATTTTAAATTGAGAAAGCAACTCATTGAAA
AACATAATCTTTACGGTAACATGGGTTCAGGAACAATCGTTATTAAAATGAAAAACGGTG
GGAAGTATACGTTTGAATTACAAAAAACTGCAAGAGCATCGTATGGCAGATGTCATA
GAAGGTACAAACATTGATAAAAATTGAAGTGAATATAAAAATAA

> **ssl04**

Function: protein coding sequence; staph superantigene-like protein locus 4 (genomic island)

Best match: ssl04-USA300_delta_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[5551:6453:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 104829 ... 105732; Length: 903 bp

Sequence:

```
ATGAAAATAACAACGATTGCTAAAACAAGTTTAGCACTAGGCCTTTTAACAACAGGTGTA
ATCACAACGACAACGCAAGCAGCAAAAGCGTCAACACCATCTTCCACTAAAGTGGAAGC
ACCACAATCAACACCGCCCTCAACTAAAGTAGAAGCACCGCAATCAAAACCAAACGCGA
CAACACCATCTTCCACTAAAGTGGAAGCACCGCAACAAACAGCAAATGCGACAACACCT
CCATCAACAAACACGCCACAACCAATGCAATCTACTAAATCAGACACACCACAATCGCC
AACCACAAAACAAGTACCAACAGAAATAAATCCTAAATTTAAAGATTTAAGAGCGTATT
ATACGAAACCAAGTTTAGAATTTAAAAATGAAATTGGTATTATTTTAAAAAAATGGACGA
CAATAAGATTTATGAATATTGTTCCAGATTATTTTCATATATAAAATTGCTTTAGTTGGTAA
AGACGATAAAAAATATGGTGAAGGAGTACATAGGAATGTCGATGTATTTGTCGTTTTAGA
AGAAAATAATTACAATCTGGAAAAATATTCTGTCGGTGGTATCACAAAGAGTAATAGTAA
AAAAGTTGATCACAAAGCAGGAGTAAGAATTAATAAGGAAGATAATAAAGGTATAATCT
CTCATGATGTTTCAGAATTCAGATTACTAAAGAGCAGATTTTCCTTGAAAGAACTTGATTT
TAAATTGAGAAAACAACTTATTGAAAAAAATAATCTGTACGGTAACGTTGGTTCAGGTAA
AATTGTTATTAATAATGAAAAACGGTGGAAAGTACACGTTTGAATTGCACAAAAAATTACA
AGAAAATCGCATGGCAGATGTCATAGATGGCACTAATATTGATAACATTGAAGTGAATAT
AAAATAA
```

> **ssl05**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 5 (genomic island)

Best match: ssl05_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[4483:5187:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 106095 ... 106800; Length: 705 bp

Sequence:

```
ATGAAAATGACAGCAATTGCGAAAGCAAGTTTAGCACTAGGTATTTTAGCAACAGGAAC
AATAACATCAACGCATCAAACGTAAATGCGAGTGAACATGAAGCAAAATATGAAAATG
TGACAAAAGATATTTTTGACTTAAGAGATTACTATAGTGGCGCAAGTAAGGAACTTAAAA
ATGTTACTGGTTATCGTTATAGCAAAGGTGGCAAGCATTACCTTATCTTTGATAAAAAATA
GAAAATTCACAAGAGTACAGATATTTGGTAAAGATATTGAAAGATTTAAAGCACGCAAA
AATCCGGGATTAGACATATTTGTTGTTAAAGAAGCGGAAAACCGTAATGGCACAGTGTTT
TCATATGGTGGTGTCACTAAGAAAAATCAAGACGCTTATTATGATTATATAAACGCACCA
AGATTTCAAATCAAGAGAGATGAAGGTGACGGTATTGCTACGTACGGTAGAGTACACTA
CATTTATAAAGAAGAGATTTCACTTAAGAAGTTCGACTTTAAATTGAGACAGTATTTAAT
TCAAATTTTTGATCTGTATAAAAAGTTTCCTAAAGATAGTAAGATAAAAAGTGATAATGAA
AGATGGCGGCTATTATACGTTTGAACCTAATAAAAAATTACAAACAAATCGCATGAGTGA
TGTCATTGACGGTAGAAATATTGAAAAAATAGAAGCCAACATTAGATAA
```

> **ssl06**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 6 (genomic island)

Best match: ssl06-MW2_CC049_21262_AHJW01000044.1[53855:54553]

Position: 009-contig_245_RC: 107230 ... 107260; Length: 30 bp

Sequence:

```
ATGAAATTA AAAACGTTAGCTAAAGCAACA
```

> **ssl07**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 7 (genomic island)

Best match: ssl07_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[3357:4052:r] (completely identical)

Position: 009-contig_245_RC: 107230 ... 107926; Length: 696 bp

Sequence:

```
ATGAAATTA AAAACGTTAGCTAAAGCAACATTGGCATTAGGCTTATTA ACTACTGGTGTG
ATTACATCAGAAAGGCCAAGCAGTTCAAGCAAAAGAAAAGCAAGAGAGAGTACAACATTT
ATATGATATTA AAGACTTACATCGATACTACTCATCAGAAAGTTTTGAATTCAGTAATATT
AGAGGTAAGGTTGAAAATTATAACGGTTCTAACGTTGTACGCTTTAACCAAGATGGTCAA
```


AATCACCAATTATTCTTATTAGGAGAAGATAAAGCTAAATATAAACAAGGACTTCAAGGT
CAAGATGTCTTTGTGGTAAAAGAATTAATTGATCCAAACGGTAGACTATCTACTGTTGGT
GGTGTAAACGAAGAAAAATAACCAATCTTCTGAACTAATACACCTTTAGTAGTTAATAAA
GTGTATGGAGGAGATTTACATGCATCAATTGACTCATTTTCAATTAATAAAGAAGAAGTT
TCACTGAAAGAACTTGATTTCAAATTAAGAAAGCAATTAGTTGAAAAATATGGTTTATAT
AAAGGTACGACTAAATACGGTAAGATCACTATCAATTTGAAAGACGAGAAAAAGGAAGT
AATTGATTTAGGTGATAAACTGCAATTCGAGCGCATGGGTGATGTGTTGAATAGTAAGGA
TATTCAAATATAGCAGTGACTATTAATCAAATTTAA

> **ssl08**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 8 (genomic island)
Best match: ssl08_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[472430:473128] (completely identical)
Position: 009-contig_245_RC: 108264 ... 108963; Length: 699 bp

Sequence:

ATGAAATTTACAGCGATAGCTAAAGCGATATTTGTATTAGGAATATTAACAACAAGTGTA
ATGATAACAGAAAATCAATCGGTTAATGCAAAGGAAAGTATGAAAAAATGAACCGTTT
ATATGATACAAACAAGTTACATCAATACTATTCAGGACCTAGTTATGAGTTAACAAATGT
TAGTGGCCAAAGTCAAGGTTATTATGACTCTAACGTTTTGCTTTTTAACCAACAAAATCAA
AAGTTCCAAGTATTTTTATTGGGAAAAGATGAAAATAAATACAAAGAAAAAACACATGG
TTTAGATGTCTTTGCGGTACCAGAATTAGTAGATTTAGATGGAAGAATATTTAGTGTTAGT
GGTGTAAACGAAGAAAAACGTAAAATCAATATTTGAGTCTCTAAGAACGCCGAACCTACTA
GTTAAAAAATAGACGATAAAGACGGTTTTTCTATTGATGAATTTTTCTTTATTCAAAGG
AAGAAGTGCATTGAAGGAACCTTGATTTTTAAAATAAGAAAACCTGTTGATTAAAAAATACA
AACTGTATGAAGGGTCAGCTGATAAAGGTAGAATTGTTATTAATATGAAAGATGAAAAT
AAGTATGAAATTGATTTAAGTGATAAATTAGATTTTCGAGCGTATGGCAGATGTCATTAAT
AGTGAACAAATTAAGAACATCGAAGTGAATTTGAAATAA

> **ssl09**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 9 (genomic island)
Best match: ssl09-var1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[473505:474203] (completely identical)
Position: 009-contig_245_RC: 109339 ... 110038; Length: 699 bp

Sequence:

ATGAAATTGACTGCATTAGCAAAAGCAACATTAGCATTAGGAATATTAACACTACAGGTGTG
TTTACAGCAGAAAGTAAAGCTGTTACGCGAAAGTAGAACTTGATGAGACACAACGCAA
ATATTATATCAATATGCTACATCAATACTATTCTGAAGAAAGTTTTGAATCAACAAACATT
AGCGTTAAAAGTGAAGACTATGTTTCTAACGTTTTAACTTTAACCAACGAAATAAA
ACTTTCAAAGTGTCTGCTTGGTGACGATAAAAATAAATATAAAGAAAAAACACATGGC
CTTGATGTCTTTGCAGTACCTGAATTAATAGATATAAAGGTGGCATATATAGCGTTGGC
GGTATAACAAAGAAAAATGTGAGATCAGTGTTTGGATTTGTAAGTAATCCAAGTCTACAA
GTTAAAAAAGTTGATGCTAAACATGGCTTTTCGATAAATGAGTTGTTCTTTATTCAAAG
GAAGAAGTATCGTTGAAGGAACCTGGATTTAAAATAAGAAAAATGTTAGTCGAAAAATA
TAGATTTGATAAAGGCGCGTCAGATAAAGGTAGAATCGTTATTAATATGAAAGACGAAA
AGAAATATGTAATTGATTTAAGTGAAAAATTAAGTTTTGATCGTATGTTTGATGTAATGG
ATAGTAAGCAAATTAAAAATATTGAAGTGAATTTGAATTAG

> **ssl10**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 10 (genomic island)
Best match: ssl10_CC001-ST772_118_AJGE01000018.1[196:879:r] (completely identical)
Position: 009-contig_245_RC: 110403 ... 111087; Length: 684 bp

Sequence:

ATGAAATTAACAGCGATAGCTAAAGCTGCATTAGCTTTAGGAATTTAACAACAGGAACT
TTAACAACAGAAGTTCATTCAGGTCATGCAAACAAAATCAAAGTCAGTAAATAAACA
TGACAAGGAAGCATTATACCGATACTACACTGGAAAGACTATGGAAATGAAAAATATTA
GTGCTTTGAAACATGGTAAAAACAACCTACGTTTTAAGTTTTAGAGGTATTAAGATTCAAG
TTTTACTGCCTGGAATGATAAAAGTAAATTTCAACAGCGTAGTTATGAGGGGTTAGATG

TTTTCTTTGTTCAAGAAAAAAGAGATAAGCACGATATATTTTATACTGTTGGTGGTGTAA
ACAGAATAATAAAAACATCTGGAGTTGTCAGTGCACCAATATTTAAATGTTACAAAGGAAA
AAGGTGAAGATGCTTTTGTGAAAGGGTACCCTTATTATATTTAAAAAAGAAAAAATAACAT
TAAAAGAGTTAGATTTTAAATTGAGAAAGCATCTAATCGAAAAATATGGACTTTATAAAA
CAATCTCAAAGATGGTAGGGTTAAAATTAGCTTGAAAGATGGCAGTTTTTATAACCTTG
ATTTAAGATCTAAATTTAAATTTAAATATATGGGGGAAGTCATAGAAAGCAAACAAATTA
AAGATATTGAAGTTAACTTAAAGTAA

> **hsdM-Lx**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system DNA methylase unknown locus (genomic island)

Best match: hsdM_AB057421.1[3606:5162:r]

Position: 010-contig_255: 241 ... 271; Length: 30 bp

Sequence:

AAAGAACTTGGGGTGTGAAAGATGAGTAA

> **hsdS-etD**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system site-specificity determinate (mobile element)/(genomic island)

Best match: hsdS-etd_trunc_CC080_11819-97_CP003194.1[450654:451318]

Position: 010-contig_255: 263 ... 928; Length: 665 bp

Sequence:

ATGAGTAATACACAAAAGAAAAATGTGCCAAAATTGAGATTCCCAGGGTTTGAAGGCGA
ATGGGAAGAGAAGCAATTTGCTGATTTTACTAAAATAAATCAAGGATTACAGATTGCTAT
TAATGAACGTAAAACCTGAATATTCTCCAGAGTTGTATTTTTATATAACAAATGAATTTTA
AGACCAAATAGTCAAACCTAAATATTTTATCGAAAATCCCCCTCAATCAGTAATTGCAAAT
AAAGAAGATATTTAATGACTAGAACAGGTAATACTGGAAAAGTAGTAACCTAATGTATTT
GGAGCGTTTCATAATAATTTTTTTAAAATTAATTTGATAAAAATCTGTATGATAGATTGT
TTTTAGTAGAGGTTTTAAATTCATCTAAGATACAAAATAAAAATACTATCTTTAGCAGGATC
TTCGACGATACCAGATTTAAACCATAGTGATTTTTATAGTATTAGTTCTTCTTATCCGCTG
CTTAGAGAACAGCAAAAAATAGGTAAATTCTTCAGCAAACCTCGACCGACAAATTGAATT
AGAAGAACAAAAGCTTGAATTACTTCAACAACAGAAAAAAGGCTATATGCAGAAAATCT
TCTCACAGGAATTGCGATTTAAGGACGAGAATGGAAATGATTATCCGGATTGGGAGAAA
AAGAA

> **ssl11**

Function: protein coding sequence; staph superantigene like protein locus 11 (genomic island)

Best match: ssl11-CC80_CC001-ST772_118_AJGE01000070.1[2117:2815] (completely identical)

Position: 010-contig_255: 1861 ... 2560; Length: 699 bp

Sequence:

ATGAAATTA AAAAATATTGCTAAAGCAAGTTTAGCACTAGGGATTTTAAACAACAGAGATG
ATTACAACACTACTGCTCAGCCAGTAAAAGCAGACGAAGCTAGTAGCAGATTATCAGTTACT
TCAAAGATACACAAAATTTAAAGACGTATTATACTGGAGCAAGTTTTGATCTTAGAGGA
TTAAGCGGATATAAAGAAGGAGATAAAGTAATATTTCTCAAATGGTCAACAAATTGAT
GTTACATTAACAGGTAAAGAGGGAGACGTGGTTCAATCTAATGACGACGTTACAAATGTT
GATGTGTTTGCTGTTCTGAAGGTACAGGTCGTTCTGCCATAATGACTACAATTGGTGGG
ATTACTACCCAAACACTCAAAGTTATAAAGACACTACAAATAATGTGAACTTAAGAGTA
TCAAAGAGTACAAGTCCCAATACCATATCTGTGTCTGTAAAAAATTATGATATTTTTAAA
GAAAAAATTTCAATTAAGAAGAACTTGATTTCAAATTAAGAAAGCATTTAATTGATAATCAT
GATCTTTATAAAACAGAACCTAAAGACAGTAAAATTAGAATTAATATGAAAGATGGCGG
CTACTATACGTTTGAATTAATAAAAAGTTACAAACTCATCGTATGGGTGACGTAATTGA
TGGTACTAAAATAAAAAGAAATTAATGTTGAATTAACCTAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)
Position: 010-contig_255: 2984 ... 2993; Length: 9 bp
Sequence:
ATAGTTCAT

> **Q6GC50**

Function:
Best match: Q6GC50-COL_CC008_NCTC8325_CP000253.1[403207:404715]
Position: 010-contig_255: 4112 ... 4142; Length: 30 bp
Sequence:
GAACGTAAGGCACCAAAATTAGAAAAATAA

> **txbi_Q6GC50**

Function: rho independent terminator
Best match: txbi_Q6GC50_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[445740:445826]
Position: 010-contig_255: 4198 ... 4228; Length: 30 bp
Sequence:
TCAACGTCATTGAGCTGTTTTTTGTGCTTT

> **Q2G0X2**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)
Best match: Q2G0X2_CC005_A5937_ACKC01000031.1[393792:394100:r]RC
Position: 010-contig_255: 4248 ... 4557; Length: 309 bp
Sequence:
TTATTTTACGTGTTTCATATTTTGAACATCAAAGCCGCTTGCTTAGCTTTGTTGATAATAT
CTTTGATTGAATGTAGTCCTTTATCGGCGAAGTATGATCTTAAGTTGTCTTTTGTAGCTTG
GTCAGCATTCTTATCTAATAACACATCGATATAACTTAACTCGTGTTCTAAGAAGTTTGCG
TCATCATGTAGTACGAGTCCATTTTGAAGAATACACTTTCGCATCTGCTTGATTACCATATC
CAACAACGCCAGTTGCTAAAACACCTACCATTGCCGTAGCTACTAAAACCTTTTTAAATTT
CAT

> **lpl**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)
Best match: lpl1_CC008_Newman_AP009351.1[453191:453994]
Position: 010-contig_255: 4893 ... 4923; Length: 30 bp
Sequence:
ATGAAGTATAAAACAGAGACGTGAAGCG

> **lpl**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)
Best match: lpl13_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[447351:448121], lpl-
SAB0394_ref_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[429813:430607], lpl-
SACOL0482_CC008_TCH1516_CP000730.1[467620:468411] MANUAL OVERRIDE
Position: 011-contig_288_RC: 228 ... 1081; Length: 853 bp
Sequence:
TATTTAAGTTATAAGCCAGCGAAAAAATAGTGTTGATAATTAATATTAGGGTGTGAAAT
GATGAGATATTTAAAAAGAGTTGTACTGTACATAATTGTTATGGTTTTGAGTGTTTTTATA
ATAGGTTGTGATAAATCAAGCGATACTTCAGAAAAGCCAAAAGAAGATTCAAAAAGAAGC
ACAAATTA AAAAGAGTTTTGCAAAAACGTTAGACATGTATCCTACTGAAAATCTAGAAGA
CTTTTATGACAAAGAGGGATATCGAGATGGAGAATTTAAAAAAGGTGACAAAGGGACTT
GGCTAATTAGATCTGAAATAGTTAAACAGCCAAAGGGCAAAGTGATGAAAACAAGAGGT
ATGCAATTATATATTAATAGAAATACCAAAAACAGCCAAAGGTTTCTTTGTTTTGAAAGAA
ATAAGTGAAAATAATAATCGTGTAATAAAGATAAAGGAGGAAAAATACGAAGTGAAAAT
GGTAGGAAATAAAATTATTCCTACTGAACAAATTAATGATGAGAAAATAAAAAAAGAAA
TTGAAAACCTCAAGTTTTTTTTGTGCAATATGGAAACTTTAAAAATTTTCGAAAATAACAACA

ATGGTGAGTTTTTCATATAATCCTGAAGCACCAATCTATTTCGGCTAAATATCAATTACACA
ACGACGATTACAATGTAAGGCAACTACGTAAAAGATATGACATTTCAACAAAAGAAACA
CCGAAGTTACTTTTTGAAAGGTGGAGGAGATTTAAAAAATTCCTCAGTTGGTCAAACGAT
ATTGAATTTACTTTTTGTTGAAAGAAAAGGTGAGAATATTTATTTTAACGATAGTGTGAAT
TCATACCAAGTAAGTAA

> **lpl4**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)

Best match: lpl4_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[484932:485717]RC,

lpl10_CC005_JH9_CP000703.1[494856:495617]RC, lpl-SAB0392_ref_CC705_RF122-

cow_AJ938182.1[428201:428986]RC, lpl2_CC005_N315_BA000018.3[457923:458717]RC

Position: 012-contig_282_RC: 1000 ... 2763; Length: 1763 bp

Sequence:

GTACAATACTACTCTTTTTGAATCCCTCATTTTTTCTACTTCTCTCTATCATGTTAATGTTTG
TTGAGTACTATCAACCTTTGTGTTATTTTTAGTCACTTGAATTAAGTTAATCCATCTGA
AAAATATATATTTTTCTTTTTTATTTTCTATAAATATAAATTC AATTTCTTATATCCAAC TG
AAGACCCTTTCAAATCCCCGAACCTTTCAACAACAATTTAGGCGCCTTTTCTGTTGGAAT
ATTATATCTTTTTCGTAATTCCTTAACATTATAATCATCATTTTTTCAGTTTATATTTCTGCTG
AATAAATAGGAGCTTCAGAATTATAGGAAATGTCACCATTTTCATAATTTCTCTATTCCTTT
AAAAC TGCCATATTGCACAAAAAACTTAAAGTTTTCAATTTCTTTTTCAACTTTTCATCT
TTTATCTCCTCAGTTGGAATAATTTTATTGTTTATCATTTTCACAGGATACTTTTTTTCTGTT
TCTCTTTCATCAAGGCTTTTTCTTGAATCTATTTCTTCTATTGAAAAATAACCGGTTGTGGT
CCTAGTATTTCTATTCATGTATAATATCATGCCTCTTGAAGTTAACTTTTACCTTTTGGTT
GAATTATCATTTTCAGATCTAACAACCCACGTCCTTTGTCTCCCTTTTTAAATTCTCCATCT
CGATATCCTTCTTTGTCATATAAGTCCTCGAGATTCTTAATTGGGTACATATCTAACGTTTT
CGCAAAGCTCTTTTTGATTTGTGTTTCTTTTGAATCTTCAGGAGTGTCAAATACACCACTG
CAACCTGACACTAATAGAATTAAGACTGACGTACCTATACACAACGCGTATTGCCTAAAA
TTATTCATTGTTCCGATCCCCCTTTTTTCATCATAGTTAATAGTCCTCACTTGGGGTAAA
CTCCAAACTATCAGTAAAAAATACATTCTCTTCTTGATTCTCAACGAAGGTA AACTCAAT
GTCCTTATGTCCGATTGATGAACCTTTTAAATCTCCAGTACCTTTCAACAACAATTTAGGA
CCTTTTTTGGTTTGAATGTCATACATTTTACGTAATTGTTTTACATTATAATCATCATTACT
TAATTGAAATTTAGCAGAATAAGTAGGTGCTTCTGAGTTATATGAATAATCACCATTTTG
ATAATTCTTTAATCCTTTAAAATCACCATATTGTGAGAAAACTTAAAGTTTTCAATTTCT
TTTTTTACACCTTTATCATTAATTGGATCAATAGGTACTATTTTATTATTCACCATCTTTAC
TGGATAACGTTTTTCTTTATCCTCTGTCTTTTTTAAAGTATCATTACTTGTTTCATCTACAA
TAAAATATCCTTTTGGCTGTTTAAACCATTACTGAACTGATAACCCATGTCCTTTGTCAC
CTTTTTTAAATTCGCCATCTCGATATCCTTCTTTGTCATATAAGTCCTCGAGATTCTTAATT
GGGTACATATCTAATGTTTTCGCAAAGCTCTTTTTGATTTGTATTTCTTTTTGAATCTTCTTT
TGTTTCATTACCTTTGCCACAACCTGCTACAATAACTATTAAAATCAAGATACTTATGTAC
AATGCAAAACTTTTTAAATTTCCCATCATTTCGCGTCTCTCTGTTTTAGAATTATTTCTACA
TCTAATAAACTTTAGCTATCTTCATCAGACGGCCCAA AATT

> **lplTerminator-RF122**

Function: protein coding sequence; (genomic island)

Best match: lplTerminator-RF122_ref_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[432435:433760]

Position: 013-contig_317_RC: 1836 ... 1866; Length: 30 bp

Sequence:

CTTGCATCTCAAATAGGTGGATTACTATGA

> **Q5HIM7**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HIM7_CC001-ST772_118_AJGE01000070.1[20119:20313:r]RC (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 2864 ... 3059; Length: 195 bp

Sequence:

TTACAAACCATAAAGCGCTGCAGTTAAGTATTGAATGGCATAGCCAATTGAAATGAAAAT
AGCAATCGTTATAATAGCACTACCAATGGTATATAACGTATGTTTCGTAGATAATCCTTCA
GTCTTTGAACCAAAAACACTGAGTAGAATAAATGCAATGCCAATGACATATAAGGCTAA
AATGAAAAATAACAT

> **cobW**

Function: protein coding sequence; cobalamin biosynthesis protein (core genome, constant)

Best match: cobW_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[453431:454633]

Position: 013-contig_317_RC: 3245 ... 4448; Length: 1203 bp

Sequence:

ATGGCTAAAATTCCAGTTACGGTATTAAGTGGTTATTTAGGCTCGGGGAAGACAACGTTG
TTAAATCATATTTTACAAAATCGAGAAGGTCGACGTATCGCGGTAATTGTAATGATATG
AGTGAAGTCAATATCGATAAAGATCTTGTGCGAGATGGTGGGGGACTATCGCGTACAGAT
GAAAAATTAGTCGAACCTTCTAATGGTTGTATCTGTTGTACACTTAGAGACGATTTATTA
AAGAAGTTGAGCGTTTAGTGAAAAAAGGTGGCATCGATCAAATTGTTATTGAGTCAACAG
GGATTCAGAGCCAGTACCTGTTGCACAACTTTCTCATATATTGATGATGAACTTGGCAT
TGATCTTACAGCGATTTGCCGTTTAGATACAATGGTTACAGTTGTGGATGCTAACCGCTTC
GTACATGACATCAACTCAGAAGATTTATTGATGGATCGTGATCAAAGCGTTGATGAAACA
GATGAGCGTTCGATTGCTGATTTATTAATTGACCAAGTTGAATTTTGTGATGTATTGATTA
TTAATAAAATTGATTTAATTAGTGAAGAAGAAGTACGCAAGTTAGAAAAAGTGTTAAGTG
CATTGCAACCGACTGCTAAAATTATTAAGACAACAAATTCTGAAGTAGATTTAAAAGAAG
TCTTAAATACGCAGCGTTTTGATTTTAAAAAGCGAGCGAGTCAGCAGGATGGATCAAAG
AACTTGAGTCTGGTGGTCATGCATCGCATAACGCTGAAACAGAAGAATATGGCATATCAT
CATTTGTATATAAACGTCGTCTACCTTTCCATGCTAAAAGGTTCAATGATTGGTTAGAAAG
CATGCCAAATAATGTCGTTTCGATCAAAGGTATCGTATGGTTAGCACAATACAATCATGT
AGCATGTTTATTATCTCAAGCAGGGTCATCTTGAATATTCATCCAGTTACATATTGGGTG
GCTAGTATGTCTGAAGCGCAACAAACACAAATATTAGCAGAACGTCAAGATGTCGCAGC
TGAATGGGATCCAGAATATGGCGATCGTCATACACAATTTGTCAATTATTGGTACAGAATT
AGATGAAGAAAAATTAACAAAAGAAGTTCGACGCATGCTTAGTCAATGCGCAAGAAATTG
ATGCAGATTGGCAACAATTTGAAGATCCATATCAATGGCAAATTAGACCAGCACGATAA

> **psmA4**

Function: protein coding sequence; phenol-soluble modulins alpha 4 (core genome, constant)

Best match: psmA4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[455290:455352:r]RC (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 5104 ... 5167; Length: 63 bp

Sequence:

TTATTTTGCGAAAATGTCGATAATTGCTTTGATGATTTAATGATAGTACCTACAATAGCC
AT

> **psmA3**

Function: protein coding sequence; phenol-soluble modulins alpha 3 (core genome, constant)

Best match: psmA3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[455416:455484:r]RC (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 5230 ... 5299; Length: 69 bp

Sequence:

TTAGTTGTTACCTAAAAATTTACCAAGTAAATCTTTAAAGAATTTGAATAATTTTGCTACG
AATTCCAT

> **psmA2**

Function: protein coding sequence; phenol-soluble modulins alpha 2 (core genome, constant)

Best match: psmA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[455536:455601:r]RC (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 5350 ... 5416; Length: 66 bp

Sequence:

TTACTTACCAGTGAATTTCTCAATTAATCCTTTAATGAATTTAATGATTCCCTGCAATGATA
CCCAT

> **psmA1**

Function: protein coding sequence; phenol-soluble modulins alpha 1 (core genome, constant)

Best match: psmA1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[455633:455698:r]RC (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 5447 ... 5513; Length: 66 bp

Sequence:

TTATTTACCAGTGAATTGTTTCGATTAAGCTTTTGATAACTTTAATGATGCCAGCGATGATA
CCCAT

> **ndhF**

Function: protein coding sequence; NADH dehydrogenase subunit 5 (core genome, variable)

Best match: ndhF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[456218:457702]

Position: 013-contig_317_RC: 6033 ... 7518; Length: 1485 bp

Sequence:

GTGTTAAGTTTTCAATTGCTATTTTCACTGTTTGTATTGCGCTTATCATTGCATTGATAAG
TGGCTTGTGTTTTAGCACCAGTTATGCCAATGAGATATATTAAATTACATTTATACATA
CTAGTCATGCCAGTATTATTTGCAGTCATTGGCTTTTTTCGGTATTCATGGTCAACATGTCTT
AGGTCCATTTAAAATAGATCGTTTATCTTGGTTATTAGCTGGCTTTGTAATGGCGCTTGGT
TTTATTATTCAAAGTTTTCAATGCGATATTTACTAGGTGATCATCATTATAGACATTACT
TTCCATTGTTCACTGCGATTACGTCGTTTGCATCTTTAGCATGGATGTCTGAAGACTTAAG
ACTGATGGCACTCTGCTGGGGTATGACATTATTATGTTTAAACATTGCTGATGAACGTTAAT
CGTTTTTGGAAAGTGCCACGTGAGTCTGCGAAATTATCAAGTATGACATTTTTATGTGGTT
GGCTTGCATTCGTTGGAGCAATTGTAACATTTATATTGCGACTGGCGAGTGGCGCGTGC
CTCAACATATGTCTAATTCGACATGGTCATTGTTGACGAATGTACTACTTGTATTAGCTGT
CATGATACCGGCAGCACAATTCCTTTTCATCGATGGTTGATTGAATCTGTAACGGCACCA
ACGCCAGTATCGGCAATTATGCATGCAGGAATTGTGAATGCAGGTGGTGTATTCTAACT
CGTTTTGCGCCGATATTTGATAATGGATTTGCGTTATCATTATTACTTATCTTTTCTAGTAT
TTCTGTATTGTTAGGATCGGGTATTAGCTTAGTTCAAGTTGACTATAAACGCCAATTAGTG
GGCTCTACGATGAGTCAAATGGGCTTTATGTTAGTTCAATGTGCATTGGGTGTATATTCAG
CAGCGATTATTCATTTAATATTGCACGGTATTTTTAAAGCAACATTATTTTTACAATCAGG
TTCTATCGTGAAGCGATTCAATATTCCAAAACAAGCATCTGCTAAAGACGCTTATGGCTG
GATTGTCATGGGACGTGTATTAGCTATTATCGTGGCATTCTGTTTTGGATGAGTAGTGAC
AGAAGTGCATATGAAGTGTTAAGTGCCTCATTCTAGCTTGGTCATTACTTGTATCTTGG
ATCAAATGGTAGCCTTTAGTAAAGGACGCATGGCACGTCTTGTGGTATGATTTTGATTGC
AATTGTGACATTTATCTACATCATCACACATAATTATTTTTACGATGTATTGCGAAATATA
ACAACACATGCGACAACACCGCCTACAGTGAGTGTATCATTAGTGTGTCATTTTAATCT
TTGGTAGTTTATTAAGTATTTGGGTGGCGCGTCATCGATACTCTAAGGGTTTTGCGGTATT
GTACGTGTGGTTAGTTAATCTAGGTGAAGCACGCTCGAAAGCGATAGAAAGTCATCCGAA
TTATTTGAAGAAGTATTTATAG

> **Q5HIM4**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HIM4_CC001-ST772_118_AJGE01000070.1[24785:27248] (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 7530 ... 9994; Length: 2464 bp

Sequence:

ATGACAACACAGTTAAATATCAATTCAGTCATTGAAAATGCGAAACGTGTTATTACACCA
TTATCACCGATTTTCGATTTTTGCAGCACGAAATCCATGGGAAGGATTAGAAGCGGATACG
TTTGAAGATGTTGCAAAATGGTTACGTGACGTTTCGAGATGTGGATATTTTCCCAAATAAA
GCATTAATAGAAAGCGCTGTGGCACGTGGTGAATTAGATGAAAGTGTCTTTAATCAACTT
GTTACTGATATGTTACTTGAACATTACTACAATATCCCGCAACACTACATCAATCTTTATA
TTGATAACATTTAAAACATTTAAAAGACGTACCTGCATCATATATGGATCATTCAAATGTTG

ATGTTGTTGCTGATCTACTATTAGAAAAATCAAACCGTGATATGGCTGAATCATATCATC
ACTATGATGTACGTCCGATGAGTGATGCAATAATAGATGAACAAGGTGAGCCACTTAGCG
AACAAGTGAATCGTCAAATGATTAATGGACGAACTTTATATCGATCAATTTCTATCGA
GTTGGACAATGCCGAAGCGTGAGCAAAGTTTTTACCATGCATGGTTGCATTTAGCGCAAC
ATGACCATAGTTTTACTAAAGCACAGCGCCAAGTGATTAAGGCTTACCCAATGATCCTG
AAATGACGATAGAGTCAGTATTAACTCATTTTTCAATAGATCAGGAAGACTACCAAGCTT
ATGTTGAAGGACATCTTTGGCGTTACCGGGTTGGGCAGGTATGTTATATTACCGTTCACA
ACAGCATCACTTTGAACAACATTTGTTAACGGATTATTTGGCAATTCGGTTAGTTGTGCGAA
CAATTGCTAGTTGGTGATGAGTTTAAGTCAGTCACTAAAGATTGTGAAAGTAGATCGGAA
AATTGGTTTAAGCAAACCTGTTGCATCATGGTGTTACTACAGTGATATGCCTAGCGATGTAT
TACTACAACATGACGTCCATGAAATTCAAACATTTATTCATTTTGCAGCAATTATGAATAA
AAATGTATTTAAAAATTTATGGCTAATTGCCTGGGAAATGACATACGAATCTCAGTTAAA
ACAAAAAATTAAGCAGGTCATGAAAGTGTGGCGGGCGCATTAGATGTAAACCAAGTAA
ATGTCTCAGAAAATGATAACGTTAATCAGCCACATTCAGTATTGTTAAATGACACACAAG
CAGTTGATGAAAATAATAGCGAGCTAAATCAGGTGGGCACATCAACGAAAGCGCAAATT
GCATTTTGTATAGATGTTTCGTTTCCAGAACATTTTCGTAGACATATCGAAGCAGCAGGGCCC
TTTGAAACGATTGGTATTGCAGGCTTCTTTGGATTACCTATTCAAAAAGATGCCGTCGACG
ACAATTCAAACATGATTCATTACCTGTTCATGGTAACGCCGGCATATCGCATTAAAGAAT
TTGCAGACCGCTACGATATGAATGTTTATCGACAACAGCAACAGACAATGTCATCGATGT
TTTACACATTTAAATTGATGAAAAATAATGTTATGCCTAGTCTGTTATTGCCTGAATTAAG
TGGGCCATTTTTAAGCTTGAGTACCATTGTCAATTCGATTATGCCTAGAAAAAGTCGCGC
GTCTTTACAAAAAATAAAAACAAAAATGGTTGAAAAAGCCTGAAACAAAGTTAACGATTG
ATCGTGAGTTTGACCGAACATCAGATTTACCTGTTGGATTTACTGAGCAAGAGCAAATTG
ATTTTCGCGTTACAAGCGTTGAAATTGATGGATTTAACCGAAGCATTTCGCGCCGTTTCGTTGT
GTTAGCAGGTCATGCTAGTCATTCTCACAATAATCCACATCATGCATCACTTGAATGTGG
GGCTTGTGGTGGCGCATCAAGCGGTTTTAATGCTAAGTTATTAGCGATGATATGTAATCG
TCCAAATGTCAGACAAGGATTA AAAACAAGCAGGCGTGTATATTCCAGAGACA ACTGTTTT
TGCGGCAGCAGAACATCATACTACTGATACGTTGGCATGGGTATATGTGCCAGACAC
ATTATCAGCTTTAGCTCTAGATGCATATGAATCATTGAATGACGCGATGCCGATGATTTCT
GAACAATCGAATCGCGAACGTTTGGACAACTGCCAACGATTGGTCGTGTGAATCATCCA
GTGGAAGAAGCGCAGCGGTTTTCGAGTGATTGGAGTGAGGTACGTCCAGAATGGGGCTT
GGCTAAAAATGCATCATTATAATTGGACGACGCCAATTAACAAAAGGTATTGATTTAGA
AGGGCGGACATTTTACACAATTATGATTGGCGTAAAGATAAAGATGGCACATTATTTAA
TACCATCATTTCTGGTCCAGCGCTTGTGGCACAATGGATTAATTTACAATATTATGCGTCC
ACAGTTGCGCCGCATTTTTACGGAAGTGGGAATAAAGCGACACAAACCGTCACGTCAG

> **ybcL**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: ybcL_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[448524:448886] (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 10397 ... 10760; Length: 363 bp

Sequence:

ATGAAAAGAACGAAAGGTGAAATCGAAGCTGAAATCAGTAAAGCCATTACGCAATGGGA
AAAAGATTTCTTGGCAGAGGTTCTTGTTCGGTTAAATCAGACATTTTAAGAGATATGGT
GATTATTAGTTTACAAGGTATCTTAACGCCAGCAGAATATCGTGTGTGTAGTACGAATGA
AGGATTACTAAATATTAACGAACACGTTCTGAATTAGTTGAATCCGGTGAGCAAGATTT
GAATGATATCATTCTTAAAATTACAGGTATCAAAGTGATGAGCTTCCACAGTGATTTAAG
TACAGTTACAGGTGAACGTATTATCGTATTCAAACCTTGAGGATAATTTGGAAAAGCATAT
TTAA

> **Q5HIM2**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HIM2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[461173:461520:r]RC (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 10988 ... 11336; Length: 348 bp

Sequence:

TTACATAAAGAGTATATGTGTGACGTAGGCATATAATCGATAAAGTATTCCTAAAAAATT
AGGTATAATGACCATTGTTGCAATAAGTTTTTCGGCCTTGAAACCGATAACGCATAGTAT
AATAGGAATAAAAATATAATACAAATATCCAGTAAATCAAATTTGAAAACGATGGATGAA
TAGGGGTAAAGAATCTAACTAATGTAATGATTAACGCTATATAGACAAAAATAACTCTAT
TGATACGCCTTACCCCTCTGTATAATAAATATAGATCGTACTAAATTGAAAATAGCAAA
ATATTGTTATTTCAATTATACAATGTTTTATTTGCAATATACATAACAA

> Q5HIM1

Function: protein coding sequence; lipid phosphate phosphohydrolase 2 family protein (core genome, constant)

Best match: Q5HIM1_CC001-ST772_118_AJGE01000028.1[1476:2150] (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 11442 ... 12117; Length: 675 bp

Sequence:

ATGATAGATAAAAAATTAACATCACCGAAAATGACAGTGCCTTTATTTTTAATCGCGCTG
ATTGTATTTATAGGTATGTTTTACAGTGTAGTGACAAATCAAGAATGGCTTAAAAATATA
GATATGGGATCATTAACATGGTTTACAGATTATTTTCGGTGAGCCACAACGTCAGTATGTT
ACAATTTATTTAATTACTATATGACGTTTAGTGCGGAAATTGGAGATGTCAAAGGTGTC
GTGTTGATTTCCATTATCGTCACAATCGTACTGTTTTATTAACAGAGGCATTTAGCGGTTT
GGTTTGTGACATATTTGGTTTCAGGCGTCATCATGAACAAATTAATTAAGATACTGTTTT
ACGTCCAAGACCATATAATCATTAGCCGTTGATACAGGCTTTTTCATTTCCAAGTGGACAT
TCCAACGCCAGCACATTATTATATTTTCGCCTTAATGATCATAATTATTTCACTTGCTGCTA
AGACAATAACAAAAGTGTGAGTGCGCTAGTTATGGGAATATTATGGCTTAGCATATTAT
TTTGTGCCTTTATTTTCATGCGCATTACTTTTCAGATGTCATTGGCGGCACGTCCTAGC
AATCATTGGGTAGCGTTATTCTTAATGGTATACCCATACTTTATTAATCATCGACGACAA
CGCGTTTAG

> Q5HIM0

Function: protein coding sequence; putative esterase (core genome, variable)

Best match: Q5HIM0_CC001-ST772_118_AJGE01000028.1[2187:2921] (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 12153 ... 12888; Length: 735 bp

Sequence:

ATGAGAATTA AACACCGAGTCCATCGTATTTAAAAGGCACAAATGGACATGCGATATTA
TTATTACATTCATTTACAGGTACAAATCGGGATGTGAAGCATCTTGCAGCTGAGTTAAAT
GACCAAGGATTTAGTTGTTATGCACCGAATTATCCAGGTCATGGTTTATTGTTGAAAGATT
TCATGACATATAATGTAGATGATTGGTGGGAAGAAGTTGAGAAAGCTTACCAATTTTTAG
TCAATGAAGGTTATGAATCTATCAGTGCAACGGGTGTGTCTTTAGGTGGATTAATGACAT
TAAAATTGGCACAACACTATCCTTTGAAACGTATCGCTGTCATGTCAGCACCAAAGGAAA
AGAGTGATGATGGTTTAATAGAACATTTAGTTTATTATAGTCAACGCATGTCGGATATTTT
AAATTTAGATCAGCAAGCATCGAGTGCGCAATTAGCAGCAATTGATGATTATGAAGGTGA
AATTACGAAGTTTCAACATTTTATTGATGATATCATGACAAATTTAAATGTTATTAATAATG
CCAGCTAATATATTATTTGGTGGTAAAGATGCGCCATCCTATGAAACAAGTGCACACTTT
ATTTATGAACATTTAGGATCAGTAGACAAAGAATTAATGGTCTGAAGGATTCGCATCAT
TTAATGACGCATGGAGAAGGCAGAGATTTTTAGAAGAAAATGTTATTCGCTTTTTCAAT
GCTTTAACATAA

> Q5HIL8

Function: protein coding sequence; transporter (core genome, variable)

Best match: Q5HIL8_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[463528:464865]

Position: 013-contig_317_RC: 13343 ... 14681; Length: 1338 bp

Sequence:

ATGAAAAGACAACAATCACAATGGAAGTCATCAACTGGATTTATTTTAGCTAGTGCGGGT
TCTGCAATCGGTCTTGGTGCCATGTGGAATTTCCCATATATGGCAGGGATTTATGGCGGC
GGTGCCTTTCTAGCTATGTTCTTAATATTCACCATTTTTGTTGGGTTGCCATTACTCATTAT
GGAATTCAGTGTGGGAAAATGGGACGGACATATAACAACAAATATATAGTAAATTA
CTGGTAAAAAATGGCTCAATATCATTGGCTGGAACGGTAATTTGGCAGTGTTTATTTTATT

TGGCTTCTATAGTGTTATCGGTGGTTGGATTGTCATTTACATCGGACAAGTATTATGGCAA
TTAGTTATATTTCAACGCATCAATCATCTCCAAGAAATGAATTTTGAAGCGGTAATATCA
AATCCTTGGTTAACCGTTCTAGGGCAAGGTATATTCATATTCGCTACGATGATTATTGTCA
TGTTAGGTGTTGAAAAAGGATTAGAAAAGGCATCGAAAGTTATGATGCCATTGCTGTTTG
TCTTTTTAATCGTCATTGTGATTAAGTCTTTAACATTAGATGGCGCCTTAGAAGGTGTGAA
ATTTATTTTACAACCAAGAGTATCAGAGATTACTGCTGATGGCATCTTGTTTTCGCTAGGT
CAATCATTCTTTACGTTATCATTAGGAACTACAGGTATGATTACTTATGCGAGTTATGCCT
CTAAAGACATGACGATTAAGTCATCAGCTATTTCTATCGTTGTTATGAATATCTTTGTATC
TGTATTGGCAGGTCTAGCTATATTTCCGGCTTTACATAGTTTTGGCTATGAACCACAAGAA
GGCCTGGATTATTATTTAAAGTACTGCCAATGGTCTTTAGTCAAATGCATCTAGGCACAT
TATTCTATTTGGGATTCTTAGTGCTGTTCTTATTTGCGGCTTTAACGTCATCTATTTCTTTA
TTAGAATTAATGTTTCTAACTTCACGAAGAATGACAATACAAAACGTAAAAAAGTTCGCA
GTGATCGGTAGTATTTTAGTATTTATCATTAGTATTCCAGCAACCTTATCTTTTGGTATCTT
AAAAGATGTAAGATTCCGGTGCGGGAACGATTTTTGATAATATGGATTTACCGTTTCGAA
TGTATTGATGCCATTAGGCGCATTAGGTACTACGCTTGTCGTAGGACAATTATTAGATAA
AAAATTATTACAACAATATTTTGGTAAAGATCGATTTAGATTATTCAGTGGTTGGTATTAC
TTAATTAAGTATGCGATGCCTGTCGTTATTATTTTAGTCTTTATCGTGCAATTATTTAGTTA
A

> **cysM**

Function: protein coding sequence; cysteine synthase (core genome, variable)

Best match: cysM_CC008_21209_AGRP01000021.125427:26341:r

Position: 013-contig_317_RC: 14045 ... 15811; Length: 1766 bp

Sequence:

ATGATTACTTATGCGAGTTATGCCTCTAAAGACATGACGATTAAGTCATCAGCTATTTCTA
TCGTTGTTATGAATATCTTTGTATCTGTATTGGCAGGTCTAGCTATATTTCCGGCTTTACAT
AGTTTTGGCTATGAACCACAAGAAGGGCCTGGATTATTATTTAAAGTACTGCCAATGGTC
TTTAGTCAAATGCATCTAGGCACATTATTCTATTTGGGATTCTTAGTGCTGTTCTTATTTGC
GGCTTTAACGTCATCTATTTCTTTATTAGAATTAATGTTTCTAACTTCACGAAGAATGAC
AATACAAAACGTAAAAAAGTCGCAGTGATCGGTAGTATTTTAGTATTTATCATTAGTATT
CCAGCAACCTTATCTTTTGGTATCTTAAAAGATGTAAGATTCCGGTGCGGGAACGATTTTTG
ATAATATGGATTTACCGTTTCGAATGTATTGATGCCATTAGGCGCATTAGGTACTACGCT
TGTCGTAGGACAATTATTAGATAAAAAATTATTACAACAATATTTTGGTAAAGATCGATT
TAGATTATTCAGTGGTTGGTATTACTTAATTAAGTATGCGATGCCTGTCGTTATTATTTTA
GTCTTTATCGTGCAATTATTTAGTTAATATATAGAAGCATCTGACACACAAGTATTTGTGT
TGCTCAGGTGTTTTTTGTTTGGAAATTGAAAATTTAGTACTGGTTCTGAATTAATCGAACT
TAGATAATTGCAAAATAACAAAATGTAGTTTATAATTCTTATCTGAAAAGTAAGGATTAA
AATTGAGACATGAAGAAAGGTTTCATTCATTTGATCGGCATGTCAGATGAGGGTGCATCT
ATGATTACTTATGATTTAATTGGCAATACGCCATTAGTACTGTTAGAACATTATAGTGATG
ATAAAGTTAAAATTTATGCCAAGCTTGAACAATGGAATCCTGGAGGCAGTGTTAAAGACA
GACTCGGGAAATATTTAGTAGAGATGGCAATTCAAGAAGGGCGTGTGCGTGCAGGTCAA
ACTATTGTTGAAGCGACTGCTGGCAATACAGGCATAGGGTTAGCTATTGCAGCAATAGA
CATCATTTGAAATGTAAGATCTTTGCGCCGTATGGTTTTTTCAGAAGAAAAGATTAATATTA
TGATAGCGCTTGGTGCAGATGTTTCAAGAACGAGTCAGTCTGAAGGTATGCATGGGGCAC
AATTAGCTGCACGTTCCCTATGCTGAAAAATATGGTGCCATTTATATGAATCAATTTGAATC
CGAACATAATCCGGATACATATTTTCATACATTGGGGCCCGAATTGACTTCAGCATTACA
GCAAATTGATTATTTTGTGGCTGGTATTGGCTCAGGCGGTACATTTACAGGTACCGCACGT
TATTTAAAGCAACATCACGTGCAATGTTATGCCGTTGAGCCAGAAGGGTCCGTGTTAAAT
GGAGGGCCAGCTCATGCACATGACACTGAAGGTATCGGTTCTGAGAAATGGCCGATATTT
CTAGAGAGACGTCCTGTAGATGGTATATTTACGATTAAGATCAAGATGCCTTTTCGAAAT
GTCAAAAAGTTTGGCTATAAATGAAGGGTTGTTAGTAGGCAGTTCTTCAGGTGCAGCATT
CAAGGTGCATTGAATTTAAAAGCGCAATTATCTGAAGGTACGATTGTTGTCGATTTCCA
GATGGTAGTGATCGCTATATGTCTAAGCAAATATTTAATTATGAGGAGAATAATAATGAA
CAAGAAAACATAA

> **metB**

Function: protein coding sequence; cystathionine gamma-synthase (core genome, variable)

Best match: metB_CC008-ST72_21259_AFTS01000010.1[24276:25418:r]

Position: 013-contig_317_RC: 15794 ... 16937; Length: 1143 bp

Sequence:

```
ATGAACAAGAAACTAAATTAATTCATGGTGGGCACACAACAGACGATTATACAGGTGC
CGTTACAACACCAATTTATCAAACAAGTACATATTTACAAGATGATATTGGTGATTTACG
TCAAGGATATGAATATTCTCGTACTGCGAATCCAACAAGAAGTTCTGTAGAAAGCGTTAT
TGCGACATTAGAAAATGGCAAACATGGCTTTGCATTTAGTTCAGGTGTTGCAGCAATCAG
TGCAGTTGTTATGCTGTTGGACAAAGGAGATCATATTATTTAAATTCAGATGTATACGGC
GGTACTTATCGCGCATTGACAAAAGTATTTACACGATTTGGCATTGAAGTGGATTTTGTA
GATACAACGCATACAGATTCAATTGTACAAGCGATACGCCCAACAACAAGATGTTGTTT
ATTGAAACACCTTCTAATCCATTATTACGTGTTACTGACATTA AAAAGTCTGCTGAAATTG
CGAAAGAACACGTTTTGATTTAGTTGTTGATAACACATTTATGACACCTTATTATCAGA
ATCCATTAGATTTAGGTATCGATATTGTCTTACATTCTGCAACGAAATATTTAGGTGGACA
TAGTGATGTCGTTGCTGGTTTAGTTGCAACATCGGATGACAAGCTTGCAGAACGTTTAGC
ATTTATTTCAAATTCAACAGGTGGCATTTTAGGACCTCAAGATAGCTATTTACTTGTGAGG
GGTATTA AACATTAGGTTTACGTATGGAACAAATTAATCGCAGTGTTATTGAAATTATT
AAAATGTTACAAGCACATCCAGCTGTGCAACAAGTGTTCCATCCAAGTATTGAAAGTCAT
TTAAATCATGATGTCCATATGGCTCAAGCGGATGGCCATACAGGTGTGATTGCATTTGAA
GTGAAAAATACAGAAAGTGCCAAACAATTGATTAAAGCAACATCGTATTACACATTAGCT
GAAAGTTTAGGTGCAGTGGAAAGTTTAATTTAGTACCTGCATTGATGACACATGCATCC
ATTCCAGCAGATATTTCGAGCTAAAGAAGGTATTACAGACGGACTTGTAAGAATTTCTGTA
GGTATTGAAGATACTGAAGATTTAGTCGATGATTTAAACAAGCACTAGATACGTTATAA
```

> **metN1**

Function: protein coding sequence; methionine import ATP-binding protein 1 (core genome, variable)

Best match: metN1_CC005_CF-Marseille_CABA01000058.1[22942:23967:r]

Position: 013-contig_317_RC: 17230 ... 18256; Length: 1026 bp

Sequence:

```
ATGATTGAGTTTCGACAAGTTAGTAAATCATTTCATAAGAAAAGGCCAAACAATAGATGCT
TTGAAGGACATATCATTACGGTCAATCGCAATGATATTTTTGGTGTGATTGGATATAGTG
GTGCAGGAAAAAGTACGTTGGTAAGACTCGTGAATCATCTTGAAGCTGCCTCGAATGGAC
AAGTGATTGTAGATGGACATGATATTACGAATTATAGCGAAAAAGGCATGCGAGAAATT
AAGAAAGATATCGGTATGATATTTAGCATTTC AATTTATTA AATTCAGCTACCGTATTTA
AAAATGTAGCAATGCCACTCATTTTAAGTAAGAAAAGCAAACAGAAATTAAGCAACGA
GTAACAGAAATGCTTGAATTTGTAGGATTGAGTGATAAAAAAGACCAATTTCTGATGAA
TTATCTGGTGGGCAGAAGCAAAGGGTGGCTATTGCAAGAGCGCTTGTTACTAATCCGAAA
ATACTCCTATGCGATGAAGCAACAAGCGCATTGGATCCAGCAACGACTGCTTCGATATTG
ACGTTATTAAGAATGTCAATCAAACCTTTGGCATTACAATTATGATGATTACACATGAA
ATGCGCGTTATTAAGACATTTGTAATCGTGTTGCTGTAATGGAAAAGGGGCAAGTGTT
GAAACAGGAACTGTTAAAGAGGTGTTTAGTCATCCTAAAACGACGATTGCTCAAAATTTT
GTGTCTACAGTTATACAGACTGAGCCAAGTACATCATTGATTCGTCGATTGAATGACGAA
CAAGTTGACGATTTTAAAGATTATAAAATCTTCGTCGAGGAAACTCAGGTGACACAACCG
ATTATAAATGACTTGATTCAAATTTGTGGCAGAGAGGTTAAAATTTTATTTTCATCTATGT
CAGAAATACAAGGTAACACCGTATGTTATATGTGGCTTCGATTTAATATAGATCAACAAT
TTGATGACACGGCAATAAATCAATATTTCAAAGAGAAAAATATTC AATTTGAGGAGGTGC
ATTAA
```

> **metI**

Function: protein coding sequence; D-methionine transport system permease (core genome, variable)

Best match: metI_CC008_COL_CP000046.1[506065:506724]

Position: 013-contig_317_RC: 18889 ... 18919; Length: 30 bp

Sequence:

```
GTTCTAGCTAGATTCATACGTAGACATTAA
```

> **metQ**

Function: protein coding sequence; D-methionine transport system substrate-binding protein (core genome, constant)

Best match: metQ_CC001_MSSA476_BX571857.1[467806:468648]

Position: 013-contig_317_RC: 18955 ... 19798; Length: 843 bp

Sequence:

```
ATGAAAAGATTGATTGGGTTAGTTATCGTAGCACTTGTATTATTAGCAGCGTGTGGTAGT
ACAATGATAAAAAAGTAACAATTGGTGTGCGCATCAAATGACACTAAGGCTTGGGAGAA
GGTAAAGAATTAGCTAAAAAAGATGATATTGATGTGGAGATTAAGCACTTCTCCGATTA
CAATTTACCGAATAAAGCATTAAACGATGGTGATATTGATATGAATGCATTCCAACATTT
TGCATTTTTAGATCAGTATAAGAAGGCACATAAAGGAACAAAGATTTTCAGCATTGAGTAC
AACAGTTTTAGCACCGTTGGGCATTTACTCAGATAAAATTAAGATATCAAAAAGGTTAA
AGATGGTGCTAAAGTTGTCATTCCAAATGATGTATCAAACCAAGCACGTGCACTTAAACT
ATTAGAAGCAGCTGGTTTAATAAAACTGAAAAAAGATTTTCGGATTAGCAGGTACAGTGA
AAGATATAACGTCAAATCCAAAACATTTAAAAATTACTGCAGTAGATGCACAACAACT
GCACGTGCTTTATCTGATGTCGATATTGCAGTTATTAATAACGGTGTAGCAACTAAAGCG
GGGAAAGACCCTAAAAATGATCCGATATTTTTAGAAAAATCAAATTCAGATGCTGTAAAG
CCATATATTAATATTGTTGCAGTTAATGACAAAGACTTGGATAACAAAACATATGCTAAA
ATCGTAGAATTGTATCATTCAAAGAAGCTCAAAAAGCGTTGCAGGAAGATGTCAAAGA
TGGAGAGAAACCTGTTAATTTATCTAAAGATGAGATTAAGGCAATAGAAACGTCATTAGC
AAAATAA
```

> **aaa**

Function: protein coding sequence; N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (core genome, variable)

Best match: aaa_CC008_A5948_ACKD01000044.1[32597:33601]

Position: 013-contig_317_RC: 20129 ... 21137; Length: 1008 bp

Sequence:

```
GTGCAAAAAAAGTAATTGCAGCTATTATTGGGACAAGCGCGATTAGCGCTGTTGCGGCA
ACTCAAGCAAATGCGGCTACAACCTCACACAGTAAAACCGGGTGAATCAGTGTGGGCAAT
TTCAAATAAGTATGGGATTTTCGATTGCTAAATTAAGTCATTAACAATTTAACATCTAAT
CTAATTTTCCCAAACCAAGTACTAAAAGTATCTGGCTCAAGTAATTCTACGAGTAATAGT
AGCCGTCCATCAACGAACCTCAGGTGGCGGATCATACTACACAGTACAAGCAGGCGACTC
ATTATCATTAATCGCATCAAAAATATGGTACAACCTACCAAAAATATTATGCGTCTTAATGGT
TTAAATAATTTCTTTATTTATCCAGGTCAAAAATTAAGTATCAGGTACTGCTAGCTCAA
GTAACGCTGCGAGCAATAGTAGCCGTCCGTCAACGAACCTCAGGTGGCGGATCATACTATA
CAGTACAAGCAGGTGACTCATTGTCATTAATCGCATCAAAAATATGGTACAACCTATCAAA
AAATTATGAGCTTAAATGGCTTAAATAATTTCTTTATATATCCGGGTCAAAAATTAAG
TAACTGGTAATGCAACATCTTCAAACCTCAGGATCTGCAACAACGACAAATAGAGGTTACA
ATACACCAGTATTTAGTCACCAAACTTATATACATGGGGTCAATGTACATATCATGTATT
TAATCGTCGTGCTGAAATTGGTAAAGGTATTAGTACTTATTGGTGGAAATGCTAATAACTG
GGATAACGCAGCGGCAGCAGATGGTTACTATCGACAATAGACCTACTGTAGGTTCTAT
CGCTCAAACAGATGTAGGTTACTATGGTCATGTTATGTTTGTAGAACGTGTAATAACGA
TGGTAGTATTTTAGTTTCAGAAATGAACTATTCAGCTGCACCAGGTATTTAACTTACAGA
ACGGTACCAGCTTACCAAGTAAATAATTATAGATATATTTACTAA
```

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 013-contig_317_RC: 21053 ... 21062; Length: 9 bp

Sequence:

```
ATGAACTAT
```

> **gltC**

Function: protein coding sequence; transcription activator of glutamate synthase operon

Best match: *gltC*_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[474976:475860:r]RC

Position: 013-contig_317_RC: 24790 ... 25675; Length: 885 bp

Sequence:

```
TTAATGGAATGTAGACGTTTTAGTCATTAATTGCTGAATGAGTGTTAATAAGATAACCAAT
ATCACTCTTCGTATAAGGTTCTTTCGTAATAGCACATATCGTTCTTTTTAATTCAGTATGAT
CTAATTTTATATCTATCCATGATTTAGATTCTGGTAAATGTATATTTTGTGATGAAATGAT
GTAACCTTCTTTTTGACGAAGGAGATACTGCGCAAGTGGTTGGCTACTGATTGTGTATAC
ATCTGATTTAGTAATCTTGCGCAATTGTTTTTTTACAGTTTCGGCAAATGGTGCCAAGCAA
TAAATATGACTATGCTCAAACCTGAATTAATGGTGGGTGTGTCGCCATCGTAATTGGATCG
TCTGAAGGCGCATATAAATGATAGTGCTCTTCGAATAAAGGTAGCATATGTAATTGTTTG
TGTTTACGTATTTCTGGTGTAAAGTTCCGTGAAACCAATGTCTATATCCCATTTAATACGC
TATTTATAATTGTGTCATGTTCTAATAAGCTCGGTATGACATGTGTATCATTTTGTAAATG
AAACGTTTGGATAAGTGGTAGTAACATGTGGGATACGTCACTCTCATCATAGCCAATGTA
GATACTTTTATTTTTAGTTAATCCATGGCTTTGAAATTGTTCAATCGTGCTATCTAAATGTT
CAATAATACGCAGAGCTTCATTAATAATAATTTCCCTTCAGATGTGAGCGTAATATTGC
GTCCTTGCTTTTTAAATAAAGACACATTAAGTTCTTGTTCTAATAATGTAATTTGACGGCT
TATCGCTGATTGAGCAATGTTTAGTTCAAGTGCTGTTTCAGAGATATGTTCTCTTTTAGCG
ACCTCGATAAAATATCTTAATTGTTTAATTTCCAT
```

> ***gltB***

Function: protein coding sequence; glutamine 2-oxoglutarate amidotransferase

Best match: *gltB*_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[476042:480541]

Position: 013-contig_317_RC: 25855 ... 30355; Length: 4500 bp

Sequence:

```
ATGCACAATGAGAAATTAATTAAGGCTTATATGACTATCGTGAGGAACATGATGCGTGT
GGTATTGGTTTTATGCGAATATGGATAATAAAAGGTCTCACGACATCATTGATAAATCG
CTTGAAATGTTGCGACGCTTAGATCATAGGGGCGGGGTGCGCGCAGATGGCATCACTGGT
GATGGCGCAGGTATTATGACTGAAATACCTTTTGCATTTTTCAAACAACATGTAACGGAC
TTTGATATCCCAGGTGAAGGTGAATATGCCGTGGGGTTATTTTTTTCCAAAGAACGCGTTT
TAGGTTCTGAACATGAAGCAGTTTTTAAAAAAATTTTGAAGGCGTAGGGTTATCAATTC
TTGGTTATCGTAATGTACCAGTTAATAAAGATGCCATTGCTAAACATGTAGCAGATACGA
TGCCAGTCATTCAACAAGTGTTTATTGATATTAGGGACATTGAAGATGTTGAAAAGCATT
TGTTTTTAGCGAGAAAACAATTAGAGTTCTATTGACTCAGTGCGATTTAGAATTGTATTT
TACGAGCTTATCACGCAAAACAATTGTATATAAAGGTTGGTTACGATCAGACCAAATTA
AAAACCTATATACAGATTTATCGGATGATTTATATCAATCAAAGCTAGGGTTAGTGCATTC
GAGATTTAGTACGAATACATTCCCGAGTTGGAAAAGGGCACATCCTAACCGTATGTTAAT
GCATAATGGTGAGATTAACACGATTAAGGTAATGTAAACTGGATGCGAGCACGCCAAC
ATAAATTAATCGAAACATTATTTGGCGAGGATCAACATAAAGTGTTTCAAATTGTTCGATG
AGGATGGTAGTGACTCTGCTATTGTAGATAATGCGCTAGAGTTCTTATCGTTAGCCATGG
AGCCAGAAAAGGCAGCGATGCTACTACCTGAACCTTGGTTATATAATGAAGCGAATG
ATGCAAATGTACGTGCGTTTTATGAATTTTATAGTTATTTAATGGAACCGTGGGATGGTCC
TACAATGATTTTCGTTCTGTAACGGTGACAACTTGGCGCGCTTACAGATAGAAATGGATT
ACGTCCAGGTCGTTATACGATTACTAAAGATAACTTTATTGTCTTTTCATCTGAAGTGGGT
GTTGTGGACGTACCTGAAAGTAATGTTGCTTTTAAAGGTCAATTGAATCCTGGAAAGTTA
TTGCTTGTGATTTTAAACAGAATAAAGTCATTGAAAATAATGATTTAAAGGTGCGATT
GCTGGAGAATTACCATATAAAGCGTGGATTGATAACCATAAAGTTGACTTTGATTTTGAA
AATATACAATATCAAGATTCGCAATGGAAAGATGAGACGTTATTTAAATTACAACGTCAG
TTTGCATACACGAAAGAAGAGATTCATAAATATATTCAGGAACTTGTAGAAGGTAAGAA
GGATCCTATCGGTGCAATGGGATATGATGCGCCAATTGCAGTGTTGAACGAGCGACCAGA
ATCACTATTTAATTACTTTAAACAGCTGTTTGCACAAGTTACGAATCCACCAATTGATGCG
TATCGTGAAAAAATCGTAACGAGTGAACCTTCTTATTTAGGTGGCGAAGGTAACCTACTA
GCACCTGACGAAACGGTTTTAGATCGTATTCAATTGAAAAGGCCGGTATTGAATGAATCA
CACTTAGCAGCGATTGATCAGGAACATTTTAAATTAACCTTATTTATCAACGGTATATGAA
GGGGATTTGGAAGATGCGTTAGAAGCATTAGGACGAGAAGCAGTGATGCTGTAAAGCA
AGGCGCTCAAATTCTAGTGTTAGATGATAGTGGATTAGTTGATAGCAATGGCTTTGCGAT
GCCGATGTTACTCGCAATAAGTCATGTGCATCAATTACTTATTAAGCAGATTTACGTATG
```

TCTACAAGTTTAGTCGCTAAATCTGGTGAGACACGAGAAGTGCATCATGTTGCTTGTTAC
TCGCATATGGCGCGAATGCAATTGTGCCATACCTAGCGCAACGTACAGTTGAACAACCTGA
CATTGACAGAAGGGTTACAAGGCACCGTTGTGCGATAATGTTAAGACATATACGGATGTAT
TGTCGGAAGGTGTCATTAAGTAATGGCTAAGATGGGAATTCGACAGTGCAAAGTTATC
AAGGTGCACAAATATTTGAAGCGATTGGCTTGTCTCATGATGTGATTGATCGTTATTTTAC
TGGGACACAGTCTAAGTTATCGGGTATTCGATTGATCAAATTGATGCTGAAAATAAAGC
ACGTCAACAAAGTGATGATAATTATCTTGCATCAGGTAGTACATTCCAATGGAGACAACA
AGGTCAACATCATGCTTTTAATCCGGAATCTATTTTCTTATTGCAGCACGCATGTAAAGAA
AATGACTATGCGCAATTTAAAGCATACTCTGAAGCGGTGAACAAAAATAGAACAGATCA
CATTAGACATTTACTTGAATTTAAAGCATGTACACCGATTGACATCGACCAAGTTGAACC
GGTAAGTGACATTGTCAAACGCTTTAATACAGGGGCGATGAGTTATGGATCGATTTTCAGC
GGAAGCACATGAAACGTTAGCACAAAGCCATGAACCAATTAGGTGGAAGAGTAATAGTG
GTGAAGGTGGCGAAGATGCAAACGTTATGAAGTACAAGTTGATGGAAGCAACAAAGTA
AGTGCGATTAACAAGTTGCTTCTGGGCGTTTTGGTGTAACTAGTGATTATTTACAACATG
CCAAAGAAATTCAAATTAAGTTGCGCAAGGTGCAAAGCCTGGTGAAGGTGGTCAATTA
CCTGGTACTAAGGTATATCCGTGGATTGCGAAGACAAGAGGGTCAACGCCAGGTATCGGT
CTGATTTACCACCGCCACATCATGATATTTATTCAATAGAAGATTTAGCGCAACTGATAC
ATGATTTGAAAAATGCGAATAAAGATGCGGATATCGCGGTAAAATTAGTTTCGAAAACA
GGTGTGGTACCATTGCATCTGGGGTGGCAAAGCATTTCAGATAAAAATTGCATCAGT
GGTTACGATGGTGGTACAGGGGCTTCACCTAAAACGAGTATTCAGCATGCCGGTGTTCCT
TGGGAGATTGGTTTAGCAGAAACACATCAAACATTA AAACTAAATGACTTAAGAAGTCGT
GTTAAGTTAGAAACAGACGGTAAGTTATTA ACTGGTAAAGATGTAGCGTACGCATGTGCG
CTTGGAGCGGAAGAATTTGGATTTGCAACTGCACCATTAGTGGTGTGGGCTGTATTATG
ATGCGTGTATGCCATAAAGATACATGTCCAGTAGGAGTTGCAACTCAAACAAAGATTTA
CGTGCTTTATATAGAGGTAAAGCACATCATGTTGTTAATTTTATGCATTTTATTGCACAAG
AATTAAGAGAAATTTTAGCATCTTTAGGTTTGAACGTGTAGAAGACTTAGTTGGAAGAA
CTGATTTATTACAACGATCATCAACATTA AAAAGCGAATAGCAAAGCGGCTAGTATTGATG
TTGAAAAACTGTTATGTCCTTTCGATGGGCCAAACACAAAAGAAATTCAACAAAATCATA
ATCTTGAGCATGGATTTGATTTAACA AATTTATATGAAGTAACGAAGCCATATATTGCTG
AAGGGCGTCGCTATACAGGTAGCTTTACAGTAAATAATGAACAACGTGATGTAGGGGTTA
TTACAGGTAGTGAGATTTCGAAACAATATGGAGAAGCAGGACTTCCTGAAAATACAATTA
ATGTTTATACGAATGGTCATGCTGGTCAAAGTCTTGCAGCATATGCACCGAAAGGCTTAA
TGATTCATCATACTGGAGATGCGAATGACTATGTTGGTAAAGGATTATCTGGTGGTACGG
TCATTGTCAAAGCACCTTTTGAAGAACGACAAAATGAAATTATTGCTGGTAAACGTCTCAT
TCTATGGTGCAGAGGTGGTAAGGCATTTATTAACGGTAGTGCAGGAGAAAGATTCTGTA
TTAGAAATAGTGGTGTAGATGTTGTCGTTGAAGGTATCGGCGACCATGGATTAGAGTATA
TGACTGGTGGACATGTCATTAATTTAGGTGATGTAGGTAAGA ACTTCGGTCAAGGTATGA
GTGGTGGTATTGCTTACGTTATCCCGTCTGATGTAGAAGCTTTTGTGAAAATAATCAACT
AGATACGCTTTCGTTTACAAAGATTA AACACCAAGAAGAAAAAGCATTCAATTAAGCAAAT
GCTGGAAGAACATGTGTCACACACGAATAGTACGAGAGCGATTTCATGTGTTAAAACATTT
TGATCGCATTGAAGATGTCGTCGTTAAAGTTATTCCTAAAGATTATCAATTAATGATGCA
AAAAATTCATTTGCACAAATCATTACATGACAATGAAGATGAAGCGATGTTAGCTGCATT
TTACGATGACAGTAAACAATCGACGCTAAACATAAACCAGCCGTTGTGTATTAA

> **gltD**

Function: protein coding sequence; glutamine 2-oxoglutarate amidotransferase

Best match: gltD_CC030_MRSA252_BX571856.1[503158:504621]

Position: 013-contig_317_RC: 30372 ... 31836; Length: 1464 bp

Sequence:

ATGGGTGAATTTAAAGGATTTATGAAGTATGACAAACAGTACTTAGGTGAATTATCACTG
GTAGACCGTTTGAAGCATCATAAAGCATATCAACAACGATTTACTAAAGAAGATGCCTCT
ATCCAAGGTGCGCGATGTATGGATTGTGGAACGCCGTTTTGTCAAACCGGACAACAGTAT
GGTAGGGAAACAATAGGTTGTCCAATTGAAACTACATTCCTGAATGGAACGACTTAGTG
TATCATCAAGATTTTAAAACCTGCTTATGAACGCTTAAAGCGAAACAAATAACTTTCCTGAC
TTTACAGGGCGTGTATGTCCTGCACCATGCGAAAGTGCTTGTGTGATGAAGATTAATAGA
GAATCGATTGCGATTAAAGGTATTGAACGCACGATTATTGATGAAGCTTTTGA AAAATGGT

TGGGTTGAGCCGAAAATTCCAAGTCATCGTAGAAATGAAAAAGTTGCAATCATTGGTAGT
GGTCCTGCAGGATTGACTGCCGCTGAAGAAGTGAATTTATTAGGGTACCAAGTGACAATT
TATGAGCGTGCTAGAGAATCAGGCGGTTTATTAATGTATGGTATTCCAAATATGAAGCTT
GATAAATATGTCGTTTCGTCGTCGTATTAATTAATGGAAGAAGCGGGCATAACTTTCATT
AACGGCGTTGAAGTAGGTGTTGATATTGATAAAGAACTTTAGAATCTGAGTATGACGCT
ATTATATTATGTAAGTGGGGCACAAAAAGGTAGGGATTTACCTTTGGAAGGTCGCATGGGT
GAAGGTATACATTTTGCTATGGACTATCTGACTGAACAAACACAACCTTTTAAATGGTGAA
ATTGATGATATCACTATTACAGCAAAGGATAAAAAATGTCATCATTATTGGTGCTGGTGAT
ACAGGAGCAGACTGTGTAGCAACGGCATTAAAGAGAAAAGTGTAAATCGATTGTTCAATTT
AATAAATATACGAAATTGCCAGAAGCAATTACATTTACAGAAAATGCATCATGGCCTTTA
GCAATGCCGGTGTTTAAAATGGACTATGCGCACCAAGAGTACGAAGCTAAGTTTGGTAAG
GAACCACGTGCATATGGTGTTCAAACAATGCGTTACGATGTTGACGATAAAGGACACATA
CGTGGTTTGTATACTCAAATTTTAGAGCAAGGCGAAAATGGTATGGTCATGAAAGAAGGA
CCTGAAAGATTTTGGCCTGCTGACCTTGTATTATTATCAATCGGCTTCGAAGGTACAGAAC
CAACTGTACCGAATGCTTTTAAACATTAACCGGATAGAAATCGAATCGTGGCGGATGATA
CAAATATCAAATAATAATGAAAAAGTATTTGCTGCTGGAGATGCTAGACGTGGTCAAA
GTTTAGTTGTATGGGCGATTAAAGAAGGTAGAGGCGTAGCGAAAGCAGTAGATCAGTAT
TTAGCGAGTAAAGTTTGTGTATAA

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397772:1397835:r]RC

Position: 014-contig_260_RC: 31 ... 61; Length: 30 bp

Sequence:

TTAATAGAAATCAGCTTTTTTACATTGCCT

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_15653_EU272084.1[3547:5193]

Position: 014-contig_260_RC: 33 ... 63; Length: 30 bp

Sequence:

AATAGAAATCAGCTTTTTTACATTGCCTAA

> **treP**

Function: protein coding sequence; PTS system/trehalose-specific IIBC component (core genome, constant)

Best match: treP_CC008_NCTC8325_CP000253.1[440144:441571]

Position: 014-contig_260_RC: 491 ... 1919; Length: 1428 bp

Sequence:

ATGGCTGTAAAAAGAGAAGATGTAAAAGCCATCGTAACCGCTATTGGGGGAAAAGAAAA
TCTTGAAGCTGCAACGCATTGTGTAACACGATTACGTTTAGTGCTGAAGGATGAAAGTAA
AGTTGATAAAGACGCATTAAGTAATAACGCGTTGGTCAAGGGGCAGTTTAAAGCAGACC
ATCAATATCAAATTGTCATTGGTCCAGGAACAGTCGATGAAGTGTATAAGCAGTTTATTG
ATGAAACAGGTGCTCAAGAAGCTTCGAAAGATGAAGCGAAACAAGCAGCTGCGCAAAAA
GGGAATCCAGTACAACGTTTGATCAAATTATTGGGGGATATTTTATAACCAATATTACCTG
CGATTGTGACAGCTGGTTTGTAAATGGGAATCAATAATTTACTAACAATGAAAGGTTTAT
TTGGTCCGAAAGCACTTATTGAGATGTATCCACAAATTGCTGATATTTCAAACATCATTA
TGTGATTGCGAGTACGGCATTATTTTCTTACCAGCATTAAATTGGTTGGAGTAGTATGCGT
GTATTTGGTGGTAGTCCGATTCTAGGCATAGTCTTAGGTTTGATTTAATGCATCCGCAAT
TAGTATCTCAGTATGATTTGGCAAAGGGGAATATTCCGACATGGAACCTTATTTGGCTTAG
AGATTAAGCAGTTGAATTACCAAGGTCAAGTGTTGCCAGTTTAAATTGCAGCTTATGTTCT
AGCTAAAATTGAAAAAGGATTAATAAAAGTCGTTACGATTCGATAAAAATGTTGGTCGT
TGGCCCCGTAGCGCTTTTAGTTACTGGATTTTAGCATTTATTATCATTGGACCAGTTGCA
TTATTGATTGGTACAGGAATTACATCTGGTGTTACATTTATATTCCAACATGCAGGATGGC
TTGGCGGAGCAATATATGGATTGTTATATGCACCACTTGTAAATTACAGGACTACACCATA

TGTTTTAGCAGTAGATTTCCAATTGATGGGTAGCAGCTTAGGTGGTACGTATTTATGGCC
AATCGTTGCGATTTCCAATATTTGTCAGGGCTCTGCAGCATTTGGAGCATGGTTTGTCTAT
AAACGTCGTA AAAATGGTTAAAGAAGAAGGCTTGGCATTAAACATCTTGTATTTCTGGTATG
TTAGGTGTTACTGAACCAGCTATGTTTGGTGTGAACCTACCTCTGAAATATCCATTTATCG
CTGCGATATCAACGTCTTGTGTATTGGGGGCAATCGTTGGTATGAATAACGTGCTTGGAA
AAGTTGGTGTGGTGGCGTGCCAGCATTCAATTTCAATTCAAAAAGAATTTTGGCCAGTAT
ATCTTATTGTGACAGCTATTGCTATTGTTGTACCATGTATACTAACAATTGTGATGTCTCA
TTTTAGTAAACAAAAAGCGAAAGAAATTGTTGAAGATTAA

> **treC**

Function: protein coding sequence; alpha, alpha-phosphotrehalase (core genome, constant)

Best match: treC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[484344:485984]

Position: 014-contig_260_RC: 1982 ... 3623; Length: 1641 bp

Sequence:

GTGTCGAAAGAAATAGATTGGAGAAAATCCGTTGTATATCAAATTTATCCTAAGTCGTTT
AATGATACGACGGGGAATGGTATAGGAGATATCAATGGAATTATAGAAAAATTGGATTA
TATCAAGTTATTGGGTGTTGATTATATTTGGTTAACACCAGTGTATGAATCACCGATGAAT
GATAATGGCTATGATATCAGCAATTATTTAGAAATCAATGAAGACTTTGGAACGATGGAT
GATTTTGAAAAGTTAATCAAAGTTGCGCATCAAAAAGACTTGAAAGTGATGTTAGATATT
GTCATTAATCATAACGTCGACGGAGCATGAATGGTTTAAAGAAGCCCGTAAATCTAAAGAT
AACCTTATAGAGATTACTTTTTTCAGATCATCTGAAGACGGGCCGCCAACAAATTGG
CATTCTAAATTCGGTGGTAATGCATGGAAGTATGATTCTGAGACAGATGAATATTATTTA
CATTATTTGATGTCAGTCAAGCTGATTTAAATTGGGATAATCCGGAAGTACGTCAATCGT
TATATCGCATAGTCAATCATTGGATAGACTTCGGCGTTGATGGTTTTTCGATTTGATGTCAT
TAACTTAATTTCTAAAGGTGAATTTAAGGACTCTGACAAAATAGGTAAAGAATTTTATAC
GGATGGTTCTAGAGTGCATGAGTTTCTGCATGAATTAATCGTCAAACGTTTGGTAACAC
TGACATGATGACTGTAGGAGAAATGTCTTCGACGACGATTGAAAATTGTATTAAGTATAC
ACAACCAGAACGCCAAGAATTGAATAGTGTTTTTAATTTTCATCATCTAAAGGTTGATTAT
GTTGATGGTGAAAAGTGGACAAATGCGAAGCTTGATTTCCATAAGTTAAAGAAAATTCTG
ATGCAATGGCAACGAGGTATTTATGACGGTGGTGGATGGAACGCGATTTTCTGGTGTAAT
CATGATCAGCCACGGGTAGTGTCTAGATTTGGTGATGATACGTCGGAAGAGATGAGGATA
CAAAGTGCTAAAATGTTAGCTATCGCACTGCATATGTTGCAAGGGACGCCATATATTTAC
CAAGGGGAAGAAATTGGTATGACGGACCCACATTTTACATCAATAGCACAAATATCGCGAT
GTTGAATCGATTAATGCCTACCATCAGTTGTTAAGTGAAGGGCATGCTGAAGCGGATGTG
TTAGCGATTTTAGGACAGAAGTCACGAGACAATTCGAGAACGCCTATGCAATGGAGTGAT
GATGTTAATGCTGGATTTACAGCTGGTAAGCCTTGGATTGATATTTTCGAAAATTATCATC
AGGTCAACGTTAGACAAGCACTTCAGAATAAAGAGTCTATTTTCTATACGTATCAAAAAT
TAATACAATTAAGACATACGCATGATATTATTACGTATGGAGACATTGTGCCACGTTTTAT
GGATCATGATCATTTATTTGTTTATGAACGTCATTATAAGAATCAACAATGGCTAGTAATT
GCGAATTTCTCAGCATCGGCTGTTGATTGACCAGAAGGATTGGCTAGAGAAGGTCGTGTT
GTGATTCAAACAGGCACAGTGGAAAATAATACGATAAGCGGGTTTGGTGCAATTGTAATC
GAAACAAACGCGTAA

> **treR**

Function: protein coding sequence; trehalose operon repressor (core genome, constant)

Best match: treR_CC030_MRSA252_BX571856.1[508595:509323]

Position: 014-contig_260_RC: 3647 ... 4376; Length: 729 bp

Sequence:

ATGGCGAAACAAAAAAGTTTATGAAGATTTATGAGGCGTTGAAAGAAGATATATTTAAA
TGGGCAGATTCAATATGGTGAACAAATTCATCTGAACATGATTTGGTGAATTGTACCA
GTCATCTCGAGAGACCGTGCGTAAAGGCATTAGATTTGTTGGCATTAGACGGCATGATTCA
AAAGATTCATGGTAAAGGGTCACTTGTCAATTTATCAGGAGGTTACAGAGTTTCCATTTTCT
GAACTTGTTAGTTTTAAAGAAATGCAAGAAGAAATGGGCGTCGCATATTTAACTGAAGTT
GTTGTGAATGAGGTTGTTGAAGCGCATGAAGTTCCAGAAGTTCAACATGCTTTAAACATC
AATTCTAGTGAATCACTCATTCATATTGTTAGA ACTCGTCGGCTTAACCAACATGTGAAG

ATTGTTGATGAAGATTATTTTCTAAAGTCGATTGTTTCAGATATAGGTAATGATGTTGCGA
GTGATTCTATTTATGATTATTTGGAAAAGGTATTAATCTTAATATTAGTTATTCAAGTAA
GTCTATTACTTTTGAACCGTTTGTGATGAACAAGCATATCAATTGTTGGTGATGTATCGGTG
GCTTATTCAGCAACAGTTCGAAGTATTGTGTATTTAGAAAATACAATGCCGTTTCAATATA
ATATTTCAAACATCTTGCAAATGAATTTAAATTTAATGACTTCTCAAGACGTCGTACAA
AGTAA

> **ffs**

Function: noncoding RNA 4.5S-RNA (core genome, constant)

Best match: ffs_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[486799:487068] (completely identical)

Position: 014-contig_260_RC: 4437 ... 4707; Length: 270 bp

Sequence:

CCGTGCTAGGTGGGGAGGTAGCGGTTCCCTGTACTCGAAATCCGCTTTATGCGAGGCTTA
ATTCCTTTGTTGAGGCCGTATTTTTGCGAAGTCTGCCAAAGCACGTAGTGTGTTGAAGATT
TCGGTCCATGCAATATGAACCCATGAACCATGTCAGGTCCTGACGGAAGCAGCATTAAAG
TGGATCATCATATGTGCCGTAGGGTAGCCGAGATTTAGCTAACGACTTTGGTTACGTTTCGT
GAATTACGTTTCGATGCTTAGGTGCACGG

> **dnaX**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase III gamma and tau subunits (core genome, constant)

Best match: dnaX_AC025951.19[17480:19177]

Position: 014-contig_260_RC: 5607 ... 7305; Length: 1698 bp

Sequence:

TTGAATTATCAAGCCTTATATCGTATGTACAGACCCCAAAGTTTCGACGATGTCGTCGGA
CAAGAACATGTCACGAAGACATTGCGCAATGCGATTTCGAAAGAAAAACAGTCGCATGC
TTATATTTTATAGTGGTCCGAGAGGTACGGGGAAAACGAGTATTGCCAAAGTGTGTTGCTAA
AGCAATCAACTGTCTAAATAGCACTGATGGAGAACCTTGAATGAATGTCATATTTGTAA
AGGCATTACGCAGGGGACTAATTCAGATGTGATAGAAATTGATGCTGCTAGTAATAATGG
CGTTGATGAAATAAGAAATATTAGAGACAAAGTTAAATATGCACCAAGTGAATCGAAAT
ATAAAGTTTATATTATAGATGAGGTGCACATGCTAACCAACAGGTGCTTTTAAATGCCCTTTT
AAAGACGTTAGAAGAACCTCCAGCACACGCTATTTTTATATTGGCAACGACAGAACCACA
TAAAATCCCTCCAACAATCATTTCTAGGGCACAACGTTTTGATTTTAAAGCAATTAGCCTA
GATCAAATTGTTGAACGTTTAAAATTTGTAGCAGATGCACAACAAATTGAATGTGAAGAT
GAAGCCTTGGCATTATATCGCTAAAGCGTCTGAAGGGGGTATGCGTGATGCATTAAGTATT
ATGGATCAGGCTATTGCATTTGGTGATGGTACGTTAACATTGCAAGATGCGTTGAATGTC
ACAGGTAGCGTACATGATGAAGCGTTGGATCACTTGTGTTGATGATATTGTACAAGGTGAC
GTACAAGCATCTTTTAAAAAATACCATCAGTTTATAACAGAAGGTAAGAAGTGAATCGC
CTAATAAATGATATGATTTATTTTGTGAGAGATACGATTATGAATAAAACATCTGAGAAA
GATACTGAGTATCGAGCACTGATGAACTTAGAATTAGATATGTTATATCAAATGATTGAT
CTTATTAATGATACATTAGTGTGCGATTTCGTTTTAGTGTGAATCAAACGTTTCATTTTGAAG
TGTTGTTAGTAAAATTAGCTGAGCAGATTAAGGGTCAACCACAAGTGATTGCGAATGTAG
CTGAACCAGCACAAATTGCTTCATCGCCAAACACAGATGTATTGTTGCAACGTATGGAAC
AGTTAGAGCAAGAACTAAAAACACTAAAAGCACAAAGGAGTGAGTGTGCTCCTGTTCAA
AAATCTTCGAAAAGCCTGCGAGAGGCATACAAAATCTAAAATGCATTTTCAATGCA
ACAAATTGCAAAAGTGCTAGATAAAGCGAATAAGGCAGATATCAAATTGTTGAAAGATC
ATTGGCAAGAAGTGATTGATCATGCCAAAATAATGATAAAAAATCACTCGTTAGTTTAT
TGCAAAATTTCGGAACCTGTGGCGGCAAGTGAAGATCACGTACTTGTGAAATTTGAGGAA
GAGATCCATTGTGAAATCGTCAATAAAGACGACGAGAAACGTAAGTAGTATAGAAAGTGT
TGTATGTAATATCGTTAATAAAAACGTTAAAGTTGTTGGTGTACCATCAGATCAATGGCA
AAGAGTTCGAACGGAATATTTACAAAATCGTAAAACGAAGGCGATGATATGCCAAAGC
ACAAGCACAAACAGATATTGCTCAAAAAGCAAAAAGATCTTTTCGGTGAAGAACT
GTACATGTGATAGATGAAGAGTGA

> **yaaK**

Function: protein coding sequence; DNA binding protein (core genome, constant)
Best match: yaaK_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[528695:529012] (completely identical)
Position: 014-contig_260_RC: 7394 ... 7712; Length: 318 bp
Sequence:

```
ATGCGCGGTGGCGGAAACATGCAACAAATGATGAAACAAATGCAAAAAATGCAAAAAGA  
AAATGGCTCAAGAACAAGAAAACTTAAAGAAGAGCGTATTGTAGGAACAGCTGGCGGT  
GGCATGGTTGCAGTTACTGTAACCTGGTCATAAAGAAGTTGTCGACGTTGAAATCAAAGAA  
GAAGCTGTAGACCCAGACGATATTGAAATGCTACAAGACTTAGTGTTAGCAGCTACTAAT  
GAAGCGATGAATAAAGCTGATGAGCTTACTCAAGAACGTTTAGGTAAACATACTCAAGG  
CTTAAACATCCCTGGAATGTGA
```

> **recR**

Function: protein coding sequence; recombination protein R (core genome, constant)
Best match: recR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[490084:490680] (completely identical)
Position: 014-contig_260_RC: 7718 ... 8315; Length: 597 bp
Sequence:

```
ATGCATTATCCAGAACCTATATCAAACTTATTGATAGCTTTATGAAATTGCCAGGCATTG  
GTCCAAAGACAGCCCAACGTCTGGCTTTTCATACCTTAGATATGAAAGAAGACGATGTTG  
TTCAGTTTGCCAAAGCATTAGTAGATGTTAAGAGAGAATTAACATATTGTAGCGTATGTG  
GTCACATTACTGAAAATGATCCATGTTATATTTGTGAAGATAAGCAAAGAGATCGTTCAG  
TTATTTGTGTTGTGGAAGATGACAAAGATGTCATAGCTATGGAAAAAATGAGAGAATACA  
AAGGTTTATATCACGTTTTACATGGGTCTATTTTCGCTATGGATGGCATTGGACCAGAAG  
ATATTAATATTCCTTCATTGATTGAACGCTTGAAAACGATGAAGTTAGCGAATTAATCTT  
AGCTATGAACCCGAACCTAGAGGGGGAATCTACAGCCATGTATATTTCTAGATTAGTTAA  
GCCTATAGGTATCAAAGTGACGAGATTAGCACAAAGGGTTATCGGTAGGTGGCGATTTAGA  
GTATGCTGACGAAGTAACATTATCTAAAGCAATCGCAGGTAGAACAGAAATGTAA
```

> **txbi_Q1Y6R4**

Function: bidirectional rho-independet terminator (core genome, constant)
Best match: txbi_Q1Y6R4_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[536170:536241] (completely identical)
Position: 015-contig_316_RC: 230 ... 302; Length: 72 bp
Sequence:

```
ATTATAAAAAGTGAACAGCAGTAAGATAGTTTTTAAATCATAAATCATCTTACTGCTGTTTT  
TAGATTTTATG
```

> **A5IQ33**

Function: protein coding sequence; putative Orn/Lys/Arg decarboxylase (core genome, constant)
Best match: A5IQ33_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[497404:498741]
Position: 015-contig_316_RC: 466 ... 1804; Length: 1338 bp
Sequence:

```
ATGAAGCAACCTATTTTAAATAAATTAGAAAGTTTAAATCAAGAAGAAGCGATTTCTTTG  
CATGTTCCGGGTCATAAAAATATGACTATTGGTCATTTATCTCAATTATCAATGACAATGG  
ATAAACTGAAATACCTGGATTAGATGATTTACATCATCCTGAAGAAGTCATTTTGGAGA  
GTATGAAGCAGGTGGAGAAGCATTTCAGATTATGATGCTTATTTCTTAGTGAATGGCACCA  
CTTCAGGAATATTATCTGTCATCCAGTCTTTTTTCACAGAAAAAAGGCGATATCTTAATGGC  
AAGAAATGTACATAAATCTGTATTACATGCGCTCGATATTAGCCAACAAGAAGGGCATTT  
TATTGAAACGCATCAAAGTCCGTTAACGAATCATTATAATAAAGTTAATTTAAGCCGTTT  
GAATAATGACGGTCACAACTTGCTGTGTTGACTTATCCTAACTATTACGGTGAAACATTT  
AATGTAGAAGAGGTTATCAAATCTTTGCACCAATTAATATTCCTGTACTCATTGACGAA  
GCACACGGCGCGCACTTTGGATTGCAAGGATTTCCAGATTCTACATTAATTAATCAAGCT  
GACTATGTTGTTCAATCTTTTCATAAAACGTTACCAGCTTTAACGATGGGCTCGGTACTTT  
ATATTCATAAAAATGCACCTTATAGAGAACTATTATAGAATATCTAAGCTACTTCCAAA  
CATCTAGTCCTTCGTATTTGATTATGGCTAGTTTAGAGTCAGCTGCCGAGTTCTATAAAAC  
ATATGATAGTACCGTGTTTTTTGTATAAGAGAGCGCAATTAATCGAATGTTTGGAGAAGAA
```

GGGTTTTGAAATGCTTCAAGTTGATGATCCGTTGAAGTTGCTGATAAAAATATGAAGGTTTT
ACAGGTCATGATATTCAAATGGTTTATGAATGCACATATCTATTTAGAATTAGCGGAC
GACTATCAAGCATTAGCGATATTGCCGTTATGGCATCATGATGATACGTATTTATTTGATT
CGCTTTTACGTAAAATTGAAGATATGATTTTACCGAAAAAATCAGTTTCTAAAGTTAAAC
AAACACAACCTTTTAAACAACCTGAAGGTAACATAAAACCAAACGCTTTGAATATGTTACTT
GGTGTGATTTGAAAAAGGCAAAAGGTAAGTTCTGGCGCGACATATTGTCCCGTATCCGC
CAGGGATTCTATTATTTCAAAGGAGAAACAATAACTGAAAATATGATAGAATTGGTAA
ATGAATATCTGGAACTGGAATGATAGTTGAAGGAATTAATAATAAAAATTTAGTTG
AGGATGAATAA

> **tmk**

Function: protein coding sequence; thymidylate kinase (core genome, constant)

Best match: tmk_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[498743:499360]

Position: 015-contig_316_RC: 1805 ... 2423; Length: 618 bp

Sequence:

ATGTCAGCTTTTATAACTTTTGAGGGCCAGAAGGCTCTGGAAAAACAACCTGTAATTAAT
GAAGTTTACCATAGATTAGTAAAAGATTATGATGTCATTATGACAAGAGAACCAGGGCGGC
GTTCCCTACTGGTGAAGAAATACGTAAAATTGTATTAGAAGGCAATGATATGGACATTAGA
ACTGAAGCAATGTTATTTGCTGCATCTAGAAGAGAACATCTTGTATTAAGGTCATACCA
GCTTTAAAAGAAGGTAAGGTTGTGTTGTGTGATCGCTATATCGATAGTTCATTAGCTTATC
AAGGTTATGCTAGAGGGATTGGCGTTGAAGAAGTAAGAGCATTAAACGAATTTGCAATA
AATGGATTATATCCAGACTTGACGATTTATTTGAATGTTAGTGCTGAAGTAGGCCGCGAA
CGTATTATTAATAAATCAAGAGATCAAATAGATTAGATCAAGAAGATTTAAAGTTTCAC
GAAAAAGTAATTGAAGGTTACCAAGAAATCATTATAATGAATCACAACGGTTCAAAG
CGTTAATGCAGATCAACCTCTTGAAAATGTTGTTGAAGACACGTATCAAACCTATCATCAA
ATATTTAGAAAAGATATGA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 2088 ... 2097; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **holB**

Function: protein coding sequence; DNA-directed DNA polymerase III delta' subunit

Best match: holB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[499931:500857]

Position: 015-contig_316_RC: 2993 ... 3920; Length: 927 bp

Sequence:

ATGGATGAACAGCAACAATTGACGAATGCATATCATTCAAATAAATTATCGCATGCCTAT
TTATTTGAAGGTGATGATGCACAAACGATGAAACAAGTTGCGATTAATTTTGCAAAGCTG
ATTTTATGTCAAACAGATAGTCAATGTGAAACAAGGTTAGTACATATAATCATCCAGAC
TTTATGTATATATCAACAACCTGAGAATGCAATTAAGAAAGAACAAGTTGAACAACCTTGTG
CGTCATATGAATCAACTTCCTATAGAAAGCACAAATAAAGTGTACATCATTGAAGACTTT
GAAAAGTTAACTGTTCAAGGGGAAAACAGTATCTTGAAATTTCTTGAAGAACCACCGGAC
AATACGATTGCTATTTTATTGTCTACAAAACCTGAGCAAATTTTAGACACAATCCATTCAA
GGTGTGAGCATGTGTATTTCAAGCCTATTGATAAAGAAAAGTTTATAAATAGATTAGTTG
AACAAAACATGTCTAAGCCAGTAGCTGAAATGATTAGTACTTATACTACGCAAATAGATA
ATGCAATAGCTTTAAATGAAGAATTTGATTTATTAGCATTAAAGGAAATCAGTTATACGTT
GGTGTGAATTGTTGCTTACTAACAAGCCAATGGCACTTATAGGTATTATTGATTTATTGAA
ACAGGCTAAAAATAAAAAACTGCAATCTTTAACTATTGCAGCTGTGAATGGTTTCTTCGA
AGATATCATAACATAAAAGGTAATGTAGAGGATAAACAAATATATAGTGATTTAAAAA
ATGATATTGATCAATATGCGCAAAGTTGTCGTTAATCAATTAATTTTGATGTTTGATCA
ACTGACGGAAGCACATAAGAAATTGAATCAAATGTAAATCCAACGCTTGTATTTGAACA
AATCGTAATTAAGGGTGTGAGTTAG

> **metS**

Function: protein coding sequence; methionyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: metS_CC001-ST772_118_AJGE01000045.1[7369:9342] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 7453 ... 9427; Length: 1974 bp

Sequence:

```
ATGGCTAAAGAAACATTTTATATAACAACCCCAATATACTATCCTAGTGGGAATTTACAT
ATAGGACATGCATATTCTACAGTGGCTGGAGATGTTATTGCAAGATATAAGAGAATGCAA
GGATATGATGTTTCGTTATTTGACTGGAACGGATGAACACGGTCAAAAAATTCAAGAAAA
AGCTCAAAAAGCTGGTAAGACAGAAATTGAATATTTGGATGAGATGATTGCTGGAATTA
ACAATTGTGGGCTAAGCTTGAAATTTCAAATGATGATTTTATCAGAACAACCTGAAGAAC
GTCATAAACATGTCGTTGAGCAAGTGTGTTGAAACGTTTATTAAGCAAGGTGATATCTATT
AGGTGAATATGAAGTTGGTATTCTGTTCCGGATGAAACATACTATACAGAGTCACAATT
AGTAGACCCACAATACGAAAACGGTAAAATTATTGGTGGCAAAAGTCCAGATTCTGGAC
ACGAAGTTGAACTAGTTAAAGAAGAAAGTTATTTCTTTAATATTAGTAAATATACAGACC
GTCTATTAGAATTCTATGACCAAAAATCCAGATTTTATACAACCACCATCAAGAAAAAATG
AAATGATTAACAACCTTCATTAACCAGGACTTGCTGATTTGGCTGTTTCTCGTACATCATT
TAACTGGGGTGTCCATGTTCCGTCTAATCCAAAACATGTTGTTTATGTTTGGATTGATGCG
TTAGTTAACTATATTTTCAGCATTAGGCTATTTATCAGATGATGAGTCACTATTTAACAAAT
ACTGGCCAGCAGATATTCATTTAATGGCTAAGGAAATTGTGCGATTCCACTCAATTATTTG
GCCTATTTTATTGATGGCATTAGACTTACCGTTACCTAAAAAAGTCTTCGCACATGGTTGG
ATTTTGATGAAAGATGGAAAAATGAGTAAATCTAAAGGTAATGTCGTAGACCCTAATATT
TTAATTGATCGCTATGGTTTAGATGCTACACGTTATTATCTAATGCGTGAATTACCATTG
GTTGATGAGCGTATTTACACCTGAAGCATTGTTGAGCGTACAAATTTTCGATCTAGCAA
ATGACTTAGGTAACCTAGTAAACCGTACGATTTCTATGGTTAATAAGTACTTTGATGGCG
AATTACCAGCGTATCAAGGTCCACTTCATGAATTAGATGAAGAAATGGAAGCTATGGCTT
TAGAAACAGTGAAAAGCTACACTGAAAGCATGGAAAGTTTGCAATTTTCTGTGGCATTAT
CTACGGTATGGAAGTTTATTAGTAGAACTAATAAGTATATTGACGAAACAACGCCTTGGG
TATTAGCTAAGGACGATAGCCAAAAGATATGTTAGGCAATGTAATGGCTCACTTAGTTG
AAAATATTCGTTATGCAGCTGTATTATTACGTCCATTCTTAACACATGCGCCGAAAGAGA
TTTTTGAACAATTGAACATTAACAATCCTCAATTTATGGAATTTAGTAGTTTAGCGCAATA
TGGTGTGCTTACTGAGACAATTATGGTTACTGGGCAACCTAAACCTATTTTCCCAAGATTG
GATAGCGAAGCGGAAATTGCATATATCAAAGAATCAATGCAACCGCCTGCTACTGAAGA
GGAAAAAGAAGAGATTCCCTAGCAAACCTCAAATTGATATTAAGACTTTGATAAAGTTG
AAATTAAGGCAGCAACGATTATTGATGCTGAACATGTTAAGAAGTCAGATAAGCTTTTTAA
AAATTCAGTAGACTTAGATTCTGAACAAAGACAAATTGTATCAGGAATTGCCAAATTCT
ATACACCAGATGATATTATTGGTAAAAAAGTAGCAGTTGTTACTAACCTGAAACCAGCTA
AATTAATGGGACAAAAATCTGAAGGTATGATATTATCTGCTGAAAAAGATGGTGTATTAA
CCTTAGTAAGTTTACCAAGTGCAATTCCAAATGGTGCAGTGATTAATAA
```

> **tatP**

Function: protein coding sequence; deoxyribonuclease (core genome, variable)

Best match: tatP_CC001-ST772_118_AJGE01000045.1[9373:10146] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 9457 ... 10231; Length: 774 bp

Sequence:

```
ATGTTAATCGATACACATGTCCATTTAAATGATGAGCAATACGATGATGATTTGAGTGAA
GTGATTACACGTGCTAGAGAAGCAGGTGTTGATCGTATGTTTGTAGTTGGTTTTAACAAA
TCGACAATTGAACGCGCGATGAAATTAATCGATGAGTATGATTTTTTATATGGCATTATC
GGTTGGCATCCAGTTGACGCAATTGATTTTACAGAAGAACAACCTTGAATGGATTGAATCT
TTAGCTCAGCATCCAAAAGTGATTGGTATTGGTGAATGGGATTAGATTATCACTGGGAT
AAATCTCCTGCAGATGTTCAAAAAGGAAGTTTTTTAGAAAGCAAATTGCTTTAGCTAAGCGT
TTGAAGTTACCAATTATCATTTCATAACCGTGAAGCAACACAAGACTGTATCGATATCTTA
TTGGAGGAGCATGCTGAAGAGGTAGGCGGGATTATGCATAGCTTTAGTGGTTCTCCAGAA
ATTGCAGATATTGTAACCTAATAAGCTGAATTTTTATATTTTCATTAGGTGGACCTGTGACAT
TTAAAAATGCTAAACAGCCTAAAGAAGTTGCTAAGCATGTGTCAATGGAGCGTTTGCTAG
```

TTGAAACCGATGCACCGTATCTTTCGCCACATCCGTATAGAGGGAAGCGAAATGAACCGG
CGAGAGTAACTTTAGTAGCTGAACAAATTGCTGAATTAAGGCTTATCTTATGAAGAAG
TGTGCGAGCAAACAATAAAAATGCAGAGAAATTGTTTAATTTAAATTCATAA

> **rnmV**

Function: protein coding sequence; ribonuclease M5 (core genome, variable)

Best match: rnmV_CC007_TCH959-USA300_AASB02000182.1[10255:10791]

Position: 015-contig_316_RC: 10397 ... 10934; Length: 537 bp

Sequence:

ATGAAAATCAATGAGTTTATAGTTGTAGAAGGACGAGATGATACTGAGCGTGTTAAACG
AGCTGTTGAATGTGATACGATTGAAACGAATGGTAGTGCCATCAACGAACAACTTTAGA
AGTAATTAGAAATGCTCAACAAAGTCGAGGCGTTATTGTATTAACAGATCCAGATTTCCC
AGGAGATAAAATTAGAAGTACAATTACTGAACATGTCAAAGGTGTTAAACATGCGTATAT
TGATAGAGAAAAAGCTAAAAATAAAAAAGGGGAAATTGGTGTGAACATGCCGACTTAA
TTGATATTAAGAAGCGTTAATGCATGTTAGTTCACCCTTTGATGAAGCTTATGAATCAAT
TGATAAATCTGTGCTTATAGAGTTGGGGTTAATTGTTGGGAAAGATGCAAGGCGCCGTAG
AGAAATTTAAGTAGAAAATTGCGAATCGGCCATTCCAATGGTAAGCAGTTATTGAAAAA
GTAAATGCATTTGGTTATACCGAAGCGGATGTAAGGCAAGCTTTAGAAGATGAATGA

> **ksgA**

Function: protein coding sequence; ribosomal RNA small subunit methyltransferase A (core genome, constant)

Best match: ksgA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[507882:508775]

Position: 015-contig_316_RC: 10944 ... 11838; Length: 894 bp

Sequence:

ATGTTGGATAATAAAGATATTGCAACCCATCAAGAACGCGAGCGTTGTTAGATAAATAT
GGCTTTAATTTTAAAAAAGTTTAGGACAGAACTTTTTGATAGATGTGAATATCATTAAAT
AATATCATTGATGCAAGTGATATTGATGCACAACTGGGGTGATTGAAATTGGTCCAGGT
ATGGGGTCGTTGACAGAACAATTGGCCAGACATGCTAAAAGAGTATTGGCATTGAAATT
GATCAACGTTTAATACCTGTATTAATGATACACTATCACCTTATGATAATGTGACGGTG
ATTAATGAAGATATTTTAAAAGCGAATATTAAGAAGCTGTTGAAAATCATTTACAAGAT
TGTGAAAAATAATGGTTGTTGCAAACCTGCCGTAATATTACGACGCCAATTTTATTA
AATTTAATGCAACAAGATATACCAATTGATGGCTACGTGGTGATGATGCAAAAAGAAGT
GGGCGAACGCTTAAATGCTGAAGTAGGTTCAAAGCATATGGTTCGTTATCAATTGTCGT
ACAATACTATACAGAGACTAGTAAAGTATTAACGGTACCTAAATCTGTATTTATGCCACC
ACCTAATGTTGATTCAATAGTTGTAAACTGATGCAGAGAACTGAACCGTTAGTAACAGT
AGATAACGAGGAAGCATTCTTTAAGTTAGCAAAGCAGCATTTCACAAAGAAGAAAGA
CAATTAACAATAACTATCAAATTATTTTAAAGATGGTAAACAACACAAAGAAGTGATT
TACAATGGTTGGAACAAGCAGGTATTGATCCAAGACGTGCGGGTGAACGCTATCTATTC
AAGATTTTGCTAAATTGTATGAAGAAAAGAAAAAATTCCCTCAATTAGAAAATTA

> **veg**

Function: protein coding sequence; Veg protein (core genome, constant)

Best match: veg_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[508875:509138] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 11937 ... 12201; Length: 264 bp

Sequence:

ATGCCAAAATCAATTTTGGACATCAAAAATTCTATTGATTGTCATGTAGGAAATCGTATT
GTAAGGAAAGCCAATGGAGGCCGTAAGAAAACAATAAAACGTTCTGGAATTTTAAAAGA
AACATATCCGTCAGTTTTCATTGTTGAGTTAGATCAAGACAAACACAACACTTTGAGAGAGT
ATCTTATACATACTGATGTGTTAACTGAAAATGTTCAAGTTTCATTTGAAGAGGATAAT
CATCACGAATCAATTGCACACTAA

> **ispE**

Function: protein coding sequence; 4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (core genome, constant)

Best match: ispE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[509448:510296] (completely identical)
Position: 015-contig_316_RC: 12510 ... 13359; Length: 849 bp

Sequence:

```
ATGATATATGAAACGGCACCAGCCAAAATTAATTTTACGCTCGATACACTTTTTAAAAGA
AATGATGGCTATCATGAGATTGAAATGATAATGACAACAGTTGATTTAAATGATCGTTTA
ACTTTTCATAAAAAGAAAAGATCGAAAAGATAGTTGTTGAGATTGAACATAATTATGTGCCT
TCTAATCATAAAAATCTCGCATATCGTGCAGCGCAACTATTTATTGAGCAATATCAACTA
AAGCAAGGTGTAACAATTTCTATCGATAAAGAAATACCTGTTTCTGCTGGCTTAGCTGGA
GGTTCGGCTGATGCAGCAGCAACGTTAAGAGGATTGAATCGACTTTTTGATATAGGGGCG
AGTTTGGAAGAATTGGCTCTACTAGGCAGTAAAATCGGGACAGATATTCCGTTTTGTATT
TATAATAAACTGCACTATGTACTGGAAGAGGAGAGAAAATCGAGTTTTTAAATAAACC
ACCTTCAGCTTGGGTGATTCTTGCTAAACCAAACCTTAGGCATATCATCACCAGATATATT
AAGTTGATCAATTTAGATAAGCGTTACGACGTACATACGAAAATGTGTTATGAGGCCTTA
GAAAATCGAGATTATCAACAATTATGTCAAAGTTTGTCTAATCGATTAGAGCCAATTTCT
GTTTCAAACACCCACAAATCGATAAATTAATAAATAATATGTTGAAAAGTGGTGCAGAT
GGTGCCTTAATGAGTGGAAAGCGGACCGACTGTGTATGGGCTAGCACGAAAAGAAAGCCA
AGCAAAAATATTTATAATGCAGTTAACGGTTGTTGTAATGAAGTGTACTTAGTTAGACT
ATTAGGATAG
```

> **purR**

Function: protein coding sequence; purine operon repressor (core genome, constant)

Best match: purR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[510310:511134] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 13372 ... 14197; Length: 825 bp

Sequence:

```
ATGAGATATAAACGAAGCGAGAGAATTGTTTTTATGACGCAATATTTGATGAACCATCCG
AATAAATTGATTCCATTAACTTTTTTTGTGAAAAAATTTAAACAGGCGAAGTCTTCAATAA
GTGAAGATGTCCAAATTATAAAAAATACATTCCAAAAAGAAAAGTTAGGTACAGTAATT
ACTACTGCTGGCGCAAGTGGTGGTGTACGTATAAACCAATGATGAGTAAAGAAGAGGC
GACTGAAGTTGTTAATGAGGTCATTACTCTATTAGAAGAGAAAGAACGTTTGTACCTGG
CGGGTATTTATTTTATCAGATTTGGTAGGTAATCCATCGCTACTAAACAAAGTTGGTAAG
TTAATTGCCAGTATTTACATGGAAGAAAATTAGATGCTGTTGTTACCATTGCGACAAAA
GGTATTTTCATTGGCAAATGCGGTTGCTAATATTTTAAATTTACCAGTAGTAGTGATTAGAA
AAGACAACAAGGTGACTGAAGGTTCTACAGTTTCAATTAATTACGTTTCAGGATCTTCAA
GAAAATAGAGACAATGGTACTTTCGAAGAGAACTTTAGCAGAAAATTCAAATGTTTTAG
TTGTTCGATGATTTTATGAGGGCTGGTGGCTCTATTAATGGTGTATGAATTTAATGAATGA
GTTTAAAGCCCATGTAAAAGGGGTATCAGTACTTGTAGAATCAAAGAAGTTAAACAAA
GATTGATTGAAGATTATACTTCCTTAGTGAAATTATCTGATGTAGATGAATATAATCAAG
AGTTTAAACGTAGAACCTGGCAACAGTTTATCTAAGTTTTTCATAA
```

> **yabJ**

Function: protein coding sequence; translation initiation inhibitor (core genome, constant)

Best match: yabJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[511151:511531] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 14213 ... 14594; Length: 381 bp

Sequence:

```
ATGAAAATCATTAACACAACAAGATTACCGGAAGCACTTGGACCATATTCGCATGCAACA
GTTGTGAATGGTATGGTTTATACTTCTGGTCAGATTCCATTGAATGTTGATGGGGAAATCG
TAAGCGCTGATGTTCAAGCACAGACAAAACAAGTTTTAGAAAATTTAAAGGTTGTTTTGG
AAGAAGCAGGATCTGATTTGAATTCTGTTGCGAAAGCGACCATTTTCATTAAGATATGA
ATGATTTCCAAAAAATAAATGAAGTGTATGGTCAATATTTAATGAACACAAGCCAGCGC
GTAGTTGTGTAGAGGTTGCGCGTTTGCCAAAAGATGTGAAAGTAGAAATTGAATTAGTAA
GTAAAATTAAGGAATTATAA
```

> **spoVG**

Function: protein coding sequence; septation protein spoVG (core genome, constant)

Best match: spoVG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[511603:511905] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 14665 ... 14968; Length: 303 bp

Sequence:

```
ATGAAAGTGACAGATGTAAGACTTAGAAAAATACAAACAGATGGACGAATGAAAGCACT
CGTTTCCATTACATTAGATGAAGCTTTCGTAATTCATGATTTACGTGTAATTGAAGGAAAC
TCTGGCTTGTTTCGTTGCAATGCCAAGTAAACGTACACCAGATGGTGAATTCGCGACATC
GCGCATCCTATTAATTCAGATATGAGACAAGAAATTCAGATGCAGTGATGAAAGTATAT
GATGAAACAGATGAAGTAGTACCAGATAAAAACGCTACATCAGAAGATTCAGAAGAAGC
TTAA
```

> **glmU**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylglucosamine pyrophosphorylase (core genome, constant)

Best match: glmU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[512249:513601] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 15311 ... 16664; Length: 1353 bp

Sequence:

```
ATGCGAAGACACGCGATAATTTTGGCAGCAGGTAAAGGCACAAGAATGAAATCTAAAAA
GTATAAAGTGCTACACGAGGTTGCTGGGAAACCTATGGTTCGAACATGTATTGGAAAGTGT
GAAAGGCTCTGGTGTTCGATCAAGTTGTAACCATCGTAGGACATGGTGTCTGAAAGTGTA
AGGACATTTAGGCGAGCGTTCTTTATACAGTTTTTCAAGAGGAACAACCTCGGTA
TGCAGTGCAAATGGCGAAATCACACTTAGAAGACAAGGAAGGTACGACGATCGTTGTAT
GTGGTGACACACCGCTCATCACAAGGAAACATTAGAAACATTGATTGCGCATCATGAG
GATGCTAATGCTCAAGCAACTGTATTATCTGCATCGATTCAACAACCATATGGATACGGA
AGAATCGTTTCGAAATGCGTCAGGTCGTTTAGAACGCATAGTTGAAGAGAAAGATGCAAC
GCAAGCTGAAAAGGATATTAATGAAATTAGTTCAGGTATTTTTGCGTTTAATAATAAAAC
GTTGTTTGA AAAAATTAACACAAGTGAAAAATGATAATGCGCAAGGTGAATATTACCTCCC
TGATGTATTGTCGTTAATTTAAATGATGGCGGCATCGTAGAAGTCTATCGTACCAATGAT
GTTGAAGAAATCATGGGTGTAATGATCGTGTAATGCTTAGTCAGGCTGAGAAGGCGATG
CAACGTCGTACGAATCATTATCACATGCTAAATGGTGTGACAATCATCGATCCTGACAGC
ACTTATATTGGTCCAGACGTTACAATTGGTAGTGATACAGTCATTGAACCAGGCGTACGA
ATTAATGGTTCGTACAGAAATTGGCGAAGATGTTGTTATTGGTTCAGTACTCTGAAATTAAC
AATAGTACGATTGAAAATGGTGCATGTATTCAACAGTCTGTTGTTAATGATGCTAGCGTA
GGAGCGAATACTAAGGTCGGACCGTTTTCGCAATTGAGACCAGGCGCGCAATTAGGTGC
AGATGTTAAGGTTGAAATTTTGTAGAAATTA AAAAAGCAGATCTTAAAGATGGTGCCAA
GGTTTCACATTTAAGTTATATTGGCGATGCTGTAATTGGTGAACGTAATAATTGGTTGC
GGAACGATTACAGTTAACTATGATGGTGA AAAATAAATTTAAA ACTATCGTCGGCAAAGAT
TCATTTGTAGGTTGCAATGTTAATTTAGTAGCACCTGTAACAATTGGTGATGATGTATTGG
TGGCAGCTGGTTCCACAATCACAGATGACGTACCAAATGACAGTTTAGCTGTGGCAAGAG
CAAGACAAACAACAAAAGAAGGATATAGGAAATAA
```

> **prs**

Function: protein coding sequence; ribose-phosphate pyrophosphokinase (core genome, constant)

Best match: prs_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[552813:553778]

Position: 015-contig_316_RC: 16810 ... 17776; Length: 966 bp

Sequence:

```
ATGTTAAATAATGAATATAAGAATTCGTCATTAAAGATTTTTTTCATTGAAAGGAAACGAA
GCATTAGCGCAAGAAGTTGCTGACCAAGTAGGAATTGAACTAGGTAAATGTTTCAGTTAAA
CGTTTTAGTGATGGAGAAATTCAAATTAATATCGAAGAGAGTATTCGTGGTTGTGACGTA
TTTATTATTCAACCAACATCATATCCTGTGAATCTACATTTAATGGAATTATTAATTATGA
TTGACGCTTGTAACGTTGCTTCTGCAGCAACAATCAATATTGTAGTGCCATATTATGGATA
TGCAAGACAAGATAGAAAAGCCCGTAGCCGTGAGCCAATCACAGCTAAATTAGTTGCAA
ACTTAATCGAAACAGCTGGCGCAACTCGTATGATTGCGTTAGACTTACATGCACCACAAA
TTCAAGGATTCTTTGATATTCCAATTGACCACTTAATGGGTGTGCCAATTCTTGCTAAACA
TTTCAAAGATGATCCGAATATTAACCCAGAAGAATGTGTTCGTTGTTTCACCAGACCATGG
CGGTGTTACACGTGCACGTAAATTAGCTGACATTTTAAA AACTCCAATTGCAATTATAGA
TAAACGTCGTCCTAGACCAAATGTTGCTGAAGTGATGAACATTGTTGGTGAGATTGAAGG
```

ACGTACGGCAATTATTATTGACGATATTATTGATACAGCAGGTACAATCACTTTAGCTGC
ACAAGCATTAAAAGATAAAGGTGCTAAAGAAGTATATGCTTGTGTACACACCCTGTTTT
ATCAGGACCGGCTAAAGAACGTATCGAAAATTCTGCTATAAAAAGAATTAATCGTAACAA
ACTCAATTCATTTAGATGAAGATCGCAAACCATCTAACACTAAAGAATTATCTGTTGCTG
GTTAATCGCACAAGCTATCATTCGTGTATACGAAAGAGAATCAGTTAGCGTATTATTG
ACTAA

> **rplY**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L25 (core genome, constant)

Best match: rplY_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[514863:515516]

Position: 015-contig_316_RC: 17925 ... 18579; Length: 654 bp

Sequence:

ATGGCTTCATTAAGTCAATCATCCGTCAAGGTAAGCAAACACGTTTCAGATCTTAAACAA
TTAAGAAAATCTGGTAAAGTACCAGCAGTAGTATACGGTTACGGTACTAAAAACGTGTCA
GTTAAAGTTGATGAAGTAGAATTCATCAAAGTTATCCGTGAAGTAGGTCGTAACGGTGTT
ATCGAATTAGGCGTTGGTCTAAAACCTATCAAAGTTATGGTTGCAGACTACCAATTCGAT
CCACTTAAAAACCAAATTACTCACATTGACTTCTTAGCAATCAATATGAGTGAAGAACGT
ACTGTTGAAGTACCAGTTCAATTAGTTGGTGAAGCAGTAGGCGCTAAAGAAGGCGGCGT
AGTTGAACAACCATTATTCAACTTAGAAGTAACTGCTACTCCAGACAATATTCCAGAAGC
AATCGAAGTAGACATTACTGAATTAACATTAACGACAGCTTAACTGTTGCTGATGTTAA
AGTAACTGGCGACTTCAAAAATCGAAAATGATTCAGCTGAATCAGTAGTAACAGTAGTTGC
TCCAACCTGAAGAACCAACTGAAGAAGAAATCGAAGCTATGGAAGGCGAACAACAAACTG
AAGAACCAGAAGTTGTTGGCGAAAGCAAAGAAGACGAAGAAAAAACTGAAGAGTAA

> **pth**

Function: protein coding sequence; peptidyl-tRNA hydrolase (core genome, constant)

Best match: pth_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[515827:516399]

Position: 015-contig_316_RC: 18889 ... 19462; Length: 573 bp

Sequence:

ATGAAATGTATTGTAGGTCTAGGTAATATAGGTAACGTTTTGAACTTACAAGACATAAT
ATCGGCTTTGAAGTCGTTGATTATATTTTAGAGAAAAATAATTTTTTCATTAGATAAACAAA
AGTTTAAAGGTGCATATACAATTGAACGAATGAACGGCGATAAAGTGTTATTTATCGAAC
CAATGACAATGATGAATTTGTCAGGTGAAGCAGTTGCACCGATTATGGATTATTACAATG
TTAATCCAGAAGATTTAATTGTCTTATATGATGATTTAGATTTAGAACAAGGACAAGTTC
GCTTAAGACAAAAAGGAAGTGCGGGCGGTCACAATGGTATGAAATCAATTATTTAAATG
CTTGGTACAAACCAATTTAAACGTATTTCGTATTGGTGTGGGAAGACCAACGAATGGTATG
ACGGTACCTGATTATGTTTTACAACGCTTTTCAAATGATGAAATGGTAACGATGGAAAAA
GTTATCGAACACGCAGCACGCGCAATTGAAAAGTTTGTGAAACATCACGATTTGACCAT
GTTATGAATGAATTTAATGGTGAAGTGAATAA

> **mfd**

Function: protein coding sequence; transcription-repair-coupling factor (core genome, constant)

Best match: mfd_CC001_MSSA476_BX571857.1[515030:518536]

Position: 015-contig_316_RC: 19461 ... 22968; Length: 3507 bp

Sequence:

ATGACAATATTGACAACGCTTATAAAAAGAAGATAATCATTTTTCAAGACCTTAATCAGGTA
TTTGGACAAGCAAACACACTAGTAACTGGTCTTTCCCGTCAGCTAAAGTGACGATGATT
GCTGAAAAATATGCACAAAGTAATCAACAGTTATTATTAATTACCAATAATTTATACCAA
GCAGATAAATTAGAAACAGATTTACTTCAATTTATAGATGCTGAAGAATTGTATAAGTAT
CCTGTGCAAGATATTATGACCGAAGAGTTTTCAACACAAAGCCCTCAACTGATGAGTGAA
CGTATTAGAACTTTAACTGCGTTAGCTCAAGGTAAGAAAGGGTTATTTATCGTTCCTTTAA
ATGGTTTGA AAAAGTGGTAACTCCTGTTGAAATGTGGCAAATCACCAAATGACATTAC
GTGTTGGTGAGGGTATCGATGTGGACCAATTTCTTAACAAATTAGTTAATATGGGGTACA
AACGGGAATCCGTGGTATCGCATATTGGTGAATTCTCATTGCGAGGAGGTATTATCGATA
TCTTTCCGCTAATGGGGAACCAATCAGAATTGAGCTATTTGATACCGAAATTGATTCTAT

TCGGGATTTTGGATGTTGAAACGCAGCGTTCCAAAGATAATATTGAAGAAGTCGATATCAC
AACTGCAAGTGATTATATCATTACTGAAGAAGTAATCAGCCATCTTAAAGAAGAGTTAAA
AACTGCATATGAAAATACAAGACCCAAAATAGATAAATCAGTGCGCAATGATCTGAAAG
AAACGTATGAAAGCTTTAAATTATTTCGAAAGTACATACTTTGATCATCAAATACTACGTC
GTTTAGTAGCGTTTATGTATGAAACACCTTCGACAATTATTGATTATTTCCAAAAAGATGC
AATCATTGCAGTTGATGAATTTAATCGTATTAAGAAACTGAAGAAAGTTAACAGTAGA
GTCTGATTCGTTTATTAGCAATATTATTGAAAGTGGTAATGGATTTATAGGACAAAGTTTT
ATAAAATATGATGATTTTGAACATTGATTGAAGGCTATCCTGTCACCTATTTTTTCATTAT
TCGCTACAACAATGCCGATAAAACTAAATCATATTATTAATTTTTCATGTAAACCTGTCCA
ACAATTTTATGGGCAATATGACATTATGCGTTCGAAATTTCAACGATATGTTAATCAAAC
TATCATATCGTGGTTTTGGTCGAAACCGAAACTAAAGTTGAACGTATGCAAGCGATGTTA
AGTGAATGCATATCCATCAATAACAAAATTGCATCGCTCAATGTCATCGGGGCAAGCA
GTGATTATTGAAGGCAGTTTATCTGAAGGATTTGAACTACCTGATATGGGATTAGTTGTC
ATTACTGAGCGTGAGCTTTTTAAATCAAACAGAAAAAGCAACGAAAACGTACGAAAGC
TATCTCAAATGCTGAAAAAATTAAGTCTTACCAAGATTTAAATGTGGGAGATTATATTGT
TCATGTGCATCATGGTGTGGTAGATATTTAGGTGTTGAGACGCTCGAAGTGGGGCAAAC
GCATCGTGATTATATTAATTTGCAATATAAAGGTACGGATCAACTATTTGTTCCAGTAGA
TCAAATGGATCAAGTTCAAAAATATGTAGCTTCGGAAGATAAGACGCCAAAATTAATA
AACTCGGTGGCAGTGAATGGAAAAAAACAAAAGCTAAAGTTCAACAAAGTGTGAAGAT
ATTGCTGAAGAGTTGATTGATTTATATAAAGAAAGAGAAATGGCAGAAGGTTATCAATAT
GGGGAAGACACAGCTGAGCAAACAACATTTGAATTAGATTTTCCATATGAACTTACGCCT
GACCAAGCTAAATCTATCGATGAAATTAAGATGACATGCAAAAATCGCGTCCAATGGA
TCGCTTGCTATGTGGTGATGTTGGTTATGGTAAACTGAAGTTGCAGTGAGAGCAGCATT
CAAAGCTGTAATGGAAGGAAAGCAGGTTGCATTTTTAGTTCCTACAACATTTTAGCTCA
GCAACATTATGAGACGTTAATTGAGCGTATGCAAGATTTTCTGTTGAAATTCAATTAAT
GAGTCGTTTTAGAACGCCTAAAGAGATAAAACAAAATAAGGAAGGACTTAAAACCTGGAT
TTGTTGACATAGTTGTTGGTACACACAAATTACTTAGTAAAGATATACAGTATAAAGATT
TAGGGCTGTTGATTGTAGATGAAGAACAACGATTTGGTGTACGCCATAAAGAGCGTATTA
AAACATTA AAAACATAATGTAGATGTACTAACATTGACTGCAACCCCAATACCTAGAACAT
TGCATATGAGTATGCTAGGTGTGCGCGATTTGTCAGTGATTGAAACGCCGCCAGAAAATC
GTTTCCCAGTTCAAACATATGTATTAGAACAGAACATGAGTTTTATCAAAGAAGCTTTAG
AAAGAGA ACTATCCCGTGATGGCCAAGTGTTTATCTTTATAATAAAGTGCAATCCATTT
ATGAAAAACGAGAACA ACTCCAGATGTTAATGCCAGATGCTAACATTGCAGTTGCTCATG
GACAAATGACAGAGCGCGATTTAGAAGAAACGATGTTAAGTTTTATCAATAATGAATATG
ATATTTTAGTAACGACGACGATTATTGAAACAGGTGTCGATGTCCCAAATGCAAATACTT
TGATCATTGAAGATGCAGATCGCTTTGGATTGAGTCAGTTGTATCAATTAAGAGGTCGTG
TTGGTCGTTCAAGTCGATTGGTTATGCATACTTCTTACATCCAGCAAATAAGGTACTAAC
TGAGACTGCAGAAGATCGATTACAAGCGATTAAGAATTTACGGAGTTAGGCTCAGGATT
TAAGATTGCGATGCGTGATTTGAACATTCGTGGTGCTGGTAATTTGTTAGGTAACAACA
GCACGGCTTTATTGATACAGTTGGATTTGATTTGTACAGTCAAATGTTAGAAGAAGCTGT
AAATGAAAAACGTGGTATTAAGGAACCAGAATCTGAGGTGCCAGAAGTCGAAGTTGATT
TAACTTGGATGCATATTTGCCGACAGAATATATTGCAAATGAACAAGCTAAAATTGAAA
TTTATAAAAAGCTACGAAAAACTGAAACATTTGATCAAATTATCGACATTAAGATGAAT
TAATTGATCGTTTTAATGATTATCCTGTTGAAGTAGCACGTTTGCTTGATATAGTGGAAT
AAAAGTACACGCATTACATTCAGGTATCACGTTGATTAAGATAAAGGGAAAATAATTG
ATATTCATTTATCTGTAAAAGCCACTGAAAATATTGATGGCGAAGTGCTGTTCAAAGCAA
CACAACCTTTAGGTAGAACAAATGAAGGTTGGTGTTCAAAATAATGCAATGACAATTACTT
TAACGAAACAAAATCAATGGCTTGATAGTTTGAAGTTTTTAGTTAAGTGCATTGAAGAAA
GTATGAGAATCAGTGATGAAGCATAA

> **ItrB**

Function: protein coding sequence; similar to low temperature requirement protein B (core genome, constant)

Best match: ItrB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[519895:521421] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 22957 ... 24484; Length: 1527 bp

Sequence:

ATGAAGCATAAAGAAGCATTTAATGGCGTTGTCGTGTTAACTGCTGCATTAATTGTCATT
AAAATTCTGAGTGCTGTATATCGAATCCATATCAAATATATTAGGTGATACAGGTTTGT
ATGCATATCAACAAGTGTATCCAATTGTAGCATTAGGAATGATATTATCGATGAATGCCA
TTCCTAGTGCAATTACACAAAATATAGGGAAGTATCATAGTGACGAAGCATATGCAAAA
GCGGTCGCTTATATACAATTAGTTGGTATATTATTATTTATTGCTATTTTTGTGTTTGC
CAATATTGCACATATGATGGGTGATAGCCATTTAACACCAATGATTCAAGCAGCAAGTTT
AAGCTTTATATTATAGGTATGCTTGGCGTGTTAAGAGGTTATTATCAATCTGCAAATAAT
ATGACAGTTCCGGCTATTTCCAGGTTATAGAACAAGTTATACGAGTAGGTATTATCATT
GTTACTATTGTTATTTTTGTAGACAGAGGTTGGACGATATATGAAGCGGGAACAATTGCT
ATTTTAGCATCAACGATAGGTTTTTTAGGTTCTTCAATTTATTTAGTAGCGCACCGACCTT
TTAAGTTTAAAATGGTAAATAACACTGCAAAGATTGTTTGGAAACAGTTTCGCACTTTCCG
TTTTGATTTTCGCTATCAGTCAATTAATCGTAATTTTATGGCAAGTGATTGATAGTGTTAC
TATTATTAAGTCACTTCAAGCGATACGCGTGCCATTCGATGTTGCCATAACTGAAAAAGG
AGTCTATGACCGTGGTGCATCATTTATTCAGATGGGATTGATTGTAACTACAACATTTAGT
TTTGGCGCTCATTCTCTGTAAAGTGACGCAATCAAATGAATAATCAGGTACTTATGAATC
GTTATGCAAATGCGTCATTAAGATTACGATTTTAATAAGTACAGCAGCGGGAATAGGAT
TAATTAATTTATTGCCTTTAATGAACGGTGTGTTTTTAAAGACGAATGATTTAACCTAAC
GTTAAGTGTTTATATGATTACGGTCATTTGTGTATCGTTAATTATGATGGATATGGCTTTA
TTACAAGCGCAACATGCTGTGAGACCTATTTTTGTTGGTATGACGGCAGGATTGTTATTA
AATTTATACTTAATATCATTTTGTTCGTTAAGTGGCATTATTGGTGCGAGCATTAGTAC
TGTTGTATCATTAATTATATTCGGTACGATTATCCATATTGCTGTCACGAGAAAATACCAC
TTACATGCGATGAGACGATTTTTTATCAATGTTGTTTTAGGTATGGTATTTATGTCGATTG
TTGTTCAATGCGTGTAAACATAGTGACAACACACGGTAGATTCACTGGACTCATTGAAT
TATTATGTGCAGCAGTATTAGGTATCATTGCATTGTTTTTCTATATTTTTAGATTTAATGT
TTGACATATAAAGAGTTAACTTATTTACCATTTGGTTCAAAGTTGTATCAAATTAAGAAA
GGAAGACGTTGA

> **mazG**

Function: protein coding sequence; tetrapyrrole methylase (core genome, variable)

Best match: mazG_CC001-ST772_118_AJGE01000044.1[12202:13395:r] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 24483 ... 25677; Length: 1194 bp

Sequence:

ATGGCACATACCATTACGATTGTTGGCTTAGGAAACTATGGCATTGATGATTTGCCGCTA
GGGATATATAAATTTTTAAAGACACAAGATAAAGTTTATGCAAGAACGTTAGATCATCCA
GTTATAGAATCATTGCAAGATGAATTAACATTTTCAGAGTTTTGACCATGTTTATGAAACA
CATGACCAATTTGAAGATGTCTATAATGATATTGTGGCGCAATTGGTTGAAGCTGCTAAT
GAAAAAGATATTGTCTATGCGGTTCCGGGTCATCCTAGAGTTGCTGAGACAACTACAGTG
AAATTACTGGCTTTAGCAAAGGACAATACTGATATAGATGTGAAAGTTTTAGGTGGTAAA
AGCTTTATTGATGATGTGTTTGAAGCAGTTAATGTAGATCCAAATGATGGCTTCACACTGT
TAGATGCGACATCATTACAAGAAGTAACACTTAATGTTAGAACGCATACATTGATTACGC
AAGTTTATAGTGCAATGGTTGCTGCTAATTTGAAAATCACTTTAATGGAACGATATCCTG
ATGATTACCCTGTTCAAATTGTCACTGGTGCACGAAGCGATGGTGCGGATAACGTTGTGA
CATGCCATTATATGAATTGGATCATGATGAAAATGCATTCAATAATTTGACGAGTGTAT
TCGTACCAAAAATCATAACATCGACATATTTGTATCATGACTTTGATTTTGCAACGGAAGT
GATTGATACTTTAGTTGATGAAGATAAAGGTTGTCCATGGGATAAAGTGCAAACGCATGA
AACGCTTAAGCGTTATTTACTTGAAGAAACATTTGAATTGTTGGAAGCTATTGACAATGA
AGATGATTGGCATATGATTGAAGAACTAGGAGATATTTTATTACAAGTGTTATTGCATAC
TAGTATTGGTAAAAAGAAGGGTATATCGACATTAAGAAGTGATTACAAGTCTTAATGC
TAAAATGATTCGTAGACACCCACACATATTTGGTGTATGCCAATGCTGAAACTATCGATGA
CTTAAAAGAAATTTGGTCTAAGGCGAAAGATGCTGAAGGTAAACAGCCAAGAGTTAAAT
TTGAAAAGATTTTGCAGAGCATTTTTTAAATTTATATGAGAAGACGAAGGATAAGTCAT
TTGATGAGGCCGCGTTAAAGCAGTGGCTAGAAAAGGGGAGAGTAATACATGA

> **divIC**

Function: protein coding sequence; cell-division protein (core genome, constant)

Best match: divIC_CC008-ST72_TCH130-ST72_ACHD01000274.1[26209:26601] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 25954 ... 26347; Length: 393 bp

Sequence:

```
ATGAAAAATAAAGTAGAACATATAGAAAATCAGTACACGTCGCAAGAGAACAAGAAAA
AACACGTCAAAAAATGAAAATGCGTGTTGTTTCGTAGGCGTATTACAGTATTTGCGGGCG
TATTACTTGCGATAATTGTTGTTTTATCAATCTTGCTTGTGTCCAAAAACATCGCAATGA
TATCGATGCACAGGAGCGAAAAGCGAAAGAAGCACAGTTTCAAAAGCAACAAAATGAA
GAAATTGCGTTAAAAGAAAAGTTGAATAATCTGAATGACAAAGATTATATTGAAAAAAT
TGCGCGTGATGATTACTTAAGCAACAAAGGTGAAGTGATTTTTAGGTTGCCAGAAGA
CAAAGATTCGTCTAGCTCAAAATCTTCGAAAAAATAA
```

> **tilS**

Function: protein coding sequence; tRNA(Ile)-lysidine synthase (core genome, constant)

Best match: tilS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[523970:525265]

Position: 015-contig_316_RC: 27032 ... 28328; Length: 1296 bp

Sequence:

```
ATGCAGTTAAATAGTAATGGTTGGCATGTTGATGACCATATTGTTGTCGCTGTTTCTACAG
GTATTGATAGTATGTGTTTATTGTATCAACTACTAAATGATTATAAAGATAGTTATAGAAA
ACTAACATGCTTACATGTCAATCATGGCGTTAGGTCAGCTTCAATCGAGGAAGCCAGATT
TTTAGAAGTATACTGCGAACGTCATCACATCGATTTACATATCAAAAAGTTAGATTTGTC
GCATAGTCTCGACCGAAATAACAGCATTCAAGATGAAGCTCGAATTAACGTTACGAATG
GTTTGATGAAATGATGAATGTATTAGAAGCGGATGTATTGCTAACGGCGCATCATTTGGA
CGATCAATTAGAACTATTATGTATCGTATTTTAAATGGGAAATCGACGCGTAATAAACT
AGGATTTGATGAGTTATCGAAGCGAAAAGGTTATCAGATTTATCGACCACTTTTAGCTGT
CTCTAAAAAAGAAATAAAACAATTCCAAGAGAGATATCATATCCATATTTGAAGATGA
ATCTAATAAAGATAACAAATATGTTAGAAATGATATTCGTAATAGAATTATCCAGCTAT
TGATGAAAATAATCAACTTAAAGTATCGCATTTATTAATAAATAAACAATGGCATGATGA
ACAATATGATATTTTGCAATATTCAGCTAAACAATTTATCAAGAATTTGTGAAGTTTGAT
GAACAGTCAAAATATTTAGAGGTTTCTAGACAAGCTTTTAATAACTTACCAAACCTCATT
AAGATGGTTGTGTTGGATTGCCTATTATCAAAGTATTATGAGTTGTTAATATTAGTGCTA
AAACATACGAAGAGTGGTTTAAACAATTTAGTAGTAAGAAAGCACAAATTCAGTATTAATC
TCACGGATAAATGGATAATTCAAATTGCATATGGTAAATTAATAATAATGGCTAAAAATA
ATGGCGATACATATTTTAGAGTTCAAACCTATTGAAAAGCCAGGTAATTATATTTTAAACA
AATATCGATTAGAGATACATTCTAATTTACCAAATGTTTATTTCCGCTTACAGTGAGAAC
ACGACAAAGTGGCGATACATTTAAACTGAATGGGCGCGATGGTTATAAGAAAGTGAATC
GCCTGTTTATAGATTGTAAAGTGCAACAGTGGGTTCCGGGATCAAATGCCAATCGTATTGG
ATAACAACAGCGCATTATTGCGGTAGGAGATTTATATCAACAACAACAATAAAACAA
TGGATTATAATTAGTAAAAATGGAGATGAATAG
```

> **hpt**

Function: protein coding sequence; hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (core genome, constant)

Best match: hpt_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[525270:525809] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 28332 ... 28872; Length: 540 bp

Sequence:

```
ATGCATAATGATTTGAAAGAAGTATTGTTAACTGAAGAAGATATTCAAAATATCTGTAAG
GAATTGGGAGCACAATTAACAAAGGATTATCAAGGTAAACCATTAGTATGCGTGGGTATC
TTAAAAGGCTCAGCAATGTTTATGTCAGATTTAATTAACGAATTGATACCCATTTATCAA
TTGATTTTCATGGATGTTTCTAGTTATCACGGAGGCACTGAGTCAACTGGTGAAGTTCAAAT
CATTAAAGATTTAGGTTCTTCTATTGAAAATAAAGACGTATTAATTATTGAAGATATCTTA
GAGACTGGTACTACTTAAGTCAATTACTGAATTATTACAATCTAGAAAAGTTAATTCA
TTAGAAATAGTTACTTTATTAGATAAACCAAACCGTCGTAAAGCGGACATTGAAGCTAAG
TATGTAGGTAAAAAATAACCAGATGAATTTGTTGTTGGTTACGGTTTAGATTATCGTGAA
TTATACCGAAACTTACCATATATCGGTACGTTAAACCTGAAGTGTATTCAAATTA
```

> **ftsH**

Function: protein coding sequence; cell-division protein H (core genome, constant)

Best match: ftsH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[526066:528159] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 29128 ... 31222; Length: 2094 bp

Sequence:

```
ATGCAGAAAGCTTTTCGCAATGTGCTAGTTATCGTAATAATAGGCGTTATTATTTTTGGTC
TATTTTCATATTTAAACGGTAATGGAAATATGCCGAAACAGCTTACATATAATCAATTTAC
TGAGAAGTTGGAAAAAGGTGACCTTAAACTTTAGAAATCCAACCACAACAAAATGTCT
ATATGGTAAGTGGTAAAACGAAAAATGATGAAGACTATTCATCAACTATTTTATATAACA
ACGAAAAAGAATTACAAAAAATTACTGATGCTGCTAAAAAGCAAAACGGTGTAAAATTA
ACGATTAAGAAGAAGAAAAACAAAGTGTCTTTGTGAGTATACTTTCAACATTAATTCCA
GTTGTAGTCATAGCGTTATTATTTATTTTCTTCCTAAGCCAAGCACAAAGGTGGCGGTAGTG
GCGGTCGTATGATGAACTTTGGTAAATCTAAAGCAAAAATGTACGATAATAATAAACGTC
GTGTTCTGTTTCTCTGATGTAGCAGGGGCAGATGAAGAAAAACAAGAATTAATTGAAATTG
TTGATTTCTTGAAAGATAATAAAAAATTCAAAGAAATGGGATCTAGGATTCCTAAAGGTG
TCTTACTTGTGGACCTCCAGGTACTGGTAAAACATTACTTGCTAGAGCGGTTGCAGGTG
AAGCTGGCGCACCATTTCTTCTTATTAGTGGTTCAGACTTTGTAGAGATGTTTGTGGTGT
TGGTGCAGCCGTGTTCTGTGACTTATTCGATAATGCTAAGAAAAACGCGCCTTGTATCAT
CTTTATCGATGAGATTGATGCTGTTGGTCGTCAACGTGGTGCAGGTGTTGGTGGCGGTCAT
GATGAACGTGAACAAACCCTAAACCAATTATTAGTTGAAATGGATGGTTTCGGTGAAAT
GAAGGTATCATTATGATAGCTGCTACAAACCGTCCTGATATCCTTGACCCAGCCTTATTAC
GTCCAGGTCGTTTTGATAGACAAATTCAAGTTGGTCGTCCAGATGTGAAAGGCCGTGAAG
CAATTCTTCATGTTTCATGCTAAAAACAAACCACTTGATGAAACGGTTGATTTAAAAGCAA
TTTCAACCGTACACCTGGTTTCTCAGGTGCTGATTTAGAGAACTTATTAATGAAGCATC
TTTAATTGCTGTACGTGAAGGTA AAAAGAAAATTGACATGAGAGATATCGAAGAGGCAA
CGGATAGAGTTATAGCCGGACCTGCTAAGAAATCTCGAGTTATTTCTAAGAAAGAACGTA
ATATTGTTGCTCATCACGAAGCTGGTCATACAATTATCGGTATGGTACTTGATGAGGCAG
AAGTAGTGCATAAAGTTACTATTGTTCCACGTGGACAAGCAGGTGGTTATGCAATGATGC
TACCTAAACAAGATCGTTTCTTAATGACTGAACAAGAGTTATTAGATAAAAATCTGTGGTT
TACTTGGTGGACGTGTATCAGAAGATATTAACCTTTAACGAAGTATCAACAGGTGCTTCAA
ATGACTTTCGAACGTGCAACACAAATCGCACGCTCAATGGTTACGCAATATGGTATGAGTA
AAAATTAGGACCATTACAGTTCGGTCATAGCAATGGTCAAGTATTCTTAGGTAAGATA
TGCAAGGTGAGCCTAATTATTCAAGCCAAATCGCATATGAAATTGATAAAGAAGTTCAAC
GAATCGTTAAAGAACAATACGAACGTTGTAAACAAATTTTATTAGAGCACAAAGAACAA
TTAATTTTAATTGCTGAAACATTATTAACAGAAGAAACATTAGTTGCTGAACAAATTCAA
TCATTATTCTACGAAGGTAAATTACCTGAAATTGATTATGATGCAGCTAAAGTTGTTAAA
GATGAAGATTCTGAATTTAATGATGGTAAATTCGGTAAATCTTATGAAGAGATTCGTAAA
GAGCAATTAGAAGATGGACAACGTGACGAAAGTGAAGATCGTAAAGAAGAAAAAGATA
TTGCTGAGGATAAAAAAGAAGCTGATAAATCTGATGAAAAAGATGAACCAGCACATCGA
CAAGCCCCAAATATCGAAAAACCTTACGATCCAAATCACCCAGACAATAAATAA
```

> **hslO**

Function: protein coding sequence; 33 kDa chaperonin (core genome, constant)

Best match: hslO_CC005_A9299_ACKH01000011.1[31361:32242]

Position: 015-contig_316_RC: 31450 ... 32332; Length: 882 bp

Sequence:

```
ATGACACACGATTATATTGTTAAAGCATTAGCATTGATGGGGAGATTAGGGCTTATGCT
GCTTTGACAACCTGAAACTGTTCAAGAAGCACAAACGAGACATTATACATGGCCGACAGC
ATCTGCTGCAATGGGAAGAACAATGACAGCAACAGCTATGATGGGCGCAATGTTGAAAG
GTGATCAAAAATTAACCTGTCACTGTAGATGGCCAAGGACCTATTGGACGAATTATTGCCG
ATGCAAATGCTAAAGGCGAGGTGCGTGCTTATGTAGACCATCCACAAACTCATTTTCCAT
TAAATGAGCAAGGTAAACTTGTGTAAGACGAGCAGTAGGGACAAATGGATCTATTATG
GTTGTTAAAGACGTTGGAATGAAAGACTATTTCTCTGGAGCAAGTCCAATTGTTTCAGGA
GAACTTGGTGAAGATTTTACTTATTATTATGCTACAAGTGAACAAACACCTTCATCGGTA
```

GGTCTTGGTGTATTGGTAAATCCTGATAATACGATTAAGCAGCAGGAGGATTTATCATT
CAAGTTATGCCAGGTGCCAAAGATGAAACAATTTCAAATTAGAAAAAGCAATTAGTGA
AATGACACCAGTTTCTAAATTAATTGAACAAGGATTAACGCCAGAAGGATTACTAAACGA
AATCTTAGGTGAAGACCATGTGCAAATTTAGAGAAAATACCTGTTCAATTTGAATGTAA
TTGTAGTCATGAGAAATTTTAAATGCTATTAAAGGATTGGGCGAGGCTGAGATTCAAAA
TATGATTAAGAAGATCATGGTGCTGAAGCAGTATGTCATTTCTGTGGAAATAAATATAA
ATATACTGAAGAAGAATTAACGTGTTGCTAGAAAGTTTAGCGTAA

> **cysK**

Function: protein coding sequence; cysteine synthase (core genome, constant)

Best match: *cysK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[529448:530380] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 32510 ... 33443; Length: 933 bp

Sequence:

ATGGCACAAAAACCAGTAGATAATATTACTCAAATTATTGGCGGTACACCGGTAGTCAAA
TTGAGAAATGTAGTAGATGACAATGCAGCAGATGTTTATGTAAAATTGGAATATCAAAAT
CCAGGTGGTTCTGTAAAGGATAGAATTGCTTTAGCAATGATTGAAAAAGCAGAGCGAGA
AGGCAAAATTAACCTGGCGATAACAATTGTAGAACCAACAAGTGGTAATACAGGTATCG
GTTTAGCATTTGTATGTGCTGCTAAAGGATATAAAGCAGTATTTACTATGCCCGAAACAA
TGAGCCAAGAGCGTCGTAATTTATTAAGCATAACGGTGCGGAATTAGTTTTAACGCCTG
GATCAGAAGCGATGAAAGGTGCAATTAAGAAAGCTAAAGAATTGAAAGAAGAACATGGT
TACTTCGAGCCACAACAATTTGAAAACCCTGCGAACCTGAAGTTCATGAGTAACTACA
GGTCTGAGTTATTACAACAATTTGAAGGGAAAACCTATCGATGCGTTCCTAGCTGGTGTT
GGTACTGGTGGTACGTTATCTGGTGTAGGTAAAGTTCTGAAAAAGAATATCCTAACATC
GAAATTGTTGCTATAGAGCCTGAGGCTTCTCCAGTATTGAGCGGTGGTGAGCCAGGTCCA
CATAAATTACAAGGTTTAGGTGCTGGATTTATTCCAGGCACCTTGAATACAGAAATCTAT
GACAGTATTATTAAGTAGGAAATGATACAGCGATGGAAATGTCTCGTCGAGTTGCTAAA
GAGGAAGGTATTTAGCAGGTATTTTCATCAGGTGCTGCGATTTATGCTGCCATTCAAAA
GCAAAGAATTAGGAAAAGGTAAAACAGTAGTAACAGTATTGCCGAGTAATGGTGAACG
CTACTTATCAACACCTTTATATTCATTTCGATGACTAA

> **folP**

Function: protein coding sequence; dihydropteroate synthase (core genome, constant)

Best match: *folP_CC009_21334_AGTW01000006.1*[3929:4732:r] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 33658 ... 34462; Length: 804 bp

Sequence:

ATGACTAAAACAAAAATTATGGGCATATTAACGTCACACCAGATTCATTCTCAGATGGT
GGAAAATTTAATAATGTTGAATCAGCTATAAATAGAGTGAAAGCCATGATAGATGAAGG
TGCTGACATTATAGATGTTGGAGGTGTTTCAACGAGACCCGGTCATGAAATGGTTTCATT
AGAAGAAGAGATGAACAGAGTATTACCTGTTGTTGAAGCTATTGTTCGGTTTTGATGTAAA
AATTTAGTCGATACATTTTCGAAGTGAGGTTGCTGAAGCATGTTTAAAATTAGGCGTTGA
TATGATTAATGATCAATGGGCGGGTCTGTATGATCATCGTATGTTCCAAATTGTAGCTAA
ATATGACGCGGAAATTTTAAATGCATAATGGAAATGGTAATCGTGATGAACCGGTTGT
CGAAGAAATGTTAACATCTTTGTTAGCACAAAGCACATCAAGCTAAAATAGCTGGTATACC
TTCAAATAAAATTTGGCTAGATCCAGGTATAGGTTTCGCTAAAACCTAGAAATGAAGAAGC
CGAAGTTATGGCAAGACTGGATGAACTTGTTGCAACAGAATATCCAGTTTTATTAGCGAC
AAGCCGAAACGTTTCACTAAAGAGATGATGGGTTATGATACAACACCGGTTGAAAGAG
ATGAAGTAACTGCAGCTACGACTGCATATGGTATTATGAAAGGCGTTAGAGCAGTACGCG
TTCATAATGTCGAGTTGAATGCTAAATTAGCTAAAGGTATAGATTTTTTAAAGGAGAATG
AAAATGCAAGACACAATCTTTCTTAA

> **folB**

Function: protein coding sequence; dihydroneopterin aldolase (core genome, constant)

Best match: *folB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[531377:531742] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 34439 ... 34805; Length: 366 bp

Sequence:

ATGCAAGACACAATCTTTCTTAAAGGTATGCGCTTTTATGGATATCATGGTGCTTTATCAG
CTGAAAATGAAATAGGGCAAATTTTCAAAGTGGATGTAACCTTTGAAAGTAGACTTAGCTG
AAGCTGGGCGTACTGATAATGTTATTGATACAGTTCATTATGGTGAAGTGTTCGAAGAGG
TTAAATCAATTATGGAAGGTAAGGCCGTTAATTTACTTGAGCATCTAGCTGAACGTATTG
CAAATCGTATAAATTCACAATATAATCGTGTAAATGGAAACGAAAGTGAGAATCACTAAA
GAAAACCCACCGATTCCGGGTCATTATGATGGAGTAGGTATCGAAATAGTGAGGGAGAA
TAAATGA

> **folK**

Function: protein coding sequence; 2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridin e
pyrophosphokinase (core genome, constant)

Best match: folK_CC008_NCTC8325_CP000253.1[489065:489541] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 34801 ... 35278; Length: 477 bp

Sequence:

ATGATTCAAGCATACTTAGGATTAGGTAGTAATATTGGTGATAGAGAAAGCCAGTTAAAC
GATGCTATAAAGATTTTGAATGAATATGATGGTATTAACGTATCTAATATTTCTCCGATTT
ATGAAACAGCACCAGTTGGGTATACTGAGCAACCTAACTTTTTAAATTTGTGTGTTGAAA
TTCAAACAACACTCACAGTATTACAACCTGTTGGAATGTTGTTTGAAGACAGAAGAATGTT
TACACCGTATTAGAAAGGAACGATGGGGTCCTAGAACTTTAGATGTGGATATTTTGTGTG
ATGGAGAAGAAATGATAGATTTACCAAACCTGTCGGTGCCACATCCGAGAATGAATGAA
CGTGCATTTGTTTTAATCCCATTAATGATATAGCAGCAAATGTCGTAGAACCACGTTTCG
AAATTGAAAGTGAAAGATTTAGTTTTTGTTCGATGACAGTGTAAGAGATATAAATAA

> **lysS**

Function: protein coding sequence; lysyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: lysS_leader_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[532609:532701] (completely identical)

Position: 015-contig_316_RC: 35671 ... 35764; Length: 93 bp

Sequence:

ATGGTTAATGATAAAGTATTAGAAACATCGAAAGAGATGTATGTTGAGCAAAAATGTCTG
ATATTTTATAAACTTTAAAGGAAAATGTTTGA

> **rrf**

Function: rRNA 5S ribosomal RNA

Best match: rrf_part_CC005_21172_AFEF01000015.1[3008:3119]

Position: 016-contig_250: 0 ... 30; Length: 30 bp

Sequence:

CTTACGTTCCGCTAGAGTAGAACGTTGCCA

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2546526:546597 [4_50ANF10END]

Position: 016-contig_250: 444 ... 516; Length: 72 bp

Sequence:

TGTATAAATAGAGAAGAGCAGTAAGACGGTATCTAATTGAAAATGATCTTACTGTTCTTT
TATATACTTTAT

> **Q1Y6R4**

Function: protein coding sequence; transcript regulator/GntR family (core genome, variable)

Best match: Q1Y6R4_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[799:2181:r]RC (completely identical)

Position: 016-contig_250: 595 ... 1978; Length: 1383 bp

Sequence:

TTACTTTATAATTAATGATTTTATTAGAGCGTCTACATGCGGTTTTAAAGCATCATCGTCT
ATACCGCCAAAGCCTAATATAAATTTAGGGGTTTTCTTATAGTCTTGATCATCATCAAAT
TATAAACTTGTAATTTTAACTTTACTTTGTTTGCTCTATCAAGACACTCTTGTAATGTTAAT

CCATTTTTTACTGTAATTGTAAAATGCATACCCGTTTCAGCACCTTGAATATCAAGCTGCT
CTTTGTAAGGTTTCAATCTTTTTAAAATATAGGTTAGTTTTCTACGATAAATTCGTCTCATT
TTATTTAAATGCCTTTCAAACCACCGGAAGATATAAACGTTGCAATAAGGTTTTGCATA
TGAACAGGTACAGTGTTCCTTCAATGTGATTTTTGAGAATGATATTTTTTCATTATAGAAT
AGGGTAACACCATATATGCAACTCGACAGCTAGGAAAAATAGACTTTGAAAATGTACTG
ATATAAATCACTTTTTCTCCTCTTGAATATAGACCTTGAATTGCTGGAATGGGTTTGCCGA
AATATCTAAACTCGGAATCATAATCATCTTCTATAATAAATCGTTCTTCTTTTTCTTGAGC
CCATTGTATTAATTGAGTTCGCTTTTTTAAGTCCATCACATATCCAGTTGGAAATTGATGG
GAAGGCGTTATATATACTATATTTTTTTGTGATTTAATAACTTCATCTACGTTTATTCCATT
ATCTTCAACTTCAATTTGTTTCATATTCAACTTGTTTTTATCTAAAATATTTTTGATTGGTG
GATAACTAGGTTTTTCGATAATAAATGTTGAAGTATAAAGTAAATCGACTAATTGATTTA
CTAATTGTTTCGGTAGATGAGCCAATTATAATTTGATTAGGATCACAAATTACACCACGAT
TAGTAAATAAATAAAATGCCAGTTGAAATCTTAAATGTAATTCTCCTTGAAAATGTCTCT
ACGTAATTGATTTAAATGATTTGTATCATAAAGATCTTTGGAATACTTTCTGAAAAGTTCT
ATAGGGAAATGTTTCGTATCTATTTTCATCCAAATTAAGAGCATAATCATAAGCTTCATCAC
TCGTTTTGGTTTATATGAATCATCATCAAAAAGAGAGGGGATAGGTTGATTGTTTAAAA
TTGTTAAAGATTCAATTCGGACACAAAATATCCAGAGCGAGGTCTTGAATAAATGTAAC
CTTCGTCTAATAGAAGTTGATATGCATGCTCTACGGTTGTTTGGCTGATAGACAAATGTTT
GCTTAATTGTCTTTTAGAATAAAATTTATCGCCTTCTTTAAATTGACCTTCAATTATTTGTT
TTTTTAATTTTTTCATAAAGTTGATGGTATAAAGTGTTTTTCAA

> **pdxS**

Function: protein coding sequence; pyridoxal synthetase (core genome, variable)

Best match: pdxS_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[2285:3172] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 2081 ... 2969; Length: 888 bp

Sequence:

ATGAGTAAAATTATTGGATCAGACAGAGTCAAAGAGGTATGGCTGAAATGCAAAAAGG
CGGCGTTATTATGGATGTCGTTAATGCTGAGCAAGCAAGAATTGCAGAAGAAGCTGGCGC
GGTAGCAGTTATGGCATTAGAACGAGTACCTTCTGATATTAGAGCTGCTGGTGGCGTTGC
ACGTATGGCAAACCCTAAAATTGTAGAAGAAGTAATGAATGCTGTTTCTATTCCAGTCAT
GGCTAAAGCACGTATTGGTCATATCACTGAAGCAAGAGTATTAGAGGCGATGGGTGTTGA
CTATATTGATGAATCAGAAGTGTTAACACCAGCAGATGAGGAATATCACTTAAGAAAAG
ATCAATTTACAGTACCATTTGTATGTGGATGTCGTAATTTAGGTGAAGCTGCGCGTAGAA
TTGGTGAAGGTGCTGCTATGTTACGTACTAAAGGTGAACCAGGTACAGGTAATATTGTTG
AAGCTGTAAGACATATGAGACAAGTTAATTCAGAAGTTAGTCGTTTGACTGTAATGAATG
ATGATGAGATTATGACTTTTTCGAAAGATATCGGTGCGCCTTATGAAATTTTAAAACAAA
TTAAAGACAATGGTCGTTTACCGGTAGTTAACTTTGCAGCTGGTGGCGTTGCGACTCCTCA
AGATGCTGCTTTAATGATGGAATTAGGTGCCGACGGTGTATTCGTTGGATCAGGTATTTTT
AAATCAGAAGATCCAGAAAAATTTGCTAAAGCAATTGTTCAAGCAACAACACATTACCA
AGACTATGAGCTAATTGGAAGATTAGCAAGTGAACCTGGCACTGCTATGAAAGGTTTAGA
TATCAATCAATTATCATTAGAAGAACGTATGCAAGAGCGTGGTTGGTAA

> **pdxT**

Function: protein coding sequence; amidotransferase involved in pyridoxal biosynthesis (core genome, variable)

Best match: pdxT_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[3176:3736] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 2972 ... 3533; Length: 561 bp

Sequence:

ATGAAAATAGGTGTATTAGCATTACAAGGTGCAGTACGTGAACATATTAGACATATTGAA
TTAAGTGGTCATGAAGGTATTGCAGTTAAAAAAGTTGAACAATTAGAAGAAATCGAGGG
CTTAATATTACCTGGTGGCGAGTCTACAACGTTACGTCGATTAATGAATTTATATGGATTT
AAAGAGGCTTTACAAAATTCAACTTTACCTATGTTTGGTACATGCGCAGGATTAATAGTT
CTAGCGCAAGATATAGTTGGTGAAGAAGGATACCTTAACAAGTTGAATATTACTGTACAA
CGAAACTCATTCGGTAGACAAGTTGACAGCTTTGAAACAGAATTAGATATTAATGTATC
GCTACAGATATTGAAGGTGTCTTTATAAGAGCGCCACATATTGAAAAGTAGGCCAAGGC

GTAGATATCCTATGTAAGGTTAATGAGAAAATTGTAGCCGTCCAGCAAGGTAAATATTTA
GGCGTATCATTCCATCCTGAATTAACAGATGACTATAGAGTAACTGATTACTTTATTAATC
ATATTGTAAAAAAGCATAG

> **nupC1**

Function: protein coding sequence; nucleoside permease C/locus 1 (core genome, constant)
Best match: nupC1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[549820:551034:r]RC (completely identical)

Position: 016-contig_250: 3738 ... 4953; Length: 1215 bp

Sequence:

TTAAATAAAGAATCCAGCGATTGCAGCTGAAATGAAAGATACTAGTGTTGCACCGAATA
ATAGTTTCAAACCAAAGCGGGCAACTGTATCTCCTTTTTTGTTCATTAAGTGATTTAATCGC
ACCTGAAATAATACCAATAGAGCTAAAGTTAGCAAATGATACTAAGAATACAGATGTAA
CACTTTTTGCCTGTTTCAGATAAATCACTAAGTTTACCAAGTGCTTGCATTGCTACAAATTC
GTTAGATAATAGTTTTGTGCGCCATAACTGAACCGGCTTGAAGTGCATCTTGCCATGGCAC
ACCGACTAAGAATGCAAATGGTGCAAAGACAAAACCAATTAATGTTTGGAAATCCCAAG
AAATAGCGCCACCTGAAACTGTACTAAAGATATTGCTTACAATTCATTTAATAGAGCGA
TAATAGCAATGTATCCGATTAACATTGCGCCTACAATGACAGCTACTTTAAATCCATCTA
AAATATATTCTCCTAGCATTTCGAAGAATGATTGTTGTCTTTCTTCAGTTTCTTCAACTAAT
AATTTGTCATCTTCTTCATTAACTTTATAAGGGTTAATAATTGAAGCGATGATGAAACCAC
CAAATAAGTTTAAGACAACAGCCGTTACAACATATTTAGGTTCAATTAAGGTAAAGTATG
CACCGATAATTGAAGCAGAAACAGTCGACATTGCTGAAGCTGTTAATGTGTATAAACGTT
GCTTAGGTATGTATGGTAATTGTTTTTAATTGAAATAAATACTTCAGATTGTCCCAAAT
TGCTGCAGCAACTGCATTGTATGATTCTAAACGTCCCATAACCATTAATTTAGAAATTAAG
AATCCTAAAACATTAATGATTAAGGTAATAATCTTTGTGTATTGAAGGATACCGATAATC
GCTGAAATAAATACGATAGGTAATAACTACTGAAGAAGAATGGTGGTTGCTTAGGATC
GATATATTGAATACCACCGAATACAAAGTTAACACCATCTGCTGCTTTAATAATAAGTA
GTTAAAACCGTTTGAATACCACCAATAACCTTGATTCCCATTTAGTATTTAAGCAAGAT
AAATGCAAAGATAAGCTGAATTGCAAGTAAAATTCCTACATATTTCCAGCGAATATTTTT
CCTGTCTGAGCTAAATAGAAACGCAAGTGCTAAAAGAAGATAATTCCGATAATCCCAAT
TAGAATATGCAT

> **ctsR**

Function: protein coding sequence; transcript regulator (core genome, constant)
Best match: ctsR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[551192:551653] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 5110 ... 5572; Length: 462 bp

Sequence:

ATGCACAATATGTCTGACATCATAGAACAATACATCAAACGTTTATTTGAAGAGTCGAAT
GAAGATGTCGTTGAAATTCAGAGAGCGAATATCGCACAGCGTTTTGATTGTGTACCATCA
CAATTAATTTATGTAATCAAACACGATTCCTAATGAACATGGTTATGAAATCGAAAGT
AAACGTGGTGGTGGTGGTTACATCCGAATCACTAAAATTGAAAATAAAGATGCAACAGG
TTATATTAATCATTGCTTCAGCTGATTGGACCTTCTATTTCTCAACAACAAGCTTATTATA
TTATTGATGGGCTTTTAGATAAAATGTTAATAAATGAACGTGAAGCTAAAATGATTCAAG
CAGTTATTGATAGAGAAACGCTATCAATGGATATGGTTTCTAGAGATATTATTAGAGCAA
ATATTTTAAAACGTTTGTTACCAGTTATAAATTATTACTAA

> **clpC**

Function: protein coding sequence; chaperone-like protein C (core genome, variable)
Best match: clpC_CC001_MSSA476_BX571857.1[551880:554336]

Position: 016-contig_250: 7167 ... 7197; Length: 30 bp

Sequence:

ATGTTATTTGGTAGATTAAGTACTGAGCGTGCA

> **radA**

Function: protein coding sequence; DNA repair protein A (core genome, constant)

Best match: radA_CC008-ST72_21259_AFTS01000028.1[45190:46554:r] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 10107 ... 11472; Length: 1365 bp

Sequence:

```
TTGGCCAAGAAAAAAGTGATTTTTGAATGTATGGCTTGTGGTTATCAATCTCCTAAATGG
ATGGGGAAATGTCCTAATTGTGGCGCTTGAATCAAATGGAGGAAATTGTTGAAAAAGC
AGCCAATCCTAAACATGGAGTTAAAACCAAGGAATTAGCAGGTAAAGTACAAAAATTA
ATAGTATTAACATGAAACAACGCCGAGAGTGTTAACAGATTCAGCAGAATTC AACCGT
GTATTAGGTGGAGGTATTGTGAGCGGATCGTTAGTACTTATTGGTGGGGATCCAGGTATT
GGTAAGTCAACGTTACTTTTACAAATTTGTGCATCGTTATCTCAAAGAAAAAAGTACTA
TATATTACTGGAGAAGAATCGCTTAGTCAGACTAAATTACGTGCAGAGCGATTAGATGAA
GATTCAAGTGAATTGCAAGTATTAGCTGAAACAGATCTTGAAGTATTTATCAAACAGTA
AAAGAAGAACAACCTGATTTATTAGTAGTGGATTTCGATTCAAACAATATATCATCCTGAA
ATCAGCTCTGCGCCAGGTTCTGTTTCAAAAGTTCGTGAAAGTACACAAAGTTTAAATGAAT
ATTGCTAAACAAATGAACATTGCAACTTTTATAGTGGGTTCATGTAACGAAAGAAGGTCAA
ATTGCTGGCCCAAGATTGCTAGAACACATGGTTGATACTGTGCTTTATTTTGAAGGCGAT
GAACACCACGCATATCGAATTTTTCGAGCTGTTAAAAACCGTTTTGGTTCAACGAATGAA
ATGGGAATCTTCGAAATGAAGCAAAGTGGATTAAAAGGTGTAAATAATCCATCTGAAAT
GTTTTTAGAAGAACGTTCAACAAATGTTCCAGGTTCAACAATTGTTGCAACCATGGAGGG
AACCAGACCCTTTAATAGAAGTTCAAGCGCTGGTAACTCCAACGACTTTTAAACAATCC
GAGACGAATGGCAACAGGGATTGATCATAATCGATTAAGTTTGTGATGGCTGTTTTGGA
AAAGAAAGAAAATTATCTATTACAACAACAAGATGCTTATATCAAAGTAGCTGGCGGTGT
AAAGTTAACGGAGCCAGCAGTTGATTTAAGTGTAATTGTAGCAACTGCATCTAGCTTTAA
AGATAAAGCTGTGACGGATTAGATTGCTATATTGGAGAAGTTGGTTTAAACGGGCGAGGT
ACGTCGTGTATCTCGGATAGAACAACGCGTGCAAGAGGCTGCAAACTAGGTTTTCAAC
GTGTAATTATTCCTAAAAATAATATAGGCGGATGGACATATCCTGAAGGTATACAAGTAA
TAGGTGTAACACTGTACATGAAGCATTGTCATTTGCTCTTCATTCATAA
```

> gluS

Function: protein coding sequence; glutamyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: gluS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[559208:560662]

Position: 016-contig_250: 13126 ... 14581; Length: 1455 bp

Sequence:

```
ATGAGCGATCGTATAAGAGTAAGATATGCACCAAGTCCAACCTGGTTATCTTCATATTGGT
AATGCAAGAACAGCATTATTCAATTACTTGTATGCTAAACATTACAACGGAGATTTTGTG
ATTCGAATTGAAGATACTGATAAAAAACGTAATTTAGAAGATGGAGAAACATCACAATTT
GATAATCTTAAATGGTTAGGATTAGATTGGGATGAGTCTGTAGATAAAGACAATGGCTAC
GGACCATATCGTCAATCTGAACGTCAACATATCTACCAACCATTAATAGATCAGTTACTA
GCAGAAGATAAAGCATATAAATGCTATATGACAGAAGAAGAATTAGAAGCTGAACGTGA
AGCGCAAATCGCTCGTGGTGAATGCCTCGCTATGGTGGTCAACATGCGCATTTGACTGA
AGAACAACGTCAACAATTTGAAGCAGAAGGACGCCAACCATCAATTCGTTTCCGAGTACC
TCAAACCAAACGTATTCATTTGATGATATGGTAAAAGGAAATATTTTCAATTTGATTCAA
TGGTATTGGTGACTGGGTTATCGTAAAAAAGATGGCATTCCAACGTACAATTTTGCAGT
AGCTATAGATGATCATTACATGCAAATTTTCAGATGTAATTCGTGGTGATGATCATATTTCA
AACACGCCTAAACAAATTATGATTTATGAAGCATTGGCTGGGAGCCACCTCGTTTTGGT
CATATGTCATTAATTGTTAATGAAGAACGTA AAAAGTTAAGTAAACGTGATGGGCAAATT
TTACAATTTATTGAGCAATATCGTGACTTAGGTTATTTACCTGAAGCGTTATTTAATTTA
TTGCGTTATTAGGTTGGTCTCCTGAAGGTGAAGAAGAAATCTTTTCTAAAGAAGAATTA
TCAAATCTTTGATGAAAAGCGTTTGTCAAAATCACCAGCATTTTTTCGATAAGCAAAAAT
TAGCATGGGTTAATAACCAATATATGAAACAAAAAGATACTGAAACAGTATTC AATTAG
CATTACCTCATTTAATTAAGCAAATTTGATTCCTGAGGTGCCGTCAGAAGAGGATTTATC
TTGGGGACGCAAATTAATTGCGCTTTATCAAAGAAATGGGTTATGCCGGTGAAATTGT
ACCTTTATCAGAAATGTTCTTTAAAGAAATGCCAGCTCTTGGTGAAGAAGAACAACAAGT
GATTAATGGAGAGCAAGTACCAGAGTTAATGACGCACTTATTCAGTAAATTAGAAGCACT
TGAACCATTTGAAGCGGCTGAAATTA AAAAGACAATTAAGAAGTTCAAAGAAACAG
GAATAAAAGGCAAGCAATTTATGCCTATTCGTGTTGCTGTAACAGGCCAAATGCATG
```


GTCCTGAATTACCAAATACAATTGAAGTACTTGGTAAAGAAAAAGTGCTAAACCGTTTAA
ACAATATAAGTAA

> **tbox03**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox03_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[560767:560992] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 14685 ... 14911; Length: 226 bp

Sequence:

ATAAAACGAAGGATTAGTAATTAATTTATACGATGCAGAGAGTGTACGGTTGCTGTGAG
TACAACGTAGAAATTAATGAATGCACCTTCGTAAAATGAATTAATATATAATGAGAGTG
ATGAGCATTAAAGTTGACTTAGTTTCCTTGATAATTTGGAAGCGCCCGCAATATTATTAATG
TTATTCGCTAAATTCAGAGTGGAACCGTGCGGAAGCGCCTCTAAC

> **cysE**

Function: protein coding sequence; serine acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: cysE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[561091:561732]

Position: 016-contig_250: 15009 ... 15651; Length: 642 bp

Sequence:

TTGTTAAAAAGAATGAGAGACGATATAAAAATGGTATTTGAGCAGGATCCAGCGGCACG
TTCAACATTAGAAGTCATTACAACGTATGCAGGTTTACATGCAGTTTGGAGTCATTTGATT
GCACATAAGTTATAACAACCAAAAAAATATGTTGCAGCACGCGCGATATCTCAAATTTCA
AGATTTTTCACAGGTATAGAAATCCATCCAGGTGCTAAAATTGGAAAGCGTCTATTTATA
GATCATGGTATGGGCGTTGTAATAGGAGAAACATGTACAATTGGTGATAATGTGACAATC
TATCAAGGCGTGACACTTGGTGGGACAGGGAAAGAAAGAGGGGAAAAGACACCCAGATAT
AGGAGACAATGTTTTAATAGCAGCGGGTGCGAAAGTTTTAGGAAATATTAATAATAAATTC
AAATGTAAATATTGGTGCAAATTCAGTTGTTTTACAATCAGTTCCAAGCTATTCAACGGTT
GTTGGTATACCAGGACATATTGTTAAGCAAGATGGTGTTCGAGTTGGAAAAACATTTGAT
CATCGCCATCTACCTGATCCAATTTATGAACAAATTAAGCATTTAGAACGACAACCTTGAA
AAGACTAGGAATGGAGAGATTCAAGATGATTACATTATATAA

> **cysS**

Function: protein coding sequence; cysteinyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: cysS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[561716:563116]

Position: 016-contig_250: 15634 ... 17035; Length: 1401 bp

Sequence:

ATGATTACATTATATAATACGCTTACACGTCAAAAAGAAGTGTTCAAGCCTATAGAACCA
GGAAAAGTAAAAATGTATGTATGTGGTCTACTGTATATAACTACATTCATATTGGTAAC
GCAAGACCAGCAATTAATTATGACGTAGTGAGACGTTACTTTGAATACCAAGGATATAAT
GTAGAATATGTATCAAATTTTACAGACGTAGATGATAAATTAATTAACGTTCTCAAGAA
TTAAATCAGTCTGTTCCCGAAATTGCAGAAAAATATATCGCAGCTTTTCATGAAGATGTT
GGTGCCTTAAATGTTAGAAAAGCGACTTCAAATCCAAGGTAATGGACCATATGGATGA
CATTATTCAATTTATTAAGAGTTGGTGGATCAAGGTTATGCATATGAAAGTGGTGGCGA
TGTTTACTTTAGAACACGTAATTTGAAGGTTATGGTAAATTAAGTCATCAATCCATAGAT
GACTTAAAAGTGGGTGCTCGTATAGATGCAGGAGAGCATAAAGAAGATGCACTTGATTTT
ACATTGTGGAAAAAAGCGAAGCCTGGCGAGATTAGTTGGGATAGCCATTTGGTGAAGG
TAGACCAGGATGGCATATAGAATGTTCTGTAATGGCATTTCATGAGCTAGGACCTACAAT
TGATATACATGCGGGTGGTTCAGATTTACAATTTCCACATCATGAAAATGAAATAGCACA
ATCAGAAGCACATAATCATGCGCCATTTGCTAATTATTGGATGCATAATGGTTTCATTAAT
ATTGATAATGAAAAAATGAGTAAATCACTAGGCAACTTTATTTTAGTTCACGATATTATT
AAAGAAGTTGATCCAGATGTACTAAGATTCTTTATGATTAGCGTACATTATAGAAGCCCA
ATTAACTATAATCTAGAATTTGGTAGAATCAGCACGTAGTGGACTAGAGCGTATTCGCAAT
AGTTATCAATTAATTGAAGAGCGCGCACAAATTGCTACTAATATTGAAAATCAACAGACA
TATATTGATCAAATTTGATGCGATTTTAAATCGTTTTGAAACAGTTATGAATGATGATTTTA
ATACAGCTAATGCAATTACAGCTTGGTATGATTTAGCAAACTTGCGAATAAATATGTAC
TAGAGAACACAACATCAACAGAAGTAATTGATAAATTTAAAGCAGTTTATCAAATTTTCA

CGCATGTTTTAGGTGTACCGTTAAAATCTAAAAATGCAGATGAATTATTGGATGAAGATG
TTGAAAAATTAATCGAAGAGCGTAATGAAGCAAGGAAAAACAAAGATTTTGCACGAGCA
GATGAAATTCGAGACATGCTGAAATCACAAAACATTATATTAGAAGACACACCTCAAGG
GGTTAGATTTAAACGTGGATAA

> **mrnC**

Function: protein coding sequence; minimal RNase III (core genome, constant)

Best match: mrnC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[563109:563513] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 17027 ... 17432; Length: 405 bp

Sequence:

GTGGATAATCAACAAGATAATCACATTAAATTATTGAATCCATTGACCTTAGCATATATG
GGAGACGCAGTCTTAGATCAATATGTACGTACCTATATCGTTTTAAAGCTTAAAAGTAAG
CCTAATAAACTACATCAAATGTCTAAAAAATATGTATCTGCCAAAAGTCAGGCGCAAACG
TTAGAATATTTAATGGAGCAAGAATGGTTTACAGACGAAGAAATGGATATTTTGAAGCGA
GGGCGTAACGCGAAAAGTCATACTAAAGCTAAAAACACTGATGTTCAAACATATCGTAA
AAGTTCAGCGATAGAAGCAGTGATAGGTTTTCTTTATTTAGAAAAAAGAGAAGAACGATT
AGAGGCATTATTAATAAAATAATAACAATAGTAAACGAAAGGTAG

> **yacO**

Function: protein coding sequence; tRNA/rRNA methyltransferase (core genome, constant)

Best match: yacO_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[563521:564267]

Position: 016-contig_250: 17439 ... 18186; Length: 747 bp

Sequence:

GTGGAAGATACGGTTATTGTTGGTAGGCATGCTGTTAGAGAAGCGATTATTACTGGGCAT
CCGATAAATAAGATATTGATTCAAGAAGGTATTA AAAAGCAACAAATTAATGAAATTTTA
AAAAATGCAAAGATCAAAAAATCATTGTTCAAACGTACCAAATCTAAATTAGATTTT
TTAGCAAATGCACCACATCAGGGTGTTCAGCGCTTATTGCACCATATGAATATGCTGAC
TTCGATCAATTTTTAAAACAGCAAAAAGAAAAAGAAGGTTTATCGACAGTACTTATATTA
GACGGCTTAGAAGACCCACATAACTTGGGATCAATTTTAAGAACAGCCGATGCAACGGG
AGTTGATGGTGTATTATTTCCTAACGTCGTTACAGTTACACTAACGCAAACAGTTGCAAA
AGCCTCAACAGGTGCAATTGAACATGTACCAGTTATTCGAGTGACAAATTTAGCTAAAAC
TATCGATGAACTAAAAGATAATGGCTTTTGGGTAGCTGGCACTGAAGCTAATAATGCAAC
AGATTATAGAAATCTAGAAGCGGACATGTCATTGGCTATTGTAATTGGTAGCGAAGGACA
GGGTATGAGTCGCCTAGTAAGTGATAAATGCGATTTTTATATTAAGATTCCAATGGTTGG
ACATGTAAACAGTTTGAATGCTTCGGTTGCAGCAAGTTTAAATGATGTACGAAGTATTCG
AAAAGACATGATGTTGGAGAAATATAA

> **yacP**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: yacP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[564267:564791] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 18185 ... 18710; Length: 525 bp

Sequence:

ATGAAAGAACGTTACTTAATCATTGATGGATACAATATGATAGGACAATCACCAACGCTA
AGCGCCATTGCAAAGAGAATTTAGAAGAAGCTAGAATGCAATTAATAGATGCAATTGC
AAATTATAATGCAGTTATTTAGATGAAATTTTGTGTTTTTCGATGCTTATGACCAATCG
GGTGTGAAAGAGAATACATGTATCATGGCGTTAAAACGATTTTTACCAAGGAAAAAGA
AACAGCTGATAGTTTCATAGAACGTTATGTTTATGAACTTTATGACAAGCATACTAAGCA
TATTACAGTTGTAACAAGTGATATGAGTGAGCAACATGCTATCTTTGGATCAGGTGCATA
TAGAATATCATCTCGCGAAATGTGGAGAGATTTAAAAGAAAATGAAATTGATGTGAGTA
AATCATTAGATGATATAAGTGAAAACAAGCCAAGAAGCTCGAATTCGTTATCTTCTGAAA
TCCTTGCAGAATTTGAAAAAATACGAAGAGGACATCATAAGAAATGA

> **sigH**

Function: protein coding sequence; alternative sigma subunit of RNA polymerase (core genome, variable)

Best match: sigH_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[19075:19563] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 18871 ... 19360; Length: 489 bp

Sequence:

```
ATGGATCTAAAACCATTAATTATTCGACGCATCAAACATTTGGATTTAATCATTATGATT
TAGAAGACTTATATCAAGAAATACTTATACGGATGTATAGGTCCGTCCAAACATTTGATT
TTAGTGGAGAGCAGCCTTTCACAAATTATGTTCAATGTTTAATTACGTCTGTAAAGTATGA
TTATTTGAGAAAATATTTAGCTACAAATAAAAGAATGGATAATTTGATTAATGAATATAG
AGTTACGTATCCATGTGCAATAAAGCGTTATGATGTTGAAAACAATTATTTGAATCAATT
AGCAATTAAGAGTTGATTCGTCAGTTAAGTATTTGAGTGCATTTGAAAAAGATGTCAT
GTATTTAATGTGTGAACAATATAAGCCGAGAGAAATTGCTCAACTGATGCATGTAAAAGA
GAAAGTGATTTATAATGCCATACAACGATGTAAAAATAAAATAAAACGTTATTTCAAAT
GATTTGA
```

> **L10**

Function: noncoding RNA ribosomal protein L leader RNA (core genome, constant)

Best match: L10_leader_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[568089:568235]

Position: 016-contig_250: 22007 ... 22154; Length: 147 bp

Sequence:

```
CTTATTGTGATTATTTTACCTAAGACAGTAGGAGTTATTTATAACTTAAACTTATCCTGC
CGAGGCTAAAATTGACTTGAACGTGATGATCTATGATCTTTC AAGCACTTTTTGCCGTGGG
TAGAAAGTGCTTTTTTTATTAATTT
```

> **rpmG**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L33 (core genome, constant)

Best match: rpmG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[565556:565699] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 19474 ... 19618; Length: 144 bp

Sequence:

```
GTGAGAAAAATACCTTTAAATTGTGAAGCTTGTGGCAATAGAAATTATAATGTTCTAAG
CAAGAAGGCTCGGCAACAAGATTAACCTTAAAGAAATATTGTCCAAAATGTAACGCGCA
CACAATTCATAAAGAATCGAAATAA
```

> **secE**

Function: protein coding sequence; preprotein translocase subunit (core genome, constant)

Best match: secE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[565755:565937] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 19673 ... 19856; Length: 183 bp

Sequence:

```
ATGGCTAAAAAAGAAAGTTTCTTTAAAGGCGTTAAGTCTGAAATGGAAAAACAAGTTG
GCCGACGAAAGAAGAGCTATTTAAATATACTGTAATTGTAGTTTCTACTGTTATATTCTTC
TTAGTCTTTTTCTATGCCTTAGATTTAGGAATTACAGCATTGAAAATTTATTATTTGGTTA
G
```

> **nusG**

Function: protein coding sequence; transcription antitermination protein (core genome, constant)

Best match: nusG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[565950:566498] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 19868 ... 20417; Length: 549 bp

Sequence:

```
ATGTCTGAAGAAGTTGGCGCAAAGCGTTGGTATGCAGTGCATACATATTCTGGATATGAA
AATAAAGTTAAAAAGAATTTAGAAAAAAGAGTAGAATCTATGAATATGACTGAACAAAT
CTTTAGAGTAGTCATACCGGAAGAAGAAGAACTCAAGTAAAAGATGGCAAAGCTAAAA
CGACTGTTAAAAAACATTCCTGGATATGTTTTAGTGGAAATTAATCATGACAGATGAAT
CATGGTATGTGGTAAGAAATACACCAGGTGTTACTGGTTTTGTAGGTTCTGCAGGTGCAG
GGTCTAAGCCAAATCCATTGTTACCAGAAGAAGTTCGCTTCATCTTAAAACAAATGGGTC
TTAAAGAAAAGACTATCGATGTTGAACTCGAAGTTGGCGAGCAAGTTCGTATTAATCAG
GTCCATTTGCGAATCAAGTTGGTGAAGTTCAAGAAATTGAAACAGATAAGTTTAAGCTAA
```

CAGTATTAGTAGATATGTTTGGCCGAGAAACACCAGTAGAAGTTGAATTCGATCAAATAG
AAAAGCTTTAA

> **rplJ**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L10 (core genome, constant)

Best match: rplJ_CC001_MSSA476_BX571857.1[566904:567404] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 22191 ... 22692; Length: 501 bp

Sequence:

ATGTCTGCTATCATTGAAGCTAAAAACAACACTAGTTGATGAAATTGCTGAGGTA
ACTATCA AATTCAGTTTCAACAGTAATCGTTGACTACCGTGGATTAACAGTAGCTGAAGTTACTGAC
TTACGTTCACAATTACGTGAAGCTGGTGTGAGTATAAAGTATACAAAACACTATGGTA
CGTCGTGCAGCTGAAAAAGCTGGTATCGAAGGCTTAGATGAATTCCTAACAGGTCCTACT
GCTATTGCAACTTCAAGTGAAGATGCTGTAGCTGCAGCGAAAGTAATTTCTGGATTTGCT
AAAGATCATGAAGCATTAGAAATTAATCAGGCGTTATGGAAGGCAATGTTATTACAGC
AGAAGAAGTTAAAAGTGGTTCATTACCTTCACACGATGGTCTTGTATCTATGCTTTTA
TCAGTATTACAAGCTCCTGTACGCAACTTCGCTTATGCGGTTAAAGCTATTGGAGAACA
AAAGAAGAAAGCGCTGAATAA

> **rplL**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L7/L12 (core genome, constant)

Best match: rplL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[568816:569184] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 22734 ... 23103; Length: 369 bp

Sequence:

ATGGCTAATCATGAACAAATCATTGAAGCGATTAAGAAATGTCAGTATTAGAATTAAC
GACTTAGTAAAAGCAATTGAAGAAGAATTTGGTGTAACTGCAGCTGCTCCAGTAGCAGTA
GCAGGTGCAGCTGGTGGCGCTGACGCTGCAGCAGAAAAAACTGAATTTGACGTTGAGTT
AACTTCAGCTGGTTCATCTAAAATCAAAGTTGTTAAAGCTGTTAAAGAAGCAACTGGTTT
AGGATTAAGAAGATGCTAAAGAATTAGTAGACGGAGCTCCTAAAGTAATCAAAGAAGCTT
TACCTAAAGAAGAAGCTGAAAAACTTAAAGAACAATTAGAAGAAGTTGGAGCTACTGTA
GAATTAATAAATAA

> **Q5HID4**

Function: protein coding sequence; 16S rRNA methyltransferase C (core genome, constant)

Best match: Q5HID4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[569359:569967] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 23277 ... 23886; Length: 609 bp

Sequence:

ATGAGTCATTATTACGATGAAGATCCAAGTGTAATTAGCAATGAACAACGTATTCAATAT
CAATTAACCATCATAAAATTGATTTAATAACTGATAATGGAGTGTTCGAAAGATAAA
GTAGATTATGGTTCAGATGTTCTTGTTCAAACCTTTTTTAAAAGCGCATCCACCTGGTCCAA
GTAAGCGAATTGCCGATGTTGGTTGTGGTTACGGACCAATTGGTTTGATGATTGCTAAAG
TATCACCACATCATTCAATTACAATGCTAGATGTTAATCACAGAGCGCTAGCCTTAGTTG
AAAAAAACAAAAAATAAATGGTATTGATAATGCGATCGTAAAGGAAAGTGATGCTTTG
TCTGCTGTGGAAGACAAAAGTTTTGATTTTATTTTAACCAATCCACCAATAAGAGCAGGG
AAAGAAACCGTGCATCGTATATTGAGCAAGCATTACATAGATTAGACTCGAACGGTGA
ACTATTCGTTGTAATTCAGAAGAAGCAAGGTATGCCATCTGCAAAGAAAAGAATGAATG
AACTTTTTGGAAATGTAGAAGTGGTAAATAAAGATAAAGGATATTACATTCTGAGAAGTA
TAAAAGCTTGA

> **rpoB**

Function: protein coding sequence; DNA-directed RNA polymerase beta subunit (core genome, variable)

Best match: rpoB_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[24304:27855] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 24100 ... 27652; Length: 3552 bp

Sequence:

TTGGCAGGTCAAGTTGTCCAATATGGAAGACATCGTAAACGTAGAAACTACGCGAGAATT
TCAGAAGTATTAGAATTACCAAACCTAATAGAAATTCAAACCTAAATCTTACGAGTGGTTC
CTAAGAGAAGGTTTAATCGAAATGTTTAGAGACATTTCTCCAATTGAAGATTTTACTGGT
AATTTGTCATTAGAGTTTGTGGATTACCGTTTAGGAGAACCAAAATATGATTTAGAAGAA
TCTAAAAACCGTGACGCTACTTATGCTGCACCTCTTCGTGTAAAAGTGCCTAATCATTAA
AAGAAACAGGAGAAGTTAAAGAACAAGAAGTCTTTATGGGTGATTTCCCATTAAATGACT
GATACAGGTACGTTTCGTTATCAATGGTGCAGAACGTGTAATCGTATCTCAATTAGTTCGTT
CACCATCCGTTTATTTCAATGAAAAAATCGACAAAAATGGTCGTGAAAACCTATGATGCAA
CAATTATCCAAACCGTGGTGCATGGTTAGAATATGAAACAGATGCTAAAGATGTTGTAT
ACGTACGTATTGATAGAACACGTAAACTACCATTAACAGTATTGTTACGTGCATTAGGTT
TCTCAAGTGACCAAGAAATTGTTGACCTTTTAGGTGACAATGAATATTTACGTAATACTTT
AGAGAAAGACGGCACTGAAAACACTGAACAAGCGTTATTAGAAATCTATGAACGTTTAC
GTCCAGGTGAACCACCAACTGTTGAAAATGCTAAAAGTCTATTGTATTCACGTTTCTTTGA
TCCAAAACGCTATGACTTAGCAAGCGTGGGTGCTTATAAAACAAACAAAAAATTACATTT
AAAACATCGTTTATTTAATCAAAAATTAGCTGAGCCAATTGTAAATACTGAAAACCTGGTGA
AATTGTAGTTGAAGAAGGTACAGTGCTTGCATCGTAAAATCGACGAAATCATGGATGT
ACTTGAATCAAATGCAAACAGCGAAGTGTTGAATTGCATGGTAGCGTTATAGACGAGCC
AGTAGAAATTCAATCAATTAAGTATATGTTCCCTAACGATGATGAAGGTCGTACGACAAC
TGTAATTGGTAATGCTTTCCCTGACTCAGAAGTTAAATGCATTACACCAGCAGATATCATT
GCTTCAATGAGTTACTTCTTTAACTTATTAAGCGGTATTGGATATACAGATGATATTGACC
ATTTAGGTAACCGTCGTTTACGTTCTGTAGGTGAATTACTACAAAACCAATTCCGTATCGG
TTTATCAAGAATGGAAAGAGTTGTACGTGAAAGAATGTCAATTCAAGATACTGAGTCTAT
CACACCTCAACAATTAATTAATATTTCGACCTGTTATTGCATCTATTAAGAATTCTTTGGT
AGCTCTCAATTATCACAATTCATGGACCAAGCAAATCCATTAGCTGAGTTAACGCATAAA
CGTCGTCTATCAGCATTAGGACCTGGTGGTTTAAACACGTGAACGTGCTCAAATGGAAGTA
CGTGACGTTCACTACTCTCACTATGGCCGTATGTGTCCAATTGAAACACCTGAGGGACCA
AACATTGGATTGATTAACCTCATTATCAAGTTATGCACGTGTAATGAATTCGGCTTTATTG
AAACACCATATCGTAAAGTTGATTTAGATACACATGCTATCACTGATCAAATGACTATTT
AACAGCTGACGAAGAAGATAGCTATGTTGTAGCACAAGCAAACCTCTAAATTAGATGAAA
ATGGTCGTTTCATGGATGATGAAGTTGTATGTCGTTTCCGTGGTAACAACACAGTTATGGC
TAAAGAAAAAATGGATTATATGGATGTATCGCCGAAGCAAAGTTGTTTTCAGCAGCGACAG
CATGTATTCATTCTTAGAAAATGATGACTCAAACCGTGCATTGATGGGTGCGAACATGC
AACGTCAAGCAGTGCCCTTGTGAATCCAGAAGCACCATTTGTTGGAACAGGTATGGAAC
ACGTTGCAGCACGTGATTCTGGTGCAGCTATTACAGCTAAGCACAGAGGTGCTGTTGAAC
ATGTTGAATCTAATGAAATTCTTGTACGTGCTAGTTGAAGAGAACGGCGTTGAGCATG
AAGGTGAATTAGATCGCTATCCATTAGCTAAATTTAAACGTTCAAACCTCAGGTACATGTT
ACAACCAACGTCCAATCGTTGCAGTTGGAGATGTTGTTGAGTATAACGAGATTTTAGCAG
ATGGACCATCTATGGAATTAGGAGAAATGGCATTAGGTAGAAACGTAGTAGTTGGTTTCA
TGACTTGGGACGGTTACAACCTATGAGGATGCCGTTATCATGAGTGAAAGACTTGTGAAAG
ATGACGTGTATACTTCTATTTCATATTGAAGAGTATGAATCAGAAGCACGTGATACTAAGT
TAGGACCTGAAGAAATCACAAGAGATATTCCTAATGTTTCTGAAAGTGCCTTAAGAACT
TAGACGATCGTGGTATCGTTTATATTGGTGCAGAAGTAAAAGATGGAGATATTTTAGTTG
GTAAAGTAACGCCTAAAGGTGTAACCTGAGTTAACTGCCGAAGAAAGATTGTTACATGCA
ATCTTTGGTGAAAAAGCACGTGAAGTTAGAGATACTTCATTACGTGTACCTCACGGCGCT
GGCGGTATCGTTCTTGATGTAAAAGTATTCAATCGCGAAGAAGGCGACGATACATTATCA
CCTGGTGTAACCAATTAGTACGTGTATACATCGTTCAAAAACGTAAAATTCATGTTGGT
GATAAGATGTGTGGTGCACATGGTAACAAAGGTGTCATTTCTAAGATTGTTCTGAAGAA
GATATGCCTTACTTACCAGACGGACGTCCGATCGATATCATGTTAAACCTCTTGGTGTAC
CATCTCGTATGAACATCGGACAAGTATTAGAGCTACACTTAGGTATGGCTGCTAAAAATC
TTGGTATTCACGTTGCATCACCAAGTATTTGACGGTGCAAACGATGACGATGTATGGTCAA
CAATTGAAGAAGCTGGTATGGCTCGTGATGGTAAAACCTGTACTTTATGATGGACGTACAG
GTGAACCATTCGATAACCGTATTTTCAGTAGGTGTAATGTACATGTTGAAACTTGCGCACA
TGGTTGATGATAAATTACATGCGCGTTCAACAGGACCATATTCATTGTTACACAACAAC
CACTTGGCGGTAAGCGCAATTCGGTGGACAACGTTTTGGTGAGATGGAGGTATGGGCAC
TTGAAGCATATGGTGCTGCATACACATTACAAGAAATCTTAACTTACAAATCCGATGATA
CAGTAGGACGTGTGAAAACATACGAGGCTATTGTTAAAGGTGAAAACATCTCTAGACCA

AGTGTTCCAGAATCATTCCGAGTATTGATGAAAGAATTACAAAGTTTAGGTTTAGATGTA
AAAGTTATGGATGAGCAAGATAATGAAATCGAAATGACAGACGTTGATGACGATGATGT
TGTAGAACGCAAAGTAGATTTACAACAAAATGATGCTCCTGAAACACAAAAAGAAGTTA
CTGATTAA

> **rpoC**

Function: protein coding sequence; DNA-directed RNA polymerase beta' subunit (core genome, constant)

Best match: rpoC_CC008_NCTC8325_CP000253.1[525848:529471] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 27788 ... 31412; Length: 3624 bp

Sequence:

TTGATTGATGTAATAATTTCCATTATATGAAAATAGGATTGGCTTCACCTGAAAAAATC
CGTTCTTGGTCTTTTGGTGAAGTTAAAAACCTGAAACAATCAACTACCGTACATTA
CCTGAAAAAGATGGTCTATTCTGTGAAAGAATTTTCGGACCTACAAAAGACTGGGAATGT
AGTTGTGGTAAATACAAACGTGTTTCGCTACAAAGGCATGGTCTGTGACAGATGTGGAGTT
GAAGTAACTAAATCTAAAGTACGTCGTGAAAGAATGGGTCACATTGAACTTGCTGCTCCA
GTTTCTCACATTTGGTATTTCAAAGGTATACCAAGTCGTATGGGATTACTTGACATGT
CACCAAGAGCATTAGAAGAAGTTATTTACTTTGCTTCTTATGTTGTTGTAGATCCAGGTCC
AACTGGTTTAGAAAAGAAAACCTTTATTATCTGAAGCTGAATTCAGAGATTATTATGATAA
ATACCCAGGTCAATTCGTTGCAAAAATGGGTGCAGAAGGTATTAAGATTACTTGAAGA
GATTGATCTTGACGAAGAACTTAAATTGTTACGCGATGAGTTGGAATCAGCTACTGGTCA
AAGACTTACTCGTGCAATTAACCGTTTAGAAGTTGTTGAATCATTCCGTAATTCAGGTAA
CAAACCTTCATGGATGATTTTAGATGTACTTCCAATCATCCCACCAGAAATTCGTCCAATG
GTTCAATTAGATGGTGGACGATTTGCAACAAGTGACTTAAACGACTTATACCGTCGTGTA
ATTAATCGAAATAATCGTTTGAAACGTTTATTAGATTTAGGTGCACCTGGTATCATCGTTC
AAAACGAAAACGTATGTTACAAGAAGCCGTTGACGCTTAAATTGATAATGGTTCGTGCTG
GTCGTCCAGTACTGGCCAGGTAACCGTCCATTA
AAAATCTTTATCTCATATGTTAAAAG
TAAACAAGGTCGTTTCCGTCAAAACCTTACTTGGTAAACGTGTTGACTATTCAGGACGTT
AGTTATTGCAGTAGGTCCAAGCTTGA
AAATGTACCAATGTGGTTTACCAA
AAAGAAATGGC
ACTTGA
ACTATTTAAACCATTTCGTAATGAA
AGAATTAGTTCAACGTGAAATTGCA
ACTAAC
CATTAAAAATGCGAAGAGTAA
AATCGAACGTATGGATGATGAAGTT
TGGGACGTATTGG
AAGAAGTAATTAGAGAACATCCTGT
ATTACTTAAACCGTGCACCAACACTT
CATAGACTTG
GTATTCAAGCATTGAA
CCAACCTT
AGTTGAAGGTCGTGCGATT
CGTCTACATCCACTTGT
ACAACAGCTTATAACGCTGACTTT
GACGGTGACCAAATGGCGGTT
CACGTTCC
TTTATC
AAAAGAGGCACAAGCTGAAGCA
AGAATGTTGATGTTAGCAGCACAA
AACATCTTGAACC
CTAAAGATGGTAAACCTGTAGTT
ACACCATCACAAAGATATGGTACT
TGGTAACTATTACC
TTACTTTAGAAAGAAAAGATGC
AGTAAATACAGGCGCAATCTTTA
ATAATACAAATGAA
GTATTA
AAAGCATATGCAAATGGCTTTGT
ACATTTACACACTAGAATTGGTGT
ACATGCA
AGTTCGTTCAATAATCCAACATTT
ACTGAAGAACAAAACAAAAGATT
CTTGCTACGTCA
GTAGGTA
AAATTATATTCAATGAAATCATT
CCAGATTCATTTGCTTATATTAAT
GAACCTA
CGCAAGAAA
ACTTAGAAAGAAAGACACCAA
ACAGATATTT
CATCGATCCTACA
ACTTTA
GGTGAAGGTGGATTAA
AAGAATACTTTGAAAATGAAGA
ATTAATTGAACCTTTCAACAA
AAAATTCTTAGGTAATATTATT
GCAGAAGTATTCAACAGATTTAG
CATCACTGATACATC
AATGATGTTAGACCGTATGAA
AGACTTAGGATTCAAATTCTCAT
CTAAAGCTGGTATTAC
AGTAGGTGTTGCTGATATCGT
AGTATTACCTGATAAGCAACA
AATACTTGATGAGCATGA
AAAATTAGTCGACAGAATTACA
AAAACAATTC AACCGTGGTTA
ATCACTGAAGAAGAAA
GATATAATGCAGTTGTTGAA
ATTTGGACAGATGCAAAAGAT
CAAATTC AAGGTGAATTGA
TGCAATCACTTGATAAA
ACTAACCCAATCTTCATGAT
GAGTGATTCAGGTGCCCGT
GGTA
ACGCATCTAACTTTACAC
AGTTAGCAGGTATGCGTGG
ATTGATGGCCGCACCATCT
GGTA
AGATTATCGAATTACCAAT
CACATCTTCATTCCGTGA
AAGGTTAACAGTACTTGA
ATACTT
CATCTCAACTCACGGTGC
ACGTAAAGGTCTTGCCG
ATACAGCACTTAAACAG
CTGACTC
AGGATATCTTACTCGT
CGTCTTGTTGACGTGGC
ACAAGATGTTATTGTT
CGTGAAGAAGA
CTGTGGTACTGATAG
AGGTTTATTAGTTTCT
GATATTAAGAAGGTAC
AGAAATGATTGA
ACCATTTATCGAACGT
ATTGAAGGTCGTTATT
CTAAAGAAACAATTC
GTCATCCTGAAAC
TGATGAAATAATCATT
CGTCCTGATGAATTA
ATTACACCTGAAATT
GCTAAGAAAATTAC
AGATGCTGGTATTGA
ACAAATGTATATT
CGCTCAGCATTTACTT
GTAACGCACGACATGG

TGTTTGTGAAAAATGTTACGGTAAAAACCTTGCTACTGGTGAAAAAGTTGAAGTTGGTGA
AGCAGTTGGTACAATTGCAGCCCAATCTATCGGTGAACCAGGTACACAGCTTACAATGCG
TACATTCCATACAGGTGGGGTAGCAGGTAGCGATATCACACAAGGTCTTCCTCGTATTCA
AGAGATTTTCGAAGCACGTAACCCTAAAGGTCAAGCGGTAATTACGGAAATCGAAGGTG
TCGTAGAAGATATTAATTAGCAAAAAGATAGACAACAAGAAATTGTTGTTAAAGGTGCT
AATGAAACAAGATCATACTTGCTTCAGGTACTTCAAGAATTATTGTAGAAATCGGTCAA
CCAGTTCAACGTGGTGAAGTATTAAGTGAAGGTTCTATTGAACCTAAGAATTACTTATCT
GTTGCTGGATTAAACGCGACTGAAAGCTACTTATTAAGAAGTACAAAAAGTTTACCGT
ATGCAAGGTGTAGAAATCGACGATAAACACGTTGAGGTTATGGTTCGACAAATGTTACGT
AAAGTTAGAATTATCGAAGCAGGTGATACGAAGTTATTACCAGGTTTATTAGTTGATATT
CATAACTTTACAGATGCAAATAGAGAAGCATTAAACACCGTAAGCGTCTGCAACAGCT
AAACCAGTATTACTTGGTATTACTAAAGCATCACTTGAAACAGAAAAGTTTCTTATCTGCA
GCATCATTCCAAGAAACAACAAGAGTTCTTACAGATGCAGCAATTAAGGTAAGCGTGA
TGACTTATTAGGTCTTAAAGAAAACGTAATTATTGGTAAGTTAATTCCAGCTGGTACTGGT
ATGAGACGTTATAGCGACGTAATAACGAAAAACAGCTAAACCAGTTGCAGAAGTTGA
ATCTCAAACCTGAAGTAACGGAATAA

> **rplGAe**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L7Ae (core genome, constant)

Best match: rplGAe_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[577630:577884] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 31548 ... 31803; Length: 255 bp

Sequence:

TTGTCTAAGGAAAAAGTTGCACGCTTTAACAAACAACATTTTGTAGTTGGTCTTAAAGAA
ACGCTTAAAGCGTTAAAGAAAGATCAAGTTACATCTTTGATTATTGCTGAAGACGTTGAA
GTATATTTAATGACTCGCGTGTTAAGCCAAATCAATCAGAAAAATATACCTGTATCTTTTT
TCAAAGCAAACATGCTTTGGGTAAACATGTAGGTATTAACGTCAATGCGACAATAGTAG
CATTGATTAATGA

> **rpsL**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S12 (core genome, constant)

Best match: rpsL_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[611666:612079] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 31900 ... 32314; Length: 414 bp

Sequence:

ATGCCAACTATTAACCAATTAGTACGTAAACCAAGACAAAGCAAAATCAAAAAATCAGA
TTCTCCAGCTTTAAATAAAGGTTTCAACAGTAAAAAGAAAAAATTTACTGACTTAAACTC
ACCACAAAAACGTGGTGTATGTACTCGTGTAGGTACAATGACACCTAAAAAACCTAACTC
AGCGTTACGTAAATATGCACGTGTGCGTTTATCAAACAACATCGAAATTAACGCATACAT
CCCTGGTATCGGACATAACTTACAAGAACACAGTGTTGTACTTGTACGTGGTGGACGTGT
AAAAGACTTACCAGGTGTGCGTTACCATATTGTACGTGGAGCACTTGATACTTCAGGTGT
TGACGGACGTAGACAAGGTCGTTTATTATACGGAACCTAAGAAACCTAAAAACTAA

> **rpsG**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S7 (core genome, constant)

Best match: rpsG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[578461:578931] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 32379 ... 32850; Length: 471 bp

Sequence:

ATGCCTCGTAAAGGATCAGTACCTAAAAGAGACGTATTACCAGATCCAATTCATAACTCT
AAGTTAGTAACTAAATTAATTAACAAAATTATGTTAGATGGTAAACGTGGAACAGCACAA
AGAATTCCTTTATTCAGCATTTCGACCTAGTTGAACAACGCAGTGGTCGTGATGCATTAGAA
GTATTCGAAGAAGCAATCAACAACATTATGCCAGTATTAGAAGTTAAAGCTCGTCGTGTA
GGTGGTTCTAACTATCAAGTACCAGTAGAAGTTCGTCCAGAGCGTCGTACTIONTTAGGT
TTACGTTGGTTAGTTAACTATGCACGTCTTCGTGGTGA AAAAACGATGGAAGATCGTTTA
GCTAACGAAATTTTAGATGCAGCAAATAATACAGGTGGTGCCGTTAAGAAACGTGAGGA
CACTCACAAAATGGCTGAAGCAAACAAGCATTGCTCACTACCGTTGGTAA

> **efg**

Function: protein coding sequence; translation elongation factor G (core genome, constant)
Best match: efg_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[33176:35257] (completely identical)
Position: 016-contig_250: 32972 ... 35054; Length: 2082 bp

Sequence:

```
ATGGCTAGAGAATTTTCATTAGAAAAAAGCTCGTAATATCGGTATCATGGCTCACATTGAT
GCTGGTAAAACGACTACGACTGAACGTATTCTTTATTACACTGGCCGTATCCACAAAATT
GGTGAACACACGAAGGTGCTTCACAAATGGACTGGATGGAGCAAGAACAAGACCGTGG
TATTACTATCACATCTGCTGCAACAACAGCAGCTTGGGAAGGTCACCGTGTAACATTAT
CGATACACCTGGACACGTAGACTTCACTGTAGAAGTTGAACGTTTATTACGTGTACTTGA
CGGAGCAGTTACAGTACTTGTATGCACAATCAGGTGTTGAACCTCAAACAGTTTG
GCGTACAGGCTACAACCTTATGGTGTTCCACGTATCGTATTTGTAAACAAAATGGACAAATT
AGGTGCTAACTTCGAATACTCTGTAAGTACATTACATGATCGTTTACAAGCTAACGCTGCT
CCAATCCAATTACCAATTGGTGCGGAAGACGAATTCGAAGCAATCATTGACTTAGTTGAA
ATGAAATGTTTCAAATATACAAATGATTTAGGTACTGAAATTGAAGAAATTGAAATTCCT
GAAGACCACTTAGATAGAGCTGAAGAAGCTCGTGCTAGCTTAATCGAAGCAGTTGCAGA
AACTAGCGACGAATTAATGGAAAAATATCTTGGTGACGAAGAAATTCAGTTTCTGAATT
AAAAGAAGCTATCCGCCAAGCTACTACTAACGTAGAATTCTACCCAGTACTTTGTGGTAC
AGCTTTCAAAAACAAAGGTGTTCAATTAATGCTTGACGCTGTAATTGATTACTTACCTTCA
CCACTAGACGTTAAACCAATTATTGGTACCCTGCTAGCAACCCTGAAGAAGAAGTAATC
GCGAAAGCAGACGATTCAGCTGAATTCGCTGCATTAGCGTTCAAAGTTATGACTGACCCT
TATGTTGGTAAATTGACATTCTTCCGTGTGTATTACAGGTACAATGACATCTGGTTCATACG
TTAAGAACTCTACTAAAGGTAAACGTGAACGTGTAGGTCGTTTATTACAAATGCACGCTA
ACTCACGTCAAGAAATCGATACTGTATACTCTGGAGATATCGCTGCTGCGGTAGGTCTTA
AAGATACAGGTACTGGTGATACTTTATGTGGTGAGAAAAATGACATTATCTTGGAATCAA
TGGAATTCCCAGAGCCAGTTATTCATTATCAGTAGAGCCAAAATCTAAAGCTGACCAAG
ATAAAATGACTCAAGCTTTAGTTAAATTACAAGAAGAAGACCCAACATTCCATGCACACA
CTGACGAAGAACTGGACAAGTTATCATCGGTGGTATGGGTGAGCTTCACTTAGACATCT
TAGTAGACCGTATGAAGAAAGAATCAACGTTGAATGTAACGTAGGTGCTCCAATGGTTT
CATATCGTGAAACATTCAAATCATCTGCACAAGTTCAAGGTAATTTCTCTCGTCAATCTG
GTGGTCGTGGTCAATACGGTGATGTTACATTGAATTCACACCAAACGAAACAGGCGCAG
GTTTCGAATTCGAAAACGCTATCGTTGGTGGTGTAGTTCCTCGTGAATACATTCCATCAGT
AGAAGCTGGTCTTAAAGATGCTATGAAAATGGTGTCTTAGCAGGTTATCCTTTAATTGA
TGTTAAAGCTAAATTATATGATGGTTCATACCATGATGTCGATTATCTGAAATGGCCTTC
AAAATTGCTGCATCATTAGCACTTAAAGAAGCTGCTAAAAAATGTGATCCTGTAATCTTA
GAACCAATGATGAAAGTAACTATTGAAATGCCTGAAGAGTACATGGGTGATATCATGGG
TGACGTAACATCTCGTCGTGGACGTGTTGATGGTATGGAACCTCGTGGTAATGCACAAGT
TGTTAATGCTTATGTACCACTTTCAGAAATGTTCCGTTATGCAACATCATTACGTTCAAAC
ACTCAAGGTCGCGGTACTTACACTATGTACTTCGATCACTATGCTGAAGTTCCAAAATCA
ATCGCTGAAGATATTATCAAGAAAAATAAAGGTGAATAA
```

> **tuf**

Function: protein coding sequence; translation elongation factor Tu (core genome, constant)
Best match: tuf_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[35474:36658] (completely identical)
Position: 016-contig_250: 35270 ... 36455; Length: 1185 bp

Sequence:

```
ATGGCAAAGAAAAATTCGATCGTCTAAAGAACATGCCAATATCGGTACTATCGGTCAC
GTTGACCATGGTAAAACAACATTAACAGCAGCAATCGCTACTGTATTAGCAAAAAATGGT
GACTCAGTTGCACAATCATATGACATGATTGACAACGCTCCAGAAGAAAAAGAACGTGG
TATCACAATCAATACTTCTCACATTGAGTACCAAACCTGACAAACGTCACTACGCTCACGT
TGACTGCCCAGGACACGCTGACTACGTTAAAAACATGATCACTGGTGCTGCTCAAATGGA
CGGCGGTATCTTAGTAGTATCTGCTGCTGACGGTCCAATGCCACAAACTCGTGAACACAT
TCTTTTATCACGTAACGTTGGTGTACCAGCATTAGTAGTATTCTTAAACAAAGTTGACATG
GTTGACGATGAAGAATTATTAGAATTAGTAGAAATGGAAGTTCGTGACTTATTAAGCGAA
TATGACTTCCCAGGTGACGATGTACCTGTAATCGCTGGTTCAGCATTAAAGCTTTAGAA
```


GGCGATGCTCAATACGAAGAAAAAATCTTAGAATTAATGGAAGCTGTAGATACTTACATT
CCAACCTCCAGAACGTGATTCTGACAAACCATTTCATGATGCCAGTTGAGGACGTATTCTCA
ATCACTGGTTCGTGGTACTGTTGCTACAGGCCGTGTTGAACGTGGTCAAATCAAAGTTGGT
GAAGAAGTTGAAATCATCGGTTTACATGACACATCTAAAACAACCTGTTACAGGTGTTGAA
ATGTTCCGTAAATTATTAGACTACGCTGAAGCTGGTGACAACATTGGTGCATTATTACGT
GGTGGTTCGTGAAGACGTACAACGTGGTCAAGTATTAGCTGCTCCTGGTTCAATTACA
CCACATACTGAATTCAAAGCAGAAGTATACGTATTATCAAAAAGACGAAGGCCGACGTCA
CACTCCATTCTTCTCAAACCTATCGTCCACAATTCTATTTCCGTACTACTGACGTAACCTGGT
GTTGTTCACTTACCAGAAGGTACTGAAATGGTAATGCCTGGTGATAACGTTGAAATGACA
GTAGAATTAATCGCTCCAATCGCGATTGAAGACGGTACTCGTTTCTCAATCCGTGAAGGT
GGACGTACTGTAGGATCAGGCCGTTGTTACTGAAATCATTAAATAA

> **txbi_1000-1**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: txbi_1000-1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2582708:582783 [4_50ANF10END]

Position: 016-contig_250: 36626 ... 36702; Length: 76 bp

Sequence:

GACATTGTA AAAATGCTCCCTTCAAAGTTTTTCATTTTTTCAATGTCTACTTTGAAGAGAGCA
TTTCATTAGTTTTATG

> **kbl**

Function: protein coding sequence; 2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (core genome, constant)

Best match: kbl_CC008_NCTC8325_CP000253.1[536142:537329] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 38082 ... 39270; Length: 1188 bp

Sequence:

GTGGTTCAATCATTACATGAGTTTTAGAGGAAAATATAAATTATCTAAAAGAAAATGGT
TTGTATAATGAAATAGATACAATTGAAGGTGCAAACGGACCAGAAATCAAATCAATGG
GAAATCATACTAATACTTATCTTCAAATAATTATTTAGGACTAGCAACAAATGAAGATTT
GAAATCAGCTGCAAAGCAGCTATTGATACACATGGTGTAGGTGCAGGCGCTGTTCGTAC
AATCAATGGTACATTAGATTTACACGACGAATTAGAAGAAACACTAGCAAAATTTAAAG
GAACAGAAGCTGCAATAGCTTATCAATCAGGATTTAATTGTAATATGGCTGCTATTTTCAG
CTGTCATGAATAAAAATGATGCTATTTTTATCAGATGAGCTTAATCATGCATCAATTATTGA
TGGATGTCGCTTATCTAAAGCTAAAATTATTCGAGTTAACCATTACAGACATGGATGATTTA
CGTGCGAAAGCAAAGAAGCAGTTGAATCAGGTCAATACAATAAAGTGATGTATATCAC
TGATGGCGTTTTTAGTATGGATGGTGTGTTGCTAAATTACCTGAAATTGTAGAAATTGC
AGAAGAATTTGGTTTATTAACCTTATGTTGACGACGCTCATGGTTCAGGTGTTATGGGTAA
AGGCGCTGGTACGGTTAAACATTTTTGGTTTACAAGATAAAAATCGATTTCCAAATAGGTAC
GCTTTCTAAAGCAATTGGTGTTCGTTGGCGGTTATGTAGCAGGTACAAAAGAGTTAATAGA
TTGGTTAAAAGCACAATCACGACCATTCTTATTCTCTACATCATTAGCACCTGGGGATACC
AAAGCAATAACTGAAGCAGTTAAAAGTTAATGGATTCAACTGAATTACATGATAAATTA
TGGAACAATGCACAATTTTTAAAAAATGGATTGTCAAATTAGGATATGATACAGGTGA
GTCAGAACTCCAATTACACCAGTAATTATTGGTGTGAAAAAACAACCTCAAGAATTTAG
TAAGCGTTTTAAAAGACGAAGGTGTCTATGTGAAATCTATCGTTTTCCCAACAGTACCAAG
AGGTACAGGACGTGTAAGAAATATGCCTACAGCTGCACATACAAAAGACATGTTAGATG
AAGCAATTGCGGCTTATGAAAAAGTAGGAAAAGAAATGAAGTTGATTTAA

> **hchA**

Function: protein coding sequence; chaperone Hsp31 and glyoxalase 3 (core genome, variable)

Best match: hchA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[619305:620183] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 39535 ... 40414; Length: 879

ATGTCACAAGATGTAATGAATTAAGTAAGCAACCAACGCCAGATAAAGCAGAAGATAA
CGCATTTTTCCCATCACCATATTCCTTAGTCAATATACAGCACCTAAAACAGATTTTGAT
GGTGTGAACACAAAGGTGCCTATAAAGATGGTAAATGGAAAGTATTGATGATTGCTGCT

GAAGAGAGATATGTATTATTGGAAAATGGAAAATGTTCTCTACGGGTAATCATCCTGTT
GAAATGTTATTACCTTTACATCATTTAATGGAAGCAGGTTTTGACGTTGATGTTGCGACAT
TATCTGGTTATCCAGTTAAATTAGAATTATGGGCTATGCCAACTGAAGACGAGGCAGTTA
TAAGTACTTATAATAAATTGAAAAGAAAAATTTAAAACAGCCAAAAAAATTAGCAGATGTG
ATTAATAAATGAATTAGGACCTGATTCAGACTATTTATCTGTCTTTATCCCAGGCGGACATG
CTGCAGTTGTTGGTATTTCTGAAAGTGAGGACGTTCAACAAACATTAGATTGGGCATTAG
ACAATGACCGCTTTATAGTTACATTATGTCATGGACCAGCAGCACTACTTTCAGCAGGGC
TTAACAGAGAAAAATCTCCATTAGAAGGATACTCTGTTTGTGTCTTCCCTGACTCATTAGA
TGAAGGTGCAAATATTGAAATAGGTTATTTACCTGGACGCTTGAAATGGTTAGTTGCTGA
TTTATTAACATAACAAGGATTAAGTAGTTAACGACGATATGACAGGAAGAACGTTAA
AAGATCGTAAATTATTAACAGGTGACAGTCCTTTAGCTTCAAATGAGTTAGGAAAATTAG
CAGTTAATGAAATGTTAAATGCAATACAAAATAAATAA

> **araB**

Function: protein coding sequence; ribulokinase (core genome, constant)

Best match: araB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[586655:588292]

Position: 016-contig_250: 40571 ... 42209; Length: 1638

ATGTCTTATAGCATTGGAATTGATTATGGAACAGCTTCAGGCCGTGTGTTTTTAATTAATA
CAACTAACGGTCAAGTAGTATCAAAAATTTGTGAAACCATATACACATGGTGTCATTGAGA
GTGAATTAAATGGTTTGAAAATACCACATACATATGCACTTCAAATAGTAATGATTATT
TAGAAATTATGGAAGAAGGAATATCATATATAGTACGTGAATCAAAAATAGATCCAGTC
AATATAGTAGGTATTGGTATAGACTTTACTTCATCTACTATTATTTTTACTGACGAAAACC
TTAACCCGGTACATAATTTAAAACAATTTAAAACAATCCACATGCGTATGTGAAACTTT
GGAAACATCATGGTGCATATAAAGAAGCAGAGAAATTATATCAAAGTCTATTGAAAAT
AATAATAAGTGGTTAGGCCATTATGGATATAATGTTAGTAGTGAATGGATGATTCCCAA
ATAATGGAAGTCATGAATCGAGCACCAGAAATTATGGAAAAACGGCTTATATTATGGA
AGCGGGCGATTGGATTGTAAATAAATTAATAAATAAATGTACGCTCGAATTGTGGATT
AGGTTTCAAAGCATTTTGGGAAGAAGAAACAGGGTTTCATTATGATTTATTTGATAAAAT
AGACCCCAAATTATCAAAGTAATCAAGATAAAGTATCTGCACCGGTTGTTAATATTGG
TGAAGTAGTAGGAAACTGGACGATAAAATGGCACAGAAATTAGGATTATCAAAGAGA
CTATGGTAAGTCCTTTTATTATTGATGCCCATGCTAGTTTATTAGGTATTGGGTCTGAAAA
AGATAAAGAAATGACTATGGTGATGGGAACAAGCACATGCCATCTTATGTTAAATGAAA
AGCAACATCAAGTGCCAGGTATATCAGGTTCTGTAAAAGGAGCAATTATTCCAGAATTAT
TTGCTTATGAAGCGGGCAATCAGCAGTAGGTGATTTGTTTGAGTATGTCGCTAAGCAAG
CACCAAAGTCATATGTAGATGAAGCAGCAAATAGAAATATGACTGTATTTGAATTAATGA
ATGAAAAGATAAAAACATCAAATGCCAGGTGAAAGTGGGCTCATTGCTCTTGATTGGCATA
ATGGAAATCGAAGTGTATTAAGTGATAGCAATTTAACAGGTTGTATCTTTGGATTAACTTT
ACAACTAAGCATGAGGATATTTATAGAGCATATTTAGAAGCTACAGCATTGTTGTTACTAA
GATGATTATGCAACAGTATCAAGATTGGCATATGGAAGTAGAAAAGGTATTTGCATGTGG
CGGTATACCTAAAAAGAATGCTGTTATGATGGATATCTATGCCAATGTACTGAATAAAAA
ACTAATTGTTATGGATAGTGAGTATGCACCAGCAATAGGCGCAGCAATATTAGGTGCAGT
CAGTGGTGGCGCACATAATTCATTAATGATGCAGTTGATGCTATGAAAGAGCCAATTTT
ATACGAAATTAATCCAGAAGCGGAAAAAGTACAAAGGTATGAAACATTATTTAAAGCTT
ATAAGGCTTTACATGATATCCATGGTTATAAAAAAGCTAATATAATGAAAGATATCCAGA
GTTTAAGAGTTGAGGGATAA

> **ilvE**

Function: protein coding sequence; branched-chain-amino-acid aminotransferase (core genome, variable)

Best match: ilvE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[589806:590882] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 43723 ... 44800; Length: 1077

ATGTCACAAGCAGTTAAAGTTGAACGACGAGAAACATTAAAAACAAAACCAAATACATC
TCAACTAGGTTTTGGTAAATATTTTACTGATTATATGTTGAGTTATGATTATGATGCAGAT

AAAGGATGGCATGATTTGAAGATAGTACCTTATGGTCCTATTGAAATTTACCTGCTGCA
CAAGGTGTTTCATTATGGTCAATCGGTATTCGAAGGATTAAGCATATAAGAGATGGG
GAAGTTGCACTTTTCCGTCCTGAAGAAAATTTAAGCGTCTTAATAACTCGTTAGCACGAT
TAGAAATGCCTCAAGTAGACGAAGCAGAATTGTTAGAGGGGCTAAAACAATTAGTTGAT
ATAGAAAGAGATTGGATTCCCTGAAGGGGAAGGTCAATCATTATATATTCGTCCATTTGTT
TTTGCAACAGAAGGGGCACTTGGCGTTGGTGCATCACATCAGTATAAATTATTAATTATTT
TATCTCCTTCAGGTGCATATTATGGTGGTGAGACTTTAAAACCAACTAAAATCTATGTAG
AAGATGAATATGTGCGTGCTGTTTCGTGGCGGTGTAGGCTTTGCAAAAGTTGCAGGTA
ACTATGCGGCAAGTTTATTAGCACAAACAATGCAAATAAATTAGGTTATGACCAAGTATTAT
GGCTTGATGGTGTGAACAGAAATATATCGAAGAAGTTGGTAGCATGAATATTTCTTCG
TTGAAAATGGAAAAGTAATTACACCAGAGTTGAATGGCAGTATTTACCTGGTATTACAC
GTAAATCTATTATCGAATTAGCTAAAACTTAGGATATGAAGTCGAAGAGCGCCGCGTTT
CAATCGATGAATTATTCGAATCATATGATAAAGGTGAGTTAACAGAAGTATTTGGTAGTG
GTACTGCAGCAGTTATTTACCTGTGGGTACATTGAGATACGAAGATCGTGAAATCGTTA
TTAATAATAATGAGACTGGTGAAATTACTCAAAAATTATACGACGTCTATACTGGTATTC
AAAATGGTACTTTAGAAGATAAAAATGGTTGGAGAGTCGTTGTACCAAAAATATTA

> **tadA**

Function: protein coding sequence; nucleoside deaminase (core genome, constant)

Best match: tadA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[593271:593741] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 47188 ... 47659; Length: 471 bp

Sequence:

ATGACAAATGATATATATTTTATGACATTAGCGATTGAAGAAGCTAAAAAAGCAGCTCAA
CTAGGCGAAGTACCTATAGGTGCTATCATCACTAAAGATGATGAAGTTATCGCTAGAGCA
CATAATTTAAGAGAAACACTACAACAACCAACGGCGCATGCTGAACATATTGCAATTGA
ACGTGCAGCCAAAGTGTTAGGTAGTTGGCGTTTAGAAGGTTGCACATTATATGTAACCTT
AGAACCATGTGTCATGTGCGCAGGAACAATTGTAATGAGTCGCATTCCAAGAGTCGTCTA
TGCGCAGATGATCCTAAAGGTGGTTGTAGTGGCAGTTTAAATGAATTTATTGCAACAATC
TAATTTTAATCATCGTGCAATTGTTGATAAAGGTGTAATAAAGAAGCATGTAGCACATT
ATTAACAACATTTTTTAAAACTTAAGAGCCAATAAGAAATCCACCAATTAG

> **A5IQB3**

Function: protein coding sequence; putative hydrolase/haloacid dehalogenase-like family (core genome, constant)

Best match: A5IQB3_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[48009:48878] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 47805 ... 48675; Length: 870 bp

Sequence:

ATGATAAAACTAATAGCCACTGATATGGATGGCAGCTACTTAATGCAGCACATGAAATT
TCTCAACCTAATATTGATGCGATTAATAACGCTCAAGAACAAGGGATAACGGTTGTTATC
GCGACAGGTCGAGCATTTTATGAAGCACAAGCACCAGTTGCTGACACAGATTTAACAGTA
CCATATATTTGTTTGAATGGTGCTGAAGTACGTGATGAACTTTCAATGTAATGAGCACTT
CACACCTTAATAAATCGTTAGTACACAAAATTACAAATGTTTTAAAAGATGCAGGTATTT
ATTATCAAGTATACACGAGTCGTGCGATTTATACTGAAGATCCACAAAGAGATTTAGACA
TTTACATAGATATTGCTGAGCGTGCAGGTCAACATGCAAACGTTGAGCGTATTAATAATG
GTATTCAAAGACGCATAGATAATGGTACGTTGAAAGTTGTTGATAATTATGATGCTATTG
AAACATACCTGGTGAATTAATTATGAAAATATTAGCATTTGATGGAAATTTAGAAAAAA
TTGACAAAGCTAGTAAAATTTAGCTGAATCTCCGAATTTAGCTATATCATCATCTTCGAG
AGGAAATATAGAAATAACGCATTCAGATGCACAAAAGGTATTGCGCTAGAAACAATTG
CCGAAAGATTAGGGATTGAAATGAAAGAAGTCATGGCAATAGGTGACAATTTAAATGAC
TTATCAATGTTAGAGAAAGTTGGCTATCCAGTTGCGATGGAAAATGGTGCAGAAGAAGTT
AAAAAATAGCGAAATATGTCACAGATACGAATGAAAATAGTGGTGTGGAAAAGCTAT
TATGAAATTATTACGTGAACAACAAGTTTAA

> **azol**

Function: protein coding sequence; FMN-dependent NADPH-azoreductase (core genome, variable)

Best match: azo1_CC001-ST772_118_AJGE01000068.1[48899:49465] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 48695 ... 49262; Length: 567 bp

Sequence:

```
ATGAAAGGATTAATTATTATTGGCAGTGCACAAGTGAATTCACATACAAGTGCCTAGCA
AGATACTTAACTGAGCATTTTTAAAACACATGATATTGAAGCGGAAATATTTCGATTTAGCA
GAAAAGCCGTTAAATCAATTAGATTTTTTCAGGAACAACACCGTCTATTGATGAAATCAAA
CAAAATATGAAAGATTTAAAAGAGAAAGCAATGGCGGCGGACTTTTTAATATTAGGAAC
GCCAACTATCATGGTTCATATTCTGGAATATTGAAAAATGCATTAGATCATCTAAATAT
GGATTATTTTTAAAATGAAACCTGTAGGCTTAATAGGAAATAGTGGTGGTATTGTTAGTTC
AGAGCCATTGTCACATTTAAGAGTAATCGTCAGAAGTTTACTAGGCATTGCTGTACCAAC
TCAAATAGCAACACATGATTCTGATTTTGCTAAAAATGAAGATGGTTCATATTACTTAAA
TGATAGTGAATTCCAATTACGAGCAAGATTATTTGTTCGATCAAATTGTATCTTTTGTGAAT
AATAGTCCATATGAACATTTAAAATAA
```

> tx_azo1_1

Function: rho independent terminator

Best match: tx_azo1_1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[595361:595442] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 49278 ... 49360; Length: 82 bp

Sequence:

```
AATATACATTA AAAATAGGTATGTAGCTTAAGGTATTTTCATTGAGAATGCTTTTAAGTCA
CATGCCTATTTTTTGTCTAAT
```

> tx_azo1_2

Function: rho independent terminator

Best match: tx_azo1_2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[595725:595769] (completely identical)

Position: 016-contig_250: 49642 ... 49687; Length: 45 bp

Sequence:

```
GCAAAATATTATATTTATCAAATTTTGATATTTTAAAGGAGTATT
```

> sdrC

Function: protein coding sequence; unidentified bone sialoprotein-binding protein, probably sdrC chv

Best match: sdrC_CC012_21266_AFTT01000023.1[32762:35593:r]

Position: 016-contig_250: 49692 ... 51688; Length: 1996 bp

Sequence:

```
ATGAATAATAAAAAGACAGCAACAAATAGAAAAGGCATGATACCAAATCGATTAAACAA
ATTTTCGATAAGAAAGTATTCTGTAGGTACTGCTTCAATTTTAGTAGGGACAACATTGATT
TTTGGGTAAAGTGGTCATGAAGCTAAAGCGGCAGAACATACGAATGGAGAATTAATCA
ATCAAAAATGAAACGACAGCCCCAAGTGAGAATAAAACAACCTGAAAAAGTTGATAGTC
GTCAACTAAAAGACAATACGCAAACCTGCAACTGCAGATCAGCCTAAAGTGACAATGAGT
GATAGTGCAACAGTTAAAGAACTAGTAGTAACATGCAATCACCACAAAACGCTACAGC
TAGTCAATCTACTACACAACTAGCAATGTAACAACAATGATAAATCATCAACTACATA
TAGTAATGAAACTGATAAAAGTAATTTAACACAAGCAAAAACGTTTCAACTACACCTAA
ACAACGACTATTAACCAAGAACATTAACCCTATGGCTGTGAACACAGTAGCAGCAC
CACAACAAGGTACAAATGTTAATGATAAAGTTCATTTTTCAAATATTGATATTGCTATTGA
TAAAGGACATGTAAATCAACAACCTGGCAAACTGAATTTTGGGCGACTTCTAGTGATGT
TTTTAAATTAAGCGAATTACAAAATCGATGATTCTGTAAAGAGGGCGATACATTTAC
ATTTAAATATGGACAGTATTTCCGTCCGGGTTCTGTAAGATTACCTTCACAACTCAAAT
TTATATAATGCCCAAGGTAATATTATTGCAAAAGGTATTTATGATAGTACAACAAACACA
ACAACATATACTTTTACGAACTATGTGGATCAATATACAAATGTTAGCGGTAGCTTTGAA
CAAGTTGCATTTGCGAAACGTGAAAATGCAACAACCTGATAAACAGCTTATAAAATGGA
AGTAACTTTAGGTAATGATACATATAGCGAAGAAGTCATCGTCGATTATGGTAATAAAAA
AGCACAACCGCTTATTTCAAGTACAACTATATCAATAATGAAGATTTATCACGAAATAT
GACTGTTTATGTAAATCAACCTAAAAATACATATACAAAAGAAACATTAGTAACAAATTT
AACTGGTTATAAATTTAATCCAGATGCTAAAACTTTAAAATTTATGAAGTAACTAACCA
AAATCAGTTTGTGGATAGTTTCACCCAGATACTTCAAACTTACAGATGTCACTGATAA
```

ATTTAAAATTACATACAGTAATGATAATAAGACGGCGACAGTTGATTTATTGAATGGTCA
ATCTAGTAGTGATAAACAGTACATTATTCAACAAGTTGCTTATCCAGATAATAGTTCAAC
AGATAATGGGAAAATTGATTATACTTTAGAAACACAAAATGGAAAAAGTAGTTGGTCAA
ACAGTTATTCAAATGTGAATGGTTCATCAACTGCAAATGGCGACCAAAAAGAAATATAATC
TAGGTGACTATGTATGGGAAGATACAAATAAAGATGGTAAACAAGATGCCAATGAAAAA
GGGATTAAGGTGTTTATGTTCATTCTTAAAGATAGTAACGGTAAAGAATTAGATCGTACG
ACAACAGATGAAAATGGTAAATATCAGTTCCTGTTTAAAGCAATGGAACCTTATAGTGTA
GAGTTTTCAACACCAGCCGGTTATACACCGACAACCTGCAAATGCAGGAACCTGATGATGCT
GTTGATTCAGATGGTTTAAACAACAACAGGTGTCATTAAAGACGCTGACAACATGACATTA
GATAGTGGATTCTATAAAACACCAAAATATAGTTTAAAGGTGATTATGTTTGGTACGACAGT
AATAAAGATGGTAAACAAGATTCGACTGAAAAAGGAATTAAGGTGTTAAAGTTACTTT
GCAAAACGAAAAAGGCGAAGTAATTGGTACAACCTGAAACAGATGAAAATGGTAAATATC
GTTTCGATAATTTAGATAGCGGTA

> sdrD?

Function: protein coding sequence; unidentified bone sialoprotein-binding protein, probably sdrD

Best match: [MANUAL OVERRIDE/BLAST]

Position: 017-contig_194_RC: 1 ... 756; Length: 756 bp

Sequence:

ATTTACACTTGATAACGGATACTTCGAAGAAGATACATCAGATAGCGACTCAGATTCAG
ATAGCGATTCAGATTCAGATAGCGACTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCAGACAGC
GACTCAGACTCGGATAGCGATTCAGATTCAGACAGTGATTCAGATTCAGACAGCGATTTCG
GATTCAGACAGCGACTCAGACTCGGATAGCGACTCAGACTCAGATAGCGACTCAGATTCG
GATAGCGACTCAGACTCAGACAGCGACTCAGATTCAGACAGCGACTCAGACACAGATAG
CGACTCAGACTCAGACAGCGACTCAGACAGTGATTCAGACTCAGATAGCGATTCAGATTC
AGACAGCGACTCAGACTCAGATAGTGACTCAGATTCAGATAGTGACTCAGACTCAGACA
GTGATTCAGACTCAGACAGTGATTCAGATTCAGATAGCGACTCAGACTCAGATAGCGACT
CAGATTCAGACAGCGATTCAGACTCAGATAGTGACTCAGATTCGGACAGCGATTCAGACT
CAGATAGCGACTCAGATTCAGACAGTGATTCAGACTCAGATGCAGGTAAGCACACACCT
GTTAAACCAATGAGTACTACTAAAGACCATCACATAAAGCAAAAAGCATTACCAGAAAC
AGGTAATGAAAATAGCGGCTCAAATAACGCAACGTTATTTGGCGGATTATTCGCAGCATT
AGGATCATTATTGTTATTCGGTTCGTCGTA AAAAACAAAATA

> tx_sdrD

Function: rho-independent terminator (genomic island)

Best match: tx_sdrD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[603049:603097]#[1_PERFECT
MATCH]#tx_sdrD#[ter:rho-independent terminator]#[gi:21.5894:21.5475] (completely identical)

Position: 017-contig_194_RC: 757 ... 806; Length: 49 bp

Sequence:

ATAATACAGCTTATACCAGGTCCGTGAGGCCTGGTTTTTTATTTCAAAA

> sdrE/bbp?

Function: protein coding sequence; unidentified bone sialoprotein-binding protein, probably sdrE/bbp

Best match: [MANUAL OVERRIDE/BLAST]

Position: 017-contig_194_RC: 807 ... 3656; Length: 2850 bp

Sequence:

TTTATGAAATGTATCTTATGTTTGAGATTA AATAGTGCAATTTTTTAAAAAATATAACATA
AATCAACATAAATTTAATTCATCTTTACATTA AAAAGTACAAACGAATAAGAAAAGCAATT
AAACACAGTATCAAACCATTTAAAACAATTGATATA AAAAGACAAACGAATAATTA AAAA
TTACTAGAATTAATTTATTCAAACCAAAGTGTA AATAACAGTCTTAGATAAATAAATTT
ATTTAAAGTATTGTGCTTTATCTAAA AATGTATTACGATGGGAATACAAATTTTTATATGT
AAAAATATTAATTTTTTGCAAATATTGATATTTT AAAGGAGATTTATATGATTAACAGGG
ATAATAAAAAGGCAATAACAAAAAAGGGTATGATTTCAAATCGCTTAAACAAATTTTCG
ATTAGAAAGTATACTGTAGGA ACTGCATCGATTTTAGTAGGTACGACATTGATTTTTGGTC
TAGGGAACCAAGAAGCTAAAGCTGCTGAAAACACTAGTACAGAAAATGCAAAAACAAGAT

GATGCAACGACTAGTGATAATAAAGAAGTAGTGTCTGGAACTGAAAATAATTTCGACAAC
AGAAAATAATTCAACAAATCCAATTAAGAAAGAAACAAATACTGATTCACAACCAGAAG
CTAAAAAGAATCAACTTCATCAAGTACTCAAAAACAGCAAAATAACGTTACAGCTACA
ACTGAAACTAAGCCTCAAAACATTGAAAAAGAAAATGTTAAACCTTCAACTGATAAAAC
TGCGACAGAAGATACATCTGTTATTTTAGAAGAGAAGAAAGCACCAAATAATACAAATA
ACGATGTAACACAAAACCATCTACAAGTGAAATTCAAAACAAAACCAACTACACCTCAA
GAATCTACAAATATTGAAAATTCACAATCGCAACCAACGCCTTCAAAAAGTAGACAATCAA
GTTACAGATGCAACTAATCCAAAACAAACGGTAAATGTATCAAAAAGAAGATCTTAAAAA
TGATCCTGAAAATTTAAAAGAATTAGTTAGAAGTGAAAATAACACTAATCATTCAACTAA
ACCAGTTGCTACAGCACCAACAAGTGTTCACCAAAAACGATTAATGCGAAAATGCGTTT
TGCAGTTGCACAACCAGCAGCAGTTGCGTCAAATAATGTAAATGATTTAATTACAGTGAC
GAAACAGACGATCAAAGTTGGCGATGGTAAAGATAATGTGGCAGCAGCGCATGACGGTA
AAGATATTGAATATGATACAGAGTTTACAATTGACAATAAAGTCAAAAAGGGCGATACA
ATGACGATTAATTATGATAAGAATGTAATTCCTTCGGATTTAACAGATAAAAATGATCCT
ATCGATATTACTGATCCATCAGGAGAGGTTATTGCCAAAAGGAACATTTGATAAAGCGACT
AAGCAAATCACATATACATTTACAGATTATGTAGATAAATATGAAGATATAAAAGCACGT
TAACTTTATACTCATATATTGATAAGCAAGCAGTACCTAATGAAACTAGTTTGAATTTAA
CGTTTGCAACAGCAGGTAAGAAACTAGCCAAAACGTTTCTGTTGATTATCAAGACCCAA
TGGTTCATGGTGATTCAAACATTCAATCTATCTTTACAAAGTTAGATGAAAACAAACAAA
CTATTGAACAACAAATTTATGTTAATCCTTTGAAAAAACAGCAACTAACACTAAAGTTG
ATATAGCTGGTAGTCAAGTAGATGATTATGGAAATATTAAACTAGGAAATGGTAGTACCA
TTATTGACCAAAATACAGAAATAAAAAGTTTATAAAGTTAACCTAATCAACAATTGCCTC
AAAGTAATAGAATCTATGATTTTAGTCAATACGAAGATGTAACAAGTCAATTTGATAATA
AAAAATCATTAGTAATAATGTAGCAACATTGGATTTTGGTGATTAATTCAGCCTATAT
TATCAAAGTTGTTAGTAAATATACACCTACATCAGATGGCGAACTAGATATTGCTCAAGG
TACTAGTATGAGAACAACCTGATAAATATGGTTATTATAATTATGCAGGATATTCAAACCT
CATCGTAACTTCTAATGACTCTGGCGGTGGTGACGGTACTGTTAAACCTGAAGAAAAGTT
ATACAAAATTGGTGACTATGTATGGGAAGACGTTGATAAAGACGGTGTCCAAGGTACAG
ATTCGAAAGAAAAGCCAATGGCAAACGTTTTAGTTACATTAACCTACCCAGACGGTACTA
CAAATCAGTAAGAACAGATGCTAACGGTCATTATGAATTCGGTGGTTTGAAAGACGGA
GAACTTATACAGTTAAATTCGAAACGCCAGCTGGATATCTTCCAACAAAAGTAAATGGA
ACAACCTGATGGTGAAAAAGACTCAAATGGTAGTTCTGTAACCTGTTAAAATTAATGGTAAA
GATGATATGTCTTTAGACACTGGTTTTTATAAAGAACCCTAAATATAATCTTGGTGACTATG
TATGGGAAGATACAAATAAAGATGGTATCCAAGATGCTAATGAACCTGGTATCAAAGAT
GTTAAGGTTACATTAAGATAGTACTGGAAAAGTTATTGGTACAACCTACTACTGATGCC
TCGGGTAATATAAATTTACAGATTTAGATAATGGTAACTATACAGTAGAATTTGAAACA
CCAGCAGGTTACACGCCAACGGTTAAAATACTACAGCTGATGATAAAGATTCTAATGGT
TTAACAACAACAGGTGTCATTAAGATGCAGATAATATGACATTAGACAGTGGTTTCTAT
AAAACACCAAAATACAGTTTAGGTGATTATGTTTGGTAC

> **bbp**

Function: protein coding sequence; unidentified bone sialoprotein-binding protein, probably sdrE/bbp
chv

Best match: bbp_CC005_A9299_ACKH01000033.1[20944:24243:r]

Position: 018-contig_252: 1 ... 171; Length: 171 bp

Sequence:

ACACCTGTAAACCAATGAGTACTACTAAAGACCATCACAATAAAGCAAAAAGCATTACC
AGAAACAGGTAGTGAAAATAACGGCTCAAATAACGCAACGTTATTTGGTGGATTATTTGC
AGCATTAGGTTCAATTATTGTTATTCGGTCGTCGCAAAAACAAAACAAATAA

> **tx_bbp**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_bbp_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[606868:606916] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 167 ... 216; Length: 49 bp

Sequence:

ATAATACAATATGACCCAGGTCCTTGTGGCCTGGTTTTTTTATAATTAC

> **Q2FJ76**

Function: protein coding sequence; putative poly(glycerol-phosphate) alpha-glucosyltransferase (core genome, variable)

Best match: Q2FJ76_CC001-ST772_118_AJGE01000030.1[342:1814] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 289 ... 1762; Length: 1473 bp

Sequence:

ATGAATTACATTTTAGGAACAATTTTAGAAAAGTAAAATTACAGGTGTAGAAAAAGCGCA
AATAAATAGATTGAAGTTGTTCAAACAACACGGCATATCTTCAAAATGTGTATATGTTAA
ATGGAATCCTTATTCATACACATATGCGAAGCAACATCAGATTGAAAATGATGTATTTAC
AATGTATGACTATTTTCAAAAAGCAATCAATTATAAAAAGACAAAGCAAGTTAACTGGAT
ACAGTATTGGGAAAAGTCATGTAGGTACACATTGAAATTTGTGGAAAATTCAAATGATGT
CAGAATATATGATGAAGAGCAATTTATAATGTATGCTCATTTTTTTAGATAAACAGTATCA
TCATTTAACTATGTGAATTATTTTGATCATAAAAAGAAGAAAAGTAAAACGCGAATTGTA
TGATGGAAGAGGCTTTTTAAGTTGTTCTCGAATTTTAGGTGAAGGACAACGGATTGACT
CGAAAATTACTATACACCTAATGGGGAAATCGTCATCCAAAAATATTTGACGATATAAA
AGGGAAAACACGCTCACAAAGGTTATCTTAAATGAAGATCAGCATCAACAATTTTTTGA
TACAGAAGATGAATTAGTTCAATATTTTCTCCATCAATTATGTAAAAATAATGATCAAAT
CATATTAGATCGTCCCTCATGAATTAGGAAATGTTATAGCGGGATTAAATCAAAGTATTCC
AGTTGTTGTTGTGCTCCATAGTACACATTTATTCGGTACCGGTAATGGTATAAAAAGTTTT
TATAAACAGTATTTAATAATTTAACACGTTATAAAGCGATTGTTGTATCAACAGAAAAG
CAATGCCAAGATATTTCACAATATATTGAAAATAAAAATACCAGTTATCAATATTCGGTT
GGCTACGTGGCAAATTTAAAGTATCAATTTGACATCAATCAAAGGAGAAAAATCATATC
ATATCAATTGCTCGCCTCGTTGAAAATAAACAAATTAACATCAAATTGAAGTGATCAAG
CAATTAGTAACAAAACATCCCAATATTCGAATTTATGGACATGGAAATGGTTTG
TCAGAATATCGACAACCTTGTAGAAGATTATCATTTATCGGAACATGTTAAATTTTCATGGTT
TTAAGACGCATATTAATGAAGAGATTGCTAAAGCAGAACTGATGTTATCGACAAGTAAA
ATGGAAGGTTTTGGCTTAGCAATTTAGAGTCGCTTTCAGTAGGTACACCAGTGATCAGTT
ATGATGTAGATTATGGTCCATCAGAACTGATTCGAAGATGGATTTAATGGCTATTTAGTAC
CTCAAGGTGACATCAATCAAATGGTTGAAAAGGTGACCAATTACTAAATAATACTCAAA
AATTGCAACAGTTTTCAATTAATAGCATAGAATCTGCACAACAGTACAATGCAACTACTA
TCAGTACAAAGTGGCAAATATTTTAACTAA

> **Q5HIB0**

Function: protein coding sequence; putative poly(glycerol-phosphate) alpha-glucosyltransferase (core genome, variable)

Best match: Q5HIB0_CC001-ST772_118_AJGE01000030.1[1939:3429:r]RC (completely identical)

Position: 018-contig_252: 1886 ... 3377; Length: 1491 bp

Sequence:

TTATATAAGACGAACAAATTGGTCCCATTGTTTAATTAACGACGCTTTACTATATTGTTGT
GCTTTTGCCAACTACTTTTGACAGTCGTTGCTGTACTTCAGGATGATCAATCACATATT
TTACTTTATCAAATAGGGCATCTTCATCATTTTTAGTAATTAATAACCATTGAAATCTGA
AGTAATCAGTTCGTTAGGTCCATATTTAATATCATAACTAATAACTGGAACACCATGTGCT
AAAGATTCAAGTAGCGCTAAAGAGAAACCTCCATGTTACTTGTATTAAACTCAAATAG
GCATCGCTATATTCTTGGTCTAGATTGCTTAAAAAGCCGCGTAAGTAAACATGATTTTCCA
ATCCATATTTTTGTATCAATTCATTTAATTTTTTACTTTCAGAACCAAACCATAACATATG
AAGCTCTATTTTTGGGACATACGATACTAAGCGTTTAATTAATTCAATTTGTTGATGTAAT
TGTTTTTCAGGTGAATAACGAGCAACGGAAATTAATTTAACACTGCGCTGATCTAATGTTT
GGACTGGTGTATCAATTGTTTCACTATAGCCGACAGGAATATTAACAACCTGGAATAGTAT
GGTTAATACGTTTTTCAACATCTAATTTTTGCTGCTCAGTAGAAACGATAATTGCACGATA
TCGAGATAAATTTCAAACATCGCTTTATATACATTTTTAAATGGCGATGAATCTAATGCA
TCAATATTTTTAATGTGTGTACTGTGAAGCACAGCTACTACTGGGATTGACTCAGGCGTTA
AGTTGAAAATAGGTGCTGTGTACACATTACGATCACTGAAAAATAAATCCCCATGTTGAT
ATAGTTGTTAATGAAAATGCGCCTAATTCGGTTTCATTATTAAGAAATATTGTTTGT

AGCATAGTAAACAATAATTTTTGTACTTCTGGTTTGCCATCCTTGTAAGAAAAATACTTT
TCTAATTTTGTGTCACCTTCTGGATTATAGAAAAATTCACATAATGTTTGTGTTTATCAA
CAAGAATCCTACTACAACCTAAAAAGCCACGCACATCATAAAAATCACGTTTTACTTTTC
GTCTTTGACTATCAAAATGATTCACATAATCTAATATACGATATTTAGGATCTTGAAAATG
GGCATACATTAAGAAACGCTCTTGATCATATATTCTAAAGTCATGACTATTTTCAACATGT
TTTAAAGTATAATGACATTCATCAGTCCAATACGACAACCAGTCAAATGGTTCATTGCGT
TCTAAATATGTTGCTTCTTGGAAGAAATCATACATATTAATATAGTCAGAACTAGTAATAT
AATTTTGGGCATTTCTATATAAATATCTATTCCATGACAGAAATACACATTGCGCTGGTCT
TCCATTTCTTTAAATAAATTTAAACGATTAATAATTGCTTTCTCTATCCCAGTTAAATTA
ACACCTAAACTATTACCTACAAAATAATTCAT

> **folE2**

Function: protein coding sequence; GTP cyclohydrolase (core genome, variable)

Best match: folE2_CC001-ST772_118_AJGE01000030.1[3711:4589:r]RC (completely identical)

Position: 018-contig_252: 3658 ... 4537; Length: 879 bp

Sequence:

TTATTTGCGATACTTTAATTTAGCGAAAGCATCATGTTGATGGATAGACTCTTCATTACGA
CATTTCGATATCGAAACCGTCTAACCAATCAAATTCAACTAAGTCCGCGGCAATTAACGA
ATTAAGTCTTCGACAAAACGTGGATTTTCATATGCACGCTCTGTCACACGTTTTTCATCAG
GACGTTTTAAATAGGGTATAGAATTGAACTTGCATTAGCTTCCATTGCATCTAAAATTTT
ATTTTTATAGTCATCAACTATGTCTTGATCTTTATTAATATATGTTTTAACAGTGACAACA
CCACGTTGGTTGTGCGCTGAATACTCACTTATTTCTTTTGAACAAGGGCATAGCGTTGTGA
CAGTTGCTTCAATAGTAAGTTCTTTACGTGTAACCTTATCACCGTCAATTGCTAATCCATA
AGTGACATCGGCATTGCCAACTGCTTTAATATTTGTGGTTGGACTATAGCGATCAAAGAA
CCATTTCCAGAAACATCAACGCCTGCCGCATTTTGTTCATATTCGTTTGTAAAGTGCGT
AACACCTGATAAAGTGTATTAATTCAGTTCAATACCATTATCATAGTGCTTTTCAACAC
TTTCAATTATACGGCTCATATTAATACCTTTTTCGTCTTTTGTAAACTTGTGAAAAACTA
AATGTGCCAGCTGTTTGATACTGGTCAACAAGTACAGGGTACACTAAGTTTTTAATACCA
ACTTCTTCTATTTCAAATAAAAAATCTTTATGTGTACTTTGTAAATCTGTCAATTCGTTCTT
AGTAGTAGTTTTCGTGCTTCAATAGGATCTACGGAACCAAAGTGTTTCCAACGACCTTC
TCGTGTCGATAAATCAAATTCAGTCAT

> **nagB**

Function: protein coding sequence; glucosamine-6-phosphate deaminase (core genome, constant)

Best match: nagB_CC001-ST772_118_AJGE01000030.1[5919:6677] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 5866 ... 6625; Length: 759 bp

Sequence:

ATGAAAGTATTAAACTTAGGATCGAAAAACAAGCATCATTCTATGTTGCATGTGAGTTA
TATAAAGAGATGGCATTTAATCAGCACTGTAACTTGGTTTAGCAACTGGTGGTACAATG
ACAGATTTGTATGAACAACCTTGTTAAGTTATTAATAAAAAATCAGTTAAACGTAGACAAT
GTATCCACGTTTAATTTAGACGAATATGTAGGTTAACTGCATCACATCCGCAAAGTTATC
ACTATTATATGGATGACATGCTTTTCAAACAATATCCTTATTTTAATAGAAAGAACATTCA
TATCCAAATGGAGATGCCGATGATATGAATGCGGAAGCGTCAAATATAATGACGTTTT
AGAACAACAAGGTCAACGTGATATCAAATTTTAGGTATTGGAGAAAATGGTCATATTGG
ATTTAATGAACCTGGTACGCCGTTTGATAGCGTTACTCATATCGTTGATTTGACTGAAAGT
ACTATTAAGGCTAATAGTCGATATTTGAAAACGAAGATGATGTTCCAAAGCAAGCCATT
TCGATGGGACTTGCTAATATTCTTCAAGCCAAACGTATCATTTTACTCGCATTTGGTGAAA
AGAAACGTGCTGCTATTACACATTTATTAATCAGGAAATTTCTGTTGATGTTCCAGCCAC
ATTACTTCACAAACACCCGAATGTTGAGATATATTTAGACGACGAAGCTTGCCCCAAAAA
TGTTGCGAAAATTCATGTCGATGAAATGGATTGA

> **hxlA**

Function: protein coding sequence; 3-hexulose-6-phosphate synthase (core genome, variable)

Best match: hxlA_CC001-ST772_118_AJGE01000030.1[6754:7386] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 6701 ... 7334; Length: 633 bp

Sequence:

GTGGAATTACAATTAGCAATTGATTTATTAACAAAGAAGACGCGGCTGAGTTAGCAAAT
AAAGTAAAAGATTATGTAGATATCGTAGAAATCGGTACGCCAATCATTTACAACGAAGGT
TTACCAGCAGTTAAACATATGGCAGACAACATTAGTAATGTAAAAGTATTAGCAGACATG
AAAATTATGGATGCAGCTGATTATGAAGTTAGCCAAGCAATTAATTTGGCGCGGATGTA
ATTACAATACTAGGTGTTGCAGAAGATGCATCAATTAAGCAGCTATTGAAGAAGCTCAT
AAAAATAATAACAATTACTAGTTGATATGATTGCTGTTCAAGATTTAGAAAAACGTGCA
AAAGAACTAGATGAAATGGGTGCGGATTATATTGCAGTACACACTGGTTATGATTTACAA
GCAGAAGGGCAATCACCATTAGAAAGTTAAGAACCGTTAAATCTGTTATTAATAAATTCT
AAAGTTGCAGTAGCAGGTGGAATTAACCAGATACAATTAAGATATTGTCGCTGAAAG
TCCTGATCTTGTTATTGTTGGTGGCGGAATCGCAAATGCAGATGATCCAGTAGAAGCTGC
AAAACAATGTCGCGCTGCAATCGAAGGTAAGTAA

> **sis**

Function: protein coding sequence; sugar isomerase (core genome, variable)

Best match: sis_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[647833:648381] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 7335 ... 7884; Length: 549 bp

Sequence:

ATGGCTAAATTTAGTGACTATCAATTAATTCTAGATGAATTAAGATGACTTTGTCCACATG
TTGAAGCGGATGAGTTTTCAACTTTTGCATCCAAAATACTACATGCTGAACATATATTTGT
AGCTGGCAAAGGACGTTCAAGATTCGTGGCGAATAGTTTTGCAATGCGCTTAAATCAGCT
CGGCAAACAGGCACATGTTGTTGGAGAATCAACGACACCTGCGATTAAGTCGAATGATGT
ATTTGTAATTATCTCTGGTTCAGGTTCCACGGAACATTTAAGATTATTAGCAGACAAAGC
AAAATCAGTAGGTGCTGACATCGTATTAATTACTACAAATAAAGATTCTGCAATAGGCAA
TCTAGCTGGGACGAACATCGTTTTGCCTGCAGGTACAAAATATGATGAACAAGGCTCGGC
ACAACCATTAGGAAGTTTGTGTTGAACAAGCATCTCAATTATTTTTAGATAGTGTGTAATG
GGATTGATGACTGAAATGAATGTTACGGAACAAACGATGCAACAAAATCATGCTAATTTA
GAATAA

> **Q2FJ68**

Function: protein coding sequence; putative haloacid dehalogenase-like hydrolase (core genome, variable)

Best match: Q2FJ68_CC008_COL_CP000046.1[651653:652300]

Position: 018-contig_252: 7996 ... 8644; Length: 648 bp

Sequence:

TTGAAGTTTGACAATTATATTTTTGATTTTGATGGTACGTTGGCAGACACGAAAAAATGTG
GTGAAGTAGCAACACAAAGTGCATTTAAAGCATGTGGCTTAACGGAACCATCATCTAAA
GAAATAACGCATTATATGGGAATACCTATTGAAGAATCATTTTTAAAATTAGCAGACCGA
CCATTAGATGAAGTAGCATTAGCAAAGTTAATCGATACATTTAGACATACATATCAATCT
ATTGAAAAGGACTATATTTATGAATTTGCGGGTATAACTGAAGCCATTACAAGTTTGTAT
AACCAAGGGAAAAAATTTTCGTGGTGTCTAGTAAGAAGAGTGATGTATTAGAAAAGAAA
TTTATCGGCTATTGGATTAATCACTTGATTACCGAAGCTGTTGGATCCGATCAAGTAAGT
GCATATAAACCAAATCCTGAAGGCATACACAAATTGTGCAACGCTACAATTTAAATAGC
CAACAAACGGTGTATATTGGTGATTCAACGTTTGTGATTGAGATGGCACAACGTGCTGGT
ATGCAATCTGCAGCTGTCAGTTGGGGTGCACATGATGCAAGGTCATTACTTCATTCAAAT
CCGGATTTTATTATTAATGATCCATCAGAAATTAATACCGTATTATAA

> **proP**

Function: protein coding sequence; putative proline/betaine symporter (core genome, variable)

Best match: proP_part_CC005_CF-Marseille_CABA01000111.1[9182:9701]

Position: 018-contig_252: 9635 ... 9665; Length: 30 bp

Sequence:

TTGGGACATTATCAGGTTACATAGCTGCTT

> **vraA**

Function: protein coding sequence; long chain fatty acid CoA ligase (core genome, constant)
Best match: vraA_CC001-ST772_118_AJGE0100030.1[11142:12518] (completely identical)
Position: 018-contig_252: 11089 ... 12466; Length: 1377 bp
Sequence:

```
ATGAACGTAATTTTAGAACAGTTGAAAACACATACTCAAATAAACCTAATGACATAGCA
TTACATATAGATGATGAAACAATTACATATAGTCAACTAAATGCCCGCATCACTAGCGCA
GTTGAATCTTTGCAGAAATATTCACTTAACCCTGTCGTTGCTATTAATATGAAATCATCGG
TTCAAAGTATTATTTGTTATTTAGCTTTGCATCGTGTACATAAAGTGCCTATGATGATAGA
AGGTAATGGCAAAGTACTATACATCGTCAATTGATTGAAAAATATGGTATTAAGATGT
AATTGAAGATACAGGTCTCATGCAGAGTATAGACTCACCGATGTTTATTGATGCAACGCA
ATTACAGCACTACCCCAATTTATTACATATTGGTTTTACTTCAGGGACAACCTGGACTGCCA
AAAGCATATTATCGTGATGAAGATTCATGGTTGGCTTCTTTTGAAGTTAATGAAATGTTGA
TGTTAAAAAATGAAAATGCAATAGCAGCCCCTGGACCACTATCGCACTCGTTAACATTAT
ATGCGTTATTGTTTGCTTTAAGTTCCGGTTCGTACTTTTATAGGACAGACCACTTTTCATCCT
GAAAAGTTACTTAATCAATGTCGTAATAATATCATCATACAAAGTTGCTATGTTTCTTGTTT
CAACGATGATTAATCATTATTGTTAGTTTACAACAATGAACATACAATCCAATCATTTTT
TAGCAGTGGAGATAAGCTGCATTCTTCTATTTTTAAAAAGATAAAAAATCAAGCAAATGA
CATAAATTTGATTGAATTTTTTGGTACATCGGAAACCAGTTTTATCAGCTATAACTTGAAT
CAGCAAGCACCAGTTGAATCAGTAGGTGTGCTATTTCCAAATGTGGAATTGAAAACAACG
AATCACGATCACAATGGTATAGGAACTATTTGTATAAAAAGTAATATGATGTTTAGTGGC
TATGTAAGTGAACAATGTATAAATAATGATGAATGGTTTGTACTAATGATAATGGCTAT
GTAAAAGAGCAGTATTTATATTTAACGGGACGTCAACAGGATATGTTAATTATTGGTGGT
CAAATATATATCCAGCACATGTTGAACGCCTTTTAACGCAATCTTCGAGCATTGATGAA
GCAATTATCATCGGTATTCCAAATGAGCGTTTTGGTCAAATAGGCGTATTGCTTTATTCTG
GTGATGTGACACTTACACATAAAAAATGTAAAAACAATTTTTAAAAAAGAAAGTGAAACGC
TATGAAATTCCATCGATGATTCATCATGTAGAAAAGATGTATTACACTGCAAGTGGTAAA
ATTGCTAGAGAAAAAATGATGTCGATGTATTTGAGAGGTGAATTATAA
```

> **vraB**

Function: protein coding sequence; acetyl-CoA c-acetyltransferase (core genome, constant)
Best match: vraB_CC008_NCTC8325_CP000253.1[567450:568589] (completely identical)
Position: 018-contig_252: 12467 ... 13607; Length: 1140 bp
Sequence:

```
ATGAATCAAGCAGTCATAGTTGCAGCTAAACGAACTGCATTTGGGAAATATGGTGGCACT
TTAAAACATTTAGAGCCAGAACAATTGCTTAAACCTTTATTCCAACATTTTAAAGAGAAG
TATCCAGAGGTAATATCTAAAATAGATGATGTAGTTTTAGGTAATGTTGTTGGGAATGGT
GGCAATATTGCAAGAAAAGCATTGCTTGAAGCGGGGCTTAAAGATTCAATACCTGGCGTC
ACAATCGATCGGCAATGTGGGTCTGGACTTGAAAGTGTTCAATATGCATGTCGCATGATC
CAAGCCGGAGCTGGCAAGGTATATATTGCAGGTGGTGTGAAAGTACAAGTCGAGCACC
TTGGAAAATCAAACGACCGCATTCTGTGTACGAAACAGCATTACCTGAGTTTTATGAGCG
TGCATCATTTGCACCTGAAATGAGCGACCCATCAATGATTCAAGGTGCTGAAAATGTGGC
CAAGATGTATGATGTTTCAAGAGAATTACAAGATGAATTTGCTTATCGAAGTCATCAATT
GACAGCGGAAAATGTAAAGAATGAAAATATTTCTCAGGAAATATTACCTATAACCGTTAA
AGGAGAAATATTCAACACTGATGAAAGTCTAAAATCACATATTCCGAAAGATAACTTTGG
CCGATTTAAGCCCGTGATCAAAGGTGGGACCGTTACCGCTGCGAATAGTTGTATGAAAAA
TGATGGTGCAGTTTTATTGCTTATTATGGAAAAAGATATGGCATAACGAATTAGGTTTCGA
GCATGGTTTTATTAAAGATGGTGTACGGTAGGTGTTGATTCTAATTTTCTGGCATT
GGTCCAGTACCAGCCATTTCCAACTTACTAAAAAGAAATCAATTAACGATAGAAAATATT
GAAGTCATTGAAATTAACGAAGCGTTCAGTGCACAGGTAGTTGCCTGCCAACAAAGCTTTA
AATATTTCAAATACGCAATTAATATATGGGGTGGTGCATTAGCATCAGGTCATCCATAC
GGTGAAGCGGTGCCCAATTAGTGACTCGATTATTTTATATGTTTGACAAAGAGACTATG
ATTGCATCTATGGGGATAGGGGGAGGTCTAGGAAATGCAGCATTATTTACTCGATTCTAA
```

> **vraC**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: vraC_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[620281:620646] (completely identical)
Position: 018-contig_252: 13581 ... 13947; Length: 366 bp

Sequence:

```
ATGCAGCATTATTTACTCGATTCTAACCAGCGATTAATGTGTCATTTTCTAAGGATAGTG
TGGCTGCATATTATCAGTGTTTAAACCAACCTTATAGAAAAGAAGTACCACCATTAATGT
GTGCGTCATTATGGCCAAAATTTGATTTATTTAAAAAATATGCAAATAGCGAACTGATTTT
AACAAAATCAGCAATTAATCAAACCTCAAAGATAGAAGTAGACACAATATATGTAGGGC
ATTTAGAAGATATTGAATGCCGACAGACTCGCAATATCACACGTTATACAATGGCTTTAA
CATTAACATAAAAATGATCAACATGTCATAACGGTTACACAACTTTTATTAAGGCGATGA
AGTAG
```

> **ssr128**

Function: noncoding RNA small stable RNA 128 (core genome, constant)

Best match: ssr128_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[620913:621305:r]RC (completely identical)

Position: 018-contig_252: 14213 ... 14606; Length: 393 bp

Sequence:

```
AAATAACCGATATTAGCTGCATGAACGCATATTAATTAGGAGATGAAAGGACAGCTAAT
ATCAGTTATGTATTGTTATTATTATTGGGAACAGAGATGAATATAGGTTACGTTTCTTTCT
TTGCACGGGGATGCATTAATCTAAAATAATAACAACCTATATCAATGTTTAATAAATT
CTGGATTATTGGAACGATTAGTCAATTTAACTAACTTTCATATGATCTATATCGTCTTGTA
ATAAAGAGAGCAATTTGAATATTTCAAGTACTAAATGAATCGTCACATTTAATTGAAA
CATGCTGAAACGTTTTGGTTATAATTTCAATAAAGTGGTGCGCCTTCATGGTGATACTGTGC
ATAAATAATCATAACCTATATTACCTCCTT
```

> **thiD1**

Function: protein coding sequence; phosphomethylpyrimidine kinase (core genome, constant)

Best match: thiD1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[655591:656421:r]RC (completely identical)

Position: 018-contig_252: 15093 ... 15924; Length: 831 bp

Sequence:

```
TTAAACCTCTGTTACTTCAACATCGATATGTTCAATACGGTTGTATGCACCGTGATCCACA
GGACCAACAAAATCATTCAATTTCCAACCGTTTTTAATAGCAGAAGCGACGAAAGCTTTC
GCGCTAATCACAGCTTCTTTCCGGTGACTTACCGTTAGCTAAATATGCAGTTGTTGCCGCG
CAAATGTACAACCAGCACCATGGTTATAACTTTGTTGGAACATGTCTGTTGTTAGTTGATA
AAATGTTTGACCATCATAGTATAAGTCATACGATTTATCTTGATCTAAAGCTTTGCCACCT
TTAATGATGACATGCTGTGCGCCTTTATCAAAGATAATTGTTGCAGCCTTTTTTCATATCTT
CAATTGAATTTAATTTACCTAATCCTGATAATTGACCCGCTTCAAATAAGTTTGGTGTCAC
TACCGTTGCTTTAGGTAGTAAATATTTAATCATCGCCTCAGTATTTCCAGGATTAAGCACT
TCATCTTCGCCTTTACAAACCATGACAGGATCTACTACAAAATATTGTGCATTAGATGCCT
CATATACTTCTCCAGCACGTTTGATTATCTCCTCAGTACCTAACATACCTGTTTTAATAGC
ATCAGGTCCGATTGATAAAGCCGTTTCAAGTTGTTTTTCAAATACATCCATTGGTAATGGT
GTAACATCGTGTGACCATGTATCTTTATCCATAGTAACGATGGCAGTTAAAGCGACCATG
CCATACGTATCTAATCTTGGAACGTTTTCAAATCTGCTTGCATACCTGCGCCAGCACTTG
TGTCAGAACCGGCAATTGTTAAAACCTTTCTTTAAAGCCAT
```

> **ung**

Function: protein coding sequence; uracil-DNA glycosylase (core genome, constant)

Best match: ung_CC001_MSSA476_BX571857.1[621498:622154]

Position: 018-contig_252: 16107 ... 16764; Length: 657 bp

Sequence:

```
ATGGAATGGTCGCAAATTTTTTCATGACATAACAACGAAACATGACTTTAAAGCTATGTAT
GATTTTTTAGAAAAAGAATATTCGACTGCAATCGTATACCCTGATAGGGAAAATATATAT
CAAGCGTTTGATTTAACACCGTTTGAAAATATCAAAGTTGTTATATTAGGACAAGACCCG
TATCATGGTCCAAACCAAGCACATGGATTAGCATTTTCAGTGCAACCTAACGCAAAAATTC
CCTCCATCTTTACGTAATATGTATAAAGAATTAGCAGATGATATTGGATGCGTTAGACAA
ACACCGCATTTACAAGATTGGGCAAGAGAAGGCGTCTTGTTATTGAATACAGTTTTAACC
```

GTAAGACAGGGTGAAGCAAATTCTCATCGTGATATTGGTTGGGAAACATTTACTGATGAA
ATTATTAAGCAGTGTCTGATTATAAAGAACATGTTGTCTTTATTTTGTGGGGGAAACCTG
CACAGCAAAAAATAAAGCTTATCGATACATCTAAACATTGTATTATAAAATCAGTGCATC
CTAGTCCACTGTCTGCATATAGAGGATTCTTTGGATCAAACCCTATTCCAAAGCGAATG
CCTATTTAGAGTCAGTAGGAAAATCACCAATTAATTGGTGTGAAAGTGAGGCGTAG

> **rsaA**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus A (core genome, constant)

Best match: rsaA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[627561:627699] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 20860 ... 20999; Length: 139 bp

Sequence:

AGTTAACCATTACAAAATTGTATAGAGTAGCGACTGTATAATTTCTATTGAGGTTAACG
TTTATATGTAGTGATAGTAGTTAAAGTTCTCCAAGGAAGACTACTCGGGTACACTTTGCT
ATGAGCAAAGTGTACTTT

> **pta**

Function: protein coding sequence; phosphotransacetylase (core genome, constant)

Best match: pta_CC001-ST772_118_AJGE0100030.1[22141:23127] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 22088 ... 23075; Length: 987 bp

Sequence:

ATGGCTGATTTATTAATGTATTAAGACAACTTTCTGGTAAAAACGTTAAAATCGTA
TTACCTGAAGGAGAGGACGAACGTGTTCTAACAGCTGCAACACAATTACAAGCAACAGA
TTATGTTACACCAATCGTGTTAGGTGATGAGACTAAGGTTCAATCTTTAGCGCAAAAAC
TGATCTTGATATTTCTAATATTGAATTAATTAATCCTGCGACAAGTGAATTGAAAGCTGAA
TTAGTTCAATCATTGTTGAACGACGTAAGGTAAAGCGACTGAAGAACAAGCACAAGA
ATTATTAACAATGTGAACTACTTCGGTACAATGCTTGTATGCTGGTAAAGCAGATGG
TTAGTTAGTGGTGCAGCACATTCAACAGGAGACACTGTGCGTCCAGCTTTACAAATCAT
CAAAACGAAACCAGGTGTATCAAGAACATCAGGTATCTTCTTTATGATTAAGGTGATGA
ACAATACATCTTTGGCGATTGTGCAATCAATCCAGAACTTGATTACAAGGACTTGCAGA
AATTGCAGTAGAAAGTGCAAAATCAGCATTAAAGCTTTGGCATGGATCCAAAAGTTGCAAT
GTTAAGCTTTTCAACAAAAGGGTCTGCTAAATCAGACGACGTGACAAAAGTTCAAGAAG
CTGTCAAATTAGCACAAACAAAAGCTGAAGAAGAAAAATTAGAAGCAATCATTGATGGC
GAATTCCAATTTGATGCTGCGATTGTACCAGGTGTTGCTGAGAAAAAAGCGCCAGGTGCT
AAATTACAAGGTGATGCAAATGTCTTTGTATTCCCAAGTTTAGAAGCTGGTAATATTGGTT
ACAAAATTGCACAACGTTTAGGTGGATATGATGCAGTTGGTCCAGTATTACAAGTTTAA
ATTCTCCAGTAAATGACTTATCACGTGGCTGCTCAATTGAAGATGTATACAATCTTTCAAT
TATCACAGCAGCGCAAGCCTTACAATAA

> **lipL**

Function: protein coding sequence; octanoyl-GcvHb protein N-octanoyltransferase

Best match: lipL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[629778:630614] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 23077 ... 23914; Length: 837 bp

Sequence:

ATGGATTTAGCGAGTAAATATTTTAAATGGCGTCAACTGGCGATATATCGATCATTCTTCTG
GATTAGAACCTATGCAATCTTTCGCATTTCGATGATACATTTTTCGAAAGTGTGGGCAAAG
ATATATCAGATAATGTTGTGCGTACTTGGATTCATCAACATACTGTTATTCTTGGTATTCA
TGATTCAAGATTGCCGTTTTTAAAAGATGGCATTGATTATTTAACGAATGAGATTGGTTAT
AATGCCATTGTTAGAAATTCTGGTGGCTTAGGTGTCGTTCTAGATCAAGGTGTATTAATA
TATCGCTGATGTTCAAAGGACAAACAGAAACAACGATTGATGAAGCGTTTACTGTGATGT
ACCTCTTAATTAGCAAAATGTTTCGAAAATGAGAATGTTGATATTGATACGATGGAAATTG
AACATTCTTATTGCCAGGAAAATTTGACTTAAGTATCGATGGTAAGAAAATTTGCAGGCA
TATCGCAACGAAGAGTTAGAGGCGGTATTGCTGTACAAATTTATCTTTGTGTTGAAGGCT
CTGGTTCAGAACGTGCATTGATGATGCAAACATTTTATGAACATGCTTTAAAAGGTGAAG
TGACTAAATTTAAATATCCTGAAATTGAACCATCTTGTATGGCCTCATTAGAGACATTGCT
TAACAAAACGATTACTGTTCAAGATGTAATGTTTTTACTATTATATGCAATCAAAGATCTT

GGCGGTGTATTAATATGACGCCAATTACTCAAGAAGAATGGCAAAGATACGATACGTA
TTTTGATAAAATGATTGAAAGAAACAAGAAAATGATAGATCAAATGCAATAG

> **mvaK1**

Function: protein coding sequence; mevalonate kinase 1 (core genome, constant)

Best match: mvaK1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[631201:632121] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 24500 ... 25421; Length: 921 bp

Sequence:

ATGACAAGAAAAGGATATGGGGAATCGACAGGTAAGATTATTTAATAGGAGAACATGC
TGTTACATTTGGAGAGCCTGCTATTGCAGTACCGTTAACGCAGGTA AAAATCAAAGTTTT
AATAGAAGCCTTAGAGAGCGGGA ACTATTTCGTCTATAAAAGCGATGTTTACGATGGTAT
GTTATATGATGCGCCTGACCATCTTAAGTCTTTGGTGAACCGTTTTGTAGAATTAATAAT
ATTACAGAGCCGCTAGCAGTAACGATCCAAACGAATTTACCACCATCACGTGGATTAGGA
TCGAGTGCAGCTGTCGCGGTTGCTTTTGTTCGTGCAAGTTATGATTTTTTAGGGAAATCAT
TAACGAAAGAAGA ACTCATTGAAAAGGCTAATTGGGCAGAGCAAATTGCACATGGTAAA
CCAAGTGGTATTGATACGCAAACGATTGTATCAGGCAAACCAGTTTGGTTCCAAAAAGGT
CATGCTGAAACGTTGAAAACGTTAAGTTTAGACGGCTATATGGTTGTTATAGATACTGGT
GTGAAAGGTTCAACAAGACAAGCAGTAGAAGATGTTCAATAA ACTTTGTGAGGACCCTCA
GTACATGTCACATGTA AAAACATATCGGTAAGTTAGTTTTACGTGCGAGTGATGTGATTGA
ACATCATAA CTTTGAAGCCTTAGCGGATATTTTTAATGAATGTCATGCGGATTTAAAGGC
GTTGACAGTTAGTCATGATAAAATAGAACAATTAATGAAAATTGGTAAAGAAAATGGTG
CGATTGCTGGAAA ACTTACTGGCGCTGGTCGTGGTGGAAAGTATGTTATTGCTTGCCAAAG
ATTTACCAACAGCGAAA AATATTGTAAAAGCTGTAGAAAAGCTGGTGCAGCACATACTT
GGATTGAGAATTTAGGAGGTTAA

> **mvaD**

Function: protein coding sequence; mevalonate diphosphate decarboxylase (core genome, constant)

Best match: mvaD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[632126:633109] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 25425 ... 26409; Length: 984 bp

Sequence:

TTGATTA AAAAGTGGCAAAGCACGTGCACATACGAATATTGCACTTATAAAAATATTGGGGT
AAAAAAGATGAAGCACTAATCATTCCAATGAATAATAGCATATCTGTTACATTAGAAAAA
TTTTACACTGAAACGAAAGTCACTTTTAACGACCAGTTAACACAGGATCAATTTTGGTTG
AATGGTGAAAAGGTTAGTGGCAAAGAATTAGAGAAAATTTCAA AATATATGGATATTGT
CAGAAATAGAGCTGGCATCGATTGGTATGCAGAAATTGAAAGCGACAATTTTGTACCAAC
AGCAGCAGGGTTGGCTTCATCGGCAAGCGCATATGCAGCTTTAGCAGCAGCTTGTAATCA
AGCGCTAGACATGCAGCTGTCAGATAAGGATTTATCGAGATTGGCGCAATTGGTTCGGG
TTCTGCGTCGCGTAGTATTTATGGTGGATTTGCAGAATGGGAAAAGGGTATAGTGATGA
GACGTCATATGCCGTTCCACTTGAATCGAATCATTTTGAAGATGACCTTGCCATGATATTT
GTTGTGATTAATCAACATTCTAAAAGGTACCTAGTCGATATGGTATGTCATTGACACGA
AACACATCAAGGTTTATCAATATTGGTTAGATCATATTGATGAAGATTTAGCTGAAGCA
AAAGCAGCGATTCAAGACAAAGATTTTAAACGCCTTGGTGAAGTAATTGAAGAAAATGG
TTTGCATGATGCCACGAATCTAGGATCAACACCGCCGTTACATATCTTGTGCAAGA
AAGTTATGATGTCATGGCGCTTGTTCACGAATGCCGAGAAGCGGGGTATCCGTGTTATTT
TACAATGGATGCGGGACCTAATGTGAAAATACTTGTAGAAAAGAAAAACAAGCAACAGA
TTATAGATAAATTATTAACACAGTTTGATAATAACCAAATTATTGATAGTGACATTATTGC
CACAGGAATTGAAATAATTGAGTAA

> **mvaK2**

Function: protein coding sequence; phosphomevalonate kinase 2 (core genome, constant)

Best match: mvaK2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[581406:582482] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 26421 ... 27498; Length: 1077 bp

Sequence:

ATGATTCAGGTCAAAGCACCCGGAAA ACTTTATATTGCTGGAGAATATGCTGTAACAGAA
CCAGGATATAAATCTGTACTTATTGCGTTAGATCGTTTTGTA ACTGCTACTATTGAAGAAG

CAGACCAATATAAAGGTACCATTTCATTCAAAGCATTACATCATAACCCAGTTACATTTA
GTAGAGATGAAGATAGTATTGTCATTTTCAGATCCACATGCAGCAAAACAATTAATTTATG
TGGTCACAGCTATTGAAATATTTGAACAATACGCGAAAAGTTGCGATATAGCGATGAAGC
ATTTTCATCTGACTATTGATAGTAATTTAGATGATTCAAATGGTCATAAATATGGATTAGG
TTCAAGTGCAGCAGTACTTGTGTCAGTTATAAAAGTATTAATGAATTTTATGATATGAA
GTTATCTAATTTATAACATTTATAAACTAGCAGTGATTGCAAATATGAAGTTACAAAGTTTA
AGTTCATGCGGAGATATTGCTGTGAGTGTATATAGTGGATGGCTAGCGTATAGTACTTTT
GATCATGAATGGGTTAAGCATCAAATTGAAGATACTACGGTTGAAGAAGTTTAAATCAA
AACTGGCCTGGATTGCACATCGAACCAATTACAAGCACCTGAAAATATGGAAGTACTTATC
GGTTGGACTGGCTACCGGCGTCATCACCACTTTGTTAGCGAAGTGAAACGTTTGAAA
TCAGATCCTTCATTTTACGGTGACTTCTTAGAAGATTCACATCGTTGTGTTGAAAACTTA
TTCATGCTTTTAAAACAAATAACATTAAGGTGTGCAAAAGATGGTGCCTCAGAATCGTA
CAATTATCAACGTATGGATAAAGAAGCTACAGTTGATATAGAACTGAAAAGCTAAAA
TATTTGTGTGATATTGCTGAAAAGTATCACGGCGCATCTAAAACATCAGGCGCTGGTGGT
GGAGACTGTGGTATTACAATTATCAATAAAGATGTAGATAAAGAAAAAATTTATGATGA
ATGGACAAAACATGGTATTAAACCATTAAAATTTAATATTTATCATGGGCAATAA

> **ykgC**

Function: protein coding sequence; FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase (core genome, variable)

Best match: ykgC_CC001-ST772_118_AJGE0100030.1[28120:29442:r]RC (completely identical)

Position: 018-contig_252: 28067 ... 29390; Length: 1323 bp

Sequence:

CTAGAAATTAATAAATCATTAAATGATTTCGGCCATCGTAGGATGCGTATAAATATTATC
TCGTAATACGGTATATGGAATGTTTTGATCAATCGCAAGTTTAATTATTAATTAATTCT
TCAGATTGCTTACCATATAATGTAGCACCTAAAATCATATTATTTTCATTATTAATGACTA
CTTTAAATAAACCTCTTGGATCATTGTTAATTTTGTGACGAGGTATAGCACTTACTAAAAG
TTGATGTTTCAGTGTAAATCATAATGTTGAGCGGCAGCTTCTTTACCAGTTAATCCAACACGT
GATAATGGTGGATCTATAAATACTGTATAAGGCACGCTGCCTCTATTGTCAGTCGTACGT
GACTGATTACCATATAACGCTGATTTGATAAATTCGATAATCATCTAAAGATATATACGTA
AATTGAAGTCCGCCTTTAACATCACCTGCAGCATAAATATGCGGCACAGTTGTTTGAAGA
TGAGCATTGACTTTAATTTTCGCCTCTGTGCGCTAATTCGATATCAGTATTTTCTAAAGCTA
AATCCGATTTCGGTTTGCAGCCGATAGCCAAAAGTACTGCATCAGCCTCAAAGTTACCAA
CGTTAGTATGGACTGTTGTATGATGATTGTCAGATGACAATTCAGTCGTTTCAACATTTGT
ATACAATGCAATGCCTTTATTTTCTAAGTCAGTAATAGCATGTGCAACGACATCTTGATCT
TCACGTGGCATAAATGATTCACCACGTTCTAATACTGTAACCTTACTACCTAAATTCGCAA
ACATTGAAGCAAATTCTAAGGCGATATAACCGCCACCTACAATAACGAGGTGCTTAGGTT
GATAGCTAATGTTTAATAAACCTGTGCAATCGAAGACGTGTTTAGCTTGATCAAGGCCTT
TAATGTTAGGAATGACAGAGGTAGCACCGGTATTAATAATGATATGAGGTGCAGTAATAC
TATCGACGATATCGTCATGTTGATCTAATAAATTCACTTCAGTATTAGATTTAAACTGCGC
TTTAAATCCAGTACATCAATGTTGTTATCGTCTGCTAATAAGTGGTAATTTTATTGTTT
AGCGCATTGACAACATCGTTTTTACGGTTATAACTTGCTTCAAAGATTTGCCTTCTAATC
CATCATGTACAAGTGTCTTCGAAGGTATACATCCTATATTTATACAAGTGCCTCCATACAT
TTTCGAAGATTGTTTCGATAACTGCGACGTGTTGACCTGTTGATGCAGCGTATTTTCGCTAAA
GTTTTACCAGCTTTCCCAAATCCTATTACAATTAATCATATGTTTTTCAT

> **Q5HI81**

Function: protein coding sequence; transcript regulator (core genome, variable)

Best match: Q5HI81_CC008_NCTC8325_CP000253.1[584361:584801:r]RC (completely identical)

Position: 018-contig_252: 29376 ... 29817; Length: 441 bp

Sequence:

TCATATGTTTTTCATGACATAAATCCTCCTTTTGAATGTCTTCAATGACATCTTTGATTGTTT
TTCCATTATAAAAATTAATAATGATATTCTGTTTCGCTTGTGCTGATAATGTGACATGGTAGT
TGCAATATTACGAGCAATTTGACAGTGACTGCCTTCGTCGCCAGTAAATAGACGTGTGTG
GTGTTCTTTCTCTAAGACAAAATGTTTATATAATGTTGCTAGAGAGACATCAGCACTTTGA

TCATTTGCTAAATAACCGCCATCTTTACCTCGTATTGTGTCAATCATTTTTTAAATCGACAA
GTTGAGTCGTCACGCGTCGTAATTGAACAGGATTTAAACAAGTTAATTCTGCTAATGAAC
TACTATTGAATTTTTCTGAATGATGCTTAGTTAAAAAAGCTAATACATGCACGGCAATGTT
AAATTCTAAATTCAA

> **Q5HI79**

Function: protein coding sequence; putative protein chv

Best match: Q5HI79-CC25_CC025_21305_AFNO01000011.1[183738:185144:r]

Position: 018-contig_252: 30441 ... 31848; Length: 1407 bp

Sequence:

ATGAGTATTGACATGTATTTAGACAGATCTCGAAACCAAGCTTCAAGTGTGGGGAATTTG
AGTCAAACAATGAATTCAAATTATGATGCGTTGGAAAAAGCAATTACTCAATTTATTAAT
GATGATGCGCTTAAAGGGAAAGCGTATACGTCAGCTAAGCAATTTTTTAGTACGGTGTTA
ATTCATTATCAACAAGTATGAAAACATTGAGTGATTTAACGAAGCAAGCTTGCATAAT
TTTGTGTCACGTTATACGAGTGAGGTTGATAGCATATCTTTAAAAGAATCAGAGCTTGAA
GAAGATATCAGATCATTAAGTCAACAAATTACGCGATATGAAAATTTGAATAACAATTTG
AAAAAGCATGCTTCCGATAATCAGCAAGCCATTTTCATCGAACCAACAAATAATACGAAC
ATTAGGTCAACAAAACATGAATTAGAAGAGAAGCTACGCAAATTGCGTGAGTTTAATC
AAAAATCACCAGAAATATTTAAAGAAGTTGAAGAATTTCAAAAAATTGTCCAACAAGGA
CTTACCCAAGCGCAGAATTTTTGGAACCTTTTCAACAAATCAATTTAATATACCTTCAGGTA
AAGAACTTGATTGGGCTAAAGCAAGTCATGAAAAATATTTGAAAGTTGCTATGGGGAAA
ATTGAACATAAAGCAGAGAAAGAACTTTAAATAAAGCAGACTTTGCTGTTATAAAGGC
ATATGCCAAAGAGCATCCAGAAGACGATATCCCGAAAAGTATACTGAAATATATAAATG
ACAATAAAGACAGTATTTAAAAGAGATATAGGATTAGATATCACTTCAACACTTTTAGAGC
AAGGCGGTATAAATGCAAGTAAATTCGGTGTATTTATCAATACAGCAGGTGGAGTGAAA
GGCCCAGCAGGTCCAAATTCATTTGTGGAAGTCAAACGTACATCAGGTAATGTGTTTATA
GAAAATGGTAGTAAATTTGCAAAAGGCGGAAAATACCTAGGTAAGGTGTTGCTGGTGT
AGGATTTGGTATAGGTATGTATGATGACCTTGCAAATGATGATAAAACATTTGGAGAGGC
ATTATCGCATAATGGTATGACGCTTGACGCTGGATCTGCAATGGGGACTATTGTGTCTGT
AGGTATAACTATGCTGGCAAGTAATCCAGTAGGATGGGCGGTTTTAGGAGGTTTTGCTGC
AGCAACAGGTTTTGCAATAGCGGCTGATTGGGCATATGAAAATAATTTGTGGGGATTAAA
AGATGAAACAGACTGGGTAGGACATAAAATAGATGACGGTATCGATGTTGTAAAAAAT
CTACAAAAAAGGCTGTTGATAGTGTAGAAAAAGCTGTTGGTGAAGCTACAAAAAGTATA
TCTAATCATATAAATCCTATGAAATGGAGCTGGTAA

> **DUF443-var1**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: DUF443-var1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[642305:642946] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 32602 ... 33244; Length: 642 bp

Sequence:

GTGGAGACATTGCTTTGCGAATCTAAAGTTATTAATAAAAACCCTAAATATCGAATAATC
AAATACGATAGTGAATATTTAATGATTGATTTGGCAAGTAATTGGATTGTCTTCTTCTTC
CATTTATTAACCTGGCTCATACCGAAAACATATGTCAAAATCACTAAGAATGATTATGAAA
AATTAATATTGTCAAACCAGTTAAAAATAAATCGATAGGATGGACCATATTCGCGGGTA
TTGTGTTACTTGGTGGTACTGTAAGAAGAAATACTTATTTATTTGATTTCAATTAGAAGA
ACTAATTGTTTGGAGCAGCTGTTTCATTGGGTTTTTAGAGATTATTTTTTTTATTGTTATC
TAAATAAGAAATTAACATTAATATTTATAATGAAAGTAAAAATAATGAACTTAAATTA
GATTATTACCCTCCTTTAAAAATATTTGTTTCACAATTTTTTATTACCTATTTACTGGTTTC
ATGTCTTATGGGGCATTTTACTTGTGGTATTTGAAAATGTGCAAAATTTAATCTTATATG
TTTCTTGGCTTTTCATGACTATGCTATTTATGTTTATGAATATGCATTCAATTATAGATAAA
AAAGTACATATATTTCTTAAAGTCTAATAAATAG

> **DUF443-var10**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: DUF443-var10_ref_CC008_COL_CP000046.1[679951:680580] (completely identical)
Position: 018-contig_252: 33290 ... 33920; Length: 630 bp

Sequence:

```
GTGCTTTGTGAATCTAGACAAATTTATAAAAATCCTAAATATCGAGTTATTAGATATAAT
AATGAATATTTTCATGGTTCGATTTAGTAAGTACTTGGATTACTTATTTTTTCCCTATGATTA
ATTGGTTTTTGCCTAAAAAATACGCAAAAATTAGCGAAAATGAATTTGAAAGGTTAAATA
TAGTCGAGCCTGTTAAAAATAATGTTTTTTGGCCGGTTGCAGGAAGTTCAGTTCTATTTGG
AATTATATTGAGAAAGTACGGTAACTTCTTTAATGTTTCAGTTTGAAAAACAACCTAGCAAT
CACTGTATTTTTTATCATGTTAATAGGGATGTTAATTTTTTATTTTTATCTAAATAAAAAAT
TAACATTA AAAATTTTTAATAACCAACGTGGTTAATAAGAATAGAGTTGTATTAATACCGA
CTTTCAAACAAGGATTGTTAATAGTTTTTGCCTACTTTTTTTTAGGAAGCGCTTCAATATTT
ACTTTAACCATCTTTTTGACGACAGAGTCACAAAATATAATAATTTTTTAACTTGGGTTA
TTATCACGATGTTTTTCTTTTTAGTGAATATGGCTTCGATAGGTAATAAAAATGTTTCATGT
TATTTTAAGAATAAACGAGTAG
```

> DUF443-var7

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: DUF443-var7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[644075:644704] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 34372 ... 35002; Length: 630 bp

Sequence:

```
ATGTTGCTTTGCGATGTCAGAGTCATTTATAAAAATCCGAAATACAAAGTCATTCAACAT
AACGGTGAATACTTATTAGTCGATTTAGTAAGCACTTGGTTCGTGTACTTTTTTCTTTTCAT
TAATTGGTTCATTCCAAAAAAGTACGCGATAAATTAGCGAAGAAGAATTTGAAAATTTAAA
TGTTGTTAAACCAAATAAAAATAATGTTTTCTGGTCAGTTATAGGAAGTTCGGTTTTGTTT
GGAGTACTTTAAGGAAATACATACATGTTTTTGATGTTCAATTAGATAAGCTAGTTGTAA
TGATATTGTGTGCTCTCGCTTTAATTTGTGTTATAGTTTTTTATTTTAACTTAAATAGAAAG
CTTAAGTTAAAAGTGTGTTGATACAAATATTGAAAAAATAAGAGAGTTATATTAATACCA
ACGTTTAACTTGGCTGTTTTTTAGTTTTCGGATATATTTTCGCTGGAAGTTTTTCAATATT
TTCATTAATTGCCCTTATGACAATCGAACCTCAAAATATAATAATATTTATTTATTGGATT
ATGATGACAATGCTTTTCTTTTTGTTAAATATGACTTCGATAGGTAATGAAAAAGTTCGCG
TTATAATGAAAAATAATTGA
```

> DUF443-var4

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: DUF443-var4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[644819:645469]

Position: 018-contig_252: 35116 ... 35767; Length: 651 bp

Sequence:

```
GTGGAGACATTGCTTTGTGAAACTGAAAATATTAATAAGAATCCCAAATATAGAATTATC
AAATACAAAGATGAATATTTGATGATTGATTTAGTAAGTACATGGTTAGCACTCTTTTTCC
CAATGATTAATTGGCTGATTCCAAAAAAGTACGTCAAAATCAGCGAAAAAGATTTTGAAA
CTTTAAACATTGTGAAGACAACCTAAAATCAATCTTTTTGGCCAGTGGCAGGAAGTACGG
TCTTATTTGGTGTATGTTAAGAAGGTATTCCCATTTATTTATCGTTAAATATGAATATAG
TATAGTAATTTAATTTGTTGCATCATAATACTAGGTATTTTTCTGTTTTTTTTATATTTAA
ATCAAAGTTAAAGTTACAAATCTATAATGAAAACAAAAATAAAAGCAATAAGATAATC
ATATTTCCCACTTTAAAGAGTCTTTGTTTATCAATAGTTTTATATATTTATTTAGGTGGTGG
TTCATTCTTACTATTTATATGTTATTGACGATTGAAGTTCAAAATATAATATTATTTATAA
CTTTGTTTGTAATATTTTTGTTTTTCTTATTTTTAAATATGTGCTCACTATATGACAATAAA
GTTTCATGTATTATTTAAATCAAATGGAATTGAAAAGTTTTAA
```

> DUF443-var5

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: DUF443-var5_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[646376:647002]

Position: 018-contig_252: 36673 ... 37299; Length: 626 bp

Sequence:

ATGTTGCTATGCGAATCTAAAATCATCAATAAAAACCCAAAATATAGAATTATTAATAT
AATGATGAATACTTAATGGTCGATATAATAAGCACTTGGATTAGTTTATTTTTCCTTTTAT
TAATTGGTTCATCCCAAAGAATACGTCAAAATTAGTAGAGAAGAGTTTGAAAACCTTAAA
TATTGTTAAACCTGCTAAAAGAATGTTTTTTGGCCAGTTGCAGGTAGCTCTGCTTTGCTG
GGAGTTGCATTAAGAAAATATACACATTTACTTGACATTCAACTTGATAAAAAATTAGTT
ATTGCCATATGTTGCATCACATTTATAGGGATTTAATATTTTATGTACGCCTAATTA
AATCATCTTTAAATATTTATAATACTAAAATAAAAAGGTCAAAAATTTTTTAATACCTAC
ACTAAAAATGTTTGTTCACATTATTTGGATATATTTTATTTGGCGGATTGACTATGCTA
TTCCTAGATGCACTATTATCAATGAGTTATCAAAACATAATAGTATATTTTGTGGATTG
CAGTTATAATGGGTTTTTTTCTAGTTAATATAGCTTTAATTATAGATAAAAACATTCATGT
CATACTTAAAAACCAATAG

> Q5HI67

Function: protein coding sequence; oxidoreductase (core genome, variable)

Best match: Q5HI67_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[647272:648210] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 37568 ... 38507; Length: 939 bp

Sequence:

ATGAAGCAATTTGTAACCTTAGGTAAATCTGATGTTGAAGTGTTCCTCAATCGCACTTGGG
ACGAACGCAGTAGGTGGGCATAATTTATATCCGAACTTAGATGAAGAACAAGGAAAAGA
TGTTGTTTCGTCAAGCCATTAATCATGGTATTAATTTATTAGATACGGCATATATTTATGGG
CCAGAACGATCAGAAGAATTGGTTGGAGAAGTTGTTAAAGAATATCCGCGAGAGCAAAT
TAAAATTGCTACGAAAGGGTCTCATGAATTTGATGAAAATCAAGAAGTACATCAGAACA
ATCAACCGGAATATTTAAAACAACAAGTTGAGAATAGTTTGAAACGTCTACAACTGATT
ATATCGATTTATATTATATTCATTTTCCGGATAACAACACTCCGAAAGATCAAGCAGTTGC
AGCATTACAAGAGCTTAAGGAACAAGGGAAGATTAAGCAATTGGTGTATCAAATTTCA
CATTAGATCAACTTAAAGAAGCAAATAAAGATGGTTACGTTGATGTTGTACAGTTAGAAT
ATAATTTATTGCATCGCGAAAATGAGGCAGTATTACAATATTGTGTTGATCACCAAATCA
CATTTATTCATATTTCCCATTAGCATCCGGTATTTTAGCTGGAAAATATGATGAGAACAC
TAAATTTAGTGACCATCGTACTACACGTTCGTGATTTTAAACCAGGTGTATTTGAAGAAAA
TGTGCGTCGCGTAAAAGCTTTGGAAAGCATAGCTGCAGCACATCAAACCTCAATTGCGAA
CATTGTATTAGCATTTTATTTAACGAGACCAGCTATCGATGTGATTATTCCTGGTGAAAA
CGTGCAGAACAAGTCGTTGAAAATATTAAGCTGCAGATATCGTTTTATCAGATGATGAG
ATCAATATATCGATGAACTGTTCCGATTGAAGACTAA

> Q5HI66

Function: protein coding sequence; NADPH-dependent FMN reductase (core genome, variable)

Best match: Q5HI66_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[648421:648957] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 38717 ... 39254; Length: 537 bp

Sequence:

ATGATTACTGTTTTGTTTGGTGGGAGTAGACCAAACGGTAATACTGCACAATTAACAAAA
TTCGCTTTGCAAGATTTAGAGTATCAATGGATTGACGTGACACAACATCAGTTTAAACCG
ATACGTGACGTGAGACATACAGCAGAGACTATTACTTCATATGACGATGACTATTTGCCG
ATTCTAGATAAAAATATTGGCTAGTGATACAATTTTTTGCATCACCAGTGTATTGGTATA
GCATTTACAGCACCATTGAAAGCATTATCGAACATTGGTCAGAAACATTACAAGATAAAC
GATATCCTAATTTAAGGCACAAATGGCCGAAAAGGATTTTAGAGTTATTTAGTTGGTG
GAGATTGTCCAAAATAAAAAGCGAAGCCAGCAATTACGCAAATGAAATATAGTTTAGAC
TTTTTAGGTGCCACTTTAAATGGTTATATTATTGGAAGTCTGAAAAGCCTGGTGACATCA
TGAAAGACAACCTATGCCTTAGCACGTGCAACTGAGTGAATAGTATATTGCAATAA

> Q8NXU4

Function: protein coding sequence; GNAT family acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: Q8NXU4_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[676945:677421] (completely identical)

Position: 018-contig_252: 39422 ... 39899; Length: 477 bp

Sequence:

ATGTTCAAGGTAAGACAAGCAACTGAAAAAGATGTTGTTCAAATTAGAGATGTCGCAACT
AAAGCTTGGTTTAATACATACTTAAATATATACGCTGCGACAACAGTTAATCACTTGTTA
GAAGCTTCATATAATGAACATCATTTAAAGAAAAGACTTCAAGAACAATTATTCTTAGTC
GTTGAAGAAGGTAATGACATCGTTGGCTTTGCTAACTTTATTTACGGTGAAGAATTATATT
TATCAGCTCATTATGTTAAACCAGAATCGCAACATACAGGTTATGGTACAGCATTGTTAA
ATGAAGGATTATCACGTTTTGAAGATAAATTTGAAGGTGTTACTTAGAAGTAGATAATA
AAAATGAAGAAGCAGTAGCTTACTATAAAGAGCAAGGTTTTACAATCTTACGCTCTTATC
AGCCAGAAATGTATGGCGAAAAGTTAGACTTAGCACTTATGTACAAAGCATTTTAA

> Q5HI65

Function: protein coding sequence; phosphohydrolase (core genome, constant)

Best match: Q5HI65_CC001_MW2-USA400_BA000033.2649642:650937

Position: 018-contig_252: 39938 ... 41234; Length: 1296 bp

Sequence:

ATGACTAACGCATATGTAGGTTTAAAATTAGTAGAAGAAAAAGTTTTTAAAGACCCGATA
CATCGATATATTCATGTTGAAGATCAATTGATATGGGATTTAATTAATAACTAAGGAATTC
CAAAGGTTACGTGCAATTAGACAACACTAGGAACACTGTACCTATCTTTTCACACAGCAGAA
CATAGTCGCTTTGGACATTTAGGTGTGTATGAAATAGTTAGACGATTAATTGATGAGT
CATTTATTGGTCATGATGCATGGGACAATAAAGATAGACCGTTGGCATTATGTGCTGCAT
TATTACATGATTTAGGACATGGTCCATTTTCACATAGTTTTGAAAAAATATTTAATACAGA
CCATGAAGCATAACACAAGCGATTACTTGGAGATACTGAGGTGAATGCTGTATTACG
TAAAGTGTCGCCTGAGTTTCCAAGAGAAGTTGCGGAAGTAATTAATAAAAACGCATCATAA
TAAATTGGTCATTTTCGATGATTTTCGTCACAAATCGATGCGGATAGAATGGATTATTTACA
ACGTGATGCGTATTTACAGGTGTATCATATGGTGCTTTTGATATGGAACGTATTTAAGA
TTAATGCGACCTTCTAAAGATGAAGTACTAATTAAGAAAGTGGTATGCATGCAGTTGAA
AACTTTATTATGAGTCGTTATCAAATGTATTGGCAAATTTATTTCCACCCAGTTAGTCGTG
GTGGAGAAGTGCTGCTTAATAATTGTTTGAAACGCGCAAACAGCTTTATAATGAAGGCT
ATGAATTTAAGTTGCATCCACATGATTTTATTCCATTTTTTTGAAGAGACAGTTACGATTGA
ACAATATGTTGAACTCGATGAAGCGGTAGTTACGTATTTTGGAAAAATGGACAAAAGA
AGATGATGCCATTTAAGTGATTTAGCAAGTCGATTTATTAATCGAGACTTATTTAAATAT
ATTCATTTGATGGCTCAATTATTACAATATCAGAACTGCAAGAAGTGTGTTGAAGCAGGT
GGTATTAATCCAGATTATTATTTTGTGAGTGAAGCATTTTCGGATTTGCCATATGACTATG
ATCGACCTGGGTCAAATCGCAAACCGATTCATTTATTAAGACAAGATGGTACGATTAGAG
AAATAAGCAATCAATCTTTAGTCATTCATAGTATTACAGGCATTAATCGCCAAGACTATA
AATTATATTATCCTAGAGAAATGGTTGCAAAGATTAAGATAAGACAATTAGAGAAGCT
ATTGAAAATTTGATTAATGAGCTTAATTA

> adhA

Function: protein coding sequence; alcohol dehydrogenase I (core genome, constant)

Best match: adhA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[651985:652995]

Position: 018-contig_252: 42282 ... 43293; Length: 1011 bp

Sequence:

ATGAGAGCAGCAGTTGTAACGAAAGATCACAAAGTAAGTATTGAGGACAAAAAGTTAAG
AGCTTTAAAACCTGGTGAAGCGTTGGTACAAACGGAATATTGTGGCGTTTGTGCATACCGA
TTTACATGTTAAGAATGCTGATTTTGGTGATGTTACAGGCGTTACTTTAGGTCATGAAGGT
ATTGGTAAAGTCATCGAAGTTGCGGAAGATGTAAAATCATTAAAAAATTGGAGACCGTGTG
TCTATCGCTTGGATGTTTCGAAAGCTGTGGAAGATGTGAATATTGTACAACAGGTCGTGAA
ACACTTTGCCGTAGTGTGAAAAATGCTGGTTATACAGTAGATGGTGAATGGCTGAACAA
GTTATTGTTACTGCAGACTATGCTGTGAAAGTACCTGAAAAATTAGATCCAGCAGCAGCG
TCTTCTATTACATGCGCAGGTGTGACAACCTTATAAAGCTGTAAAAGTAAGTAATGTA
CCTGGACAATGGTTAGGTGTTTTTGGTATAGGTGGTTTAGGTAACCTAGCTTTACAATATG
CTAAAAACGTTATGGGGGCTAAAATTGTTGCCTTCGACATCAATGATGATAAATTAACAT
TCGCGAAAGAATTAGGTGCAGATGCTATTATTAATTCTAAAGATGTTGATCCAGTTGCAG
AAGTTATGAAATTAAGTATAACAAAGGATTAGATGCAACAGTGGTAACTTCAGTTGCTA
AGACGCCATTTAACCAAGCGGTTGATGTTGTAAAAGCTGGTGAAGAGTTGTTGCCGTTG

GTTTACCTGTTGATAAAAATGAACTTAGATATCCCAAGATTAGTGCTTGACGGTATTGAAG
TAGTAGGTTCACTTGTGGTACAAGACAAGACTTACGTGAAGCGTTTGAATTTGCTGCTG
AAAATAAAGTAACACCTAAAGTTCAATTAAGAAAATTAGAAGAAATTAATGATATTTTG
AAGAAATGGAAAATGGTACTATAACTGGTAGAATGGTTATTAATTTTAA

> **argS**

Function: protein coding sequence; arginyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: argS_CC008_NCTC8325_CP000253.1[601966:603627]

Position: 018-contig_252: 43981 ... 45643; Length: 1662 bp

Sequence:

ATGAATATTATTGATCAAGTGAAACAAACATTAGTAGAAGAAATTGCAGCAAGTATTAAC
AAAGCAGGATTAGCAGATGAGATTCTGATATTAATAATTGAAGTTCCTAAAGATACAAA
AAATGGAGATTATGCTACTAATATTGCGATGGTACTGACTAAGATTGCAAAGCGTAATCC
TCGTGAAATTGCTCAAGCGATTGTTGATAACTTAGATACTGAAAAAGCACATGTAAAACA
AATTGACATTGCTGGTCCAGGATTCATTAATTTTTACTTAGATAATCAGTATTTAACAGCA
ATTATTCCTGAAGCAATTGAAAAAGGTGATCAATTTGGACATGTAATGAATCAAAAAGGG
CAAAATGTATTGCTTGAGTATGTTTCAGCTAACCTACAGGAGATTTACATATTGGTCATG
CTAGAAATGCAGCAGTTGGTGATGCTTTAGCTAATATTTTAACTGCAGCTGGCTATAATGT
AACACGTGAATATTATTAATGATGCTGGTAATCAAATTACTAACTTAGCGCGTTTCGATT
GAAACACGTTTCTTTGAAGCTTTAGGTGACAATAGTTATTCAATGCCAGAAGATGGCTAT
AATGGTAAAGATATTATTGAAATAGGTAAAGATTTAGCAGAGAAACATCCTGAAATTA
AGATTATTCTGAAGAAGCACGTTTGAAGAATTTAGAAAATTAGGCGTAGAATACGAAA
TGGCTAAACTGAAAAATGATTTAGCAGAGTTCAATACGCATTTTGATAATTGGTTTAGTG
AAACATCTTTATATGAAAAAGGCGAAATCTTGAAGTTTTAGCAAAAATGAAAGAATTAG
GTTATACGTATGAAGCTGATGGCGCTACATGGTTACGTACAACCTGATTTTAAAGACGACA
AAGACAGAGTATTAATTAATAATGACGGTACATATACGTATTTCTTACCAGATATTGCGT
ACCACTTCGATAAAGTTAAACGTGGTAATGACATTTTAATCGATTTATTTGGTGCTGATCA
TCATGGTTATATTAATCGTTTGAAGCATCTCTTGAACGTTTGGTGTAGATAGTAATCGT
TTAGAAATTCAAATCATGCAAATGGTTCGTTTAATGGAAAATGGTAAAGAAGTGAAGATG
AGTAAACGTAAGTAAATGCGATTACATTAAGAGAAATTATGGACGAAGTTGGCGTTGAC
GCTGCACGTTATTTCTTAACTATGCGTAGTCCTGATAGTCACTTTGATTTTGATATGGAAT
TAGCGAAAGAGCAATCTCAAGACAATCCAGTTTACTATGCTCAATATGCACATGCGCGTA
TTTGTTCAATTTTAAACAAGCGAAAGAGCAAGGAATTGAGGTAGCTGCTGCGAATGATT
TTACAACGATTACAAATGAAAAAGCGATTGAATTGTTGAAAAAAGTAGCTGATTTCGAAC
CTACAATTGAAAGTGCAGCTGAGCATAGATCAGCACATAGAATTACTAATTATATTCAAG
ATTTAGCTTCTCATTTCATAAATTCTATAATGCTGAAAAAGTGTTAACAGATGATATTGA
AAAAACAAAAGCACATGTTGCTATGATTGAAGCGGTCAGAATTACATTGAAAAATGCATT
GGCAATGGTTCGGTGTAAAGCGCACCTGAATCAATGTAA

> **tx_universal2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[655556:655596]

Position: 018-contig_252: 45852 ... 45882; Length: 30 bp

Sequence:

CTGAACGAAAATTCGCTTGTAACAAGCTTT

> **A5IQG3**

Function: protein coding sequence; similar to iron-binding transport protein (core genome, constant)

Best match: A5IQG3_CC008_NCTC8325_CP000253.1[605030:605917] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 1036 ... 1924; Length: 888 bp

Sequence:

GTGAAGAAATCGTTAATTGCTTTTATTTTGATTTTATGCTTGTCTGAGTGGCTGTGGTAT
GAAAGATAATGATAAACAAGGTAGCAATGATAATGGCTCGTCTAAATCGCCGTACCATA
GAATTGTTTCGTTAATGCCTAGTAATACTGAAATTTATATGAATTAGGATTAGGTAATA
CATAGTTGGTGTTCACCGTTGATGATTATCCAAAAGATGTGAAAAAGGGTAAGAAACA

ATTTGATGCTTTGAATCTAAATAAAGAGGAACTTTTAAAGGCAAAGCCAGATCTAATTCT
TGCGCATGAGTCGCAAAAGGCAACTGCTAATAAAGTATTGTCATCATTAGAGAAACAAG
GCATCAAAGTAGTGTATGTTAAAGATGCACAATCAATTGATGAACTTACAACACATTTA
AGCAAATTGGGAAATTAACGCATCATGATAAGCAGGCTGAACAACCTGTTGAGGAACT
AAAGATAATATCGATAAAGTCATAGATTCAATTCCTGCTCATCATAAAAAATCAAAAGTA
TTTATTGAGGTTTCATCAAAGCCTGAAATATATACAGCAGGGAAGCATAACATTTTTTAAT
GATATGTTAGAAAAATTAGAAGCCCAAAATGTGTATAGTGACATTAATGGTTGGAACCC
GTAACGAAGGAAAGTATTATTA AAAAAGAACCCAGATATATTAATTTGACGGAAGCTAA
GACAAGATCAGATTATATGGATATCATCAAAAAAAGAGGTGGATTCAATAAAATTAATG
CTGTCAAGAATACACGTATTGAAGTTGTAAATGGTGATGAAGTATCAAGACCAGGTCCAC
GTATTGATGAAGGATTAAGAATTAAGAGATGCAATTTATAGAAAATAA

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[662739:662803] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 7091 ... 7156; Length: 65 bp

Sequence:

AGGCAATGTGAAAAAGCTGATTACTATTCATTATTTGATAGAAATCAGCTTTTTTTGAAAT
GTAT

> **sarA**

Function: protein coding sequence; staph accessory regulator A (core genome, constant)

Best match: sarA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[662954:663328:r]RC (completely identical)

Position: 019-contig_265: 7307 ... 7682; Length: 375 bp

Sequence:

TTATAGTTCAATTTTCGTTGTTTGCTTCAGTGATTTCGTTTATTTACTCGACTCAATAATGATT
CGATTTTTTTACGTTGTTGTGCATTAACAAGAATTAATACAGTTCTTTCATCATGCTCATT
CGTTTTTTATCGAAGTAATCTTCTTGAGATAAAATTTAACTGCTTTAACAACCTGTGGTT
GTTTGTAGTTTAAATGATTAATAATATCTTTAAGATAGTATTCTTTCTCTTTGTTTTCGCTG
ATGTATGTCAATACAGCGAATTCTTCAAAGCTAATTGAAAATTCCTTTTTAATTAACCTTT
TTAATTTGTCAGCATAAGTGACCATTGATAACAACCTCAAAGCAATCATTGATTTTTGTAAT
TGCCAT

> **A6QES9**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A6QES9_CC008_NCTC8325_CP000253.1[612385:612534:r]RC (completely identical)

Position: 019-contig_265: 8391 ... 8541; Length: 150 bp

Sequence:

CTATGAAATATTAGCACGAATAACATAATTTTTGCTATTAATTTGGTGTAATTATTAAAA
AATAACATTAATTTAGGTCTTAAGAATGAGTTGACTATCGAATTTGCTAAATTAATTTG
TTGTGTCAAAGCATACTACCCAAATCAA

> **Q2YSV8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2YSV8_CC001-ST772_118_AJGE01000030.1[54626:55555:r]RC (completely identical)

Position: 019-contig_265: 8629 ... 9559; Length: 930 bp

Sequence:

TTAAAATAATCTTAAAAGTATAATGCCTGTCAAATACATAATAGACCAATAGTTTTTCT
GGATGTCATTGCTATTTTAGGTGAACCAAATAATCCAAAGTGATCTATCAATATGCCCAT
AGAATCTGGCCAAACATCCCAATAAGTGTTGTTAATGCTGCACCCATATGAGGCATTAAG
ATAATGTTAGCTGTTACAAAAGCCATGCCAAGTATACCGCCAGTAAAATAGATAGGCTTT
AATTTACCGAATTTTAAATGACTTGTTTTTAGTTTTAAAGAACGATTAAAAATAGCGGTTA
AAATCAATAGCGCTATTGACCCAATTGTAAATGATACTAATGATGCAAAGGCTGTTGAAT

GAGTATGACTTGCTAAAGCACTATTAATTGTCGTTTGAATAGGTGGAAAGAAACCAAAAA
TAAATCCTAAGAGAAGCCAAAACAGTAAATACTTTTGATCAGTTAGTAATAAATTATTCT
TGTTAAATTGATTCATTATGACGATGCCGATAATGAGTAACAATACTCCAATTGCTTTAAT
TAAATTTAAATCATGAATTGTAGCGCCAAATAAGCCCAATGTATCAATAATGACACCCAT
AATAATTTGACCCGCAACTGTTGCAATTACAGTTAATGTTGCACCTAATTTTGGCAATAAC
AATAAATTGCCAGTTAAAAAGCTAACCCCAAGCAAACCACCGACTACCCATGTGTAGTTA
AATGATTGATTATTGTA AAAAGTGAATAGTAAATACTTCTGGATTGATAATGATATTTAAA
ATAATTTAAACAAATTGTTCCA ACTGAAAATGAAATGAATGAAGTATAGAAAGGCGATTT
AGTATACAGTGATAGTCTTGAATTGACAGATGTTTGGATAGGAATAAGCATTCCA ACTAG
GACACCAATGATATAGAAAAGAAGCAT

> **A6QET1**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A6QET1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[665400:665624:r]RC

Position: 019-contig_265: 9753 ... 9978; Length: 225 bp

Sequence:

CTATTTCTTATCTTCAAATAAAAACAGTTGTTGTTTTATCAATAATTTGAGCAGAATGTACT
TTGGTGATAGTACC ACTATTTGACTTTATAATATTTAAATCTACTAATGCATTCATACTAT
CACGTGCAACTTGCTCGGTCACTACGTTGTTAATTGTGATAATTGCAGTTTTACAGGCTT
GTCTAGTGAAGATTTAAA ACTTAATTCAAGTGTTTTAGTCAT

> **Q7A1N3-var1**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q7A1N3-var1_CC008_COL_CP000046.1[702663:702866:r]RC (completely identical)

Position: 019-contig_265: 9994 ... 10198; Length: 204 bp

Sequence:

TTAAATTGATAAAGATTTGATGAGTTCGATATTGCTATATGTTTCTCCAGTAAGTCGCTCA
ATAAGTTTGCTGAATGTTTTAATTTGGTCGTTTGATGCATCAGGGTTAATGTTAGCGAATC
GACGCTTAAATTCTGTTTGTGGCCGTTAGCGTCTACTTTAGTAAATGATAATACAATAGT
GATGTGGTTTATTTTACTCAT

> **A5IQH4**

Function: protein coding sequence; putative phage integrase family protein ?? (core genome, constant)

Best match: A5IQH4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[666003:666563] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 10356 ... 10917; Length: 561 bp

Sequence:

ATGAATAAAGTAGAAGCGATTAAATTTAATGATGATATTGTTAAAATGTATGAAGCGCTC
AAGATAAAATCTGAACGTGACTATTTATTCTTTAAGTTAGCTATACATAGTGGATTGAAA
GTATCAGAATTATTAACAATTACAGTCTCTCAAGTTAAGAGACTAATTGAAAAGTGTACC
TTATCAGAAATGTGTAAAGCACATTTTCATTCGTTGATTAAAATTAGGTTACCAGAAACA
TTATCGAAAGAACTACTTCAATATATAGAGGACAGGAGTCTTTTGAATGAAGACGTTCTT
TTTCAATCACTACGAACAAATCAAGTATTATCTAGACAGCAAGCATATCGAATAATTCAC
CAAGCATCAATTGAAGCTGGTATAGATAATGTAGGACTAACGACATTGCGTAAGACATTT
GCATATCATGCTTATCAAAAAGGTATACCTATACCAGTCATTCAAAAAGTATTTAGGGCAT
CAATCTGCTATTGAAACACTAAATTTTATCGGTTTAGAAAATGAGTGTGAACATAGTATTT
ATATTTTATTACAATTATAG

> **mrpA**

Function: protein coding sequence; Na⁺/H⁺ antiporter/MnhA component/putative (core genome, constant)

Best match: mrpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[666582:668984]

Position: 019-contig_265: 10935 ... 13338; Length: 2403 bp

Sequence:

ATGAGTTTGGTTTATTTATTAATTGCTATACTTGTGATTATGGCGATGATACTTCTAATGTC
TAAACGTAGAGCATTGGCTAAATATGCCGGGTACATAGCGTTGGTTGCACCTGTAATTC

ATCTATCTATTTTTGATTCAAATACCATCAGTAGCTAAACTGCAATATCTTTCTACCTCTA
TTCCATGGATTAAGACATTAGATATTAATTTAGATTTACGTTTAGATGGTTTAAAGTTAAT
GTTTTCTCTTATTATTTCACTTATTGGAATTGCAGTATTCTTCTATGCAACTCAATATTTAT
CCTCTCGAAAAGACAATTTACCAAGGTTTTATTTTTATTTAACGTTATTTATGTTTCAGTAT
GATTGGTATTGTATTATCAGACAATACGATATTGATGTACATTTTTTTGGGAATTAACGAGT
GTATCATCATTTTTATTGATTTTCATATTGGTATAACAACGGAGATAGTCAATTTGGTGCGA
TGCAATCATTTATGATTACAGTATTTGGTGGTTGGCATTATTAGTTGGTTTTATCATGTTG
TATATTATGACAGGAACGAATAACATCACAGAGATATTAGGACAAGCAGATTATATTTAA
GAATCATGGATTGTTTATCCCTATGATTTTTATGTTTTTATTAGGTGCATTTACAAAATCA
GCACAATTTCCATTTTCATATTTGGCTACCTAGAGCAATGGCTGCACCTACACCTGTAAGTG
CTTATTTACATTCAGCCACGATGGTAAAAGCTGGTATCTTTTTATTACTTCGATTTACACC
ATTATTAGGTCTTAGCAATATGTACGTATATATCGTTACGTTTGTGGTTTAAATAACAATG
TTATTTGGTTCAATTACAGCTTTAAAACAATGGGATTTAAAAGGTATCCTAGCGTACTCTA
CAATCAGTCAACTGGGATGATTATGGCTATGGTGGGTATAGGTGGCGGATATGCTCAAC
ACCAACAAGACGCAATAGCATCTATTTATGTATTTGTATTATTTGGTGCCTATTTTCATCT
AATGAATCATGCCATCTTTAAATGTGCGCTTTTCATGGGAGTAGGTATTTAGATCATGAA
GCAGGTTCAAGGGATATACGAATTTTAAAGTGGAAATGCGTCAACTATTTCCATAAATGAAT
CTAGTCATGACGATAGCGGCTCTATCTATGGCTGGAGTACCATTTTTAAATGGATTTTTAA
GTAAAGAAATGTTTTTAGATGCATTAACACAACTGGACAATTATCCCAATTTAGTTTGA
TTTCAATGATAGCTATCGTGTGTTGTTGGTGTATTGCGAGTGTTTTTACATTCACATATGCA
CTATACATGGTAAAAGAAGTATTTGGACAAAATATGATTCTAAGGTTTTTACTAAAAAA
AATATCCACGAACCATGGTTGTTTAGTTTACCATCTCTTATATTAATGGTGCTAGTACCTG
TAATCTTTTTTGTACCAAATATATTTGGGAAGGGGATTATCGTTCTAGCATTAAAGAGCTGT
ATCAGGTGGTAATCATCAAATTGATCAATTGGCACCACATGTTTCGCAATGGCATGGATT
TAACATACCGCTTCTTTTAAACCATCATCATTATTTTATTGGGTAGTGTACTAGCAATCAAA
GTAGATTGGAAAAAAGTGTTTCACAGGTAAAATTAGACAGATTTTCAGTTTCAAAAAGCTAT
GAGATGGTATATCGACATTTTGAAAAGTTTGCTACGAAGCGATTTAAACGTGTTATGCAA
GATCGTTTAAACCAATACATTATTATGACCTTAGGCATATTTATGATTATCATTGGATATG
GTTATATTCGAATTGGACTTCCTAAAGTACATCAGTTACATGTTTCTGAATTTGGGGCATT
AGAAATTATATTAGCAATCGTAACTGTCACAATTGGTATTTCTTTAATTTTTATACGTCAA
CGACTGACAATGGTCATTTTAAATGGAGTCATCGGATTTGTTGTGACCTTATTCTTTATAG
CAATGAAAGCCCCTGATCTAGCATTGACTCAGCTAGTAGTTGAAACAATAACGACGATAC
TATTTATTGTCAGTTTTTCAAGATTACCAAACGTGCCAAGATCTAACGCTAACAAAAAAA
GAGAAATAATTTAAATTTCTGTATCACTCTTGATGGCACTTATTGTTGTATCATTATTTT
TATTACACAACAACAGATGGTTTATCATCAATATCAGACTTTTTATTTAAAAGCTGACAA
ACTAACAGGTGGTAAAAATATTGTAAATGCGATACTTGGTGACTTTAGAGCATTAGATAC
ATTATTTGAAGGATTAGTGTTAATTACTGGGCTAGGTATTTACACATTATTAATTAT
CAAGATCGGAGGGGACAAGATGAAAGAGAATGA

> **mrpB**

Function: protein coding sequence; monovalent cation/proton antiporter protein B (core genome, constant)

Best match: mrpB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[668971:669396] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 13324 ... 13750; Length: 426 bp

Sequence:

ATGAAAGAGAATGATGTCGTGTTAAGAACGGTCACGAACTTGTTGTATTTATTTTATTG
ACTTTCGGATTCTATGTCTTCTTCGCAGGTCATAATAATCCTGGTGGTGGGTTTATTGGTG
GTTTAAATATTTAGTTCAGCGTTTATTTTAAATGTTTCTGGCTTTTAAATGTTGAAGAGGTTTAA
GAAAGTTTACCGATTGATTTTAGAATTTTAAATGATTATTGGAGCATTGGTATCATCTATTA
CTGCGATAATACCTATGTTTTTTGGAAAACCATTTTTGTCTCAATATGAAACAACCTTGGAT
ACTTCCAATTTTAGGACAAATTCATGTAAGTACAATAACACTTTTTGAATTAGGTATTTTAA
TTCTCAGTTGTTGGTGTATTGTCACAGTGATGTTGTGCTTAGCGGAGGTCGATCATGA

> **mrpC**

Function: protein coding sequence; monovalent cation/proton antiporter protein C (core genome, constant)

Best match: mrpC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[669393:669737] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 13746 ... 14091; Length: 345 bp

Sequence:

```
ATGAATTTAATATTATTACTAGTTATAGGATTTTTAGTGTTTATAGGAACATATATGATTT
TATCAATCAATTTAATTTCGTATTGTAATCGGAATTTCAATATATACTCATGCTGGTAATCT
CATTATTATGAGTATGGGAACGTATGGTTCTAGTAGATCAGAACCCTAATAACTGGTGG
AAACCAATTGTTTGTGATCCCTTGTACAAGCTATTGTACTAACTGCAATAGTTATAGGG
TTTGGGATGACTGCGTTTTTACTTGTACTTGTATAGAACTTATAAAGTAACAAAAGAAG
ATGAAATTGAAGGCCTAAGGGGGGAAGATGATGCTAAGTAA
```

> **mrpD**

Function: protein coding sequence; monovalent cation/proton antiporter protein D (core genome, constant)

Best match: mrpD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[669727:671223] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 14080 ... 15577; Length: 1497 bp

Sequence:

```
ATGCTAAGTAACTTATTGATTTTACCAATGTTATTACCATTCCTTTGTGCCTTAATCCTTGT
ATTTTTAAAAATAATGATCGTATTTCTAAATATTTATACTTAGGTACAATGACTATCACC
ACAATTATTTCAATTAATGCTATTAATTTATGTTTCAGCGTCACCGTCCAATTACGCTAGACT
TTGGAGGATGGTCAGCGCCCTTTGGTATACAGTTTTTAGGAGATTCTTTAAGTTTAATTAT
GGTTACAACCGCTTCGTTTGTGATTACTTTAATTATGGCATAACGGATTTGGGCGTGGCGAA
CATAAAGCAAATCGTTATCACTTGCCATCGTTCATATTTTTTAAAGTGTGGCGTGATAG
GCTCTTTTCTAACATCAGATTTATTTAATTTATACGTCATGTTTGAAATTATGTTACTAGCG
TCATTTGTACTCATTACACTTGGACAATCTGTAGAACAATTACGTGCTGCAATTATTTATG
TTGTCTTGAATATTATTGGTTCATGGCTATTCTTATTAGGTATAGGTTTACTTTATAAACA
GTAGGTACATTAACCTTTTCACATATTGCAATGCGTTTGAATGACATGGGAGATAATCGC
ACTGTTACAATGATTTTCATTAATCTTCTTAGTCGCATTTAGTGCGAAAGCAGCGCTGGTCC
TTTTTATGTGGCTACCCAAAGCCTACGCTGTGTTAAATACTGAGCTTGCAGCATTATTTGC
AGCGTTAATGACCAAAGTAGGGGCCTATGCATTAATTCGATTCTTCACTTTACTATTTGAT
CAACATAATGATCTCATAACATCCATTGCTAGCAACTATGGCTGCTATAACTATGGTCATCG
GCGCTATAGGTGTCATTGCTTATAAAGATATTA AAAAGATTGCAGCTTACCAAGTCATAA
TCTCAATAGGATTTATCATTTTAGGTTTAGGAACAAACACGTTTGCAGGTATTAATGGTGC
AATATTTTATTTGGTAAATGACATTGTTGTAAAAACATTGCTATTTTTTATTATTGGTAGTT
TAGTTTACATTACAGGCTATCGACAATATCAATATTTGAATGGCTTAGCTAAAAAAGAAC
CTTTATTTGGAGTTGCGTTTATTATAATGATTTTTGCTATTGGCGGCGTGCCTCCATTTAGT
GGCTTTCCGGGAAAGTACTTATTTTCCAAGGTGCATTGCAAAATGGCAATTATATTGGA
CTAGCGTTAATGATTATTACTAGTCTAATTGCAATGTACAGTTTATTTAGGATACTTTTTT
ATATGTATTTTGGAGATAAAGATGGGGAGGAAGTTAATTTTAAAGAAAATCCCGCTATATC
GAAAAAGAATTTTAAAGTATTTTAGTAGTTGTGGTTATCGCAATCGGAATTGCTGCACCTGT
TGTGTTAAATGTTACAAGTGATGCAACTGAGTTGAACACGAGTGATCAATTATATCAAAA
ACTTGTAATCCGCATTTGAAAGGAGAGGACTAA
```

> **mrpE**

Function: protein coding sequence; monovalent cation/proton antiporter protein E (core genome, constant)

Best match: mrpE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[671224:671706] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 15577 ... 16060; Length: 483 bp

Sequence:

```
ATGAATCAAATAGTTTTAAATATTATCATTGCATTCTTATGGGTATTATTTCAAGATGAAG
ATCATTTTAAATTCTCGACTTTCTTTTCTGGATATCTAATTGGTTTAATTGTCATTTATATA
TTACACAGGTTTTTTCAGCGATGATTTTTATGTTAGAAAAATATGGGTAGCTATTAATTTT
TAGGTGTTTATTTATATCAATTAATAACATCTAGCATTAGCACGATTAATTATATTCTTTTT
AAAACAAAAGATATGAACCCTGGATTACTTTTCATATGAAACAAGACTAACAAGTGATTG
```

GTCAATAACATTTTTTAACAATTTTAATTATTATAACTCCAGGGTCTACAGTAATACGAATT
TCTCAAGACTCTAAAAAGTTTTTTATTTCATAGTATCGACGTGTCAGAAAAAGAAAAAGAT
AGTTTGTTAAGAAGTATTAAGCATTATGAAGACTTAATATTGGAGGTGTCGCGATGA

> **mrpF**

Function: protein coding sequence; monovalent cation/proton antiporter protein F (core genome, constant)

Best match: mrpF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[671703:672005] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 16056 ... 16359; Length: 303 bp

Sequence:

ATGATACAAACAATAACACATATTATGATTATTAGTTCACTCATTATTTTTGGAATTGCAT
TAATCATCTGTTTATTTAGATTAATCAAGGGACCTACAACAGCAGATCGTGTGCTTACATT
TGATACAACAAGTGCTGTCGTAATGTCAATTGTGGGTGTGTTAAGTGTACTTATGGGCAC
CGTTTCTTTCTTAGATTCAATCATGCTCATTGCCATTATATCTTTTGTAAAGTTCTGTTTCAA
TATCACGCTTTATTGGTGGGGGGCATGTGTTTAATGGAAATAACAAAAGAAATCTTTAG

> **mrpG**

Function: protein coding sequence; monovalent cation/proton antiporter protein G (core genome, constant)

Best match: mrpG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[671980:672417] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 16333 ... 16771; Length: 438 bp

Sequence:

ATGGAAATAACAAAAGAAATCTTTAGTCTTATTGCTGCTGTGATGTTGTTGTTAGGTAGTT
TTATTGCTCTTATTAGTGCAATAGGTATCGTGAAATCCAAGATGTTTTCTTAAGAAGTCA
CGCTGCGACAAAAAGTTCAACTTTATCCGTGTTATTAACTTAATCGGTGTATTAATTTAT
TTTATTGTGAATACAGGATTTTCAGTGTGCGTTTATTACTGTCACCTGTTTTTATTAATTT
AACTTCACCAGTCGGCATGCACTTAGTCGCTCGCGCTGCTTATCGCAACGGCGCTTATATG
TATCGAAAAAATGATGCTCACACACATGCATCAATATTATTAAGTTCAAATGAACAAAAC
TCTACAGAAGCATTACAATTACGTGCTGAAAAACGAGAAGAGCATCGTAAGAAATGGTA
TCAAACGATTGA

> **Q5HI38**

Function:

Best match: Q5HI38_L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[672757:674799] (completely identical)

Position: 019-contig_265: 17110 ... 19153; Length: 2043 bp

Sequence:

TTGGAAATATTTGAAACAATTCTTATATTTATAGCTGTTGTGATACTAAGTTCGTTTGTCC
ATACTTTCATACCTAAAGTACCCCTAGCATTTATACAAATTTCTTGGGCATGTTACTATT
TATTACCCCAATCCCTGTTCAATTTAATTTTATTCTGAATTGTTTATGGTAACAATGATTG
CGCCTTTGTTATTTGTAGAAGGTGTTAATGTTTCTAGAGTCCATTTAAGGAAATATATTA
GCCAGTGATGATGATGGCATTAGGATTAGTCATTACTACTGTGATAGGTGTAGGTTTATTT
ATTCATTGGATTTGGCCAGATTTACCTATTGGAGCAGCATTGCAATTGCTGCCATTCTTT
GTCCTACTGATGCAGTAGCAGTGCAAGCAATCACTAAAGGAAAGGTCTTGCCAAAAGGA
GCAATGACAATTCTTGAAGGTGAGTCATTATTGAATGATGCTGCTGGTATTATTTCAATTA
AAATAGCTGTTGGAGTATTAGTTACAGGTGCTTTTTCACTTGTTGATGCTGTTTCAAGTTGTT
TTTAATTGCATCAATTGGTGGCGCAGTGGTTGGTTTACTTATAGGTATGGCATTAGTAAGG
TTCCGATTAACATTGATGCGTCGAGGATATGAAAACATTAATATGTTTACAATTATTCAAT
TGTTAACACCATTTGTTACGTATTTAATTGCTGAATTGTTTCACGCATCAGGAATCATTGC
AGCAGTAGTTGCAGGACTTGTACATGGTTTCGAACGTGACAGAATTATGCAAGTACGTAC
ACAACCTGCAAATGAGTTACAATCATAACATGGAATATACTAGGTTATGTTTTAAATGGCTT
TGTTTTTTCAATATTAGGATTTTATAGTACCTGAAGTTATTATTAATAAATTATCAAAAACAGAA
CCGCACAATTTAATCTTTTTAATAGGCATCACTATTGTTGTTGCTTTAGCTGTCTATCTATT
TAGATTTGTTTGGGTTTATGTCTTATATCCTTATTTTTATTTAGCCATCAGTCCATTCCAAA
AAATGATGACTAAAAATGATGATGATAATCCAACGACTGAGAAACCACCAAAGCGAAGT

TTATACGCTTTAATTATGACGTTATGTGGTGTGCATGGAACAATTTCTTTAGCAATCGCAT
TAACGTTACCGTATTTTTTAGCAGGGCATCATGCTTTTACGTATAGAAACGACTTATTATT
TATTGCATCTGGTATGGTTATTATTAGTTTGGTAGTTGCGCAAGTATTATTGCCATTATTA
ACGAAACCTGCACCTAAAACAGTAATTGGCAATATGTCGTTTAAAGTTGCTAGAATTTAT
ATATTAGAACAAGTTATTGATTATCTAAATCAAAAATCTACTTTTCGAAACAAGTTTTAAAT
ATGGTAACGTGATTAAGAATATCATGATAAATTAGCATTTTTTAAAAACTGTAGAGAAAG
ATGATGAAAACCTCTAAAGAATTAGAACGTCTACAAAAAATTGCTTTTAAATGTAGAAACAA
AAACATTAGAGTCTTTAGTAGATGAAGGACAAATAACGAATAGTGTACTTGAAAACCTATA
TGC GTTATGCTGAAAGAACACAGGTATATAGACAAGCATCATTAAATAAGAAGAATGATT
GTATTATTACGAGGTGCTTTATTA AAAACGAAGAGTACAAACGAGAGTGAACCTCCGCATCT
TCACTTAGTGTACGGATAACTTAATGGAATTAATAAAAATTAATAAATTAGTCCATTAT
AATGTGGTTAGTCGTTTGTCTAAGGAAACAACAAAAGATAATACACTTGAAGTTGGAATG
GTTTGTGACGGTTATTTAATGCGAATTGAAAACCTAACACCATCAAATTTCTTCAACTCAG
CAAGTGAAGATACGATTACTAAAATTAATTAATGCATTGAGAGAACAACGTCGCATTT
TACGTGAGTTGATTGATACAGATGAAGTATCAGAAGGTACAGCGTTAAACTAAGAGAA
GCCATCAATTACGATGAAATGGTTATTGTAGATAGTATGACGTAG

> **txbi_Q5HI38**

Function: rho independent terminator

Best match: txbi_Q5HI38_L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[674803:674870:r]RC

(completely identical)

Position: 019-contig_265: 19156 ... 19224; Length: 68 bp

Sequence:

CTAATTATGCTAAAAGGGATTGATGAAAAACTGAAGGGCTTTTCATCAATCCCTTTTATT
TATGGGA

> **tx_rsaC**

Function: rho-independent terminator of rsaC

Best match: tx_rsaC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[674987:675048:r]RC (completely identical)

Position: 019-contig_265: 19340 ... 19402; Length: 62 bp

Sequence:

TATTCACAAAAAATAGCCCACTCATATGACATCGGATGAGTGTGGCTTAAGGATCTATG
GG

> **rsaC**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus C

Best match: rsaC_ref_GQ403617.1[1:533]RC

Position: 019-contig_265: 19351 ... 19884; Length: 533 bp

Sequence:

AATAGCCCACTCATATGACATCGGATGAGTGTGGCTTAAGGATCTATGGGGGGAGGAA
ACCATAGATGTTTACTTTGATAGGCCAGATTAAATATCAAAGTATGCGATTATTTATAGCT
TGATGCAAAAGTGGTATGCCTATTA AAAAGTTACTGCACATAGCTTTTAAATATTCCGTTCAA
AGGAAAGGGGCATACAATTGAACAATCTGTAATAGTACTTTTAAACCAGCTATGCTAAAAG
TCTAGTAGGGAGAACAGTTGTCCAATCACATAAGAACCTCTAACTTCGTTAGTACGATTA
AGAAAAGCTTTTTAGTTAGTATGTAATACAATTTATTGACGCGCGTGAATCTCTTTTATAA
GAGTGTGTAGGGAATGGCGTTGTATAAATTGTATTAGAAGAACTTCTAACGCATCTCTGT
GGTAAAAGAGATGAAGGGAACGACAGTTTAAATTA AAAACTGCATAAGA ACTTCTAGCTTT
TCTCTCTCGTTCAAAGAGAAGCAGCTGTTTCGCAGTTTAAATCAA AACCAT

> **rsaC**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus C

Best match: rsaC-CC8_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[674998:675725:r]RC

Position: 020-contig_263 RC: 37 ... 67; Length: 30 bp

Sequence:

AGTGACAAATGTTTACAGTTTAATTA AAAAC

> **tx_orphan01**

Function: rho-independent terminator

Best match: tx_orphan01_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[676003:676063] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 211 ... 272; Length: 61 bp

Sequence:

TATGTTGATGTGTGGCCTAAAATATTGGAGATACCAATATTTTAGGTTGCATCAACATCA
A

> **mntC**

Function: protein coding sequence; manganese(II) ABC transporter/substrate-binding subunit (core genome, constant)

Best match: mntC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[676093:677022:r]RC (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 301 ... 1231; Length: 930 bp

Sequence:

TTATTTTCATGCTTCCGTGTACAGTTTCAATATTTGATTTTCATCATTGTTGAGTAAGAGTCAC
CTTTAGTGCCTTCTTTACCGATTGAATCTGTGTACACTTCACCAAAGATATCTTTCTTCGTT
TCTTCAGATAAACTTTCCATTGCTTTCTTATCAACACTTGTTTCTACTAATAAGTGTTTTAA
TTTGTGCTTTTTAAACAACTCAATAGCTTGTCTCATTGTTTCAGGTGTACCTTGTTTTTAG
TGTTAATTTCCCAAATATAACCTGGTGAATACCGTATTGTTTTGAGAAGTACTTGAAGGC
ACCTTCACTTGTAAATCATGGCACGTTGTTCTTTTGGAAATGTCATTAAATTTGTCTTTACTGT
CATTATTTAATTTTTCCAATTGAGCAATGTATTTGTTACCTTGCTTTTCATAATCTGCTTTA
TGTTTTTTGTCGTTATCGATAAAATGTTTGTGGAATGTTTTTACGTATTTAATACCGTTATC
TAAACTTAACCATGCGTGTGGATCTTGTGTTATCTTTGTTGCCTTCTTCACCGTTTAAATAGA
TAGGTTTAAACATCTTTTGATACTGCGATAACTTTTTTATCTTTTAATGATTTACCAGCCTGT
TCTAAGGCTTTTTCAAACCAACCGTTACCAGTCTCTAAATTTAATCCGTTGTATAAAATAA
CGTCAGCGTCAGTTAACTTTTTAATATCTTTAGGTTTAACTTCATATTCATGAGGATCTTG
ACCAACAGGTACAATACTATGAATATCGACGTTGTCTCCACCAACATTTTTAGCCATATC
ATATAAAATTGAATTCGTCGTTACTACTTTTTAATTTGCCATTTGACTTATCACTGCTTTGTT
TACCACCAGTACCACATGCAGCAACTAGAAGTAATAAGGCTAATAATAAAGGTAATAA
TTTTTCAT

> **mntB**

Function: protein coding sequence; manganese(II) ABC transporter/permease subunit (core genome, constant)

Best match: mntB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[677019:677855:r]RC (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 1227 ... 2064; Length: 837 bp

Sequence:

TCATGTTAAACTTCCTCGTTTCTTTCTATTCGTA AATTTTGTGAAAATAATGTGATGATAT
AAATTACAAACGTACAAAGTACGATTGTCGCACCACTAGGAATGTTGTAATATAGCTGT
AATAAAGTCCGACAATTGAACTTATGACACTTATTA AACTTGCTATAATCATCATTGAGT
ATAGTTTTTTACTAATTA AAAAATGCTGTAGATGCAGGTGTAATTAATAATGCAACTACAA
GAATAATACCTACCGTTTGAATACTTGCTACTGTTACTAATGAGAGTAACAACATCACAA
AGTAATGTAATAACGTCGTATTTAGACCACTCATTCTACTAAACGTTGGATCGAATGTAG
AAATCATTAATGGACGATAGAAAATAATGATTAGAATAAGGACGATTGAACCAATCACA
ATAGTTGTTAAAAATGCACTATTTGTGATTGCCAGTAAATTACCAAACAGAATATGGTAC
AAATCTGTCGTAGTGTTTATTAAGCTAATAATAATAATCCCCGAAGCTAAGAAAGCGGTA
AAACTAATTCCAATAGCGGCGTCAGTTTCGTTTTACTACTAGATGTGATATAACCGATA
AAAATACTTGCGATCATACCAGTTATAAGTGCGCCTACAAACATTGGAATACCAAATAAG
AATGATAGGGCAACACCAGGTAATACTGCGTGACTCATTGCATCTCCCATTAATGAAAGA
CCACGTAATACAATTA AACTACCAACTGTACCACAACTATCCCTACAATAATTGAAGTT
ATCAATGCTCGATTCAAGAATTGATATGTAAATAAATGTTTCGACAAACTCTAACAT

> **mntA**

Function: protein coding sequence; manganese(II) ABC transporter/ATP-binding subunit (core genome, constant)

Best match: mntA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[677849:678592:r]RC

Position: 020-contig_263 RC: 2057 ... 2801; Length: 744 bp

Sequence:

```
CTAACATGTTATATTGCTCCTTTGACTAGGGTCACTACAGTCAGTGCTACTCATAAATGTT
TCGTTTAAGCGAGTGACACTCATAGCCTCTTCACTATCACCAAAGTATCGTAATGTTTGAT
TTAATAGAATAAATGCGATCAAAGTATTGCTTTGCTTTTGATAGATCATGGTGGATGATAA
GAATAAGTTTTTCCTTGTTGTTTTAAGTTCTCGATTTTTGTCATGATTAATTTTTTCGCTACTA
AAATCAATTCCGACAAACGGCTCATCTAGAAAATAAACTTCACTTTCGGACATCAATGTT
CTTGCTACTAGCACACGTTGTAATTGTCCACCACTTAATTCTGAAATTTGTGCGATGACGTA
AAGATTCTAATTCTAAATCGCTTAATAACTGTTTGAGTTTATCCCTTGCTGATTTATTAGG
TCGTCTAAACCATCCAATTTCTTTGTAGCAACCTGATAAAATCACTTGTTCACACTTATA
GGAAAATCTAAATCAATATGTGCTTTTTGTGGAATATATGTAATATGTTGCAGTTGTTGTT
GTATAGGTTTGTATATAACAATTTAGTACCGGTAGCATTAAATTCACCAATTAAGACTT
GATAAGGGAAGATTTACCAGCACCATTCGGGCCCATGATACCAATTAATTCGCCGCGTAC
TGGTATCGATAAGGAAATGTTTTAAGTACATGCTTATTACCTAAAAACAGATTTAAATCT
TTGTTTCTAACAA
```

> **mntR**

Function: protein coding sequence; manganese-dependent transcript repressor (core genome, constant)

Best match: mntR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[678714:679358]

Position: 020-contig_263 RC: 2922 ... 3567; Length: 645 bp

Sequence:

```
ATGTTAACTGAAGAAAAAGAGGACTATTTAAAGGCAATCCTTACGAATAATGGCGATAA
AACTTTGTGACAAATAAAATCTTATCTCAATTTTTAAATATTAAGCCTCCATCTGTAAGT
GAAATGGTAGGACGTCTTGAAAAAGCAGGCTATGTTGAAACAAAACCATACAAAGGTGT
TAGATTAACAGAGGATGGTTTAAACGCATACGCTTGATATCATTAAAGAGACATCGACTATT
AGAATTATTTTTAATAGAAATATTGAAATATAATTGGGAAGAAGTACATCAAGAAGCAG
AAATTTTAGAACATCGAATTTTCAATTTATTTGTTGAAAGGCTGGATAGCTTGTTAAATTT
CCCAGAACTTGCCCGCACGGCGGTGTGATTCCTAGAAATAATGAATATAAAGAGAAAT
ATATAACAACGATATTGAATTATGAACCTGGCGATATCGTTACAATCAAACGTGTGAGAG
ATAAGACCGATTTGCTAATATATTTGTCTAGTAAAGATATTTCTATTGGTAATGAAGTGGA
AATTGTATCGAAAGATGAAATGAATAAAGTAATTATCATTAACGTAATGATAATGTAAT
TATTGTCAGTTACGAAAATGCAATGAACATGTTTGCTGAAAAATAA
```

> **tarA**

Function: protein coding sequence; N-acetylmannosamine transferase (core genome, constant)

Best match: tarA_CC001_MSSA476_BX571857.1[678925:679689]

Position: 020-contig_263 RC: 4634 ... 5399; Length: 765 bp

Sequence:

```
ATGACTGTTGAAGAAAGATCCAATACAGCCAAAGTTGACATTTTAGGGGTCGATTTTGAT
AATACAACAATGTTGCAAATGGTTGAAAATATTAACCTTTTTTGCAAATCAATCAACG
AATAATCTTTTTATAGTAACAGCCAACCCTGAAATAGTGAATTACGCGACGACACATCAA
GCGTATTTAGAGTTAATAAATCAAGCGAGCTATATTGTTGCTGATGGGACAGGAGTAGTC
AAAGCTTCGCATCGTTTTAAAGCAACCTCTAGCGCATCGTATACCTGGTATTGAGTTGATG
GATGAATGTTTGAAAATTGCTCATGTAAATCATCAAAAAGTATTTTTGCTAGGGGCAACT
AATGAAGTTGTAGAAGCGGCACAATATGCATTGCAACAAAGATATCCAACATATCGTTT
GCACATCATCACGGTTATATTGATTTAGAAGATGAGACAGTAGTAAACGAATTAACCTG
TTTAAACCTGATTACATATTTGTAGGTATGGGATTCCTAAACAAGAAGAATGGATTATG
ACACATGAAAACCAATTTGAATCTACAGTGATGATGGGCGTAGGTGGTTCTCTTGAAGTA
TTTGCTGGGGCTAAAAAGAGAGCGCCTTATATCTTTAGAAAATTAACATTGAATGGATA
TATAGAGCATTAAATAGATTGGAAACGTATTGGTAGATTAAGAGTATTCCTATATTTATG
TATAAATAGCCAAAGCAAAAAGAAAATAAAAAAGGCGAAATAA
```

> **tarH**

Function: protein coding sequence; teichoic acid ABC transporter ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: tarH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[681251:682045:r]RC (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 5459 ... 6254; Length: 795 bp

Sequence:

```
TTATTTAATAACGAAGCGGGACTCATCGAGTTTGTTCCTAAATCTTTTTGTTTCGGCTTTG
GATTTCTTTTTAAAATCGTTAAGGAAAGCTTCATATTTAGGTAATACATCATCAAGTTCAC
CGTAATCTTTAACTTTCCGCCTTCAATCCAAGCAATCTTAGTACAAAATTGTCTCACTTG
TCCTAAGTTATGACTAACGAAAAGATGGTTTTGTTTTGCTCTTTAAACTCGTAAATTTTA
TCTAAACATTTTTGTGCAAAAGTTTGGTACCTACAGATAAAGCTTCGTCAATGACTAAG
ATATCTGGATTAAGTGTGATATTAATTGAAAAACCAAGTTTTGCACGCATACCACTTGAA
TACTTTTTAACTGGTTGATAAATAAACTACCAAGTTCACTAAATTCAATAATCTTAGGTG
TCATCGCTTTAATTTCTTTTCGCTTAAAGCCATACATAACATTTTAAATTCGATATTTTCA
ATCCCTGTAAGTTGTCCACTCAAGCCAGCACTAATTGCGATAACGCTGACTTCACCATTAC
GATCCACTTTGCCAACAGTAGGCGACAAAGAACCGCCAATGATATTGCTCAACGTTGATT
TGCCGGAACCATTGATGCCAACAAAGCCCTATGACGTCGCCTTCATATGCTTTTAAACTAAT
GTCATCTAAAGCGAAAAATGTTTTGTTTTATGTTTGGGAATGAGCGCATCTTTCATACGT
TCTTTATTTGTACGATAAATACGATATTCCTTTGTACATTTTTAATGTTTACCGAAACGTT
CAT
```

> **tarG**

Function: protein coding sequence; teichoic acid ABC transporter permease protein (core genome, constant)

Best match: tarG_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[711266:712099] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 6579 ... 7413; Length: 834 bp

Sequence:

```
TTGAAAGTGTGGTTTAATGGAATGTCAGCAATAGGAACAGTTTTTAAAGAACATGTAAAG
AACTTTTATTTAATTCAAAGACTGGCTCAGTTTCAAGTTAAAATTATCAATCATAGTAACT
ATTTAGGTGTGGCTTGGGAATTAATTAACCTGTTATGCAAATTATGGTTTACTGGATGGT
TTTTGGATTAGGAATAAGAAGTAATGCACCAATTCATGGTGTACCTTTTGTATTGGTTA
TTGGTTGGTATCAGTATGTGGTTCTTCATCAACCAAGGTATTTTAGAAGGTAATAAGCA
ATTACACAAAAGTTTAATCAAGTATCGAAAATGAACTTCCCGTTATCGATAATACCGACA
TATATTGTGACAAGTAGATTTTATGGACATTTAGGCTTACTTTTACTTGTGATAATTGCAT
GTATGTTTACTGGTATTTATCCATCAATACATATCATTCAATTATTGATATATGTACCGTTT
TGTTTTTCTTAACTGCCTCGGTGACGTTATTAACATCAACACTCGGTGTGTTAGTTAGAG
ATACACAAATGTTAATGCAAGCAATATTAAGAATATTATTTTACTTTTACCAATTTTGTG
GCTACCAAAGAACCATGGTATCAGTGGTTAATTCATGAAATGATGAAATATAATCCAGT
TTACTTTATTGCTGAATCATACCGTGCAGCAATTTTATATCACGAATGGTATTTTCATGGAT
CATTGGAAATTAATGTTATACAATTTCCGGTATTGTTGCCATTTTCTTTGCAATTGGTGCCT
ACTTACACATGAAATATAGAGATCAATTTGCAGACTTCTTGTA
```

> **tarB**

Function: protein coding sequence; teichoic acid biosynthesis protein B (core genome, variable)

Best match: tarB_CC001-ST772_118_AJGE01000015.1[7433:8536] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 7511 ... 8615; Length: 1104 bp

Sequence:

```
ATGAACGTTTTAATAAAGAAATTTTATCATTGGTAGTTCGAATACTTTCTAAAATGATTA
CGCCTCAAGTGATTGATAAACCGCATATCGTATTTATGATGACTTTTCCAGAAGATATTA
GCCTATCATCAAAGCATTAAATAAATTCGTCGTATCAGAAAACCTGTTTTAACAAACACAAA
ACAAGCGCCTTATTTATCTGAACTTAGCGACGATGTTGATGTGATAGAAATGACTAATCG
AACATTGGTAAAACAAATTAAGGCTTTGAAAAGCGCGCAGATGATTATTATCGATAATTA
TTACCTATTACTAGGTGGATATAATAAGACTTCTAATCAACACATTGTTCAAACGTGGCAT
GCAAGTGGTGCATTAATAAATTTGGCTTAACAGATCATCAAGTCGATGTGTCTGACAAG
```

GCAATGGTTCAGCAGTACCGTAAAGTTTATCAAGCGACGGATTTTTACTTAGTGGGTTGT
GAACAAATGTCACAATGTTTTAAACAGTCTTTAGGTGCAACAGAAGAGCAAATGCTGTAT
TTTGGGCTTCCGAGAATTAATAAATATTACACAGCTGATAGAGCAACGGTTAAGGCAGAG
TTAAAGGATAAATATGGAATTACAAATAAGTTGGTATTATATGTACCAACATATAGAGAA
GATAAAGCAGATAATAGGGCTATTGATAAAGCTTATTTGAAAAATGTTTACCAGGATAT
ACACTGATTAATAAATTACATCCATCAATTGAAGATTCAGACATTGATGACGTATCTTCA
ATCGACACGTCTACATTAATGCTAATGTCAGATATAATTATTAGCGACTATAGTTCGCTGC
CAATAGAAGCTAGCTTGTAGATATTCCAACATATTTTTATGTGTATGATGAAGGAACAT
ATGATAAAGTGAGAGGCCTGAATCAATTTTACAAAGCAATACCGGATAGCTACAAAGTG
TATACTGAAGAAGATTTAATAATGACGATACAAGAAAAAGAACATCTATTAAGTCCGTTA
TTTAAAGATTGGCATAAGTATAATACTGATAAAAGTTTACATCAGCTCACAGAATATATA
GATAAGATGGTGACAAAATGA

> **tarX**

Function: protein coding sequence; teichoic acid biosynthesis protein X (core genome, constant)

Best match: tarX_CC001-ST772_118_AJGE01000015.1[8533:9594] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 8611 ... 9673; Length: 1062 bp

Sequence:

ATGAGGCTTACGATAATCATACTACATGTAATAATGAGGCAACAATTCGACAATTGTTA
ATATCTATTGAGAGTAAAGAACACTATAGAATCCTTTGTATTGATGGTGGTTCTACTGATC
AAACAATTCCTATGATTGAACGGTTACAAAGAGAACTCAAGCATATTCATTAATACAAT
TACAAAATGCTTCGATAGCTACGTGTATTAATAAAGGTTTGTATGGATATCAAAATGACAG
ATCCACATGATAGTGACGCATTTATGGTCATAAATCCAACATCAATCGTATTGCCAGGTA
AATTAGATAGGTTAACTGCAGCTTTCAAAAATAATGATAAATATTGATATGGTAATAGGGC
AGCGAGCTTACAATTACCATGGTGAATGGAAATTGAAAAGTGCTGATGAGTTTATTAAG
ATAATCGAATCGTTACATTAACGGAACAACCAGATTTGTTATCAATGATGTCTTTTGACG
GAAAGTTATTCAGTGCTAAATTTGTTGAATTACAGTGTGACGAACTTTAGCTAACACAT
ACAATCACGCAATACTTGTCAAGGCGATGCAAAAAGCTACGGATATACATTTAGTTTCAC
AGATGATTGTCGGAGATAACGATATAGATACACATGCTACAAGTAACGATGAAGATTTTA
ATAGATATATCATAGAAATTATGAAAATAAGACAACGAGTCATGGAAATGTTACTATTAC
CTGAACAAAGGCTATTATATAGTGATATGGTTGATCGTATTTTATTCAATAATTCATTA
ATATTATATGAATGAACACCCAGCAGTAACGCACACGACAATTCAACTCGTAAAAGACTA
TATTATGTCTATGCAGCATTCTGATTATGTATCGCAAACATGTTTGACATTATAAATACA
GTTGAATTTATTGGTGAGAATTGGGATAGAGAAATATACGAATTGTGGCGACAAACATTA
ATTCAAGTGGGCATTAATAGGCCGACTTATAAAAGATTCTTGATACAACCTTAAAGGGAGA
AAGTTTGCACATCGAACAAAATCAATGTTAAAACGATAA

> **tarD**

Function: protein coding sequence; glycerol-3-phosphate cytidyltransferase (core genome, constant)

Best match: tarD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[685527:685925] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 9735 ... 10134; Length: 399 bp

Sequence:

ATGAAACGTGTAATAACATATGGCACATATGACTTACTTCACTATGGTCATATCGAATTG
CTTCGTCGTGCAAGAGAGATGGGCGATTATTTAATAGTAGCATTATCAACAGATGAATTT
AATCAAATTAACATAAAAAATCTTATTATGATTATGAACAACGAAAAATGATGCTTGAA
TCAATACGCTATGTGATTTAGTCATTCCAGAAAAGGGCTGGGGACAAAAGAAGACGA
TGTCGAAAAATTTGATGTAGATGTTTTTGTATGGGACATGACTGGGAAGGTGAATTCGA
CTTCTTAAAGGATAAATGTGAAGTCATTTATTTAAAACGTACAGAAGGCATTTTCGACGAC
TAAAATCAAACAAGAATTATATGGTAAAGATGCTAAATAA

> **txbi_tarD**

Function: bidirectional rho-independent terminator of tarD and pbpD (core genome, constant)

Best match: txbi_tarD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[685975:686043] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 10183 ... 10252; Length: 69 bp

Sequence:

AAAATAAATATAAAAACGGACAAGTTTCGCAGCTTTATAATGTGCAACTTGTCCGTTTTTA
GTATGTTTT

> **pbpD**

Function: protein coding sequence; penicillin binding protein D (core genome, constant)

Best match: pbpD_CC001-ST772_118_AJGE01000015.1[10172:11467:r]RC (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 10250 ... 11546; Length: 1296 bp

Sequence:

TTATTTTCTTTTTCTAAATAAACGATTGATTATCATATGAACAATTAGTGCTAATCCAGCG
ACAAGGCATGCACCACCAATGATAGTGAATAATGGATGTTCTGCCACATACTTTTAGCA
ACAGTATTTGCCTTTTGAATAATTGGCTGATGAACTTCTACAGTTGGAGGTCCATAATCTT
TATTAATAAATTCTCTTGGATAGTCCGCGTGTACTTTACCATCTTCGACTACAAGTTTATA
ATCTTTTTTACTAAAATCACTTGGTAAAACATCGTAAAGATCGTTTTCAACATAATATTTT
TTACCATTTATCCTTTGCTCACCTTTAGACAATATTTTTACATATTTATACTGATCAAATGA
GCGTTCCATTAATGCATTCCCATCATATTACGTTGCTTCTCGCCACCAAGGTTTTTATAG
TCTCCCGCACCCATGATAACTTGATTAATTCTAAATTTACCTCGTTTGGTAGTAATCGTAT
GGTTGTAATTTGCTGTATCACTTGATCCAGTTTTTAAACCATCTGTACCAGTCAAACATCAT
TTTTGCACCTTCCAATGAAAAGTTGAATGTGTAATACGTAACCTGCATGCGTTGTTGGTGTCT
AACTGCTTTGTAAAGTCTAATATTTTAGGTGTCTCTTTAATCACGTGTAAATCTAAAATGG
CGTAGTCTCTAGCAGTCGTTACAGTACGTTCTTGGTCTTTATACTTTGTTGGTGCAAATGT
ACGTAATCTTGAATTTTACAGCACCCGTTGGATTGACGAAATGTGTATTTTTTCATTCCGATA
GCTTTAGCTTTGTTATTCATTAATCAACGAAATCGCTGGTGTTTTTTGAACCTTCTTAG
CTAAAATTAATGCCGCGGCATTACTAGAATTAGATACTGTAATTTGTAATAGGTCTGCGA
TTGTCCATACTTGTCCAGGATATAGTTTCGTATTACTCAACTCAGGTAGTGTAGACATAAT
ATATTTCTTTGTTTCGTCATTGTGACAGTGTCAAGTGAAAGCTGCCCCTTATTTACAGCT
TCCAATGTTAAGTACATTGTCATTAATTTAGTCATAGACGCTGGATTCCACTTAGTATCGA
TATTGTATTGATACAGTAATTGTCCAGTTTGACTTACATTAACAGCACTCGTCGGTTCGTA
TGCAGCTGACAAACCTGCATAACCATATTGATTTGCTGCTTGTACAGGGGTTACGTCACT
GTTAGCAGCTTGTGCATATGGTGTCAATAACTTAATGTTAAACATAAAAATGATGATAAT
AGATATTAATTTTTTCAT

> **abcA**

Function: protein coding sequence; ABC transporter ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: abcA_CC398_SO385-pig_AM990992.1[755418:757145]

Position: 020-contig_263 RC: 11966 ... 13694; Length: 1728 bp

Sequence:

ATGAAACGAGAAAATCCATTGTTTTTCTTATTTAAAAAACTATCATGGCCAGTGGGTCTTA
TCGTTGCAGCTATCACTATTTCACTACTAGGGAGCTTAAGTGGACTATTAGTGCCACTGTT
TACTGGTTCGAATTGTAGATAAATTTTCCGTGAGCCATATCAATTGGAATCTAATCGCATT
TTTGGTGGTATCTTTGTTATCAATGCTTTATTAAGCGGATTAGGTTTATATTTATTAAGTAA
AATTGGTGA AAAAATTATTTATGCGATACGCTCAGTTTTATGGGAGCATATCATACAATT
AAAAATGCCATTCTTTGACAAAAATGAAAGTGGTCAATTAATGAGTCGATTAACCTGACGA
TACGAAAGTGATAAATGAATTTATTTACAAAAGCTACCTAACTTATTACCATCAATCGTT
ACATTAGTTGGGTCACTAATCATGTTATTTATTTTAGATTGGAAAATGACATTATTAACAT
TTATAACGATACCGATATTCGTTTTAATTATGATTCCCTCTAGGTCGTATTATGCAAAAAGAT
ATCGACAAGTACACAATCTGAAATTGCAAACCTTCAGTGGTTTGTAGGGCGTGTCTCTAAC
TGAAATGCGTCTTGTTAAAATATCAAATACAGAGCGTCTTGAATTAGATAATGCACATAA
AAATTTGAATGAAATATATAAATTAGGTTTAAAACAGGCTAAAATTGCGGCAGTTGTACA
ACCAATTTCAAGGTATAGTTATGTTGCTAACAATTGCAATATTTTAGGTTTTGGTGCATTA
GAAATTGCGACTGGTGAATCACTGCAGGTACATTAATTGCAATGATATTTTATGTTATTC
AGTTATCTATGCCTTTAATCAATCTTTCAACGTTAGTTACAGATTATAAAAAGGCAGTCGG
TGCAAGTAGTAGAATATACGAAATCATGCAAGAACCTATTGAACCGACAGAAGCTCTTG
AAGATTCTGAAAATGTATTAATTGATGACGGTGTATTGTCATTTGAACATGTAGACTTTAA
ATATGATGTGAAGAAAATATTAGATGATGTGTCGTTCCAAATCCCACAAGGTCAAGTGAG
TGCTTTTGTAGGTCCTTCTGGGTCTGGTAAAAGTACGATATTTAATCTGATAGAACGTATG

TATGAAATTGAGTCAGGTGATATTAATATGGCCTTGAAAGTGTCTATAATATCCCGTTAT
CTAAGTGGCGACGCAAAATTGGATATGTTATGCAATCAAATTCGATGATGAGTGGTACAA
TTAGAGACAATATTTTATACGGAATTAATCGTCATGTTTCAGATGAAGAACTTATTAATTA
TGCTAAATTAGCGAACTGTCATGATTTTATCATGCAATTTGATGAAGGATATGACACGCTT
GTAGGTGAACGAGGATTGAAACTGTCTGGCGGACAACGTCAACGTATTGATATTGCTAGA
AGTTTTGTAAAAATCCTGATATTTTGTACTTGTGATGAAGCAACAGCTAATCTCGATAGTG
AAAGTGAATTGAAAATCAAGAAGCTTTAGAAACATTGATGGAAGGTAGAACAACGATT
GTCATTGCGCATCGTTTGTCTACAATTA AAAAAGCCGGTCAAATTATATTCTTAGACAAA
GGACAGGTAACAGGTAAAGGTACGCATTCAGA ACTGATGGCATCACATGCGAAGTATAA
AAACTTTGTAGTGTCTCAAAAATTAACAGATTAA

> **nupG**

Function: protein coding sequence; purine nucleoside transporter (core genome, constant)

Best match: nupG_CC005_CGS03_ABWY01000024.1[17092:18321:r]

Position: 020-contig_263 RC: 14050 ... 15280; Length: 1230 bp

Sequence:

ATGTTTTTATTAATCAACATTATTGGTCTAATTGTATTTCTTGGTATTGCGGTATTATTTTC
AAGAGATCGCAAAAATATCCAATGGCAATCAATTGGGATCTTAGTTGTTTTAAACCTGTT
TTTAGCATGGTTCTTTATTTATTTTGATTGGGGTCAAAAAGCAGTAAGAGGAGCAGCCAA
TGGTATCGCTTGGGTAGTTCAGTCAGCGCATGCTGGTACAGGTTTTGCATTTGCAAGTTTG
ACAAATGTTAAAAATGATGGATATGGCTGTTGCAGCCTTATTCCCAATATTATTAATAGTGC
CATTATTTGATATCTTAATGTACTTTAATATTTTACCGAAAATTATTGGAGGTATTGGTTG
GTTACTAGCTAAAGTAACAAGACAACCTAAATTCGAGTCATTCTTTGGGATAGAAATGAT
GTTCTTAGGAAATACTGAAGCATTAGCCGTATCAAGTGAGCAACTAAAACGTATGAATGA
AATGCGTGTATTAACAATCGCAATGATGTCAATGAGCTCTGTATCCGGAGCTATTGTAGG
TGCGTATGTACAAATGGTACCAGGAGAACTGGTACTAACGGCAATTCCACTAAATATCGT
TAACGCGATTATTGTGTATGCTTGTGAATCCAGTAAGTGTTGAAGAGAAAGAAGATAT
TATTTACAGTCTTAAAAACAATGAAGTTGAACGTCAACCATTCTTCTCATTCTTGGAGAT
TCTGTATTAGCAGCAGGTA AATTAGTATTAATCATCATCGCATTGTTATTAGTTTTGTAG
CGTTAGCTGATCTATTTGATCGTTTTATCAATTTGATTACAGGATTGATAGCAGGATGGAT
AGGCATTAAGGTAGTTTTCGGTTTAAACCAAATTTTAGGTGTGTTTATGTATCCATTTGCG
CTATTACTCGGTTTACCTTATGATGAAGCGTGGTTGGTAGCACAACAAATGGCTAAGAAA
ATTGTTACAAATGAATTTGTTGTTATGGGTGAAATTTCTAAAGATATTGCATCTTATACAC
CACACCATCGTGCGGTTATTACAACATTCTTAATTTCAATTTGCAA ACTTCTCAACGATTGG
TATGATTATCGGTACATTGAAAGGCATTGTTGATAAAAAGACATCAGACTTTGTATCTAA
ATATGTACCTATGATGCTATTATCAGGTATCCTAGTTTCATTATTAACAGCAGCTTTCGTT
GGTTTATTTGCATGGTAA

> **rsaD**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus D (core genome, constant)

Best match: rsaD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[691221:691397:r]RC (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 15429 ... 15606; Length: 177 bp

Sequence:

AAAACCAAGTGCACATGGTAATACACTTGGCTTTTATGGGAAATGAATATTATTGTACA
TATGACAGTAAGGACTAGGTACAGTCATAGTACTTCGAGCAAAATTTGTTTTGTTATTATA
ACAACACAAAGGAGATAACTTCTCTATTGAAGAAGTTAAAAACATTATAGCAGAC

> **yxD**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: yxD_CC001_MSSA476_BX571857.1[690095:690928]

Position: 020-contig_263 RC: 15804 ... 16638; Length: 834 bp

Sequence:

GTGAATAAAACGGTTAAAGATTTAATACTAGTTGTCTTAGGTTCAATTTATCTTTGCTGCAG
GTGTAAATGCATTTATTATTTCTGGTAACTTAGGTGAAGGCGGGTTACAGGTTTAGCAA
TTATTTTATATTATGCGTTTCATATTTACCAGCCATCACTAACTTCTTGGTCAACGCAGTA

TTGATTGCCATTGGTTATAAATTTTTGAGTAAGAGAAGTATGTACTTAACTATTCTTGTAACAATTCTTATTTCAATATTTTTGAGTTTAACAGAATCATGGCAAGTAGAACTGGAAACAGCATTGTGAATGCCATTTTTGGTGGTGTAAAGCGTTGGACTAGGAATCGGAGTAATTATCC TTGCAGGCGGTACAACAGCAGGTACAACAATTTGGCAAGAATTGCAACGAAATACCTC GATGTAAGCACGCCATATGCTTTGCTTTTCTTCGATATGATCGTTGTTGCAATTTCACTTA CAGTTATCCACTTGATAAAGTATTAGTAACAGTAATATCACTTTATATAGGAACAAAAG TGATGGAATATGTCATAGAAGGTTTAAACACTAAAAAGCTATGACGATTATTTCAACTA ATCCCGACAACTTGCCAAAGCAATAGACGAGCAAATTGGAAGAGGTTTAAACCATTTTAA ACGGACATGGCTATTATACGCGTGAAGAAAAAGATGTCTTATACGTTGTTATTTCTAAAA CACAAGTTTCAAAGCAAAGCGATTAATTAACAAATCGATAAAGATGCATTCCTCGTAA TTCATGATGTAAGAGATGTCTATGGTAATGGCTTTCTTGCAGATGAATAA

> **fhuC**

Function: protein coding sequence; iron-hydroxamate uptake/ATP-binding protein

Best match: fhuC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[721606:722403] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 16919 ... 17717; Length: 798 bp

Sequence:

ATGAATCGTTTGCATGGACAACAAGTTAAAATTGGTTACGGGGATAACACGATTATAAAT AAATTAGATGTTGAAATACCAGATGGCAAAGTGACGTCAATCATTGGTCCTAACGGCTGC GGGAAATCTACTTTGCTAAAGGCATTGTCACGTTTATTGGCAGTTAAAGAAGGCGAAGTA TTTTAGATGGTGAAAATATTCATACACAATCTACGAAAGAGATTGCAAAAAAATAGCC ATTTTACCTCAATCACCTGAAGTAGCAGATGGCTTAACTGTTGGGGAATTAGTTTCATATG GTCGTTTTCCACATCAAAAAGGATTTGGTAGATTAAGTCTGAGGATAAGAAAGAAATTG ATTGGGCAATGGAAGTTACAGGAACTGATACATTCCGACACCGTTCAATCAATGATTTAA GTGGTGGTCAAAGACAACGTGTTTGGATTGCAATGGCATTAGCACAAAGAAGTATGATTA TCTTTTAGACGAACCAACAACATATTTAGATATCTGTCATCAATTAGAAATACTAGAATT AGTTCAGAAGCTAAATCAGGAACAAGGTTGTACAATTGTCATGGTTCTTCATGATATCAA CCAAGCGATTCGTTTCTCAGATCATCTTATTGCGATGAAAGAAGGGGATATCATCGCTAC AGGTTCAACAGAAGACGTATTAACACAGGAAATATTAGAAAAAGTTTTTAATATTGATGT TGTTTAAGTAAAGATCCTAAAACCTTTACTGGTAACTTATGACTTATGTCGCGC AGAGCTTATTCTTAA

> **fhuB**

Function: protein coding sequence; iron-hydroxamate uptake/permease

Best match: fhuB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[722439:723443]

Position: 020-contig_263 RC: 17752 ... 18757; Length: 1005 bp

Sequence:

ATGACAAATAGAGAGAACCCAACGCCATTGAAGTTTTTATCCTATATTATAGGTTTAAAGT ATGATACTACTAATCACACTATTTATTTCTACATTAATAGGTGACGCCAAAATTCAAGCCT CTACAATTATAGAGGCTATTTTTAATTATAATCCTAGCAATCAACAGCAAAACATCATCA ATGAGATTAGGATCCCAGAAATATAGCAGCAGTAATTGTAGGTATGGCGCTTGCAGTTT CTGGTGCATTATACAAGGTGTTACTCGTAATGGTCTTGCTGATCCGGCGCTCATTGGTTT AAATTCAGGTGCTTCATTTGCTTTAGCATTAAACATATGCAGTTTTACCAAACACTTCATTT TTAATATTGATGTTTGTGGATTTTTAGGTGCTATTCTAGGAGGTGCTATTGTATTAATGA TAGGCCGATCTAGACGTGATGGATTTAATCCGATGCGTATTATTTAGCGGGTGCAGCAG TAAGTGCTATGTTAACAGCGCTAAGTCAAGGTATTGCATTAGCTTTTAGACTAAATCAAA CAGTAACATTTGGACTGCTGGAGGCGTTTCAGGCACAACATGGTCCACACCTTAAGTGGG CAATTCATTAATTGGTATTGCGTTATTCATTATATTAACAATTAGTAAACAACCTTACCAT TTTAAATCTTGGTGAATCATTAGCTAAAGGTTTAGGTCAAATGTAACAATGATCAGAGG CATATGTTAATTATTGCTATGATTCTAGCAGGTATTGCAGTTGCTATCGCTGGACAAGTT GCATTTGTAGTTTGTAGTTACCTCATATAGCAAGATTTTTAATTGGAACCTGATTATGCTA AAATTCTACCATTAACAGCCTTGTAGGTGGGATACTCGTGCTTGTGCGGATGTGATAGC ACGATATTTAGGAGAAGCGCCTGTTGGTGCAATCATTTCAATTTATCGGTGTTCTTACTTT TTATATTTAGTTAAAAAAGGAGGACGCTCAATATGA

> **fhuG**

Function: protein coding sequence; iron-hydroxamate uptake/permease

Best match: fhuG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[694546:695562] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 18753 ... 19770; Length: 1017 bp

Sequence:

```
ATGATTAGTTCAAATAATAAACGCAGACAATGGATTGCACTGGCTGTTTTAGCATTCTA
CTATTTCTAGGTTGTA CTCTGGAGTATTACCTCAGGTGAATACAACATACTGTTGAAAGAT
TTTTCAAACCTTTAATTGGACAAGGTGATGCCATTGATGAGTTAATCTTATTAGATTTTCA
ATTACCTCGGATGATGATTACTATTTTGGCTGGCGCAGCGCTTAGTATTAGTGGTGCAATA
GTGCAAAGTGTCACGAAAAATCCAATAGCTGAACCCGGTATATTAGGTATTAACGCAGGT
GGCGGATTTGCAATCGCATTATTTATTGCAATTGGTAAAATTAATGCTGACAACCTTTGTTT
ATGTACTGCCGTTAATAAGTATACTAGGTGGTATCGCCACTGCATTGATTATTTTTATTTT
CAGTTTTAATAAAAATGAAGGTGTTACACCTGCGAGTATGGTATTAATAGGTGTAGGTTT
ACAAACAGCATTATATGGTGGCTCAATTACAATTATGTCAAATTTGATGATAAGCAATC
TGATTTTCATCGCTGCTTGGTTTGCAGGTAATATTTGGGGTGACGAATGGCCATTTGTCATT
GCATTTTTACCGTGGGTGTTGATTATTATTCCTTACTTACTATTTAAATCGAATACACTAA
ATATTATTCATACGGGTGATAATATTGCACGAGGTCTAGGTGTAAGGTTAAGCAGAGAAC
GTTTAATATTATCTTTATCGCAGTGATGTTATCATCTGCTGCTGTAGCAGTAGCAGGTTT
GATTTCTGTTTATCGGATTAATGGGTCCGCATATTGCCAAACGTATCGTTGGACCACGTCAC
CAGTTGTTTTTACCAATTGCCATTTTAGTAGGGGCATGTTTACTTGTATAGCTGATACAA
TTGGCAAATGTATTACAACCAGGTGGGGTTCAGCAGGTATTGTCGTAGCAATTATTG
GTGCACCGTATTTCTTATATTTAATGTACAAAACGAAAAATGTATAG
```

> **dakK**

Function: protein coding sequence; putative dihydroxyacetone kinase/K subunit (kinase) (core genome, constant)

Best match: dakK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[695796:696764] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 20003 ... 20972; Length: 969 bp

Sequence:

```
ATGATGAAAAAGTTAATCAATAAAAAAGAAACATTTTTAACTGATATGCTTGAAGGATTG
TTAATTGCGCACCCAGAGTTAGATCTGATTGCTAATACAGTTATTGTAAAAAAGCTAAG
AAAGAACATGGTGTAGCAATAGTCTCTGGAGGTGGAAGCGGACATGAACCTGCGCATGC
CGGTTTTGTTGCAGAAGGTATGCTAGATGCAGCGGTTTGTGGCGAAGTATTTACATCACC
TACACCTGATAAAAATATTAGAAGCTATTAAGCAGTAGATACTGGTGTGGTGTATTACT
AGTTGTAAAAA ACTATGCAGGTGACGTGATGAATTTTCGAAATGGCACAAGAGCTTGCAG
AAATGGAAGGTATAAATGTTCAAACCTGTTATTGTTTCGTGACGACATTGCTGTGACAAACG
AAGTACAACGTCGTGGTGTTCAGGAACAGTGTTTGTTCATAAGCTTGCCGGTTATCTTGC
TGAAAAAGGTTATTCATTAACAGAGATAAAAATCGCGTGTAGAAGCGTTGTTACCTGAAAT
TAAAAGTATTGGTATGGCAATTGAGCCACCGCTTGTTCAACTACTGGAAAATATGGCTT
TGATATTGAAGACGACAAAATGGAAATCGGTATTGGTATACATGGTGA AAAAGGTATTC
ATAGGGAAGAAGTAAAGGATATTGATCATATTGTTGGAACATTGTTAGACGAATTGTATA
AAGAAGTTACTGCCAATGATGTCATATTAATGGTAAATGGTATGGGTGGTACGCCGTTAT
CTGAATTAATATCGTAACTAAATATATTCAACAAAATTTAGCTGCAAGAACGGTTAATG
TTGCTAAATGGTTTGTGGTGATTATATGACATCTTTAGACATGCAAGGTTTTTCTATAAC
TATCGTGCCTAATAAACAGGAATATTTGGAAGCATTTTTAGCACCAACAACAAGTCAATA
CTTTAAATAA
```

> **dakL**

Function: protein coding sequence; putative dihydroxyacetone kinase/L subunit (core genome, constant)

Best match: dakL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[696806:697390]

Position: 020-contig_263 RC: 21013 ... 21598; Length: 585 bp

Sequence:

```
ATGAAAGTGAATGATATGAAAGCACGTTTATTAATTTAGAAGAAACGTTTAAAAAACAT
GAATCTGAATTA ACTGAATTAGATCGAGCAATTGGTGATGGTGACCACGGGGTTAACATG
```

GTTCGTGGGTTTAGTAGTCTTAAAGACAAACTTGATGATAGCTCAATGCAATCATTGTTCA
AATCAACTGGTATGGCATTGATGTCAAATGTTGGGGGTGCATCTGGACCACTGTATGGCT
TTAGCTTTGTTAAAATGTCTGCAGTCACCAAAGATGATATGGATAATCAAGATTTTCATTAC
ACTAATTCAGGCATTTGCCGAAGCGGTTGAATCACGTGGTAAAGTTACTTTAAATGAAAA
GACAATGTATGATGTAATAGCGCGAGCAGCAGAGAAGCTTAAAAATGGTGAAACTTTAA
CATTCAATGATTTACAGCAATTAGCAGATAATACAAAAGATATGGTAGCAACGAAAGGT
AGAGCTGCATATTTTGGAGAAGAATCAAAGGTTATATTGATCCAGGTGCTCAAAGTATG
GTTTATATTTTAAACGCTTTGATTGGAGATGAAGATAATGCCTAA

> **dakP**

Function: protein coding sequence; putative dihydroxyacetone kinase/phosphotransfer subunit (core genome, constant)

Best match: dakP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2697383:697745 [4_50ANF10END]

Position: 020-contig_263 RC: 21590 ... 21953; Length: 363 bp

Sequence:

ATGCCTAAAATTATACTTGTAGCCACAGTAAAGAAATTGCAAGTGGTACAAAATCTTTG
TTAAAGCAAATGGCAGGTGACGTTGATATTATACCAATCGGGGGATTACCAGATGGTTCA
ATTGGAACCTTCATTTGATATCATCCAAGAAGTTTTGACTAAATTAGAGGATGATGCATTGT
GTTTTTACGATATTGGATCTTCAGAAATGAATGTAGATATGGCAATTGAAATGTATGATG
GTAATCATCGTGTGTTAAAAGTTGATGCACCAATTGTTGAAGGCAGTTTTATCGCAGCAG
TAAAGCTATCAATCGGCGGTTCAATTGATGATGCATTAGCAGAAATGAAACAATCATTTT
AG

> **graX**

Function: protein coding sequence; cofactor of GraRS (core genome, constant)

Best match: graX_CC001-ST772_118_AJGE01000015.1[26790:27713] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 26868 ... 27792; Length: 924 bp

Sequence:

ATGAAACCTAAAGTTTTATTAGCAGGTGGAACAGGATATATTGGTAAGTATTTAAGTGAA
GTGATTGAAAATGATGCTGAACTTTTTACTATATCAAATATCCAGACAATAAAAAAACA
GATGATGTTGAAATGACTTGGATTCAGTGTGATATATTTATTACGAACAGGTTGTTGCA
GCAATGAATCAAATAGATATTGCTGTATTCTTTATCGACCCAACAAAGAATTCTGCCAAA
ATAACACAATCATCAGCAAGAGATTTAACATTAATCGCAGCAGATAATTTTGGTCGAGCA
GCGGCTATTAATCAAGTAAAAAAGTAATCTACATACCTGGGAGTCGTTATGATAATGAA
ACAATTGAACGCCTAGGTGCATATGGTACTACTGTAGAAACAACAAATTTAGTTTTTAAA
CGTCTTTAGTTAATGTAGAATTACAAGTTTCAAAGTATGATGATGTTAGATCAACGATG
AAGGTAGTTTTACCAAAGGGATGGACATTAAGAACGTTGTAAACCATTTTATTGCATGG
ATGGGTTACACTAAAGGAACTTTTGTGAAAACAGAAAAATCACATGATCAATTTAAGATA
TATATTAAGAATAAGGTGCGACCGCTCGCAGTATTTAAAATAGAAGAAACAGCTGACGG
AATAATAACTTTAATTTTATTGAGTGGAAGTTTAGTGAAAAAATACACAGTTAATCAAGG
GAAGTTAGAATTTAGATTAATCAAAGAGTCGGCAGTCGTTTATATACATCTATACGATTA
TATCCCTCGATTATTTTGGCCGATTTATTACTTTATACAAGCACAATGCAAAAAATGATG
ATTCATGGCTTTGAAGTTGACTGCCGGATTAAAGATTTTCAAAGTCGATTAAAATCAGGA
GAAAATATGAAATATACTAAATGA

> **graR**

Function: protein coding sequence; response regulator of two-component sensor system (core genome, variable)

Best match: graR_CC001-ST772_118_AJGE01000015.1[27729:28403] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 27807 ... 28482; Length: 675 bp

Sequence:

ATGCAAATACTACTAGTAGAAGATGACAATACTTTGTTTCAAGAATTGAAAAAAGAATTA
GAACAATGGGATTTTAAATGTTGCTGGTATTGAAGATTTTCGGCAAAGTAATGGATACATTT
GAAAGTTTTAATCCTGAAATTGTTATATTGGATGTTCAATTACCTAAATATGATGGGTTTT
ATTGGTGCAGAAAAATGAGAGAAGTTTCCAACGTACCAATATTATTTTTATCATCTCGTG

ATAATCCAATGGATCAAGTGATGAGTATGGAACCTGGCGCAGATGATTATATGCAAAAAC
CGTTCTATACCAATGTATTAATTGCTAAATTACAAGCGATTTATCGTCGTGTCTATGAGTT
TACAGCTGAAGAAAAACGTACATTGACTTGGCAAGATGCTGTCTGTTGATCTATCAAAAAGA
TAGTATACAAAAGGTGACGATACGATTTTTCTATCCAAAACAGAAATGATTATATTAGA
AATTCTTATTACCAAAAAAATCAAATCGTTTCGAGAGATACAATTACTGCATTATG
GGATGATGAAGCATTGTAGTGATAATACGTTAACAGTAAATGTGAATCGTTTACGAAA
AAAATTATCTGAAATAAGTATGGATAGTGCAATCGAAACAAAAGTAGGAAAAGGATATA
TGGCTCATGAATAA

> **graS**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase (core genome, variable)

Best match: graS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[733161:734201] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 28474 ... 29515; Length: 1041 bp

Sequence:

ATGAATAATTTGAAATGGGTAGCTTATTTTTTGAATCTCGCATGAACTGGATATTTTGG
TATTGTTTTAACTTGCTTATGTTAGGCATTAGTCTAATCGATTATGATTTTCCAATAGAC
AGTTTATTTTATATTGTTTCTTTGAATTTAAGTTTAAACAATGATTTTTCTTATATTGACATA
TTTTAAAGAAGTAAAATTATATAAGCATTTTGACAAAGATAAAGAAATAGAAGAAATTA
AACATAAAGATTTAGCGGAAACGCCATTTCAACGTCATACAGTTGATTATTTATATCGTC
AAATCTCAGCGCACAAAGAAAAGTTGTTGAGCAACAGTTACAATTGAACATGCATGAA
CAAACCATTACAGAATTTGTGCACGACATAAAAACACCTGTGACAGCCATGAAATTATTA
ATTGATCAAGAAAAAATCAAGAAAGAAAACAGGCATTACTATATGAATGGTCTCGTAT
AACTCGATGCTGGATACACAGCTGTATATTACTAGATTAGAATCTCAACGCAAAGATAT
GTATTTTGATTACGTGTCACCTAAACGCATGGTCATTGATGAAATACAATTAACAAGACA
TATTAGTCAGGTTAAAGGTATTGGTTTTGATGTTGACTTTAAAGTGGATGATTATGTTTAT
ACAGATACAAAATGGTGTCTGATGATTATTAGACAGATTTTGTCAAACGCATTGAAATAT
AGTGAGAATTTAATATTGAAATTGGGACAGAATTAATGATCAACATGTTTCGTTATAT
ATTAAGACTATGGCAGAGGTATTAGTAAAAAAGATATGCCGCGAATATTTGAACGAGG
ATTTACGTCAACGGCTAACAGAAATGAAACGACGTCTTCAGGTATGGGTCTATATTTAGT
AAATAGTGTAAGGATCAATTAGGTATTCACCTGCAAGTCACGTCGACTGTTGGTAAGGG
GACAACTGTCAGATTGATTTCCATTACAAAATGAAATTGTTGAACGCATGTCGGAAGT
GACAAATTTGTCATTTTAA

> **vraF**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: vraF_CC133_ED133-shep_CP001996.1[721175:721936]

Position: 020-contig_263 RC: 29658 ... 30420; Length: 762 bp

Sequence:

GTGGCAATTTTAGAAGTAAAACAATTAACAAAAATATATGGAACATAAAAAATGGCACA
AGAAGTGTTCGAGATATCAATATGTCTATTGAAGAAGGCGAGTTTATTGCTATTATGGG
TCCCTCTGGATCTGGGAAAACGACATTATTAATGTTTTAAGTTCAATTGATTATATTTCA
CAAGGTTCTATTACATTAAGGAAAAAATTAGAAAAGCTTTCAAACAAGGAATTATCT
GATATACGCAAGCATGATATTGGTTTTATTTTTCAAGAGTATAATTTACTGCATACATTGA
CTGTTAAAGAAAACATAATGTTACCACTAACGGTTCAGAAGTTAGATAAAGAACATATGT
TAAATCGTTATGAAAAAGTAGCAGAAGCATTAAATATATTGGATATTAGTGATAAATACC
CTTCTGAATTGTCTGGTGGACAAAGACAACGAACATCTGCTGCAAGAGCGTTTATTACAT
TACTTCTATTATATTTGCTGACGAACCAACAGGTGCACTGGATTCTAAAAGTACTCAAG
ATTTATTAACGATTAACAAGAATGAATGAAGCATTAAAGTCTACAATTATTATGGTAA
CGCATGATCCTGTTGCAGCAAGTTATGCCAATAGAGTAGTGATGCTAAAAGATGGTCAA
TTTTACTGAATTATACCAAGGGGATGACGATAAACATACCTTTTTCAAAGAAATAATAC
GTGTACAAAGTGTTTTAGGTGGCGTTAATTATGACTTTAA

> **vraG**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/permease (core genome, variable)

Best match: vraG_CC005_ED98-hen_CP001781.1[670281:672170]

Position: 020-contig_263 RC: 30409 ... 32299; Length: 1890 bp

Sequence:

```
ATGACCTTTAACGAGATAATATTTAAAAAATTTCCGTCAAAATTTATCACATTATGCCATCT
ATCTTTTTTCATTAATTACGAGTGTAGTATTGTATTTTAGCTTTGTAGCATTAAAAATACGC
GCATAAACTAAACATGACAGAGTCATATCCAATTATAAAGGAAGGCTCACAAGTCGGAA
GCTACTTTCTATTTTTTCATCATAATTGCATTTTTTGTATATGCCAATGTGTTATTTATTA
CGACGAAGTTATGAGCTTGCATTATATCAAACATTAGGTTTATCTAAATTCAACATTATTT
ATATACTAATGCTCGAACAATTACTAATATTTATAATTACGGCAATATTAGGTATTATTAT
TGGTATTTTTGGTTTCGAAACTGTTATTAATGATTGTCTTTACATTATTAGGAATTAAGAA
AAGGTTCCAATTATTTTTAGTTTGAGGGCGGTATTTGAAACATTAATGTTAATCGGTGTCG
CTTATTTTTAACATCTGCTCAAAAATTTATATTAGTGTTCAAACAATCTATTTACAGATG
TCAAAGAATAACCAGGTTAAAGAAACAAATCATAATAAAATTACATTTGAAGAGGTTGTT
TTAGGCATCTTAGGTATAGTATTGATTACCACAGGATACTATCTATCTTTGAACATTGTTC
AATATTATGATTCTATCGGTACACTTATGTTTATTTATTGTCAACTGTGATTGGGGCATA
CTTATTTTTTAAAAGCTCTGTTTCTCTAGTTTTTAAAATGGTGAAGAAGTTTAGAAAAGAT
GTTATAAGTGTAATGATGTTCATGTTCTCATCATCTATTATGTATCGTATTAAGAAAAATG
CTTTTTCACTTACGGTCATGGCAATCATTTACAGCGATTACTGTTTCAGTTCTTTGCTTTGCT
GCTATAAGTAGAGCGTCCTTATCAAGTGAAATAAAAATATACTGCACCACACGACGTTACA
ATTAAGACCAACAAAAAGCTAATCAGTTAGCAAGTGAATTAACAATCAAAAAATTC
TCATTTTTATAATTATAAAGAAGTAATTCATACGAAATTGTATAAAGATAATTTATTTGAT
GTAAAAGCGAAAGAACCATAACAATGTAACAATTACTAGTGATAAATACATCCCTAATACT
GATTTGAAACGTGGGCAAGCTGATTTATTTGTAGCGGAAGGTTCTATCAAAGATTTAGTG
AAACATAAGAAGCATGGTAAAGCAATTATAGGAACGAAAAACATCATGTTAATATTA
GTTACGTAAAGATATTAATAAAAATCTATTTTATGACAGATGTTGATTTAGGTGGACCAAC
GTTTGTCTTAAATGACAAAGACTATCAAGAAATAAGAAAGTATACAAAGGCAAAGCATA
TCGTCTCTCAATTTGGATTTCGATTTGAAACATAAAAAAGATGCTTTAGCATTAGAAAAAG
CGAAAAATAAAGTTGATAAATCTATTGAAACAAGAAGTGAAGCGATAAGCTCAATATCA
AGTTTAACCGGAATATTATTATTGTAACATCATTTTTAGGTATTACATTCTTGATTGCTGT
ATGTTGCATTATATACATAAAGCAAATAGATGAAACCGAAGATGAGTTAGAGAATTATA
GTATTTTGAGAAAGCTTGGATTTACACAAAAAGATATGGCAAGGGGACTAAAGTTTAAA
ATTATGTTTAAATTTGGGTTACCTTTAGTTATTGCACTATCACATGCATATTTTACATCATT
AGCATATATGAAATTAATGGGTACAACGAATCAAATACCGGTTTTCATAGTAATGGGATT
ATACATTTGTATGTATGCTGTTTTTGCAGTGACGGCTTATAATCATTCCAAGCGAACAATT
AGACATTCCATATAA
```

> pitA

Function: protein coding sequence; phosphate transporter (core genome, variable)

Best match: pitA_CC001-ST772_118_AJGE01000015.1[33578:34585] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 33656 ... 34664; Length: 1008 bp

Sequence:

```
ATGTCATATATAATCATCGTCACTATAGCTGTAGTATTTTCTCGCTGATATTTGACTTTAT
CAATGGATTCCATGATACAGCCAATGCAGTAGCTACTGCTGTATCTACTAGAGCGTTAAC
GCCTAAAACGGCAATTTTAAATGGCAGCAGTGATGAACTTTATAGGTGCTTTAACATTTAC
GGGCGTTGCAGGCACCATTACTAAAGACATTGTCGATCCATTTAAATTGGAAAATGGATT
AGTTGTTGTGTTAGCTGCAATACTTGC GGCTATTATTTGGAATTTAGCTACTTGGTTTTAC
GGAATTTCAAGTTCGTCTTCACATGCACTTATAGGTTCAATTGCGGGTGCAGCAATCGCA
TCTGAAGGCTCATTTGGAGTGTACATTACCAAGGTTTCACAAAAATTATTATTGTATTAA
TCGTTTACCGATTATCGCATTTTGTGTTGGTTTCTTGATGTATTCAATTTTTAAAGTTATC
TTTAAAAATGCAAATTTAACAAGAGCGAATCGTAACTTTAGATTTTTTCAAATTTTCACAG
CAGCGTTACAATCATTCTCTCACGGTACGAATGATGCGCAAAAGTCAATGGGTATTATTA
CGTTGGCATTAAATTGTTGCTAATGTACAGAATGATGGCAGCGTTGAACCACAGTTATGGG
TAAAATTTGCCTGTGCGACAGCAATGGGGCTTGGTACTGCAATTGGTGGCTGGAAAATTA
TCAAACACTGTAGGTGGTAATATTATGAAAATACGTCCAGCAAATGGTGCTGCGGCCGATT
TATCATCTGCATTAACAATTTTTGTTGCATCATCGCTACATTTCCATTATCAACAACCTCA
CGTTGTGTCATCATCAATCTTAGGTGTTGGTGCTTCTAACCGAGCTAAAGGTGTA AAAATG
```

GAGCACTGCGCAACGAATGATCATTACATGGGTGATTACATTACCTATTTTCAGCATTGTT
AGCAGGTTTACTATTCTATATACTTAACTTATTTTTCTAA

> **ssaA5**

Function: protein coding sequence; staph secretory antigen A5 (core genome, constant)

Best match: ssaA5_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[739936:740733:r]RC (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 35252 ... 36050; Length: 798 bp

Sequence:

TTAATGGATGAATGCATAGCTAGAACTTCTGAAGCTGGAATTGTACGGTAGTTCATATT
GTATGGACCATATGTGTAATTCATTTTCAGAAATCAAGATACTACCATCACCATTGACACG
TTCAACATAAGCAACATGACCATATGGACCAGGTGTGCTTTGCATAATTGAACCAACTGA
TGGTGTGTTGTTACTTGGTAACCATCATTAGCTGCGTTACCAGCCCAATACTTAGCGTCT
GACCAATATGTGCTAATTGGACTACCAGCTTGAGCACGACGGTCAAATACGTACCATGTA
CATTGACCAGCAGTGTATAAATTTTGGTGATTAAGATGATGCATTGCCATTGCTACCT
GTTGTAGCTGTTGGTGTGTACCACCTGATCCACCATTAGGAATTTGTAATGTTTGGTTAG
GCATAATTAATAACCACGTAAGTTATTGGCTGCCATTAATTGATCAACTGAAACACCAT
ATCTGCTAGCAATGATATTTAATGATTCACCAGCTTGTACAGTATGAGATGATGCTGAAC
CAGCTTGTGGAGAAGTGTGTGACGTATTTGTGCATCACTTCCACCTACTGAGATAACTTG
ACCAGGGAATACCAAGTTGTTATCTAATTGGTTATTTGTTTAATACTCTCTACTGAAGTG
TTGTATTTTGTAGCAATACTCCATAATGATTCACCAGATTGTACTGTATGTTGTGTAGAAG
CTTGTGCATCATGATGCGTTAAAAATGCAGCTGCACCAGATGTTGCTGTTATTGCAAATG
CTAATTTTTCTAA

> **rbf**

Function: protein coding sequence; regulator of biofilm formation (core genome, variable)

Best match: rbf_CC005_CF-Marseille_CABA01000037.1[29963:32114]

Position: 020-contig_263 RC: 37751 ... 39902; Length: 2151 bp

Sequence:

ATGGCAAATCATGCTTGCATATACTTACTAATAATGAATATGCGACAACGCGTTGCCAA
GATGGCATAGTCTTATTTTGGCCAATTGACGGGGAAATCGAACTACAAAAATTTTCGTA
AGTAAAATAATTGAAGATGATATATATATTATTAATCATCTGGATGTATTTAGTATTAAG
AATAATAAAAAACGATCATGTTGTATTTGAGTAGCGATTGGTTTTCGGAATTAGGCTTT
ACTTTCTTTAATTACCACTATACAGCAAAGTTGATTAATCATCCTATAATTTGAAATGTC
TACTATTAATAATTGACATATCGATACCTTGATAATCAGCCTCTTAATGACGCTGATATTAG
AAAATTACAGGATATTATTAATAATCATTGCAAAGAAGCAAGTATGGATAAAAAGATTG
CACAAAATCAATATCGATATGCCTATTATGGTGATTTGCGTGACGAGCTCGAATATATTT
ATCAAAATGTAAATCAACGATTGACATTAATAAAGTGTGCGCTGATAAATTATTTGTCTCAA
AGTCAAATTTGTCATCACAATCCACTTACTTATGGGCATGGGTTTTAAAAAATATATTGA
TACTTTGAAAATTGGTAAATCGATTGAAATTCTACTACTGATAGTACTATTAGCAAC
ATAAGTGAACATTTAGGTTTTAGTAGTAGCTCCACTTACTCTAAAATGTTTAAAAGTTATA
TGGATATAACACCGAATGAATATCGTAATTTATCAAAATATAATAAATGTTTAAATGCTAA
AGCCGAAACCACTAGTAGGCAAAATGGTACAAGAAGTAAAAGAAATCATATTGAATTAT
ATTGAACATTATAAAAACCACCTAACTGATGTTATACATATTGATGAAGACAAATTTGAA
ACACCTAAATGTTTCAAACGGTTATTCAAATAAATACTTATACAGAAATGAAATTAGTT
TTCTTAGAAGGAATCTTTAAAACCTTATTGAATAAGAACAGTCAAGTTGCTTTTTTCATCA
TGCCATCGATTCTAAAAGTAAAATACCATGTCCGAAGAAGAAAATTCACAATCATTAA
AAACAATAATTGAAAGTGATCTAAAGATAGCATTAAATATAAATGATATTGAAACA
ACTTATTTTGTGAAAGGCTTTTATGAGTGTTCAGACAAATATCTCCAAACGAATTAAGTAA
TCATAATAATTACGAAGTGCATTTTGTTCGATTTATCATTGATGGAATTAGAACAATT
TATCGAATGATATTAATAATACATAACATCATGTTGAATGTGAAATTAGGATTGAACATT
ACCTGTTTATTTGAAAAACCTTCAGTTTTTAAATCATTAGTATCACAAATAAAGCGACTTA
AATTTCGATTCGTTAATAATAGATAATGCAAATTTAAGTAGCCCTTATTTGATGGGGGAAA
GTGATGAGTACTATTGAAAAATATTTTGCATTTTAAAAATTTAAAAACAAGTAATTAATG
AATTGGATATTGAACAAGAAAAGCTTATTTTCTAAATGTTGAAAATCATAAACTGCTTA
ATAATAAAGAACGAGATTTAAGTAATAGTGCTCCATTAATTTATAAGACATTAAGTGCCG

TGTATCACAACCTTTGATGGCTTTGGATTAAACATTTTTGATAATCATCATACATTTAATGC
GATGCATCTATATGATAAAAATGGATTTAAAACAACACTAGGTCTTATATTGGAAAAATT
TATCGAATATGTCTCGAAACCAAATAACGAAAACAGTTATTATTCTATTTTTGATATAGA
GAATTATTATTGCCTGGTTATTTATGATTGGCGAGTGATTGAGAGCGAGACAATTATGAG
CAATTTTGAGGATAGTCAAGTTTATATAAATTTCAAAAATAATGTTTTAAACGATAAATA
TCTAATTGTAATAGAAACATTGGACGAAAATAGTGGCAACATTAATCATTGATTTCTAA
AGAATTAAGAGATAAATATGAATGGAACCCTAGTTACTATCTAAAATTGACAACCTACCT
TAAACCAGCAATCGAGATTAAAGAGCATAATTTAGTGATAATTCCTTGAATATTAACGT
TACTTTTAATGCGTTATACATAATTAATAATAGGAAAAAATAA

> **sarX**

Function: protein coding sequence; HTH-type transcript regulator sarX (core genome, constant)

Best match: sarX_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[715773:716198] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 39981 ... 40407; Length: 426 bp

Sequence:

ATGGCAAAAAAATTTAAGATAATAATGACAGAAGCATTGTCTTTATATATTTGGGGGTGC
AACATTTTGAATACTGAGAAATTAGAAACATTGCTTGGCTTCTATAAACAATATAAAGCA
TTATCTGAATATATTGATAAAAAATATAAGTTGTCGCTAAATGATTTAGCAGTCTTAGATT
TAACGATGAAGCATTGCAAAGATGAAAAAGTACTTATGCAATCATTTTTAAAAACTGCAA
TGGATGAGCTAGATTTAAGTAGGACAAAATTATTAGTTTCTATAAGAAGACTAATTGAAA
AAGAAAGACTTAGTAAAGTTAGATCATCTAAAGATGAGCGTAAAATTTATATTTATTTAA
ATAATGATGATATATCTAAATTTAATGCTTTATTTGAAGATGTAGAACAATTTTAAATAT
TTAA

> **A5IQM5**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A5IQM5_CC008_NCTC8325_CP000253.1[666418:667062] (completely identical)

Position: 020-contig_263 RC: 42138 ... 42783; Length: 645 bp

Sequence:

GTGAAAGTAAAGTATATAGATAAACGTCCTGCGTCGCCTAATTGATAGGGAATACAC
AGAGGTA AAAAGTTAATAATAATAGGTTTAAAGGTATTATAGGCTTAGTCACGATGAAAA
AGGTTCTGTATCCTTTAGAGGTGACGGTAGTTGGACAAAATATCATTGTCGCAGATGACA
ATTATAAATGGTTGCAAATACTACCTGAAAAGAAACGTTATAGTATAACTGTAATGTTTG
ATAATAAAGGCAATCCATTAGAATATTATTTTGATATAAATATCAAAAATATAACGCAAA
AAGGTAATGCGCGTACAGTAGATTTATGTTTAGATGTTTTAGCATTACCAAGTGGTGAAT
ATGAGTTGGTAGATGAAGATGATTTAATGTTTGCATTAGAAAGTGAGCAAATTACAAAAA
AGCAATTTTCATGAAGCATATATGATTGCACATCAAATTATGGCAGAGTTAGAAAATGATT
TTAAAGGATTCCAAAAGAAAATCATGTACTGCTTTAATAAAAATTAATGCAAAGGCTCAAA
AAAATCATCAAAAGCCACAAAATAAACTAATATTGAAAAAAGCAAACAAATAAAGCCT
AAGCAATATAATCAAATAAACTAAAAATCACCAACAACAAAAGAAAAACTAA

> **A5IQM6**

Function: protein coding sequence; transcript regulator/LysR family (core genome, constant)

Best match: A5IQM6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[718690:719556]

Position: 020-contig_263 RC: 42898 ... 43765; Length: 867 bp

Sequence:

ATGAAGATTGAAGACTATCGTTTACTAATAACATTAGACGAAACGAAAACGTTACGTAAA
GCGGCTGAAATTTTATATATATCTCAACCTGCTGTTACACAAAGACTAAAAGCTATTGAA
AATGCTTTTGGAGTAGATATTTTTATCAGAACAAAAAACAATTGATTACAACAACCTGAA
GGAACAATGATTATTGAGCATGCCCGTGACATGTTGAAAAGAGAGCGATTATTTTTTGAC
AAAATGCAGGCACATATTGGTGAAGTGAATGGAACAATATCAATCGGGTGTTCTTCTTTG
ATTGGACAAACCTTACTTCCTGAAGTTTTGAGCCTATATAATGCCCAATTTCTTAATGTTG
AAATACAAGTGCAAGTTGGTTCAACTGAACAAATTAAGCAAATCATAGAGATTATCATG
TTATGATAACTCGTGGAATAAGGTAATGAATTTAGCTAACACACATTTATTTAATGATG
ATCATTATTTTATTTTCCAAAAAATAGAAGAGATGATGTTACAAAGTTACCATTTATAGA

GTTTCAAGCTGATCCGATTTATATAAATCAAATAAAAACAATGGTATAACGATAATTTAGA
ACAAGATTACCATGCAACTATTACAGTGGATCAAGTAGCAACTTGCAAAGAAATGTTGAT
TAGTGGTGTAGGTGTTACAATCTTGCCAGAAATTATGATGAAAAATATCAGCAAAGAACA
ATTTGAGTTTGAAAAAGTAGAAATTGATAATGAACCGCTGATTCGTTTCGACATTTATGAG
TTATGATCCGAGCATGTTGCAATTGCCACAAGTTGATTCTTTTGTAATCTCATGGCGAGC
TTTGTGAAACAACCAAAGGCGTAG

> **A8Z196**

Function: protein coding sequence; putative sugar efflux transporter (core genome, constant)

Best match: A8Z196_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[719965:721185]

Position: 021-contig_267_RC: 116 ... 1337; Length: 1221 bp

Sequence:

ATGGATATGTTTGCAGCGTTATTACAAATAAAGAATTATAAACTCTTTGTTGCTAATATGT
TTCTACTAGGTATGGGTATTGCGGTTACGGTCCCATATCTTGTTCTTTTTGCAACTAAAGA
TTTAGGTATGACAACAAATCAGTATGGATTACTTCTAGCATCTGCAGCGATTAGCCAGTTT
ACAGTAAATTCAATTATTGCTAGATTTTCGGATACGCATCACTTTAATAGAAAAATTATTA
TTATTCTCGCATTATTAATGGGTGCGCTTGGTTTTCAATATACTTTTTGTAGATAACAATC
TGGTTATTCATATTACTATATGCGATTTTCCAAGGATTATTTGCACCAGCAATGCCCAAC
TTTACGCATCTGCTAGAGAATCTATCAATGTTTCAAGCTCTAAAGATAGAGCTCAATTTGC
CAACACAGTATTACGTTCAATGTTCTCATTGGGCTTTTTATTTGGTCCATTTATTGGTGCCC
AATTAATCGGATTAAGGCTATGCTGGATTGTTGGTGGAACAATAAGTATCATTTTATT
TACTTTAGTACTTCAAGTGTTTTTCTATAAGGATTAACATTAACACCCTATTAGTACG
CAACAACATGTTGAAAAAATTGCTCCTAATATGTTTAAAGACAAAACGCTTTTATTACCA
TTTATTGCATTTATTTTATTACACATTGGACAATGGATGTATACGATGAATATGCCTTTAT
TTGTTACTGATTATTTAAAAGAAAATGAGCAACATGTCGGTTATTTAGCTAGTTTATGTGC
TGGTTTAGAAGTGCCATTTATGATCATTCTTGGCGTTTTATCATCTAGATTACAGACTCGA
ACATTGTTGATTTATGGAGCGATTTTGGTGGTTTATTCTACTTCAGCATTGGGGTATTTA
AAAATTCTATATGATGTTAGCAGGACAGGTGTTTTAGCTATTTCTTAGCGGTTCTTTT
AGGAATTGGTATTAGTTATTTCCAAGATATCTTACCAGATTTTCCAGGATACGCCTCAACA
CTATTTTCTAATGCAATGGTTATTGGACAGTTAGGCGGTAACCTATTAGGTGGTGCTATGA
GTCACTGGGTAGGTTTGGAAAATGTATTTTTGTATCAGCAGCATCAATCATGTTAGGTAT
GATACTTATATTCTTTACTAAAATCAAAAATTACAAAAGAGGATGTGATATCAACATG
A

> **Q2YSN2**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q2YSN2_CC005_JH1_CP000736.1[767471:767958]

Position: 021-contig_267_RC: 1333 ... 1822; Length: 489 bp

Sequence:

ATGACAATTATTTTATGGCTACTTATCATCGCTGCCTTCATGTTAGCATTGTTGGGTTGAT
TAAGCCGATTATTCCTTCTGTTTTAGTATTATGGGTTGGCTTCTAATCTATCAATTTGGCT
TTCATAATCAGCATTATCATGGGTGTTTTATGTATCTATGACATTGCTAACAATACTAAT
TTTATGTGCGGACTTTTTAGCTAATAAATTTTTGTGAATCGCTTCGGTGGTTCTAAGTTT
GGAGAGTATGCAGCTTTAATTGGTGTGGTTATTGGATGTTTTGTTTTACCGCCATTTGGAA
TTATTATTACCTTTTTATTTGGTATTCATAGTTGAATTAATACAAGGCTATTCATTTGAA
AGAGCAGTTAAAGTAAGTATAGGTTCAATCGTAGCATTTTTAAACAAGTAGTATAGCTCAA
GCAATCATTATGTTTATAATGATTGTATGGTCTTTATAGATGCTTTATTGATTAATTA

> **Q2YSQ6**

Function: protein coding sequence; putative uncharacterized protein (core genome, constant)

Best match: Q2YSQ6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[721769:722458:r]RC

Position: 021-contig_267_RC: 1920 ... 2610; Length: 690 bp

Sequence:

TTATAAAAATGTATGAGAATGTTTTTTCGAAATATTTCTTTCAATGCGTAATCCAATAGGT
ATAACTATAAATGAAAATATAATAAATACCCAATTGCTTACCTGAATATATGGTCCAAAG

GCAAGTAATGATTGTGGAATAAAGAATACATAGAAAAATCCTACAATTAGTAGAATGAT
TGCTAAATAGGTGAATATCCATATCCAATTTGAATTGTTAAAACATTGCAGTTGTATTGTT
TTAAAACATAACCATATAAATAAAAAAGACAATAAAGAATCCGACGACTACTGAAAACGG
GAATGAAACAAAATATAAATTACTTCCATTTTTTTCCATGAAAAATCCTAAAAATCCTTTG
AGAAAACATAACAATCCCAATTAATAGAACGATGTGTTGATAGATATATTTAAAAAATATTT
TTAAATGTTTCATTAGGCATCGCTTTTAGTTCTTTTATTGCATGTGCTTTTGGGTTCGTGATT
GAAAAAATCTAAGGCTAATAAACCATGTTGTTCTGCGCTTAATAATTGTTTGAGTATACG
GTTAATAATTAACCTCTGTATCATGAGGGTTGACGCGAAAGTCAGAGCGCATATAAGTCAT
ATAATTCTCGAAGATTTCTCTATCAGTATTGCTTAATCTTAATGATTTAACATTATTTTCTT
TTGTTAATTGCGCAGTACTTTTCAT

> **A5IQN0**

Function: protein coding sequence; putative acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: A5IQN0_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[722585:723028]

Position: 021-contig_267_RC: 2736 ... 3180; Length: 444 bp

Sequence:

ATGAGGACACTTAATAAAGATGAACATAATTATATCAAGCAAATAGCTAATATACATGA
GACATTATTGTCGCAAGTAGAATCCAATAAATGTACTAACTGAGTATTGCTCTTAG
GTACGAGATGATATGTTCAAGATTAGAACATACAAATGATAAAAATTTATATATATGAAAA
TGAAAGTCAATTAATAGCGTTTATTTGGGGACATTTTAGTAATGAAAAAAGTATGGTTAA
CATTGAACTGCTATATGTTGAACCACAATTTTCGCAAAGTATGCTACGCAACTGAA
GATTGCGCTTGAAAAATGGGCAAAAACATGAATGCAAAGCAAATAAGCAGTACAATTC
ATAAAAATAATTTGCCAATGATATCTTTGAATAAAGATTTAGGTTATCAAGTGAGTCATG
TGAAAATGTATAAAGATATTGATTAG

> **A8YZU8**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, variable)

Best match: A8YZU8_CC007_USA300_TCH959_AASB02000218.1[115805:116200] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 3246 ... 3642; Length: 396 bp

Sequence:

ATGAAGAAATTAATCATCAGTATTATGGCGGTCATGCTATTTTTAACAGGTTGTGGTAAA
AGTCAAGAGAAAGCCACTCTGGAAAAGGATATCGATAATTTACAAAAAGAAAATAAAGA
ATTAAGACAAAAAAGAAAAGCTTCAACAAGAAAAAGAAAAATTAGCAGATAAGCAA
AAAGACCTTGAAAAAGAAGTGAAAGATTTAAAACCATCAAAAGAAGATAACAAGGATG
ATAAAAAAGACGAAGACAAAAATAAAGACAAAGATAAAGATAAAGAGGCATCACAAGA
TAAGCAATCAAAGATCAAACCTAAGTCATCGGATAAAGATAATCACAAAAAGCCTACAT
CAGCAGATAAAGATCAAAAAGCTAATGACAAACACCAATCATAA

> **rimL**

Function: protein coding sequence; acetyltransferase/GNAT family (core genome, variable)

Best match: rimL_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[4090:4632] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 4158 ... 4701; Length: 543 bp

Sequence:

ATGATTTATTGTGAAACAGAGCGTTTAAATATTAAGAGACTGGCATGAAGATGATCTGTTA
CCTTTTTAAAAAATGAATGCGAATTATGACGTACGTAAATATTTTCCAAGTTTATTGAGTT
ATCGTCGTTTCAAGATTAGATATGAGAAGTATGGATGCGGTTATTAAGATTATGGCATTG
GATTATTTGCTGTAGAAGATAAAGAGTCACATCAATGGATAGGCTTTATAGGTTTGAATT
ATATTCCAGAAACAAGCGATTATCCATTTAAAGAATTACCGCTTTATGAAATAGGTTGGC
GCTTGTTGCCAGAATTTTGGGGAAAAGGATTAGCAACTGAAGGCGCAAAGGCAACTTTG
AAGTTAGCAGAAGAACATCAAATATACGATGTCTATAGTTTTACAGCAGAAGCAAATAA
AGCTTCACAACGTGTAATGGAAAAAATTGGCATGACAGTGTATGATCATTTTCGAATTACC
CAATCTAAGTAAGTATCATTTATTAATAAAGGCAAGTACGCTATTACATTAATCTTCGAAA
GTGA

> **uppP**

Function: protein coding sequence; undecaprenyl-diphosphatase (core genome, constant)
Best match: uppP_CC008_NCTC8325_CP000253.1[674809:675684:r]RC (completely identical)
Position: 021-contig_267_RC: 6680 ... 7556; Length: 876 bp

Sequence:

```
TTAAATACCTTTACCAATGCCAAATCCGAAGTAAAGTATAGCAATAAAGATTACTAATAC
AATTCTGTAAATGGCAAATGGAATTAGTTTGATTTTGTTAATTAGATGCAAGAATGTTTTG
ATTGCAATTAGTCCAACAGTAAATGCAGCTAAAAAGCCTAAAATATAAAAAGGTATATC
AGCAATCTGAATATCTTGATAATGTTTAAATAAAGATAAACCCTAGCTGCTAACATAAT
TGGAACAGCCATAATAAATGTAAAGTCCGATGCTGCTTTATGATTTAATTTTCATTAATACC
CCAGTTGAAATTGTTGAGCCTGAACGGCTGAAACCAGGCCACATAGCTACTGCTTGAGAA
ATACCAATTACAAATGCTTGGAAATAACTGATTTGATCTACTGTTTGTGGGTTTTTAACTT
TAGCTGAGTATTTATCAGCAATAATCATATAGATAGCACCTACGAATAAGCCAATCATAA
CAGTTGGCACACTAAATAAATGTTCTTCGATGAAATCATCAAATAGTAAGCCTAAAATAC
CTGCTGGCACCATACCCACTAATACATGTAATAAATTTAAACGTCTTGGCTTTGAACGTCT
TTGTTGATCGTTATCTCCTTCAACATGTTTGTGTTTACCAATATGTAAAATCTCTAAGAAG
CGTTCGCGGAACACCCATGCTGCTGCAAAGACGGATCCTAATTGGATGACGATTTTAAAT
GTAAATGCTGACTGAGAACCTAAAAATTCAGATGATTTTAAACCACATATCATCAACTAGG
ATCATATGTCCAGTAGAGGAAACAGGTGCAAATTCGTTAATCCTTCGACGACCCCTAAG
ATAATACCTTTTATTAATTCAATGATAAACAT
```

> **graA**

Function: protein coding sequence; ATP binding cassette transporter
Best match: graA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[727623:729254]
Position: 021-contig_267_RC: 7774 ... 9406; Length: 1632 bp

Sequence:

```
GTGAAAAAATTAACAACAATACTGTTTCAATATAAAATTTTTCCGGTACTCATGTTCTTGG
TCAGTACTGGTCTCGGCATACTCGTTATAACGCAAAATATTTAATAGCAGATTTTTTACG
TAAAATTATAAGACATCAATTTCAAGGTTTATGGATTGTATTATTTATTTATTAGGTGTT
TTACTTTTAAGAGCAACTGTGCAATTTCTAAATCAATGGTTAGGTGATACATTAGCATTTA
AAGTTAAGCATATGCTTAGACAGCGGGTTATTTATAAAAATAATGGTCATCCAATCGGTG
AACAAATGACTATACTCACAGAAAACATTGATGGTCTAGCACCTTTTTATAAGAGTTATT
TGCCTCAAGTGTTCAAATCAATGATGGTTCGCTCATCATAATCATTGCAATGTTTTTCAT
CCATTTCAATACCGCATTAAATTATGTTAATAACTGCACCATTTATTCCTTTGTTTTATTA
TTTTCGGTTTGAAAACGCGAGATGAGTCAAAGATCAAATGACTTATTTGAATCAATTA
GTCAACGGTTTTTAAATATTGCTAAAGGTTTAGTGACGTTAAAGCTATTTAATCGTACAGA
GCAAACAGAGAAGCATATTTACGACGATAGTACTCAGTTTAGAACTTTAACAATGCGCAT
TTTACGCAGTGCTTTTTTATCGGGATTAATGCTCGAATTTATAAGTATGTTAGGTATTGGA
TTGGTTGCATTGGAAGCAACGCTAAGCTTAGTAGTATTTAATAATATTGATTTTAAAACCTG
CGGCAATTGCGATTATTTAGCGCCTGAATTTTATAATGCAATTAAGGACTTAGGGCAAG
CGTTCCATACTGGAACAAAGTGAAGGTGCCAGTGACGTTGTGTTTGAAGTTTTTAGAAC
AACCGAACTATAATAATGAATTTCTATTAAGTATGAGGAAAACAAAAGCCATTTATTC
AGTTAACAGACATATCATTTTCGATATGATGATTCTGATAGATTGGTATTAATGATTTAAA
TTTGAAAATATTTAAAGGTGATCAAATTCGACTTGTAGGTCCAAGCGGGGCAGGTAAATC
CACTTTGACACATCTTATTGCAGGTGTTTATCAGCCAACAATAGGTACTATAAGTACAAA
CCAGCGTGATTTAAATATAGGAATACTTAGTCAACAGCCATATATTTTCAGTGCTTCTATA
AAAGAGAATATTACGATGTTTAAAGATATAGAAAATAATACTATTGAAGAAGTGCTAGA
CGAAGTAGGTTTATTAGACAAAGTGCAATCTTTCACAAAAGGCATTAACACAATAATAGG
TGAAGGAGGCGAAATGTTATCTGGTGGACAGATGAGACGCATAGAACTTTGCCGTCTTTT
AGTTATGAAGCCAGATCTCGTTATATTTGATGAGCCTGCAACTGGTTTAGATATTCAAAC
AGAACACATGATTCAGAACGTTCTGTTTCAACATTTTAAAGATACAACGATGATTGTCAT
TGCACATAGAGATAATAAATTCGCCATTTACAACGACGCTTGTATATAGAAAATGGAAG
ACTGATTGCTGATGATCGCAATATTTTCAGTAAATATAACAGAAAATGGTGATGACTTATG
A
```

> **A6TZG3**

Function: protein coding sequence; ABC transporter ATP-binding protein/MsbA family (core genome, constant)

Best match: A6TZG3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[729251:730924]

Position: 021-contig_267_RC: 9402 ... 11076; Length: 1674 bp

Sequence:

```
ATGAAAACACGACTAAAATTTCAAGTAGATAAAGGATTTATTGTTAGCTATAGTTGTTGGT
GTTTGTGGAAGTTTAGTTGCGCTCGCCATGTTTTTCTTAAGTGGTTATATGGTGACACAAA
GTGCACTTGGTGCGCCACTATACGCTCTGATGATTTTAGTCGTAACAGTAAAATTGTTTGG
GTTTTTAAGAGCTATTACTCGATACGTAGAGCGCCTTATTTCTCATAAAGCTACATTTACA
ATGCTACGTGATATTCGGGTACAGTTTTTCGGTAAATTAGTAAATGTCATTCCTAATGTTT
ACCGTAAACTGAGTTCTAGTGATTTAATTTACCGTATGATTAGTCGTGTTGAGGCATTACA
AAATATATATTTACGTGTTTATTATCCACCAGTCGTCATCGGTTTGACAGCGCTAGTTACA
GTCATAGTTTTGGCGTTCATTTCAATCGGCCATGCGCTATTGATTATGGTTAGCATGTTGT
TTACTTTACTCATTGTTCCCTTGGTTAAGCTCAAAAAAAGCACGTACTTTAAAGAAACATGC
AGCTAATGAACAGGCCCGATTTTTAAATCATTTTTATGATTATAAAGCTGGTATGGATGA
ACTACGTCGATTTAATCAAATTAATCATTATCGAGATAATTTGATGGCTAAATTAATCAT
TTTGATAAATTACAACCTAAAGAGCAACGCTTTTTAACGATTTATGATTTTATATTAATA
TTATTGCTATGCTTTCGATTTTTGGTAGTTTAGTTCTAGGATTAATTCAAATTAATGCAGG
CCAATAAATATTATTTATATGACGAGTATAGTTTTAATGGTCTTAACTTTATTTGAACAA
GCTGTACCAATGACAAATGTCGCGTATTATAAAGCGGATACTGACCAAGCATTGCACGAT
ATTAATGAAGTGATATCTGTACCTTCTACTAATGGAAAAAACGTCTTAATGATAAGTAT
GATGCAACGAACATTTATGAAGTTAAGGATGCTAGTTTTAAGTATTGGAATCAGCAAACG
TATGTGTTGTCGGATATTAATTTAATGTTAATAGAGGCGAAAAGATTGCGATTGTGGGT
CCTTCTGGTTCAGGAAAAAGTACACTACTACAAATTATGGCAGGGTTATATCAATTAGAT
AGTGGCTCTGTTTCGTTTCGAAAATATGGATATGTTTGAATAGATGACAAAGATAAGTTT
GAATCGTTAAATGTCTTGCTACAATCTCAACAATTATTTGATGGTACAATACGTCAAATTT
TATTTACCGATGAAAAAGATGAAGCGGTGCAAGCAATATTTAAGCAATTAGATTTAGAAC
ATTTGGCACTAGAACGTCAAATTGACTTAGATGGTCATACATTATCTGGCGGAGAAATTC
AGCGTTTAGCGATTACGAGGATGTTATTAAGATACTGCATCAACATGGATTTTAGATG
AACCAACAACCTGCATTAGATAAACAAAATAGTTTTAAAGTTATGGATTTAATTGAAGCAC
ATGCAGAAACATTAATTGTTGCTACACACGATTTAACTTTATTGTCACGTTTTGAGACCAT
CATTGTGATGATAAATGGTAAAATAGTTGAAAAGGGAAACTATCAACAATTACTCGCTAA
TCAAGGTGCTTTATGGAATATGATTCAATATAATGCATAA
```

> **mgrA**

Function: protein coding sequence; regulator of autolytic activity (core genome, constant)

Best match: mgrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[731051:731494:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 11202 ... 11646; Length: 444 bp

Sequence:

```
TTATTTTTCTTTGTTTCATCAAATGCATGAATGACTTTACCTAATAAGCGATTAAGTTCTT
TAACTTCATCTTGAGATAAAGAAGAAGCTGAAGCGACTTTGTGTCAGATGCATTACTTAATT
CTGGTCTAATAGTTTCACTTTTGTGTCAGTCAAGTGAATAAATACTTCACGTTGATCGACTTC
GGAACGTTACGCTTAATTAAGTCTACTTGTCCATTCGTTTTAATAATGGTGATACTGTA
CCAGTATCGAGTGCTAATTCAGTTACGACTTTCTTGACGTTTACAGGAGATTCATCCCATA
AAATTGTTAAGACAAGAAATTGTGGGTATGTTAGATTGTACTTCTTAAAACTTTGTTAG
AGTAGTAGCGATTAACCTTGTCTTTGAGCATTGTACAACTAAAGCATAGCTGTTCTTTTAA
ATTATGTTGATCAGACAT
```

> **cobW2**

Function: protein coding sequence; cobalamin (vitamin B12) biosynthesis protein

Best match: cobW2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000218.1[124431:125357] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 11872 ... 12799; Length: 927 bp

Sequence:

ATGAAAAATAATAAAGATGAAAAATAAGAATATCCATAATTAACGGATTTTTGGGTAG
TGGTAAAACCACGTTACTGACACATTATATTAGTGAATTATTAATAAATGATGAGAAAAT
TAAAATCATCATGAATGAATTCGGTACTTTTGATATTGATAGCAATAGTATTTCAAATGA
AATTGAAGTCCATTCATTGATTAATGGTTGTGTTTGTGCGATCTTAAACAAGAACTTGTC
TATGAACTAAAAGCCATTGCTTTAAAAGGGGACGTTAATCATGTCATCATAGAAGCGACA
GGCATTGCGCATCCTTTGGAATTACTAGTTGCATGTCAAGATCCGCAAATCGTTAATTTCT
TTGAAAAGCCGATTATTTATGGTGTATTAGATGCGACTCGATTTTTAGAACGTCATCAATA
TACCGAAAATACAGTTTCGCTGATGGAAGATCAGTTGAAACTAAGTGACATGATTATTAT
TAATAAAATTGATCTTATAACTGATGACAGTCTTGAGAAAATTGATAAGCAATTAGGTAT
GATTTGTGCAAGTATTCCAACCTTATAAAAACAACCTATGGAAAAGTTTCGTTGGAAGAATT
GGACTTAACTGTTAAAGACAGAGAGATATCGTCTCATCATCACCATCATCATGGGATTAA
AAGTATGACTTACACGTTTACAGGTCCGATTGATCGTCAATTGTTTTATCAATTTATAATG
AAATTACCGGAATCTGTTCTACGTTTAAAAGGTTATGTGTCATTTAGAGATCAACCAAAT
GCAATTTATGAATTTCAATATGCATATGGTTTACCAGACTATGGAATAATTGGCATGCAA
TTACCATTAACGATTGTTATTATTGGTGAAACTTTAGATACAAATCACATACGTAATCAAT
TGGATATGCTACAATTTACGTAA

> **phrB**

Function: protein coding sequence; deoxyribodipyrimidine photo-lyase

Best match: phrB_CC001_MSSA476_BX571857.1[734330:735703]

Position: 021-contig_267_RC: 16053 ... 16203; Length: 150 bp

Sequence:

ATGGCAATTGCTGTGTTATTAATCGAATGTTTCGAATGGAACACAATCCATTATTTGAAT
ATATTTATCAACAAAAAGAAGACATTGATGCATGTTATTTTATCATTCCGGAAGAGGACA
TGTCTTCAGCTTCTGATTTGAAAGCACAG

> **Q2G0A5**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q2G0A5_CC001_MSSA476_BX571857.1[735858:736142:r]RC

Position: 021-contig_267_RC: 17581 ... 17866; Length: 285 bp

Sequence:

TTATCTTAGTATGTCCGTAAATAAAGTGAGGTATAGTACGACATACTCTAAAAACGTAGT
GAGATAAATATATTTCAATCTAACTTTTATGTTTTGAGGCACTTGCCATTTAGGATATTGT
CGTTCGTAATACGACACTTGTGTATAAATACACCTAGTCCAAATGGCAGCATCATGAGT
AAGATACTTCTTAAATAACTTAAACCAATATCATACCATATGTGTCCAATAATCAATTGA
AAGCCAATGATAGATACTATTAACGATTATATTTATTGTCAC

> **norA**

Function: protein coding sequence; multidrug efflux pump (core genome, variable)

Best match: norA_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[19228:20394] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 19296 ... 20463; Length: 1167 bp

Sequence:

ATGAATAAACAGATTTTTGTCTTATATTTAATATTTTCTTGATTTTTTTAGGTATCGGTTT
AGTAATACCAGTCTTACCTGTTTATTTAAAAGATTTGGGATTAAGTGGTAGTATTAGGA
TTACTAGTTGCTGCTTTTGCCTTATCTCAAATGATTATATCGCCGTTTGGTGGTACGCTAG
CTGACAAATTAGGGAAGAAATTAATTATATGTATAGGATTAATTTTGTTCAGTGTGAG
AATTTATGTTTGCAGTTGGCCACAATTTTTCGGTATTGATGTTATCGAGAGTGATTGGTGG
TATGAGTGCTGGTATGGTAATGCCTGGTGTGACAGGTTAATAGCTGACATTTACCAAG
CCATCAAAAAGCAAAAACCTTTGGCTACATGTCAGCGATTATCAATTCGGATTCATTTT
AGGACCAGGGATTGGTGGATTTATGGCAGAAGTTTCACATCGTATGCCATTTTACTTTGC
AGGAGCATTAGGTATTCTAGCATTATAATGTCAATTGTATTGATTCACGATCCGAAAAA
GTCTACGACAAGTGGTTTCCAAAAGTTAGAGCCACAATTGCTAACGAAAATTAAGTGGAA
AGTGTATTACACCAGTTATTTAACACTTGTATTATCGTTTGGTTTATCTGCATTTGAAA
CATTGTATTACTATACACAGCTGACAAGGTAATTTACCTAAAGATATTTTCGATTGC
TATTACGGGTGGCGGTATATTTGGGGCACTTTTCCAAATCTATTTCTTCGATAAATTTATG

AAGTATTTCTCAGAGTTAACATTTATAGCTTGGTCATTATTATATTCAGTTGTTGTCTTAAT
ATTATTAGTTTTTGGCTAATGGCTATTGGTCAATAATGTTAATCAGTTTTGTTGTCTTCATAG
GTTTCGATATGATACGACCAGCCATTACAAATTATTTTTCTAATATTGCTGGAGAAAGGC
AAGGCTTTGCAGGCGGATTGAACTCGACATTCACTAGTATGGGTAATTTTCATAGGTCCTTT
AATCGCAGGTGCGTTATTTGATGTACACATTGAAGCACCAATTTATATGGCTATAGGTGTT
TCATTAGCAGGTGTTGTTATTGTTTTAATTGAAAAGCAACATAGAGCAAATTTGAAAGAA
CAAATATGTAG

> **ybaK**

Function: protein coding sequence; transcript regulator (core genome, variable)

Best match: ybaK_CC080_11819-97_CP003194.1[786508:786990] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 21381 ... 21864; Length: 483 bp

Sequence:

ATGGCTAAAATAAGAAAACGAACGCGATGCGTATGCTTGATCGTGCAAAAATTAATA
CGAAGTTCATAGCTTTGAGGTACCAGAAGAACATTTATCTGGTCAAGAAGTCGCAGAACT
CATACAAGCAAATGTTAAAACAGTATTTAAAACGCTTGTTCTAGAAAATACAAAACATGA
ACATTTTGTATTTGTTATCCAGTAAGTGAACTTTAGATATGAAAAAGGCAGCTGCTTTG
GTTGGAGAGAAGAAATTGCAGCTTATGCCTTTAGATAATTTGAAAAATGTAACGGGGTAC
ATTCGTGGTGGGTGTTCCGCTGTTGGTATGAAAACATTGTTTCCAACAGTCGTTGACAAAT
CGTGTGAAAATTATAGTCATATCAGTGTGAGTGGTGGGCTTCGAACAATGCAAATCACAA
TAGCTGTTGAGGATTTGATTACAATAACTAAAGGCAAATTTGGAGCAGTTATCCATGAAT
GA

> **fruR**

Function: protein coding sequence; transcript regulator of fructose operon (core genome, constant)

Best match: fruR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[741964:742725]

Position: 021-contig_267_RC: 22116 ... 22878; Length: 762 bp

Sequence:

ATGATAATTACAGAAAAAAGACACGAGTTAATTTTTAGAAGAACTTTTCGCACAAAGATTTT
TTGACTTTACAAGAATTAATAGATCGAACTGGGTGCAGTGCTTCAACAATACGAAGAGAT
TTATCTAAACTACAACAATTAGGGAAATTGCAACGTGTGCATGGTGGTGCATGTTAAAA
GAAAATCGTATGGTTGAGGCGAATTTAACTGAAAAATTAGCAACGAATCTTGATGAAAA
GAAAATGATTGCTAAAATAGCAGCTAATCAATCAACGATAATGAATGCTTATTTATCGA
TGCTGGTTCATCTACATTGGAGCTAATTAATATATTCAAGCGAAAGATATCATTGTGGT
AACCAATGGTTTAAACACATGTAGAAGCTTTACTTAAAAAAGGTATTAACAATTATGCT
AGGTGGTCAAGTTAAAGAAAATACACTTGCTACGATTGGTTCTAGTGCCATGGAGATATT
AAGACGATATTGTTTCGATAAAGCTTTTATCGGGATGAATGGATTAGATATTGAACTTGG
ATTAACTACTCCCGATGAGCAAGAGGCATTAGTTAAACAAACAGCAATGTCATTAGCCAA
TCAATCATTGTACTTATTGATCATTCTAAGTTAATAAAGTATATTTTGCTCGTGTACCTT
TGCTAGAAAGTACGACAATCATCACATCTGAAAAAGCATTAATCAAGAATCGTTAAAA
GAATACCAACAAAAGTATCACTTTATAGGAGGGACTTTATGA

> **fruB**

Function: protein coding sequence; fructose 1-phosphate kinase

Best match: fruB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[742722:743642]

Position: 021-contig_267_RC: 22874 ... 23795; Length: 921 bp

Sequence:

ATGATTTATACAGTGACTTTCAATCCTTCAATTGACTATGTCATTTTTTACGAATGATTTTA
AAATTGATGGTTTGAACAGAGCAACAGCAACATATAAATTCGCTGGGGGGAAAGGTATT
AATGTCTCGCGCTCTTAAAGACATTGGATGTTGAGTCAACTGCCTTGGGATTTGCAGGT
GGATTTCTGGAGAATTCATTATAGATACATTAATAACAGTGCAATTCGAATTTT
ATTGAAGTTGATGAAGATACACGTATTAATGTGAAATTAACAAACAGGACAAGAAACAGA
AATCAATGCACCGGGTCTCATATAACGTCAACACAATTTGAACAACACTGTTACAACAAT
TAAAAATACAACAAGCAAAGATATAGTTATTGTTGCTGGAAGTGTACCAAGTAGTATTCC
AAGCGATGCGTATGCGCAAATTGCACAAATTACAGCACAGACAGGTGCTAAATTAGTAG

TCGACGCTGAAAAAGAATTGGCTGAAAGCGTTTTACCATATCACCCACTATTTATTA AAC
CTAATAAAGATGAATTAGAAGTGATGTTTAATACAACAGTGAACCTCAGACGCAGATGTTA
TTAAATATGGTCGTTTGTAGTTGATAAAGGTGCGCAATCTGTTATTGTCTCGCTTGGCGG
TGATGGTGCTATTTATATTGATAAAGAAATCAGTATTAAGCAGTTAATCCACAAGGGAA
AGTGGTTAATACAGTTGGCTCTGGTGATAGTACAGTTGCAGGCATGGTGGCTGGAATTGC
TTCAGGTTTAAACGATTGAAAAAGCATTCCAACAAGCAGTCGCATGCGGTACTGCCACGGC
ATTTGATGAGGACTTAGCAACACGGGACGCTATAGAAAAAATAAAATCACAAGTTACGA
TTAGCGTACTTGATGGGGAGTGA

> **fruA**

Function: protein coding sequence; fructose specific permease

Best match: fruA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[743648:745606]

Position: 021-contig_267_RC: 23800 ... 25759; Length: 1959 bp

Sequence:

ATGAGAGTAACAGAGTTATTAACAAAAGATACGATAGCAATGGATTTAATGGCAAATGA
CAAAAATGGTGTATTGATGAGTTAGTAAATCAATTAGACAAAGCAGGTAAATTAAGTGA
TGTCGCGTCATTTAAGGAAGCGATTCACAATCGAGAATCACAAGTACAACCTGGTATCGG
CGAAGGTATTGCCATTCCACATGCCAAAGTGGCCGCAGTTAAGTCACCAGCTATTGCGTT
TGGTAAATCTAAAGCAGGCGTAGATTATCAAAGTTTGGATATGCAACCAGCACACTTATT
CTTTATGATTGCAGCGCCAGAAGGTGGCGCCCAAACACATCTAGATGCTTTAGCTAAGTT
GTCTGGTATTTTAATGGATGAAAATGTACGTGAGAAATTATTACATGCTTCATCACCTGA
AGAAGTACTAGCGATCATAGATGAGGCTGATGATGAAGTGACAAAAGAAGAAGAGGCA
GAAGCTGAAGCACACAAGTTGCAACTGCAGAACAATCATCTAAACAATCTAATGAGCC
ATATGTGTTAGCAGTAACTGCTTGTCCAACAGGTATTGCACACACATATATGGCACGTGA
TGCATTGAAAAAGCAAGCGGATAAAATGGGTATTTAAATTAAGTTGAAACGAACGGTT
CAAGCGGCATTTAAAACCATTTAACTGAACAAGATATTGAAAATGCAACAGGTATCATTG
TTGCTGCTGATGTTTCATGTTGAGACGGATCGCTTCGATGGTAAAAATGTCGTAGAAGTAC
CAGTAGCAGATGGTATTAACGCCAGAAAGAAATTAATTAATAAAGCATTAGATACAAGT
CGTAAACCTTTTGTGGCCGTGATGGTCAAAGAAAAGGTAACCTCAAATGACAGTCAAGAA
AAATTAAGCCCAGGTAAAGCTTTCTATAAACACTTAATGAACGGTGTTCCTAACATGTTG
CCACTTGTAATATCTGGTGGTATTTTAATGGCAATTGTATTTTTATTTGGAGCAAATTCAT
TTAATCCAAAAGCTCAGAGTACAATGCGTTTGCAGAGCAGCTTTGGAACATAGGTAGTA
AAAGTGCATTTCGCGTTAATCATTCCAATTTTATCTGGATTCATTGCACGTAGTATTGCGGA
TAAACCTGGTTTCGCTTCAGGTCTTGTAGGTGGTATGTTAGCAATTCAGGTGGTTCAGGA
TTTATTGGTGGTATTATTGCAGGTTTCTTAGCAGGTTACTTAACACAAGGTGTTAAAGCGA
TGACACGTAAGTTACCACAAGCATTAGAGGGATTAACCAACATTAATTTACCCACTAT
TGACAGTAACAGCTACAGGCTTATTGATGATTTATGCCTTTAATCCACCAGCATCTTGGTT
AAATCATTTGTTATTAGATGGATTAACAATTTATCAGGTTCTAATATTGTATTATTAGGT
TTAGTTATTGGCGCTATGATGGCGATTGATATGGGCGGTCCATTCAACAAAGCGGCATAT
GTTTTTGCAACAGGTGCGTTGATTGAAGGTAATGCAGCACCAATTACAGCTGCAATGATT
GGTGGTATGATTCCACCGTTAGCAATTGCGACAGCGATGTTAATTTTCAGACGTAAATTT
ACAAAAGAACAACGTGGTTCAATTATCCCTAACTATGTGATGGGTATGTCCTTTATTACA
GAAGGTGCGATTCCATTTGCAGCTGCCGATCCATTACGTGTTATTCCTTCAATGATGATTG
GTTCAAGTATAGGTGGCGCAATTGCTTTAGGCTTAGGTTACGAATTACTGCGCCACATG
GTGGTATTATTGTAATTGTTGGTACGGATGGTGCACACTACTTCAAACCTTATTGCACT
TCTAGTTGGTACATTAGTTTCAGCATTAAATTTACGGTTTAATCAAACCAAGTTAACTGAA
ACAGAAATCGAAGCTTCAAAATCAATGGACGAGTAG

> **nagA**

Function: protein coding sequence; N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase

Best match: nagA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[745914:747095]

Position: 021-contig_267_RC: 26066 ... 27248; Length: 1182 bp

Sequence:

GTGTCAGAATTAATTATATATAACGGCAAAGTTTATACTGAAGATGGCAAATTCGATAAT
GGTTACATTCATGTGAAAGATGGACAGATTGTTGCAATTGGAGAAGGGGATGATAAAGC

AGTAATTGATAATGATACGACAAATAAAATTCAAGTGATTGATGCTAAAGGTCATCATGT
ATTACCAGGTTTTATTGATATACATATTCATGGTGGTTATGGTCAAGATGCAATGGATGG
GTCATACGATGGCTTAAAATATCTATCCGAAAATTTGTTATCTGAAGGGACGACATCATA
CTTGGCCACTACAATGACGCAATCTACTGATAAAATAGATAAAGCACTTACAAATATTGC
TAAATATGAAGCGGAGCAAGATGTTACAATGCAGCGGAAATTGTAGGTATACATTTAG
AAGGACCATTTATATCTGAAAATAAAGTTGGTGCTCAACATCCGCAATACGTTGTACGCC
CATTTATCGATAAAATTAACATTTTCAAGAGACTGCTAACAGATTAATAAAGATTATGA
CGTTTGCACCTGAAGTTGAAGGTGCAAAAGAAGCGCTTGAAACGTATAAAGATGACATT
ATTTTTTCAATTGGTCATACAGTGGCAACATACGAAGAAGCAGTCGAAGCTGTTGAGCGA
GGAGCTAAACATGTCACGCATTTATATAATGCAGCGACGCCATTCCAGCATAGAGAACCA
GGTGTTTTTGGAGCAGCATGGTTGAATGATGCTCTACATACCGAAATGATTGTTGATGGC
ACACATTCTCATCCGGCATCGGTTGCTATTGCTTACCGTATGAAAGGTAATGAACGTTTTT
ATTTAATTACCGATGCAATGCGTGCAAAAGGTATGCCTGAAGGAGAATATGATTTGGGTG
GACAAAAGTAACTGTTCAATCGCAACAAGCACGTCTTGCAAAATGGTGCGCTTGCTGGTA
GTATTTTAAAAATGAATCATGGGTTACGTAACCTTAATATCATTTACAGGTGATACATTAG
ATCATTTATGGCGAGTAAACAAGTTTAAATCAAGCCATTGCATTAGGTATCGATGATAGAA
AAGGTAGTATTAAGTAAATAAGGATGCAGATCTTGTTATTCTAGATGATGATATGAATG
TAAAATCTACAATAAAACAAGGTAAGGTTACACATTTAGCTAA

> **corC**

Function: protein coding sequence; similar to magnesium and cobalt efflux protein (core genome, constant)

Best match: corC_CC001_MSSA476_BX571857.1[745744:747093]

Position: 021-contig_267_RC: 27468 ... 28818; Length: 1350 bp

Sequence:

TTGGAACTTCGACCATAATTAGTTTTGATTATATTTATTCTATTAATTGCATTAACCACTG
TATTTGTTGGTTCAGAAATTTGCATTAGTAAAAATTAGAGCAACAAGAATTGAACAGCTAG
CAGATGAAGGAAATAAACCTGCTAAAATAGTAAAAAAGATGATTGCTAATCTAGATTATT
ATCTTTCTGCTTGTGAGTTAGGTATAACAGTAAACATCTTTAGGGTTAGGTTGGCTTGGTGA
ACCAACGTTTGAAAAGCTATTACACCCAATATTTGAAGCAATCAATTTACCAACTGCATT
AACGACGACGATTTTCGTTTGCAGTGCATTTATAATCGTTACGTATTTGCATGTAGTACTT
GGTGAATTAGCGCCTAAATCTATAGCGATTCAACATACTGAAAAGCTTGCTTTAGTATAT
GCAAGACCATTGTTCTATTTTCGGTAACATTATGAAACCATTGATTTGGCTGATGAATGGTT
CTGCACGTGTTATTATTAGAATGTTTGGTGTAAATCCTGATGCCCAAACCTGATGCAATGTC
AGAAGAAGAAATCAAAATTATTATTAACAATAGTTATAATGGTGGAGAAATCAACCAAA
CTGAATTGGCATATATGCAAAATATCTTTTCATTTCGATGAAAGACATGCAAAAGATATAA
TGGTACCTAGAACTCAAATGATTACACTAAATGAACCTTTTAATGTAGACGAATTACTAG
AAACAATAAAAGAACATCAATTTACGCGTTATCCAATTACTGATGATGGTGATAAAGACC
ACATTAAGGATTTATTAACGTCAAAGAATTTTAACTGAATACGCTTCTGGAAAAACGA
TTAAAATAGCAAATATATACATGAGTTGCCAATGATTTTCAGAGACAACACGTATCAGTG
ATGCATTAATTAGAATGCAACGTGAACATGTACATATGAGTCTTATTATAGATGAATATG
GTGGAACGGCAGGTATTTTAAACGATGGAAGATATTTTAGAAGAAATCGTTGGGGAAATTC
GTGATGAATTTGATGATGATGAAGTGAATGATATCGTTAAAATTGATAATAAGACATTCC
AAGTAAATGGTAGAGTACTATTGGATGATTTAACTGAAGAGTTCGGTATAGAATTTGATG
ACTCTGAGGATATTGATACGATAGGTGGATGGTTACAATCTCGTAATACCAATTTACAAA
AAGATGATTACGTGGATACAACCTTATGATCGCTGGGTTGTTTCAGAAATCGATAACCACC
AAATTTTGGGTGATATTAACCTATGAATTTAATGAAGCGAGACCTACTATCGGACAGT
CTGATGAAGATGAAAAATCAGAATAG

> **txbi_saeS**

Function: bidirectional rho-independent terminator of saeS

Best match: txbi_saeS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[750836:750889:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 30988 ... 31042; Length: 54 bp

Sequence:

AAATAAACAAAAAAGAAGCCCTCATTAATGGGAGCTTCTTTTTAGTCTTTGCA

> **saeS**

Function: protein coding sequence; histidine protein kinase/sae locus (core genome, constant)

Best match: saeS_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[30997:32052:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 31065 ... 32121; Length: 1056 bp

Sequence:

TTATGACGTAATGTCTAATTTGTGTAATGTTACAGTCATCGTAGTTCCTACATCTATATCA
CTGCTTACACTGATTTTTGCGTTATTTTGTGCGGAGTTCATTAGCTATATATAAGCCTA
ATCCAGAACCACCCGTTTTTGTATTACGAGAGTTTTCTACTCTGAATGTACGTTCGAATAT
ACGTTCTTGTAGTTCTGGTATAATGCCAATACCTTCATCGCTAATAGCAATGTCGATAGTA
TCTTGATCTTTGTTTTCACTAATATTAATATCAATGCGACTACCAACATTTGAAAATTTTA
GCGCATTATCAAGTAAGTTTGTAAAATACGCTCAAGTGGCGTTTCGATATTGATAAAATG
CATCAATTTTCGCTACAGAAATTCACCTTCTAATGTGCGGTTTTTCATGTTTGATACGTTGCTC
ATATGGTTGCAATATTGATACAAGTAATTGGTCTAGTTGTATTAATTCTGGGGGATATGTT
TTACCTGTATTTAAAGTGATAATATGAGTCATATCATCAAATAATGTTGATAATCTGTTTG
CTTGTTTAAATTAATATGTCGTATGACTCTTTAATCTCATGATCCTTAGTGATTATACCATCA
CGTAGTCCTTCAGAATATGAAATAATGCTTGCTAAAGGTGTTTTTAAATCATGGGCTAAG
TTTTGAATCAGTTCTGTTTTTCTTGTTGTTTCGGATTTAATTTGATTCATTTGTTGCGTAATT
TCAGAAGCCATTTTATTAAGATTGATTTAATTCATAAATTTCTTTTGGTGAATTAACG
TTTTATCATTGCTTTCGTAATTTCCGTTAGCAAATTGCTTAGTTTTTATATTAAACTGCTTA
ATTTTTTGTATAAGTGGATTAATAAAAATACTACATATTAATAAGGTTAAACAGCTTGTA
ATTATTGTCGTTAAGGTCAAAGTTAGTGCATATGGCCGTTAAACCACATTAATAATATAT
GCAATTGCTAAAATAGTTGAAGTTAATAGTATACTCGATACGACGCCAATAATGATTTGA
CTTCTAATTGATAACACCAT

> **saeR**

Function: protein coding sequence; response regulator/sae locus (core genome, constant)

Best match: saeR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[751968:752654:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 32120 ... 32807; Length: 687 bp

Sequence:

TTATCGGCTCCTTTCAAATTTATATCCTAATCCCCATACAGTTGTGATGGTATATGTTGTA
AAGCTCTCTTTTTCTAATTTTTCTCTAATACGGTGTATATGGACATTCACGGTATTAGCATC
TTCGTAATAGTCATATCCCCAACTTTTTCAAGTAATTCTGATTTAGAAATAACTTCATTT
TCTCTAGAAGCTAAATACCACAATAACTCAAATTCCTTAATACGCATAGGGACTTCGTGA
CCATTTACAGTCACAACCTTACTTAAAGTTAATAAGTGTTAATTCATCAAACGACAGTTGTT
CAACTGGTTGATGATGGTATTTCTTCATTCTTGTAAGTAAATTATTAATACGTAACGAG
TTCCCTTGGACTAAATGGTTTTTTGACATAGTCATCTGCACCTAAAGTTAAGGCGTAAATG
GTATCATGTTCTTGTGTTTTGGCAGTTAAATAGATAAAGGGGATATCTAATTTTTGCCTTT
TCATTTCTTTGACAATGTCGTAACCATTAACCTTCTGGCATCATGATATCAAGTACCATGAT
ATCAATATCATTTGATAGTAAAGAAATTGCTTCTTTACCGCTAGTTGTCGTTGTTACTTTG
TAACCTTCATATTCAAAATAGGTTTGACAAATGTCTACAATGTCTTGTTTCATCATCCACGA
TCAGTAAGTGGGTCAT

> **saeQ**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: saeQ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[752629:753102:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 32781 ... 33255; Length: 474 bp

Sequence:

TCATCCACGATCAGTAAGTGGGTCATCTATTTTTTACCTCTGTTCTTACGACCTCTAAAG
TAATTAATGATTTCTTTAAGTGAATCTGTTTTAACAATGAGTGACTCATTAGTAAAAGGA
TAAAGAAAGTTAATTGAAGAGGATACGTAAATATCATATCTGCTAAGATATAATTTATCA
TAACAAAGGCTCCAAAGAACTAGCAGCATATGCAAAAACCTCCAAAATTAACCTAAT
CCAATTGCAATCTCTCCGAGTGGGACAACAATATCAAATAATGACGTCGTATGTGCAACT
ATATTTGCGAAAACCACTTATACCACTCTGGTGAATCAGTATTGTTAGCGATGACTGGT

ACTAAACCTTTCAGCGTAAATCCGCCCGTTAATTTTTTCGTAGCCTTGCATTAACATAACAA
TACCTGAACCCACACGAATGATAAATGTAACGAGTAGCAATAATTTATTCAT

> **saeP**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, variable)

Best match: saeP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[753445:753885:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 33596 ... 34037; Length: 441 bp

Sequence:

TTATTTTAATTTAGCGCCGCCGAAGATGACGTGAGCTTTTTTACAATAGATTGTTACTTCA
TCATATTTGCTTAAATCTACATTTTTAAGATCAAATGTTTGTTTTTCTTTATCGTAGTCAAC
CATTGCGATTTCTTACCGTTTTTAATGTGCCATTTTTTGTAGGTAGACGTATAAATCTG
GACTTTTGATGATTTGTAGTTAGTAAGCATTAAATTTACCATTTTTAATCTCAGCTTTACCT
TCAACAGTTTCACCGTTTTTAGAACTGAATGTACCTGTTAGGTGTTTTGTTTTATCAGTTTT
AACATTGCTATCTTCTGACTTTGTTTTTTGTTTCAGTTTTGTTACCTTGATCTTGTGAATTAG
AATTACCACAAGCGCCTAAAGTTAATACAGAGGCAACAGCACCAACTGCTAAAAAATAT
TTTGTATTCAT

> **queE**

Function: protein coding sequence; 7-cyano-7-deazaguanosine (PreQ) biosynthesis protein E

Best match: queE_CC008_132-ST8_ACOT01000023.1[78584:79297:r]RC

Position: 021-contig_267_RC: 34999 ... 35713; Length: 714 bp

Sequence:

TTATACACCTTTTTTATTGCTCCAAAGTAATGTATGAAGTTGTGGTAACACATAAACGTGA
TTCATATCATTACTTTGCATAACTAAATCCACCAACTGCTCGTAGCGTTCTAACAACTTTT
CGGTATGATTATCTACGCTGTCTGATAAATATGGGTACCAACTTGTAATAGAAAGGAA
TATCTGGATAACGGTGGTGTATCATTTTGGCAAATCATAATCTTTATCGTCGAATACAAC
TACTTTTAAGTTAATGAGGAAGGTACGCATTGTGTAATCACTTCATCTAACTTTTTTAAA
TCAGGTGTCATAGTTGAACTTGGTGGTTTTGGACTAATCGTTAAATCATCAATTTGTGTCA
TCCAAGGTTGGAATTTACTGCCTTGTGTCTCCAGTGCCTGAAAATACCTTTATCTTGAAA
TAAGTCAACTAACTCTTGGATACCTTTAATTAATGCTGGGTACCACCAGAAATTGTAAC
GTGATTAATAAATCGCCACCAATTCGTTTTAATTCATCATAAATTTCTTCAGCGGTCATG
AGTTTTATATCGCCTTTAGCACTACCATCCCAAGTAAATGCAGAATCACACCAGCTACAG
CGATAATCACATCCAGCTGTTCTCACAAACATCGTTTTTCTACCGATTACTCTTCCTTCAC
CCTGAATGGTTGGGCCGAATATTCGAGTACAGGAATTTTAGCCAT

> **queD**

Function: protein coding sequence; queuosine biosynthesis protein D

Best match: queD_CC030_MRSA252_BX571856.1[798825:799244:r]RC

Position: 021-contig_267_RC: 35716 ... 36136; Length: 420 bp

Sequence:

TTACACCTGTTCCCTTTGGTCTAAATACGACATAACTTGTGGTGTCTCTTACAAATACTT
GAATACATTTTGGTTGGTGTTCGAGCGATGCCAAATTTCTTTAACAATTTGATAAATTGT
TTCCGCTACGATTTTCAAGTTGAAGGGATTTTGTTTTTAAAAGCAGGTAAGTTATTTAACAGT
TGATGGTCAAATTTACCGTGTATCATCTTTTTTAAATGGCTAAAGTTCACTAAAAAGCCAG
TGTCATCTAGTTTATCACCGACAATTGTAAATTAACAAAGTAAGTATGACCATGGACAT
TTTGACAAATACCTGCTTCTTCACACGGAATGTGATGTGCAGCTGAAAAATTTAAATCTTT
ATTTAATTCGAATTGATATGGATGCGTTGTACTAGGATAGATTTGTTGTAACAT

> **queC**

Function: protein coding sequence; 7-cyano-7-deazaguanine synthase

Best match: queC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[755986:756654:r]RC (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 36137 ... 36806; Length: 669 bp

Sequence:

TTAAAGCGCTCCTTTACTTTCAAGATATTGATTTAGTCCACGTTGACGTAAATGACAAGCT
GGACATTCACCACAGCCATCCCAATGATACCGTTATAGCATGTTAATGTTTTTGTACGAA

TATAATCTAAAACCTTCGAGTTCATCACTTAATTTCCACGTTTCTGCTTTGTTTAACACATT
AAAGGAGTATGAATGACAAAATCTTTGTCCATAGCTAGGCTTAATGTTACGTTTCATTGAT
TTTATAAAAACCTATCGCGACAGTCTGGGTAGCCTGAAAAGTCTGTTTCACATACGCCTGTA
ATAATATGCTTAGCCCCAATTTGATAAGCTAGAGCGCCTGCAAACGACAAGAAAAGTAA
ATTTCTAGCTGGAACAAATGTATTAGGTATACCATCTTCATTATTAGTAATTTCCATATCA
TGTTGTGTTAATGCGTTTGGAGTAAGTTGTGATAATAATGACATATCTAAAACGTGATGTT
TCATTCCCTTGATCTTGTGCAATTTGTTTTGCGACTTCAATTTTCAGTATCATGTCTTTGGCCA
TAATTAACGTTACGAGTTCAACTTCTTTGAAATGTTTTTTTGCATAAAAAGAGACATGTTG
TACTGTCTTGACCACCACTAAAGACAACGATGGCTTTTTTCATTATTTAATACACTTTCCAT

> **PreQ1_riboswitch**

Function: noncoding RNA PreQ1 riboswitch (core genome, constant)

Best match: PreQ1_riboswitch_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[756824:756870:r]RC

(completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 36975 ... 37022; Length: 47 bp

Sequence:

CAATGTCTAGTTTTTTATAGAGGGTTTCAGCTAGGAACCTCTGATAT

> **pabA**

Function: protein coding sequence; putative para-aminobenzoate synthase/glutamine
amidotransferase/component II (core genome, constant)

Best match: pabA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[785621:786214]

Position: 021-contig_267_RC: 37156 ... 37750; Length: 594 bp

Sequence:

ATGATTCTAGTCATAGATAATAATGATTCATTTACATATAATTTAATAGACTATATTAAGA
CTCAAACGAAACTAACAGTTCAAGTTGTTGGTATTGATAATCTGCTGATAGAAGACGTC
TTAATATGAAGCCAAAAGCAATTGTTATTTACCTGGGCCGGGTAATCCGGATGATTATC
CTATCTTGAATGAAGTGTTAGAACAAATTTATCAGCGTGTACCTATACTAGGTGTATGTTT
AGGATTTCAATGTATCGTGTCTTATTTTGGTGGAAATATCATTACGGCTATCATCCTGTA
CACGGACATACTACACAGTTACGCCATACCAATGAAGGTATTTTTCAAGGACTGCCTCAA
AATTTCAATGTAATGCGTTATCATTCAATTAATTGCTGACGGAGCGACTTTTCAAATTGCT
TAAAGATTACAGCAAAAACGATGAAGCGATTATTATGGCATTGAGCATATTAGATTTCC
CGGTTTTTGGTGTGCAATATCATCCTGAATCTATTTTGGAGTGAATACGGTTATCGACAAGT
TGAATTATTTTTATCGAAGGTAGGTGATTACTGTGAGAATAGAATATAA

> **pabB**

Function: protein coding sequence; anthranilate/para-aminobenzoate synthase component I (core
genome, constant)

Best match: pabB_CC008_COL_CP000046.1[794399:795550]

Position: 021-contig_267_RC: 37733 ... 38885; Length: 1152 bp

Sequence:

GTGAGAATAGAATATAATTATCGCTACTATTTAACTGAAAATGAATATAAGCAATACCAT
ATTCAATTAAGGGATTTATAAAGAAGTATGTTGCTACTAAGTTGGCTGATGTGGGAGAA
GTGATACACTTTGCACAAGCGCAGCAACGACAAGGTAGATATGTCTCGTTATATTTAAGT
TACGAAGCGGCAAAGTATTTAATCATGTTATGTGTACACATTCATTAGCTAAAGATGAT
ATTTATGCAGTAGCTTATAGTTTTGAAAAAGCGGAAAGCATAAATTCAACATATGAACAT
CAAACCTTCTTATGTATCAAAGCATCATTTTTTCATTTGTTGAATCTTCTGAGGTTATGATGA
CTAATATTAACCGTGTCCAACAAGCAATTGTTGAAGGCGAAACGTATCAAGTGAACCTATA
CGGCGCGCTTAACAGATAACATTTATTATCCTATTAGTACTTTATATGAACGATTAACCTCA
ATTTAGTAATGGTAATTATACTGCGTTATTACAAACAGATGAAATCCAAGTAGCGTCTAT
CTCACCAGAATTATTTTTTCAAAAAGGACAATTTAACAATGTCGATAACGTTATCATAAG
CAAACCGATGAAAGGGACAATGCCTAGAGGTAAAACGGAAGCTGAAGATCAACAGTATT
ATAAAACATTGCAAACCTTCTCGAAAGATCGTGCAGAAAATGTCATGATTGTTGATTTAC
TAAGAAACGATATAGGGAGAATATCACAGAGTGGCTCAATTAAGGTGTATAAACTATTTT
TTATTGAGGCATATAAACTGTATTTCAAATGACTTCGATGGTAAGTGGAACCTTTAAAAA

ATAATACAGACTTAACTCAAATTTTAACATCGTTATTTCTTGTGGTTTCGATTACAGGTGC
ACCGAAACTGAATACAATGAAATATATTAACAATTAGAAAAGTTCACCTCGTGGTATATA
CTGCGGAGCAATTGGACTATTACTTCCAAGTGAAGATGATAAAATGATTTTTAATATTCC
GATTTCGCACTATTGAGTATAAATATGGACAAGCGATTTATGGAGTCGGAGCAGGTATTAC
AATTGATTCTAAGCCAAAAGATGAAGTGAATTTTACGCAAAAACCAAGATTTTGA
GATGTTATAA

> **pabC**

Function: protein coding sequence; 4-amino-4-deoxychorismate lyase (core genome, constant)

Best match: pabC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[787349:787957] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 38884 ... 39493; Length: 609 bp

Sequence:

ATGCAATTATTTGAAACAATGAAAATTGATAATGGACATATCCCTAGACTTACTTATCAT
ACTAATCGCATAAAAATGTTCTTCTGAGCGATTAACTTTAAATTTGATGAACATGCATGG
CGAAATGAATTAACGATGTAACAACAAAGTATCACAGTGGTCAATATAGACTTAAAAT
CGTATTAATGCTGAAAGCAAATTTGAAACGATAGTGTACCTTTACCTGAGAAAAGTAG
TTTTACAGCAAAATTTCAAGTGTGCCCCAAAGTAGTTAATCCAACCTTTATAAAAAATAA
AACGACAGAACGAAAGCATTAGCACACAATCATGAAACAGATTTAATATTGCTAACTTC
AGAGGACGGCAAGGTCCTTGAATTTGATATTGGCAACATTGTCATTGAAGAGGATGGAA
AATGGTACACACCAAGTTATAAAGATGATTTCTTAAAAGGATGCATGCGTGATTATTTAA
TAGATAGTGACAACTTGTGAAAAAGACTTTAATAAAAACGAATTGATTTATAAATATC
ATAACAATGAGATACGTTTATTTTTGATAAATAGTTTACGAGAGGTTGCCGATGTCCACCT
TTGCCTTTAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 39783 ... 39792; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **ItaS**

Function: protein coding sequence; glycerol phosphate lipoteichoic acid synthase (core genome, constant)

Best match: ItaS_CC008_NCTC8325_CP000253.1[710153:712093] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 42024 ... 43965; Length: 1941 bp

Sequence:

ATGAGTTCACAAAAAAGAAAATTAGTCTTTTTGCGTTCCTTATTAAACCGTAATAACGA
TTACCTTGAAGACGTATTTTTCTTATTATGTTGATTTTTCTTTAGGTGTTAAAGGTTTAGTA
CAAACCTTAATATTATTGATGAATCCTTATAGTTTAGTAGCACTGGTTTTAAGTGTGTTCC
TATTCTTTAAAGGCAAAAAGCATTTTGGTTCATGTTTCATAGGCGGCTTCTTATTGACGTT
CCTATTATATGCCAATGTTGTGTACTTTAGATTCTTCTCTGATTTTTTAACGTTTAGTACTT
TAAACCAAGTAGGTAACGTAGAATCTATGGGTGGTGC GGTTAGTGCATCATTCAAATGGT
ATGACTTTGTTTATTTTCATTGATACGTTAGTTTACTTATTCATTTAATATTTAAAACAAAA
TGGTTAGACACAAAAGCATTTAGTAAGAAATTTGTTTCTGTCGTAATGGCGGCTTCAGTA
GCATTATCTTCTTAACTTAGCTTTTGCTGAAACTGACAGACCAGAATTATTAACACGTA
CATTTGACCATAAATATTTAGTGAAATATTTAGGACCTTATAACTTTACAGTATACGATGG
TGTTAAAACCTATCGAAAATAATCAACAAAAAGCGCTAGCATCTGAAGATGACTTAAACAA
AAGTATTAAATTATACGAAACAACGTCAAACAGAGCCTAACCCAGAATATTATGGGGTG
GCAAAGAAGAAAAATATTATTAAGATTCATTTAGAAAAGTTTCAAACCTTCTTAATTAAT
AAAAAGGTTAATGGTAAAGAAGTAACACCGTTTTTAAACAAATTATCAAGTGGGAAAGA
GCAATTCACATACTTCCCTAACTTTTTCCATCAAACAGGTCAAGGTAAAACATCTGACTCT
GAATTTACAATGGATAACAGTTTATACGGTTTACCGCAAGGTTCTGCCTTTTCATTTAAAG
GAGATAATACGTATCAGTCATTACCAGCAATTTTAGATCAAAAAGCAAGGCTACAAATCTG
ATGTCATGCACGGTGACTATAAAACATTCTGGAACAGAGACCAAGTATATAAACACTTTG

GTATCGATAAATTCTATGATGCAACATACTATGACATGTCAGATAAAAACGTTGTAACT
TAGGCTTGAAAGACAAAATTTCTTTAAAGATTCTGCTAATTATCAAGCTAAGATGAAAT
CACCATTCTATTCTCATTTAATTACATTGACTAACCCTATCCATTCACATTAGATGAAAA
GGATGCAACTATTGAGAAATCAAACACAGGTGATGCAACAGTTGATGGTTATATTCAAAC
AGCACGTTATTTAGACGAAGCATTAGAAGAATATATTAATGACTTGAAGAAAAAAGGAT
TATATGACAATTCAGTGATTATGATTTATGGTGACCCTATGGTATCTCTGAAAACCATAA
CAATGCCATGGAAAACTATTAGGTGAAAAAATCACACCGGCTAAATTTACAGATTTAAA
CAGAACTGGTTTCTGGATTAATAATCCCTGGTAAATCTGGTGGTATCAATAATGAATATGC
TGGTCAAGTCGATGTAATGCCAACAATTTTACATTTGGCTGGTATAGATACGAAGAACTA
TTTAATGTTTCGGTACTGATTTATTCTCTAAAGGTCATAATCAAGTAGTTCATTGAGAAAT
GGTGACTTTATAACAAAAGATTATAAATATGTTAATGGTAAGATTTATTCTAATAAAAAAT
AATGAACTCATAACTACTCAACCAGCTGATTTGAAAAGAATAAAAAGCAAGTTGAAAA
GGATCTCGAAATGAGTGACAACGTGCTTAATGGTGATTTGTTTAGATTCTACAAAAATCC
AGACTTCAAAAAGGTAAATCCTTCGAAGTATAAATATGAAACAGGACCTAAAGCAAAT
CTAAAAAATAA

> **recQ1**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent DNA helicase (core genome, variable)

Best match: recQ1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[714259:716040] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 46130 ... 47912; Length: 1782 bp

Sequence:

ATGATGCAACAAACATTATCGCATTACTTTGGGTATGAAACGTTTCGACCAGGACAAGAA
GAAATTATTAGCAAAGTATTAGACCATCGTAATGTGCTTGGTGTCTTACCAACTGGTGG
GGTAAGTCTATATGCTATCAAGTACCAGGTTTATTGTTAGGTGGTACAACAATTGTAATA
AGTCCACTAATATCATTAAATGAAAGATCAAGTGGATCAATTAAGCGATGGGAATTCAA
GCTGCTTTTTTAAATAGTAGTTTGACTCAAAAAGAGCAACAACGTATTGAAAAAGCATT
TCAAATGGAGAAATTCAATTTTTGTATGTTGCACCAGAACGATTTGAAAACCGATATTTT
TAAATATGCTTCAGCGTATAAAGATTCCTTAGTCGCGTTTGATGAAGCGCATTGTATTT
TAAATGGGGTCATGATTTGAGGCCGAGTTACCAAATGTTATTTCAAAGTATTTACGTT
ACCTCAAGATTTTACAATAATAGCGTTGACAGCAACTGCCACGGTTGAAGTACAGCAAGA
TATTAGAGAAAAGTTAAATATCGCTCAAACCTGATCAAATTAACGAGTACTAAGCGTAG
AACTTAATTTTTAAAGTAAATCCTACTTATCAACGTCAAAAATTTATATTGGATTATATT
AAAACACACGATGAAGATGCAGGTATTATTTATTGTTCTACACGTAAGCAAGTTGAAGAG
CTTCAAGAAGCCTTAGAAAGTCAGAAAATTGAAAGTGTTATATATCATGCAGGTTTGAGC
AATAAAGAAAGAGAAGAAGCGCAGAATGATTTCTTATTTGATCGTGTTAAAGTAGTCGTT
GCTACAAATGCTTTTGGTATGGGTATTGATAAATCCAATGTACGCTTTGTTATTCATTATA
ATATGCCTGGAGATTTAGAATCTTATTATCAAGAAGCGGGTCGTGCAGGTCGTGACGGGT
TGAAAAGTGAATGTATTTTGTATTTAGCGAACGCGATATCAATTTACACGAGTATTTTAT
AACAGTCTCTCAAGCTGATGATGACTATAAAGATAAAAATGGGCGAAAAGTTAACTAAAA
TGATTCAATATACAAAAACAAAAAATGTCTAGAAGCAACAATTGTCCATTATTTTGAAC
CGAATGAAAATTAGAAGAATGTGAACAATGTAGTAATTGTGTTCAACAAGATAAATCA
TATAATATGACACAAGAAGCTAAGATGATTATTAGTTGCATCGCTCGTATGAAACAACAA
GAGAGTTATAGTGTTATCATTCAAGTGTTAAGAGGAGAGTCAACAGATTATATTAAGTAT
AAAGGTTATGACCAAATTTCAACCCATGGTTTAAATGAAAGGTTACACAACATCAGAATTA
AGTCACTTAATAGATGAATTAAGATTCAAAGGGTCTTAAATGAAAATGACGAAATATTA
ATGTGTGATACTTCAATTAATAAATACTCAGTAATGAAGTAGAAGTATTCACAACACCA
TTTAAGCAAAAAGCGACTGAAAAAGTATTTATAAATACGGTTGAAGGGGTTGACCGAGT
ATTATTCAGTCAGTTGGTAGAAGTTCGTA AAAAGTTAAGTGACAAATTAACGATAGCACC
TGTAAGTATATTTTCTGATTACACGTTGGAGGAATTTGCTAAACGTAAGCCTGCTTCGAAA
CAAGATATGATTAATATTGATGGCGTAGGTAGTTACAAATTA AACATTATTGTCCAGCA
TTTTTAGAAACGATTCAAATTTATAAAGCCAAAGTATAG

> **opuBA**

Function: protein coding sequence; osmoprotectant ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: opuBA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[716262:717239] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 48133 ... 49111; Length: 978 bp

Sequence:

```
GTGATTAAGTTTAAAAATGTAAC TAAGCGTTATGGCAAACATGTTGCTGTCGATAACATT
AGTTTCAATATTAATGAGGGTGAATTTTTTTGTGCTAATTGGACCTTCAGGTTGTGGAAAAA
CTACGACATTA AAAATGATTAATCGACTCATTCACTTAAGTGAAGGTTATATTTATTTAA
AGATAAACCAATAAGTGATTATCCAGTATACGAAATGCGTTGGGATATTGGATACGTATT
GCAGCAGATTGCATTATTCCCACATATGACAATCAAAGAAAATATTGCACAAGTGCCACA
AATGAAAAAGTGGAAAGAAAAAGATATAGATAAAAGAGTAGATGAATTACTTGAAATGG
TTGGATTAGAACCTGAAAAATATAAAAACAGAAAACCTGATGAATTGTCAGGGGGGCAA
CGACAACGTGTAGGAGTTATACGTGCGTTAGCAGCTGATCCACCAGTTATTTTAATGGAT
GAACCGTTT TAGTGATTAGACCCAATCAGCCGAGAAAACTTCAAGATGATTTAATTGAA
TTACAAACTAAAATTAAGAAGACAATCATATTTGTTACACATGATATTCAAGAGGCGATG
AACTTGGTGATAAGATTTGTCTTTTGAATGAAGGGCATATTGAACAAATTGACACACCA
GAAGGATTTAAAAATAATCCTCAAAGTGAATTTGTTAAACAATTTATGGGTAGTCATTTA
GAAGATGATGCGCCATGTGTTGAAGAGAACGCAATTATCCGTGACTTGGATATTATGAAA
CCAATCGATGAGGTTACATCTATGAGCGCTTATCCAATTGTTTATGACAATCAACCAATTG
AAGTATTGTATCAACTTTTATCAGAGAGCGAGCGTGCATTGTCATGCAAGAAGATAGCG
TAGGTCAATATGTTATTGATAGGAAAGATATCTTCAAATATTTGTCCAGAAAAAGGAGG
TAGCTCAACATGACTAA
```

> opuBB

Function: protein coding sequence; osmotically activated L-carnitine/choline ABC transporter/permease protein (core genome, variable)

Best match: opuBB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[768952:770466]

Position: 021-contig_267_RC: 49103 ... 50618; Length: 1515 bp

Sequence:

```
ATGACTAACTTTTTCGACATATTGAGTGAACGTAAGGGGCAACTCTTTTCGACAATGATA
GAACATATTCAAATATCATTATCGCATTATTGATTGCAACTGCTATTGCGGTACCATTAG
GTATTTTATTAACGAAGACTAAAACGATATCTGAAATCGTAATGAATATTGCGGCAATTC
TTCAAACCATACCATCGTTGGCATTATTAGGTTTAATGATTCCTTTATTTGGTATCGGTCCG
TGTGCCAGCAATTATTGCACTTGTAGTGTATGCGTTGTTACCAATTTAAGGAATACGTAT
ACTGGAATTAAGAAGTTGATCCATCACTCATTGAAGCGGCTAAAGGTATAGGTATGAAA
CCATTTAGACGTTTAACTAAAGTCGAACTTCCGATAGCAATGCCTGTTATAATGGCTGGT
GTAAGAACGGCTATGGTATTAATTATAGGTACAGCAACACTAGCAGCATTAAATTGGTGCA
GGCGGACTAGGAGATTTAATTTTATTAGGTATAGACCGTAACAATGCATCGTTGATATTA
TTAGGTGCAATTCCAGCAGCCTTATTGGCAATTATATTTGATTTAATTTAAGATTTATGG
CTAAATTATCTTATAAAAAGTTATTGATGACGTTAGGTGTTATAGTGATGATTATTATACT
GGCTATCGCTATTCCTATGTTTGCACAAAAGGTGATAAAATTACGTTAGCTGGAAAGCT
TGGCTCCGAGCCTTCGATTATTACAAATATGTATAAAATTTAATAGAAGAAGAGACCAA
AAATACTGTAGAAGTGAAAGATGGTATGGGGAAAACAGCATTTTTATTTAATGCTTTAAA
ATCTGATGATATAGATGGGTATTTAGAGTTTACTGGAACAGTTTTAGGTGAATTAACAAA
AGAACCATTGAAGTCAAAAAGAAGAGAAAAAAGTTTATGAACAAGCTAAGCAAAGTCTTG
AAAAGAAATATCAAATGACTATGTTAAAACCAATGAAGTATAACAATACGTATGCTTTAG
CTGTAAAACGTGATTTTGTCTAAACAACATAATATACGTACAATTGGTGATTTAAATAAGG
TTAAAGATCAACTTAAACCAGGATTTACATTGGAATTTAATGATCGTCCAGATGGTTACA
AAGCTGTTCAAAGGCTTATAATTTAAATTTAGATAACATACGTACAATGGAACCTAAGT
TGAGATATCAAGCGATCAATAAAGGTAATATTAATTTAATAGATGCATATTCAACTGACG
CTGAATTAACAATATGATATGGTTGTGTTAAAAGATGATAAGCACGTATTTCCACCAT
ATCAAGGAGCACCATTATTTAAAGAAAGCTTTTTAAAGAAACATCCAGAAATTAAGAAA
CCGTTAAACAACACTAGAAAACAAAATATCTGATGAAGATATGCAAATGATGAACTATAA
AGTAACAGTTAAAAATGAAGACCCATATACAGTTGCGAAAGATTATTTAAAAGCAAAG
GGTTAATCAAATAA
```

> hisC2

Function: protein coding sequence; histidinol-phosphate aminotransferase locus 2 (core genome, variable)

Best match: hisC2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000218.1[163415:164473] (completely identical)

Position: 021-contig_267_RC: 50857 ... 51916; Length: 1059 bp

Sequence:

```
ATGAAAGAACAACCTTAATCAACTATCAGCATATCAGCCTGGTTTATCTCCAAGGGCATTG
AAAGAAAAGTATGGCATTGAAGGAGATTTATATAAACTTGCATCAAATGAAAATTTGTAT
GGACCATCGCCTAAAGTTAAAGAAGCGATATCAGCACACTTAGATGAGTTATATTATTAT
CCTGAAACAGGATCACCGACATTAAGAGCGGCGATTAGTAAACATTTAAATGTAGATCA
ATCACGCATTTTATTTGGTGCGGGATTAGATGAAGTTATATTAATGATTTCTAGAGCTGTA
TTAACGCCAGGGGATACTATTGTTACAAGTGAAGCGACATTCGGTCAATATTATCACAAT
GCGATTGTTGAATCAGCTAATGTGATACAAGTACCTTTAAAGGTGGTGGCTTCGATTTA
GAAGGTATTTTAAAGAAGTTAATGAAGATACGTCATTGGTATGGTTATGTAATCCAAAT
AATCCTACAGGTACATATTTTAAATCATGAGAGCTTAGATTCGTTTTTATCTCAAGTACCTC
CACATGTACCAGTAATTATAGATGAAGCTTATTTTGAATTTGTGACAGCAGAGGACTACC
CGGATACACTTGCTTTGCAACAAAATATGACAATGCTTTCTTATTACGTACATTTTCAA
GGCGTATGGATTAGCGGGTTTACGTGTGGGATATGTGGTAGCAAGTGAACATGCGATTGA
AAAATGGAACATCATTAGACCACCATTTAATGTGACACGTATATCTGAATACGCAGCAGT
TGCAGCACTTGAAGATCAACAATATTTAAAAGAGGTAACACATAAAAATAGTGTTGAAC
GCGAAAGATTTTATCAATTACCTCAAAGTGAGTATTTCTTGCCAAGTCAAACGAATTTTAT
ATTTGTAAAAACAAAGCGGGTAAATGAACTTTATGAAGCACTTTTAAATGTAGGGTGTAT
TACGCGACCATTTCCAACCTGGTGTTAGAATTACAATTGGTTTTAAAGAACAAAATGATAA
AATGTTAGAAGTTTTATCAAATTTTAAATACGAATAG
```

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1067981:1068021:r]RC

Position: 021-contig_267_RC: 51987 ... 52017; Length: 30 bp

Sequence:

```
TAGAATTGAAAAAAGCTTGTTACAAGCGCA
```

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000023.1[4549:4580:r]RC

(completely identical)

Position: 022-contig_262: 0 ... 32; Length: 32 bp

Sequence:

```
AAAAAGCTTGTTACAAGCGCATTTTCGTTTCAG
```

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC008_NCTC8325_CP000253.1[721055:721280:r]RC (completely identical)

Position: 022-contig_262: 875 ... 1101; Length: 226 bp

Sequence:

```
TGCGGGGCCCCAACATAGAGAAATTGGATTCCCAATTTCTACAGACAATGCAAGTTGGGG
TGGGCCCCAACATAAAGAAATACTTTTTCTTTAGAAATTAGTATTTCTTATGCATGAGTGT
AACTCATGCATTCATATTTTAAAGTACACATTAGCTGTGACTAATGATAAAGAATCGCTAC
ATAATCAATCATTAGTCGTTCTTTATCATTTCGGTCCCGCTCTC
```

> **dgkA1**

Function: protein coding sequence; lipid kinase (core genome, constant)

Best match: dgkA1_CC012_21266_AFTT01000025.1[69867:70784]RC (completely identical)

Position: 022-contig_262: 1381 ... 2299; Length: 918 bp

Sequence:

TTACAAATCATTGACAGTAAGTAACTGAATGGCATTGTTGGTATAACCTCAATATCAATAGG
TGTTTCTAATGAAATTCGCCATCAATATCAACTTTCATTGCTGGATCTGTTGTAAGTGAA
ATCTTTTTACCAGGTATATGCTCAATACCTTGAGTAATTTTCATTCCAATTCATGCTATCAC
GCTTTTTAAAAATATCATTAAAAATACTGAAACTTTGTTTCAATAAAAATGAAAGTGTTGAG
TTCACCATCTTGAGGAGACAAATCAGTCAATGGTATACGACTACCACCAATGAATGGACC
ATTTGCTGTTAGTATCATGGTCGTTTCGCCAGAATATGTCTTATCATCTATTGATAATTGA
TAATTAATTTGTGTTGGATTTAGCAGTGTTTTGACAGTTGATCCAATATAACTCAATTTAC
CAAATATATCTTTTGAACCATCTTGTACGTTTTTCAGCGTTTTGAACAATGAGACCTAAGCC
AACAAAGTTGAGTGCATATTGATTATTTATTTAATTACATCGTATGTACCAACTTGTGCA
GAAATCATTGTTCACTAGCTTGTATGATTAGGTGCTATATTTAGCGTTTTTGTAAAAT
CATTAAGTACCGCCTGGTAAAATGCCAATAGGGAGTTGAAGGTCATGTGACATAACA
CCATTTATAAGTTCGTTAACCGTGCCATCACCGCCAAGAATAAATAATATCTACATCTT
TTGCATAGTTTTTGTATTTCTTGGCAATATTTAATAATGTCACCTTCGTTTTCACTC
AATTGAATAGAAAGATGCTTACAAATTGAACTTAATGCTGTTGTAACCTCCCAATACCTT
GATTAATATTTTTAATCCACTGTGTTTCATGGTAAAAGAGGACACCATGTGTATATTTATT
TTCCAT

> **queF**

Function: protein coding sequence; NADPH-dependent 7-cyano-7-deazaguanine reductase (core genome, variable)

Best match: queF_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[56341:56841:r]RC (completely identical)

Position: 022-contig_262: 4413 ... 4914; Length: 501 bp

Sequence:

TTAACGATTATCTATTTTTTCGGGATATAAATCATGATTCATCAAACGATGCTCAGCCATT
TTTTCATATTTAGAATTTGGACGTCCATAGTTTGTATAAGGATCAATAGAAATTCACCAC
GTGGTGTGAACTTGCCCCAGACTTCAATATAATGTGGGTCCATAAGCTCTATCAAATCATT
CATAATAATATTCATAACAATCTTCGTGAAAATCACCGTGATTTCTGAAACTAAATAAGTA
TAATTTCAAAGATTTTGATTCAACCATTTAACATTTGGAATATATGAAATATAGATAGTT
GCAAAATCTGGTTGCCAGTAATTGGACATAATGATGTAAATTCTGGACAGTTGAATTTT
ACGAAATAGTCACGACCTTGATGCTTATTATCAAACGATTCTAATACATCAGGACGGTAG
TCGAAATTGTAAGTATTGCTTTGATTTCCATAATAAGTTATATCTTGTAAATTCATCTTGTG
ACGGCCATGTGCCAT

> **Q5HHU3**

Function: protein coding sequence; putative integral membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q5HHU3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[776834:777700:r]RC

Position: 022-contig_262: 4933 ... 5800; Length: 867 bp

Sequence:

TTATTTTTTTTATTATTTTGGCGTCTCGGCGTGCTTTTTCAAACATGTAATAACTTGCACCGA
TAATAACGACGTAACCTAATGTTGCATAGAAATCTGGAGATTCTCCGAATAGAATAAATC
CAAGTATTGCTGTGAAAATTATAGATGCATACGTAAAAATAGAAATATCTTTTGCGGCTG
CAAACTATATGCTAAAGTAACACCAATTTGACCCACAGCGGCAGCTAAGCCAGCCCCTA
ATAGATAAAGTATTTGCATCTGACTCATTGGTTCATAAGTATATGCAGTGAAAGGTATTA
AAACGATGACAGAAAATAAGGAGAAGTAAAATACTATAGTATATGGTGCTTCTCTTGTAC
TAAGTGCTCGAACACATGTATATGCTGATGCTGCAAAAATACCTGAGAATAAGCCAGCTA
ATGATGGAATCATAGATGATGAAAATTCAGGTTTCACTATTAAGCATAACCTAAAATAG
CAATTATCATTGCTGTTATTTGATACTTCTTACTTTTTCATGTAAGAAAACAATGCTTAAT
AAAATCGTCCAGAAAGGATTGAGTTTCATTAATGAATCGGCATCACTAAGTACCATATGA
TCAATGGCATAAATATTTAACAATACACCAATAAGTCCAAGTGTTGATCGTGTTATTAAT
AAGGGTTGACTTGAAAGTCTGCCAAACATTGGCTGATGGTATTTATATATAAAAAATAAT
GGAATAAACATTGCTACTAAGTTTCGTGCTAATGATTTTTGAAAAACAGGAAGGTCACCT
GCAAGTCTGAAAAACACTGACATAAACTGAAACCAATAGCCGAAATTAANAATGGCAAT
GATACCTTTTACTTTAGGATTCAA

> **rnaIV**

Function: noncoding RNA regulatory RNA IV (core genome, variable)

Best match: rnaIV_CC008_NCTC8325_CP000253.1[726391:726620] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 6210 ... 6440; Length: 230 bp

Sequence:

```
TAATATAGTGTGGTGAACGAAAAAGACACAATATCTTGTGTTTTGTATGCAAATGCTT
TATTTATGAAGAAATTACATTTAAAAGTAATTTAACACAGAAATTTAATAGTTATTATCA
ATTAATAGTCATATTTTTAGAAAATGTACTGAGCAAATGGAAGATATCCAATGATGTAAA
CACTACATATAGTGATTTTTATACATTCAACCCATATAAGCTACTATTTT
```

> **nrdI**

Function: protein coding sequence; stimulator of ribonucleotide reduction

Best match: nrdI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[778501:778899] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 6600 ... 6999; Length: 399 bp

Sequence:

```
ATGAAAATAATATATTTTTTCATTTACTGGAAATGTCCGTCGTTTTATTAAGAGAACAGAAC
TTGAAAATACGCTTGAGATTACAGCAGAAAATTGTATGGAACCAGTTCATGAACCGTTTA
TTATCGTTACTGGCACTATTGGATTTGGAGAAGTACCAGAACCCGTTCAATCTTTTTTAGA
AGTTAATCATCAATACATCAGAGGTGTGGCAGCTAGCGGTAATCGAAATTGGGGACTAA
ATTTTCGAAAAGCGGGTTCGCACGATATCAGAAGAGTATAATGTCCCTTTATTAATGAAGT
TTGAGTTACATGGAAAAACAAAGACGTTATTGAATTTAAGAACAAGGTGGGTAATTTTA
ATGAAAACCATGGAAGAGAAAAAGTACAATCATATTGA
```

> **nrdE**

Function: protein coding sequence; ribonucleotide-diphosphate reductase alpha chain

Best match: nrdE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[778862:780967]

Position: 022-contig_262: 6961 ... 9067; Length: 2106 bp

Sequence:

```
ATGAAAACCATGGAAGAGAAAAAGTACAATCATATTGAATTAATAATGAGGTCACTAA
ACGAAGAGAAGATGGATTCTTTAGTTTAGAAAAAGACCAAGAAGCTTTAGTAGCTTATTT
AGAAGAAGTAAAAGACAAAACAATCTTCTTCGATACTGAAATCGAGCGTTTACGTTATTT
AGTAGACAACGATTTTTTATTTCAATGTGTTTGATATTTATAGTGAAGCGGATCTAATTGAA
ATCACTGATTATGCAAAATCAATCCCGTTTAATTTTGCAAGTTATATGTCAGCTAGTAAAT
TTTTCAAAGATTACGCTTTGAAAACAAATGATAAAAGTCAATACTTAGAAGACTATAATC
AACACGTTGCCATTGTTGCTTTATACCTAGCAAATGGTAATAAAGCACAAGCTAAACAAT
TTATTTCTGCTATGGTTGAACAAAGATATCAACCAGCGACACCAACATTTTTTAAACGCAG
GCCGTGCGCGTCGTGGTGAGCTAGTGTCAATGTTTCTTATTAGAAGTGGATGACAGCTTAA
ATTCAATTAACTTTATTGATTCAACTGCAAACAATTAAGTAAAATTGGGGGCGGCGTTG
CAATTAACTTATCTAAATTGCGTGCACGTGGTGAAGCAATTAAGGAATTAAGGCGTAG
CGAAAGGCGTTTTACCTATTGCTAAGTCACTGAAGGTGGCTTTAGCTATGCAGATCAAC
TTGGTCAACGCCCTGGTGTGCTGGTGTGTACTTAAATATCTTCCATTATGATGTAGAAGA
ATTTTTAGATACTAAAAAAGTAAATGCGGATGAAGATTTACGTTTATCTACAATATCAAC
TGGTTTAAATTGTTCCATCTAAATTCTTCGATTTAGCTAAAGAAGGTAAGGACTTTTATATG
TTTGCACCTCATACAGTTAAAGAAGAATATGGTGTGACATTAGACGATATCGATTTAGAA
AAATATTATGATGACATGGTTGCAAACCCAAATGTTGAGAAAAAGAAAAAGAATGCGCG
TGAAATGTTGAATTTAATTGCGCAAACACAATTACAATCAGGTTATCCATATTTAATGTTT
AAAGATAATGCTAACAGAGTGCATCCGAATTCAAACATTGGACAAATTAATGAGTAA
CTTATGTACGGAAATTTTCCAACACTACAAGAACTTCAATTATTAATGACTATGGTATTGAA
GACGAAATTAACGTGATATTTCTTGTAACCTGGGCTCATTAAATATTGTTAATGTAATGG
AAAGCGGAAAATTCAGAGATTCAGTTCCTGTTGATGGACGCATTAAGTGTGTGAGTG
ATGTAGCAAATATTCAAAATGCACCAGGAGTTAGAAAAGCTAACAGTGAATTACATTCA
GTTGGTCTTGGTGTGATGAATTTACACGGTTACCTAGCAAAAAATAAAATTGGTTATGAG
TCAGAAGAAGCAAAGATTTTGCAAATATCTTCTTTATGATGATGAATTTCTACTCAATCG
AACGTTCAATGGAAATCGCTAAAGAGCGTGGTATCAAATATCAAGACTTTGAAAAGTCTG
ATTATGCTAATGGCAAATATTTTCGAGTTCTATACAACCTCAAGAATTTGAACCTCAATTCGA
AAAAGTACGTGAATTATTCGATGGTATGGCTATTCCTACTTCTGAGGATTGGAAGAACT
```

ACAACAAGATGTTGAACAATATGGTTTATATCATGCATATAGATTAGCAATTGCTCCAAC
ACAAAGTATTTCTTATGTTCAAATGCAACAAGTTCTGTAATGCCAATCGTTGACCAAATT
GAACGTCGTACTIONTATGGTAATGCGGAAACATTTTACCCTATGCCATTCTTATCACCACAAA
CAATGTGGTACTACAAATCAGCATTCAATACTGATCAGATGAAATTAATCGATTTAATTG
CGACAATTCAAACGCATATTGACCAAGGTATCTCAACGATCCTTTATGTTAATTCTGAAAT
TTCTACACGTGAGTTAGCAAGATTATATGTATATGCGCACTATAAAGGATTAATAACTACT
TTACTATACTAGAAATAAATTATTAAGTGTAGAAGAATGTACAAGTTGTTCTATCTAA

> **nrdF**

Function: protein coding sequence; ribonucleotide-diphosphate reductase beta chain

Best match: nrdF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[781085:782056] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 9184 ... 10156; Length: 972 bp

Sequence:

ATGATAGCTGTTAATTGGAACACACAAGAAGATATGACGAATATGTTTTGGAGACAAAAT
ATATCTCAAATGTGGGTTGAAACAGAATTTAAAGTATCAAAGACATTGCAAGTTGGAAG
ACTTTATCTGAAGCTGAACAAGACACATTTAAAAAAGCATTAGCTGGTTAACAGGCTTA
GATACACATCAAGCAGATGATGGCATGCCTTTAGTTATGCTACATACGACTGACTTAAGG
AAAAAAGCAGTTTATTCATTTATGGCGATGATGGAGCAAATACACGCGAAAAGCTATTCA
CATATTTTCACAACACTATTACCATCTAGTGAAACAAACTACCTATTAGATGAATGGGTTT
TAGAGGAACCCCATTTAAAATATAAATCTGATAAAATTGTTGCTAATTATCACAACTTT
GGGGTAAAGAAGCTTCGATATACGACCAATATATGGCCAGAGTTACGAGTGTATTTTAG
AAACATTCTTATTCTTCTCAGGTTTCTATTATCCACTATATCTTGCTGGTCAAGGGAAAAT
GACGACATCAGGTGAAATCATTTCGTAAAATTCTTTTAGATGAATCTATTCATGGTGTATT
ACCGGTTTAGATGCACAGCATTACGAAATGAACTATCTGAAAGTGAGAAACAAAAAGC
AGATCAAGAAATGTATAAATTGCTAAATGACTTGTATTTAAATGAAGAGTCATACACAAA
AATGTTATACGATGATCTTGGAACTCACTGAAGATGTGCTAAACTATGTTAAATATAATGG
AAACAAAGCACTTTCAAACCTTAGGCTTTGAACCTATTTTGGAGAACGTGAATTTAACCC
AATCATTGAGAATGCCTTAGATACAACAATAAAACCATGACTTCTTCTCAGTAAAAGG
TGATGGTTATGTATTAGCATTAAACGTAGAAGCATTACAAGATGATGACTTTGTATTTGA
CAACAAATAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 9815 ... 9824; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **sstA**

Function: protein coding sequence; iron compound ABC transporter/permease protein (core genome, variable)

Best match: sstA_CC008_COL_CP000046.1[819637:820608] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 10530 ... 11502; Length: 972 bp

Sequence:

ATGAAGTATTTATTAAAGGGAAATATTTTGCTTCTATTACTAATATTGTTGACAATTATTT
CGTTGTTTCATAGGTGTGAGTGAACATCAATTAAGATTTACTACATTTAACTGAGTCACA
GCGGAATATTTTATTCTCAAGCCGAATACCAAGGACGATGAGTATTTTAATTGCTGGAAG
TTCGTTGGCTTTAGCAGGCTTGATAATGCAACAAATGATGCAAAAATAAGTTTGTAGTCC
GACTACAGCTGGAACGATGGAATGGGCTAACTAGGTATTTAATTGCTTTATTGTTCTTT
CCAACCGGTCATATTTTATTAAACTAGTATTTGCTGTTATTTGCAGTATTTGCGGTACGT
TTTTATTTGTTAAAATCATTGATTTTATAAAAGTGAAAGATGTCATTTTTGTACCGCTTTA
GGAATTATGATGGGTGGGATTGTTGCAAGTTTCACAACCTTCATCTCATTGCGCACGAAT
GCTGTTCAAAGCATTGGTAACTGGCTTAAACGGGAACCTTTGCCATTATCACAAAGTGGACGC
TATGAAATTTTATATTTAAGTATTCCTCTTTTAGCATTGACATATCTTTTTGCTAATCATT
CACGATTGTAGGAATGGGTAAAGACTTTACTAATAATTTAGGTTTGAGTTACGAAAAATT

AATTAACATCGCATTGTTTATTACTGCAACTATTACAGCATTGGTAGTGGTACTGTTGGA
ACATTACCGTTCTTAGGACTAGTAATACCAAATATTATTTCAATTTATCGAGGTGATCATT
TGAAAAATGCTATCCCTCATACGATGATGTTAGGTGCCATCTTTGTATTATTTTCTGATAT
AGTTGGCAGAATTGTTGTTTATCCATATGAAATAAATATTGGTTTAAACAATAGGTGTATTT
GGAACAATCATTTTCCTTATCTTGCTTATGAAAGGTAGGAAAAATTATGCGCAACAATAA

> **sstB**

Function: protein coding sequence; iron compound ABC transporter/permease (core genome, variable)

Best match: sstB_CC005_N315_BA000018.3[787998:788954] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 11488 ... 12445; Length: 957 bp

Sequence:

ATGCGCAACAATAATAAAAAATAATGCTTTTAATTGCAGTAACGTTATTAATTAGTATG
CTGTACTTATTTGTAGGTATTGATTTTGAAATATTTGAATATCAATTTTCAAGTCGTTTAA
GAAAGTTCATATTAATTATTTTAGTAGGTGCTGCCATTGCAACTTCAGTGGTGAATTTTCA
AGCGATTACAAATAACCGTCTATTGACACCATCAATAATGGGGTTAGATGCAGTTTATTT
ATTTATCAAAGTATTGCCAGTCTTTTTATTTGGAATTCAATCGGTATGGGTTACTAATGTA
TATTTGAACTTTATATTAACACTTATAACGATGGTGTATTTCGCACTAATCCTATTCCAAG
GTATCTTTAAAATTGGACATTTTTCAATTTATTTTATCTTACTTATTGGTGTCTTTTTAGGA
ACATTTTTTAGAAGCATAACAGGTTTTATTCAACTGATTATGGATCCTGAGTCATTTTTAG
CAATACAAAGTAGTATGTTTGCTAATTTAATGCTTCTAATTCGAATTTAGTTACTTTCTC
AGCAGTGCTATTAGTAATCTTATTAGTCATTACAATTTTACTATTGCCTTATTTAGATGTAT
TGCTTTTAGGTCGTGCTGAAGCAATTAATCTTGGGATATCGTATGAAAAATTAACGCGAA
TTCTACTTGTAATAGTCTCAGTTTTAGTTTCTGTGTCAACTGCATTAGTAGGACCAATTAC
ATTTTTAGGTTTATTAACTGTAAATCTAGCGCATGAACTAATGAAGACGTATGAACATAA
GTATATTTAATTGCGACAATTTGCTTGAGTTGGATTAGTTTATTTAGTGCGCAATGGGTA
GTTGAAAATGTGTTTGAAGCTACGACAGAAATGAGTATACTTATTGATTTGATTGGTGGA
AGTTATTTCATTTATCTATTAGTTAGAAGGAGAAATGCGCAATGA

> **sstC**

Function: protein coding sequence; ABC transporter ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: sstC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[784675:785436] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 12441 ... 13203; Length: 762 bp

Sequence:

ATGATTCAAGTTGAAAATTTAACTAAAACCTATAAATAATCAAATGATATTGGAAGATATT
AGCATAGATATCGAAAAAGGTAAATTGACTTCTTTAATTGGACCTAATGGTGCGGGTAAG
AGTACTTTACTTTACGCGATATGTAGGTTAATTCGTTTTGATAACGGTGAAGTGAANAATA
GATGGACAGCTCATGTCTGATTATAAAAATAATGACTTGTGCAAAAAAATATCTATATTA
AAACAAACAAACCATACTGAAATGAATATTACGGTAGAGCAGTTGGTAAACTTTGGACG
ATTCCCTTATTCTAAAGGTCGTTTGACGAAAGAGGATCATGATATTGTCAATGATGCGCT
AGATTTGTTGCAACTACAAGATATCAGAAATCGTAATATTAAGTCATTATCTGGTGGACA
ACGTCAGCGTGCATACATTGCAATGACAATAGCACAAGATACTGAATATATTTTGCTAGA
TGAACCATTAAATAATTTAGATATGAAGCATGCTGTTCAAATTATGCAAACGTTAAAAAT
GTTAGCGCATAAAATGAATAAAGCGATTGTCATTGTGTTACATGATATTAACCTTTGCGTCC
TGTTATTCAGATCAGATTGTAGCATTGAAAAACGGACAACCTAGTTAAGTCAGATTTGAAA
GATAATGTCATTCAAAGTAGTGTTTTAAGTGATTTATATGACATGAATATTCAAATTGAAC
ATATAAGAAATCAAAGGATTTGTTTATATTTAAGGATTGA

> **sstD**

Function: protein coding sequence; ferrichrome ABC transporter lipoprotein (core genome, variable)

Best match: sstD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[785555:786583] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 13321 ... 14350; Length: 1029 bp

Sequence:

ATGAAGAAAACAGTCTTATATTTAGTATTAGCAGTAATGTTTTTATTAGCGGCATGCGGT
AACAATTCTGATAAAGAACAATCAAAATCAGAACTAAAGGTTCTAAAGATACAGTAAA
AATTGAAAATAACTATAAAATGCGTGGCGAGAAAAAAGATGGTAGTGACGCTAAAAAAG

TTAAAGAACTGTTGAAGTACCAAAAAATCCTAAAAATGCAGTTGTGTTAGACTATGGCG
CATTAGATGTAATGAAAGAAATGGGCTTATCAGATAAAGTAAAAGCATTACCTAAAGGG
GAAGGCGGTAAGTCATTACCGAATTTCTTAGAATCATTTAAAGATGATAAATATACAAAC
GTTGGTAATTTAAAAGAAGTGAATTTTGATAAAATTGCTGCGACGAAACCCGAAGTAATC
TTTATCTCTGGACGTACAGCTAATCAAAAAGAATTTAGATGAATTCAAAAAAGCTGCACCT
AAAGCGAAAATTGTTTATGTTGGTGCAGATGAAAAGAAGCTTAATTGGTTCAATGAAACAA
AACACTGAAAATATCGGTAAAATTTACGATAAAGAAGATAAAGCTAAAGAATTAATAAA
AGATTTAGATAACAAAATTGCTTCAATGAAAGATAAAAACGAAAAACTTCAATAAACTG
TTATGTATTTACTAGTTAACGAAGGTGAATTATCAACATTTGGACCTAAAGGTCGTTTTGG
TGGATTAGTTTACGATACATTAGGATTCAATGCAGTTGATAAAAAAGTAAGTAATAGCAA
TCATGGACAAAATGTTTCTAACGAATATGTTAATAAAGAAAATCCAGATGTTATTTTACG
GATGGATAGAGGTCAAGCGATAAGTGGTAAATCAACTGCGAAACAAGCATTAAATAATC
CTGTATTA AAAAATGTTAAAGCAATTAAGAAGACAAAGTATATAATTTAGATCCTAAAT
TATGGTACTTTGCAGCTGGATCAACTACAATTAACAAATTGAGGAACTTGATA
AAGTTGTA AAAATAA

> **murB**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylenolpyruvylglucosamine reductase (core genome, constant)

Best match: murB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[787232:788155:r]RC (completely identical)

Position: 022-contig_262: 14998 ... 15922; Length: 924 bp

Sequence:

TTACGATTCCTTTGGATGTTACCAATAATGCGAACTTCACGATTTAATTC AATGCCAAAT
TTTTCTTTGACGGTCTTTTGTACATAATGAATAAGGTTTTTCATAATCTGTAGCAGTTCCATT
GTCTACATTTACCATAAAACCAGCGTGTTTAGTTGAACTTCAACGCCGCAATACGGTG
ACCTTGCAAATTAGAATCTTGTATCAATTTACCTGCAAATGACCAGGCGGTCTTTGGAA
TACACTACCACATGAAGGATACTCTAAAGGTTGTTTAGATTCTCTACGTTCTGTAAATCA
TCCATTTTAGCTTGTATTTACAGTCATTTTACCAGGAGCTAAAGTAAATGCAGCTTCTAATA
CAACTAAGTGTTCTTTTTGAATAATGCTATTACGATAATCTAACTCTAATTCTTTTGTGTA
AGTTTAATTAACGAGCCTTGTTTCGTTTACGCAAAGCGCATAGTCTATAACAATCTTTAACTT
CGCCACCATAAGCGCCAGCATTATATACACTGCACCACCGATTGAACCTGGAATACCAC
ATGCAAATTC AAGGCCAGTAAGTGCGTAATCACGAGCAACACGTGAGACATCAATAATT
GCAGCGCCGCTACCGGCTATTATCGCATCATCAGATACTTCGATATGATCTAGTGATAAT
AACTAATTACAATGCCACGAATACCACCTTCACGGATAATAATATTTGAGCCATTTCT
AAATATGTAACAGGAATCTCATTTTGTAGGCATATTTAACA ACTGCTTGTACTTCTTCAT
TTTTAGTAGGGGTAATATAAAAGTCGGCATTACCACCTGTTTTAGTATAAGTGTATCGTTT
TAAAGGTTCACTAACTTTAATTTTTTTCATTTGGGATAAGTTGTTGTAAGCTTGATAGATG
TCTTTATTTATCAC

> **pepT**

Function: protein coding sequence; peptidase T (core genome, variable)

Best match: pepT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[792003:793229:r]RC

Position: 022-contig_262: 19774 ... 21001; Length: 1227 bp

Sequence:

TTAGTGATTTTCAGCGATATCTTCTACAATCCAATGATTACTTGTACTGCTTTTTCCATAA
CATCAATGGATGCATATTCATATGGGCCGTGGAAGTTACCGCAACCTGTAAAGATGTTTG
GAGTTGGTAACCCATAAATGACAATTGTGAACCATCTGTACCACCACGAATAGGTTTCAG
TGTTTGCTGGAATATCTAATTTGGCAAAGACACGTTTAGGTATATCAATAATATGAGGCA
ATGGTAATATTTTTCTGCCATATTGAAATATTGATCCGATATATCAACTTTAACTGGATA
ATTTTCAAATGGGAATTGATATCGTCACGATTTCTAAAATACGTTTCTTACGCAATTTCG
AATTGTTTTTATCATGATCACGAATAATGTATTGCAAAGTTGCTTTTTTCAACAGTTCCTTC
AAAGTTCATTAAGTGATAAAAGCCTTCGTATCCTTCTGTTTCGCTCCGGA ACTTCACTATCA
GGTAGCAA ACTATCGAATTGTTACCTAAACGTATTGCGTTTACCATTGCATTTTTAGCTG
AACCAGGATGAACATTTACACCGTGGCATGTAATAACCGCTTCAGCAGCGTTAAAGCTTT
CATATTGTAATTCTCCATATTGACTACCATCCATAGTATAAGCAAATCAGCATTGAAGC

GGTCAACATCAAATTTATGTGGACCACGACCGATTTCTTCGTCTGGTGTAAATCCAATGC
GAATGGTACCATGTTTAATTTCTGGATGTTCTTGTAATAACAAATAGCTTCCATAATTTCC
CACAATACCCGCTTTATCGTCTGCACCTAGTAACGATGTACCATCAGTTACCATTAATGTG
TGACCAACTAACTGTTAAGTTCTGGAAATACTTTAGGATCTAAGACACGTTTAGTATTG
CCTAGTTTGTATGGCTTACCATCATAGTTTTCAATAATTTGCGGTTTAACATTTGAAGCAT
TGAAATCAGGTGATGTATCAACATGCGCCAAAAATCCAACCTGTTGGGACGTCGACATCGA
TGTTACTTTCTAATGTAGCAAATAAGTAGCCATTTTCATCTAAATCAGTTGGCAATCCTAA
TTGTTGTAATTTCTTTTCTAATAAATGTAACAAATCCCATTGCTTTTCAGTTGAAGGTGTTG
TTGTAGATTTTGGATCAGATTGCGTATCAATTGTCGTATATCTTGTTAATCTATCTATCAAT
TGGTTCTTCAT

> **gdpS**

Function: protein coding sequence; membrane bound diguanylate cyclase GGDEF domain-containing protein (core genome, constant)

Best match: *gdpS*_CC001-ST772_118_AJGE0100051.1[74411:75481:r]RC (completely identical)

Position: 022-contig_262: 22483 ... 23554; Length: 1071 bp

Sequence:

TTATAAATTGATAATAGGGTTAAACATTACTTTGTTTCGCCCTTGATTTTTGGCTACATGC
ACCATATCGTCTGCATCTTTAAACACTTTACGCTGTGATTTTGGATCGTCATCTGTAAAT
AACCAACACCGATAGACACTGACAATTTAATAACTTCTTTGTTTGGTAAATGGAATGATG
ATTTTTCAACACCCGAACGAATATTTTCAGCCAATTTAACACTTTGATCAAGTGAATAATT
GTGAATGACAACCTGAGAACTCTTCGCCACCATTCTAAAAATTTTAAATTGATTCGGCAC
ATAGTTTTTAAGTAATTGAGACATTTGTTTTAATACAGCATCACCTGATTTGTGTGAGTAG
GTATCATTGACATCTTTAAATCCATCGATATCGATTAATAATAATGCGATACTTTGATGTT
CTTTTTCAGCTTTTCGTGAAATTTCAATTTAAATGTCTATCAAATTTCTTTACATTACCTAAG
CCTGTTAAGTAATCATATTTATCTTCGTTTTTCATAACGATTTACGAGTGAGAAGAAATGCC
AAATATCGACAAATGTTATCGCTGAAGCTAAAGTGATAATTAATGAAATTGGTATTAATA
TGATAACTTCCGATAGTGTGTAATAAGGACTCACTAACGCGACACCAAATAAAATGATTA
TTGTAACAACATTAAGTATTAATAATGATAGCACATCATTTTGTTTTAAAAATGGTCCAAT
AGCACTTGTTACTGCAGCAATAACAATCAACGTAACACCGTACATAATCGAGTTGTAAAA
TACTACAATTTCAACAATTGCTACAATTACTGTGGCAGATAATGTATAGACCATATTTGTA
AATCTACCTAAAAACAATAAAGGAACGAATGTTAAGTGAATTAATAAATCTTCACGATAA
GGATAGGGTAGACAGATAATAATAATGATACGATTGTCATTAACAGTGACATAAAGC
CTTAGAAAAAACCATACGTTTTGTTTTCTGAATACTGTAAGCGATGGAATAAATAGATTCC
AGCGACTATAACAGATATATTGTATATAAATGCTTCGAACAT

> **tarO**

Function: protein coding sequence; N-acetylglucosamine-1-phosphate transferase (core genome, variable)

Best match: *tarO*_CC008_NCTC8325_CP000253.1[744387:745442] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 23871 ... 24927; Length: 1056 bp

Sequence:

ATGGTTACATTACTAGTTGCAGTAACAATGATTGTCAGTTTGACGATAACACCAATTG
TTATTGCAATATCGAAAAGATTAATTTAGTTGATAAACCAAATTTTAGAAAAGTACACA
CTAAACCTATTTAGTTATGGGTGGTACAGTGATTCTTTTTCATTTTTAATAGGTATTTGG
ATTGGTCATCCTATTGAAACAGAAATCAAACCACTTATTATTGGTGCATTATTATGTACG
TACTTGGGCTTGTAGATGATATCTACGATTTGAAACCGTATATAAAATTTGGCTGGTCAA
TTGCCGCTGCCTTAGTAGTTGCTTTTTATGGTGTGACTATTGATTTTATTTGTTGCCAATG
GGTACAACGATTCATTTTGGATTTCTTAGTATTCCAATTACTGTGATTTGGATTGTTGCTAT
TACAAATGCAATTAACCTAATTGATGGACTCGATGGTTTGGCGTCGGGTGTTTCTGCAATC
GGACTCATTACAATAGGGTTCATTGCAATTTTACAAGCTAATATTTTCATAACGATGATTT
GTTGTGTTTTATTAGGCTCTTTAATTGGGTTTTTATTTTACAATTTCCATCCTGCCAAAATA
TTTTTAGGTGATAGTGGGGCTTTAATGATTGGATTTATCATCGGATTCCTTTCTTTACTCGG
ATTCAAAAATATTACAATTATTGCATTGTTCTTCCCAATTGTTATCTTAGCAGTTCCATTCA
TTGATACTTTGTTTCGAATGATTCGACGTGTGAAAAAAGGGCAGCATATAATGCAAGCTG

ATAAATCGCATTTCATCATAAACTATTAGCTTTAGGCTACACACATAGACAAACAGTAT
TATTAATCTATTCAATCTCTATTTTATTTAGTCTTTTCGAGCATTATTTTGTATGTATCGCCA
CCATTAGGTGTTGTATTAATGTTTGTATTAATCATATTTAGTATTGAATTAATTGTTGAATT
TACAGGATTAATAGATAACAACACTACCGACCAATATTAATTTAATTAGTCGTAAGTCATC
TCATAAAGAGGAATAG

> **comFA**

Function: protein coding sequence; type II DNA/RNA helicase (core genome, constant)

Best match: comFA_CC008_A5948_ACKD01000058.1[123307:124389]

Position: 022-contig_262: 27111 ... 28194; Length: 1083 bp

Sequence:

ATGGATAATGTAACAAGATATAAAAATAACAGAGAGTTTCGCAAAGTTCATCACAAGCATA
TTATCATCTCTCATTTGAATTGTCGGAACAGCAGTCTTATGCCTCAGAACATATTGTTTCGA
GCCATTAGAAAGAGACAAACGATTTTGTATATGCCGTAACAGGTGCAGGTAAGACAGA
AATGATGTTTCAAGGCATTCAATATGCAAGAATACAGGGAGATAATATAGCTATTGTGTC
ACCACGTGTAGATGTTGTTGTAGAAATTAGTAAACGTATTAAGACGCATTTCTTAATGA
AGATATAGACATACTACACCAGCAATCAAGACAACAATTTGAAGGGCATTTTGTGTTGATG
CACAGTGCATCAACTTTACCGATTCAAACAGCACTTTGATACTATTTTATTGATGAAGTC
GATGCCTTTCCTTATCAATGGATAAAAATCTACAACAAGCATTGAAGTCATCTTCTAAA
GTTGAACATGCAACAATTTATATGACAGCAACACCACCGAAACAATCTCTGTCAGAGATT
CCCCACGAAAATATAATTAATTGCCAGCTCGCTTTCATAAAAAATCACTTCCAGTTCCTA
AATATCGTTATTTCAAACCTTAATAATAAGAAGATTCAGAAAATGTTATACCGAATTTTAC
AAGATCAAATTAATAATCAACGTTATACACTGGTGTTTTTTAACAATATAGAAACAATGA
TTAAAACATTTTCGGTTTATAAGCAGAAAATTACTAAATTAACATACGTCCATAGCGAGG
ATGTTTTTCGCTTTGAAAAAGTTGAACAATTAAGGAATGGACATTTTCGATGTCATTTTTAC
TACGACAATATTAGAACGTGGATTTACAATGGCAAATTTGGATGTTGTTGTTATCGATGC
ACATCAATATACTCAAGAGGCTTTAATACAAATTTGCTGGACGTGTTGGACGAAAATTAGA
ATGTCCTACTGGAAAAGTATTGTTTTTCATGAAGGGGTAAGTATGAATATGATTCAAGC
TAAAAAAGAGATTCAAAGGATGAACAAATTAGCATTAAAAAAGAGGTTGGATTGATGAAT
AA

> **comFC**

Function: protein coding sequence; type II DNA/RNA helicase (core genome, constant)

Best match: comFC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[800414:801091] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 28183 ... 28861; Length: 678 bp

Sequence:

TTGATGAATAATTGTTTGAGTTGTGGTGCTAAGTTATATGAAAATATAACCATTTATAATT
TGTTCAAGAAACCTAATAGATTATGTGACAGATGCAAAGAGAATTGGGACAATATTTAAA
CTTGATATTAAGCAAGGCGATGTTCAAGGTGCTTAAACACTTAAATCAAGATGAAGCG
TATTGTTTACTGCAAGTTTCTATCGGCACACTTTAATTTAATGGAACAATTATATTGTC
AATTTCAATATGACGGTTTAAATGAAAGAGATGATACATCAGTATAAATTTTTGAAAGACT
ATTATTTATGTGAATTATTGGCACATTTGATTGAAATACCACAAACATCTTATGACTATAT
TGTGCCAATTCCTTCTTCGCCGGCACATGATTTATCTAGAACATTTAACCCGGTAGAAGCA
GACTAAAAGCTAAAGGGATTTCGCTTTGATAAGATTTTAAAGATGTCAAATAGACCAAAA
CAGTCTCATTTAACTAAGAAAGAGCGTCTGGCAGATGAAAATCCATTTATTATTGATACG
GAATTAGATTTAAATGGCAAGGAAATATTACTCGTTGACGATATTTATACAACCTGGATTA
ACAATTCATCGTGCAGGGTGTAATTATATGCTAAAAATATCAGAAAATTCAAAGTGTTT
GCGTTTGCACGATAG

> **yfiA**

Function: protein coding sequence; sigma-54 modulation protein (core genome, constant)

Best match: yfiA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[801152:801724] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 28921 ... 29494; Length: 573 bp

Sequence:

ATGATTAGATTTGAAATTCATGGAGATAACCTCACTATCACAGATGCTATTCGCAACTAT
ATTGAGGAAAAAATTGGTAAGTTGGAACGTTATTTTAATGACGTACCAAATGCAGTGGCG
CATGTTAAAGTTAAAACCTTATTCAAATTCAGCTACTAAAATTGAAGTAACAATTCATTG
AAAAATGTTACGTTAAGAGCTGAAGAGCGAAACGATGATTTATACGCAGGTATTGATTTA
ATTAATAATAAACTTGAAAGACAAGTTCGAAAATATAAAACACGTATTAATCGTAAGAG
CCGTGATCGAGGAGATCAAGAAGTGTTTGTGCCGAATTACAAGAAATGCAAGAAACAC
AAGTTGATAATGACGCTTACGATGATAACGAGATAGAAATTATTCGTTCAAAAAGAATTCA
GCTAAAACCAATGGATTGAGAAGAAGCGGTATTACAAATGAATCTATTAGGTCATGACT
TCTTTGTATTCACAGACAGAGAACTGATGGAACAAGTATCGTTTACCGCCGTAAGACG
GTAAATATGGCTTGATTCAAACACTAGTGAACAATAA

> **secA1**

Function: protein coding sequence; preprotein translocase subunit secA1 (core genome, variable)

Best match: secA1_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[81835:84366] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 29907 ... 32439; Length: 2532 bp

Sequence:

ATGGGATTTTTATCAAAAATTCCTTGATGGCAATAATAAAGAAATTAACAGTTAGGTAAA
CTTGCTGATAAAGTAATCGCTTTAGAAGAAAAAACGGCAATTTTAACTGATGAAGAAATT
CGTAATAAAACGAAACAATTCCAAACAGAATTAGCTGACATTGATAATGTCAAAAAGCA
AAATGATTATTTAGATAAAAATTTTACCAGAAGCATATGCACTTGTTAGAGAAGGCTCTAA
ACGTGTATTCAATATGACACCATATAAAGTTCAAATTATGGGTGGTATTGCAATTCATAA
AGGTGATATCGCTGAGATGAGAACAGGTGAAGGTAAAACATTAACAGCGACAATGCCAA
CATACTTAAATGCATTAGCTGGTAGAGGTGTTACGTTATTACAGTCAATGAATACTTATC
AAGTGTTCAAAGTGAAGAAATGGCTGAGTTATATAACTTCTTAGGTTTGACTGTCGGATT
AACTTAAACAGTAAGACGACAGAAGAAAAACGTGAAGCATACGCACAAGACATTACTT
ACAGTACTAATAATGAGCTAGGTTTTGATTACTTACGAGATAACATGGTGAATTATTCTG
AAGATAGAGTAATGCGTCCATTACATTTTGAATCATTGATGAGGTTGACTCAATTTTAAT
CGACGAGGCACGTACGCCATTAATTATTTCTGGTGAAGCTGAAAAGTCAACATCACTTTA
TACACAAGCAAATGTTTTTGCGAAAATGTTAAAACAGGACGAAGATTATAAATACGATG
AAAAACGAAAGCCGTACATTTAACAGAACAAGGTGCGGATAAAGCTGAACGTATGTTT
AAAGTTGAAAACCTTATATGATGTACAAAATGTTGATGTTATTAGTCATATCAACACAGCT
TTACGTGCGCACGTTACATTACAACGTGACGTAGACTATATGGTTGTTGATGGCGAAGTA
CTAATTGTCGATCAATTTACAGGACGTACAATGCCAGGCCGTCGTTTCTCAGAAGGTTTA
CACCAAGCTATTGAAGCGAAGGAAGGCGTTCAAATTCAAAATGAATCTAAAACCTATGGC
GTCTATTACATTCCAAAACCTATTTTCAAGATGTACAATAAACTTGCGGGTATGACAGGTAC
AGCTAAAACCTGAAGAAGAAGAATTTAGAAATATTTATAACATGACAGTAACTCAAATTC
GACAAATAAACCTGTGCAACGTAACGATAAGTCTGATTTAATTTACATTAGCCAAAAAGG
TAAATTTGATGCAGTAGTAGAAGATGTTGTTGAAAAACACAAGGCAGGGCAACCAGTGC
TATTAGGTACTGTTGCAGTTGAGACTTCTGAATATATTTCAAATTTACTTAAAAACGTGG
TATCCGTCATGATGTGTTAAATGCGAAAAATCATGAACGTGAAGCTGAAATTGTTGCAGG
CGCTGGACAAAAAGGTGCCGTTACTATTGCCACTAACATGGCTGGTCGTGGTACAGATAT
CAAATTAGGTGAAGGCGTAGAGGAATTAGGCGGTTTAGCAGTAATAGGTACAGAACGCAC
ATGAATCTCGTCGTATTGATGACCAGTTACGTGGTCGTTCTGGACGTCAAGGTGATAAAG
GGGATAGTCGCTTCTATTTATCATTACAAGATGAATTAATGATTCGTTTTGGTTCTGAACG
TTTACAGAAAATGATGAGCCGACTAGGTTTAGATGACTCTACCAATTGAATCAAAAAT
GGTATCAAGAGCTGTAGAATCAGCACAAAACGTGTAGAAGGTAATAACTTCGACGCGC
GTAAACGTATCTTAGAATACGATGAAGTATTACGTAAACAACGTGAAATTATCTATAACG
AAAGAAATAGTATTATTGATGAAGAAGACAGCTCTCAAGTTGTAGATGCAATGCTACGTT
CAACGTTACAACGTAGTATCAATTACTATATTAATACAGCAGATGACGAGCCTGAATATC
AACCATTATCGACTACATTAATGACATCTTCTTACAAGAAGGTGACATTACAGAGGATG
ATATCAAAGGTAAGATGCTGAAGATATTTTCGAAGTCGTTTGGGCTAAGATTGAAGCAG
CATATCAAAGTCAAAAAGATATCTTAGAAGAACAATGAATGAGTTTGAGCGTATGATTT
TACTTCGTTCTATTGATAGCCATTGGACTGATCATATCGACACAATGGATCAATTACGTCA
AGGTATCACTTACGTTCTTATGCACAACAAAATCCATTACGTGACTATCAAAAATGAAGG
TCATGAATTTTGTATATCATGATGCAAAAATATTGAAGAAGATACTTGTAATTCATTTTA
AAATCTGTAGTACAAGTTGAAGATAATATTGAACGTGAAAAACAACAGAGTTTGGTGA

AGCGAAGCACGTTTCAGCTGAAGATGGTAAAGAAAAAGTGAAACCGAAACCAATCGTTA
AAGGCGATCAAGTTGGTCGTAACGATGATTGTCCATGTGGTAGTGGTAAAAAATTCAAAA
ATTGCCATGGAAAATAA

> **prfB**

Function: protein coding sequence; peptide chain release factor 2/programmed frameshift (core genome, constant)

Best match: prfB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[804984:806094]

Position: 022-contig_262: 32753 ... 33864; Length: 1111 bp

Sequence:

ATGGAATTATCAGAAATCAAACGAAATATAGATAAGTATAATCAAGATTTAACACAAATT
AGGGGGTCTCTTTGACTTAGAGAACAAGAACTAATATTCAAGAATATGAAGAAATGA
TGGCAGAACCTAATTTTTGGGATAACCAAACGAAAGCGCAAGATATTATAGATAAAAAT
AATGCGTTAAAAGCAATAGTTAATGGTTATAAAACACTACAAGCAGAAGTAGATGACAT
GGATGCTACTTGGGATTTATTACAAGAAGAATTTGATGAAGAAATGAAAGAAGACTTAG
AGCAAGAGGTCATTAATTTAAGGCTAAAGTGGATGAATACGAATTGCAATTATTATTAG
ATGGGCCTCACGATGCCAATAACGCAATTCTAGAGTTACATCCTGGTGCAGGTGGCACGG
AGTCTCAAGATTGGGCTAATATGCTATTTAGAATGTATCAACGTTATTGTGAGAAGAAAG
GCTTTAAAGTTGAAACTGTTGATTATCTACCTGGGGATGAAGCAGGGATTAAGGTGTAA
CATTGCTCATCAAAGGGCATAATGCTTATGGTTATTTAAAAGCTGAAAAAGGTGTACACC
GACTAGTACGAATTTCTCCATTTGATTCATCAGGACGTCGTCATACATCATTTGCATCATG
TGACGTGATTCCAGATTTTAATAATGATGAAATAGAGATTGAAATCAATCCGGATGATAT
TACAGTTGATACATTTAGAGCTTCTGGTGCAGGTGGTCAGCATATTAACAAAACCTGAATC
AGCAATACGAATTACCCACCACCCTCAGGTATAGTTGTTAATAACCAAAATGAACGTTTC
TCAAATTAACCAACCGTGAAGCAGCTATGAAAATGTTAAAGTCTAAATTATATCAATTA
ATTGGAAGAGCAGGCACGTGAAATGGCTGAAATTCGTGGCGAACAAAAAGAAATTGGCT
GGGGAAGCCAAATTAGATCATATGTTTTCCATCCATACTCAATGGTGAAAGATCATCGTA
CGAACGAAGAAACAGGTAAGGTTGATGCAGTGATGGATGGAGACATTGGACCATTTATC
GAATCATATTTAAGACAGACAATGTTCGCACGATTA

> **lysM**

Function: protein coding sequence; LysM domain protein (core genome, constant)

Best match: lysM_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[86200:87039] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 34272 ... 35112; Length: 840 bp

Sequence:

ATGAAAAAATCTCTTACAGTGACGGTTTCGTCAGTGTTAGCTTTTTTTAGCTTTAAATAATG
CAGCACATGCACAACAACATGGCACACAAGTAAAAACACCTGTTCAACATAATTATGTAT
CAAATGTTCAAGCACAAACGCAATCACCGACAACCTTATACAGTAGTTGCTGGCGATTTCAT
TATATAAGATTGCTTTAGAGCATCACTTAACGTTGAATCAATTATATTCATACAATCCTGG
TGTAACACCTTTAATTTTTCTGGTGACGTGATTTCACTTGTGCCTCAAAAATAAAGTGAAA
CAAATAAAGCGGTTAAATCACCAGTAAGAAAAGCAAGCCAAGCTAAAAAGGTAGTAAA
ACAACCTGTACAACAAGCATCTAAAAAAGTAGTAGTTAAGCAAGCACCTAAGCAAGCAG
TAACTAAGACAGTTAATGTAGCATACAACCTGCTCAAGTACAAAAATCAGTACCAACTG
TACCTGTTGCACATAACTACAATAAATCAGTTGCTAACAGAGGAACTTATATGCTTATG
GAACTGCACATATTATGCTTTTCGATCGTCGTCGACAAATTAGGTAGAAGTATAGGAAGTT
TATGGGGCAATGCAAATAACTGGAATTACGCAGCAAAAGTTGCAGGATTTAAAGTAGAT
AAAACACCAGAAGTTGGCGCTATTTTCAAACAGCTGCTGGCCCATATGGACATGTTGGT
GTTGTTGAATCTGTAAACCCTAATGGAACAATTACTGTTTCTGAAATGAACTATGCTGGAT
TTAATGTAAATCTTCAAGAACAATTTTAAATCCAGGAAAATATAATTACATCCACTAA

> **uvrB**

Function: protein coding sequence; ultraviolet response system protein B (core genome, constant)

Best match: uvrB_CC008_Newman_AP009351.1[814429:816420]

Position: 022-contig_262: 36431 ... 38423; Length: 1992 bp

Sequence:

GTGACAATGGTTGAACATTATCCTTTTAAAATACATTCTGATTTTGAGCCTCAAGGTGACC
AACCGCAAGCAATTAAGAAATCGTGGAAGGTATTAAGCGGGGAAAAGACATCAAAC
TTATTAGGTGCTACTGGCACAGGGAAAACATTTACGATGAGTAATGTTATTAAGAAGTT
GGGAAACCAACGTTAATTATCGCGCATAACAAAACATTAGCAGGACAATTATATAGTGA
GTTTAAAGAATTTTTTCTGAAAACAGGGTGAATACTTTGTAAGTACTATGATTATTAT
CAACCAGAGGCATACGTACCGTCTACTGACACTTTTATTGAAAAAGATGCCTCAATCAAT
GATGAAATTGATCAACTACGACATTCTGCTACAAGTGCATTATTTGAACGCGATGATGTA
ATTATTATTGCTAGTGTAAAGTTGTATATATGGTTTAGGTAATCCTGAAGAATATAAAGATT
TAGTAGTAAGTGTTCGAGTTGGTATGGAAATGGATAGAAGTGAATTACTTAGAAAACCTG
TAGATGTGCAATATACACGAAATGACATCGATTTCCAACGAGGAACGTTTCGAGTGCGTG
GTGATGTAGTGGAAATATCCAGCCTCTAAAGAAGAAGTTTGTATAAGGGTTGAGTTTT
TCGGCGATGAGATTGACCGTATCCGAGAAGTTAACTACCTAACAGGTGAAGTGTGAAAG
AAAGAGAACATTTTGCATATCCAGCTTCTCACTTCGTAACACGTGAAGAAAAGTTGA
AAGTTGCGATTGAACGTATTGAAAAAGAATTGGAAGAACGATTGAAAGAATTACGAGAT
GAGAATAAATTACTAGAAGCGCAAAGGTTAGAACAGCGTACCAACTATGATTTAGAAAT
GATGCGAGAGATGGGATTCTGTTTCAAGGAAATTGAAAACCTATCCGTACATTTAACTTTGCG
ACCACTGGGTTTCGACACCATATACTTTATTGGATTACTTTGGCGATGATTGGTTAGTAATG
ATTGATGAATCACATGTGACATTACCGCAAGTTTCGAGGCATGTATAACGGGAGACAGAGC
GCGTAAACAAGTTTTGGTGGATCATGGGTTTAGATTACCGAGTGCATTAGATAACCGTCC
ACTTAAATTTGAAGAATTTGAAGAAAAGACAAAACAACCTGTGTATGTATCTGCAACGCC
TGGACCATACGAAATTGAACATACGGATAAGATGGTTGAACAAATTATTCGTCCTACTGG
TTTACTGGATCCTAAGATTGAGGTTAGACCTACTGAAAATCAAATTGACGATTTATTAAG
TGAAATTCAAACAAGAGTTGAGCGTAATGAACGCGTACTTGTTACAACGCTCACTAAAAA
GATGAGTGAAGATTTAACCACATACATGAAAGAAGCGGGTATTAAGTTAATTATCTGCA
TTCAGAAATCAAGACATTAGAACGAATCGAAATAATTAGAGACTTACGAATGGGTACAT
ATGATGTTATCGTAGGTATTAATTTATTAAGAGAGGGTATTGATATAACCAGAAGTTTCTCT
AGTTGTCATATTAGATGCAGATAAAGAAGGGTTTTTACGTTCTAACCGCTCATTAAATCAA
ACAATAGGTAGAGCTGCGCGTAACGATAAAGGTGAAGTCATTATGTATGCCGATAAAAT
GACTGATTCGATGAAGTATGCAATTGATGAGACACAACGTCGTCGAGAAATACAGATGA
AACATAATGAAAAACATGGTATTACACCTAAAACAATTAATAAAAAAATACATGATTTA
ATTAGTGCTACTGTTGAAAATGACGAAAATAATGACAAAGCACAACTGTGATACCTAA
GAAGATGACGAAAAAAGAACGTCAAAGACAATCGACAATATAGAAAAAGAAATGAAA
CAAGCAGCGAAAGATTTAGATTTTCGAGAAAGCTACAGAATTAAGAGATATGTTATTTGAA
TTAAAAGCAGAAGGGTGA

> **uvrA**

Function: protein coding sequence; ultraviolet response system protein A (core genome, constant)

Best match: *uvrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[810661:813507]

Position: 022-contig_262: 38430 ... 41277; Length: 2847 bp

Sequence:

ATGAAAGAACCATCCATAGTAGTAAAAGGTGCTCGTGCGCATAACTTGAAAGATATTGAT
ATCGAACTACCTAAAATAAATTAATTGTTATGACAGGTTTATCTGGGTCAGGTAATCG
TCATTAGCATTTCGATACTATATATGCTGAAGGACAACGACGTTATGTTGAATCATTAAAGT
GCCTATGCGCGTCAATTTTTAGGCCAAATGGACAAACCAGATGTTGATACAATTGAAGGA
TTATCGCCAGCAATTTCAATAGATCAAAAAACAACAAGTAAAAATCCAAGATCAACTGTA
GCAACAGTAACAGAAATATATGATTATATACGTTTGTATATGCACGTGTTGGTAAACCT
TACTGTCCAAATCACAATATAGAAATTGAATCGCAAACAGTACAACAAATGGTTGACCGC
ATTATGGAATTAGAGGCACGTACAAAGATTCAATTATTAGCACCTGTATCGCTCATCGT
AAAGGTAGTCATGAAAAGCTAATCGAAGATATTGGTAAAAAAGGTTATGTACGTTTAAAG
AATCGATGGCGAAATTGTTGATGTAAATGATGTACCTACTTTAGATAAGAACAAGAATCA
TACAATAGAAGTTGTTGTAGACCGATTAGTTGTTAAAGATGGAATTGAAACACGACTAGC
TGACTCTATAGAACTGCGTTAGAGCTTTTCAGAAGGACAATTAACAGTTGATGTCATTGA
CGGGGAAGACCTTAAGTTTTAGAAAGCCATGCTTGTCTATATGTGGATTTTCAATCGG
AGAGTTAGAACCAAGAATGTTTAGCTTTAACAGTCCTTTTGGTGCTTGTCCGACATGTGAT
GGCTTAGGCCAAAAGTTAACAGTCGATGTAGACTTGGTTGTTCCCGACAAAGATAAGACG
CTAAACGAAGGTGCAATAGAACCTTGGATACCGACGAGTTCTGATTTTTATCCAACATTG

TTAAAACGTGTTTGTGAAGTTTATAAAAATCAATATGGATAAACCTTTTAAAAAGTTAACA
GAACGTCAACGTGATATATTATTGTATGGTTCGGGTGACAAAGAAATTGAATTTACATTT
ACACAACGTCAAGGTGGTACTAGAAAACGAACAATGGTTTTTCGAGGGTGTAGTTCCTAAT
ATAAGTAGACGATTCATGAATCTCCTCAGAATATACACGTGAAATGATGAGTAAATAT
ATGACCGAACTACCTTGTGAACTTGTGCATGGAAAGCGATTGAGTCGTGAAGCTTTATCT
GTTTATGTAGGTGGTTTAAATATTGGTGAAGTAGTCGAATACTCAATCAGTCAAGCGCTG
AACTATTATAAAAAACATTGATTTGTGAGAACAAGATCAAGCGATTGCAAATCAAATATTG
AAAGAAATTATTTCCCGACTCACTTTTTTAAATAATGTGGGACTTGAATATTTAACGCTAA
ACAGAGCTTCAGGTACACTTTTCAGGTGGTGAAGCACAAACGTATTCGATTGGCAACGCAA
TTGGGTCGCGTTTACTGGTGTCTTATATGTATTAGATGAGCCATCAATTGGACTGCATCA
AAGAGATAATGATCGATTAATTAATACTTAAAGAAATGAGAGATTTAGGAAATACTTT
AATTGTAGTTGAACACGATGATGATACAATGCGTGC GGCTGATTACTTAGTGGACATAGG
GCCTGGTGTGTTGAACATGGAGGGCAGATTGTGTCTAGTGGGACACCTCAAAGGTAAT
GAAAGATAAAAAATCATTAAACAGGACAATACTTGAGTGGTAAGAAACGTATTGAAGTAC
CTGAATATCGCAGACCGGCTTCAGATCGTAAAATTTCTATACGTGGAGCTAGAAGCAACA
ATCTTAAAGGGGTTGATGTGGACATAACCTATCAATCATGACGGTTGTTACAGGTGTAT
CAGGTTCTGGTAAAAGCTCATTAGTAAATGAAGTATTATACAAATCATTAGCTCAAAAA
TTAATAAATCTAAAGTAAAGCCAGGATTGTACGATAAGATTGAAGGTATTGATCAACTTG
ATAAAATTATTGATATTGATCAATCACCGATAGGTAGAACGCCACGCTCTAATCCAGCAA
CATATACTGGTGTGTTTGTATGATATACGTGATGTGTTTTCGCAAACAAATGAAGCTAAAA
TTCGAGGATATCAAAAAGGGCGTTTTAGTTTTAATGTAAAAGGTGGACGCTGTGAAGCTT
GTAAAGGTGACGGTATTATTAATAATTGAAATGCATTTTTTACCTGATGTTTATGTTCTTG
TGAAGTGTGTGATGGTAAACGATATAATCGTGAGACACTAGAGGTTACTTACAAAGGTAA
AAATATTGCTGACATTTTAGAAATGACTGTTGAAGAAGCAACACAATTTTTTGAATAT
TCCTAAGATTAAGCGCAAGTTACAAACACTAGTTGATGTTGGTCTTGGATACGTCACATT
AGGTCAACAAGCTACAACGTTATCAGGTGGTGAAGGCTCAACGTGTGAACTTGCATCTGA
ACTTCATAAACGTTCAACTGGTAAATCTATTTATATCCTAGATGAACCGACAACAGGGTT
ACATGTTGACGATATTAGTAGATTATTAATAAGTATTAACCGATTAGTTGAAAATGGTGA
TACTGTTGTAATTATTGAACATAACCTAGATGTTATCAAAACAGCAGACTATATTATAGA
CTTAGGTCCTGAAGGTGGTAGTGGCGGTGGTACTATTGTTGCGACTGGCACACCCGAAGA
TATTGCTCAGACAAAGTCATCATATACAGGAAAGTATTTAAAAGAAGTACTTGAACGAGA
TAAACAAAATACTGAAGATAAATAA

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[819195:819303]

Position: 022-contig_262: 41622 ... 41652; Length: 30 bp

Sequence:

TTCTTTTCGAAATTCTCTGTGTTGGGGCCC

> **hprK**

Function: protein coding sequence; HPr kinase/phosphorylase (core genome, constant)

Best match: hprK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[814114:815046] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 41896 ... 42829; Length: 933 bp

Sequence:

ATGTTAACGACAGAAAACTAGTTGAAACATTAAAGTTAGATTTAATCGCTGGTGAAGAA
GGACTATCGAAGCCAATTA AAAATGCTGATATATCAAGACCGGGCTTAGAGATGGCAGG
TTATTTTTTACATTATGCGTCAGATAGAATACA ACTATTAGGAACAACGGA ACTATCGTTT
TACAATTTATTACCAGATAAGGATCGCGCAGGTCGATGCGTAAACTATGCAGACCAGAA
ACGCCTGCAATTATTGTGACGCGTGGATTGCAGCCACCAGAAGAATTAGTTGAAGCTGCA
AAAGAATTAATAACCCACTTATAGTTGCTAAAGATGCGACTACAAGTTTAAATGAGTCGC
TTAACAACGTTTTT TAGAGCATGC ACTTGCAAAGACGACATCTTTACATGGTGT TTTAGTAG
ATGTTTACGGTGT TGGTGTACTAATTACCGGTGATTCAGGAATAGGTAAAAGTGAGACTG
CGTTGGAATTAGTTAAACGTGGGCATAGATTAGTAGCAGATGATAATGTAGAAATACGTC
AAATTAATAAAGATGAACTAATAGGGAAACCACCAAAGTTAATAGAACATCTATTAGAA

ATACGTGGACTAGGTATTATCAATGTTATGACTTTATTTGGCGCGGGTTCAATATTAAC TG
AAAAACGAATTAGATTAATATTAATTTGGAAAAC TGAACAAGCAAAAGTTATATGAC
CGCGTAGGTCTTAATGAAGAGACGCTAAGTATTTTAGATACTGAAATCACTAAAAAACA
ATACCTGTAAGACCTGGTAGAAATGTTGCGGTAATTATTGAGGTCGCTGCAATGAACTAT
CGATTAATATCATGGGCATTAACACTGCCGAAGAATTTAGTGAAAGATTAATGAAGA
AATTATCAAGAACAGTCATAAGAGTGAGGAGTAG

> **lgt**

Function: protein coding sequence; prolipoprotein diacylglycerol transferase (core genome, variable)

Best match: lgt_CC001-ST772_118_AJGE01000051.1[94762:95601] (completely identical)

Position: 022-contig_262: 42834 ... 43674; Length: 840 bp

Sequence:

ATGGGTATTGTATTTAACTATATAGATCCTGTGGCATTAACTTAGGACCACTGAGTGTAC
GATGGTATGGAATTATCATTGCTGTGGAATATTACTTGGTTACTTTGTTGCACAACGTGC
ACTAGTTAAAGCAGGATTACATAAAGATACTTTAGTAGATATTATTTTTTATAGTGCCTA
TTTGGATTTATCGCGGCACGAATCTATTTTGTGATTTTCCAATGGCCATATTACGTGGAAA
ATCCAAGTGAAATTATTAATAATGTCATGGTGGAAATAGCAATACATGGTGGTTAATAG
GTGGCTTTATTGCTGGTGTATTGTATGTAAAGTGAAAAATTTAAACCCATTTCAAATTGG
TGATATCGTTGCGCCAAGTATAATTTAGCGCAAGGAATTGGACGCTGGGGTAACTTTAT
GAATCACGAGGCACATGGTGGACCTGTGTACGCGCTTTTTTAGAACAATTACATTTGCC
TAATTTTATAATAGAAAATATGTATATTAACGGCCAATATTATCATCCAACATTCTTATAT
GAATCCATTTGGGATGTCGCTGGATTTATTATTTAGTTAATATTCGTAAACATTTAAAAT
TAGGAGAAACATTCTTTTTATATTTAACTTGGTATTCAATTGGTCGATTCTTTATAGAAGG
ATTACGTACAGATAGCTTAATGCTCACAAGTAATATTAGAGTTGCACAATTAGTATCAAT
TCTTTTAATTTTAATAAGTATAAGTTTAATTGTATATAGAAGGATTAAGTATAATCCACCG
TTGTATAGCAAAGTTGGGGCGCTTCCATGGCCAACAAAAAAGTGAAGTAG

> **trxB**

Function: protein coding sequence; thioredoxin reductase (core genome, variable)

Best match: trxB_AJ223781.2[1265:2200]

Position: 022-contig_262: 45682 ... 46618; Length: 936 bp

Sequence:

ATGACTGAAATAGATTTTGATATAGCAATTATCGGTGCAGGTCCAGCTGGTATGACTGCT
GCAGTATACGCATCACGTGCTAATTTAAAAACAGTTATGATTGAAAGAGGTATTCCAGGC
GGTCAAATGGCTAATACAGAAGAAGTAGAGAACTTCCCTGGTTTCGAAATGATTACAGGT
CCAGATTTATCTACAAAAATGTTTGAACACGCTAAAAAGTTTGGTGCAGTTTATCAATAT
GGAGATATTAATCTGTAGAAGATAAAGGCGAATATAAAGTGATTAACTTTGGTAATAA
AGAATTAACAGCGAAAGCGGTCATTATTGCTACAGGTGCAGAATACAAGAAAATTGGTG
TTCCGGGTGAACAAGAAGTGGTGGACGCGGTGTAAGTTATTGTGCAGTATGTGATGGTG
CATTCTTTAAAAATAAACGCCTATTTCGTTATCGGTGGTGGTACTCAGCAGTAGAAGAGG
GAACATTCTTAATAAATTTGCTGACAAAGTAACAATCGTTCACCGTCGTGATGAGTTAC
GTGCACAACGTATTTTACAAGATAGAGCATTCAAAAATGATAAAAATCGACTTTATTTGGA
GTCATACTTTGAAATCAATTAATGAAAAAGACGGCAAAGTGGGTTCTGTGACATTAACGT
CTACAAAAGATGGTTCAGAAGAAACACACGAGGCTGATGGTGTATTTCATCTATATTGGTA
TGAAACCATTAACAGCGCCATTTAAAGACTTAGGTATTACAAATGATGTTGGTTATATTG
TAACAAAAGATGATATGACAACATCAGTACCAGGTATTTTTGCAGCAGGAGATGTTCCGG
ACAAAGGTTTACGCCAAATTGTCACTGCTACTGGTGTATGGCAGTATTGCAGCGCAAAGTG
CAGCGGAATATATTGAACATTTAAACGATCAAGCTTAA

> **tx_universal2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[819367:819407:r]RC (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 20 ... 61; Length: 41 bp

Sequence:

TAGAGTTGAAAAAAGCTTGTTGCAAGCGCGTTTTTCATT CAG

> **Q2YSG2**

Function: protein coding sequence; P-loop ATPase protein (core genome, variable)

Best match: Q2YSG2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[768883:769794]

Position: 023-contig_244_RC: 251 ... 1163; Length: 912 bp

Sequence:

ATGGATAATAATGAAAAAGAAAAAGTAAAAGTGAAC TATTAGTTGTAACAGGTTTATC
TGGCGCAGGTAAATCTTTGGTTATTCAATGTTTAGAAGACATGGGATATTTTTGTGTAGAT
AATCTACCACCAGTGTTATTGCCTAAATTTGTAGAGTTGATGGAACAAGGAAATCCATCC
TTAAGAAAAGTGGCAATTGCAATTGATTTAAGAGGTAAGGAACTATTTAATTCATTAGTT
GCAGTAGTGGATAAAGTTAAAAGTGAAAGTGACGTCATCATTGATGTTATGTTTTTAGAA
GCAAGTACTGAAAAATTAATTTCAAGATATAAGGAAACGCGTCGTGCACATCCTTTGATG
GAACAAGGTAAAAGATCCTTAATCAATGCAATTAATGATGAGCGAGAGCATTGTCTCAA
ATTAGAAGTATAGCTAATTTTGTATAGATACTACAAAGTTATCACCTAAAGAATTA
GAACGCATTTCGTCGATACTATGAAGATGAAGAGTTTGAAACTTTTACAATTAATGTCACA
AGTTTCGGTTTTAAACATGGGATTCAGATGGATGCAGATTTAGTATTTGATGTACGATTTT
TACCAAATCCATATTATGTAGTAGATTTAAGACCTTTAACAGGATTAGATAAAGACGTTT
ATAATTATGTTATGAAATGGAAAGAGACGGAGATTTTCTTTGAAAAATTA
ACTGATTTGT TAGATTTTATGATACCCGGGTATAAAAAAGAAGGGAAATCTCAATTAGTAATTGCCATCG
GTTGTACGGGTGGACAACATCGATCTGTAGCATTAGCAGAACGACTAGGTAATTATCTAA
ATGAAGTATTTGAATATAATGTTTATGTGCATCATAGGGACGCACATATTGAAAGTGGCG
AGAAAAAATGA

> **tRNAarg1**

Function: tRNA tRNA-Arg (core genome, constant)

Best match: tRNAarg1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[822868:822942:r]RC (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 3521 ... 3596; Length: 75 bp

Sequence:

CAGCCTCCTTGAAGGGAATTGAACCCCTATCTTAAGAACCGGAATCTTACGTGTTATCCA
TTACACCACAAGGAG

> **clpP**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent chaperone protease/proteolytic subunit

Best match: clpP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[823129:823716] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 3782 ... 4370; Length: 588 bp

Sequence:

ATGAATTTAATTCCTACAGTTATTGAAACAACAAACCGCGGTGAACGTGCATATGATATA
TACTCACGTTTATTAAGACCGTATTATTATGTTAGGTTTACAAATTGATGACAACGTAG
CAAATTCAATCGTATCACAGTTATTATTCTTACAAGCGCAAGACTCAGAGAAAGATATTT
ATTTATACATTAATTCACCAGGTGGAAGTGTAACAGCTGGTTTTGCGATTTATGATACAAT
TCAACACATTAACCTGATGTTCAAACAATTTGTATCGGTATGGCTGCATCAATGGGATC
ATTCTTATTAGCAGCTGGTGCAAAAGGTAAACGTTTCGCGTTACCAAATGCAGAAGTAAT
GATTCACCAACCATTAGGTGGTGCTCAAGGACAAGCAACTGAAATCGAAATTGCTGCAA
ATCACATTTTAAAAACACGTGAAAAATTAACCGCATTTTATCAGAGCGTACTGGTCAAA
GTATTGAAAAAATACAAAAAGACACAGATCGTGATAACTTCTTAACTGCAGAAGAAGCT
AAAGAATATGGCTTAATTGATGAAGTGATGGTACCTGAAACAAAATAA

> **txbi_clpP_Q2G035**

Function: bidirectional rho-independent terminator of clpP and Q2G035

Best match: txbi_clpP_Q2G035_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[823827:823898] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 4480 ... 4552; Length: 72 bp

Sequence:

TGAACCGTAACTATATGAAATGTTCCCTTCAAAGTAGACATTGAAAGGAACATTTCAATC
CTTTGTTTGTA

> **Q2G035**

Function:

Best match: Q2G035_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[852653:853555:r]RC

Position: 023-contig_244_RC: 4612 ... 5515; Length: 903 bp

Sequence:

TTATTCCTTTGATTAAATCTTCAAGTGCCATTTTTAAATTAATTAATTAATTTAAATTGGAATCCCA
ATGCTTGAATTTTATTAGGTAATACTTTTTGAGTATCCAATACTACTGTTGACATTTGACC
AAGTATGAGACGCATTGCAAGACTTGGTGCCCAAGTTTCATGGGGCTTATGCATAGCTCT
TGCTAAAGTGTAGCCAAATAAATTTTGACGCTCAGGTATAGGTGCAGTTAAATTAACCGG
ACCACTAGCTGACTCGTTATTTATTAATAAATAAATAAGCTTGAATTAATCATTGATATG
AATCCATGAATACCATTGTTGACCAGAACCTAATTTACCACCAATGTAATATTTGTATGGT
AGTTTCATTGTTTGTAAACGCACCGCCTTCATTTCGATAAAAATCATAACCGAAACGACCGATG
ACAACCTCGCGTACCTAATTGTTCAAATTTGTTGTGCGAAACGTTCCCATGATACACAATAT
CTGATAAGAAATCAAATGGTAAAGTTTTATAAACTTCTGTGTAACCTCATAAATAAATCAG
GAGGATAGTAACCAGTGGCACTAGCATTAAATAAACTTTAGGTGCTTTATTACGAGATT
TAAACAATTCATATAAAGCTTGCCTAGATTGAACTCTACTTAGCATTAGCGTTTGTTTATA
TTCCGGTGTCCATCGTTTATTCAGTGTAGCACCTGCTAAGTTGATGACCACATCGATATTT
TGAGGAACTTTGTGTTCCACCCAGATTTAGCCCAGTTGACATATGAAATTTTCTTATCAT
TTGAAATTTGGTTCGTGTCGCGTTAATATCGTGATATGTGAATCTGATTTTTTAATTCATTA
ACTAATTGAGATCCAACCATAACCAGTCCCACCAGTAATTAAGTATTGTTTCAT

> **yfcH**

Function: protein coding sequence; cell-division inhibitor (core genome, variable)

Best match: yfcH_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[29661:30563]RC (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 4612 ... 5515; Length: 903 bp

Sequence:

TTATTCCTTTGATTAAATCTTCAAGTGCCATTTTTAAATTAATTAATTAATTTAAATTGGAATCCCA
ATGCTTGAATTTTATTAGGTAATACTTTTTGAGTATCCAATACTACTGTTGACATTTGACC
AAGTATGAGACGCATTGCAAGACTTGGTGCCCAAGTTTCATGGGGCTTATGCATAGCTCT
TGCTAAAGTGTAGCCAAATAAATTTTGACGCTCAGGTATAGGTGCAGTTAAATTAACCGG
ACCACTAGCTGACTCGTTATTTATTAATAAATAAATAAGCTTGAATTAATCATTGATATG
AATCCATGAATACCATTGTTGACCAGAACCTAATTTACCACCAATGTAATATTTGTATGGT
AGTTTCATTGTTTGTAAACGCACCGCCTTCATTTCGATAAAAATCATAACCGAAACGACCGATG
ACAACCTCGCGTACCTAATTGTTCAAATTTGTTGTGCGAAACGTTCCCATGATACACAATAT
CTGATAAGAAATCAAATGGTAAAGTTTTATAAACTTCTGTGTAACCTCATAAATAAATCAG
GAGGATAGTAACCAGTGGCACTAGCATTAAATAAACTTTAGGTGCTTTATTACGAGATT
TAAACAATTCATATAAAGCTTGCCTAGATTGAACTCTACTTAGCATTAGCGTTTGTTTATA
TTCCGGTGTCCATCGTTTATTCAGTGTAGCACCTGCTAAGTTGATGACCACATCGATATTT
TGAGGAACTTTGTGTTCCACCCAGATTTAGCCCAGTTGACATATGAAATTTTCTTATCAT
TTGAAATTTGGTTCGTGTCGCGTTAATATCGTGATATGTGAATCTGATTTTTTAATTCATTA
ACTAATTGAGATCCAACCATAACCAGTCCCACCAGTAATTAAGTATTGTTTCAT

> **rsaH**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus H (core genome, constant)

Best match: rsaH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[825010:825133] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 5663 ... 5787; Length: 124 bp

Sequence:

GTACCTTCGATAACGAATAAACATCTCTTAAAAGTATGTGTAAAACGCTGCATGATACAA
ACGAAGGTAAAAATTTGACTCCCTTTAGTAGTGGACCCGTACGTTAATCGTGCGGGTTCGT
TTTT

> **Q5HHP8**

Function: protein coding sequence; putative exported protein (core genome, constant)
Best match: Q5HHP8_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[854258:854887] (completely identical)
Position: 023-contig_244_RC: 6217 ... 6847; Length: 630 bp

Sequence:

```
ATGTCGAATCAA AATTACGACTACAATAAAAAATGAAGATGGAAGTAAGAAGAAAATGAG
TACAACAGCGAAAGTAGTTAGCATTGCGACGGTATTGCTATTACTCGGAGGATTAGTATT
TGCAATTTTTTGCATATGTAGATCATTCTGAATAAAGCTAAAGAACGTATGTTGAACGAACA
AAAGCAGGAACAAAAAGAAAAGCGTCAAAAAGAAAATGCAGAAAAAGAGAGAAAGAA
AAAGCAACAAGAGGAAAAAGAGCAGAATGAGCTAGATTCACAAGCAAACCAATATCAG
CAATTGCCACAGCAGAATCAATATCAATATGTGCCACCTCAGCAACAAGCACCTACAAAG
CAACGTCCTGCTAAAGAAGAGAATGATGATAAAGCATCAAAGGATGAGTCGAAAGATAA
GGATGACAATGCATCTCAAGATAAATCAGATGATAATCAGAAGAAAACCTGATGATAATA
AACACCAGCTCAGCCTAAACCACAGCCGCAACAACCAACACCAAAGCCAAATAATAAT
CAACAAAATAATCAATCAAATCAGCAAGCAAAACCACAAGCACCACAACAAAATAGCCA
ATCAACAACAAATAAACAAAATAATGCTAATGATAAGTAG
```

> repeat_nyS γ

Function: repeat element

Best match: repeat_nyS γ _CC001_MW2-USA400_BA000033.21142439:1142558:r
[4_50ANF10END]

Position: 023-contig_244_RC: 7098 ... 7163; Length: 65 bp

Sequence:

```
TTGGGGCCCCGCCAACTTGACATTATTGTAAGCTGACTTTCGCCAGCTTCTGTGTTGGG
GCC
```

> gapR

Function: protein coding sequence; regulator of glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: gapR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[826835:827848] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 7544 ... 8558; Length: 1014 bp

Sequence:

```
GTGAAAGACTTATTGCAAGCACAGCAAAAAGCTTATACCGGATCTCATAGATAAAAATGTAT
AAACGTTTTTCTATTCTTACTACTATCTCAAAAAATCAGCCTGTGCGACGTGCGAAGTTTAA
GCGAACATATGGATATGACTGAACGTGTAAGTCTGAAACAGATATGCTTAAGAAAC
AAGATTTGATAAAAAGTTAAGCCTACCGGAATGGAAATTACAGCTGAAGGTGAGCAACTG
ATTTGCGCAATTGAAAGGTTACTTTGATATCTATGCAGATGATAATCGTCTGTCAGAAGGT
ATTAAGAATAAATTTCAAATTAAGGAAGTTCATGTTGTTTCTGTTGATGCTGATAATAGT
CAATCTGTTAAAACAGAATTAGGTAGACAAGCAGGTCAATTACTTGAAGGCATATTACAA
GAAGACGCGATAGTTGCTGTAAGTGGCGGATCCACGATGGCATGTGTTAGTGAAGCAATT
CATTTATTACCATATAATGTATTCTTCGTACCAGCCAGAGGTGGACTAGGCGAAAATGTT
GTCTTTCAGGCAAACACAATTGCAGCCAGTATGGCACAACAAGCTGGCGGTTATTATACG
ACGATGTATGTACCTGATAATGTCAGTGAAACAACATATAACACATTGTTGTTAGAGCCA
TCAGTCATAAACACTTTAGACAAAATTAACAAGCAAACGTTATATTACACGGCATTGGT
GATGCGCTGAAGATGGCGCATCGACGTCAATCACCTGAAAAGGTCATTGAACAACCTTCAA
CATCATCAAGCTGTCGGAGAGGCATTTGGTTATTATTTTGATACACAAGGTCAAATTGTCC
ATAAGGTTAAAACAATTGGACTTCAATTAGAAGACCTTGAATCAAAGACTTTATTTTG
CAGTTGCAGGAGGCAAATCGAAAGGTGAAGCAATTAAGCATACTTGACGATTGCACCC
AAGAATACAGTGTTAATCACTGATGAAGCCGACGCAAAGATAATACTTGAATAA
```

> gapA

Function: protein coding sequence; extracellular glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: gapA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[827901:828911] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 8610 ... 9621; Length: 1011 bp

Sequence:

ATGGCAGTAAAAGTAGCAATTAATGGTTTTGGTAGAATTGGTCGTTTAGCATTTCAGAAGA
ATTCAAGAAGTAGAAGGTCTTGAAGTTGTAGCAGTAAACGACTTAACAGATGACGACAT
GTTAGCGCATTTATTAATAATATGACACTATGCAAGGTCGTTTCACAGGTGAAGTAGAGGT
AGTTGATGGTGGTTTTCCGCGTAAATGGTAAAGAAGTTAAATCATTTCAGTGAACCAGATGC
AAGCAAATTACCTTGGAAAGACTTAAATATCGATGTAGTGTTAGAATGTACTGGTTTTCTA
CACTGATAAAGATAAAGCACAAAGCTCATATTGAAGCAGGCGCTAAAAAAGTATTAATCT
CAGCACCAGCTACTGGTGACTTAAAAACAATCGTATTCAACACTAACCACCAAGAGTTAG
ACGGTTCTGAAACAGTTGTTTTAGGTGCTTCATGTACTACAACTCATTAGCACCAGTTGC
TAAAGTTTTAAACGATGACTTTGGTTTAGTTGAAGGTTTAATGACTACAATTCACGCTTAC
ACAGGTGATCAAATACACAAGACGCACCTCACAGAAAAGGTGACAAACGTCGTGCTCG
TGCAGCGGCAGAAAACATCATCCCTAACTCAACAGGTGCTGCTAAAGCTATCGGTAAAGT
TATTCCTGAAATCGATGGTAAATTAGATGGTGGTGCACAACGTGTTCTGTAGCTACAGG
TTCATTAACCTGAATTAACAGTAGTATTAGAAAAACAAGACGTAACAGTTGAACAAGTTAA
CGAAGCTATGAAAAATGCTTCAAACGAATCATTTCGGTTACTGAAGACGAAATCGTTTT
TTCAGACGTTGTAGGTATGACTTACGGTTCATTATTCGACGCTACACAACTCGTGTAAATG
TCAGTTGGCGACCGTCAATTAGTTAAAGTTGCAGCTTGGTATGATAACGAAATGTCATAT
ACTGCACAATTAGTTCGTACATTAGCATACTTAGCTGAACTTTCTAAATAA

> **pgk**

Function: protein coding sequence; phosphoglycerate kinase (core genome, constant)

Best match: pgk_AJ133520.1[2995:4185]

Position: 023-contig_244_RC: 9759 ... 10950; Length: 1191 bp

Sequence:

ATGGCTAAAAAATTGTTTCTGATTTAGATCTTAAAGGTAAAACAGTCCTAGTACGTGCT
GATTTTAAACGTACCTTTAAAAGACGGTGAAATTAATAATGACAACCGTATCGTTCAAGCT
TTACCTACAATTCAATACATCATCGAACAAAGGTGGTAAAATCGTACTATTTTACATTTAG
GTAAAGTGAAAGAAGAAAGTGATAAAGCAAATTAACCTTACGTCCAGTTGCTGAAGAC
TTATCTAAGAAATTAGATAAAGAAGTTGTTTTCGTACCAGAAAACACGCGGCGAAAAACTT
GAAGCTGCTATTAAGACCTTAAAGAAGGCGACGTATTATTAGTTGAAAATACACGTTAT
GAAGATTTAGACGGTAAAAAAGAATCTAAAAATGATCCAGAATTAGGTAAATACTGGGC
ATCTTTAGGTGATGTGTTTGTAATGATGCTTTTGGTACTGCGCATCGTGAGCATGCATCT
AATGTTGGTATTTCTACACATTTAGAACTGCAGCTGGATTCTTAATGGATAAAGAAATT
AAGTTTATTGGTGGCGTAGTTAACGATCCACATAAACCAGTTGTTGCTATTTTAGGTGGA
GCAAAGTATCTGACAAAATTAATGTCATCAAAACTTAGTTAACATAGCTGATAAAATT
ATCATCGGCGGAGGTATGGCTTATACTTTCTTAAAAGCGCAAGGTAAAGAAATTGGTATT
TCATTATTAGAAGAAGATAAAATCGACTTCGCAAAAGATTTATTAGAAAAACATGGTGAT
AAAATTGTATTACCAGTAGACACTAAAGTTGCTAAAGAATTTTCTAATGATGCCAAAATT
ACTGTAGTACCATCTGATTCAATTCAGCAGACCAAGAAGGTATGGATATTGGACCAAAC
ACTGTAAAATTATTTGCAGATGAATTAGAAGGTGCGCACACTGTTGTATGGAATGGACCT
ATGGGTGTATTCGAGTTCAGTAACTTTGCACAAGGTACAATTGGTGTATGTAAGCAATT
GCAAACCTTAAAGATGCAATTACGATTATCGGTGGCGGTGATTCAGCTGCAGCAGCAATC
TCTTTAGGTTTTGAAAATGACTTCACTCATATTTCAACTGGTGGCGGTGCGTCATTAGAGT
ACCTAGAAGGTAAAGAATTGCCTGGTATCAAAGCAATCAATAATAAATAA

> **tpi**

Function: protein coding sequence; triosephosphate isomerase (core genome, constant)

Best match: tpi_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[23343:24104:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 11071 ... 11833; Length: 762 bp

Sequence:

ATGAGAACACCAATTATAGCTGGTAACTGGAAAATGAACAAAACAGTACAAGAAGCAAA
AGACTTCGTCAATGCATTGCCAACATTACCAGATTCAAAGAAGTAGAATCAGTAATTTG
TGCACCAGCAATTCAATTAGATGCATTAATACTACTGCAGTTAAAGAAGGAAAAGCACAAG
GTTTAGAAATCGGTGCTCAAATACGTATTTTCGAAGATAATGGTGCCTTCACAGGTGAAA
CGTCTCCAGTTGCATTAGCAGATTTAGGCGTTAAATACGTTGTTATCGGTCAATTCTGAACG
TCGTGAATTATTCCACGAAACAGATGAAGAAATTAACAAAAAAGCGCACGCTATTTTCAA

ACATGGAATGACTCCAATTATTTGTGTTGGTCAAACAGACGAAGAGCGTGAAAGTGGTA
AAGCTAACGATGTTGTAGGTGAGCAAGTTAAGAAAGCTGTTGCAGGTTTATCTGAAGATC
AACTTAAATCAGTTGTAATTGCTTATGAGCCAATCTGGGCAATCGGAACTGGTAAATCAT
CAACATCTGAAGATGCAAATGAAATGTGTGCATTTGTACGTCAAACCTATTGCTGACTTAT
CAAGCAAAGAAGTATCAGAAGCAACTCGTATTCAATATGGTGGTAGTGTTAAACCTAACA
ACATTAAGAATACATGGCACAACTGATATTGATGGGGCATTAGTAGGTGGCGCATCAC
TTAAAGTTGAAGATTCGTACAATTGTTAGAAGGTGCAAAATAA

> **gpmI**

Function: protein coding sequence; 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (core genome, constant)

Best match: gpmI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[831126:832643] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 11835 ... 13353; Length: 1518 bp

Sequence:

ATGGCTAAGAAACCAACTGCGTTAATTATTTTAGATGGTTTTGCGAACCGCGAAAGCGAA
CATGGTAATGCGGTAATAATTAGCAAACAAGCCTAATTTTGATCGTTATTACAACAAATAT
CCAACGACTCAAATCGAAGCGAGTGGCTTAGATGTTGGACTACCTGAAGGACAAATGGG
TAACTCAGAAGTTGGTCATATGAATATCGGTGCAGGACGTATCGTTTATCAAAGTTTAAAC
TCGAATCAATAAATCAATTGAAGACGGTGATTTCTTTGAAAATGATGTTTTAAATAATGC
AATTGCACACGTGAATTCACATGATTCAGCGTTACACATCTTTGGTTTATTGTCTGACGGT
GGTGTGCACAGTCATTACAAACATTTATTTGCTTTGTTAGAAGTTGCTAAAAACAAGGT
GTTGAAAAAGTTTACGTACACGCATTTTAGATGGTTCGTGACGTAGATCAAAAATCCGCT
TTGAAATACATCGAAGAGACTGAAGCTAAATTCAATGAATTAGGCATTGGTCAATTTGCA
TCTGTGTCTGGTCGTTATTATGCAATGGACCGTGACAAACGTTGGGAACGTGAAGAAAA
GCTTACAATGCTATTCGTAATTTTGATGCCCAACTTATGCAACTGCCAAAGAAGGTGTA
GAAGCAAGCTATAATGAGGGCTTAACTGACGAATTCGTAGTACCATTCATCGTTGAGAAT
CAAATGACGGTGTTAATGATGGAGATGCAGTGATCTTCTATAATTTCCGACCTGATAGA
GCAGCACAATTATCGGAAATTTTTCGGAACAGAGCATTTCGAAGGCTTAAAGTTGAACAA
GTTAAAGACTTATTCTATGCAACATTCACTAAGTATAACGACAATATCGATGCGGCTATC
GTTTTCGAAAAAGTTGATTTAAATAATAAATTGGTGAAATTGCACAAAATAACAATTTA
ACACAATTACGTATTGCAGAACTGAAAATATCCTCACGTTACTTACTTTATGAGTGGT
GGACGTAACGAGGAATTTAAAGGTGAACGCCGTCGTTTAAATTGATTCACCTAAAGTTGCA
ACGTATGACTTGAAACCAGAAATGAGTGCTTATGAAGTTAAAGATGCATTATTAGAAGAG
TTAAATAAAGGTGACTTGGACTTAATTATTTTAACTTTGCTAACCCCTGATATGGTTGGAC
ATAGTGGTATGCTTGAGCCGACAATCAAAGCAATCGAAGCGGTTGATGAATGTTTAGGTG
AAGTCGTTGATAAGATTTTAGACATGGACGGTTATGCAATTATTACTGCTGACCATGGTA
ACTCTGATCAAGTATTGACGGATGATGATCAACCAATGACTACGCATACAACGAACCCAG
TACCAGTGATTGTAACAAAAGAAGGCGTTACACTTCGAGAACTGGTCGCTTAGGTGACT
TAGCACCTACATTATTAGATTTATTAATGTAGAACAACCTGAAGACATGACAGGTGAAT
CTTTAATTAACACTAA

> **eno**

Function: protein coding sequence; enolase (core genome, constant)

Best match: eno_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[832773:834077] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 13482 ... 14787; Length: 1305 bp

Sequence:

ATGCCAATTATTACAGATGTTTACGCTCGCGAAGTCTTAGACTCTCGTGGTAACCCA
TTGAAGTAGAAGTATTAAGTAAAGTGGCGCATTGTTGTCGTCATTAGTACCATCAGGTG
CTTCAACTGGTGAACACGAAGCTGTTGAATTACGTGATGGAGACAAATCACGTTATTTAG
GTAAAGGTGTTACTAAAGCAGTTGAAAACGTTAATGAAATCATCGCACCAGAAATTATTG
AAGGTGAATTTTACGATTTAGATCAAGTATCTATTGATAAAATGATGATCGCATTAGACG
GTACTCCAAACAAAGGTAAATTAGGTGCAAATGCTATTTTAGGTGTATCTATCGCAGTAG
CACGTGCAGCAGCTGACTTATTAGGTCAACCACTTTACAAATATTTAGGTGGATTAAATG
GTAAGCAGTTACCAGTACCAATGATGAACATCGTTAATGGTGGTTCTCACTCAGATGCTC
CAATTGCATTCCAAGAATTCATGATTTTACCTGTAGGTGCTACAACGTTCAAAGAATCATT

ACGTTGGGGTACTGAAATTTTCCACAACCTTAAAATCAATTTTAAGCAAACGTGGTTTAGA
AACTGCAGTAGGTGACGAAGGTGGTTTCGCTCCTAAATTTGAAGGTACTGAAGATGCTGT
TGAAACAATTATCCAAGCAATCGAAGCAGCTGGTTACAAACCAGGTGAAGAAGTATTCTT
AGGATTTGACTGTGCATCATCAGAATTCTATGAAAATGGTGTATATGACTACAGTAAGTT
CGAAGGCGAACACGGTGCAAAACGTACAGCTGCAGAACAAGTTGACTACTTAGAACAAT
TAGTAGACAAATATCCTATCATTACAATTGAAGACGGTATGGACGAAAACGACTGGGAT
GGTTGGAAACAACCTACAGAACGTATCGGTGACCGTGTACAATTAGTAGGTGACGATTTA
TTCGTAACAAACACTGAAATTTTAGCAAAAGGTATTGAAAACGGAATTGGTAACTCAATC
TTAATTAAGTTAACCAAATCGGTACATTAAGTAAACATTTGATGCAATCGAAATGGCT
CAAAAAGCTGGTTACACAGCAGTAGTTTCTCACCGTTCAGGTGAAACAGAAGATACAAC
AATTGCTGATATTGCTGTTGCTACAAACGCTGGTCAAATTAAGTAACTGGTTCATTATCACGT
ACTGACCGTATTGCTAAATACAATCAATTATTACGTATCGAAGATGAATTATTTGAACT
GCTAAATATGACGGTATCAAATCATTCTATAACTTAGATAAATAA

> **Q2YSE7**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q2YSE7_CC008_NCTC8325_CP000253.1[783701:784159] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 15126 ... 15585; Length: 459 bp

Sequence:

ATGGCTGATAGAACGAATAAAGAAATTAACAGGACGCTTTATTGCAACTGCATCAATC
GTATTCTCAATATTATTGATTATTCACTTTGTTTCGTTGGATAATGCGACTGCCAAAG
CATTACTTAATTTAACGAATCAAACACTTCAGATAAAGCGATTGATTACATTTTAAACA
GCTTTAGATTCACTGGTATTATGTATATTTGGCTTATCTAGCAGGCTTCATCACTTTTTGG
AATCGACATACTTATGTGTGGTGGTTTATGTTTGCAGTTTATGTATCAAATAGTTTGTTA
CGTTGATTAATTTATCAATCACAATTCAAGCAATAAAAGCTGCACACGGTTCGCTACTTAA
CATTGCCAATTTTAATTGTTATTATAGGTTTCGGTTGCATTAGCGATTTATATGCTTGTGTT
TCTATCAAACGTAAAAGTACATTTAATCGCTAG

> **secG**

Function: protein coding sequence; preprotein translocase/SecG subunit (core genome, constant)

Best match: secG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[834941:835174] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 15651 ... 15885; Length: 234 bp

Sequence:

ATGCATACATTTTTAATCGTATTATTAATCATTGATTGTATTGCATTAATAACTGTTGTACT
ACTCCAAGAAGGTAAAAGCAGTGGACTTTCAGGTGCCATCAGTGGTGGTGTGCTGAGCAGTT
ATTCGGTAAACAAAACAACGTGGCGTCGATTTATTCTTAAATAGATTAACAATTATTTT
ATCAATATTATTTTTGTACTTATGATTTGCATAAGTTATCTTGGTATGTAA

> **est**

Function: protein coding sequence; putative carboxylesterase (core genome, constant)

Best match: est_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[835290:836030]

Position: 023-contig_244_RC: 16000 ... 16741; Length: 741 bp

Sequence:

ATGCAGATAAAATTACCAAACCTTTCTTTTTTGAGGAAGGTAAACGTGCCGTGTTATTA
CTACATGGTTTTACAGGCAATTCGTCTGATGTTTCGTCAATTAGGTCGATTTTTACAAAAGA
AAGGTTATACATCATATGCACCGCAATATGAAGGCCATGCAGCACCGCCAGAAGAGATA
CTTCAATCAAGTCCTTTTGGTTTAAAGATGCCTTAGATGGCTATGACTACCTTGTG
AACAAGGTTATGATGAAATCGTTGTTGCTGGCTTGTTCATTAGGTGGCGATTTTGCATTAAA
ATTAAGCTTAAATAGAGATGTAAAGGGTATTGTAACGATGTGTGCACCTATGGGTGGCAA
AACTGAAGGTGCCATTTATGAAGGCTTTTTAGAATATGCACGCAATTTAAAAAGTATGA
GGTAAAGATCAAGAAACGATTGATAACGAAATGTATCATTTCAAACCAACTGAACTTT
AAAAGAATTAAGTGAAGCATTAGATACGATTAAGATCAAGTTGATGAGGTGTTTGACCC
AATTTTAGTGATTCAAGCAGAAAACGACAATATGATTGATCCACAATCCGCAAATTATAT
ATATGAACATGTAGACTCTGACGATAAAAATATCAAGTGGTACAGTGAATCTGGACATGT

TATTACGATTGATAAAGAAAAAGAACAAGTATTTGAAGATATTTATCAATTTTTAGAGTC
ATTAGACTGGTCAGAATAA

> **rnr**

Function: protein coding sequence; ribonuclease R (core genome, constant)

Best match: rnr_AC074317.5[11831:14203:r]

Position: 023-contig_244_RC: 19117 ... 19147; Length: 30 bp

Sequence:

AAAAGAAAGCACGTCGTAAGAAAAAATAA

> **ssrP**

Function: protein coding sequence; tmRNA and ssrA-binding protein (core genome, constant)

Best match: ssrP_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[15543:16007:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 19168 ... 19633; Length: 465 bp

Sequence:

ATGGCTAAGAAGAAATCACCAGGTACATTAGCGGAAAATCGTAAAGCTAGACATGATTA
TAATATTGAAGACACGATTGAAGCAGGAATTGTATTGCAAGGCACAGAAATAAAATCAA
TTCGCCGAGGTAGTGCTAACCTTAAAGATAGTTATGCGCAAGTTAAAAACGGTGAAATGT
ATTTGAATAATATGCATATAGCACCATACGAAGAAGGGAATCGTTTTAATCACGATCCTC
TTCGTTCTCGAAAATTATTATTGCACAAGCGTGAAATCATTAAATTGGGTGATCAAACAC
GTGAGATTGGTTATTCGATTGTGCCGTTAAAGCTTTATTTGAAGCATGGACATTGTAAGT
ATTACTTGGTGTTCACGAGGTAAGAAAAAATATGATAAACGTCAAGCTTTGAAAGAAA
AAGCAGTCAAACGAGATGTTGCGCGCGATATGAAAGCCCGTTATTA

> **ssrA**

Function: noncoding RNA tmRNA/regulatory RNA (core genome, constant)

Best match: ssrA_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[15093:15452:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 19723 ... 20083; Length: 360 bp

Sequence:

GGGGACGTTTCATGGATTTCGACAGGGGTCCCCGAGCTCATTAAAGCGTGTCCGAGGGTTGT
CTTCGTCATCAACACACACAGTTTATAATAACTGGCAAATCAAACAATAATTCGCAGTA
GCTGCCTAATCGCACTCTGCATCGCCTAACAGCATTTCCTATGTGCTGTAAACGCGATTCA
ACCTTAATAGGATATGCTAAACACTGCCGTTTGAAGTCTGTTTAGAAGAACTTAATCAA
GCTAGCATCATGTTGGTTGTTTATCACTTTTCATGATGCGAACTTTTCGATAAACTACAC
ACGTAGAAAGATGTGTATCAGGACCTCTGGACGCGGGTTCAAATCCCGCCGTCTCCAT

> **attB_nySa3**

Function: attachment site of genomic island nySa3 carrying entL/entC in MW2 (mobile element)

Best match: attB_nySa3_empty_CC025_21305_AFNO01000021.1[16544:16637]RC (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 20028 ... 20122; Length: 94 bp

Sequence:

TAGAAAGATGTGTATCAGGACCTCTGGACGCGGGTTCAAATCCCGCCGTCTCCATTATAT
AGTCTGCAACCTTAGTGGTTGTAGGCTTTTTGTT

> **tx_ssra**

Function: rho independent terminator of ssrA (tmRNA)

Best match: tx_ssra_int4_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[15047:15101:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 20074 ... 20129; Length: 55 bp

Sequence:

CGTCTCCATTATATAGTCTGCAACCTTAGTGGTTGTAGGCTTTTTGTTTTTGGAGT

> **int4-nySa3**

Function: protein coding sequence; bacteriophage integrase (mobile element)

Best match: int4-nySa3_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[13874:14980]RC (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 20195 ... 21302; Length: 1107 bp

Sequence:

```
TTATAAGTATTTAACTATTTCTTTCTGTGTACTAGGATATAAATGACCATATCGGTTATAT
ACTTCAGTCGTATCGCTGTGACCTAAACGCTGAGCTATAATCATTACACTGGCCCCTAGAT
TAACTAACATAGATGCATGACTATGTCTTAACTCGTGTATAACGATTCTAGGGAAATTTTG
TCCATTTGGTAATTGCTCATCCAACACTTTTAATGCGTTAGTAAACCAACGATCAATGGTA
GACTCGCTGTAAGCTTTATAGAATGTACCAAATAATACATAATCATCTTTAAATATGTTAT
TCTCTTTATACCAATTTAAATAACCTTTGATGTCATCCATCATGTGAGTAGGCAAATATAT
ATCGCGTATGGCTGATTTTCGTTTTAGGGGCTGTCACCTCACCGTGATAGTCCGTTTTGTTT
ATATGGATAAAATCATCATCAAAGTTAATATCGCGCCATGTGAGCGCTCTGATTTCCGCCTT
TGCGTGCTCCAGAGTAGAACAATAGTTTAAAGAATAACTTTTTGTTGTTGTGTCACTAGCG
CACCATAAAATTGATTGAATTGTTCTAATGTCCAATAATCAATCGTTTTCTGTGATTCTAT
TTCAAAATTCCCTACAAGAGATGCAACATTTTGTTTTAACTCATGAACTTCATTGCATGA
TTCAGTAATGATACTAAATATACATGCATCTTCTTTAAGTAGTCTCCAGAATGCCCTCTT
TTAACTTCTTATTCTGAAATTTTCATCACATCTTGTGTAGTCATTTTAAATACATCCATAGAT
TTAAAATAAGGTAGCAAGTGGTTATTTGTATGTGTTTTTAAATGCTTTTACACTTGATGTCT
TTCGACGTGCTGAATACCAGTCTATATATTCTTCAACGAGCTTGTCAAAGGTAATCTATT
AAGGTGTCCGACTCCCTCTAATTCGTCCATCATTTTCGTTACATTTCTTAACTGCGTCTTTAC
GTTGTTTTAAACCCCTTACGTGTTATGTACTTACGAGTATTGCTCTTGTGCATAGTAAGTGAT
ACGGAAATAATAAGTACCGGTTTTAGTGTCTTTATATATGTTATGGGATAGGTTTAAAGTTA
TGTGTCAT
```

> **str-nySa3**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: str-nySa3_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[12488:12706:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 22469 ... 22688; Length: 219 bp

Sequence:

```
ATGACAAAAGTACTAGCTTATCCAATGTTATACATTACTAGAAAAGAAAAGGTGACACACA
AAAGAAAGTTGCTAGCAAAGTGGTATTAGTCCACAACGTTACCAGTTAAAGGAAAGTG
GTAAAGCAATATTTAATTTAAATGAGTGTGAGATTCTTTTCAGAAATGTATGATATGCCAA
TTGATGAGTTATTTTCATCAAAAATTAAGTAGGAGAATAG
```

> **Q5HHJ1**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q5HHJ1-COL_ref_CC008_COL_CP000046.1[908684:909004]

Position: 023-contig_244_RC: 23050 ... 23200; Length: 150 bp

Sequence:

```
ATGAATTGGGAAATTAAGATTTAATGTGTGACATTGAAGTGATAAAACAAAAAATTAAT
GATGTAGCTACCAAACATGCTTGGTTTGTGAAGATAGATTTGTAAAAAATGAATTAGAA
ACAAAACGGGAACATATTAATTTTTCTGCT
```

> **Q5HHJ1-RN3984**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q5HHJ1-RN3984_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[11808:12125:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 23050 ... 23368; Length: 318 bp

Sequence:

```
ATGAATTGGGAAATTAAGATTTAATGTGTGACATTGAAGTGATAAAACAAAAAATTAAT
GATGTAGCTACCAAACATGCTTGGTTTGTGAAGATAGATTTGTAAAAAATGAATTAGAA
ACAAAACGGGAACATATTAATTTTTCTGCTAGCTATTTAGAACATCGTATACAAAATGAA
CATACAGTTGAGTTATTACATGTGTACTTAAAGAATTCGGTGAACCTTATACAAAAATTT
```

CATGAAATAGAAAAAGCATCATCTGAGAACTTTGGCGAGGTATCAGATGACGCACAAAA
ATTA AAAAATCACAGAGTAA

> **O54473-nySa1**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: O54473-nySa1_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[10875:11744:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 23431 ... 24301; Length: 870 bp

Sequence:

ATGAATGAAATTAATTAGAATATGACACACATGTTTCAGTGGTACATTATGAAAGTTTA
GACTCACGTTCAATTAATAGCTTTTCAAAAATTAATTGGAGTAAGTTGGTTAATAAACTGT
CTGTACCTATAGAAGCAAATTATAAGTATGCACGTGGTGTGCTGTTTACGGTGATATTA
AAAACGGTGCAAATGATCATGGTGAAATTATCAAAAAGCATCGCAATGACGTTAATGTC
GTATACAGAGATGTGATTGTA CTTGATTACGATGAAATAAATGATTTAAAGCAATTACAT
GAAGCAATCAGCTCAGCTTTAAGCAATGTTGCATGGTTTTGGCACACAAGTTACTCGCAC
AGA ACTGAACAAGCTAGAATACGCCTGTATATCCCTCTAAATGAGCGAATAAGTGCAGAT
GATTATCGTAATTATACAAAAGTATTAGCGAATAAAAATTGGCCACAAAGTTGATGAAGGT
TCATATCAGCCAAGTAGATGTTTTGCGTTACCAGTTATTCAAAAAGGACACATATTTATTA
AACGAGTGAATGACTGTCCGATTATGAATGTTGATATGCTCGAGCAGTGGTCAAAGGGGT
ATAACAATCAAATGATAGTCCTAATATCAAAGGGTACACACGACGTGATAGTGCCTATT
GGCGAGATATAGCTTTTGGTGTAAGTGAGGGAGAGCGCAATTCAACATTGGCTTCAATTA
CAGGTTATCTTTTGCCTAGGTATGTAGATCCAACTTAGTTTATGGGTTAGTGAGTGCCTG
GGCAAGTGTATGCAAACACCTATTAATCAAAGTGAAGTAAACAATACTTTTAAAAGTAT
TTTGAAAAAAGATAGTAAATACAGTTAG

> **vapE**

Function: protein coding sequence; bacteriophage virulence associated protein (mobile element)

Best match: vapE_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[9401:10825:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 24350 ... 25775; Length: 1425 bp

Sequence:

ATGATTGATAGCAGAACCGGTGTTTTAAATGCTAATGATTGGAAAAGTCAATTAAGGCGT
TCTGCTACTACACAAGCATTGAAAAAACGACTACAAATGCTGAAATCATATTGTGTAAT
GATGAGAGTTTAAAAGGGCTAGTACAATATGACGCTTTTGAAAAAGTAACCAAAGTAA
ACGTCTACCGTATTGGAGGTCAAAGGGGATGCGAATTATTATTGGGCTGATATAGATAC
CACACATGTGATTTACATATTGATAGATTGTATAATGTGCAGTTTAGCCGTGATCTTATT
GATACTGTGATTGAAAAGGAAGCTTATCAAAATAGATTCCACCCTATTAATCGATGATT
GAATCTAAATCATGGGACGGAATCAAAGAATTGAAACGCTCTTCATTGATTATTTAGGT
GCTGAAGATAACCATTACAATAGAGAAGTTACAAAAAATGGATGATGGGTGCAGTTGC
TAGAATCTATCAGCCAGGTATTAATATGATTCCATGATTATTTATATGGTGGTCAAGGT
GTTGGGAAATCTACGGCAGTGAGTAAATTGGGAGGTCATTGGTATAACCAAAGTATTA
ACGTTTAAAGGTGATGAGGTCTATAAGAAATTGCAGGGTCTTGGATATGTGAAATTGAA
GAACTATCGGCATTTCAAAGTCTACTATTGAAGATATTAAGGGTTTTATAAGTGCCATT
GTAGATATTTATAGAGCTTCGTATGGTAAACGCACAGAGCGTCATCCTAGACAGTGTGTG
TTTGTAGGGACAACCAATAACTATGAGTTTTTAAAAGACCAAACAGGCAATCGTCGTTTT
TTCCCTATTACGACAGATAAAAATAAAGCAACTAAAAGCCATTTGACGATCTAACACCA
GATGTTGTGCAACAAATGTTTGCCGAAGCTAAAGTATATTTTGATGAGAATCCGACGGAT
AAAGCATTGTTGCTAGATAAAGAAGCGAGTGAATGGCTTTAAAAGTCCAAGAAGCTCA
TTCTGAAAAAGATGCTTTAGTTGGAGAAATAGAAGAATTTCTTGAACGTCCTATTCCGTC
AGACTACTGGTATAGAACGTTAGAAGAAAAAAGAGTGTCTGCGCATGGTGTATAGACC
AAGACTATATTAATTTATATGGTGTGTTAAATTGATTGAATTACCGAATACAAAACAG
GTGCTTATGTATGGCGTGACAAGGTATGTAGCATGGAAATTTGGAAAGTGATGATGAAAC
GAGATGACCAACCACAACAACACCATTTAAGAAAAATTGATAAAGCGTTAAGAAATACA
AATTATTGTGACATTGTGAAAAAGCAAACGCGATATGGTGAAGGTATTGGTAAGCAATAT
GGCTTTAGTGTAGATTTAGCTTCTTATTATCAGAACTTAAAGTTTAG

> **Q5HHI6**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q5HHI6_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[7814:8455:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 26720 ... 27362; Length: 642 bp

Sequence:

```
ATGAACATAGAAACTGTAGTAAATGAATTTGAAACACAAGCAGGCACGTTACTAAGGTA
CTACACTGGATTATTAGAACATAGTAAAGTACAACCGTATTGCTTTAAGTTATACAATGA
TCCGTTTGATATGGTTTATGTGATGATGAACGGGAAGTTATTCGGTCATGTATATATTTAAA
GATTGTAAAGTAAGGCAATCATTGGAATTAGCGTCACCTAAGCACACTGAGGGGCTTATA
AGAAGTATAGAAGGTCATTATGTAGGTTATGAATTACATGACGGTAAACAGCTTTCTATT
AGTGATATGATGGCCAGTCAATTATTTGAAGATGAGTATTTTATGTATGGATTACAAACA
TATGCAGAATCAAATAATAGTGATGTGTTGAGTACCTAGAAAATGGATTTGATACCGAT
ACACTTGAGGGCATTCAATCGAGTAATACTGATGTGATATCGAATATTGAAATGTTGTAT
CAGATAGCTACGGGAATCAATGAACCAGCACCAGAGTTAGTTGAGGGGTTGAGATTAGT
AACTGAGTTTGTACAAGATGAGAAGGCTGCACAAGAGGATTACACGGGGTTAGAACGTA
AATTGAATGATCTAAAAGCGTCTTATTATAGTATAAGTAAATAA
```

> **Q5HHI1**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q5HHI1_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[5047:5388:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 29787 ... 30129; Length: 342 bp

Sequence:

```
ATGGATAAAAAGCAAATAAAAAGGCTTCGTGTGTGATTATCATAAGCGAACTAGAAGTGA
TGTATTAATAGATGATGATATAAATACTGATGAATTTCTTTTCAATAGGTGATGAAAATCT
AATGAATGGATGACAGACGATAATGTTGATGATCATATTATAAAGAATCACTTAGAAATG
ATTGTTGACCGAGTAGCTAATGATAAAGAGTTTTATATTTTCGATTCTTTAATACAAGGAC
GTAGTTATCAAGATATTAGTAGTGTCTTAGATTGTTCTGAACAATCTGTAAGATTATGGTA
TGAAACCTTATTAGATAAAATTGTGGAGGTGATAGAATGA
```

> **terminaseS-phiPT1028**

Function: protein coding sequence; bacteriophage terminase small subunit (mobile element)

Best match: terminaseS-phiPT1028_CC030_MRSA252_BX571856.1[420468:421037] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 30125 ... 30695; Length: 570 bp

Sequence:

```
ATGAGTGAGTTAACGGCAAAGCAAGCGCGTTTTGTGAATGAGTATATAAGAACACTTAAT
GTGACACAAAGTGCCATAAAAGCAGGTTATAGCGCAAATAGTGACATGTGACAGGGTG
TAGGTTATTAAGAAGCCACACATCAAGCAATATATAACAAGAACAAAAGATAAGATTA
TAGATGAGAATGTATTAAGTCAAAAAGAGTTACTACATGTGCTTACGAATGCGGCAGTCG
GTGACGAAACAGAAACGAAAGAAGTTGTGGTCAAGCGTGGGGAATATAAAGAGAATCCA
CAAAGTGGCAAAGTACAGTTAGTCTATAATGAACATGTTGAACTGATAGAGGTGCCAATT
AAGCCAAGTGATCGTTTTAAAGCTCGTGATATGTTGGGTAAATACCATAAGTTATTTACA
GATAAGCATGATATCAACGGGGATGTTCCCTATATTCATTAACATTGGTGAATGGGACGGA
GACGATGAGGAATTAGATAAAACTGTAAAAGATGTATCTAACGCTAATCCTAACCATACT
GTGATTGTGGATGATATACCGTTAGAGGATTGA
```

> **Q6GJT2**

Function: protein coding sequence; putative bacteriophage protein (mobile element)

Best match: Q6GJT2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[878889:879857] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 30971 ... 31940; Length: 969 bp

Sequence:

```
ATGAAGCCATTTGAAAGTCATAATAAACAATTGAAAATTCTAAGAAGAAGAGGAATGGA
AGTACCGAGTAGTGCTAAAAGAGATTTAGAAAATGAAAATTATTATAATATCATAAATGG
TTATAAAGATTTATTTTTAGAACTAGATGTTAATGGTAATTTTTTGGTTCCTGATAAATAT
AAGCAAGGTAATCTATTTAAAGAAGTCTTTTCTTTATACAACTAGATAGAAAATTTAGG
```

AATGTTTTATTAGAGTATTTGTTAGTATTTGAAACTCATATTAATCAAGAATTCATATT
ATTTTAGCGAAAAATATAGAGAACCACATTCATATTTATACTTTAAAAATTATTCATCTGA
CACAAGTAAGACAGATAGCATCGTGAAAATGGTTGCTACATTTAGCTCGGTTATGAGTAA
TAGAAAAAATAAACCATTAACACATTATATTAATACTCATAATGGAGTGCCACTATGGAT
ATTGGTGAATTATTTAACTTTAGGTAATGTTTCAAAAATGTATTCCAATTTGGATGATGAT
CTTCGATTGGAAGTTGCTAAAGACTATAAAAGGAAATTGGAAAGAGATTATAAAACACG
TGTTCAAATAACTCCATCAGATGTAGACAGTATACTACAACAAGCACATATGTTTCGTAA
CGTGTGTGCGCATGAAGAAAGATTGTATGATTATAAAAATAGACAGGGCTAAAAGTAGAG
CTAATATATTCGCCAATTATAACAAAATATACGATAAAGAATACGTTCCCTACAATGAATG
GTAGTTATGTATTCGATTTGTTGATTTCACTATGTCTATTTTTGAATAAACATGATTACATA
AAATTGATGAAAAATATGGATAAACTAATAAGTAATTATTCACATTCCTTCTATACAATT
ACTATAGATGACCTATATACAAAATGAATTTCCAGATCAAACAAAATACTGGATATG
TTATAA

> **ear**

Function: protein coding sequence; enterotoxin-linked ampicillin resistance protein (mobile element)

Best match: ear-MNDon_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[2485:3039]RC (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 32136 ... 32691; Length: 555 bp

Sequence:

CTAGTTTATAGTTATTTTATCTATGTCCTTCTTGTATAACATATAATTCTTATGCTCAGTAA
AATCTTGTCCAACACTATTCCAGAGATTTTAGGATCTTTTTGGTCTTTACTATGAATGGTACT
TTATCACCATCTTTAATGATTTTCTGTCTTTTAATTTGTTAGTTAAATTCTTCCATGTATT
ATTAGCATCAATTCTTTCGTTGAAATTAATAATTTACTTTTTTGATATTAATAGTAGTTA
AACTTTCAATATCTATATTTTGTTCGAAAAATCTCCATTAGAGTTCCCATTTGCTGAAAT
TTTATTTTCGCTACCATTTTCAATTTATAATTAACATCTATTGTTTCATTTTCATTTCCATC
AATTATATTAGCCTCTTTCAAAGCATCTCTTACATTTTCCACAACCTGTCCGTCTGTTGTT
CAGCAGCTTTTGCAACGTTATTAATACCATTATAATTTGAAGAAGAATGAAAACCTGAAC
CTACTGTTGTTAAAATAATGCACCTTGCTATCAATGTTTTTGTAAATAGTTTTTTATTCAT

> **entC**

Function: protein coding sequence; enterotoxin C (mobile element)

Best match: entC-MW2_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[901:1701:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 33474 ... 34275; Length: 801 bp

Sequence:

ATGAATAAGAGTCGATTTATTTTCATGCGTAATTTTGATATTTCGCACTTATACTAGTTCCTTT
TACACCCAACGTATTAGCAGAGAGCCAACCAGACCCTACGCCAGATGAGTTGCACAAAT
CAAGTGAGTTTACTGGTACGATGGGTAATATGAAATATTTATATGATGATCATTATGTATC
AGCAACTAAAGTTATGTCTGTAGATAAATTTTTGGCACATGATTTAATTTATAACATTAGT
GATAAAAACTAAAAAATTATGACAAAGTGAAAACAGAGTTATTAATGAAGATTTAGC
AAAGAAGTACAAAGATGAAGTAGTTGATGTGTATGGATCAAATTACTATGTAACTGCTA
TTTTTCATCCAAAGATAATGTAGGTAAGTTACAGGTGGTAAAACCTTGATGTATGGAGG
ATAACAAAACATGAAGGAAACCACTTTGATAATGGGAACCTTACAAAATGTACTTATAA
GAGTTTATGAAAATAAAGAAACACAATTTCTTTTGAAGTGCAAACTGATAAGAAAAGT
GTAACAGCTCAAGAACTAGACATAAAAGCTAGGAATTTTTTAATTAATAAAAAAATTTG
TATGAGTTTAAACAGTTCACCATATGAAACAGGATATATAAAATTTATTGAAAATAACGGC
AATACTTTTTGGTATGATATGATGCCTGCACCAGGCGATAAGTTTGACCAATCTAAATATT
TAATGATGTACAACGACAATAAAACGGTTGATTCTAAAAGTGTGAAGATAGAAGTCCAC
CTTACAACAAAGAATGGATAA

> **entL**

Function: protein coding sequence; enterotoxin L (mobile element)

Best match: entL_part_CC001-ST772_118_AJGE01000036.1[28:734]RC

Position: 023-contig_244_RC: 34441 ... 35148; Length: 707 bp

Sequence:

TCATCTTTTTGAAATTTTCGACATCTAGATGAAATTGTGTTGAACCAACAGTTTTATTATCT
TTGTAAATTTTTAAGAAGCTTTCTGGAAGACCGTATCCTGTGTAAAATAAATCATACGAG
AAATTAGAACCATCATTTCATATGAAATACTACACTCCCCTTATCAAAACCGCTATAAAAT
TTTGAAGAAGTGCCGTATTCTTTACCTTTACCAGTATCATTGTGTCCATAAATATTAAT
CATCTTGCAAGTATTTTCTTAGTTTGACATCTATTTCTGTGCGGTAACCATTTTTTTATCT
GTAGAAACACTTTTAGTTGTAAGTGTGATGCTTGCCATTGATAATTAATTTATAGGTA
TTATTCTTGGCGAATCTAATTTATTGTTTTCTGCTTTAGTAACACCACCATATATAGTACG
AGAGTTAGAACCATATTTATAGCTTATACCAAAAACATCGACATTTTTCCCTTTAGATCAC
TAGTTATATATTCATTGTCAAATTCAGCATACAATGTATCATTTTTTATACGAGTATTCTAA
GCGGTGTGATTCTGGTGAATTTTTGTCTTTAACATTCTTTAAATTCACATATTCATATTTAG
TATAAAAATTTCTTAGGTTTCCTGTACCTACATCGCCGTTAGATAAGACTGTATGATTAGA
AGAAAAATAAATAAAGTAATAACAATTACAAATAA

> **dfrG**

Function: protein coding sequence; dihydrofolate reductase (mobile element)

Best match: dfrG_CC008_930918-3_ABFA01000044.1[6452:6949:r] (completely identical)

Position: 023-contig_244_RC: 35419 ... 35917; Length: 498 bp

Sequence:

ATGAAAGTTTTCTTTGATTGCTGCGATGGATAAGAATAGAGTGATTGGCAAAGAGAATGAC
ATTCCTTGGAGGATTCCCAAGGACTGGGAATATGTTAAAAATACTACAAAGGGACATCCG
ATAATATTAGGTAGGAAGAACCTTGAATCAATCGGAAGAGCCTTACCTGACAGAAGAAA
TATTATTCTGACGAGAGATAAGGGGTTTACCTTTAATGGTTGTGAAATTGTTCAATCAATA
GAAGATGTTTTTGAGTTATGTAAAACGAAGAAGAAATTTTTATTTTCGGAGGAGAACAG
ATTTATAATTTGTTTTTCCCTTATGTTGAGAAAATGTACATCACAAAATACATCATGAAT
TCGAAGGAGATACTTTTTTCCAGAAGTGAATTATGAGGAATGGAATGAGGTATTTGCC
AAAAGGGATAAAGAATGATAAAAATCCGTATAACTACTATTTTCATGTATATGAAAGA
AAAACTTATTGAGTTAA

> **attB_nySa3**

Function: attachment site of genomic island nySa3 carrying entL/entC in MW2 (mobile element)

Best match: attB_nySa3_occupied_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[853791:853848:r]RC
(completely identical)

Position: 024-contig_320: 318 ... 376; Length: 58 bp

Sequence:

AACTCCCGCCGTCTCCATATTTGTAGCCTACAACCTTTGTGGATGTGGGCTTTTTTAT

> **tx_ssrA**

Function: rho independent terminator of ssrA (tmRNA)

Best match: tx_ssrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[853801:853855]

Position: 024-contig_320: 328 ... 358; Length: 30 bp

Sequence:

GTCTCCATATTTGTAGCCTACAACCTTTGT

> **Q6GIK8**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (genomic island)

Best match: Q6GIK8_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1[884556:885170]

Position: 024-contig_320: 850 ... 1465; Length: 615 bp

Sequence:

ATGAATGACTTGAGTTTATCTTCATTTTTGAAACGCAGTAACAAATTTATGCAATTCAATT
GTTTTATTTGTTTGATTCTAATAATAGTATTTTACATAATTGGTATGAATATACAGGACTTT
AGTGATTTTCCTAGTAAAGATTTAAATCATAAAGTGACTTATAATTTAATGGGTTTTTGG
AGATATTTGTTAATAATGCTTTTATAGTTCCCTTTGGTGTCACTTATATTATCGATAATACCA
ATACCATATTTGTATTTTATTCCTACAATTTCTACAATTTATTCATTGTCGGTTATTATTGG
GGTTACATTTTCATATAAATTAACGAAGGGATAGCTATTTTTATTGGTATTTTGCCTCAT
GGTATTTTAGAAATATACTTAACAAGCATTGAACTATCAATGTTATTCTTATTAATGCGT

ATATTAGAAAAAATTCAATGAATTTATTTAGAAAAAGAAAAGAGACATTGCCAAAATTTT
TTGTTTTATTTAAATCAATAGTAAAGTGTTACCTGCTAATATTTTTACCTGTGGCATTTTTA
TGCGCTTTAATTGAAATTACTGTTACACCAACTGTTACAAATTTTTAACTAATATAATAT
AG

> **Q1YB79**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, variable)

Best match: Q1YB79_CC001-ST772_118_AJGE01000024.1[1795:2523:r]RC (completely identical)

Position: 024-contig_320: 1749 ... 2478; Length: 729 bp

Sequence:

TTATACTTCATCTAAACCACTGTGGTCGTCATCTTTTTGCTTTTCTTTTTCTTCTCTCGTTC
TTGTTCTTTTTGTACTCTTCTCAAATTCCTTTTTCTTTCTTTCTACTTCTTCTCTTGTTC
GCTCTATGAGAAAAATCTTCGGTTTTAAGTTACTAAATTTGAATGATTTAGAATCAACTG
TTTTATCTTCTGAGTATTTATGGACATTTAAATTAATATTTCCATCACCTCTTAACTCATAG
ATGAACATGGCTTGTGCAGTTTTGTCTTTTTAATTTGATCTTGGTTATGTTCTGTCCAATC
TTATATTTTTATCACTTAAAAGATAACCATCTCTTAATTTATTTACTGTATTTTTATCAT
CTTGAGTAATATTAATATAGTCATGAGAAATAGAAGATGGATTTAAATCTTTATCGTCTTT
TTTAGCAGTAATTTCCATTTTAAAAGCGATATATTTCTTTTTCTCATCTTTTTCAATTGATGA
TAAACGGTCTTTTATTTAGCTTCAAATTTGTCACTAACAATAGTATCGCCTTTAATTTTT
ATATCCATATTTTTTTGCTTTTAAATTCCTTAAAGTCTTCATTTAATTCCTTCATTGTCATTT
TCTTTCTTTTTGTGACTAGTCTCTTTTTTTGCACTATCTTGATGATGTCCACAAGCACC
TAAGATAAGTGTACTTGCTAATAATATCCCATTACTTTTTTCAT

> **Q5HHN0**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q5HHN0_CC001-ST772_118_AJGE01000024.1[3121:3642] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 3075 ... 3597; Length: 522 bp

Sequence:

ATGATTAACATTATTTTCAGCTATAGGATCTATTGGAACATTTATTATGGCTTTATTTTTATT
TGTATCAGTTTCAGTTCAACTTTATCAAATGAAAATTAGCTTTCTGCCAGCTTTAGGTTTT
AACCAAATTTTATTAGAAAGGGAGGAGGATCAACTTAATATAATGAATTCGGCAACAGA
AGAGCATCATCATAAAGATTATATTAACCTATATAATTTAGGTGGCGGTGCTGCTAAAAA
AATTGCAATAGAGGTTTTATTGGGTAATGATAAAGTCATTCAGAAAAAATACGTGAATAT
TTTACCTAGTAAAGAAGGGGACATGTTACCAATTAATAAAAATGTGTACGAAGAATTAGA
AAGAACGATTGAGAACAATGGTTATGAAGCTGATTTGAATGTACGTATGACTTATTATCA
TAATGTAAGTCGCAAACAACAGGAAGTTATATTAAGAAGTCAAATCGACCGTTTTAATAC
TTATAATAATAAAGAAATTTATGATTTGCAGTTTATCTAA

> **Q1XZI1**

Function: protein coding sequence; putative acetyltransferase/GNAT family (core genome, constant)

Best match: Q1XZI1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[886369:886899] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 3735 ... 4266; Length: 531 bp

Sequence:

ATGCAAATTAGACAAATACATCAACATGACTTTGCTCAAGTTGACCAGTTAATTAGAACG
GCATTTGAAAATAGTGAACATGGTTATGGTAATGAATCAGAGCTAGTAGACCAAATTCGT
CTAAGTGATACGTATGACAATAACTTAGAAATAGTAGCTGTTCTTCAAACGAAGTTGTA
GGGCACGGTTTACTAAGTGAAGTTTATCTTGATAACGGAGCACAAACGGGAAATTGGATTA
GTGTTAGCACCTGTATCTGTTGATATTCATCATCAAATAAAGGTATTGGGAAGCGATTG
ATTCAAGCATTAGAACGAGAAGCAATATTAAGAAGGATATAATTTTATCAGTGTATTAGGA
TGGCCGACGTATTATGCCAATCTAGGATATCAACGCGCAAGTATGTACGACATTTATCCA
CCATATGATGGTATACCAGACGAAGCGTTTTTAATTAAGAATTAAGAAGTGAACAGTTTA
GCGGGAAAAACAGGTACCATAAATTACACATCTGCTTTTGAAAAAATATGA

> **clfA**

Function: protein coding sequence; clumping factor A chv

Best match: clfA-Mu50_CC005_04-02981_CP001844.2[845954:848671]

Position: 024-contig_320: 4528 ... 7408; Length: 2880 bp

Sequence:

ATGAATATGAAGAAAAAAGAAAAACACGCAATTCGGAAAAAATCGATTGGCGTGGCTTC
AGTGCTTGTAGGTACGTTAATCGGTTTTGGACTACTCAGCAGTAAAGAAGCAGATGCAAG
TGAAAATAGTGTTACGCAATCTGATAGCGCAAGTAACGAAAGCAAAAGTAATGATTCAA
GTAGCATTAAATGCTGCACCTAAAACAGACAACACAAACGTGAGTGATACTAAAACAACG
TCAAACACTAATAATGGCGAAACGAGTGTGGCGCAAAATCCAGCACAACAGGAAACGCAC
ACAATCATCATCAACAAATGCAACTGCGGAAGAAACGCCGGTAACTGGTGAAGCTACTA
CTACGACAACGAATCAAGCTAATACACCGGCAACAACCTCAATCAAGCAATACAAATGCG
GAGGAATTAGTGAATCAAACAAGTAATGAAACGACTTCTAATGATACTAATACAGTATCA
TCTGTAAATTCACCTCAAAATTCTACAAATGCGGAAAAAGTTTCAACAACGCAAGTACT
TCAACTGAAGCAACACCTTCAAACAATGAATCAGCTCCACAGAGTACAGATGCAAGTAA
TAAAGATGTAGTTAATCAAGCGTTAATACAAGTGCGCCTAGAATGAGAGCATTTAGTTT
AGCGGCAGTAGCTGCAGATGCACCGGCAGCTGGCACAGATATTACGAATCAGTTGACGA
ATGTGACAGTTGGTATTGACTCTGGTACGACTGTGTATCCGCACCAAGCAGGTTATGTCA
AACTGAATTATGGTTTTTCAGTGCCTAATTCTGCTGTTAAAGGTGACACATTCAAAATAAC
TGTACCTAAAGAATTAACCTTAAATGGTGTAACTTCAACTGCTAAAGTGCCACCAATTAT
GGCTGGAGATCAAGTATTGGCAAATGGTGTAAATCGATAGTGATGGTAATGTTATTTATAC
ATTTACAGACTATGTAAATACTAAAGATGATGTAAAAGCAACTTTGACCATGCCCGCTTA
TATTGACCCTGAAAATGTTACAAAGACAGGTAATGTGACATTGGCTACTGGCATAGGAAG
CAATACTGCTAGTAAGACAGTTTTAATCGACTATGAGAAATATGGACAATTCCATAATTT
ATCAATTAAGGTACGATTGATCAAATCGACAAAACAACAATACGTATCGTCAAACGA
TTTATGTCAATCCAAGTGGAGACAATGTTGTATTACCAGTGTTAACTGGTAATCTAATTCC
TAAGAGTAATAGTAATGCTTTAATAGATGCCAACAATACTAATATTAAGTTTATAAAGT
GGATAATGCTGATGATTTGTACATAGTTATTATGTGAATCCAAATGATTTTGAAGATGTA
ACAGATCAGGTCAGAATTCATATCCTAATGATAATCAATATAAAGTAGAGTTTCCAACA
GACGATGATCAAATTACAACACCGTATATTGTAGTTGTTAATGGTCATATTGATCCGAAT
AGCAAAGGTGATTTAGCTTTACGTTCAACTTTATATGGATATGACTCAAGGTTTGTATGGA
GATCTATGTCATGGGACAACGAAGTAGCATTTAATAACGGATCAGGTTCTGGTGACGGTA
TCGATAAACCAGTTGTTTCTGAACAACCTGATGAGCCTGGTGAAATTGAACCAATTCCAG
AGGATTCAGATTCTGACCCAGGTTGAGATTCTGGCAGCGATTCTAATTCAGATAGCGGTT
CAGATTCGGGTAGTGATTCTACATCAGATAGTGGTTCAGATTCAGCGAGTGATTTCAGATT
CAGCAAGTGATTTCAGACTCAGCGAGTGATTTCAGATTTCAGCAAGTGATTTCAGATTTCAGCA
GTGATTTCAGACTCAGCAAGTGATTTCAGATTTCAGCAAGCGATTTCAGATTTCAGCGAGTGATT
CCGACTCAGCGAGCGATTTCAGACTCAGGTAGTGACTCAGATTCCGATAGCGATTCCGACT
CAGATAGCGACTCAGATTTCAGACAGCGATTCTGACTCAGACAGTGACTCAGATTCCGATA
GCGATTCCGACTCAGACAGTGACTCAGATTCCGATAGCGATTCCGACTCAGACAGTGACT
CAGATTTCAGATAGCGATTTCAGATTCCGACAGTGATTCCGACTCAGATAGCGATTCCGACT
CAGATAGCGACTCAGATTTCAGACAGCGATTTCAGATTTCAGACAGCGATTTCAGATTTCAGATA
GCGATTTCAGATTCCGACAGTGACTCGGATTTCAGATAGCGATTTCAGATTCCGACAGTGACT
CAGATTCCGACAGTGACTCAGACTCAGACAGTGATTTCGGATTTCAGATAATGATTCCGATT
CAGATAGTGATTCCGACTCCGACAGTGACTCGGATTTCAGATAGCGATTCCGACTCAGACA
GTGACTCGGATTTCAGACAGCGATTTCAGACTCAGATAGCGACTCAGAATCAGACAGCGAC
TCAGATTTCAGATAGCGACTCAGACTCGGATAGCGATTCCGACTCAGATAGCGATTCAAAC
TCAGACAGCGATTTCAGATTTCAGACAGCGACTCAGACAGTGACTCAGATTTCAGATAGTGAC
TCGGATTTCAGATAGCGATTTCAGATTCCGACAGCGACTCAGATTTCAGATTTCAGCGAGTGAT
TCCGACTCAGAAAGTGATTCAAATAGCGATTCCGAGTCAGGTTCTAACAATAATGTAGTG
CCGCTAATTCACCTAAAAATGGTACAAATGCTTCTAATAAAAAATGAGGCTAAAGATAGT
AAAGAACCATTACCAGATACAGGTTCTGAAGATGAAGCGAATACGTCACTAATTTGGGG
ATTATTAGCATCATTAGGTTCACTACTTTTCAGAAGAAAAAAGAAAAATAAAGATAA
GAAATAA

> **vwb**

Function: protein coding sequence; van Willebrand factor binding protein chv

Best match: vwb-21266_ref_CC012_21266_AFTT01000017.1[724348:725869:r]

Position: 024-contig_320: 7628 ... 9158; Length: 1530 bp

Sequence:

```
TTGAAAAATAAATTGCTAGTTTTATCATTGGGAGCATTATGTGTATCACAAATTTGGGAA
AGTAATCGTGCCTGTGCAGTGGTTTTCTGGGGAGAAGAATCTATATGTATCTGAGTCATTG
AACTAAATGATAACAAAAGTAAAAGCTTATCATTAGAAAAGTATAAAGAGAGTCTTAG
AAGTATAATGTGTACAAAAGAAATCAACAAAATGATGGATATGATGAGCCTGAATATA
AAGAAGCACTGAATACTTACAGAAAAAATTATTTGCTGAATTAGATGCACTTAATAAAT
TTTTAGATGAAGAGAGAAAAATAGCCAGTTACATTAAAAAAATATGGAAGTGCCAAGT
AATATTTTAGGATTAACACACGGTAGGTATACAGCAATATATAATGCAATTAAGAAAAT
AAAAATGAATTCGAAAAAATGTAGAAAATATTGAAAGTAAGCATCTGGATTTAAAAAG
GTTTGTATGAAGACAAAGATTATGAAGCAAGAGTTAAATTAATGAATTAGAAAATAAAG
TTTTAATGTTAGGTCAAGCTTTTCCTGATAAAGTAGATGCTAGAGAAAAGTCTTTATAATA
ATTGGATATGATTGTTGGTTAAGTAATGATGAAATTGAAGAAAGACATCCTCAAAATGA
AAGTTATTAAGAACGAGTTGAAGATTTAGAAACAATTATCGATGAATTCCTTAATGA
CATAGGTGAAAATAGACCGGAGAATATATCGCCATTAACATAAATGAATATAAAAAATA
AGGAAATGATTACAAAGCTAAAATCTGACACTGAAGCAGCTAAAAATGACGAAAACAAG
AGATGTAATCGAAGTAAAAGAAGTTTAGATTCTCAAATTATAAATCTGCTTCACAAGAA
GTAACCTGCAGAGCAAAAAGCAGAATATGAAAAAAGAGCTGAAGAAAGAAAAGCGAGAT
TTTTGGATAATCAAAAATTAAGAAAACACCTGTAGTGTCTATTAGAATATGATTTTGAGC
ATAACAACGTATTGACAACGAAAACGACAAGAACTTGTGGTTTTCTGCACCAACAAAG
AAACCAACATCACCGACTACATATACTGAAACAACGACACAGGTACCAATGCCTACAGTT
GAGCGTCAAACCTCAGCAACAAATTATTTATAATGCACCAAAAACAATTGGCTGGATTAAT
GGTGAAGTCATGATTTTCAACAACGCATCAATCACCAACAACCTTCAAATCACACGCAT
AATAATGTTGTTGAATTTGAAGAAACGTCTGCTTTACCTGGTAGAAAATCAGGATCACTG
GTTGGTATAAGTCAAATTGATTCTTCTCATCTAACTGAACGTGAGAAGCGTGAATTAAG
CGTGAACACGTTAGAGAAGCTCAAAGTTAGTTGATAATTATAAAGATACACATAGTTAT
AAAGACCGATTAAATGCACAACAAAAGTAAATACTTTAAGTGAAAGTCATCAAAAACG
TTTTAATAACAAATCAATAAAGTATATAATGGCAAATAA
```

> **sspECM**

Function:

Best match: sspECM_CC008-ST72_21259_AFTS01000012.1[77685:78707:r] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 9508 ... 10531; Length: 1023 bp

Sequence:

```
ATGAAAAAGAAATTATTAGTTTTAACTATGAGCACGCTATTTGCTACACAACCTTATCAATT
CAAATCACGCTAAAGCATCAGTGACAGATAGTGTGACAAAAAATTTGTAGTTCCAGAAT
CAGGAATTAATAAAATTATTCCAGCTTACGATGAATTTAAGAATTCGCCAAAAGTAAATG
TTAGTAATTTAACTGACAATAAAAACCTTTGTAGTTTCTGAAGACAAATTGAATAAGATTG
TAGATTCATCGGCAGCTAGTAAAATTGTAGATAAAAACCTTTGCCGTACCAGAATCAAAGT
TAGGAAACATTGTACCAGAGTACAAAGAAATCAATAATCGCGTGAATGTAGCAACAAAC
AATCCAGCTTCACAACAAGTTGATAAGCATTTTGTGCTAAAGGCCCAGAAGTAAATAGA
TTTATTACGCAAAAACAAAGTAAACCACCACTTCATTACTACGCAAACCCACTACAAGAAA
GTTATTACTTCATACAAATCAACACATGTACATAAACATGTAATCATGCAAAGGATTCT
ATTAATAAACACTTTATTGTTAAACCATCAGAATCGCCTAGATATACACATCCATCTCAAT
CTTTAATTATCAAGCATCATTTTGCAGTTCTGGATATCACGCGCATAAATTTGTAACACC
TGGGCATGCTAGCATTAAAATTAATCACTTTTGTGTTGTGCCACAAATAAATAGTTTCAAG
GTAATTCACCATATGGTCACAATTCACATCGTATGCATGTACCAAGTTTCCAAAATAAC
ACAACAGCAACACATCAAATGCTAAAGTAAATAAAGCATATGACTATAAATACTTCTAT
TCTTATAAAGTAGTTAAAGGTGTGAAGAAATATTTCTCATTTTCACAATCAAATGGTTATA
AAATTGGGAAACCATCATTAATATCAAAAATGTAATTAATCAATATGCTGTTCCAAGTT
ATAGCCCTACACACTACGTTCTGAATTTAAGGGTAGCTTACCAGCACCACGAGTATAA
```

> **vwb2**

Function: protein coding sequence; truncated "van Willebrand factor" binding protein chv

Best match: vwb2-Mu50_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[863297:863818]

Position: 024-contig_320: 10865 ... 11387; Length: 522 bp

Sequence:

```
ATGAAAAGGAAAGTATTAGTACTAACAATGGGTGTAATTTGTGCAACTCAATTATGGCAT
TCTAATCAAGCAAACGCATTAGTGACAGAGAGTGTGAAACTAATTTTGTGTAAAAGAT
TCGGATAATAAAAATATTTTACAACCCCATACTGAAATTACTACTGAGGAGAAATTTTCA
ATAGTAGAAAAGAGTCCATTAATAAATTAATACTACTATCTAATGACAACTACATAGAA
TATGATTTACATACTAATCAAACAGGCATTAATAAAGGTTGGTTTTATGGTTATAGTGAA
ATTGACTCATCACATTTACAGACCGTGATAAACGTGTTATTAGACGTGATCATGTTAAA
GAAGCACAAAGCTTAATTAACGATTATAAAGATACACAAAGCTATGAAGATCTCGCTAA
GGCAACTGCAAAAGTAAGTACACTTAGTCAGTCTCACCAAATTTAAATAAACAAAT
TGATAAAGTGAATAATAAGATAGAGAAAACCTGAAAAACGCTAA
```

> **tx_vwb2**

Function: rho indepenednet terminator of vwb2

Best match: tx_vwb2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[863934:863988] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 11502 ... 11557; Length: 55 bp

Sequence:

```
TGTCTCGATATGATAGTCTGCAACGATTCATGTTGTAGGCTTTTTAATTTTACAA
```

> **nuc1**

Function: protein coding sequence; thermostable extracellular nuclease (core genome, variable)

Best match: nuc1_CC001-ST772_118_AJGE01000037.1[4954:5640] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 11727 ... 12414; Length: 687 bp

Sequence:

```
ATGACAGAATACTTATTAAGTGCTGGCATATGTATGGCAATTGTTTCAATATTACTTATAG
GGATGGCTATCAGTAATGTTTCGAAAGGGCAATACGCAAAGAGGTTTTCTTTTTTCGCTA
CTAGTTGCTTAGTGTTAACTTTAGTTGTAGTTTCAAGTCTAAGTAGCTCAGCAAATGCATC
ACAAACAGATAACGGCGTAAATAGAAGTGGTTCTGAACATCCAACAGTATATAGTGCAA
CTTCAACTAAAAAATTACATAAAGAACCTGCGACATTAATTAAGCGATTGATGGTGATA
CGGTTAAATTAATGTACAAAGGTCAACCAATGACATTTAGACTATTATTGGTTGATACAC
CTGAAACAAAGCATCCTAAAAAAGGTGTAGAGAAATATGGTCCTGAAGCAAGTGCATTT
ACGAAAAAATGGTAGAAAATGCAAAGAAAATTGAAGTCGAGTTTGACAAAGGCCAAA
GAACTGATAAATATGGACGTGGCTTAGCGTATATTTATGCTGATGGAAAAATGGTAAACG
AAGCTTTAGTTTCGTCAAGGCTTGGCTAAAGTTGCTTATGTTTATAAACCTAACAAATACACA
TGAACAACCTTTTAAGAAAAAGTGAAGCACAAGCGAAAAAAGAGAAATTAATATTTGGA
GCGAAGACAACGCTGATTCAGGTCAATAA
```

> **tx_nuc1**

Function: rho-independent terminator of nuc1

Best match: tx_nuc1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[864845:864896] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 12413 ... 12465; Length: 52 bp

Sequence:

```
ATGCTCATTGTAAGTGTCACTGCTGCTAGTGGCACTTTTATAATTTTGG
```

> **csp**

Function: csp_thermoswitch

Best match: csp_thermoswitch_CC001-ST772_118_AJGE01000037.1[5892:6239] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 12665 ... 13013; Length: 348 bp

Sequence:

```
AAGAGCGTGAAGAAAAATGTGAGTTATTTATATAGAATATTCTCCTTTTCATTTATGAATT
TGTTACAAAATATTTAGTGCAAAAGCACGACGGAGGTATTCAATATGAATAACGGTACAG
TTAAATGGTTTAAATGCAGAAAAAGGTTTTGGTTTCATCGAAAGAGAAGATGGTAGCGACG
TATTCGTACATTTCTCAGCAATCGCTGAAGATGGATACAAATCATTAGAAGAAGGCCAAA
```

AAGTTGAATTCGACATCGTTGAAGGCGACCGTGGCGAGCAAGCTGCAAACGTAGTTAAA
ATGTAATTTTAACTTATTCAAACAGCCCTTACTATAGGGCTGTTTTTT

> **cspC**

Function: protein coding sequence; cold shock protein C (core genome, constant)

Best match: cspC_CC001-ST772_118_AJGE01000037.1[5997:6197] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 12770 ... 12971; Length: 201 bp

Sequence:

ATGAATAACGGTACAGTTAAATGGTTTAAATGCAGAAAAAGGTTTTGGTTTCATCGAAAAGA
GAAGATGGTAGCGACGTATTCGTACATTTCTCAGCAATCGCTGAAGATGGATACAAATCA
TTAGAAGAAGGCCAAAAAGTTGAATTCGACATCGTTGAAGGCGACCGTGGCGAGCAAGC
TGCAAACGTAGTTAAAATGTAA

> **Q1Y1Z8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q1Y1Z8_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[895999:896217:r]RC (completely identical)

Position: 024-contig_320: 13466 ... 13685; Length: 219 bp

Sequence:

TTAATTTACAGCGTCAAATATACTTATTTCTAATGCTTTGGGGTCTACTGAAACAAGTAAA
GAATGATCGATGTTACTAATATTGCCATTCTCCAAATTTATTTCTGTGAGTATTTGGAAGC
TACCATTAGGCAATGGTTTAAACAATAGACAATTGCTTTTCCGCTTGTGTATTAAAAAAGG
TTTTGTAGATTGATTATTAATATGCCATTCACATCAT

> **Q2G007**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q2G007_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[896279:896563:r]RC (completely identical)

Position: 024-contig_320: 13746 ... 14031; Length: 285 bp

Sequence:

TCAACCAAATTTTGTTCAAATTCATAAATGTCTTGTTTAAAATAGAAATATTGTAAATG
TTATCGTCCAAAATTTACCAGTTAAGTATTTGTTTTGAATTAATAATTTGGCAGTTAGTTA
AGAAGTCTTGATAATCACGATCGCAAAAATAGTTTTCACGTGCATCTTTAGCATCGCCAA
AAAAGTTAGCGACTGTTTCTGTTTCTCATTATTCGAACGTTCAATATATAATTTGTAAAA
TTTAGCTATTGTATACTTTTGTCTTTAGTTAGTTCAATCAA

> **Q1YB69**

Function: protein coding sequence; putative exported protein (core genome, constant)

Best match: Q1YB69_CC001-ST772_118_AJGE01000037.1[7345:7914:r]RC (completely identical)

Position: 024-contig_320: 14118 ... 14688; Length: 570 bp

Sequence:

TTAATAAGCTTTAACAAGCCTTAGTTTGTATGGATCTATAAAATTATCTTTAATTGCATAG
GGTGAAATAATATGTAGTCCATAACTTTTAACTGATTTTTCACTTACACCAAATTTATAAG
CTTGGTAGATAATTTTAGTACAATACGTAAATTTTTGCTGTTCAAATTTAATGTAAGTACTAG
ATAACGATGATTTGTATTCTCATAGTTTTTCTTAACCCAGTCAGCCGCTTTTTTACCTGCAC
CAGGATAGCTGCAACGATAAACTTTCATCCAATCATTTTTGCCACTTGCATAATTATATTT
AAAAGATTCTGAAGGATTGTGTAGTTGGTTTGTGCGCCAGGCCCTCAATTTGTAAAATCGT
TTTATCATCAATCGCGATACTACAATGACCAAAAAATCCCCACATGACAGGGCCTTTTGT
ACAATAATATCACCAGGTTGTAATTGGAATTTGTCATCTTGAATTTCTGAATACTTATTA
TCTGCAATTTGTTTTTGGTGAGTTTATAGGGGATACGACAACGAATAATATAAGTAAAATT
ATCGTTCGTTTAAATATAGTTCAC

> **gpmA1**

Function: protein coding sequence; putative phosphoglycerate mutase

Best match: gpmA1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[868781:869365]

Position: 024-contig_320: 16351 ... 16936; Length: 585 bp

Sequence:

```
TTGTTGGCTAAAACGTTATATTTAATGCGCCACGGACAAACTTTGTTTAATTTAAGGGAC
TAATTCAGGGATTTGGAGATTCGCCGCTAACAGAAGCTTGAATTGCTCAAGCTCAAAGG
CACGTAGTTATTATGAACTAAGGGGATAAACTTCGATTTATATGCATCATCAACGCAAG
AACGCGCAAGTGACACACTTGAAAATGTTGCACCTAACCAATCGTATCAACGTTTTAAGG
GACTGAAGGAATGGCATTGTTGGATTATTTGAAGGTGAGTCAGTCTATCTATTTGATAATCT
ATACAAGCCTGAAGACATATTCGGAGATCGAATTGTTTCCTTTCAAAGGAGAGGGCAAGGC
ACAAGTTGAAGATCGCATTGTGAAAACCTTACATGACATTATGTCTCAAACAAGAATA
ATGCATTAGTCGTGAGTCATGGAACAATAATGGGAGTATTTTAAGATATTGCCTTAAAC
TAGATGAAGCATTAAAGCATAATATCGGTAATTGTAATATCCTGAAATTTGAATATGACA
ATGGAACATTTAAATTTGTTGAGTTAATTGATCCAAATTTATAA
```

> **osmC**

Function: protein coding sequence; osmotically inducible protein

Best match: osmC_CC008_NCTC8325_CP000253.1[806980:807402:r]RC (completely identical)

Position: 024-contig_320: 18673 ... 19096; Length: 423 bp

Sequence:

```
CTAATCTACAACATTTACATTTAAATCGACATTAATATTTTCCTTGAGTCGCTTTTGAATAT
GGACAAAATTCATGAGCCATTTGTAAATATTTTTCAGCTTCTTCTTGAGATATAACATTTT
TAATTGTCGCATCAATTGAAACACTTAATTTAGGACTTTCTGAGTCTGAATCATCTTCTAG
TCTCACTGTTAGTGTTACTTCTGGATGAGCATCACGCCTTTGTTTTGCTTTAAAATTAGG
TCGAAAGCACCGTTGAAGCAAGATGCATAACCTGCTGCAAATAATTGTTCCGGGGTTAGTA
GCTTTACCATCTGCTTGAGCAGGCGGAACGATATCAATATCTAATGCTCGATCATCAGTA
TAAACATGTCTTTACGTCCGCCAACATTCGTGCTTTAGTTTCATAATGTATTGCCAT
```

> **aroD**

Function: protein coding sequence; 3-dehydroquinate dehydratase type I (core genome, constant)

Best match: aroD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[871673:872389]

Position: 024-contig_320: 19243 ... 19960; Length: 717 bp

Sequence:

```
ATGACACATGTGGAAGTAGTAGCGACTATCGCGCCACAATTATCTATCGAAGAACTTTA
ATTCAAAAAATTAATCATCGTATTGATGCAATAGACGTATTAGAATTACGAATTGATCAA
ATTGAAAATGTCACAGTTGATCAAGTGGCAGAAATGATTACAAAGCTGAAGGTTATGCA
AGATTCATTCAAATTATTAGTTACGTATCGTACAAAGTTACAAGGTGGCTATGGGCAATT
TACAAATGACTCGTATCTTAATTTAATATCAGACTTAGCAAATATCAATGGCATAGATAT
GATTGATATAGAATGGCAAGCAGATATTGACATTGAAAAACATCAACGAATCATTACAC
ATTTGCAACAGTATAATAAAGAGGTGGTTATATCACATCATAATTTGAAAGTACGCCTC
CATTAGATGAATTGCAATTTATATTTTTTAAAATGCAAAAATTCAACCCAGAATACGTTA
AATTAGCAGTAATGCCACATAATAAAAATGATGTGTTAAATTTATTGCAGGCAATGTCTA
CATTTTCAGATACTATGGACTGCAAAGTTGTTGGTATTTCAATGTCTAAACTTGGACTAAT
AAGTAGAACGGCTCAAGGCGTTTTTGGTGGTGCATTGACTTATGGTTGTATCGGAGAACC
ACAAGCTCCAGGACAGATTGATGTTACTGATTTAAAAGCACAAAGTGACTTTATACTAA
```

> **arsC1**

Function: protein coding sequence; arsenate reductase

Best match: arsC1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[809502:809858] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 21195 ... 21552; Length: 357 bp

Sequence:

```
ATGATTAATTTTACCAATATAAGAATTGTACAACCTTGTAAAAAGGCAGCAAAGTTTTTA
GATGAATATGGCGTAAGTTATGAACCAATTGATATCGTTCAACATACACCTACAATAAAT
GAATTTAAAACAATAATTGCAAATACAGGCGTAGAAATTAATAAATTGTTTAATACACAC
GGCGCGAAATATCGTGAGCTTGATTTGAAAATAAATTACAACTTTATCAGATGATGAA
AAGTTAGAGTTGTTATCATCTGATGGTATGTTAGTAAAGCGTCCTCTAGCAGTAATGGGC
GATAAGATAACATTAGGATTTAAAGAAGATCAATATAAAGAGACTTGGTTAGCGTAA
```

> **gcvH**

Function: protein coding sequence; glycine cleavage system protein H (core genome, constant)

Best match: gcvH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[874139:874519] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 21709 ... 22090; Length: 381 bp

Sequence:

```
TTGGCAGTACCAAATGAATTGAAATATTCAAAGAGCATGAATGGGTAAAGTTGAAGG
TAATGTAGCAACAATTGGAATCACAGAATACGCACAAAGCGAGTTAGGTGATATTGTTTT
CGTTGAATTACCAGAAACAGATGATGAAATTAATGAAGGGGATACGTTTGGTAGCGTAG
AATCAGTTAAAACTGTATCAGAATTATATGCACCAATCTCTGGTAAAGTAGTTGAAGTCA
ACGAAGAAGTAGAAGATAGTCCCGAATTTGTAATGAATCTCCATACGAAAAAGCATGG
ATGGTAAAGTAGAAATTAGTGATGAAAGTCAGATTGAAGCTTTATTAACAGCTGAAAA
ATATTCAGAAATGATTGGTGAATAA
```

> **ywqG**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: ywqG_CC001-ST772_118_AJGE01000037.1[15495:16373] (completely identical)

Position: 024-contig_320: 22268 ... 23147; Length: 879 bp

Sequence:

```
ATGCTAAACATTCAAGACGTTAGTCATCTTTCTAAAAAGGAGCAAAAAGCATATAACCGT
TTCGTAGAATCTGTAGAAAACGGTAATTTACCAGTACTACCATGTATTGAAATGGATCTA
AAAGAGATGAAAGAAGAAACATTAACCAGAGTAAGATTGGTGGAAATGCCATTTTTAAA
ATCTTTTAAAGATATACCATTAGATGAAAATAATGTACCAATGGTATTGTTAGCACAGAT
TAATTTGGATAATCTTCCAGAACAACAAGAATTATTTCTGTAAATGAAGGGATATTGCA
GTTTTGGATTAGTTCAGAAGATCAAATGTATGGTATGACTGAAAATTTAAAGGGAAACAA
TATAAAGCAAGGCTTGTTTATATAAAAGAGCCAATTACAGATTTATCACTCGAAAATAT
TCAAGCGCATTGAAAGTCATTAGATGCTGATAATGAGGATATCCCGTTCAGTGGAGCATT
TTCTATAAAATTTAGATTGTGCAAAACAACTATTACATGTACTGATTATAAGTACGATGA
GGACGTGCTTGCATTGTGGAATAAAGTCAATCCATCCTTCGCGCTAAAATCAATGTTTGG
TGGTTATGATGAATTGATGGAACCTGTGTGTAACACATTTACTGCTAAGGAACCATTTAA
TCAACTTGGTGGTTATCCATATTTTGACCAAATAGATCCAAGAACGAACGATCAAGAAGT
GAAAATGTATGATAGAGTCTTACTGCAAATTGATTCTACAAGAGATGGTAATTCTTCGAT
TATATGGGGTGATTTAGGTATTGCCAATATCTTAGTAAAATCTACTGACCTTGAGGCTATG
AAGTTTGATGATTACATGTATTCATGGGATTGCAGCTAA
```

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1067981:1068021:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 9 ... 50; Length: 41 bp

Sequence:

```
TAGAATTGAAAAAAGCTTGTTACAAGCGCATTTCGTTTCAG
```

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MSSA476_BX571857.1[2756252:2756375]

Position: 025-contig_192_RC: 209 ... 239; Length: 30 bp

Sequence:

```
TTGGGGCCCCGCAACTTGCACATTATTGT
```

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]RC

Position: 025-contig_192_RC: 220 ... 250; Length: 30 bp

Sequence:

CCAACCTGCACATTATTGTAAGCTGACTTT

> **yusF**

Function: protein coding sequence; small primase-like protein (toprim domain) (core genome, constant)

Best match: yusF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[876317:876703]

Position: 025-contig_192_RC: 529 ... 916; Length: 387 bp

Sequence:

ATGGCTATTGTAATAAAGTGATAATTGTTGAAGGAAAATCTGATAAAAAAAGGGTGCA
ACAGGTTATTGCAGAACCAGTCAATATTATTTGTACTCATGGAACAATGAGTATAGATAA
GCTTGATGATATGATAGAATCACTGTATGATAACAAGTTTTTGTATTAGCCGATTCTGAT
GACGAAGGAGATCGAATTAGAAATTGGTTTAAACGTTATTTGAGTGAAAGTGAACATATA
TTTATTGATAAACTTACTGTCAAGTTTCGAATTGCCCAAACAATATTTGGCGCATGTAC
TTTCAAACATGGCTTTACTTGTAAAGAAAGAAACACCTCTTTTACCGAATATAAATAATG
AAAGGTTAGTTTTAGTAAATGAATAA

> **sam-L2**

Function: noncoding RNA SAM riboswitch locus 2 (core genome, constant)

Best match: sam-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[877050:877153] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 1262 ... 1366; Length: 104 bp

Sequence:

CTCTTATCGAGAGTGGTGGAGGGATGTGCCCTACGAAGCCCGGCAACCGTCTTATATAGA
AATGGTGCCAATTCACATAAAGTTTTAACTTTTGAAGATGAGAG

> **metN2**

Function: protein coding sequence; methionine import ATP-binding protein 2 (core genome, constant)

Best match: metN2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[877242:878267]

Position: 025-contig_192_RC: 1454 ... 2480; Length: 1026 bp

Sequence:

GTGATTGAATTAAGAAGTTGTTAAAGAATATCGGACTAAAAATAAAGAAGTCCTTGCT
GTAGATCACGTTAATTTATCGATTCGAGCAGGATCGATTTATGGCGTCATTGGTTTTCTG
GAGCAGGAAAAAGTACTTTGATTCGAATGTTTAATCATTTAGAAGCGCCTACATCAGGTG
AAGTTATTATAGATGGAGACCATATAGGTCAATTGTCCAAAAATGGATTAAGAGCAAAA
AGACAAAAAGTAAGTATGATCTTCCAACATTTAATTTGTTATGGTCAAGGACTGTGTTA
AAAAATATTATGTTTCCGCTTGAAATTGCAGGTGTCCCTAGAAGGAGAGCTAAGCAAAAA
GCATTAGAACTTGTCGAACCTCGTCGGTTTAAAAGGTAGAGAAAAGGCTTATCCATCAGAG
TTATCAGGTGGACAAAAGCAACGTGTTGGGATTGCACGAGCGTTAGCTAATGATCCAACG
GTCCTTGCTTTGTGATGAGGCAACAAGTGCACTTGATCCGCAAACAACAGATGAAATTTTA
GATCTACTACTAAAAATTAGAGAACAACAATAAATTAAACAATTGACTAATTACGCATGAA
ATGCATGTCATTTCGTCGTATTTGTGATGAAGTTGCAGTTATGGAAAGTGGTAAAGTGATA
GAACAAGGACCGGTGACACAGGTTTTTGGAAAATCCGCAACACACTGTGACAAAGCGATT
TGTGAAAGACGATTTAAATGATGATTTTCGAAACATCTTTAACAGAATTAGAGCCATTAGA
AAAAGATGCTTATATCGTTAGATTAGTTTTCGCTGGTTCAACAACAACCGAGCCTATTGTA
TCGAGTCTATCAACTGCCTATGATATTAATAAATTAATTTTTAGAAGCAAATATTAATAAAT
ACAAAAAATGGAACAGTCGGCTTTTTAGTTCTGCATATTCATATATTTCAAGTGTAGATT
TTGGAAAATTCGAAAAAGAGTTAATTGAGCGACAAGTTAAAATGGAGGTGTTAAGACAT
GGGTAA

> **A6QFC1**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/permease protein (core genome, variable)

Best match: A6QFC1_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[2226:2921] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 2472 ... 3168; Length: 696 bp

Sequence:

ATGGGTAAATCATTTAGTGAAATTATAAATGAAATGATTACAATGCCTAATATTCAGTGG
CCAGAAGTTTGGACTGCAATAGTCGAAACACTATACATGACAGTCGTCTCAACTATATTT

GCATTTATACTCGGTCTTATTTTAGGTGTGTTATTATTCTTGTCTGCTAAAGGTAAGTCTAT
CGGTGCAAGGTTATTTTATTCTATCGTTTCTTTTCATTGTTAACTTATTTAGAGCGATACCAT
TTATTATTTTAATTTTATTATTAATTCCATTTACAAGTTTGATACTTGGAAACGATAAGTGGT
CCGACAGGTGCGTTACCAGCCTTGATTATTGGCGCAGCACCGTTTTATGCAAGGCTCGTA
GAAATTGCTTTTAAAGAAATTGATAAAGGTGTCATCGAAGCGGCCTGGTCAATGGGTGCC
AATACTTGGACAGTAATTCGTAAAGTCCTCTTACCTGAAGCCATGCCAGCGCTAGTGTCT
GGCATTACAGTTACAGCAATCGCTTTAGTTGGTTCAACAGCAGTTGCAGGTGTAATTGGT
GCCGGTGGTTTAGGAAATTTAGCATACTTAACAGGTTTCACTCGAAATCAAATGATGTC
ATTTTAGTATCAACTGTTTTTATTTAATTATTGTATTATAATCCAATTCATTGGGGATTG
GCTTACAAATAAACTTGATAAACGATAA

> **Q2FII0**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, constant)

Best match: Q2FII0_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[2938:3759] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 3184 ... 4006; Length: 822 bp

Sequence:

ATGAAAAAATTATTTGGTCTTATTTTAGTATTAACATTTGCAGTTGTATTAGCAGCTTGCG
GTAATGGAAACAAAAGTGGCAGTGACGATAAGAAAATAACAGTAGGTGCTTCACCAGCA
CCACATGCTGAAATTTTAGAAAAAGCAAAACCATTATTAGAGAAAAAAGGTTATGAACT
AGATATTAACAATTAACGATTACACTACGCCTAATAAATTACTAGATAAAGGTGAAAT
TGACGCAAATTTCCAACATACCCATATTTAAACACAGAGAAAAAGGATAAAGGTT
ACAAAATCGTAAGTGCCGGTGATGTTCACTTAGAACCTATGGCTGTATACTCTAAAAAGT
ATAAAAGTTTTAAAAGAATTACCAAAAAGGTGCGACAGTTTATGTGTCTAATAATCCAGCTG
ACAAGGACGCTTCTTAAAATCTTCGTTGATGCAGGTTAATTAAGATCAAAAAAGGCG
TAAAAATTGAAGATGCTAAGTTTTAGTGATATTACAGAGAATAAAAAAGATATTAAGTTTA
ATAATAACAATCAGCAGAATTCTTACCTAAAATTTATCAAATGAAGACGCTGATGCTG
TTATCATTAATTCAACTTTGCAATCGAACAAAACTAAATCCTAAAAAAGATTCTATTG
CTGTAGAAAGTGCGAAAGATAATCCTTATGCAAATTAATTGCTGTTAAAGAAGGACATC
AAGATGATAAGAAAATCAAAGCATTAAATTGAAGTATTACAATCTAAAGATATTCAAGACT
TCATTAATGAAAAATACAACGGTGCAGTTATTCCTGCTAAATAA

> **attB_nySa1_var1**

Function: attachment site in bacterial chromosome of int1-SaPII (mobile element)

Best match: attB_nySa1_var1_empty_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[909898:909994:r]RC
(completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 3949 ... 4046; Length: 97 bp

Sequence:

GATATTCAAGACTTCATTAATGAAAAATACAACGGTGCAGTTATTCCTGCTAAATAAATC
ATATTAATGGCTCAGTAACGTGATGTTGCTGGGCTTT

> **tx_Q2FII0**

Function:

Best match: tx_Q2FII0_var1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[879792:879846] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 4003 ... 4058; Length: 55 bp

Sequence:

TAAATCATATTAATGGCTCAGTAACGTGATGTTGCTGGGCTTTTTAATTTAAACA

> **csbD-L1**

Function: protein coding sequence; stress response protein/locus 1 (core genome, constant)

Best match: csbD-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[880148:880342] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 4359 ... 4554; Length: 195 bp

Sequence:

ATGGCAGACGAAAGTAAATTTGAACAAGCAAAAGGTAATGTTAAAGAAACAGTAGGTAA
TGTTACTGATAATAAAAATTTAGAAAACGAAGGTAAAGAAGATAAAGCTTCTGGTAAAG

CGAAAGAATTCGTTGAAAATGCAAAAGAAAAAGCAACTGATTTTATTGATAAAGTAAAA
GGTAACAAAGGCGAGTAA

> **Q2YWN7**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q2YWN7_CC001_MSSA476_BX571857.1[864544:865395:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 4787 ... 5639; Length: 852 bp

Sequence:

TTATTCATTTTCAGCGGTAATTCGACCTAAAGTCAAACCTTACAATAAAAACCGATGATAAA
TACTACTAATGAAACGAACCACATCACGATATTAGTTGGTAAACCTGGAAATACTGCAAA
GAGGGAGCCAACAACAAAACCAATGATTAATGCAAAAGTCATTAGTTTATGATGTGTTAG
GAAATACTGGATAATTTTGCTTGAAATAATGAATCCAGCAAGCACCCCAAATCCGACTGC
AAGTAATATAGGAAGACCGGTAAAGTTAAGTTTAACTTCAGATATTGCTAGCATGAC
CGTACCATAGACGCCAAATACTAATAACATAAATGACCCTGAAATACCTGGGAGTAACAT
AGCACTAGATGCACACATACCTGCAATAAAATATTTAATAATAAGACTAGTTGATAGAGT
AAGTGTCTCCAGCATGTTTATCACCATTATTCATTAATGTAATAACAATTAAGATAGCG
ATACCAGCTATAACCATCATGTAATGTTTGTAAATGACGTTTTATAGTTAGAAATTT
TCAATAAATATGGAACGATACCAATGATTAATCCACCAAAGAAAAACATAGTTGGAATA
TGGTGTGGCTTAATAAATAATTAATAAAGATTACTTAGTGATCCCATTGCCAGTAACATTC
CAATTATAATGGGGATTAATAAATGTAAACTTGGCCAAAACGTCGTGAGAATATGCCG
CTAATTGAAGCGATAAATTGATTGTAATACCTAACAATAATGCGATAGTCCCACCGCTA
ACACCAGGTACCAAGTCACTCGTTCCCATAGCAAAACCTTTTAGAATATTAATCCATTTA
AATTGTTGCAT

> **sufC**

Function: protein coding sequence; FeS assembly ATPase SufC (core genome, constant)

Best match: sufC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[881754:882515] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 5966 ... 6728; Length: 762 bp

Sequence:

ATGGCATCAACATTAGAAATCAAAGACCTACATGTGTCTATTGAGGATAAAGAAATCTTA
AAAGGTGTTAACTTGACAATTAACACTGATGAAATACATGCGATTATGGGACCAAACGG
GACAGGTAAATCAACTTTATCATCTGCAATTATGGGACACCCAAGCTATGAAGTAACTAA
AGGAGAAGTACTTTTAGACGGTGTAATATTTTAGAATTAGAAGTTGATGAAAGAGCAA
AAGCAGGATTATTCTTGGAATGCAATATCCATCAGAAATTACAGGTGTTACAAATGCTG
ATTCATGCGTTCAGCAATCAATGCGAAACGTGAAGAAGGACAAGAAATCAACTTAATG
CAATTTATTAAGAAATTAGATAAAAACATGGATTTTCTAGACATAGATAAAGACATGGCA
CAACGTTATTTAAATGAAGGTTTCTCAGGTGGAGAGAAGAAACGTAACGAAATCTTACAA
TTAATGATGTTAGAACCTAAGTTTGCAATCTTAGATGAAATCGATTCAGGGTTAGACATC
GATGCATTAATAAGTTGTATCTAAAGGTATTAACCAAATGCGTGGGGAAAACCTTTGGTGCA
TTAATGATTACACACTATCAACGATTATTAATAATTACCTACTCTGATAAAGTACATGTAA
TGTATGCTGGTAAAGTCGTTAAATCTGGTGGTCCAGAATTAGCAAAACGTCTTGAAGAAG
AAGGATATGAATGGGTAAAGAAGAGTTCGGTTCAGCTGAATAA

> **sufD**

Function: protein coding sequence; putative FeS assembly protein SufD (core genome, constant)

Best match: sufD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[882613:883920]

Position: 025-contig_192_RC: 6826 ... 8134; Length: 1308 bp

Sequence:

ATGACAACTGATATTTTGAACATTTCTGAAGAACAACCTTGTTGATTATTCTAAAGCCCACA
ATGAACCTTCTTGATGACAGAATTACGTAAAAAAGCTTTGAAATTAACAGAACTTTAG
AAATGCCAAAACCTGATAAAACAAAATTAAGAAAATGGGATTTTGATTCTTTTAAACAAC
ACGATGTAATAAGGTGATGTTTATCAATCTTTATCACAATTACCTGAGTCAGTAAGAGAAA
TTATTGACGTAGATCATTCTAAAACTTAGTAATTCAACATAATAATACGATTGCGTACA
CACAAGTTGATGATAATGCATCTAAAGATGGCGTTATCGTTGAAGGTTTAGCAGACGCTC
TTATGAACCATAGTGATTTAGTACAAAAGTACTTTATGAAAGATGCAGTAACAGTAGATG

AACATCGTATCACAGCGCTACACACGGCATTAGTTAATGGTGGCGTATTTGTTTATGTTCC
TAAAAATGTAGTTGTAGAACATCCAGTACAATACGTTGTGTTGCACGACGACAAAAATGC
AAGCTTTTATAACCATGTTATCATCGTTACTGAAGAAAGCGCCGAAGTCACATATGTTGA
AAATTACTTATCAAATGCATCTGGTGAAGGAAATCAATTAATATTATTTCTGAAGTGAT
TGCTGGTGCAAATTCAAATATCACATATGGCTCAGTGGACTATATGGATAAAGGCTTTAC
AGGTCATATCATTGACGTGGTATTACTGAAGCGGATGCCTCAATTAATTGGGCACTAGG
TTAATGAATGAGGGTAGCCAAATTATTGATAATACAACAAATTTATTTGGTGATCGTTC
ACAAGTTCACTTAAATCAGTAGTTGTAGGTACAGGCCGAACAAAAAATTAATCTAACATC
TAAATCGTACAATATGGTAAAGAAACAGATGGTTATATCCTTAAACATGGTGTTATGAA
AGAACATGCATCGTCTGTATTTAATGGTATCGGCTACATTAAGCATGGTGGAACATAAATC
AATTGCTAATCAGGAATCACGTGTATTAATGTTATCTGAACATGCTCGTGGTGACGCGAA
TCCTATTTTATTAATTGATGAAGATGATGTACAAGCTGGTCATGCTGCATCAGTAGGTCGT
GTTGATCCAGATCAACTTTACTATTTAATGAGTCGTGGTATTTCTCAAAGAGAAGCGGAA
CGTCTTGTTATACATGGTTTCTTAGATCCAGTAGTACGTGAATTACCTATCGAAGACGTTA
AACGTCAATTGAGAGAAGTAATTGAACGCAAAGTTTCTAAATAA

> **sufS**

Function: protein coding sequence; cysteine desulfurase (core genome, constant)

Best match: sufS_CC007_TCH959-USA300_AASB02000223.1[8002:9243]

Position: 025-contig_192_RC: 8248 ... 9490; Length: 1242 bp

Sequence:

GTGGCCGAACACTCATTGACGTTAATGAAGTAATCAAGGATTTTCCGATATTAGATCAA
AAAGTCAATGGCAAACGTTTAGCATATCTTGATTCAACAGCGACAAGTCAAACGCCTGTG
CAAGTGTTAAATGTTTTAGAGGATTACTACAAGCGTTATAATTCAAACGTTTCATCGTGGT
GTTTCATACATTAGGATCATTGGCAACTGATGGTTATGAAAATGCCCGTGAAACTGTTTCGT
CGTTTTTATTAATGCGAAGTATTTTGAAGAAATCATTTTACACGCGGAACAACACTGCGTCG
ATTAACCTTGTAGCACATAGCTATGGTGATGCAAATGTTGAAGAGGGCGATGAAATTGTT
GTCACTGAAATGGAACATCATGCCAATATTGTTTCTTGGCAACAGTTAGCAAAGCGTAAA
AATGCGACATTGAAATTTATACCAATGACAGCTGACGGTGAATTAACATCGAAGATATT
AAGCAAACGATTAATGATAAAAACAAGATCGTTGCTATTGCACATATTTCTAATGTACTC
GGTACAATTAATGATGTTAAAACCATTGCAGAAATAGCTCATCAACATGGTGCAATTATC
AGTGTTGATGGGGCGCAAGCAGCACCATATGAAACTTGATATGCAAGAAATGAATGC
TGATTTTTATAGTTTTAGTGGTCATAAAATGCTTGGACCAACAGGTATTGGCGTATTATTT
GGTAAACGTGAGTTACTACAAAAAATGGAACCGATTGAGTTCGGTGGCGACATGATTGAT
TTTGTAAGTAAGTATGATGCAACATGGGCTGATTTACCTACTAAATTTGAGGCGGGTACT
CCATTAATTGCACAAGCAATTGGGCTTGCAGAAGCTATTCGCTATTTAGAACGCATAGGT
TTTGATGCAATTCATAAATATGAACAAGAATTAACGATATATGCTTATGAGCAAATGTCT
GCAATTGAAGGAATTGAAATTTATGGCCCGCAAAGGATCGTCGTGCAGGTGTAATAACG
TTAATTTACAAGATGTACATCCACACGATGTTGCTACAGCCGTAGATACAGAAGGTGTA
GCGGTTAGAGCTGGGCATCATTGTGCGCAACCGTTAATGAAATGGTTAAATGTGTCTTCA
ACAGCTAGAGCGAGTTTTTATATATAACAACGAAAGAAGACATTGATCAGTTAATAAAT
GCCTTGAAACAAACGAAGGAGTTTTTCTTATGAATTTTAA

> **sufN**

Function: protein coding sequence; SUF system FeS assembly protein/NifU family (core genome, constant)

Best match: sufN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[885266:885730] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 9479 ... 9944; Length: 465 bp

Sequence:

ATGAATTTTAATAATCTAGATCAATTATATAGATCTGTCATTATGGATCATTATAAAAATC
CTAGAAATAAAGGTGTATTAGATAACGGGTCTATGACAGTAGATATGAATAACCCGACAT
GCGGTGACCGTATACGACTAACATTTGATATAGAAGACGGCATTATAAAAGATGCTAAGT
TTGAAGGTGAAGGTTGTTTCGATTTCAATGGCAAGTGCATCGATGATGACACAAGCTGTTA
AAGGTCATTCACTTGGAGAAGCAATGCAAATGAGCCAAGAATTTACGAAAATGATGCCT
GGTGAAGACTATGTGATTACAGAAGAAATGGGAGATATTGAAGCATTGCAAGGTGTATC

TCAATTCCCAGCTCGTATTAATGTGCCACATTAGCTTGGAAAGCATTGGAAAAAGGTAC
TGTTGCTAAAGAAGGTAAAGCAGAAGGTACGACTGAAGAAGAATAG

> **sufB**

Function: protein coding sequence; iron-regulated ABC transporter membrane component (core genome, constant)

Best match: sufB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[885881:887278]

Position: 025-contig_192_RC: 10094 ... 11492; Length: 1398 bp

Sequence:

ATGGCTAAAAAAGCACCTGATGTTGGGGATTATAAATATGGATTCCACGACGATGATGTG
TCCATTTTCAGATCAGAACGTGGTTAACTGAGAATATCGTTAGAGAAATTTCTAACATG
AAAAATGAGCCGAATGGATGTTAGATTTCCGTCTTAAATCATTAAAATTGTTTTATAAA
ATGCCAATGCCTCAATGGGGTGGCGACTTATCAGAATTGAATTTTCGATGACATTACTTAC
TATGTAAAGCCTTCAGAACAAGCTGAACGTTTCATGGGATGAAGTGCCAGAAGAAATTA
AAGAACTTTTCGATAAATTAGGAATTCCTGAAGCTGAACAAAAATATTTAGCTGGTGTTC
TGCTCAATATGAATCTGAAGTTGTTTACCATAATATGGAAAAAGAAGTTGAAGAAAAAGG
TATTATCTTTAAAGATACAGATAGTGCTTTACAAGAAAATGAAGAATTATCAAAAAATA
CTTTGCTTCTGTAGTACCTGCAGCAGATAACAAATTTGCGGCGTTAACTCAGCAGTATG
GTCAGGTGGTTCGTTTATGTACCTAAAAATATCAAACCTAGATACGCCACTACAAGC
TTATTTCCGTATTAACCTCTGAGAACATGGGTCAATTTGAACGTACATTAATCATTGCTGAT
GAAGGTGCTTCTGTACATTACGTAGAAGGTTGACTGCACCAGTTTATACAACTAGTTCTT
TACACTCTGCTGTTGTGGAAATCATTGTGCATAAAGATGCGCACGTTTCGTTATACTACGAT
TCAAACCTGGGCGAACAATGTATACAATTTAGTTACAAAACGTACTTTTGTATTATGAAAA
CGGAAATATGGAATGGGTAGATGGTAACTTAGGTTCTAAGTTAACGATGAAATATCCAAA
CTGTGTTCTTTTAGGTGAAGGTGCAAAAGGTAGTACATTATCTATTGCATTTGCTGGTAAA
GGACAAGTTCAAGATGCCGGTGCTAAAATGATTCATAAAGCACCAAATACATCTTCAACG
ATTGTTTCTAAATCTATTTCTAAAAATGGTGGTAAAGTTATTTATCGTGGTATTGTACATT
TTGGACGTAAAGCAAAGGCGCTCGTTCAAATATTGAGTGTGATACATTAATCCTTAGATA
ACGAATCAACATCAGATACAATTCCATATAACGAAGTATTCAACGATCAAATATCATTAG
AACATGAAGCAAAGGTTTCAAAGTTTCTGAAGAACAATTATTCTATCTAATGAGTCGTG
GTATTTCTGAAGAAGAAGCGACAGAAATGATTGTTATGGGATTCATCGAACCATTTACAA
AAGAACTTCCAATGGAATACGCGGTCGAAATGAACCGTTTAATCAAGTTCGAAATGGAA
GGTAGTATTGGATAG

> **attB_phiSa1**

Function: attachment site for int6-phiETA (mobile element)

Best match: attB_phiSa1_empty_CC045-agrI_21200_AFTN01000029.1[429654:429823]RC

Position: 025-contig_192_RC: 11426 ... 11596; Length: 170 bp

Sequence:

CCAATGGAATACGCGGTCGAAATGAACCGTTTAATCAAGTTCGAAATGGAAGGTAGTATT
GGATAGCTTTAAACCGCGATGTTAAGCTATTCTTGACTTCCGGAAATGGCTATTGATACC
ATTTTGATACTGAATATAACAAAAGCCACATTACTGTGGCTTTTTTGT

> **txbi_sufB**

Function: bidirectional rho independent terminator of sufB and Q2YWM5

Best match: txbi_sufB_AB046707.1[489:534]

Position: 025-contig_192_RC: 11556 ... 11586; Length: 30 bp

Sequence:

TGAATATAACAAAAGCCACATTACTGTGG

> **Q2YWM5**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q2YWM5_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[11576:11890:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 11822 ... 12137; Length: 315 bp

Sequence:

```
TTAAAATAAGAAAACCTATTAATAATATTAAGTTCCTACTACAGATGTTGCTAATGGACCGTA
AGTTTTAAAGACATCTTTACTTTTATAACCAACAATCGCATCTAAAAATTGAACTAAAATC
ATTGCAATGGATATAGTTATCAAAAATATAGCACTATGAATGACTAAAGAAAAAATAGCT
AATAAAAATAAAGGTAAGCTTCGACTAAGTGCATAATATGCATTTATATTATGGCTAGAT
GAACATGCTTGAATTGAATAACCTAACTTACACTGGCACTGATTATTGTAAATATTGCT
AAAACAAAATACAT
```

> **hl**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: hl_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[12255:13295] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 12501 ... 13542; Length: 1041 bp

Sequence:

```
GTGATCATTGCCATAATTATATTGATATTTATTTTCGTTTTTCTTTTCAGGAAGCGAGACGG
CATTAACGGCTGCCAATAAAACAAAATTTAAAACCTGAAGCTGACAAAGGTGATAAAAAA
GCAAAGGCATTGTAAAGTTACTTGAAAAACCAAGTGAGTTTATTACAACGATTCTAATT
GGGAATAATGTCGCGAATATTTTATTACCAACACTTGTTACAATTATGGCTTTACGTTGGG
GGATTAGCGTTGGTATTGCATCAGCTGTTTTAACAGTTGTTATCATTTTGATTTCCGAAGT
GATTCCCAAGTCTGTCGCTGCAACATTTCCAGATAAAAATAACAAGGCTTGTATATCCAGT
TATTAATATTTGTGTCATTGTGTTTTCGCCCTATCACACTTTTAAATAAGTTGACGGAC
AGTATTAATCGAAGTTTATCTAAGGGCCAACCTCAAGAACATCAATTTTCAAAGAAGAA
TTTAAACAATGTTAGCAATTGCTGGACATGAAGGTGCTTTAAATGAAATTGAGACGAGT
AGGTTGGAAGGTGTCATTAATTTTGAAAATTTAAAAGTAAAAGATGTAGATACAACACCT
AGAATTAATGTGACGGCATTGCTTCAAATGCGACATACGAAGAAGTTTATGAAACGGTT
ATGAATAAGCCATACACTAGATATCCAGTGTACGAGGGAGATATTGATAACATTATTGGA
GTGTTTCATTCTAAATATCTGTTGGCTTGGAGTAATAAAAAAGAAAATCAAATTACAAAC
TATTCAGCTAAGCCATTATTTGTGAATGAACACAATAAAGCTGAATGGGTATTACGTAAG
ATGACTATTTCTAGAAAACATTTAGCAATTGTGTTGGACGAATTTGGTGGTACCGAAGCG
ATAGTGTACATGAAGACTTAATTGAAGAATTATTAGGTATGGAAATTGAAGATGAGATG
GATAAAAAGGAAAAAGAAAAAAGCTTTCTCAACAGCAAATTCATTTCAACAACGGAAAAA
TCGCAACGTATCTATATAA
```

> **npd**

Function: protein coding sequence; putative 2-nitropropane dioxygenase (core genome, constant)

Best match: npd_CC001_MSSA476_BX571857.1[873310:874377]

Position: 025-contig_192_RC: 13555 ... 14623; Length: 1068 bp

Sequence:

```
ATGTGGAATAAGAATCGACTTACTCAAATGTTAAGTATTGAATATCCAATTATACAAGCA
GGTATGGCAGGAAGTACGACACCGAAATTAGTTGCATCAGTAAGTAACAGTGGTGGATT
AGGCACAATAGGCGCAGGTTACTTTAATACGCAGCAATTAGAAGATGAAATAGATTATGT
ACGCCAATTAACGTCAAATTTCTTTGGTGTAAATGTCTTTGTACCAAGTCAACAATCATAT
ACCAGTAGTCAAATTGAAAATATGAATGCATGGTTAAAACCTTATCGACGCGCATTACAT
TTAGAAGAGCCGGTTGTAAAAATTACCGAAGAACAACAATTTAAGTGTATATTGATACG
ATAATTA AAAAGCAAGTGCCTGTATGTTGTTTTACTTTTGGAAATCCAAGCGAACAGATT
ATAAGCAGGTTGAAAGCAGCGAATGTCAAACCTTATAGGTACAGCAACAAGTGTGATGA
AGCTATTGCGAATGAAAAGCGGGTATGGATGCTATCGTTGCTCAAGGTAGTGAAGCAG
GTGGACATCGTGGTTCATTTTTAAAACCTAAAATCAATTACCTATGGTTGGAACAATAT
CTTTAGTGCCACAAATTGTAGATGTCGTTTCAATTCCGGTCATTGCCGCTGGTGGAAATTAT
GGACGGTAGAGGAGTTTTGGCAAGTATTGTCTTAGGTGCAGAAGGGGTACAAATGGGCA
CTGCATTTTTAACATCACAAGATAGTAATGCATCAGAACTACTACGAGACGCAATTATAA
ATAGTAAAGAAACAGATACAGTCATTACAAAAGCGTTTAGTGGAAGCTTGCACGCGGT
ATCAACAATAGGTTTATCGAAGAAATGTCCCAATACGAAGGCGATATCCCAGATTATCCA
ATACAAAATGAGCTAACAAGTAGCATAAGAAAAGCCGCGAGCAAACATCGGCGACAAAG
AGTTAACACATATGTGGAGTGGACAAAGCCGCGACTAGCAACAACGCATCCCGCCAAC
ACCATCATGTCCAATATAATCAATCAAATTAATCAAATCATGCAATATAAATAA
```

> **Q2FZX5**

Function: protein coding sequence; putative 5'-nucleotidase (core genome, constant)

Best match: Q2FZX5_CC001_MSSA476_BX571857.1[876268:877587]

Position: 025-contig_192_RC: 16594 ... 17914; Length: 1320 bp

Sequence:

```
TTGAGGCTTACAATTTATCATAACGAACGATATTCATAGTCATTTACATGAATACGAACGC
ATTAAAGCATATATGGCAGAACAACGGCCACGACTTAATCATCCTTCTTTATATGTTGATC
TAGGTGATCATGTAGATTTATCCGCACCTATAACTGAAGCAACTTTAGGTAAAAAGAATG
TGGCATTACTAAATGAAGCAAAATGTGATGTTGCAACAATCGGTAATAATGAAGGGATG
ACCATTTACACGAAGCTTTAAATCACCTTTACGACGAAGCAAAATTTATAGTGACATGT
AGCAATGTTATAGATGAATCAGGTCATTTACCAAATAATATCGTTTCTTCTTATATTAAGG
ATATAGACGGTGTGAAAATACTATTCGTTGCAGCGACAGCACCTTTTACCCCATTTTATCG
TGACTAAATTGGATTGTTACCGATCCACTTGAATCTATAAAAGAAGAAATTGAACTTCA
ACGAGGTAAATTTGATGTATTAATCGTGCTAAGTCATTGTGGCATTTCCTTCGATGAAACA
TTATGCCAAGAATTGCCTGAAATTGATGTCATTTTTGGTAGTCATACGCATCATTATTTTG
AACATGGTGAATCAATAATGGTGTACTGATGGCGGCAGCTGGAAAGTATGGTAATTATC
TTGGAGAGGTTAATTTAACTTTTGAGGCACATAAAGTAGTACATAAACTGCAAAGATTA
TTCCTTTAGAAACATTACCTGAAGTTGAACTTCATTTGAAGAAGAAGGAAAAACGTTAA
TGTCCAATTCAGTAATTCAACATCCAGTAGTGCTTAAGCGTAGTATGAATCACATAACTG
AAGCTGCATACTTATTAGCTCAAAGTGTTTGTGAGTATACACATGCACAATGTGCCATCA
TCAATGCTGGCTTACTCGTTAAAGATATTGTAAAAGATGAAGTGACAGAATATGACATTC
ATCAAATGTTACCGCATCCGATTAATATGGTAAGGGTTAGACTTTCTGGTGTGAAATTA
AAGAGATTATAGCTAAAAGTAATAACAAGAATATATGTATGAACATGCACAAGGTTTG
GGTTTCAGAGGGAATATATTTGGAGGATATATTCCTTTATAATTTAGGGTACATTCATTCTA
CAGGGCGTTACTATCTGAATGGAGAAGAAATCGAAGACGACAAAGAATATGTATTAGGT
ACGATAGACATGTATACGTTCCGGTCGTTATTTCCCAACACTGAAAGAATTACCAAAGAG
TATTTAATGCCAGAGTTTTTAAGAGATATATTTAAAGAAAAATTATTGGAATATTA
```

> **lipA**

Function: protein coding sequence; lipoyl synthase (core genome, constant)

Best match: lipA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[893702:894619]

Position: 025-contig_192_RC: 17997 ... 18915; Length: 918 bp

Sequence:

```
ATGGCGACAAAAACGAGGAAATATTACGTAAACCGGATTGGTTGAAAATAAAATTA
TACCAACGAAAACCTATACAGGACTTAAGAAGATGATGAGGGAAAAAATCTTAATACTG
TATGTGAAGAAGCTAAATGTCCTAATATACATGAATGTTGGGGTGCACGTCGTACAGCGA
CATTTATGATTTTAGGTGCCGTATGTACAAGAGCTTGTCTGTTTTTGTGCGGTTAAGACAGG
TTTACCTAATGAACCTTGATTTAAATGAGCCTGAACGTGTAGCTGAATCAGTTGAATTAAT
GAACCTGAAACACGTTGTTATCACTGCTGTTGCGCGTGATGATTTAAGAGATGCTGGTTC
AAATGTTTATGCTGAGACAGTACGTAAAGTTAGAGAAAGAAATCCATTTACAACGATTGA
AATTTTACCATCAGATATGGGCGGGGACTATGATGCGTTAGAAACATTAATGGCTTCAAG
ACCTGACATTTTAAACCATAATATTGAAACTGTTTCGTCGATTAACACCGAGAGTTCGTGC
GCGTGCGACTTACGACAGAACATTAGAGTTTTTACGTCGTTCAAAGAATTACAACCGGA
TATCCCAACTAAATCAAGTATTATGGTTGGATTAGGTGAACTATAGAAGAAATTTATGA
AACGATGGATGATTTACGTGCGAATGATGTAGATATTTTAAACGATTGGTCAATATTTACA
ACCTTCACGTAAACATTTAAAGGTTCAAAAATATTACACGCCTTTAGAGTTTGGTAAATT
AAGAAAAGTGGCAATGGATAAAGGGTTTAAACATTGCCAAGCTGGACCTTTAGTACGTA
GTTCTTATCATGCGGATGAGCAAGTAAATGAAGCTGCTAAAGAAAAGCAACGCCAAGGT
GAGGCACAGTTAAATAGTTAA
```

> **nagD**

Function: protein coding sequence; nagD-like protein (core genome, variable)

Best match: nagD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[972381:973160] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 20304 ... 21084; Length: 780 bp

Sequence:

```
ATGAAACAGTATAAAGCGTATTTAATCGATTTAGATGGCACAATGTATATGGGAACAGAT
GAGATTGATGGAGCAAAACAATTCATCGATTATTTAAATGTA AAAAGGCATTCCTCATTTA
TACGTA ACTAATAATTCAACAAAAACACCTGAGCAAGTAACTGAAAAATTACGTGAAAT
GCACATTGATGCTAAACCAGAAGAGGTTGTAACGTCAGCGTTAGCCACTGCTGATTATAT
TTCAGAACAAATCACCAGGAGCATCAGTATATATGTTAGGTGGGAGTGGTTTAAATACTGC
GTTAACCGAAGCGGGACTTGTCAATTA AAAATGACGAGCATGTTGATTATGTAGTTATTGG
ACTTGACGAACAAGTTACATATGAAAAGCTTGCGATTGCAACGTTAGGTGTAAGAAATGG
TGCAACATTTATTTCTACAAATCCTGATGTATCAATTCCTAAAGAGCGTGGTTTATTACCT
GGTAATGGTGCTATTACAAGTGTTGTAAGTGTATCGACAGGTGTATCGCCACAATTTATT
GGTAAACCAGAACCGATTATTATGGTTAAAGCATTAGAAATTTTAGGATTAGATAAATCC
GAAGTTGCTATGGTAGGCGATTTGTACGATACCGATATTATGTCTGGTATTAACGTAGGT
ATGGATACGATTCATGTACAAACAGGTGTATCTACGTTAGAAGATGTGCAAAAATAAAAAT
GTGCCACCAACGTATTCTTTTAAAGATTTAAATGAAGCAATAGCTGAATTAGAAAAATAG
```

> **gyaR**

Function: protein coding sequence; glyoxylate reductase (core genome, variable)

Best match: *gyaR*_CC001-ST772_118_AJGE0100009.1[20870:21829] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 21116 ... 22076; Length: 960 bp

Sequence:

```
TTGGTAAAAATAGTTGTTTCGAGGAAAATCCCAGATAAATTTTATCAACAATTAAGTAAA
CTTGGTGACGTTGTTATGTGGCAAAAATCATTAGTGCCTATGCCTAAAGATCAATTTGTGA
CAGCACTTCGTGACGCAGATGCTTGT TTTATTACATTAAGTGAACAGATCGATGCAGAAA
TTTTAGCGCAATCACCAAATTTAAAAGTAATTGCGAATATGGCTGTAGGATATGACAACA
TCGATGTTGAAAGTGCAACAGCGAATAACGTGGTTGTCACGAATACACCAAATGTACTTA
CTGAAACAACTGCAGAATTAGGATTTACATTAATGCTTGCTATAGCACGCCGTATTGTAG
AAGCTGAAAAATATGTAGAAGCAGATGCATGGCAAAGCTGGGGTCCTTATTTATTGTGAG
GTAAAGATGTCTTCAATTC AACTATTGGAATATATGGTATGGGAGATATTGGTAAAGCTT
TTGCAAGAAGGTTGCAAGGGTTAATACTAATATTCTTTATCATAATCGATCAAGACATA
AAGATGCAGAGGCCGACTTTAATGCAACATATGTTTCTTTTGAAACGTTGTTAGCAGAAA
GTGATTTTATCATCTGTACAGCGCCACTTACAAAAGAAACACATCATAAATTTAATGCTG
AAGCATTGTAACAAATGAAA AATGATGCAATTTTTATTAATATCGGTAGAGGACAAATTG
TAGATGAAACAGCATTAAATCGATGCACTAGACAATAAAGAAATTTTAGCATGTGGTTTAG
ATGTATTAGCAAATGAACCGATTGATCATAACATCCATTAATGGGACGTGATAATGTTC
TGATTACACCACACATTGGTAGCGCATCAGTAACAACACGGGACAATATGATTCAATTAT
GTATTAATAATATAGAAGCGGTTATGACAAATCAGGTACCACATACTCCAGTAAATTGA
```

> **dltX**

Function: protein coding sequence; putative protein located in teichoic acid biosynthesis gene cluster (core genome, constant)

Best match: *dltX*_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[898192:898344] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 22487 ... 22640; Length: 153 bp

Sequence:

```
ATGAAATCTAAAAGTAAACAGCCACCTAATAAATATGTTGAAGCATTCAAACCATATTTA
TTAACTACTATTGTATTTGGCAATATTTATTACTTTATATTTAATTTATGGCAGTGGCGACA
CACACAATAACTTCATTTATAATGAGTTCTAA
```

> **dltA**

Function: protein coding sequence; D-alanine-D-alanyl carrier protein ligase (core genome, constant)

Best match: *dltA*_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[898360:899817]

Position: 025-contig_192_RC: 22655 ... 24113; Length: 1458 bp

Sequence:

```
ATGACAGATATTATTAACAAGCTGCAAGCGTTTGCGGATGCAAATCCACAAAGCATTGCT
GTTAGACACACA ACTGATGAATTAACCTTATCAACAGTTAATGGATGAGTCTAGTAAATTA
GCACATCGATTACAAGGTAGTAAGAAACCGATGATTTTATTCGGTCACATGTCACCATAT
```

ATGATTGTTGGGATGATTGGTGCCATTAAGCAGGATGTGGATATGTACCTGTAGACACT
TCAATTCCTGAAGACCGTATTAATAATGATTATTAACAAGGTTCAACCAGAGTTTGTATTTA
ATACGACTGATGAATCATTTGAAAGTTTAGAAGGCGAAGTATTTACAATAGAAGATATTA
AAACATCTCAAGACCCAGTAATTTTTGATAGTCAGATTAAGATAACGACACAGTATACA
CAATCTTTACATCTGGTTCTACTGGGGAACCTAAAGGTGTTCAAATTTGAATATGCAAGTTT
AGTTCAATTTACTGAGTGGATGTTAGAACTTAATAAATCAGGAAATGAACAACAATGGCT
TAACCAAGCGCCATTTTCATTTGATTTATCTGTAATGGCTATTTATCCATGTTTAGCATCA
GGCGGTACATTAATCTTGTAGATAAAAACATGATTAATAAACCTAAATTATTAATGAA
ATGCTAACAGCAACACCGATTAACATTTGGGTATCAACACCATCATTTATGGAAATGTGT
TTATTATTACCAACGCTTAATGAAGAACAATATGGTAGTCTTAATGAATTTCTTCTGTG
GTGAAATTCTACCTCACAGAGCAGCAAAAGCGTTAGTAAACCGTTTCCAAGTGCAGCA
TTTACAACACATATGGTCCAACCTGAAGCTACGGTAGCAGTTACAAGTATTCAAATTACAC
AAGAAATCTTAGATCAATATCCGACATTACCTGTTGGCGTTGAAAGACCAGGCGCAAGAT
TATCTACTACAGATGAAGGTGAACTTGTTATCGAAGGTCAAAGTGTAAGTTTAGGATACT
TAAAAAATGACCAAAAAACAGCTGAAGTATTTAATTTTCGATGACGGTATTCGTACATATC
ACACTGGTGATAAAGCGAAGTTTGAAAATGGTCAATGGTTCATTCAAGGTCGTATTGATT
TCCAAATCAAATTGAATGGCTACAGAATGGAATTAGAAGAAATTGAAACACAATTACGC
CAGTCTGAGTTCGTAAGAAGCGATTGTTGTACCTGTATATAAAAATGATAAAGTTATT
CATTTAATTGGTGCAATTGTGCCAACGACTGAAGTTACGGACAATGCAGAAATGACTAAA
AATATTA AAAATGACTTGAAATCACGCTTACCAGAGTATATGATTCCTAGAAAGTTTGAA
TGGATGGAACAATTGCCATTGACTTCAAATGGTAAAATTGACAGAAAGAAAATTGCAGA
GGTAATTAACGGATGA

> **dltB**

Function: protein coding sequence; hypothethcal membrane transporter (core genome, constant)

Best match: dltB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[899814:901028] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 24109 ... 25324; Length: 1215 bp

Sequence:

ATGATTCATATGGTGATTTTACATTCTTCTTAATTGCTTTAATTGCATTATTACCAGTCAT
TATACTTGGATTTTTAGGTAAGCGAAGTTACATTTATAATGGCGTAGTTACAGCATTATG
ATTGTGTTAATCTTTTCTTCTGATAAACATAATCTGTTTGACCAAAAGTATTTAAGTGTT
AATTAATTAGTTTTATTATTTACGTCGTATGGCAAGTTTTATTGATAATGTTTTATTATCAT
TCAAACCAAAAAATAATTCATTTTCAAATTTGTAAGTGAATGGTTTTATCAATATTGC
CATTAGCACTTGTGAAAGTGTTACAAAGTACATGGTTAGGTGGACATCAGATTCCTTCC
ATGAAAGTAAATTAATTGAATTTGTTGGTTTCTTAGGAATTTCTTATGTTACATTCAAAAG
TGTGCAGTTAATTATGGAAATTCGTGATGGTCTATCAAAGAAATTAAGTATGGAAATT
AATTCAATTTATTTCACTTCTTCCCAACGATTTTCATCTGGACCAATCGATCGTTACAAACGT
TTCGTTAAAGACGATAAAAAAGTACCAACAGGCAATGAATATCGTGAATTAGTATTTAAA
AGCAATTCACATGATTATGCTTGGTTTCTTGTATAAATATATTGTTGCTTACTTTATTAACA
CATATGCAATCATGCCGTTACAATTAGACTTACATGGCTTTGTCAATTTGTGGTTATATAT
GTACGCATACAGCTTATATTTATTTCTTTGACTTTGCAGGTTATAGTTTATTTGCGATAGCA
TTTAGTTATTTATTCGGTATTA AAAACACCACCAAACTTCGATAAACCTTTCAAAGCGAAA
AATATTAAGATTTCTGGAATAGATGGCATATGACATTATCATTCTGGTTCAGAGATTGT
ATTTACATGAGATCTTTATTCTACATGTCTCGTAAAAAATTATTGAAGAGTCAATTTGCAA
TGTCTAACGTGGCATTCTTAATCAACTTCTTCATAATGGGAATTTGGCATGGTATCGAAGT
GTATTACATTGTTTATGGTTTATACCATGCAGCATTGTTTATAGGTTATGGCTATTATGAA
CGTTGGCGTAAGAAACATCCGCCACGTTGGCAAAATGGTTTCAACACAGCACTTAGCATT
GTGATTACATTCACCTTTGTAACATTTGGCTTTTAAATCTTCTCAGGTAAACTTATATAA

> **dltC**

Function: protein coding sequence; D-alanine--poly(phosphoribitol) ligase subunit 2 (core genome, constant)

Best match: dltC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[901046:901282] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 25341 ... 25578; Length: 237 bp

Sequence:

ATGGAATTTAGAGAACAAGTATTAATTTATTAGCAGAAGTAGCAGAAAATGATATTGTA
AAAGAAAATCCAGACGTAGAAATTTTTGAAGAAGGTATTATTGATTCTTTCCAAACAGTT
GGATTATTATTAGAGATTCAAAATAAACTTGATATCGAAGTATCTATTATGGACTTTGATA
GAGATGAGTGGGCAACACCAAATAAAATCGTTGAAGCATTAGAAGAGTTACGATGA

> **dltD**

Function: protein coding sequence; putative exoprotein (core genome, constant)

Best match: dltD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[901279:902454] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 25574 ... 26750; Length: 1176 bp

Sequence:

ATGAAATTAACCTTTTTTACCCATTTAATTAGTGGAGCGGTATTCATTGTCTTTCTATT
ATTACCTGCTAGTTGGTTTACAGGATTAGTAAATGAAAAGACTGTAGAAGATAATAGAAC
TTCATTGACAGATCAAGTACTAAAAGGCACACTCATTCAAGATAAGTTATACGAATCAAA
CAAGTATTATCCTATATACGGCTCTAGTGAATTAGGTAAAGATGACCCATTTAATCCTGC
AATTGCATTAAATAAGCATAACGCCAACAAAAAAGCATTCTTATTAGGTGCTGGTGGTTC
TACAGACTTAATTAACGCAGTTGAACTTGCATCACAGTATGATAAATTAAGGTAAAGAA
ATTAACATTTATTATTTACCACAATGGTTTACAAACCATGGTTTAAACGAATCAAACTTT
GATGCTCGTATGTCTCAAACCTCAAATTAATCAAATGTTCCAGCAGAAAAACATGTCTACT
GAATTAACCGTTCGTTATGCACAACGTTTATTACAGTTTCCACATGTACACAATAAAGAA
TACTTGAATCTTATGCTAAAAACCCTAAAGAACTAAAGATAGTTATATTTCTGGTTTTA
AAGAGAATCAATTGATTAATAAGCGATTAAATCATTGTTTGCAATGGATAAATCTC
CATTAGAACATGTTAAACCTGCTACAAAACAGACGCTTCTTGGGATGAGATGAAACAAA
AAGCAGTTGAAATTGGTAAAGCTGATACTACATCGAATAAATTTGGTATTAGAGATCAAT
ACTGGAAATTAATTCAAGAAAGTAAGCGTAAAGTTAGACGTGACTACGAATTCAATGTTA
ATTCTCCAGAATCCAAGATTTAGAATTACTTGTAAAAACAATGCGTGCTGCTGGTGCAG
ATGTTCAATATGTAAGTATTCCATCAAACGGTGTATGGTATGACCACATTGGTATCGATA
AAGAACGTCGTCAAGCAGTTTATAAAAAAATCCATTCTACTGTTGTAGATAATGGTGGTA
AAATTTACGATATGACTGATAAAGATTATGAAAAATATGTTATCAGTGATGCCGTACACA
TCGGTTGGAAAGGTTGGGTTTATATGGATGAGCAAATTGCGAAACATATGAAAGGTGAA
CCACAACCTGAAGTAGATAAACCTAAAAATTA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 27569 ... 27578; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **ampA**

Function: protein coding sequence; cytosolic leucine aminopeptidase (core genome, constant)

Best match: ampA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[907224:908699] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 31519 ... 32995; Length: 1476 bp

Sequence:

ATGAATTTTAAATTAATAACACACTAAGCAACGAAATAAATACATTGATTATTGGTATA
CCAGAACATTTAAATCAGTTAGAGCGCATTAGTTTTAATCATATCGATATTACAGAATCA
CTTGAAAGACTAAAACATCAACATATTATTGGTAGTAAAGTTGGGAAGATTTATACAACT
GCATTTGATGTACAAGATCAAACATATCGTTTAAATTACAGTTGGTTTAGGAACTTAAAG
ACACGTAGTTATCAAGATATGTTGAAAATATGGGGACATCTTTTCCAATACATAAAGTCA
GAACACATTGAAGATACGTATTTACTTATGGATTTCATTTATTTCAAATATGATCAGTTAT
CAGATGTATTAATGGCATGCGGTATTCAAAGTGAGCGTGCAACATATGAATTCGATCATT
ATAAATCAAGTAAGAAGGCACCGTTTAAAGACGAATTTAAACCTTATTAGTGAATCATTAA
TTGAATTAGATTTTATTCATGAGGGTATCAGTATTGGCCAATCCATTAATTTGGCAAGAGA
CTTTAGTAATATGCCACCGAATGTATTAACACCACAAACATTTGCAGAAGATATTGTTAA
TCATTTTAAAAATACAAAGGTCAAAGTAGATGTTAAAGATTATGACACTTTAGTTTCTGA
AGGATTCGGACTTTTACAAGCAGTAGGTAAAGGTAGTAAGCATAAACCGAGATTAGTAA

CCATCACATATAATGGCAAAGACAAAGATGAAGCACCAATTGCCTTAGTTGGTAAAGGT
ATAACGTATGATTCTGGTGGTTATAGTATTAACGAAGAATGGCATGGCTACAATGAAG
TTTGACATGTGTGGCGCTGCGAATGTCGTTGGTATCATTGAAGCGGCTAGTCGTTTACAAC
TGCCTGTAAATATTGTCGGAGTGCTTGCCTGTGCTGAAAATATGATAAATGAAGCATCAA
TGAAGCCAGATGATGATTTACAGCATTAAAGTGGTGAACCTGTAGAAGTAATGAATACAG
ACGCTGAAGGTAGATTAGTCTTGCAGATGCTGTGTTTTATGCAAATCAATATCAGCCTA
GTGTGATTATGGACTTTGCTACATTAACGGGTGCAGCAATTGTTGCACTAGGCGATGATA
AAGCTGCTGCATTTGAATCGAATAGTAAAGTGATATTAACGATATATTACAAATAAGTT
CTGAAGTCGATGAAATGGTATTTGAATTACCGATTACTGCAACCGAACGTGCAAGTATTA
AACACAGTGATATCGCTGATTTAGTTAACCATACGAATGGACAAGGTAAAGCGCTATTTG
CGGCAAGTTTTGTAACACATTTTAGTGGTCAAACACCTCACATTCATTTTCGATATTGCAGG
TCCAGCAACGACTAATAAAGCTTCATATAATGGTCCAAAAGGGCCAACAGGATTTATGAT
TCCGACGATAGTACAATGGTTAAAACAACAATAA

> **nhaC3**

Function: protein coding sequence; Na⁺/H⁺ antiporter (core genome, variable)

Best match: nhaC3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[909110:910426] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 33405 ... 34722; Length: 1317 bp

Sequence:

ATGATAAATGCAGTAGTAATAGCAGTAATTTTAATGATTGTGCTATGTTTATGTTCGATTAA
ACGTAGTTATAAGCTTATTTATCAGTGCCTAGTTGGTGGCTTAATTTTCAGGCATGAGCAT
TGAAAAAGTTATAAATGTATTTGGGAAAAATATAGTCGATGGTGTGCTGAGGTAGCATTAAAG
CTATGCTTTATTAGGTGGATTTGCAGCATTAAATTTTCATACAGTGGTATCACAGACTATTTA
GTAGGAAAAATTATAAATGCAATTCACGCTGAAAATAGTCGATGGTCAAGAGTTAAAGT
CAAAGTGACAATAATCATTGCATTATTAGCTATGAGTATCATGAGTCAAACTTAATTCC
TGTACATATTGCATTCATTCCAATTGTATCCACCATTGTTAAGTCTGTTAATGACTTA
AAAATAGATAGACGTTAATCGGTTTGATTATCGGTTTGGTTTATGTTTCCCGTATGTGT
TATTACCATATGGATTCGGTCAAATTTTCCAGCAAATTATTCAAAGTGGCTTTGCAAAGGC
GAATCACCCAATTGAGTTAATATGATTTGGAAAGCAATGCTTATTCCTTCAATGGGGTAT
ATTGTTGGCTTACTTATCGGTTTATATGTATATCGTAAACCACGTGAATATGAAACACGTA
AAATTTTCAGATAGTACAATGTTACAGAGTTAAAACCATATATCTTAATAGTAACAATTG
TAGCAATACTAGCTACATTTTTAGTACAAACATTTACAGATTCAATGATTTTTGGTGCCT
GGCAGGGGTACTCGTATTCTTTATTTACAGTGCATATAATTGGTATGAATTAGATGCTAAG
TTTGTGAAAGGTATTAATAATTATGGCTTATATTGGTGTAGTTATTTAACAGCAAATGGAT
TTGCTGGTGAATGAATGCTACTGGTGTATATAGATGAATTAGTTAAAACCTTTAACAAGTA
TTACTGGTGATAATAAATTATTTAGCATTATCATGATGTATGTGATAGGTTTAATTGTCAC
TTTAGGTATTGGATCATCATTTGCAACAATTCCTATTATCGCATCATTATTCATTCCTTTTG
GAGCGTCAATTGGACTAGATACAATGGCATTAAATCGCATTGATTGGAACAGCGAGTGCAT
TAGGTGACTCAGGTTACCTGCAAGTGATTCAACATTAGGACCAACTGCGGGATTAAATG
TTGATGGCCAACATGATCATATACGCGATACATGTGTACCAAACCTTCTGTTTTATAATAT
TCCTTTAATGATTTTCGGTACTATTGCTGCTATGGTACTATAA

> **mnhG**

Function: protein coding sequence; Na⁽⁺⁾/H⁽⁺⁾ antiporter/subunit G

Best match: mnhG_CC008_COL_CP000046.1[951804:952160:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 36573 ... 36930; Length: 357 bp

Sequence:

CTACAATTTTGTGTCTTTTAAGTCTTCCGAAATTTTCATCGACTTTAGTCTTTTTAGTATAAG
GCGTTTTAATATTATATGCTGCTTTCATAATCATATGACTTGAAAGAGGACCTGTAATTA
TACAAAGATAATCGCAACGATTAATTGCATATTTACAAAACCTTGAGTAGCAATAAAATA
TAAAACGTACCAAATAGTAATGACATTGCACCTAATGTTGATGCTTTTCCGGCAGCATG
TGCACGTGAATATACATCTTCAAGTCTCAATAATCCTATAGCTGCTAGGGCGCTAATTA
AGCACCGATGATAACAAAGATAAGTGCAAGACTAATCAGTATGATTTTGATCAT

> **mnhF**

Function: protein coding sequence; Na(+)/H(+) antiporter/subunit F

Best match: *mnhF*_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[912612:912905:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 36907 ... 37201; Length: 294 bp

Sequence:

```
CTAATCAGTATGATTTTGGATCATGTTCAATCACCTTACCTTTGTCCATAAAATTTAGAGAAT
ACTGCAGTACCTAAAAAAGCTAATATACCAATCATCATAATAACGACAATCATGTATTTA
ATATTTAATAAAAATACTGAATAATGCTATAACTGCCATTAATTGAAGACCAATCGCATCT
AATGCGACAACACGATCGGCAAGTGATGGGCCTAGCACAAACGCGAATGAGCATAGCTAA
CATAGAAATGACAACCTATGATTAATGCAATAACGATAATAACATTATGATTCAT
```

> ***mnhE***

Function: protein coding sequence; Na(+)/H(+) antiporter/subunit E

Best match: *mnhE*_AB015981.1[5474:5953]RC

Position: 025-contig_192_RC: 37200 ... 37680; Length: 480 bp

Sequence:

```
TTATATTTTCGCCACCTCTCTTACAATTTTCTCTAATGATGTTTTAATACTTTCTACTTCTTG
CTCTTTAGTTGAAAAATCTATGGCATGAATATAAATTTTTGTACGATCGTCACTTACACCA
AGCACTACAGTACCAGGTGTTAATGTAATTAATTAGACAGCAAGACAATTTGCCAATCT
TTTTTTAAATCTGTGTGATAAACAAAGAATCCTGGTTCATTTTTAATCGAAGGTTAATAA
TAATTTTCAAACATCAAATTAGCTTTAATCAGTTCGATTAAGAAAATAATAACTAATTT
AATAATACGATATAGCGTGATGACATAAAATCTACCTGGTAACACCCTGTGTAAGAGGTA
AACAGAAGACTAGGCCAAAGATGAAACCTAACACAAAGTTATTTGTTGTGTAACTATTTGT
CACAAACAACCAAAACACTGCGATAATAAAGTTTAATACTAATTGTACAGCCAT
```

> ***mnhD***

Function: protein coding sequence; Na(+)/H(+) antiporter/subunit D

Best match: *mnhD*_AB015981.13976:5472RC

Position: 025-contig_192_RC: 37681 ... 39178; Length: 1497 bp

Sequence:

```
TTATTTACCTCCTAATACAGCTTTAACATAGGTTGATGGATTGTAGAATGTTTCTGCACCA
GCTTTTACCATTGGATATAAGTAATCTGCTGACAATCCATATAAAACAGTTATCACAACCT
GCAACGATTGCAATCGTAGTTAAATAATTGACGTCGACTTTGTTATTAAGATCATATCCTT
TTGGTTGACCGAAAAAGCCTTGTAGGAATATGCGAATGACAGAATATAATACGACTAAA
CTTGATAATAAGACAATGACACCACTTAAATAAAATCCTCTTTCAAATGTTGATTGGACA
ATGAAAAATTTTCATAAAAGCCACTGAGTGGGGGAATGCCAGCTAAACTTAATGCTGCG
ATAAAGAATGACCAACCAAGTACAGGATATCGTTTTAATTAAGCCACCAAATTGTCTTAAA
TCAGCAGTGCCTGTAATTTTAATCATAATTCCGATAAGCAAGAATAATGCAAGTTTTACT
AACATGTCGTGCAATGTATAGTAAATAGCCCCAATCATACCTGACTCTGTCATCATTGCA
ACGCCGACTAAGATCACACCTACAGCAATCATGACATTGTATAGGATGATTTTTTTAATG
TTGGCATATGCAACAGCACCGACACAACCAAGATGATCGTTAATAATGCTAAGAATAA
AATGACATAATGTGAAAAGCTTACATTACTAAAGAATAGGCTCAATGTTCTAGCGAT
TGCATAAACACCAACTTTTGTTAACAAAGCACCACCAAGAATGCAATGATTGGAATTGGTGG
TGCATAGTATGCACTAGGTAACCAACAAACATTGGGAATACGCCAGCTTTTGTAGCAAA
AACAAAGATAAATAGTATGAAAACGATATTGACTAAGCCACTGTCATGCGCTGAAAGGT
TAGCTAATTTATTGCTTATATCTGCTAGATTCAATGTTCCCTACTACTGAATATAAAATCGC
TACACCCATTACGAAGAAGGATGACGATACAACGTTAACAAGAACATATTTGATTGTTTC
TTGTAGTTGAATTTTTGTAGAACCAATTACTAATAAGAAATAAGATGACATTAATAAATAC
TTCGAAAAATACGAATAGGTTGAAAATGTCACCAGTTGTGAATGCACCAATGATACCTAT
TAACATAAATAGTACTGAAAATAATAATAATATCTTTCACGTTCAATACCAATTGTTTG
GTATGAATATAAAATCACAATAGCTGTAATAATAACTAGTAATTATTAGTAGGGCACT
GAATATGTCTAATACAAAGACAATACTGTATGGTGCTTTCCATGAACCTAGCTCTACGCG
TATTGGTCCATGTTTAAACAACATTTGCTAAATTGATAATTGCCACGACCAAGGTTAATAAT
GTACCGCCTAGTGCACATAACGCTTTATAATAGGACGCTTTCCAATAAAGACAAGTAAT
ATGGCTGTAATTACTGGAATAACTAGCGTTAACACAAGCATATTACTTTCAATCAT
```


> **mnhC**

Function: protein coding sequence; Na(+)/H(+) antiporter/subunit C

Best match: mnhC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[914875:915216:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 39170 ... 39512; Length: 342 bp

Sequence:

```
TCAATCATCTTCTGGAACCTCTTTCATACTCTCAACGTTATCTGTGCCTAATTCTTTATATG
TTCTAAATGCTAATACTAAGAAAAAGGCTGTTGTGCGCAAAGGCGATAACGATTGCTGTTA
AAATAAGTGCTTGCGGGATAGGATCAACATAGCTTTTTACGTTTCGCTTCATAAATTGGAA
CAGTACCATGTTTAAAGTCCGCCCATAGTTATTAATAAATAAATTTGCTGCATGTGTTAATAG
TGTAGTTCCCATAAACAATTCGTATCAGACTTTTAGACAAAACGAGATAGACACTAATTGC
TGTGAGAATACCACTAACAAAAATCATAATAATTTCCAC
```

> **mnhB**

Function: protein coding sequence; Na(+)/H(+) antiporter/subunit B

Best match: mnhB_AB015981.1[3214:3642]RC

Position: 025-contig_192_RC: 39511 ... 39940; Length: 429 bp

Sequence:

```
CTATTCGTTCTCTCCAATCGAAATAATAATTGTCATGACAGTACCAACTACTGCACATAAA
ACACCGAAATCAAAGAATACTGCTGTTGTCATATGAACAGGTTCTAATATAAATAACGGT
ATATCAAATGTGACATGCGTAAAGAAATTTTTGCCTAAAAACCAACTTGCATAGGCGTC
GCAATACAAAAACTAATCCGATACCTATCAAGATTTTAAAAATCTAATGGGAAAATTTTA
CGCATTGTTTCTATATCAAATGCAATCGTAATGATAACAAGTGAAGTTCGGAATAATAAT
CCGCCGACGAATCCGCCACCAGGTGTATAATGTCCTGCTAAGAAAAGTGAAAAACAAA
GACCATTACCATGAAAAAGATAATAACTGCAGCAAATTGCAAATTAGATCATTTTGTTC
TCTATTCAT
```

> **mnhA**

Function: protein coding sequence; Na(+)/H(+) antiporter/subunit A

Best match: mnhA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[915637:918042:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 39932 ... 42338; Length: 2406 bp

Sequence:

```
CTATTCATGATTTTTACCTCGTTACCTTGCGTTTGACGCTTTTTACGTAATTTAATCATTG
TATATACAGCTAATCCTGCGATACCAAGCACAGATGACTCGAATAAAGTATCCATACCAC
GGAAATCAACAAGTATGACGTTTACCATGTTTTTACCGTGAGCTAAATCATAAACGTGCT
CTTGATAAACTTAGATATCGATTCAAATGTCTATTTCCGTATGCAATTAACCGATAAT
AATGACGGACAAACCAACACCACCAGCAATTAAGCATTAGTAAGCTGGAATGAGCGCT
TTTCATTATAACGATTTAAATTTGGTAAGTGGTAGAAGCATAATAAGAACAATGCTGTTG
AAATAGATTCAACGACAACTGTGTCAATGCTAAGTCGGGTGCTTTAAAGAATATAAACA
ATACAGACACAGCATATCCAACCTGCACTTAACATAATGATGCTAAATAATCTTGATTTAG
CGAAAAGAATTA AAAAGGCAGCACTTAATAATAAAAATTACGATACAACTTCGAAAATT
CTAATCGGACTAACGTCTTTAAAATTAATGTTGAAAGGTACTGAGAATATAGTGACAAAT
GTTAATAAAATTAATGCACCAAAAATGATAACTAAATTATTACGTGAATAATCGGTAACA
TAGCTATTCGTCATCTTTTCAGAGTAGTTTGGAAATAACATTTGCACTTCTGTTGTACCAAT
AATTGAATGTTAGTTTACCAGGTTGTCGTTGCAACAATTTACCCAATAACTAAATGTCAC
AATTAGTAAGATACCTAAAATATAAATCACTAATGTTGATAAAAAGGCAGGCGTTAATCC
ATGGAACATATGGAATTCACATCATCAATTACCGTATGATTAATCGAAGATGTAGCTGG
TTCAATAATCGAATTAGTTAAAATGCCAGGGAATAAACCGAATAACAATTAATAATGTAGC
TAAAATAGCTGGTGATAAAAGCATTAAATATTGATACTTCGTGTGCTTTTTTAAAGTAATTGT
TCAGGTTTATATTGTCCGAAAAATATATGCATTATAAATTTAATTGAATATACAAATGTGA
AGACACTGCCACTATACCAATGATTGGGAATAGATAGCCTAATGTATCAACACTGAATA
AATTTGCTTGGCTTGCTGTAAATGTTGTTTCTAAAAATGATTCTTTTGATAAGAAACCATT
GAACGGTGGTACACCAGCCATACTTAATGCTGTAATAACAGTGATTGTAATGAAATAGG
CATAATTGTTAGTAAGCCACCTAATTTCTTAACATCACGTGTACCAGTAGAATGATCCACT
GCACCTGTAATCATAAATAGGGCACCTTTAAATGTTGCATGGTTGATTAATGGAATATT
GCAGCCGTAATGCAGCAGCATATATTTTGCTATCATCGCCTTGATAGTGATAACTAATG
```

GCACCGATTCCAAGCATCGCCATAATCATACCTAATTGGGATACTGTTGAAAATGCCAGT
ATACCTTTCAAGTCTTGTTGTTTTGTTGCGTTTAGCGAAGCCCAGAATAACGTAATTAAC
CAACGAGTGTGACAGTCCATACCCAACCTTGCATGCTGCGAAGATTGGTGTTCATTGAG
CGATTAAATATAACCCTGCTTTAACCATTGTTGCTGAATGAAGATAAGCACTGACTGGTG
TAGGTGCTTCCATTGCATCTGGTAGCCAAATATAAAAATGGAACTGAGCAGATTTTGTAA
AAGCACCAATCATGATTAATAATCATCGCAAAAATGAAGAATGGGCTATTTTGAATTTGAG
AAGCATGTTGAATCATGTAATGCTAAATGATTGTGTTGGTATAGCGAGTAAGATGA
TACCACCTAATAATGATAGACCACCAATACTGTGATTATGAGCGATTTTGTAGCACCAT
ATATAGATGCTTGTGCTTCGCGCCAGAATGAAATAAGTAAAAAACTAGAAAATGACGTTA
GCTCCCAGAATAAATATAGAATAATAACATTATCTGAAAGTACGACACCTAACATTGCAC
CCATAAATAGTAATAAATAACAATAAAAATTCCCTAGTTGTTCTGACTTACTTAAGTAGC
CGATTGAATATAACTACTAACTGCCGATTCCCTGAAATAAGCAAATAAAGAGTAAAC
CTAAGCCATCAAGATATAAATCAAAGTTCATACCAAATGAGGCATCCAATTTAAGGTTT
TCATTACAGTATTACCTGACATCGTCGTTTTAATTAATGTAAGCATATAAATAAATATGAC
GATAGGGACAGGTAATACGAACCATCTAAATGTATACGTTTAAAAAATCTATACAGGAT
AGGAATAATGAGTGCGAATATTAACGGTAATATCACCGCAATATGTAACAAACTCAC

> **kapB**

Function: protein coding sequence; kinase associated protein B (core genome, constant)

Best match: kapB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[918173:918556:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 42468 ... 42852; Length: 384 bp

Sequence:

TTATTTAAAATTTTCTTTGTATTGAAGTGAATAATCTTCTTTTAAGCGTGCTAAACTAGCT
AAAGACATTTTCAGCATGTTTTGTTGCTGAGCTTTAAGTTTAGTTTCTAAATCTGTAATTG
CTTGTTGAAGTGAATCTTCATAGCGCAATACATCAACATTGAAGTCGCGTAATTGTGAAC
GTTTCGTATAGCGTTTTTCAAATGGCTTAATGCTTTGCGTTCATGGAAAAATACACCTTC
AGTTTCAGTAGGGTTATGTAATCACCTTGTTTCGGGTGTTTGATAACTTGTTCAACTTTA
ACAAGGACATCGTCTCCATTTTCTTCAACAATCGTGACACCATAGCTACCTGTTTTGTGTG
AAAATCGATATAGCTTCAT

> **prsA1**

Function: protein coding sequence; peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (core genome, constant)

Best match: prsA1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[918620:919213]

Position: 025-contig_192_RC: 42915 ... 43509; Length: 594 bp

Sequence:

ATGGCTAACTATCCACAGTTAAACAAAGAAGTACAACAAGGTGAAATTAAGTGGTTAT
GCACACAAATAAAGGTGACATGACATTCAAATTATTTCCAAATATTGCACCAAAAACAGT
TGAAAATTTTGTGATACATGCAAAAATGGTTATTATGATGGAATAACATTCCACCGTGT
CATTAAATGACTTCATGATTCAAGGTGGCGATCCAACAGCTACTGGTATGGGTGGCGAAAG
TATTTATGGCGGTGCTTTTGAAGATGAATTTTCATTAAATGCATTTAACTTATATGGCGCA
TTATCAATGGCTAACTCAGGACCTAATACTAATGGTTCACAATTTTTCATTGTTCAAATGA
AAGAAGTACCTCAAAATATGTTAAGTCAACTTGCAGATGGTGGTTGGCCACAACCAATCG
TTGATGCATATGGCGAGAAGGGTGGTACACCATGGTTAGATCAAAAACATACAGTATTCG
GTCAAATCATTGATGGTGAACCTACATTAGAAGATATTGCAAATACAAAAGTGGGACCA
CAAGATAAACCACTTCATGATGTTGTAATTGAATCTATTGATGTTGAAGAATAA

> **namA**

Function: protein coding sequence; NADH-flavin oxidoreductase (core genome, constant)

Best match: namA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[920367:921494]

Position: 025-contig_192_RC: 44663 ... 45791; Length: 1128 bp

Sequence:

ATGAAAAGTAAATACGAACCATTGTTTGATAAAGTAGAATTACCAAATGGAGTAGAGTT
GAGAAATCGATTTGTGTTAGCCCCTTTAACACATATTTCTTCAAATGATGATGGTACTATT
TCAGATGTAGAACTTCCTTATATTGAAAAGCGTTCACAAGATGTTGGTATTACAATTAAT
GCTGCGAGTAATGTGAGTGATGTGCGAAAAGCATTTTCAGGACAGCCATCAATCGCGCAT

GACAGTAATATTGAAGGACTAAAACGATTAGCTACAGCAATGAAGAAAAACGGTGCCAA
AGCACTCGTACAAATACATCATGGCGGTGCACAAGCATTGCCTGAATTAACACCTGGTGG
AGACGTCGTAGACCAAGTCCAATTTCTTTAAAAAGTTTCGGTCAGAAAACAAGAACATAG
TGCTAGAGAAATGACGAATGAAGAGATTGAACAAGCAATCAAGGATTTTGGTGAAGCAA
CGCGACGTGCAATTGAAGCAGGATTTGATGGTGTGAAATACATGGCGCGAATCATTACT
TAATTCATCAATTTGTATCACCATACTATAATAGAAGAAATGATGTATGGGCAAATCAAT
ATAAATTCCCGTTGCTGTGATTGAAGAAGTGCTTAAAGCGAAAGAAGTGTATGGCAATA
AAGACTTTATTGTTGGATATAGATTGTCTCCGGAAGAAGCGGAGTCTCCAGGAATCACAA
TGGAATTACAGAGGAACCTCGTTAATAAAAATTAGCCATATGCCAATCGACTATATTCATG
TTTCAATGATGGATACGCATGCAACGACACGTGAAGGTAAATACGCTGGACAAGAAAGA
CTGCCTTTAATTCACAAATGGATAAATGGTCGTATGCCACTTATCGGTATTGGTTCAATTT
TCACAGCTGACGAAGCTTTAGATGCAGTTGAAAATGTTGGTGTGACTTAGTAGCCATTG
GTAGAGAGCTACTATTGGATTATCAATTTGTTGAAAAAATTAAGATGGACGGGAAGATG
AAATTATTAATTACTTTGATCCAGAGAGAGAAGATAATCATCACTTAACTCCTAATTTATG
GCATCAATTTAATGAAGGATTCTATCCATTACCACGTAAGATAAATAA

> rocD

Function: protein coding sequence; ornithine aminotransferase

Best match: rocD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[921802:922992]

Position: 025-contig_192_RC: 46098 ... 47289; Length: 1191 bp

Sequence:

ATGACTAAATCTGAAAAAATTATTGAGTTAACAAATCATTACGGAGCACATAATTATTTA
CCATTGCCAATTGTCATTTTCAGAAGCTGAAGGGGTATGGGTAAAGATCCTGAAGGCAAT
AAATATATGGATATGTTATCTGCATATTCCGCTGTTAACCAAGGTCATAGACATCCGAAA
ATTATTCAAGCATTAAAAGATCAAGCTGATAAAGTGACTCTAGTTTCACGTGCTTTTCATA
GTGATAACTTAGGTGAATGGTACGAAAAAATTTGTAAACTGGCAGGTAAGATAAAGCT
TTACCAATGAATACAGGTGCTGAAGCAGTAGAAACAGCTTTGAAAGCAGCACGACGCTG
GGCATAACGATGTTAAAGGAATTGAGCCAAATAAAGCAGAAATCATTGCATTTAATGGTA
ACTTCCATGGTCGAACAATGGCGCCAGTTTCATTATCTTCAGAAGCAGAATACCAACGTG
GTTATGGTCCGTTATTAGATGGATTTAGAAAAGTTGATTTTGGAGATGTAGATGCATTGA
AAGCTGCAATTAATGAAAATACTGCAGCAGTTTTAGTAGAACCAATTCAGGTGAAGCG
GGTATAAATATACCGCCAGAAGGATATTTGAAAGCAATTAGAGAATTATGTGATGAACAT
AATGTCTTATTTATTGCTGACGAAATCCAAGCAGGATTAGGTCGTTCCGGGTAATTTATTG
CTACGGATTGGGATAATGTA AACCTGATGTCTATATTTTAGGTAAAGCACTAGGTGGTG
GTGTCTTCCCAATTTCTGTTGTATTAGCAGATAAAGAAGTATTAGATGTCTTTACACCTGG
CTCACATGGTTCAACATTTGGTGGTAATCCACTTGCTTGTGCTGCATCAATTGCTGCATTA
GATGTTATCGTTGATGAGGATTTACCAGGGCGCTCTTTAGAATTAGGAGATTATTTTAAA
GAACAATTAAGCAAATTGATCATCCATCAATTAAGAAGTCCGTGGACGTGGTTTGT
ATAGGTGTGAACTTAATGAAAGTGCTAGACCATATTGTGAAGCTTTGAAAGAAGAAGG
TTTATTATGTAAGAAACGCATGATACTGTCATTCGTTTTGCACCACCATTAATTACT
AAAGAAGAATTGGACCTTGCACTTGAAAAAATAAGACATGTATTTCAATAA

> rocD2

Function: protein coding sequence; ornithine aminotransferase 2 (core genome, constant)

Best match: rocD2_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[45852:47042] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 46098 ... 47289; Length: 1191 bp

Sequence:

ATGACTAAATCTGAAAAAATTATTGAGTTAACAAATCATTACGGAGCACATAATTATTTA
CCATTGCCAATTGTCATTTTCAGAAGCTGAAGGGGTATGGGTAAAGATCCTGAAGGCAAT
AAATATATGGATATGTTATCTGCATATTCCGCTGTTAACCAAGGTCATAGACATCCGAAA
ATTATTCAAGCATTAAAAGATCAAGCTGATAAAGTGACTCTAGTTTCACGTGCTTTTCATA
GTGATAACTTAGGTGAATGGTACGAAAAAATTTGTAAACTGGCAGGTAAGATAAAGCT
TTACCAATGAATACAGGTGCTGAAGCAGTAGAAACAGCTTTGAAAGCAGCACGACGCTG
GGCATAACGATGTTAAAGGAATTGAGCCAAATAAAGCAGAAATCATTGCATTTAATGGTA
ACTTCCATGGTCGAACAATGGCGCCAGTTTCATTATCTTCAGAAGCAGAATACCAACGTG

GTTATGGTCCGTTATTAGATGGATTTAGAAAAGTTGATTTTGGAGATGTAGATGCATTGA
AAGCTGCAATTAATGAAAATACTGCAGCAGTTTTAGTAGAACCAATTCAAGGTGAAGCG
GGTATAAATATACCGCCAGAAGGATATTTGAAAGCAATTAGAGAATTATGTGATGAACAT
AATGTCTTATTTATTGCTGACGAAATCCAAGCAGGATTAGGTCGTTCCGGGTAAATTATTTG
CTACGGATTGGGATAATGTAACCTGATGTCTATATTTTAGGTAAAGCACTAGGTGGTG
GTGTCTTCCCAATTTCTGTTGTATTAGCAGATAAAGAAGTATTAGATGTCTTTACACCTGG
CTCACATGGTTCAACATTTGGTGGTAATCCACTTGCTTGTGCTGCATCAATTGCTGCATTA
GATGTTATCGTTGATGAGGATTTACCAGGGCGCTCTTTAGAATTAGGAGATTATTTTAAA
GAACAATTAAGCAAATTGATCATCCATCAATTAAGAAGTCCGTGGACGTGGTTTGT
ATAGGTGTGGAACCTAATGAAAGTGCTAGACCATATTGTGAAGCTTTGAAAGAAGAAGG
TTTATTATGTAAGAAGAACGCATGATACTGTCATTCGTTTTGCACCACCATTAATTACT
AAAGAAGAATTGGACCTTGCACTTGAAAAATAAGACATGTATTTCAATAA

> **gluD**

Function: protein coding sequence; NAD-specific glutamate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: gluD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[923101:924345]

Position: 025-contig_192_RC: 47397 ... 48642; Length: 1245 bp

Sequence:

ATGACTGAGAACAATAATTTAGTAACTTCTACTCAAGGAATTATTAAGAAGCATTGCAT
AAATTAGGATTTGACGAAGGAATGTACGATTTAATTAAGAACCTTTAAGAATGTTACAA
GTGCGTATCCCTGTACGAATGGATGATGGCACTGTTAAAACATTCACAGGTTACCGTGCG
CAACATAATGATGCTGTTGGACCAACAAAAGGGGGCGTGCCTTCCACCCAGATGTTGAT
GAAGAAGAAGTAAAAGCATTATCAATGTGGATGACTTTGAAATGTGGCATTGTAACCTTA
CCATACGGTGGTGGTAAGGGTGGTATCGTTTGTGATCCACGTCAAATGAGCATTGATGAA
GTTGAACGTTTATCACGCGGATATGTAAGAGCAATTCACAATTCGTAGGTCCGAACAAA
GATATTCCAGCACCAGATGTATTTACAACTCACAAATTATGGCTTGGATGATGGATGAA
TATAGTGCATTAGATAAATTTAATTCACCAGGTTTCATCACAGGTAAACCAATTGTATTGG
GTGGTTCTCATGGACGCGACAGATCAACTGCACTAGGTGTAGTTATTGCAATTGAACAAG
CTGCAAAACGTCGTAATATGCAAATTGAAGGTGCCAAGGTTGTTATTCAAGGTTTCCGGTA
ATGCCGGAAGTTTCTTAGCTAAATTTCTATATGATTTAGGTGCAAAAATTGTAGGTATCTC
TGATGCTTACGGTGCATTACACGATCCAAATGGCTTAGATATAGATTATTTATTAGACCGT
CGTGATAGTTTTGGTACGGTAACAAATTTATTTGAAGAAACAATCTCAAATAAGAATTG
TTTGAATTAGATTGTGACATTTTAGTACCAGCGGCTATTTCAAACCAAATTACAGAAGAC
AATGCACATGATATTAAGCTAGTATCGTTGTTGAAGCTGCTAATGGACCTACAACACCA
GAAGCAACACGTATTTAACTGAACGTGGTATATTATTAGTTCCAGACGTATTAGCAAGT
GCTGGTGGTGTAAACGGTTTCTTACTTCGAATGGGTACAAAATAATCAAGGTTATTATTGGT
CTGAAGAAGAAGTTAATGAAAAGCTACGTGAAAAATTAGAAGCGGCATTTGATACGATT
TACGAATTGTCTCAAACCGAAAAATAGATATGAGACTTGCAGCATATATCATAGGTATT
AAACGTACAGCAGAAGCAGCTAGATATCGTGGTTGGGCATAA

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[924625:924696:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 49024 ... 49054; Length: 30 bp

Sequence:

AATATCTTACTGCTGTTTTTTATAGTAATA

> **glpQ2**

Function: protein coding sequence; glycerophosphodiester phosphodiesterase

Best match: glpQ2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[924735:925664:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 49872 ... 50022; Length: 150 bp

Sequence:

CGTTAAATTTGTATGCCATTGAATAGCCTGAGGTTTATTTGCAATTTGATTTGTTTGTTC
GCGCCAGCAGTAGGTACTGATAAAAATCCCATAGTAAAAACAGCAGAAGCAGCCATAAA
TTTAGTGAAGCTTTTCGAAGAGTTAGTCAT

> **argH**

Function: protein coding sequence; argininosuccinate lyase

Best match: argH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[925906:927285:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 50263 ... 51643; Length: 1380 bp

Sequence:

```
TTATTGTGATAGTAATTGTTTAGCAACATCAAGTTGTTGTTTGACCGATGATTGACCTGTT
GAACCGTAACTTTGACGTCGTTTTAAACAATTTTCAGGCTGCAAATAATCGTAAATATCG
GCATCAATACTAGAATGATGTTGTTGATATGTTGCTAAAGGAACATCTAATAAATAATGA
CCTTGTTGTATACATTCTAAGACAATTTTCCTACAATTTTCATGTGCAGTTCTAAATGGAA
TATTTTTAGTTACTAAATAATCTGCTAGTTCGGTTGCATTTGAAAAATCTTCTTTAACAGTT
TGATTGAGTCGTTCTTTATTAATTGTCATCGTTTGAATCATACCTTCGAAAATACGTAAAG
AACCTTTAATTGATGACAGCATCGAATAAACCTTCTTTATCTTCCTGCATATCTTTGTT
ATATGCTAGAGGTAATCCTTTTAAAGTCATAAGCATGCTCATTAAATGACCAGTCGTTTCG
ACCAACTTTACCTCTAATTAATTCTGCCATATCAGGATTTTTCTTTTGTGGCATAATAGAT
GAGCCAGTTGAAAATGCATCTGATAATGTAATGAATTTAGCTTCGTCTGTGGACCAGAAA
ATAATTTCTCTGCAAAGCGTGATAAGTGAACCATCGTTAAAGAAAATATTATGCAATATT
TCAATAATATAGTCTCTGTCACTAACAGCATCTAGGCTATTCTCATAGAGACTGCCAAAG
TTCAACAATGCTGTTGTCTCGTGTCTATCGATAGGGTATGTGGTACCACTTAAGGCTGCTG
CACCTAAAGGATTAATATCGATTTCGTTTTAAACTATCTTCAAATCGTTGTTGGTCTCGTTG
TAACATCCAAAAATAAGTCATAATATGATGTGCAAATGAAATTGGCTGTGCACGCTGTAA
ATGAGTATAACCAGGCATAATTGTATCAACATTATTGGAAGCGATGTCTACAATTACACT
TTGTAACGACTTAATTAATGCGATGATATCTTGCACCTGTTTCTTAGTGTACAAGTGCATG
TCTGTTGCAACTTGATCGTTTCTACTGCGTCCAGTATGCAACTTACCACCAGCATCACCAA
TACGTTTAATTAATTCATGTTCAATATTTAAATGAATATCTTCTAATGATGCACTAAATTG
AATTTGATCTTGATGATAATCATGTTGAATAGATTTTAGTCCTTGTATAATTTGTTTCGCTGT
CTTGTTGACTAATAATTCCTTGATTCGCAAGCATAGTTGCATGTGCAATGCTGCCTTCGAT
ATCTTGATCTATGAGCGTTTGATCAAAGTAATGGATGCGTTAAAGTCGTCAACCCACTC
TTCAGGTTGTACTTCAAATCTACCGCCCCAAGCTTTATTGCTCAT
```

> **argG**

Function: protein coding sequence; argininosuccinate synthase

Best match: argG_CC001_MSSA476_BX571857.1[911244:912449:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 51632 ... 52838; Length: 1206 bp

Sequence:

```
TTATTGCTCATTGCTATAGCCTCCATGTAGCATCGCATTTACTTGAGTAGGTAAACCATAG
ATATCGATAAAGCCAACAGCAGCGTCTTGATTAAATGCATCTTCTTTTGTATAAGTTGCTA
ATTTTTCATCATATAATGTGTAAGGTGATTTTCTACCATTTACGATGGCATTACCTTTGAA
TAATTTAATTTCTGACATCACCACTTACGTATTGCTGAGTACTATCAATAAATAATTTAAG
CTATCAGTTAAAGGTGAGAACCAAAGTCCATTGTATAGTTGTTTCAGCAAATTTGCTTCTCG
ATGATTGGTTTAAAGTGTGCGACATCTTTCGTTAACGTAATCGTTTCTAATGCTTTATGCG
CTTTTAAATAAATTTCTGCAGCAGGTGCCTCATAAATTTCTCTTGATTTGATACCTACAAG
TCTATTTTCTACATGGTCAATTCTTCCGATACCATGCTTACCAGCTAATGCATTCAACGTT
AAAATTAATCGTCTAATTCATATGTTTTGCCATCAATTTGAACTGGGATGCCTTTATCAA
ACGTTAAATGATTTTCATCAGCAGTATCTGGTGGTTTCTTCTAAAGCATTGTTAGATCGAA
CGCATCCTCTGGTGGCGCAGCATAAGGATCTTCTAAAATACCACATTCATTCGCTCTGCC
CATAGATTTTGATCGATAGAATAAGGTGAATCATGGTTGATTGATACAGGGATATTATGT
TTAATTGCATAATCGATTTCTTCTTACGACTCCATGCCCACTCACGTACAGGTGCGAATG
CTTTCAATGATGGGTTTAAATGCTTTAATGGCAACTTCGAAACGTACTTGGTCATTCCCTTT
ACCAGTACAACCATGTGCAATACCTACTGAATTTGTTTTCTCAGCAATCTCTACTAATTTT
TTAGCGATTAATGGTCTTGATAAAGCTGAAACTAATGGATATGCATTTTCATACATTAAT
TTCCTTTGATTGCATAACTTACATACTCATCACTAAATTTCTTTTGTGTCATCAATAATATGA
CATTCAACTGCTCCCATATCTAAAGCTTTTTTATAAACGATGTCTAAATCTTTACCTTAC
CAACATCTAGGCAACAAGCTACAACCTTCGTATCCTTTGTTCGATAAGCCATTGAACGGCCA
CACTTGTATCTAGTCCTCCTGAATATGCTAAAACAATTTTCTCTTTCAT
```

> **pgi**

Function: protein coding sequence; glucose-6-phosphate isomerase (core genome, constant)

Best match: pgi_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1005150:1006481] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 53188 ... 54520; Length: 1332 bp

Sequence:

```
ATGACTCATATTCAATTAGATTTTAGTAAAACGTTAGAATTTTTTCGGTGAACACGAATTAA
AACACAACAAGAAATTGTTAAATCAATTCACAAAACAATTCATGAAGGTTACTGGTGCA
GGTAGTGACTTCTTAGGCTGGGTTGATTTACCAGTTGATTACGACAAAAGAAGAATTTTCA
AGAATTGTTGAAGCATCAAAACGCATTAAAGAAAATTCTGATGTTTTAGTAGTCATCGGT
ATTGGTGGTTCTTACTTAGGTGCACGTGCAGCAATCGAAATGTTAACGTCATCATTTAGA
AACAGCAATGAATACCCTGAAATTGTATTTGTTGGTAATCACTTATCATCAACATATACG
AAAGAGTTAGTTGATTATTTAGCAGACAAAGATTTCTCTGTAAACGTTATTTCTAAATCTG
GTACAACACTACAGAACCAGCAGTTGCATTTAGATTGTTCAAACAATTAGTTGAAGAAAGAT
ACGGTAAAGAAGAAGCACAAAAACGTATATTTGCAACAACGGATAAAGAAAAAGGTGCT
TTAAAACAGTTGGCTACAAACGAAGGTTATGAAACGTTTATCGTACCTGATGATGTAGGT
GGAAGATATTCTGTTTTAACAGCAGTAGGATTATTACCAATTGCAACAGCTGGAATTAAC
ATCGAAGCTATGATGATTGGTGCTGCAAAAGCACGTGAAGAATTATCTTCAGATAAATTA
GAAGACAACATTGCATACCAATATGCGACAATTCGAAACATTTTATATGCAAAAAGGTTAT
ACAACAGAAATGTTGATTAACATGAACCATCTATGCAATACTTTAATGAATGGTGGAAA
CAATTATTTGGTGAATCAGAAGGTAAAGACTTCAAAGGTATCTATCCTTCAAGTGCCAAC
TACACAACACTGATTTACATTCTTTAGGTCAATATGTACAAGAAGGCCGTCGTTTCTTATTCG
AAACAGTGGTAAAAGTAAATCATCCTAAATATGATATTACTATTGAAAAAGATAGTGATG
ATCTAGACGGATTAAATTATTTGGCTGGTAAAACAATCGACGAAGTTAACACAAAAGCAT
TCGAAGGTACATTATTAGCGCATACTGATGGTGGTGTTCCTAACATGGTAGTGAACATTC
CACAATTAGATGAAGAACTTTCGGTTATGTTCGTATACTTCTTCGAACTTGCTTGTGCAAT
GAGTGGATACCAATTAGGTGTAAATCCATTTAACCAACCTGGTGTAGAAGCATATAAACA
AAACATGTTTCGCATTATTAGGTAAACCTGGTTTTGAAGACTTGAAAAAAGAATTAGAAGA
GCGTTTATAA
```

> **spsA**

Function: protein coding sequence; signal peptidase IA (core genome, variable)

Best match: spsA_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[55178:55702] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 55424 ... 55949; Length: 525 bp

Sequence:

```
GTGAAAAAAGTTGTAAAATATTTGATTTTCATTGATACTTGCTATTATCATTGTACTGTTCCG
TACAAACTTTTGTAAATAGTTGGTCATGTCAATCCGAATAATGATATGTCACCAAGCCTTAA
CAAAGGGGATCGTGTTATTGTAAATAAAATTAAGTTACATTTAATCAATTGAATAATGG
TGATATCATTACATATAGGCGTGGTAACGAGATATATACTAGTCGAATTATTGCCAAACC
TGGTCAATCAATGGCGTTTCGTCAGGGACAATTATACCGTGATGACCGACCGGTTGACGC
ATCTTATGCCAAGAACAGAAAAATTAAGATTTTAGTTTGCGCAATTTTAAAGAATTAGA
TGGAGATATTATACCGCCTAACAATTTTGTGTGCTAAATGATCATGATAACAATCAGCA
TGATTCAAGACAATTTGGTTTAATTGATAAAAAGGATATTATTGGTAAATATAAGTTTGAG
ATATTATCCTTTTTCAAATGGACGATTCAGTTCAAATCTTAA
```

> **spsB**

Function: protein coding sequence; signal peptidase IB (core genome, constant)

Best match: spsB_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[55178:56293] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 55964 ... 56540; Length: 576 bp

Sequence:

```
TTGAAAAAAGAATTATTGGAATGGATTATTTCAATTGCAGTCGCTTTTGTCAATTTTATTTA
TAGTAGGTAAATTTATTGTTACACCATATACGATTAAGGTGAATCAATGGATCCAACCTT
TGAAAGATGGCGAGCGAGTAGCTGTAAACATTATTGGATATAAAACAGGTGGTTTGGAA
AAAGGTAATGTAGTTGTCTTCCATGCAAACAAAATGATGACTATGTTAAACGTGTCATC
GGTGTTCCTGGCGATAAAGTAGAATATAAAAATGATACATTATATGTCAATGGTAAAAAA
```

CAAGATGAACCATATTTAAACTACAATTTAAAACATAAACAAGGTGATTACATTACTGGG
ACTTTCCAAGTTAAAGATTTACCGAATGCGAATCCTAAATCAAATGTCATTCCAAAAGGT
AAATATTTAGTGCTTGGAGATAATCGTGAAGTAAGTAAAGATAGCCGTGCGTTTGGCCTC
ATTGATGAAGACCAAATTGTTGGTAAAGTTTCATTTAGATTCTGGCCATTTAGTGAATTTA
AACATAATTTCAATCCTGAAAATACTAAAAATTA

> **rexB**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent nuclease subunit B (core genome, variable)

Best match: rexB_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[56453:59929] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 56699 ... 60176; Length: 3477 bp

Sequence:

ATGACATTACATGCTTATTTAGGTAGAGCGGGAACAGGTAAGTCTACGAAAATGTTGACC
GAAATAAAACAAAAAATGAAAGCAGATCCGCTTGGAGATCCAATCATTTTAATTGCGCC
AACTCAAAGTACATTTCAATTAGAACAAGCCTTTGTCAATGATCCGGAATTAATGGTAG
TTTAAGAACAGAAGTGTTGCATTTTGAACGATTAAGTCATCGTATTTTCCAAGAAGTTGGT
AGTTATAGCGAACAAAAGTTATCTAAAGCTGCAACGAAATGATGATTTATAACATTGTT
CAAGAACAACAAAAGTATTTAAAACCTTTATCAATCACAAGCAAAAATATTATGGGTTTAGT
GAAAAATTAACAGAACAAATTCAAGATTTTAAAAAATATGCAGTAACGCCTGAACATTTA
GAACACTTTATTGCTGATAAAAAATATGCAAACCTCGAACTAAAAATAAGTTAGAGGATATT
GCTTTAATATACCGTGAGTTCGAACAACGCATTCAAACGAGTTTATTACGGGTGAGGAT
TCATTACAATATTTTATTGATTGTATGCCGAAATCAGAGTGGCTAAAACGTGCTGATATAT
ATATTGATGGTTTTCACTTTTCAACGATTGAGTATTTAATAATCAAAGGATTAATTA
ATATTCGAAGAGTGTCAACAATTATATTGACGACAGATGGTAACCACGATCAATTTAGTTT
ATTTAGAAAACCATCGGAAGTGTTACGACATATTGAAGAAATAGCAAATGAACTCAATAT
TTCTATTGAACGTCAATATTTCAAGCAATTATATCGCTTCAATAATCAAGATTTAAAGCAT
CTTGAACAAGAATTTGATGCACTTCAAATCAATCGAGTGGCATGTCAAGGTCATATCAAT
ATTTTAGAATCTGCGACTATGAGAGAGGAAATAAATGAAATTGCGCGACGTATCATCGTT
GATATTCGTGATAAGCAATTACGATATCAAGATATTGCAATTTTATATCGTGACGAGTCTT
ATGCTTATTTATTTGATTCCATATTACCGCTTTATAATATTCCTTATAACATTGATACAAAG
CGTTCGATGACACATCATCCGGTCATGGAAATGATTTCGTTTATTGATTGAAGTTATTCAAT
CTAATTGGCAAGTGAATCCAATGCTACGCTTATTGAAGACTGATGTGTTAACGGCATCAT
ATCTAAAAAGTGCATACTTAGTTGATTTACTTAAAATTTTGTACTTGAACGTGGTATATA
CGGTAAACGTTGGTTAGATGATGAGCTATTTAATGTGCAACATTTTAGCAAAATGGGGCG
TAAAGCGCATAAACTGACCGAAGATGAACGTAACACATTTGAACAAGTCGTTAAGTTAA
AGAAAGATGTCATTGATAAAATTTTACATTTTAAAAGCAAATGTCACAAGCGGAAACTG
TAAAAGATTTTGAACCTGCTTTTTATGAAAGTATGGAATATTTGCAACTGCCAAATCAATT
GATGACAGAGCGAGATGAACTTGATTTAAATGGTAATCATGAAAAGGCGGAGGAAATTG
ATCAAATATGGAATGGCTTAATTCAAATCCTTGATGACTTAGTTCTAGTATTTGGAGATGA
ACCAATGTCGATGGAACGTTTCTTAGAAGTATTTGATATTGGTTTAGAACAATTAGAATTT
GTTATGATTCCGCAAACATTGGACCAAGTAAGTATTGGTACGATGGATTTGGCTAAAGTC
GATAATAAGCAACATGTTTACTTAGTAGGTATGAATGACGGCACCATGCCACAACCAGTA
ACTGCATCAAGTTTAATTACTGATGAAGAAAAGAAATATTTTGAACAACAAGCAAATGTA
GAGTTGAGTCCTACATCAGATATTTTACAGATGGATGAAGCATTGTGTTGCTATGTTGCTA
TGACTAGAGCTAAGGGAGATGTTACATTTTCTTACAGTCTAATGGGATCAAGTGGTGATG
ATAAGGAGATCAGCCATTTTAAATCAAATTCATCATTGTTCAACCAATTGGAAATTA
CTAACATTCCTCAATACCATGAAGTTAACCATTGTCCTAATGCAACATGCTAAGCAAA
CCAAAATTACATTATTTGAAGCATTGCGTGCTTGGTTAGATGATGAAATTGTGGCTGATA
GTTGGTTAGATGCTTATCAAGTAATTAGAGATAGCGATCATTTAAATCAAGGTTTAGATT
ATTTAATGTCAGCATTAAACGTTTGACAATGAACTGTAAAATTAGGTGAAACGTTGTCTA
AAGATTTATATGGTAAGGAAATCAATGCCAGTGTATCTCGATTTGAAGGTTATCAACAAT
GCCATTTAAACACTATGCGTCACATGGTCTGAACTAAATGAACGAACGAAGTATGAAC
TTCAAAACTTTGATTTAGGTGATATTTTCCATTCTGTTTTAAAATATATATCTGAACGTATT
AATGGCGATTTTAAACAATTAGACCTGAAAAAATAAGACAATTAACGAATGAAGCATT
GGAAGAAATTTTACCTAAAGTTCAGTTTAAATTTATTAATTCCTCAGCTTACTATCGTTAT
TTATCAAGACGCATTGGCGCTATTGTAGAAACAACACTAAGCGCATTAAAATATCAAGGC
ACGTATTCAAAGTTTATGCCAAAACATTTTGGAGACAAGTTTTAGAAGGAAACCAAGAACA

AATGACGAATTAATTGCACAAACATTAACGACAACCTCAAGGTATTCCAATTAATATTAGA
GGGCAAATTGATCGTATCGATACGTATACAAAGAATGATACAAGTTTTGTTAATATCATT
GACTATAAATCCTCTGAAGGTAGTGCACACTTGATTTAACGAAAGTATATTATGGTATG
CAAATGCAAATGATGACATACATGGATATCGTTTTACAAAATAAACAACGCCTTGGATTA
ACAGATATTGTGAAACCAGGTGGATTATTATACTTCCATGTACATGAACCTAGAATTA
TTAAATCGTGGTCTGATATTGATGAAGATAAACTAGAACAAGATTTAATTA
AAGCTGAGTGGTTAGTGAATGCAGACCAAACCTGTTATTGATGCATTGGATATTCGTTTA
GAACCTAAATTCACTTCAGATATTGTACCAGTTGGTTTGAATAAAGATGGCTCTTTGAGTA
AACGAGGCAGCCAAGTGGCAGATGAAGCAACAATTTATAAATTCATTCAGCATAACAAA
GAGAATTTTATAGAAACAGCTTCAAATATTATGGATGGACATACTGAAGTTGCACCATTA
AAGTACAAACAAAATTACCATGTGCTTTTTGTAGTTATCAATCGGTATGTCATGTAGAT
GGCATGATTGATAGTAAGCGATATCGAACTGTAGATGAAACAATAAATCCAATTGAAGC
AATTCAAAATATTAACATTAATGATGAATTTGGGGGTGAGCAATAG

> **rexA**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent nuclease subunit A (core genome, variable)

Best match: *rexA_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1*[59930:63583] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 60176 ... 63830; Length: 3654 bp

Sequence:

ATGACAATTCAGAGAAACCACAAGGCGTGATTTGGACTGACGCGCAATGGCAAAGTAT
TTACGCAACTGGACAAGATGTACTTGTGCAGCCGCGGCAGGTTTCAGGTA
AAACAGCTGTACTAGTTGAGCGTATTATCCAAAAGATTTTACGTGATGGCATTGATGT
CGATCGACTTTTATGTCGTAACGTTTACAAACTTAAGCGCACGTGAAATGAAGCATCGT
GTAGACCAACGTATTCAAGAGGCATCGATTGCTGATCCTGCAAATGCACACTTGAAAA
ACCAACGCATCAAAATTCATCAAGCACAAATATCTACACTTCATAGTTTTTGTCTGAA
ATTAATTCAACAGCATTATGATGTATTAATATTGACCCGAACTTTAGAACAAGCAGT
GAAGCTGAAAATATTTTATTATAGAACAACGATAGATGAAGTTATAGAACAACATT
ACGATATCCTTGATCCTGCTTTTATTGAATTAACAGAGCAATTGTCTTCAGATAGA
AGTGATGATCAGTTTCGAATGATTATTAACAATTTGTATTTCTTTAGCGTTGCAAAT
CCAAATCCTACAAATTTGGTTGGATCAATTGGTGACACCATAACGAGAAGAAGCACA
ACAAGCGCAACTTATTCAACTACTAACAGACTTATCTAAAGTATTTATCACAGCTG
CTTATGATGCTTTAAATAAGGCGTATGATTTGTTTAGTATGATGGATAGCGTCGATA
AAACATTTAGCTGTTATAGAAGATGAACGACGTTTAAATGGGGCGTGTTTTAGA
AGGTGGCTTTATTGATATACCTTATTTAACTGGTCACGAATTTGGCGCGCGT
TTGCCTAATGTAACAGCGAAAATTAAGAAGCAAATGAAATGATGGTCGATGCCTTAGA
AGATGCTAAACTTCAGTATAAAAAATATAAATCATTAATTGATAAAGTGAAGAGT
GATTA
CTTTTCAAGAGAAGCTGATGATTTGAAAGCTGATATGCAACAATTGGCGCCACGAGT
AAAGTACCTTGCGCGTATTGTGAAAGATGTTATGTCAGAATTCAATCGAAAAAAGC
GTAGCAA
AAATATTTTGGATTTTCTGATTATGAACATTTTGCATTACAAATTTTAACTAATG
AGGATGGTTCGCCTTCAGAAATTGCCGAATCATAACCGTCAACACTTCCAAGAAAT
ATTGGTCGATGAGTATCAAGATACGAACCGAGTTCAAGAGAAAATACTATCTTGCAT
CAAAAACGGGTGATGAACATAATGGTAATTTATTTATGGTTGGAGATGTTAAGCAAT
CCATTTATAAATTTAGACAAGCTGATCCAAGTTTATTTATTGAAAAGTATCAACGCTT
TACTATAGATGGAGATGGC
ACTGGACGTCGAATTGATTTGTCGCAAACTTCCGTTCTCGAAAAGAAGTACTGTCAAC
GACTAACTATATATTCAAACATATGATGGATGAACAAGTCGGTGAAGTAAAATATGAT
GAA
GCGGCACAGTTGTATTATGGTGCACCATATGATGAATCGGACCATCCAGTAAACTT
AAAA
GTCCTTGTGAAAGCGGATCAAGAACATAGTGATTTAACTGGTAGTGAACAAGAAGC
GCAT
TTTATAGTAGAACAAGTTAAAGATATCTTAGAACATCAAAAAGTTTATGATATGAA
AACA
GGAAGCTATAGAAGTGCGACATACAAGGATATCGTTATTCTAGAACGCAGCTTTG
GACAA
GCTCGCAATTTACAACAAGCCTTTAAAAATGAAGATATTCCATTCCATGTGAATAG
TCGT
GAAGGTTACTTTGAACAAACAGAAGTCCGCTTAGTATTATCATTTTTAAAGAGCGAT
AGAT
AATCCATTACAAGATATTTATTTAGTTGGGTTAATGCGCTCCGTTATATATCAGTT
CAAAG
AAGACGAATTAGTTCAAATTAGAATATTGAGTCAAATGATGACTACTTCTATCAATCG
ATTG
TAAATTACATTAATGACGAAGCAGCAGATGCAATTTTATGTTGATAAATTA
AAAA
ATGTTTTATCAGATATTCAAAGTTACCAACAATATAGTAAAGATCATCCGGTGTATC
AGTTAAT
TGATAAATTTATAATGATCATTATGTTATTCAATACTTTAGTGGACTTATTGGTGG
ACGT
GGACGACGTGCAAATCTTTATGGTTTATTTAATAAAGCTATCGAGTTTGAGAATTCA
AGTT

TTAGAGGTTTATATCAATTTATTCGTTTTATCGATGAATTGATTGAAAGAGGCAAAGATTT
TGGTGAGGAAAATGTAGTTGGTCCAAACGATAATGTCGTTAGAATGATGACAATTCATAG
TAGTAAAGGTCTAGAGTTTCCATTTGTCATTTATTCTGGATTGTCAAAGATTTTAATAAA
CGTGATTTGAAACAACCAGTTATTTTAAATCAGCAATTTGGTCTCGGAATTGATTATTTTG
ATGTGGATAAAGAAATGGCATTTCATCTTTAGCTTCGGTTGCATATAGAGCTGTTGCCG
AAAAAGAACTTGTGTCAGAAGAAATGCGATTAGTCTATGTAGCATTAAACAAGAGCGAAA
GAACAACCTTTATTTAATTGGTAGAGTGAAAAATGATAAATCATTACTAGAACTAGAGCAA
TTGTCTATTTCTGGTGAGCACATTGCTGTCAATGAACGATTAACCTCACCAAATCCGTTCC
ATCTTATTTATAGTATTTTATCTAAACATCAATCTGCGTCAATTCCAGATGATTTAAAATT
TGAAAAAGATATAGCACAAATTGAAGATAGTAGTCGTCGGAATGTAATATTTCAATTGT
GTACTTTGAAGATGTGTCTACAGAAACCATTTTAGATAATGATGAATATCGTTCGGTTAAT
CAATTAGAACTATGCAAAATGGTAATGAAGATGTTAAAGCACAAATTAACACCAACT
TGATTATCGATATCCATATGTAATGATACTAAAAAGCCCTCAAACAATCTGTTTCTGA
ATTGAAAAGACAATATGAAACAGAAGAAAGTGGCACAAAGTTACGAACGAGTAAGGCAAT
ATCGTATCGGTTTTTCAACGTATGAACGACCTAAATTTCTATGTGAACAAGGTAACGAA
AAGCGAATGAAATTGGTACGTTAATGCATACAGTGATGCAACATTTACCATTCAAAAAAG
AGCGCATATCTGAAGTTGAGTTACATCAGTATATCGATGGATTAATCGATAAACATATTA
TCGAAGCAGATGCGAAAAAAGATATCCGTATGGATGAAATAATGACATTTATCAATAGT
GAGTTATATTCGATTATTGCTGAAGCAGAGCAAGTTTATCGTGAATTACCGTTTGTAGTTA
ACCAAGCATTAGTTGACCAATTGCCACAAGGAGACGAAGACGTCTCAATTATTCAAGGTA
TGATTGACTTGATCTTTGTTAAAGACGGTGTGCATTATTTTGTAGACTATAAAACCGATGC
ATTTAATCGTCGTCGTGGGATGACAGATGAAGAAATTGGTACACAATTAATAAATAAATA
TAAGATACAGATGAAATATTATCAAATACGCTTCAAACGATTCTTAATAAAGAAGTTAA
AGGTTATTTATACTTCTTCAAATTTGGTACATTGCAACTGTAG

> Q5HHB6

Function: protein coding sequence; putative fumarylacetoacetase (core genome, variable)

Best match: Q5HHB6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[939638:940540] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 63995 ... 64898; Length: 903 bp

Sequence:

ATGAAATTCTTATCATTCAAGTATAATGACAAAACCTTCATATGGCGTTAAAGTAAAACGC
GAAGATGCTGTATGGGATTTAACACAAGTATTTGCTGACTTTGCAGAAGGAGATTTCCAT
CCTAAAACATTGTTAGCTGTTTACAACAAAATCATACTTTAGATTTTCAAGAACAAGTA
CGTAAAGCAGTTGTAGCAGCAGAAGATAGCGGCAAAGCTGAAGACTATAAAAATTTTCATT
TAATGACATTGAATTCTTACCACCAGTAACACCTCCGAATAATGTGATTGCTTTTTGGTAGA
AATTACAAAGATCATGCGAACGAATTAATCATGAAGTAGAAAAATTATATGTATTTACA
AAAGCAGCGTCATCTTTAACAGGAGATAATGCAACAATTCCAAATCATAAAGATATTACT
GATCAATTAGATTATGAAGGTGAATTAGGTATTGTTATTGGTAAGTCTGGTGAAAAGATT
CCAAAAGCATTAGCTTTAGATTATGTTTACGGCTATACAATTATTAACGATATCACTGATC
GCAAAGCACAAAGTGAACAAGATCAAGCATTTTTATCAAAAAGTTTAACTGGCGGTTGCC
CAATGGGTCCCTTATATCGTTACTAAAGACGAACTACCATTACCTGAAAATGTAATATTG
TTACAAAAGTTAACAATGAAATTAGACAAGATGGTAACACTGGCGAAATGATTCTTAAA
ATTGATGAATTAATAGAAGAAATTTCAAATATGTTGCACTACATCCGGGAGATATTATT
GCAACTGGTACACCAGCAGGCGTTGGTGCAGGTATGCAACCACCTAAATTTTACAACCA
GGTGATGAAGTTAAAGTGACTATTGATAATATTGGAACGCTGACAACCTTATATCGCTAAA
TAA

> UPF0344

Function: protein coding sequence; unknown protein fold UPF0344 (core genome, variable)

Best match: UPF0344_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[64979:65368] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 65225 ... 65615; Length: 390 bp

Sequence:

ATGTTACATTTACATATATTAAGTTGGGTATTAGCGATTATTTTATTTATCGCTACATACTT
AAACATTTCAAAAAATCAAGGCGGATCACCATTTTTCAAACCGTTGCACATGATTTTACG
CTTATTTATGCTGTTGACGTTAATTCAGGATTTTGGATATTAATTCAGTCATTTATGAATG

GCGGGGCAAATCATATGTTGCTTACATTGAAAATGCTGTGTGGTGTGCAGTAGTTGGAT
TGATGGAAGTGTGCGATTGCTAAAAGAAAGAGACATGAACAAAGTCACACAATGTTTTGG
ATAACAATGGCATTAAATTATCATCACAATGGTATTAGGTGTCATTCTACCGTTAGGGCCTA
TATCAAATTATTTCGGTATTGGCTAA

> **cdr**

Function: protein coding sequence; coenzyme A disulfide reductase (core genome, variable)

Best match: cdr_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[65540:66856:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 65786 ... 67103; Length: 1317 bp

Sequence:

TTATTTAGCTTTGTAACCAATCATATTGATTAATCTTTAGGGTGGCTATATGGTGGTGCA
TAAGCCACTTCAAACCTCAGTTAACTCATCTACAGTTAGCTGGTTCATCATTGCCATCGATA
GTACATCAATACGTTTATCTGCACCTTCTTTTCTACTGCAGCTGCTCTTAAAATCTGACG
GTTTGAAGTGTGATAATATACCTTAAGTGTAAAGGGGAATTCCTGGGTAATAATTTCGC
GTGTGCACCTTGAGTGACTTCTACCATTTTATAGTCAAATTGCTTTAGTTCATTTGGTTTAA
CGCCGACACTCGCAAATGTATAATCAAAGAACTTCACAATATTGTTGCCTAAGAAGCCTT
TGAATTC AATAGTGTCAATTTCCAGCAATTTGTTCCGCAACAATACTTGCTGCACGGTGAGC
GCCCAAGCTAAAGGAACACTAGCCGGTAGATCGACATGTCGATAAATGTGATGTTGCAAT
ATCGCCTATTGCATAAATGTTTGGAAACATTTGTTTCAAATTTATCGTTTACCGGTATGAAA
CCTTTTCGATCAAGTTTGATATTTGAACTTTCGATAAAATTTGAATTGGGGTGAGTACCGA
CACCTTCAATAATCATATCGTAATGTTCAACTTTTCTGATTTAAATGTAATTCATTTCCA
TTGATAGCATCAATTTCTCATTTAAACGGTATGGAATCTCCCGCTTATCTAATTCATCAA
GTATAGTTGATTCATGTCAGCATCCATTAATTTATTTATCTTATCAGATCGATGAATTA
AGTAGGGTGTAAACCACGTTTCGTAAAGATTTTCAAGA ACTTCTAATGAAACATACCCTGC
ACCTACA ACTAATACTTTATCAACTTGATTTGCTTTGATGAATTGATCGATAGCATCAGTG
TCTTCTAAATTTCTAAGTGTAAATGTAATATCACTTTCAAAGCCAAGGCTATTTGCACTTG
CACCAGGGCTTAAAATGAGTTTATCGTAAGATTCTTCAAATTTGTTGCTTGGTCTTTCTATT
TAATACAGTTACAGTTTGTCTTTTCATCATTGATTGCAATAACTTCATGATAAGTTTTTACT
GTAATTTGCTTTCTATCATAAAATTTTTCAGGTGTATACGCTAAAGCATATTTTCTATCTTC
AACA ACTTCGCCAATGACATAAGGCAATGCACAATTAGCAAAGCTCATATCACGATCTTT
TTCAA AAAATAATAATGTCACTTTCTTTATCTAAACGTCGAATTTGGCTGGCACATGTTGCA
CCGCCAGCGACTGCTCCGACTACGACTATTTTGGGCAT

> **paaD**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: paaD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1020055:1020363] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 68092 ... 68401; Length: 309 bp

Sequence:

ATGGAAGAGGCATTGAAAGATAGTATCTTAGGTGCATTAGAAATGGTAATTGACCCTGAA
TTAGGAATTGATATCGTTAATTTAGGTTTAGTATACAAAGTGAATGTTGATGATGAAGGC
GTATGTACAGTTGATATGACTTTAACATCAATGGGATGTCCAATGGGACCTCAAATTATT
GATCAAGTTAAAACAGTATTAGCAGAGATTCTGAAATTCAGGATACTGAAGTGAATATC
GTATGGAGTCCACCTTGGACAAAAGATATGATGTCACGTTACGCTAAGATTGCACTTGGT
GTGAGCTAA

> **Q5HHB1**

Function: protein coding sequence; putative O-acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: Q5HHB1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[944592:946406]

Position: 025-contig_192_RC: 68948 ... 70763; Length: 1815 bp

Sequence:

ATGAACAAAACAAAGGGTTTTACAAAGTATAAGAAAATGAGATATATGCCAGGGCTCGA
TGGTTTGAGGGCAATCGCTGTTCTAGGAATTATTATTTACCACTTAAACAAGCAATGGTTG
ACAGGTGGCTTTTTAGGTGTGGATACATTTTTTGTGATCTCTGGTTATTTAATTACAAGCT
TATTACTCAAAGAGTATGATGACACAGGTATCATTA AATTGAAAAGCTTTTGGATACGTC
GTTTAAAACGTTTATTACCAGCAGTCATAGTTTTATTAATGTTGTAGGGACAGCAACCTT

ATTATTA AAAATCAGATAATATCATTAGGGTTAAACATGATATTATTGCTGCGATATTTTAT
GTATCAA ACTGGTGGTATATAGCAAAAAGATGTTAATTATTTTGAGCAATTTTCATTTATGC
CATTAAAGCATTATGGTCTTTAGCAATTGAAGAACAGTTTTACATATTTTCCCAGTTAT
TTTGGTTACATTATTGTTAACAATTA AAAAAGCGATACAAAATAGGATTTATTTTTTTGGGA
GTATCAATAATTTCTTTAGGGTTAATGATGTTTATCTACAGTATTAATGGGGATCATTAC
GAGTGTATTTTGGTACAGATACTAGATTACAGACATTGTTACTGGGTGTTATTTTAGCTTT
TTTATGGCCACCGTTTAAATTGAAAAATGATCCACCTAAAGTTGTAAAATATGTTATTGAT
AGCATAGGTAGTTTATCATTATAGTACTTATATTATTATTTTTCATTATTAATGATGAGA
CGAATTGGATATATGATGGTGGTTTCTATTTAATATCCATATTAACGTTATTTATTATTGCT
AGTGTCTGTTCCATCCATCTACATGGATAGCGAAGATATTTTCAAATCCAGTGTAGTATTTA
TCGGGAAAAGGTCTTATAGTTTATATTTATGGCATTTTGCAGTAATTAGTTTCGTACATAG
TTACTATGTAGACGGACAGATACTGTATATGTGTACTTTATAGATATAAGTTTAAACAATT
ATATTTGCAGAGCTATCATATCGCTTTATAGAACTCCATTTAGAAAAGAAGGTATTTAAA
GCTTTAAATTGGCGACCTTCTTATATACCACAATTTATAAGAATGGCAATTGTAGTAACCT
TGTTAATTCATTTATGTTGATTTTAGTAGGTGCATTCAATAAATATGGTAAAGACATTAT
TGGAGAAAAAGCGAATAGCTTTGATACCACAATTGAAGATAATTATTTAATGCGGATAGC
ACCAATTGATAACATACACATTGATGGCTTAGTAAGTGAGAAGAAAAAGGAATCTTCCG
ACGTATATAATAATATTAACCTCTTTTAAATCGGTGATTCAGTAATGGTTGATATCGGTGA
GTCATTTAAGTCATCAGTTCCTAAGTCTAGAATTGATGGAAAAGTAGGGCGTCAATTGTA
TCAAACCTTACCTTTAGTTAAAGCGAATTATTCACAATATAAAAAATCATCTGATCAAGT
CGTATTAGAATTAGGTACAAATGGCGACTTTACTGTCAAACAGCTCGACGATTTACTTAA
TCAATTTGAAAAGCCAAGATTTATTTAGTTAATACACGTGTTCCAAGAATTTATGAGGC
AAATGTAAATCGATTATTAGCTGACGCGGCGAAACGAAAGTCCAATGTCACATTAATTGA
TTGGTATAAGCGATCACAAGGACATAGTGAATATTTTGCACCAGACGGTGTACATTTAGA
GTACAAAGGAGTCCTAGCTTTAAAAGATGAAATATTTAAAAGCACTTAAAAAGAAATAA

> **clpB**

Function: protein coding sequence; chaperone-like protein B (core genome, variable)

Best match: clpB_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[70719:73328] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 70965 ... 73575; Length: 2610 bp

Sequence:

ATGGATATAAATAAAAATGACATATGCTGTTCAAAGTGCTTTACAACAAGCAGTTGAACTG
AGTCAGCAACATAAATTACAAAATATAGAAATTGAGGCAATTTTAAGCGCTGCCTTAAAT
GAAAGTGAAAGCTTATATAAAAAGTATTTTAGAACGAGCAAATATTGAGGTAGATCAATTA
AACAAAGCTTATGAAGACAAACTAAACACGTATGCATCTGTAGAAGGTGACAATATACA
ATATGGTCAATATATTAGCCAACAAGCAAACCAATTGATAACTAAGGCTGAATCATACAT
GAAAGAATATGAAGATGAATATATTTCAATGGAGCATATTTTACGTTTCGGCAATGGACAT
TGATCAAACAACAAAACATTATATAAATAATAAAGTAGAAGTTATCAAAGAAATTATTA
AAAAAGTAAGAGGGGGAAATCACGTGACATCACAAAATCCAGAAGTTAATTACGAAGCA
TTAGCTAAATATGGCCGCGACTTAGTAGAAGAAGTTAGACAAGGTA AAAATGGATCCTGTT
ATAGGAAGAGATGAAGAAATTCGAAATACGATTCGTATTTTAAGTCGTAAAACCTAAAA
CAACCCTGTGCTCATTGGTGAACCAGGTGTTGGTAAAACCTGCAATTGTTGAAGGATTAGC
GCAACGTATAGTTAAGAAAGATGTGCCAGAATCATTATTAGATAAAACTGTTTTTGGATT
AGATTTAAGCGCATTAGTAGCGGGCGCTAAATATCGTGGTGAATTTGAAGAGAGATTAAA
AGCAGTCCTAAAAGAAGTTAAAGAGTCTGATGGTGAATTATATTATTTATTGATGAAAT
CCATATGCTTGTAGGTGCTGGTAAAACAGATGGTGCCATGGATGCAGGCAACATGCTAAA
ACCAATGTTAGCACGAGGAGAGTTACATTGTATTGGTGAACAACCTTTAAATGAATATCG
AGAATATATTGAAAAGATTTCGGCATTAGAGCGTCTGTTTCCAAAAGTAGCAGTTAGTGA
GCCTGATGTTGAAGATACAATTTCAATTTTACGTGGTTTAAAAGAACGATATGAAGTGTA
TCATGGTGTGCGTATTCAAGATAGAGCCTTAGTTGCTGCCGCTGAATTGTCTGATCGTTAC
ATCACTGATCGTTTTTTTACCAGATAAAGCGATTGATTTAGTTGACCAAGCATGTGCAACA
ATTCGTACGGAAATGGGATCAAATCCAACCTGAATTGGATCAAGTTAATAGACGTGTCATG
CAATTAGAAATTGAAGAAAGCGCACTTAAAAATGAATCTGACAATGCGAGCAAACAGAG
ATTACAAGA ACTACAAGAAGAGCTTGCCAATGAAAAAGAGAAACAAGCAGCACTTCAAT
CTCGTGTAGAATCAGAAAAAGAAAAAATAGCAAATTTACAAGAAAAACGTGCGCAACTA
GATGAAAGTAGACAAGCGTTGGAAGATGCACAAACAAATAACAATTTAGAAAAAGCTGC

TGAACTACAATATGGAACAATTCCTCAATTGGAAAAAGAACTTAGAGAATTAGAGGATA
ATTTCCAAGATGAGCAAGGTGAAGATACAGATCGAATGATTCGTGAAGTTGTAACAGAC
GAAGAAATTGGCGATATTGTCAGCCAATGGACAGGCATACCAGTTTCAAATTAGTTGAA
ACAGAACGTGAAAAATTACTTCACTTAAGTGACATCTTGCATAAACGTGTTGTAGGTCAA
GATAAAGCGGTTGACCTGGTTTCAGATGCAGTAGTTAGAGCAAGAGCAGGTATTAAGA
TCCAAACAGACCTATTGGTAGTTTCTTATTCCCTAGGTCCAAGTGGAGTAGGTAAGACTGA
ATTAGCTAAATCATTAGCTGCATCATTATTTGATTCTGAAAAACATATGATTCGTATTGAT
ATGAGTGAATATATGGAACACATGCAGTATCAAGATTGATAGGGGCACCTCCAGGATA
TATTGGACATGATGAAGGGGGTCAATTAAGTGAAGCGGTTTCGTCGTAATCCATACTCAGT
TATCTTATTAGATGAGGTTGAAAAAGCGCATACTGACGTCTTTAATGTATTATTGCAAATT
TTAGATGAAGGCCGTTTAACTGATTCTAAAGGACGTAGCGTTGATTTTAAAAATACTATT
ATTATTATGACAAGTAATATTGGATCTCAAGTTTTATTAGAAAACGTAAAAGAGACTGGT
GAAATTACAGAATCAACAGAAAAACTGTTATGACAAATTTAAATGCATATTTCAAACCA
GAAATTTTGAATCGTATGGATGACATCGTATTATTTAAACCTCTATCTATTGATGACATGA
GTATGATTGTAGACAAAATATTAACGCAATTAATATAAGATTATTAGAACAGCGAATCT
CAATTGAAGTTTCTGATGATGCTAAAGCTTGGCTAGGTCAAGAAGCTTATGAACCTCAAT
ACGGTGCAAGACCATTAAACGTTTTGTACAACGCCAAATTGAAACACCATTAGCACGTA
TGATGATTAAGAGGGATTCCAGAAAGGTACAACGATTAAGTTAATTTAAATTCAGACA
ATAACTTAACGTTTAAATGTTGAAAAATTCATGAATAA

> Q5HHA9

Function: protein coding sequence; transcript regulator/LysR family (core genome, variable)

Best match: Q5HHA9_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[73387:74256:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 73633 ... 74503; Length: 870 bp

Sequence:

TTATAATTGTTTCATTGGCAATATACTTTTTAAATGATTTAATAAAAACCAATATTTCTGGG
CTTTCTTTTTTGCTGTATATATATGTAATGAAATAGGCGCTTGTAAAATTTTCGTGTTAAT
AACCGAAATATTGTAATCACTATCTGTTGTTATATAAATAGGCAGGAATGATATACCTTG
ATTCATTTTCGATTAATTTAATTGAAGTATGCACATCATTGATAGATAGAAATTGTGCTTTT
CCATAAATATTTAAAATATTATTTTAAAGTGATGACCAATATTCTGGATGGTTATCACTTA
TTATTTTGTATTTTCAAATAAAGATGCCTCAGTTAGAAGATGATTATTCTCTTTATTGGG
AGCAATCAATACAATTTTACCTTCGCATACTTTTTCAGAATGAACTTCTCTTAGTTTAGGT
TGATTTCTGCTAATCCCGATGTCATACGTATGATTATTAATATCTTTTTCAATATTTTCATT
TTTGACATGGAGAGAAACATCGATAAACGGATGCTCGTTAAAGAAAGATTTTAAAAATTT
GGGCATAATGAATGTCGCGATATATGAAGACACGACAACATTTAATTTTCGATTGAAACAT
CGTTTTTTTAAAGTTGGATATGTTTGATGCCACTTTCATATTGTTCAATAAAACTTTGCGCA
ATTGGAAGAAATGTATGACCATCTTCAGTCAAGATAATTTGATTTTATAAGTTTCAAATA
GTTTCACATTGAGATGCTGTTCTAAATTTTTAATTTGCTTATGTATAGAAGGTATAGTGAG
ATTAATTTCTTCACTAGCTAATCGATAGTTTAAACGTCTTCGCTAAAATGACAAATGTATAG
TACCAATCTAAATTCAT

> leuA2

Function: protein coding sequence; 2-isopropylmalate synthase/locus 2 (genomic island)

Best match: leuA2_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[74366:75510] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 74612 ... 75757; Length: 1145 bp

Sequence:

ATGATTCGAATTCAAGATAATACAATAAGGGATGGTATGCAACAAAGTAATGTTTCGAAA
AAGTCTAATTATAAAAAAAGAAGTATTGAAACAAATTAACAAGTTAAATATAAATTCTGT
TGAAGTAGGCATGTGTACAACATCGAGGATGAATTTAATATTCATCAATTCAGAGACAT
TTTAAAGTCCTGAAAAAGAATTAGTAGTATTGACTAGGCTTAATGAAAAAGAAATAAAAA
AATAGTCAAATTAATAAATTCATAATTTAGTGGTAAAAATACTATTGCCAATATCTGACTT
GCATATAAAAGAAAAGCTTAATTTTTCAAATAAATATTATATTCAGAAAATCAAAGACTG
CTTGGATATATTAAGAAAGATAAAAAAGGAGTAGATATTTGTTTTGAAGATGCAACAA
GGACTTCTAGAGAAAATTGAAGGAATACATGGAAATTATTTCAAATATCAAGTTAGA

ACAGTTACCTTTGCGGACACTGTAGGATGTTTCGACACCATTAGAATACGGAGATATTTTT
AATTACTTTGTAAAAAATATTCTAACATAATTTTTCTGCTCATTGTCATAACGATCTAG
GGTTGGCTACTGCAAATACATTAGCTGCAATTTTAAATGGTGCGAAACAAATAGAACTA
CATTTTTGGGAATTGGTGAGAGAGCGGCTAATGCTCCTATTGAGGAAATAATTACTATTTT
GACAAAAAACAATAAAAAGTACGGAATTCACTTTACCCGACGTATATAAACTAGTA
TTAATATTTCTAAAATTCTCGATTTTCAAATATCAGAAAACAAACCTATAATTGGTGAAA
ATATATTTAAACATGAATCAGGAATTCATCAAGATGGTACTAAAAAATATAAATATGT
ATCAATATTTAGTTCCTAGTGATTTAGGATTGAAAAATTCACAAGTTGTTTCAGTTTCCAAT
AAGTAATATTTCTAGTAAGAAAATCTTGCACAATAAATTTAAATCAATAGTTAACACTGA
AGAAATTGATGAAAATATTTCTTTCTATAAACTTGTGAACAAGTTTTACCTGAAGTAGC
ACCTGAAGATACAGTGGATTTACTTCAGATAATAAAAAGGAGGAGTAAAGATGGAAATT
TTAAATGA

> Q5HHA7

Function: protein coding sequence; Sua5/YciO/YrdC/YwlC family protein (genomic island)

Best match: Q5HHA7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[951385:952026] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 75740 ... 76382; Length: 642 bp

Sequence:

ATGGAAATTTTAAATGATTCTGTAAAAAGTTTTGAAAACTTTATTTACAATTACAAGAT
GGTTTTCCAGTGATTGTTCCCTACTGATACTAATTATAATTTATGTAGTTTACCTAACAACG
ATCTTTGTATCGATAAAAATATTTGAATATAAAAAGCGATCGAAAGATAAGCCATTATCAT
TATTTATTGATAAGCCAGAGGATTGGAAATTGTATGGAGATAATCAAATACGGAAATAG
TTGATAAACTAGTTGAAATATTTTGGCCTGGACCATTAAATATTATTTTAAAAAATAAAA
CAAGCTATAATTATATGCTCAATAATTCAGATAGTATAGCTATAGGATGTGTACAAAATA
AAACGATGAGAAGATTTATTTTCATATATTAATTCACCTATAGCAATTACTTCAGCAAATAT
ATCTGGAAGTCCGATGATATTTTAATAACTGAAAATGAAGCAATTAAGCACATGGGCGA
AAATGTAAGATATATGCTAAGAAGTCAAATAAAAATAACTATAAAACATCTAGTACGA
TTATTAAGTGACAGATAATAAAATTGAATTATTAAGAGAAGGAGATATAAAGTTTGAA
GAAATAAAAGAAAGACTAGGTACAGGTATTATTTATGAATAA

> Q5HHA6

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HHA6_CC001_MSSA476_BX571857.1[935988:937106] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 76374 ... 77493; Length: 1119 bp

Sequence:

ATGAATAAGTTAATACTTGGGATTTATTTATACCGAATTTTTTTCACGAGCATACTTTTATT
TACCGTTTTTATTAATTTACTTTTTGATTCAAGGTTATTCCATAATACAATTAGAAATATTA
ATGGCGTCTTATGGCATTGCAGCATTTTTATTCTCTCTATACAAAGAGAAGTGTTTTAAAA
TTTGTAACTTAAAAGATTCTAATAAATTAGTTGTTAGTGAAATATTCAAAATCATCGGTTT
ATTGTTGTTATTATATCAAATCAATATTTAATTTTAGTAGTGGCACAAATATTATTAGGG
TTAAGTTACTCAATGATGGCGGGTGTGATACCGCAATAATTAAGAAATATAACAAAT
GAGAAATACGTACAAAATAAGTCAAATAGCTATATGTTCCCTATCATTATTAATTTACGGG
ATTATAGGTAGTTATCTTTATGGAATAAATATTAATGGCCTATAATAATGACTGGTATAT
TTCAATTCTAACAATTATAATTATTCGATGCACATTAGTTGAAAATAGGGAATTAATTT
AATAGGAGAAACAAAGGGAAAGATAAAGAAATTTCTACCAGAAGAGAAGTTTTGGATAT
TGCATTATTCTTTTTAAGAGCGTTAATATTAGGATTTTTATAGGATTTATTCCAATTAAT
ATATATAATGATTTAAAAGTGAATAATTTACAATTTATTTTCAGTATTAATTTGTTACACAG
TTATGGGTTTTGTATCTTCACGTTATTTAACTAAATACTTGAATTATAAGTTTGTGTCAGA
AATTTGTTTAGTAATATTTTTAATAATATATACATATCAAAGTTTCATAGCAGTTACTATT
TCTATGATATTTTTAGGTATTTCTTCAGGGTTAACTCGTCCACAACTATAAATAAACTTT
CTAGCAGTAGTAACTTAAGAGTGATGCTTAATTATGCAGAAACGTTATATTTTTATTTTTAA
TATCGCATTTTTACTTATGGGTGGTACTTATATACAATAGGAACTATTCAATACTTAATA
TTATTTATTTTCGTTATTAATTTTTATATATTTAATAATAATTTTTATTTTACAAGGAGAGA
GCAACATGAAAATAAAAAGTGA

> **Q5HHA5**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HHA5_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[77230:77745] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 77476 ... 77992; Length: 516 bp

Sequence:

```
ATGAAAATAAAAACTGAATTTAAAGGGAACAATATACCATATGAATACGCAGCAGGTGC
AGATGTGAGTGATTCTATTAACGGGAATCCAATTAAGTCATTTCCATTTGAAGTAATTGA
ATTACCGGAAGGGACTAAATATCTTGCTTGGTCTTTAATTGACTATGATGCAATTCCTGTG
TGTGGCTTTGCATGGATTCAATTGGAGTGTTGCTAATGTAAGTGTTAGTGGCAATTC AATTT
CTATAAAAGCAGATTTATCAAGAACAAGGGTGACTATGTACAAGGTAAAAATAGCTTT
ACTAGTGGGTTATTGGCTGAAGATTTTTTCAGAAATAGAAAATCACTATGTAGGACCTACA
CCACCTGATCAAGATCATCAATATGAATTAACAGTTTATGCGTTAGATCATTCTTTAAATT
TGAAGAATGGGTTCTACTTGAATGAATTTTTAAAGAAGTAAATCAACATAAAATTGATC
AAACAAGTATTAACCTTATAGGAAGAAAAATTTAA
```

> **eap-L1**

Function: protein coding sequence; putative exported protein/locus 1 (core genome, constant)

Best match: eap-L1_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[78056:78490] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 78302 ... 78737; Length: 435 bp

Sequence:

```
ATGAAATTAATAATCATTATAACTGTAAC TTTGGCACTGGGCATGATCGCAACGACTGGC
GCTACTGTGGCAGGTAATGAGGTATCTGCAGCAGAAAAGGACAAACTACCGGCAACTCA
AAAAGCTAAAGAAATGCAAAATGTTCCATATACAATTGCAGTAGATGGCATTATGGCTTT
CAATCAATCTTACTTAAATTTACCAAAGATAGCCAATTATCATATTTAGATTTAGGAAAT
AAAGTTAAAGCTTTATTATATGATGAACGCGGTGTAACACCTGAGAAGATTCGAAATGCA
AAATCTGCCGTTTACACGATTACTTGGAAAGATGGCAGTAAAAAAGAAGTGGATTTAAA
GAAAGATAGTTATACAGCAA ACTTGT TTTGATTCAAATTC AATTAACAAATTGATATTA
TGTA AAAACTAAATAA
```

> **A6U088**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A6U088_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[954638:954823:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 78993 ... 79179; Length: 186 bp

Sequence:

```
TTATTGTGATGAATCTTTCGGCGGTTTAATTACTGCAGCAAAAATTGCTGTGAAAATCGTG
ACAATACTGCCATGATAATTGGATTCACTACATTTAAGCTGTCTCCACCTACTAGGCTAT
TAAGTACAAAGTTAACCATTTGCATTAATAATAATGCCCAAAGAATGTTACGAGGTGTT
TCAT
```

> **fabH**

Function: protein coding sequence; beta-ketoacyl-ACP synthase III (core genome, constant)

Best match: fabH_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[986175:987116] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 79473 ... 80415; Length: 942 bp

Sequence:

```
ATGAACGTGGGTATTAAGGTTTTGGTGCATATGCACCAGAAAAGATTATTGACAATGCC
TATTTTGAGCAATTTT TAGATACATCTGATGAATGGATTTCTAAGATGACTGGAATTAAG
AAAGACATTGGGCAGATGACGATCAAGATACTTCAGATTTAGCATATGAAGCAAGTGTA
AAAGCAATCGCTGACGCTGGTATTCAGCCGAAGATATAGATATGATAATTGTTGCCACA
GCAACTGGAGATATGCCATTTCCA ACTGT CGCAAATATGTTGCAAGAACGTTTAGGGACG
GGCAAAGTTGCCTCTATGGATCAACTTGCAGCATGTTCTGGATTTATGTATTCAATGATTA
CAGCTAAACAATATGTTCAATCTGGAGATTATCATAATTTTTAGTTGTCCGGTGCAGATA
AATTATCTAAAATAACAGATTTAACTGACCGTTCTACTGCAGTTCTATTTGGAGATGGTGC
AGGTGCGGTTATCATCGGTGAAGTTTCAGAAGGCAGAGGTATTATAAGTTATGAAATGGG
TTCTGATGGCACTGGTGGTAAACATTTATATTTAGATAAAGATACTGGTAAACTGAAAAT
```

GAATGGTTCGAGAAGTATTTAAATTTGCTGTTAGAATTATGGGTGATGCATCAACACGTGT
AGTTGAAAAAGCGAATTTAACATCAGATGATATAGATTTATTTATTCCTCATCAAGCTAA
TATTAGAATTATGGAATCAGCTAGAGAACGCTTAGGTATTTCAAAGACAAAATGAGTGT
TTCTGTAAATAAATATGGAAATACTTCAGCTGCGTCAATACCTTTAAGTATCGATCAAGA
ATTAATAAATGGTAAACTCAAAGATGATGATACAATTGTTCTTGTTCGGATTTCGGTGGCGG
CCTAACTTGGGGCGCAATGACAATAAAATGGGGAAAATAG

> **fabF**

Function: protein coding sequence; 3-oxoacyl-acyl-carrier-protein synthase 2 (core genome, constant)

Best match: fabF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[956071:957315]

Position: 025-contig_192_RC: 80426 ... 81671; Length: 1245 bp

Sequence:

ATGAGTCAAATAAAAGAGTAGTTATTACAGGTATGGGAGCCCTTTCTCCAATCGGTAAT
GATGTCAAACAACATGGGAGAATGCTCTAAAAGGCGTAAATGGTATCAATAAAATTAC
ACGTATCGATACTGAACCTTATAGCGTTCACCTTAGCAGGAGAACTTAAAACTTTAATAT
TGAAGATCATATCGACAAAAAAGAAGCGCGTCGTATGGATAGATTTACTCAATATGCAAT
TGTAGCAGCTAGAGAGGCTGTTAAAGATGCGCAATTAGATATCAATGAAAATACTGCAG
ATCGAATCGGTGTATGGATTGGTTCTGGTATCGGTGGTATGGAAACATTTGAAATTGCAC
ATAACAATTAATGGATAAAGGCCAAGACGTGTGAGTCCATTTTTCTGTACCAATGTTAA
TTCCTGATATGGCAACTGGGCAAGTATCAATTGACTTAGGTGCAAAAGGACCAAAATGGTG
CAACAGTTACAGCATGTGCAACAGGTACAAATTCAATCGGAGAAGCATTTAAAAATTGTGC
AACGCGGTGATGCAGATGCAATGATTACTGGTGGTACAGAAGCACCAATTACTCATATGG
CAATTGCAGGTTTCAGTGCAAGTCGAGCGCTTTCTACAAATGATGACATTGAAACAGCAT
GTCGTCCATTCCAAGAAGGTAGAGACGGTTTTGTTATGGGTGAAGGTGCTGGTATTTTAG
TAATCGAATCTTTAGAATCAGCACAAGCTCGAGGTGCCAATATTTATGCTGAGATAGTTG
GCTATGGTACTACAGGTGATGCTTATCATATTACAGCGCCAGCTCCAGAAGGTGAAGGCG
GTTCTAGAGCAATGCAAGCAGCTATGGATGATGCTGGTATTGAACCTAAAGATGTACAAT
ACTTAAATGCCCATGGTACAAGTACTCCTGTTGGTGACTTAAATGAAGTTAAAGCTATTA
AAAATACATTTGGTGAAGCAGCTAAACACTTAAAAGTTAGCTCAACAAAATCAATGACTG
GTCACTTACTTGGTGCAACAGGTGGAATTGAAGCAATCTTCTCAGCGCTTTCAATTAAG
ACTCTAAAGTCGCACCGACAATTGATGCGGTAACACCAGATCCAGAATGTGATTTGGATA
TTGTTCAAATGAAGCGCAAGACCTTGATATTACTTATGCAATGAGTAATAGCTTAGGAT
TCGGTGGACATAACGCAGTATTAGTATTCAAGAAATTTGAAGCATAA

> **Q2YWV0**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q2YWV0_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[957370:957741:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 81725 ... 82097; Length: 372 bp

Sequence:

TTATACTAAGATGAGCGACAGCACAATCGTCATAATAAAATATAAAATATTTATTAATAA
TAAGGGGATTATCCATGTAGAAACAAAGTAATGCTCTTTTTTTACCTCTTGTGGGTTGAAA
AATGGATCATCAGAGATAGACTTCTTCTTTTTTCGAAGATGACATTTGATACTTTAATCTTC
TAAAACCATAACTTGTGCGATCAAAAATGCCTTCTTGTACAAGTAAAATCAAAAATATGC
TAATAAAAATAATTAATGAAACATAAAACAATATATTTAAATATGTAATGATAGTATGGC
TATTAAAAACCCATATAATAAACGTTAACATTGGGGTTATTAGTGCCATTCCAAGCCATT
TTTCAACAT

> **oppB1**

Function: protein coding sequence; oligopeptide transport system permease protein (core genome, constant)

Best match: oppB1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1034300:1035226] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 82339 ... 83266; Length: 927 bp

Sequence:

ATGGGGAAATATATTTTCAAACGATTTATTTATATGCTTATTTCTTTATTTATTATTATTAC
AATTACATTTTCTTAATGAAATTAATGCCAGGTTCCGCATTTAACGATGCTAAATTAAT

GCTGAACAAAAAGAAATTTTAAATGAAAAATATGGATTAATGATCCTGTAGCTACGCA
GTATTTACATTATTTAAAAAATGTTGTTACAGGCGATTTTGGTAATTCATTCCAGTATCAT
AATCAACCTGTGTGGGATTTGATTAACCGAGACTACTACCTTCTTTGAAATGGGTCTTA
CAGCAATGTTTCATCGGTGTGATACTGGGACTTATTTTAGGTGTTGCAGCAGCTACTAAC
AAAATTCCTGGGTTGACTATACAACTACAGTTATTTTCAGTTATTGCTGTATCTGTACCATC
TTTTGTACTTGTGTACTTTTACAATATGTATTTGCAGTTAAATTAAGATGGTTCCAGTA
GCTGGATGGGAAGGTTTTTCGACCCGCGTATTACCGTCACTTGCATTATCTGCAGCTGTTT
TAGCAACTGTCGCCAGATACATAAGAGCAGAGATGATAGAGGTATTAAGTTCAGACTAT
ATTTTATTAGCGAGAGCTAAAGGTAATTCGACAATGCGTGTACTTTTTGGACATGCACTTA
GAAATGCTTTAATTCCAATTATTACAATTATCGTTCCCATGTTAGCAAGTATTTAACAGG
CACTTTAACAAATTGAAAATATTTTGGGGTTCCTGGATTAGGGGATCAATTCGTACGTTCA
ATTACAACAAATGATTTCTCAGTAATCATGGCAATCACACTATTATTTAGCACACTGTTTA
TCGTTTCTATTTTATTGTAGATATTTTGTACGGTGTGATAGATCCACGAATTCGTGTTCAA
GGAGGTAAAAAATAA

> oppC

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: oppC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[958910:959980]

Position: 025-contig_192_RC: 83265 ... 84336; Length: 1071 bp

Sequence:

ATGGCTGAAAATAAAAACAATTTGTCGATTAACGACGATCATTCTAATGCAGCTATGACG
CATACCTCTGACGCTATCGCATCATCTGATTTTATTATTAGAGATTTAGATTTGAATCAGG
AACCTGAAATGCAACGAGAAAGCAAAAACCTTTTGGCAAGATGCTTGGGCTCAGTTAAAA
CGAAATAAGTTAGCTGTTGTTCGGTATGATAGGTTTAATTATCATTGTAATATTTGCTTTTA
TCGGTCCAGTTATAAATAAACATGATTATGCTGAACAAAATGTAGAACATAGAAATCTTC
CGGCAAAAATACCTGTATTAGACAAAAGTCCATTTTTACCTTTTGATGGTAAAGATGCAG
ATGGCAAGGATGCTTATAAAGCAGCAAATGCTAAAGAAAATTATTGGTTTGGTACTGATC
AGTTGGGTCGAGATTTATGGACAAGAACATGGAAAGGTGCTCAAATTTTCATTGTTTATCG
GTGTTGTTGCAGCGATGTTAGATATTTTTATTGGCGTTGTATATGGTGCATTTCTGGATT
CTTCGGTGGACGTGTCGATACGATTATGCAACGTATACTTGAAGTCATAGCATCTATTCCG
AATTAATTGTCGTAATTTTTATTTGTATTAATTTTTGAACCATCCATTTGGACAATTATATT
GGCTATGTCTATCACAGGCTGGTTAGGCATGAGCAGAGTTGTACGTGGAGAATTTTTAAA
ATTA AAAAATCAAGAGTTTGTTCATGGCTTCGAAAACATTGGGGGCTTCAA AATTCAAATT
GATATTTAAGCATATTTTACCTAATACATTAGGTGCTATCGTGGTTACATCAATGTTTACA
GTACCTAGTGCTATTTTCTTCGAAGCATTTTTAAGTTTCATTGGTATAGGTGTACCCGCAC
CTCAAACATCGTTAGGGTCATTAGTAAATGATGGGCGCGCAATGTTATTAATTTATCCAC
ATGAATTATTTATACCAGCAATGATTTTAAGTTTATTAATTCTATTCTTTTACTTATTTAGT
GATGGATTACGTGATGCATTTGATCCGAAAATGCGTAAATAA

> oppD

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: oppD_CC398_SO385-pig_AM990992.1[1032752:1033834]

Position: 025-contig_192_RC: 84351 ... 85434; Length: 1083 bp

Sequence:

ATGACTGAAAGAATATTAGAAGTAAATGATTTGCATGTTTCCTTTGATATTACAGCAGGG
GAAGTGCAGGCAGTGAGAGGTGTAGATTTTTATTTAAACAAAGGGGAAACATTGGCAAT
TGTTGGTGAATCAGGTTTCAGGTAATCTGTAACAACAAAAGCAATTACAAAATTATTCCA
AGGGGACACAGGAAGAATTA AAAAAGGGAGAAATTTTTATTTTAGGGGAAGATTTAGCAA
AAAAACCTGAAAATGAGTTAATTA AATTACGTGGCAAAGATATTTCAATGATCTTTCAAG
ATCCAATGACATCTTTAAACCCAACGATGCAAATTGGTAAACAAGTCATGGAACCATTA
TTAAGCACAAAATTATAGTAAAGCACAAGCTAAAAAGCGCGCATTGGAAATACTAAAT
CTTGTAGGTTTACCAAATGCAGAAAAAAGATTTAAAGCATATCCACATCAATTTTCAGGT
GGACAAAGGCAAAGAATTGTTATTGCAACCGCATTAGCTTGTGAACCTAAAGTGCTCATT
GCTGATGAACCAACGACTGCATTAGACGTAACGATGCAGGCACAAATTTAGATTTAATG
AAAGAACTACAACAAAAAATCGATACAGCAATTATTTTTATAACGCATGATTTAGGGGTT

GTTGCGAATATTGCTGATAGAGTAGCAGTTATGTATGGTGGTCAAATGGTTGAAACAGGA
GATGTTAACGAAATATTTTATGATCCAAAGCATCCATATACATGGGGATTATTATCGTCA
ATGCCTGATTTATCAACAACAAATGACACACCATTACTAGCGATTCTGGAGCGCCACCT
GATTTATTACACCCACCTAAAGGTGATGCATTTGCGAGACGTAGTCAATATGCATTAGAT
ATTGATTTTAAAGTAGAACCACCGTGGTTTAAAGTTTCACCGACACATTTTGTGAAATCTT
GGTTATTAGACGCACGTGCACCAAAAGTTGAACTACCCGAGCTGGTAAAACAACGTATG
AAACCGATGCCTAATAATTATGAAAAACCACTCAAGGTAGAAAGGGTGTCTTCAATGA
AAAATGA

> oppF1

Function: protein coding sequence; oligopeptide ABC transporter/ATP-binding protein/putative (core genome, constant)

Best match: oppF1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[961068:962009] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 85423 ... 86365; Length: 942 bp

Sequence:

ATGAAAAATGATGAAGTGCTATTATCCATTA AAAAATTTAAAGCAATATTTTAAACGCAGGA
AAGAAAAACGAAGTGAGAGCGATTGAAAATATTTTCGTTTGATATATACAAAGGGGAAAC
ATTAGGTTTAGTAGGAGAATCGGGGTGTGGTAAATCTACA ACTGGTAAATCAATTATTAA
ACTTAATGATATTACAAGTGGAGAAAATTTTGTATGAGGGTATTGATATACAAAAGATTTCG
TAAACGTAAAGATTTGCTTAAATTTAATAAAAAGATACAGATGATTTTTCAAGACCCATA
TGCGTCTTTAAATCCTAGGTTAAAAGTAATGGATATAGTAGCTGAAGGTATTGATATCCA
TCATTTAGCAACTGATAAACGTGACCGTAAAAAACGTGTCTATGATTTACTTGAAACTGT
TGGATTAAGTAAAGAACATGCCAATCGCTATCCTCATGAATTTTCAGGTGGACAACGCCA
ACGTATTGGAATTGCCCGTGCATTAGCCGTTGAACCAGAATTTATTATCGCGGACGAACC
AATATCGGCATTGGATGTTTCAATCCAAGCTCAAGTAGTTAATTTATTATTTAAAATTACAA
CGTGAAAGAGGGATTACGTTCCCTATTTATAGCTCATGATCTATCAATGGTGAAGTATATTT
CAGATCGTATTGCAGTGATGCATTTTGGGAAAATAGTTGAAATTGGACCGGCAGAAGAA
ATTTATCAAAATCCATTACACGATTATACTAAGTCTTTATTATCAGCCATTCCACAACCTG
ATCCTGAATCAGAACGCAGTCGCAAACGATTTAGTTATATTCATGATGAAGCAAATAATC
ATTTAAGACAATTACATGAAATAAGACCACAGCATTTTGTCTTTAGTACTGAAGAAGAAG
CGGCACA ACTACGAGAAAATAAATTGGTGACACAAAATTA

> oppA1

Function: protein coding sequence; transport system extracellular binding lipoprotein (core genome, constant)

Best match: oppA1_CC001_MSSA476_BX571857.1[945997:947652]

Position: 025-contig_192_RC: 86383 ... 88039; Length: 1656 bp

Sequence:

ATGACGAGAAAATTTAGAACA CTTATTTTAATTTTGATTGCTACAATTGCATTAAGTGGTT
GTGCTAATGATGATGGTATTTATTCAGATAAAGGTCAAGTATTCAGAAAAATTTTGT CAT
CAGACTTAACATCCCTTGATACATCATTAAATAACGGATGAAATATCTTCTGAAGTGACTG
CGCAAACATTCGAAGGTTTATACACATTAGGAAAAGGTGACAAACCGGTGTTAGGTGTTG
CGAAAGCTTTTCTGAAAAGAGTAAAGGTGGTAAAAC TTTAAAGGTTAAATTAAGAAGC
GATGCTAAATGGAGCAATGGTGACAAAGTGACTGCGCAAGATTTTGT TATGCTTGGAGA
AAAACAGTTGACCCTAAAACAGGTTCTGAATTTGCATACATTATGGGGGACATTA AAAAT
GCGAGTGATATTAGTACTGGTAAGAAACCTGTAGAGCAATTAGGTATCAAAGCATTAGAT
GATGAAACATTACAAATTGATTTAGAAAAGCCGTTCCATATATTAATCAATTATTAGCA
CTTAATACCTTTGCACCTCAA AATGAAAAAGTTGCCAAAAAATATGGTAAAAAATTACGGT
ACGGCAGCTGATAGAGCGGTATACAATGGTCCATTTAAAGTTGATGATTGGAAACAAGA
AGATAAAACCTTACTATCTAAA AATCAGTATTATTGGGATAAAAAGAATGTAAAATTAGA
TAAAGTGAATTATAAAGTTATTA AAGACTTACAAGCCGGTGCATCATTGTATGATACTGA
ATCAGTAGATGACGCAGTTATTACTGCAGATCAAGTAAATAAATATAAAGATAACAAAG
GATTA AACTTTGTGTTAACGACTGGGACATTTTTTTGTAAA AATGAATGAAAAACAATATC
CTGATTTTAAA AACAAAAATTTAAGACTGGCTATCGCACAAAGCAATAGATAAAAAAGGA
TACGTTGATTCAGTGAAAAACAATGGCTCAATTCCTTCCGATACACTAACAGCCAAAGGA

ATTGCGAAAGCGCCTAATGGCAAAGATTATGCGAGTACCATGAATTCGCCTTTAAAATAT
AATCCTAAAGAAGCAAGAGCACACTGGGACAAAGCTAAAAAAGAGTTAGGTA AAAATG
AAGTGACATTTTCAATGAACACAGAAGATACACCAGATGCAAAAATATCTGCTGAATATA
TCAAATCGCAAGTTGAGAAAAATTTACCAGGAGTTACTTTGAAAATTAAGCAATTACCGT
TTAAACAAAGAGTATCATTAGAACTGAGTAACAATTTTGAAGCATCACTTAGTGGTTGGT
CTGCAGATTACCCTGATCCTATGGCTTATTTAGAAACAATGACCACAGGTAGCGCACAAA
ATAATACAGACTGGGGTAATAAAGAATATGATCAATTACTTAAAGTAGCAAGAACCAAA
TTGGCACTTCAACCGAACGAACGATATGAAAACCTTGAAAAAGCAGAAGAAATGTTCT
AGGAGATGCACCGGTAGCACCAATTTATCAAAAAGGTGTTGCACATTTAACAAATCCTCA
AGTAAAAGGATTAATTTACCATAAATTTGGTCCAATAACTCACTTAAACATGTATATAT
TGATAAATCGATAGATAAAGAAACAGGTAAGAAGAAAAAATAA

> oppA2

Function: protein coding sequence; transport system extracellular binding lipoprotein (genomic island)

Best match: oppA2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1040211:1041926]

Position: 025-contig_192_RC: 88250 ... 89966; Length: 1716 bp

Sequence:

ATGGGGAAGCTAATTAATATATTTCAATACTTATTGTTATCGTTTTAGTGTTGAGTGCTT
GCGGAAAAAGCAGTAATAAAGATGAAGGAGTAAAAGATGCTACTAAAACAGAAACCTC
AAAACATAAAGGTGGTACCTTAAATGTAGCATTAAACAGCACCTCCAAGTGGTGTATTTC
TTCGTTATTAATAAGTACACATGCGGATGCTGTAGTTGAGGGATATTTAACGAAAGCTT
ATTAGCAACTGATAAAAAAATACGTCCTAAGGCATATATTGCTTCATGGAAGGACATCGA
GCCGGCTAAGAAAATAGAATTTAAAATTA AAAAAGGTATTAAATGGCATGATGGTAATG
AATTGAAAATTGATGATTGGATTTATTCAATTGAAGTCTTAGCTAACAAGGACTACGAAG
GTGCTTATTATCCAAGTGTAGAAAATATCCAAGGTGCGAAAAGATTATCATGAAGGAAAA
ACTGATCATATTAGCGGATTGAAGAAAATAGATGACTACACTATGCAGGTTACATTTGAT
AAAAACAAGAAAATTACTTAACAGGATTTATTACTGGACCTTTATTAAGTAAAAAATAT
TTATCAGATGTACCAATTAAGATTTAGCGAAATCAGATAAAAATCCGAAAATATCCTATT
GGTATTGGACCGTATAAAGTTAAGAAAATCGTTCCAGGTGAGGCTGTTCAACTCGTTAAA
TTTGATGATTATTGGCAAGGTAAGCCTGCACTAGACAAAATCAATTTAAAAGTTATTGAT
CAAGCTCAAATTATTAAGGCAATGGAAAAAGGCGATATTGATGTTGCGAATGATGCTACC
GGTGCAATGGCAAAGATGCTAAGTCATCTAATGCTGGTCTCAAGGTATTATCTGCGCCA
AGCTTAGACTACGGTTTAATAGGATTCGTATCTCATGATTACGATAAAAAGCTAATAAA
ACTGGTAAAGTGAGACCAAAATATGAAGACAAAGAATTACGTAAGCAATGCTTTATGC
AATTGATAGAGAAAATGGATCAAAGCGTTTTTCAATGGTTACGCTAGTGAAATCAATAG
TTTTGTACCATCTATGCATTGGATAGCAGCCAATCCTAAGGACCTAAATGATTACAAATA
TGATCCTGAAAAAGCTAAAAAATCTTAGATAAGTTAGGTTATAAAGATAGAGATGGTG
ACGGATTTAGAGAAGATCCTAAAGGTAATAAATTTGAGATTA ACTTTAACATTATTTCAG
GTTCAAATCCTACTTTTGAACCAAGAACTGCTGCGATAAAAGATTTCTGGGAAAAAGTTG
GCTTGAAAACAAATGTGAAGTTAGTAGAATTCGGTAAATATAATGAAGACTTAGCAAAT
GCATCTAAAGATATGGAAGTGTA CTTCAGATCATGGGCAGGAGGTACAGATCCAGATCC
ATCAGATTTATACCACACTGATAGACCTCAAATGAAATGAGAACAGTTTTTACCAAATC
AGATCAATATTTAGATGATGCATTAGACTTCGAAAAAGTAGGCATTGATGAAAAGAAAC
GTAAAGATATTTATGTTAAATGGCAAAAATATATGAATGATGAGTTACCTGGATTACCAA
TGTTCCAAGGTAATCGATAACTATTGTTAACGATAAAGTACGAAACTTAGACATTGAAA
TTGGAAGTATCAAAGTTTATATAATTTAACTAAAGAAGCTTAG

> appD

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: appD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1041977:1042963]

Position: 025-contig_192_RC: 90016 ... 91003; Length: 987 bp

Sequence:

ATGAATAATGTATTGTTAGAGGTTAAAGATTTAGAAACATCATTAAAAATAAATAATGAA
TGGTTAGCAACTGTTGAAAATATTTCTTTTGAATTATCTAAAGGAGAAGTTTTGGGTATAG
TAGGGGAATCTGGTTGCGGTAAGTCCATATTAAGTAAGTCAATTATTAATTATTACCAG

AAAAGATATCTAAACTAAGTAATGGAGAAGTTATATTTGATGGTAAACGAATCGATACGC
TCAATGAGAAGCAATTGCTAGATATTCGAGGAAATGATATTGCTATGATTTTTCAAGAAC
CTATGACTGCTTTAAATCCTGTATTTACCATAAAAAATCAACTTGTGGAATCTATAAAATC
ACATAAAAAAATTTCTAAAAAAGAAGCAAATAACTTAGCAAAGATTTACTAAAAAAG
TTGGAATTGCTAGACAAGATGAAATATTAATAGCTATCCACATCAATTATCTGGTGGTA
TGAGACAAAGAGTAATGATTGCAATGGCCATTTTCATGTTCTCCTAAATTATTAATTGCTGA
TGAACCTACAACAGCATTGGATGTCACGATTCAAGCGCAAATATTAGACTTATTAAGA
ATTGCAAAGGAAACGCAAATGGCAATTATGATGATTACACATGATTTGAGTGTAGTTGC
TGAGTTTTGCGATAAAGTCTTAGTTATGTATGCAGGTCAAATTGTAGAATTTGGAGGCAT
AAAAGAAATACTACACAATCCGAAACATCCTTATACCCAAAAATTATTATCAACAATTCC
AAAACCTAAAGAAGAGCAGAAACGACTTGAAACGATAGAAGGAATTGTGCCATCAATCC
AAGCATTTACGTTAATAAGTGCAGATTTGCAAATAGATGTAACAAAAAAGTGGATATTT
GTAATAATCAATCTCCTAAAATGCATGTTTGTGAAGACGTCATTGTACGTTGTCATTTGTA
CAAAAATGAATATAAGGAGATATAA

> **appF**

Function: protein coding sequence; (genomic island)

Best match: appF_CC001_MSSA476_BX571857.1[950619:951599] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 91005 ... 91986; Length: 981 bp

Sequence:

ATGGAAAATATTTTAGAAGTCAACCAAATAAAAAAATACTACAAAATTTAAACTGGATT
ATTACAAAAAACTCAGTACGTTAAAGCTGTTGATGACGTATCGTTTTCAATAAAAAAAGG
ACAACTTTTGGATTAGTAGGAGAATCGGGTTGTGGTAAGTCAACGTTAGGTAAAGTGAT
TATCAGGCTTGAAGATGCAACTTCAGGCTCAATAATTGTTAATGGTGAAGATATAACAAG
ATTACAAGGTAAAAAACTCAGAAAATCACGACAACAATATCAGATGATATTTCAAGATC
CGTATGCATCATTGAATCCGATGCAAATGGTTGGAGATATCATTTCAGAACCTATTTTAA
ATTATAAAAAATTGCCAAAAGAAGAAATAAAAAAAGAAGTACTATATTTATTAATAATGT
GTTGGCCTAAGTGAAGATGCATATTATAAATATGCACATGAATTTTCAGGTGGACAGAGA
CAAAGAGTGGGAATTGCAAGAGCATTGGCTTTGCGTCCGAGTTAATTGTTGCTGATGAG
CCTGTAAGTGCATTAGATGTATCTGTTCAATCTCAAGTACTGAATTTATTAAGATTTAC
AGAACAATTTAACTTAAGCTATTTATTTATCGCACATGATTTAAGTGTAGTAAAACATAT
AAGTGTATGTCATTGGAGTTATGTATTTAGGTCAATATAGTTGAAATCGCATCTGATAAAGA
AATTTATGAAAATCCCAAACATCCATATACAAAAGCGTTGATTTTCATCAATACCACAAAT
TGATAAACATAATAACAATAGAATTATATTAAGGAGAATTACCTTCGCCAAGTAATCC
GCCGCAAGGTTGTCCTTTTCATACAAGATGTCCGATTGCAAAGATAAATGTAAAGAAAA
TATACCACAATTAAGGACATTGGTGATGAACATCAAGTTGCTTGTTTTTATGTAAATAA
AGTAGGTGATTTAAATGGTTAA

> **oppB3**

Function: protein coding sequence; putative oligopeptide transport system permease protein (genomic island)

Best match: oppB3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[967623:968585] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 91978 ... 92941; Length: 963 bp

Sequence:

ATGGTTAAATTAATATTAAGAGATTAGGTTTAATGATTCCGTTACTAATTTTAATTTCTA
TTGTTGTATTTTCATTAGCTATCATTCAACCAGGAGATCCATTTTCAGATTTACAAAACGG
AAAATAAAAACAAGAAGCGATAAATGCACAAAGGGAAAAGTTAGGCCTCAACGACTCTA
TATCACATCAATACATTAGATGGGTCAATCATGTTATACATGGTGAATTTAGGGGAGTCAA
TCAAATATAAAAGGCCGTAATTGATGTTATTGAGGAAAGAATCCAAATACAATATTAC
TCGGTGCTATGTCATTAATTACTTATATTATCTCATTGCTTTAGGAATAACGTCAGG
TAGATATTCTTACAGTTTGACTGATTATACTGTGCAAATATTTAATTATTTGATGTTAGCT
ATTCCATCTTTTATTGCGGGAGTATTTGCAATTTTTATTTTTCTTTTGAATTACAATGGTT
TCCGTTTCAAGGTTCTGTTGATATTAACCTTAAAGAAGGTACTTTTGAATATTATATGAGT
AAAATTTATCATAATTTTTGCCTGCATTAACCTTAGGATTATTATCTACTGCTGGTTATAT
TCAATATTTACGTAATGATATTATTGAAAATTCTAAAAAAGATTATGTATTGACGGCAAG

GTCAAAGGATTATCTATGAATAAAATTTATAATAAACATATATTGAGAAATTCTTTAAT
ACCTATTATTACATTTTTAGGTGCTGATATTGTAAGTATTTTAGGTGGAGCTGTGATTACT
GAGACTATCTTTTCATATAACGGTATCGGTAAATTATTTTAGAATCGGTAATAGGTCAAG
ACTATCCATTAATGATGGCATTAAACGTTGTTTTCTCATTTTTAGGTTACTGGGTAATTTG
ATTTCTGATATTACTTATGGATTTATAGATCCAAGAATTAGAAGTAACTAG

> **appC**

Function: protein coding sequence; oligopeptide ABC transporter permease (genomic island)

Best match: appC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1044913:1045794]

Position: 025-contig_192_RC: 92952 ... 93834; Length: 882 bp

Sequence:

ATGCAAATAAGTCAAATCGCCTTTTAAAATTGCATTGTCTAGATTTATTCATAATAAA
ATTGCAATGTTATCGATTATTTTTTTAATAATCATAACTATTGTATCAATTATAGCGCCATT
AATAGCTCCTTTCCAGTGAACCAACAAGATTTATTAATATAAAAAGGTGAAATGACAGC
ACAAAACATTCTTGGTACAGACTCTGGTGGTAGGGATAACTTTAGTCGTTTGTATATGCA
GGTCGTATTTTATTATCCATTGGAATTACATCTACAATAGGAATGCTTTTGATTGGAATTA
CAGTTGGAGTGATTTCTGGTTATTTTCGGAGGTATTGTTGATACATTATTAATGAGAATAAC
CGAATTTGTTATGTTATTTCCATTTTAATATTTGCAATTGTATTAATGCTGCACTTGGAG
ATAAAATTAATAATCCTTATGGATCTGCCATAATCCTTGTCTAGTTATTATCGTATTAAG
TTGGGGAGGTATTGCAAGACTTGTTCGTGGTAAAGTACTTCAAGAAAAAGAAAATGAAT
ACTTTTTGGCAGCAAATCAATTGGTACACCCACATATAAAATTTATTTGAAACATCTTTT
GCCGAATATATTAAGTGTAGTTATCGTACAAGCAACATTGTTATTTGCCGGTATGATTGTA
GTGGAATCAGGATTGAGCTTTTTAGGATTCGGAATTAGTAAAGCAATACCATCTTGGGGT
AATATGTTGAGTGATGCTCAAGAAGGGGATGTTATAAGTGGTAAACCGTGGATATGGATG
CCACCTGCTATAATGATTACATTAACTATATTAAGTATAAACTTTGTAGGGGAAGGGCTT
AAAGATGCTTTTAATCCTAGAGGTAGACGTTAA

> **trpS**

Function: protein coding sequence; tryptophanyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: trpS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1045836:1046825:r]RC

Position: 025-contig_192_RC: 93875 ... 94865; Length: 990 bp

Sequence:

TTATCTCTTACGTCCTAATCCCATCGCTTTTTCCATTTTCTTCACTGTTTTAAATGAACTT
TGTGTGCTTTATCTCTACCTTGATCTAAAATATCATCAAGTTTATCTGAGTTATAGAACT
TTCGTATTTTTCTTGGAAATTCTACTAAAAATGCTTTAACTATTTTCAGCAAGGTCACCTTTA
AATTTACCATAACCTTCCCCTTCATATTTTGCCTCAATGTCTTTGATAGGCATGTCGGTTA
ATCCAGCATATATTGAAATTAATTAAGTAATGCCTGGTTTATTGTCGCGGTCGAATTTAAT
AATACCATCTGAATCAGTTACAGCGCTTTTAATTTTTTTAGCTGCAACATTTCGGCTCGTCT
AATAATGAAATGAAGTTTTTAGTATTATCATCACTCTTACTCATTTTTCTTGTGGGTCTTG
TAAACTCATGACACGTCCACCACTTTAGGCATACGAATTTTCAGGTTTCACAAGCACATC
ATTATAGCGACTATTAATCTATCTACAAGGTTACGAGTCAATTCGATATGCTGCTTTTGG
TCATCTCCAACCTGGAACGATATTAGTATTGTAAAGAACAATATCAGCTGCCATTAAGGT
GGATATGTTAATAGACCAGCAGGTATACCTTCAACTGCTTTCTGAGCTTTATCTTTGTATT
GCGTCATACGCTCTAATTCTCCAACAGAAGCAATCGTAGTTAACATCCATCCTGCTTGTAC
GTGTGCAGGGACTTCAGATTGTATGAACAATGTTGCTTTGTCTGGATCTATACCAGAAGC
TAAATAAATCGCTGCTAATTGTCTGGTCTGTTTACGTAATTTTAAACGATCTTGTGGCATT
GTAATTGCATGTTGATCTACGATACAGAAATAACAATCATAGTCATTTTGCACATCAACA
AATTGTTTTAGTGCGCCAATATAATTTCCAATAGTAGGAATTCCACTAGGTTGGATGCCTG
AAAATAATGTCTCCAT

> **spxA**

Function: protein coding sequence; transcript regulator (core genome, constant)

Best match: spxA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[970804:971199] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 95159 ... 95555; Length: 396 bp

Sequence:

ATGGTAACATTATTTACTTCACCAAGTTGCACATCTTGCCGTAAAGCGAAAGCATGGTTA
CAAGAACATGACATTCCGTATACGGAGCGTAATATTTTTCTGAACATTTAACAATTGAT
GAAATTAAGCAAATATTA AAAATGACTGAAGACGGTACTGATGAAATCATTCTACACGT
TCTAAAACATACCAAAAATTAATGTTGATATTGATTCACTACCATTACAAGACTTATATT
CAATCATTCAAGATAATCCTGGCTTATTACGTCGTCCAATTATTTTAGATAATAAACGACT
ACAAGTTGGTTATAATGAGGACGAGATTCGACGTTTCTTACCTAGAAAAGTTCGTACGTT
CCAATTACAAGAAGCACAACGTATGGTTGACTAA

> **mecA2**

Function:

Best match: mecA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[971570:972289] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 95925 ... 96645; Length: 720 bp

Sequence:

ATGAGAATAGAACGAGTAGATGATACAACGTGTA AAAATTGTTTATAACATATAGCGATATC
GAGGCCCGTGGATTTAGTCGTGAAGATTTATGGACAAATCGCAAACGTGGCGAAGAATTC
TTTTGGTCAATGATGGATGAAATTAACGAAGAAGAAGATTTTGTGTAGAAGGTCCATTA
TGGATTCAAGTACATGCCTTTGAAAAAGGTGTGCAAGTCACAATTTCTAAATCTAAAAAT
GAAGATATGATGAATATGTCTGATGATGATGCAACTGATCAATTTGATGAACAAGTTCAA
GAATTGTTAGCTCAAACATTAGAAGGTGAAGATCAATTAGAAGAATTATTTCGAGCAACG
AACAAAAGAAAAAGAAGCTCAAGTTCTAAACGTCAAAAAGTCTTCAGCACGTAAAAATA
CAAGAACAATTATTGTGAAATTTAACGATTTAGAAGATGTTATTAATTATGCATATCATA
GCAATCCAATAACTACAGAGTTTGAAGATTTGTTATATATGGTTGATGGTACTTATTATTA
TGCTGTACATTTTGATAGTCATGTTGATCAAGAAGTCATTAATGATAGTTACAGTCAATTG
CTTGAATTTGCTTATCCAACAGACAGAACAGAAGTTTATTTAAATGACTATGCTAAAATA
ATTATGAGTCATAACGTAACAGCTCAAGTTCGACGTTATTTTCCAGAGACAACTGAATAA

> **trfB**

Function: protein coding sequence; putative competence protein (core genome, variable)

Best match: trfB_CC001-ST772_118_AJGE0100009.1[96519:97505] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 96765 ... 97752; Length: 987 bp

Sequence:

ATGTTAGTAGCTTTAAATGAAGAAAAGGAACGTGTGTTAGCAACTACTGCATTGAGAAAG
ACACAATATTTTTGTCCGGTGTGTGGCAAGCAAGTTATTTTAAAGCGTGGGCTCAAAGTA
ATTAGTCATTTTGCACATAAACATTTAGCGGAACAAAAATGTTTTAATAATGAAACGATT
AAACATTATAAAAGTAAATTGATTTTAGCACAGATGATACAGCAACAAGGATTTAAAGTA
GAGATAGAGCCATTTTTAAAGAAATAAAACAAATTCGGATATTTTGATTAATAATAAA
TATGTTATTGAGCTACAGTATTCGCCAATTCCTTATAAACAGATTCTTCAACGAACGGAA
GGTTTAAAGAAAATGGGATATAAAGTAAGTTGGTTATTAATGATGTTGATTATTGTCAT
AATAAAGTGAAGTTCAATCATTTTCAAAGTATGTTTATTAATCCATTCACTCGAAAAC TTC
ATACGTTCAATTTAGAGAAAAAACAATAATGATGTTTCAACAAATACAATATTTAGGCG
GGCACAATATGTCGCTGAAAAAAGAAATGCCAAAATTAGTGAGTTGTTAATGAGGCG
CCTTGTGATTATCATGCTGTTTATAAATTATCAAAGTTCGCAATTAATCAATATATCAAAT
ATTGTCGCTGGCAAAATCTGTTTTAGAACCCTTTAAGTGCAATGTATCAATTACAGTT
AACTGATCAAGAAGTAGTGCACAATTATGGTTATATTTTCCAGAGCAAATTTATATTA
AAATCATCCTATTGAGTGGCAATTACAAGTTGATTTATGGTTAAAGAATGGAAAAAGCAA
ATTAGTAAATGACAATCTTAATTATTTTAAACTGAAAAAATTTATTGTTGCTCTAGAAAGT
AAAACAGCAATTATAGAAAAACTTATTAACAATTATTTAAATATTTGTTTCAGATAAAGGT
AATGACGTGCAAAATTTGTTCTAA

> **pepF1**

Function: protein coding sequence; oligoendopeptidase F (core genome, constant)

Best match: pepF1_CC005_JH1_CP000736.1[1052488:1054296]

Position: 025-contig_192_RC: 97799 ... 99608; Length: 1809 bp

Sequence:

ATGAGTCAACAATTATCGAGAGAAGAACAGGAACGTAAATATCCTGAATATACATGGGA
CTTAACAACAATTTTCAAAGATGATGAAGCTTTTGAGGCTGCATTTAAAGAAGTTGAAAA
TGAGTTAGGCAAAGAAGAACAATTTAAAGGACACATTGGTGATAGTGCTGAGACATTAT
ACAATGCGTTAGAATTAGAAGATACATTAGGTACTAAATTAGAAAAAGTATATGTATACG
CGCACCTAAAACAAGACCAAGATACAACGAACGACAAGTATACTGGTATGGAGTCAAGA
GCACATCAATTAATTATTAATTTAGCTCGGCATGGAGTTTCTTAGTGCCAGAGATTTTAC
AAATTGATGAAGATAAAATTCATCATTTGTAAATTCATATGATAAAATTACAAAAATTCG
CATTTGATTTGAAGTTGATTAATGAAAAACGTCTCATATTTTAGATGCTGAAACTGAAA
AGTTATTAACAGAAGCGCAGGACGCGTTATCAACGCCATCAAATGTATACGGTATGTTTA
GCAACGCTGATTTAGTATTTGAAGATGCGATTGATAAAGATGGAAATGCACACCCGTTAA
CACAAGGTACATTTATTAAGTATTTAGAATCAGATGATCGCAAATAAGAGAAAGTGCTT
TTAGAAATGTATATAAAGCATATGGTGCTCATAATAACGCTTGGCGCTACGCTAGCAG
GTGAAGTGAAGAAAAATGTATTTAATGCTCGTACACACAATTACAAAACGCAAGAGAA
AAAGCATTGAGTAATAATCATATTCAGAAAATGTATATGACAATCTAGTAAAAACTGTA
CATAAATATTTACCATTGCTACATAGATACTGAATTGCGCAAAGAATTGCTAGGTTTA
GATGACTTGAAAATGTATGATTTATATACACCATTAATTAAGATATTAAGTTTGAAAATG
CCTTATGAAGAAGCTAAAGAGTGGATGTTAAAAGCTTTAGAACCAATGGGTGAAGAATA
TTTAAATGTAGTTAAAGAAGGCTTAAACAATCGTTGGGTGCGATGTCTATGAGAATAAAGG
TAAACGTTCAAGGTGGCTATTCATCAGGTGCACATTTAACTAATCCATTTATTCTACTTAAC
TGGTCTAATACTATTTTCAGACTTATACACATTAGTTCATGAATTTGGGCATTCAGCACATA
GTTACTTCAGTAGAAAATTCCAACCGTCAAATTCTAGTGACTACACTATTTTTGTGCGCTGA
AGTTGCATCAACTTGTAACGAAGCACTTTTAAGTGATTATATGGATAAACATCTTGATGA
TGAAAAACGCTTATTATTATTAACCAAGAATTAGAACGTTTCAGAGCTACATTATCCG
ACAAACAATGTTTCGCAGAATTTGAGCATAAAAATTCATGCAATTGAAGAAGCAGGTGAAC
CATTAACGCCAACTAGAATGAATGAAGAATATGCCAAATTAATAAATTATACTTCGGTG
ATTCTGTAGAAACTGATGAAGATATTAGTAAGGAATGGTCACGTATTCCACACTTCTATA
TGAATTATTATGTATATCAATACGCAACTGGTTACAGTGCAGCTCAAAGCTTAAGTCATC
AAATTTAACAGAAGGTAAGCCAGCAGTAGATAGATATATTAATGAATTCCTGAAAAAA
GGTAGCTCAAATTATCCAATTGAGATATTAAAAAATGCTGGTGTAGATATGACAACACCT
GAACCAATTGAACAAGCTTGTGAAGTTTTTGAACAAAAAATTGAACGCTTTTGAAAAATTA
ATGAAAGCTTAG

> **rsaE**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus E (core genome, constant)

Best match: rsaE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[975352:975451] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 99707 ... 99807; Length: 100 bp

Sequence:

ATGAAATTAATCACATAACAAACATACCCCTTTGTTTTGAAGTGAAAAATTTCTCCCATCCC
CTTTGTTTAGCGTCGTGATTCAGACACGACGTTTTTTTT

> **rsaF**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus F (core genome, constant)

Best match: rsaF_CC008_COL_CP000046.1[1015068:1015171] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 99785 ... 99889; Length: 104 bp

Sequence:

TATTCAGACACGACGTTTTTTTTATGTTCTTTTTTAATAAGAGGGAAGTGAAGTTGTATAAA
AATGTATTAATATGCACTTTTTATACATTAACGATTCATATA

> **ltaB**

Function: protein coding sequence; dithiol-disulfide isomerase (core genome, constant)

Best match: ltaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[975712:976518:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 100067 ... 100874; Length: 807 bp

Sequence:

TTATTTTGATTTGATTTTAGGCATTTTAGATTTCCAGAAATCGCCATCTGGATATTTAAGTT
TTTCAATTTTTGTTGAATGGCTAACTTCTTAACTCTTTGTTTAAAAGTTTTTCTGGCCAT

TCATAAATAGTAAGTAATTCTTCCATCGTTACAAGTTGTTGTTGCTGTATATAAGTTTCTA
ATTTAGGAGGAAGATTCTTTTCGATAGGTTTACCCATCAATTCATTAATTATATAAGTATA
GATGTGATATGGGTATAATCCTTCGACTTTTAAACCTTCTTCATGAACATCTTCACTAAAG
AAAACGAGAGAAGGGGCTTGTTGATTTCCATTTCTCTTGCAATATGCAAATCAATTTTCA
AGCTTTCGGTTAGTTTACTTTTTTGTAAAGTCGTCTTAAATACTTCTAAATCAATACCTGCA
TTTTGAATACAGTCACAAATCATTGATTCTGTAATAATATCTCTTTTAGGTATGATTTTCATT
TTGCATTAATGTATAAATCGTTCGGCACGTACACGACCTTGTAACTCAGCTGCTTTATAA
GCTAGGGCGATGTTATCAAAGTTGGATGTACTTTGAGCTTGGCATTTCGTTAATACTTTTA
ACGAAGGATTTAATATATGTCTGATACGTATATATTGATTATATTCAATTCTTAATTTGGA
TAAGATTGCTGATAATTTGAAGCAATCGGAGCTAAATGGATCGAAAAATGAATAAATTC
GATTTTACTTACAGGTGATAGATTAATATCTTCACGACTCTTATTTCCATTATTCGTAATT
CTCCAGCCAT

> **relA1**

Function: protein coding sequence; GTP pyrophosphokinase (core genome, constant)

Best match: relA1_CC005_N315_BA000018.3[978184:978819] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 102508 ... 103144; Length: 636 bp

Sequence:

ATGAATCAATGGGATCAGTTCTTAACACCTTATAAGCAAGCGGTTGATGAGTTGAAAGTG
AACTTAAAGGCATGCGCAAACAATATGAAGTTGGTGAACAAGCGTCGCCAATAGAATT
TGTTACTGGTCGTGTTAAACCGATCGCTAGTATTATAGATAAGGCAAACAAACGACAAAT
ACCATTTGATAGGTTAAGAGAAGAAATGTACGATATCGCTGGTTTAAAGAATGATGTGCCA
ATTTGTAGAAGATATTGATGTTGTCGTCAATATTTTAAAGACAAAGAAAAGATTTTAAAGT
AATTGAAGAACGAGATTATATTCGTAACACTAAAGAAAGTGGTTACCGCTCGTATCATGT
CATTATTGAATATCCAATTGAAACATTACAAGGCCAAAAATTTATATTGGCTGAGATTCA
GATTCGTACATTAGCAATGAATTTCTGGGCAACGATTGAACATACTTTACGATATAAATA
TGATGGTGCTTATCCGGATGAAATTCAACATCGTTTGGAAAGAGCGGCAGAAGCAGCGTA
TTTACTTGATGAAGAGATGTCTGAAATTAAGATGAAATTCAGGAAGCTCAAAAATATTA
CACGCAAAAACGTTCTAAAAAACATGAAAATGATTA

> **ppnK**

Function: protein coding sequence; putative inorganic polyphosphate/ATP-NAD kinase (core genome, constant)

Best match: ppnK_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1055120:1055929] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 103160 ... 103970; Length: 810 bp

Sequence:

ATGCGTTATACAATTTTAACTAAAGGTGACTCCAAGTCTAATGCCTTAAAGCATAAAATG
ATGAACTATATGAAAGATTTTCGCATGATTGAGGATAGTGAAAATCCTGAAATTGTTATT
TCAGTTGGTGGTGGTACATTACTACAAGCATTCCATCAGTATAGCCACATGTTATCA
AAAGTGGCATTGTTGGAGTTCATACAGGTCATTTAGGATTTTATGCGGATTGGTTACCTC
ATGAAGTTGAAAATTAATCATCGAAATTAATAATTCAGAGTTTCAGGTCATTGAATATC
CATTGCTTGAAATTATTATGAGATACAACGACAACGGCTATGAAACAAGGTATTTAGCAT
TAAATGAAGCAACGATGAAAATGAAAATGGCTCAACACTTGTGTGGATGTTAACTTAA
GAGGGAAACACTTTGAGCGATTTAGAGGCGATGGATTATGTGTATCAACACCTTCGGGTT
CAACGGCTTATAACAAAGCGCTAGGTGGCGCACTGATACATCCTTCACTTGAAGCAATGC
AAATTACAGAAATTGCCTCAATAAATAATCGTGTGTTTAGAACGGTAGGATCACCCTTG
TATTACCAAAGCATCATAATGTTTAAATATCACCAGTTAATCATGATACCATTAGAATGA
CGATAGATCATGTTAGTATCAAACATAAAAATGTTAATTCAATACAATACCGTGTAGCAA
ATGAAAAGTGAGGTTTGCACGTTTTAGACCATTCCCGTTCTGGAAACGTGTACACGATT
CTTTCATATCAAGTGATGAAGAACGATGA

> **rluA1**

Function: protein coding sequence; RNA pseudouridine synthase (core genome, constant)

Best match: rluA1_CC005_04-02981_CP001844.2[1014383:1015237]

Position: 025-contig_192_RC: 103966 ... 104821; Length: 855 bp

Sequence:

```
ATGAAATTTAAGTATCATATATCACAACAAGAACTGTTAAAGCTTTTTTAGCACGACAT
GATTTTTCTAAGAAGACAGTGAGCGCCATTAATAATAATGGCGCTTTAATTGTTAATGAT
GAACCAGTCACAGTACGTAAGCAATTAATGCCAAATGATATATTAGAAATTCATTTACCG
CGAGAAATACCGAGTGTTAATTTAATAACCTTATGCTCGTAAGCTAGAAGTATTGTATGAA
GATGCTTTTTATCATCATAGTTACTAAACCAACAATCAAAATTGTACGCCTTCGAGAGAA
CATCCTCATGAAAGTTAATCGAACAAGTACTATATCATTGTCAGGAACATGGTGAAAAT
ATTAACCCACATATTGTTACGCGTCTAGATCGTAATAACAACCTGGTATTGTGATATTCGCTA
AATATGGACATATCCATCATTTATTTTCTAAAGTAAACTTGAAAAAATATATACTTGCCT
TGTATATGGCAAACCCATACATCTGGTATTATTGAAGCTAATATTAGACGGTCAAAGGA
TAGTATTGTAAGTACGAGAAAGTTGCCTCGGATGGTAAATACGCTAAAACATCTTATGAAGT
AATAAATCAGAATGATAAATACAGTTTATGCAAAGTTCATTTGCATACGGGACGTACACA
TCAAATTCGTGTACATTTTCAACATATTGGGCATCCAATTGTGGGAGATTCTTTGTATGAT
GGTTTTCATGACAAAATTCATGGTCAAGTACTGCAATGTACGCAAATATATTTTGTTCATC
CAATCAATAAGAACAATATTTATATTACAATTGATTATAAGCAATTAATTAATTATTCAA
TCAACTCTAA
```

> **mgtE**

Function: protein coding sequence; magnesium transporter E (core genome, variable)

Best match: mgtE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1056801:1058186] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 104841 ... 106227; Length: 1386 bp

Sequence:

```
ATGTCAATGAACACAGATGAAAAAGAGCGTGTTCAAGAGGAATTATATGATGAGACATT
ATTAGATCAATACTTAGAAAAATGATGATATTGATCAATTTAGAGATGAATTTCTAGCATT
ACACACATATGAACAAAAGTGAGTATTTTGAAGATACTACCGATGAAAATAGACAAAAGA
TTTTTCAATATTTATCACCTGAAGAGGTTGCAAATTTCTTTGATCAATTAGATATTGATGA
CGATGAATATGAGTTGCTATTTGATAAAATGAATGCGACATACGCAAGTCACATATTAGA
AGAAATGTCATACGATAATGCAGTAGATATTTAAATGAGTTGACTAAACCAAAAAGTTGC
TAGTCTTTTAAACATTGATGAATAAAGATGACGCGAATGAAATCAAAGCATTACTTCACTA
TGATGAGGATACGGCCGGCGGTATTATGACGACGGAGTATTTATCACTTAAAGCGCATA
GCCTGTTAAAGAAGCGTTATTATTGGTCAAAGCGCAAGCGCCAGACGCAGAAACAATAT
ATGTTATATTTGTCGTTGATGATGATGGTAAATTAGTAGGTGTTTTATCACTAAGAGATTT
AATTGTAGCTGAAAATGATGCTTATATTGAAGATATTATGAATGAACGTGTCATTAGTGT
GAATGTAGCAGACGACCAAGAAGATGTTGCTCAAGTTATGAGAGACTATGATTTTCATGGC
TGTACCTGTTATAGATTACCAAGAACATTTGCTTGGTATCATCACGATTGATGATATTTTA
GACGTTATGGATGAAGAGGCTAGTGAAGACTACTCTCGTTTAGCCGGGGTATCAGATATC
GATTCGACTAATGATTCAATCATTAAAACAGCATTAAAACGTTTACCATGGTTGATTATTT
TAACATTTTTAGGAATGATTACTGCGACAATTTTAGGGAGATTTGAAAAAACATTAGAAA
ATGTAGCGCTACTCGCAGCGTTTATTCCTATTATTAGTGGTATGTCAGGAAATTCAGGTAC
ACAATCTTTAGCCGTTTCAGTTCGTAACATTACGACAGGGGAAATTAATGAGCAAAGTAA
ATTTAGAATTGCATTAAGAGAAGCGGGAAGTGGTGTATTATCGGGCGTTGTATGTTCAAC
AATATTATTTACAATTATTGTTGCAATATATCATCAGCCACTTTTAGCATTAATCGTTGCA
GGAAGTTTAACTTGTGCGATGACGGTGGGGACGTTTGTAGGTTTCGATGATTCCATTATTG
ATGAATAAATTAATATCGATCCAGCAGTGGCTAGTGGACCATTATTACAACAATTAAT
GATATTATTAGTATGTTGATTTATTTGGTTTAGCTACATCATTTATGGCTTACTTAATTTA
A
```

> **Q8NXC6**

Function: protein coding sequence; monovalent cation-H⁺ antiporter (core genome, variable)

Best match: Q8NXC6_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1058196:1060040] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 106236 ... 108081; Length: 1845 bp

Sequence:

```
ATGGAGTTTTTATCTTTAGTTATTGTTGTTTTAGCAGCGTTTTTAACTCCAATAATTGTCAA
TCGATTAATATTAATTTCTTGCCAGTTGTTGTTGCAGAAATTTGATGGGGATTGTGATT
GGAAATTCATTTCTAAATATAGTAGAAAGGGATTCAATTCTAAATATTTTATCAACGTTA
```


GGCTTTATCTTTTAATGTTTTAAGTGGTTTAGAAAATTGATTTTAAAGCTTTTAAAAAAG
ATAAACGCGCACGTCAAGGACAAAATGATGATGAATCCTCAATTCCAGGGCATCTTAATC
TAGCGTAACTGTATTTGCATTTATTATGATTATTTTCGATTCTTTTAGCGTATGTATTTAAA
TGGCTTGGATTAGTGGATGATGTGTTATTAATGGTCATTATCATTTCAACTATTTCCCTTAG
GCGTAGTTGTTCCAACCTTTAAAAGAAAATGAATATTATGAGAACAACCTATAGGGCAATTTA
TCCTATTAGTAGCAGTACTTGCGGACTTAGTAACTATGATTTTATTAACGGTCTATGGCGC
AATCAATGGTCAAGGCGGCAGTACAATATGGTTAATAGGTATATTAGTTGTTTTACACAGC
AATTCATATATTTTAGGTGTTCAATTTAAAAGAATGTCATTTTTACAAAAATTGATGGAT
GGTACGACGCAAATCGGTATTCGTGCGGTATTTGCATTAATAATATTATTAGTAGCCCTA
GCAGAGGGAGTTGGCGCAGAAAATATATTAGGTGCATTCTTAGCAGGTGTCGTTGTTTCA
TTATTAATCCAGATGAAGAAAATGGTTGAAAAGTTAGACTCATTGGTTATGGGTTCTTTA
TTCCTATTTCTTTATAATGGTTGGTGTAGATTTAAACATACCTTCATTAATTAAGAACC
GAAATTAATAATTATCATACCGATTTAATCGTTGCATTTATCATTTCAAAATTAATTCCA
GTCATGTTTATTCGACGTTGGTTTGATATGAAAACAACGATTGCATCAGCATTTTTATTA
CATCAACATTATCGCTCGTGATAGCTGCAGCCAAAATTCAGAAAAGATTAATGCTATTT
CAGCTGAAACGTCAGGTATATTAATTTAAGCGCAGTCATTACATGTGTATTTCGTTCCGAT
TATTTTCAAAAACTGTTTCCAGTTCAGATGAGTTAACCCTAAAATTGAAGTTAGTTTA
ATTGGTAAAAATCAATTAACGATTCCCTATAGCGCAAAAATTTAACATCTCAGTTATATGAC
GTGACATTATATTATCGCAAAGACTTGAGTGATCGTCGTCATTGTCAGATGATATCACG
ATGATAGAAATTGCTGATTATGAACAAGATGTTTTAGAACGACTAGGTCTGTTTGACCGA
GACATAGTTGTTTGTGCTACGAATGACGATGATATTAACCGAAAAGTTGCTAAATTAGCC
AAAGCACATCAAGTTGAGCGTGTCAATTTGCAGACTTGAAAGCACAAACGGACGATACAGA
GTTAGTTGATTCAGGTATTGAAATTTTCAGTAGCTACTTAAGTAATAAAAATCTTATTA
GGTTTAATTGAAACACCTAACATGTTGAATTTATTAAGTAATGTTGAAACGTCATATATG
AAATTCAAATGTTAAATTATAAATATGAAAATATTCAATTACGTAATTTCCCATTCGGAG
GAGACATCATCTTCGTGCGTATTATCCGTAATAATGAGTCGATTGTTCCGCATGGAGATA
CACAATTGCGATATGGAGATCGCTTAATTGTTACCGGTGCTAAAGAATACGTTGATGAAT
TGAAGCAAGAGTTAGAATTTTATTTTAA

> **fabI**

Function: protein coding sequence; trans-2-enoyl-ACP reductase (core genome, constant)

Best match: *fabI_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1060318:1061088] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 108358 ... 109129; Length: 771 bp

Sequence:

ATGTTAAATCTTGAAAACAAAACATATGTCATCATGGGAATCGCTAATAAGCGTAGTATT
GCTTTTGGTGTGCTAAAGTTTTAGATCAATTAGGTGCTAAATTAGTATTTACTTACCGTA
AAGAACGTAGCCGTAAAGAGCTTGAAAAATTATTAGAACAATTAATCAACCAGAAGCG
CACTTATATCAAATTGATGTTCAAAGCGATGAAGAGGTTATTAATGGTTTTGAGCAAATT
GGTAAAGATGTTGGCAATATTGATGGTGTATATCATTCAATCGCATTGCTAATATGGAA
GACTTACGCGGACGCTTTTCTGAAACTTCACGTGAAGGCTTCTTGTTAGCTCAAGACATTA
GTTCTTACTCATTAACAATTGTGGCTCATGAAGCTAAAAAATTAATGCCAGAAGGTGGTA
GCATTGTTGCAACAACATATTTAGGTGGCGAATTCGCAGTTCAAAATTATAATGTGATGG
GTGTTGCTAAAGCGAGCTTAGAAGCAAATGTTAAATATTTAGCATTAGACTTAGGTCCTG
ATAATATTCGCGTTAATGCAATTTCACTGGTCCAATCCGTACATTAAGTGCAAAAGGTG
TGGGTGGTTTCAATACAATTCTTAAAGAAAATCGAAGAGCGTGCACCTTTAAAACGTAACG
TTGATCAAGTAGAAGTAGGTAACAGCGGCTTACTTATTAAGTGACTTATCAAGTGGCG
TTACAGGTGAAAATATTCATGTAGATAGCGGATTCCACGCAATTAATAA

> **yrbD**

Function: protein coding sequence; alanine or glycine carrier protein (core genome, constant)

Best match: *yrbD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1062712:1064280] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 110752 ... 112321; Length: 1569 bp

Sequence:

ATGATTGAAAAATTAGTAACCTTTTTAAATGAGGTTGTTTGGAGTAAGCCATTAGTTTATG
GTTTGCTAATTACTGGTGTGCTATTTACATTGCGTATGCGATTTTTTCAAGTTAGACATTTT

AAAGAAATGATTTCGATTAATGTTTCAAGGAGAGAAGTCTCCTAATGGTATTTCAAGTTTT
CAAGCGATAGCCATGTCTTTAGCAGGCAGGGTTGGTACAGGTAATATTGTTCGGTGTATCT
ACTGCAATATTTATAGGAGGACCTGGTGCAGTATTTTGGATGTGGATTACTGCGTTTTT
GTGCAAGTAGTGCTTTTATTGAATCTACACTTGGTCAAATATTCAAGAGAGTTGAAAATA
ATGAATACCGTGGTGGACCAGCGTATTATATTGAATATGGTATTGGTGGTAAATTTGGTA
AAATTTACGGAATTATCTTTGCTATTGTTACGATTATCTCAGTAGGTCTATTGCTTCCTGGT
GTGCAATCTAACGCTATAGCAAGTTCTATGCATAATGCGATTTCATGTTCCACAATGGTTA
ATGGGTGCTATTGTTGTAGTTATTTTGGGATTAATTATTTTTGGTGGTGTACGTAGTATTG
CCAATGTTGCAACAGCCGTTGTACCATTTATGGCAATTATTTACATACTGATGGCTGTCAT
TATCATTGTTATCAATATACAAGAAGTGCCAGCGTTATTTGCATTAATTTCAAATCAGCA
TTTGGATTACAATCTGCTTTTGGTGGTATCGTTGGCGCAATGATAGAGATTGGTGTAAAC
GTGGATTATACTCAAATGAGGCTGGTCAAGGTACAGGTCCACACGCAGCAGCGGCAGCA
GAAGTATCACATCCAAGTAAACAAGGTCTAGTACAAGCATTTCAGTTTATATTGATACA
TTATTTGTATGTACTGCAACTGCTCTGATTATACTTATTTCTGGTACATATAATGTGACTG
ATGGTACGGTTAATGCGAATGGCACACCGCATTTAATTAAGATGGCGGTATTTATGTTG
AAAATGCAACAGGTAAAGATTATTCAGGTACTGCGATGTATGCACAAGCCGGCATTGATA
AAGCGTTCATGGCAGTGGTTATCAATTTGATCCTACTTTCTCTGGCGTAGGTTTCGTA
TATTGCATTTGCTTTATTCTTTGCTTTGCTTTACTACAATTTTGTTCGTA
TACTACTACATTACAG
AAACAAATGTTGCTTATTTAACGCGTAATCAAATAATCAAGTTTCATCGATATTTATTA
TATTGCTCGTGTGATTATTTTGTTCGCTACATTTTACGGTGCAGTTAAACAGCTGATGTA
GCATGGGCATTCGGTGTATTTAGGTGTAGGTCTAATGGCTTGGTTAAATATCATTGCGATT
GGATTTTACATAAGCCTGCCGTAATGCTTTAAAAGATTATGAAATTCAAAGAAACGTT
TAGGAAACGGTTATAATGCAGTTTATCAACCTGATCCGAATAAATTACCTAATGCTGTCTT
TTGGTTGAAGACATATCCAGAACGTTTAAAACAAGCACGTGCCAAAAAGTAA

> Q2FI63

Function: protein coding sequence; putative esterase (core genome, variable)

Best match: Q2FI63_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[988108:988866] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 112465 ... 113224; Length: 759 bp

Sequence:

ATGTCAGAAATTTAAAACCTGGTAAGATTAATAAACATGTTTTATATAGTAATATTTTAAATA
GAGATGTCACGATAAGTATTTATTTACCAGAATCTTATAATCAACTTGTTAAATATAATGT
CATTCTTTGCTTTGACGGATTAGATTTTTTACGTTTCGGGAGAATACAACGTACATATGAA
TCGTTAATCAAAGAAGCGCGTATTGATGATGCGATCATTGTTGGATTCCATTATGAAGAC
GTTGATAAGCGTAGAGAGGAATTTATCCACAAGGAAGTCGTTCTCATTAACTATTCAA
TCAGTCGGTAAAGAAATATTGCCATTTATTGACTCGACGTTTTTCTACACTGAAAGTAGGT
AATGCAAGGTTATTAGTAGGGGATAGTTTACGGGTAGTATTGCCTTATTAACGGCGTTG
ACCTATCCAACGATTTTTAGTCGTGTAGCAATGTTAAGTCCACATTCAGATGACAAAGTA
TTAGATAAGCTAAATCAATGTGCTAATAAAGAACAATTGACAATTTGGCATGTCATTGGT
CTAGATGAAAAAGATTTTACTTTACCAACAAATGGTAAGCGTGCCGATTTCTTAACACCG
AATAGAGAATTAGCTGAACAAATTAAGAAATATAATAACTTATTATTACGATGAATTT
GAAGGTGGTCACCAATGGAAAGATTGGAAACCATTGCTGTCAGATATATTATTGTATTTT
TTACGTAAAAACACAGATGATCAACATTATGAGTAA

> ItaA

Function: protein coding sequence; glycolipid permease (core genome, variable)

Best match: ItaA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1065999:1067189:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 114039 ... 115230; Length: 1191 bp

Sequence:

TTACTTAGCTTTTTCTCTATTTGCTATAAAGTAGCTTCCATAAAAATACAGCTAAGACTAAA
AAGATTAATGCCGAGAAATAAAATGTATTGTTAAATCGTTGGTAAATTGTGTAATTAAT
CCGCCAAATAATGGCCCTATCATTGAGCCGAATCCTTGGATACTATTAACACACCCCAA
GTTTCTTCTTGTTCATCTGATTTGATAAATCGTGCCATAAAGGTATTCATGCTGGTAATA
AGATGCCATACATTAGACCGATAGCTAAAGCGATAATCCACACGATGTGAATATTAACAA
TCATAGATAGAGTAAAAATTAATATCATGTATAAAATAAATCCGCTTAGAATAACACCAT

ACATAAAGTTTCTGCTGCGGTTATCTATTAGTTTCGATAAAAATAGCATCGAAACTGCAC
AGCCGATACCACCAATAATGATTGCAACAGTATATTCAATTGTGCTTACGTTAATAACCTT
AGTAGCATATGTTGGTAATATAGGAACTAGGGCAGCAATTGCGGCACCTTGTAAGAAT
ACCAGGGAACAACAATAAATGGCGCTTTGTCACATCAACAATTTGTCTCAATTGAGCTTT
AACTGGACGAGTATTATAATTTGTTAACTTTACATCGACAAAATAATATAATATCCATGC
AATAAAACGACTAAAGACATCATGAAGGCAAAGCGTGTGGGTGCACCTTGATAAGTA
GATTCATAAAAACCATACCTACCAATAGGCCTAACCAACCATGAAAAATAAACATAGCCC
ATTTGTTTGCCACGTTTATCTTCTTCAACACTGGATAACATAATGACCCAAATAGGACTAA
CTGCAATACCGAGCATCATAGCACTAAATATGATTACAAAAGGTGATGCTGGAAACCAA
ATAACTAAAATAAACTTGTAAATGCTAAAATAAATCCAGTCGTTAAAACGATTTTTGTG
CCGAATTTTTTCAGTAAAATCCTATAACAAAGTTTGTAGATGCATCAGCAATAAAATGT
ATTGAAAATGCTAGAGACGTTATTGCTACAGCAATGGATGTAAGTGTGGCAAGAAATTA
ATATAGCTTAGGATATACATGCCTCTCGCAAATTCATTAATAAATAAGATAATAAGCATT
AAAATGAAATTTTTATGATTAGCGTAATTATTTAACGAAGAATCTTGCAT

> **ugtP**

Function: protein coding sequence; processive diacylglycerol glucosyltransferase (core genome, constant)

Best match: *ugtP_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1067167:1068342:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 115207 ... 116383; Length: 1176 bp

Sequence:

TTATTTAACGAAGAATCTTGCATATAAAGGAACCTTCCATAAATCTCTTGTGGTTGTGAT
GAATGACCGATTAAATCAAGTAAGTCTCGACATATTGTCTGTGTAGCATACTTAATTTTAT
CTTGTTCCATTGTACTAATCATGTTAGTTAATTGCTCATTACCGTTCGTTAAACTTGCTACA
ATTTTTATTGCTTCTTCTGGAGTATCAGCGATTTTACCAAACCTTTTTCTTCAAAGTAAA
GGGCATTTTCAAGCTCTTGACCAGGTGCAGGATTTAGGAAAATCATTGGAATACAACGGG
CGAAACCTTCAGTTATTGTGATACCACCAGGTTTCGTAATCATAAGTTGACTTGATGCCAT
CCATTCATTCATGTGTTGGTATAACCTAGAATCAATACATTCTCGTTAGATTTAACTTA
GCTATTAAGAACGCTTTAGCTCTTTGCTCTTACCACAAATCATAACTACTTGTGCATTTG
CACTTTTCGCTAATATATCAGTAATCATCGTGTCAAACCTTTAGATACACCAAATGCACC
AGCTGACATTAATAATAGTTTGGCTTATCTGGATCTAAGTTGTTGTCTATTAACCACTGCTTT
TGATTAATAGGCGTTTCAAATTTGTTATCAATAGGAATACCTGTCACTTAACTGTTGAAG
GATCAATACCTACGTCTATGAAGTCTTGTTTCGTTTCTTTTGTGGCCACATAATATCTTGT
GAATACGGCGTAATCCAGTTTTTATGTAAGCGATAGTCTGTCATCACTGTAGCAACTGGA
ATATTAATGTTAAATTGCTCAGTTAGTACCGACATAACTGGTGTAGGAAACGTTAATAAT
ATTAATCTGGCTTTTCTTTTATCAATAAATTAATTAACTTATTAAGTCCATAGTATTTGTA
AAAACATTTGTCTAGTTTATCTGGGCGGCTGTAATAAAACCCTTTGTACATATTTCTAAAA
TATTTAAAGCTATTGATATACCATTTTTTACAAATAGAAGTCAAATGGATGAGCTTCCA
TAAATAAATCGTGCTCAATGACGCTTAAATGGTCTAGATTCATATCATTAAGTTGATTAAC
GATACTCTGTGTAACCTGCATATGACCGTTACCGAATGAGCCAGTAATAATCAATATCTTT
TTATTTTGAGTAACCAT

> **murE**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylmuramoylalanine-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase (core genome, constant)

Best match: *murE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1068775:1070259] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 116815 ... 118300; Length: 1485 bp

Sequence:

TTGGATGCAAGTACGTTGTTTAAAGAAAGTAAAAGTAAAGCGTGTATTGGGTTCTTTAGAA
CAACAAATAGATGATATCACTACTGATTCACGTACAGCGAGAGAAGGTAGCATTTTTGTG
GCTTCAGTTGGATATACTGTAGACAGTCATAAGTTCTGTCAAATGTAGCTGATCAAGGG
TGTAAGTTGGTAGTGGTCAATAAAGAACAATCATTACCAGCTAACGTAACACAAGTGGTT
GTGCCGACACATTAAGAGTAGCTAGTATTCTAGCACACACATTATATGATTATCCGAGT
CATCAGTTAGTGACATTTGGTGTAAACGGGTACAAATGGTAAAACCTTCTATTGCGACGATG
ATTCATTTAATTCAAAGAAAGTTACAAAAAATAGTGCATATTTAGGAACTAATGGTTTC

CAAATTAATGAAACAAAGACAAAAGGTGCAAATACGACACCAGAAACAGTTTCTTTAAC
TAAGAAAATTAAGAAGCAGTTGATGCAGGCGCTGAATCTATGACATTAGAAGTATCAA
GCCATGGCTTAGTATTAGGACGACTGCGAGGCGTTGAATTTGACGTTGCAATATTTTCAA
ATTTAACACAAGACCATTTAGATTTTCATGGCACAATGGAAGCATAACGGACACGCGAAGT
CTTTATTGTTTAGTCAATTAGGTGAAGATTTGTCGAAAAGAAAAGTATGTCGTGTTAAACA
ATGACGATTCATTTTCTGAGTATTTAAGAACAGTGACGCCTTATGAAGTATTTAGTTATGG
AATTGATGAGGAAGCCCAATTTATGGCTAAAAATATTCAAGAATCTTTACAAGGTGTCAG
CTTTGATTTTGTAAACGCCTTTTGGAACTTACCCAGTAAAATCGCCTTATGTTGGTAAGTTT
AATATTTCTAATATTATGGCGCAATGATTGCGGTGTGGAGTAAAGGTACATCTTTAGAA
ACGATTATTAAGCTGTTGAAAATTTAGAACCTGTTGAAGGGCGATTAGAAGTTTTAGAT
CCTTCGTTACCTATTGATTTAATTATCGATTATGCACATACAGCTGATGGTATGAACAAAT
TAATCGATGCAGTACAGCCTTTTGTAAAGCAAAGTTGATATTTTTAGTTGGTATGGCAG
GCGAACGTGATTTAACTAAAACGCCTGAAATGGGGCGAGTTGCCTGTCGTGCAGATTATG
TCATTTTCACACCGGATAATCCGGCAAATGATGACCCGAAAATGTTAACGGCAGAATTAG
CCAAAGGTGCAACACATCAAACTATATTGAATTTGATGATCGTGCAGAAGGGATAAAA
CATGCAATTGACATAGCTGAGCCTGGGGATACTGTCGTTTTAGCATCAAAAGGAAGAGAA
CCATATCAAATCATGCCAGGGCATATTAAGGTGCCACATCGAGATGATTTAATTGGCCTT
GAAGCAGCTTACAAAAGTTTCGGTGGTGGCCCTGTTGATCAATAA

> **prfC**

Function: protein coding sequence; peptide chain release factor 3 (core genome, constant)

Best match: prfC_CC005_N315_BA000018.3[994216:995778] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 118540 ... 120103; Length: 1563 bp

Sequence:

ATGAACTTAAAGCAAGAAGTTGAGTCTAGAAAGACTTTTGGCATTATTTACATCCCGAT
GCAGGGAAAACAACGTTAACTGAAAACTATTGTACTTCAGTGGTGTCTATTCGTGAAGCG
GGTACAGTTAAAGGGAAGAAGACTGGTAAATTTGCGACAAGTGACTGGATGAAAGTTGA
ACAAGAGCGTGGTATTTCTGTAAGTTCAGTAATGCAATTTGATTACGATGATTATAA
AATCAATATCTTAGATACACCAGGACATGAAGACTTTTCAGAAGATACGTATAGAACATT
AATGGCAGTTGACAGTGCTGTCATGGTCATAGACTGTGCAAAAGGTATTGAACCACAAAC
ATTGAAGTTATTTAAAGTTTGTAAAATGCGTGGTATTCCAATCTTTACATTCATTAATAAA
TTAGACCGAGTAGGTAAAGAACCATTTGAATTATTAGATGAAATCGAAGAGACATTAAAT
ATTGAAACATACCCTATGAATTGGCCAATTGGTATGGGACAAAGTTTCTTTGGCATCATT
GATAGAAAGTCTAAAACAATTGAACCATTTAGAGATGAAGAAAATATATTACATTTGAAT
GATGATTTTGGAGTTGGAAGAAGATCATGCAATTACAAATGATAGTGCTTTTGAACAAGCG
ATTGAAGAATTAATGTTGGTTGAAGAAGCGGGTGAAGCCTTTGATAATGACGCGCTGTTG
AGTGGAGACTTAACACCTGTATTTTTCGGTTTCAGCTTTAGCTAACTTTGGTGTACAAAATT
TCTTAAATGCATATGTTGATTTTGCGCCAATGCCAAATGCGAGACAAACAAAAGAAGACG
TTGAAGTAAGCCCGTTTGGATGATTCATTTTCAGGATTTATCTTTAAAATTCAAGCCAACAT
GGACCCTAAACACCGTGATAGAATTGCCTTTATGCGTGTGCTTAGTGGTGCATTTGAACG
TGGTATGGATGTTACTTTGCAACGTAATAAAAAGCAAAAGATCACACGTTCAACGTC
ATTTATGGCAGACGATAAAGAACTGTGAATCATGCTGTAGCAGGCGATATCATTGGACT
ATATGATACTGGTAATTATCAAATTGGAGATACTTTAGTTGGTGGAAAACAAACCTACAG
TTTCCAAGATTTACCACAATTTACGCCAGAAATTTTATGAAAGTTTCTGCTAAAACGTC
ATGAAACAGAAGCATTTCCATAAAGGTATTGAACAATTAGTACAAGAAGGTGCGATTCA
ATACTATAAAACATTACACACAAACCAATTTATTTAGGTGCTGTTGGTCAGTTACAATTT
GAAGTTTTCGAACATAGAATGAAAAACGAATATAATGTTGATGTTGTTATGGAGCCAGTA
GGCCGTAATAATTGCACGTTGGATTGAAAATGAAGACCAAATTACAGATAAGATGAACAC
ATCAAGATCGATTTTAGTGAAAGATAGATATGACGATTTAGTATTCTTATTTGAAAATGA
ATTTGCAACAAGATGGTTTGAAGAGAAATTCCTTGAAATTAATTGTATAGTTTACTTTAA

> **terC**

Function: protein coding sequence; putative integral membrane protein/TerC family (core genome, constant)

Best match: terC_leader_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[995865:995993] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 120222 ... 120351; Length: 129 bp

Sequence:

```
CATTTTGTTCAGAGGGGAGTAACTTAAGAATCATGACCGTATAAATGATTCGACACTTTAT
CGTCATTACGAAGATATCTTCCGGTAAAGTGGGCAATTTAAATTGCTTAGTGAGACCTTT
GCTATTTAT
```

> attB_phiSa4

Function: attachment site in bacterial chromosome for int1-phiSa4 (mobile element)

Best match: attB_phiSa4_occupied_CC001_MSSA476_BX571857.1[980957:981023:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 121345 ... 121412; Length: 67 bp

Sequence:

```
TAGCATTTTTCAATAGAAATTATATAGATTTTAAAGCAAATTAGGTGTTAATGTGTCATA
ATGATA
```

> htrA

Function: protein coding sequence; serine protease (core genome, constant)

Best match: htrA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1073446:1075755] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 121441 ... 123751; Length: 2310 bp

Sequence:

```
GTGGATATTGGTAAAAACATGTAATTCCTAAAAGTCAGTACCGACGTAAGCGTCGTGAA
TTCTTCCACAACGAAGACAGAGAAGAAAATTTAAATCAACATCAAGATAAACAAAATAT
AGATAATACAACATCAAAAAAGCAGATAAGCAAATACATAAAGATTCAATTGATAAGC
ACGAACGTTTTAAAAATAGTTTATCATCGCATTTAGAACAGAGAAACCGTGATGTTAATG
AGAATAAAGCTGAAGAAAGTAAAAGTAATCAGGATAGTAAGTCAGCATATAACAGAGAT
CATTATTTAACAGACGATGTATCTAAAAAACAAAATTCATTAGATTCAGTGGACCAAGAT
ACAGAGAAATCAAAATATTATGAGCAAAATCTGAAGCGACTTTATCAACTAAATCAACC
GATAAAGTAGAATCAACTGAAATGAGAAAGCTAAGTTCAGATAAAAAACAAAGTTGGTCA
TGAAGAGCAACATGTACTTTCTAAACCTTCAGAACATGATAAAGAGACTAGAATTGATTC
TGAGTCTTCAAGAACTGATTCAGACAGCTCGATGCAGACAGAGAAAATAAAAAAAGACA
GTTTCAGATGGAAATAAAAAGTAGTAATCTGAAATCTGAAGTAATATCAGACAAATCAAAT
ACAGTACCAAATTTGTCGGAATCTGATGATGAAGTAAATAATCAGAAGCCATTAACTTTA
CCGGAAGAACAGAAATTTGAAAAGACAGCAAAGTCAAAATGAGCAAACAAAACCTATA
CATATGGTGATAGCGAACAAAATGACAAGTCTAATCATGAAAATGATTTAAGTCATCATA
CACCATCGATAAGTGATGATAAAGATAACGTTATGAGAGAAAATCATATTGTTGACGATA
ATCCTGATAATGATATCAATACACTATCATTATCAAAAATAGATGACGATCGAAAACCTG
ATGAAAAAATTCATGTTGAAGATAAACATAAACAAAATGCAGACTCGTCTGAAACGGTG
GGATATCAAAGTCAGTCAACTGCATCTCATCGTAGCACTGAAAAAAGAAATATTTCTATT
AATGACCATGATAAATTAACGGTCAAAAAACAAATACAAAGACATCGGCAAATAATAA
TCAAAAAAAGGCTACATCAAATTTGAACAAAGGGCGCGCTACGAATAATAATTATAGTG
ACATTTTGAAAAAGTTTTGGATGATGTATTGGCCTAAATTAGTTATTCTAATGGGTATTAT
TATTCTAATTGTTATTTTGAATGCCATTTTTAATAATGTGAACAAAATGATCGCATGAAT
GATAATAATGATGCAGATGCTCAAAAATATACGACAACGATGAAAAATGCCAATAACAC
AGTTAAATCGGTTCGTTACAGTTGAAAATGAAACATCAAAGATTTCATCATTACCTAAAGA
TAAAGCATCTCAAGACGAAGTGGGATCAGGTGTTGTATATAAAAAATCTGGAGATACGTT
ATATATTGTTACGAATGCACACGTTGTCGGTGATAAAGAAAATCAAAAAATAACTTTCTC
GAATAATAAAAAGTGTGTTGGGAAAGTGCTTGGTAAAGATAAATGGTCAGATTTAGCTGT
TGTTAAAGCAACTTCTTCAGACAGTTCAGTGAAAGAGATAGCTATTGGAGATTCAAATAA
TTTAGTGTTAGGAGAGCCAATATTAGTCGTAGGTAATCCACTTGGTGTAGACTTTAAAGG
CACTGTGACAGAAGGTATTATTTTCAGGTCTGAACAGAAATGTTCCCTATTGATTTTCGATAA
AGATAATAAATATGATATGTTGATGAAAGCTTTCCAAATTGATGCATCAGTAAATCCAGG
TAACTCGGGTGGTGCTGTCGTCAATAGAGAAGGAAAATTAATAGGTGTAGTTGCAGCTAA
AATTAGTATGCCAACGTTGAAAATATGTCATTTGCAATACCTGTTAATGAAGTACAAAA
```

GATTGTAAAAGATTTAGAAACAAAAGGTAAAATTGACTATCCCGATGTAGGTGTTAAAAT
GAAGAATATTGCCAGTCTAAATAGTTTTGAAAGACAAGCAGTTAAATTGCCAGGAAAAG
TTAAGAACGGTGTGTTGTAGATCAAGTTGACAACAATGGTTTAGCAGATCAATCTGGTC
TGAAAAAAGGTGATGTAATTACTGAATTAGATGGCAAACCTTTTAGAAGATGATTTACGCT
TTAGGCAGATTATTTAGTCATAAAGATGACTTGAAATCAATTACAGCGAAGATTTATA
GAGATGGTAAAGAGAAAGAAATTAATATTAACATAAAATAA

> **A6U0J2**

Function: protein coding sequence; putative Na⁺-transporting ATP synthase (core genome, constant)

Best match: A6U0J2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1075772:1077130] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 123767 ... 125126; Length: 1359 bp

Sequence:

GTGTCAATTTTTAGCCAGTTTTTAAAAGATCAAGCCCTCAACAAGGTATTGTATTGTACT
ATATCGTCGCAATTGTCATTGCATTTTTATTATTAACCTACCGTATGTTTCATAAACCAGG
TGTAGAAGTAAATCCAATTGACACATTATTTGTTGCCGTATCCGGAATTAGTGTTACTGGA
TTGTCTCCGATAAGTATTGTCGATACCTATTCTACATTTGGACAATTAATTATCCTCGTGA
TATTAATATTGGTGGAATTGGCGTCATGGCAATTGGTACGATGTTATGGGTGGTACTAG
GTAAACATATTGGAATTAGAGAACGTCAGTTAATTATGTTAGATAATAACAAAAACACAA
TGAGTGGTACCGTCAAATTGATTATTGATATTGTAAAATCAATATTTGTAATCGAACTCGT
AGGAGCCATGTTATTAGCATTTTACTTTTATCGAGATAATCCAGATTTAAAATATGCAATC
ATGCAAGGTGTTTTTGTCTATTCTGCCACTACCAATGGTGGATTAGATATTACAGGTA
AGTCATTAATTCCTTATGCACATGATTATTTGTACAAGCGATAGTTATATTTTTAATAAT
TTAGGATCAATCGGCTTCCCAGTATTATTAGAAGTTAAAGCTTATATTCAAATAGGGTT
ACTAATTTTAGATTTTCATTATTTACTAAAATTACGACATCAACATATTTATTCCTATTTAT
TGTTGGGGTATTAGCCATTCTATTATTTGAACATAACCATGCGTTCAAAGGTTTAAGTTGG
CATCAATCGTTATTCTATTTCGCTGTTTCAATCAGCGACTACAAGAAGTGCGGGTCTTCAA
CAATTGATGTGACAACACTAAGTGACCCCACTAATATTATCATGGGTATTTAATGTTTAT
AGGATCTTCGCCAAGTTCGGTTGGTGGCGGTATTCGTACAACAACCTTCGCTATTTAATT
TTGTTTTAATTAACCTTTAGTAATAATGCCGATAAAACATCCATTAAGTTTACAATAGAG
AAGTACACATTATGGATATTCAACGTTCAATTTGCAGTATTTACAATGGCGACAATTTAAC
ATTTTAGGAATGCTAATTATATCAGCTACTGAAAATGGTAAGCTTACATTTTACAAGTA
TTTTTTGAAGTCATGTCTGCATTTGGAACCTTGTTGGACTATCGCTTGGTGTCAAGTGATA
TTAGTGATATTTCTAAGGTCGTAATAATGGTACTCATGTTTATAGGACGTGTTGGCTTAAT
ATCATTATCATTATGATAGCAGGACGTCGAGAACCAGATAAATTCATTATCCAAAAGA
ACGTATTCAAATAGGATAA

> **Q1XY52**

Function: protein coding sequence; putative 5'-nucleotidase (core genome, constant)

Best match: Q1XY52_CC005_N315_BA000018.3[1000937:1002451] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 125261 ... 126776; Length: 1515 bp

Sequence:

ATGATGGAAAAAATGAAAACATTAATGTAGAGATTTTAACTACGTCAGATATGCATAGT
CATTTCTTAAATGGTGATTATGGTTCAAATATTTATAGAGCTGGTACTTATGTTAACCAAA
TAAGAGCACAAAATCATCGCGTCATTTTATTAGATAGTGGCGGAAGTTTAGCTGGCTCGT
TAGCGGCCTATTATTATGCTATTGTTGCACCTTATAAACGACATCCAATGATAAAGTTAAT
GAACAGAATGCATTATGATGCTAGCGGTGTGAGTCCAAGTGAATTCAAGTTTGGTTTATC
ATTTTTAACTCGTTCAATTGCTTTGGCACGTTTTCCATGGTTATCAGCAAATATTGAATAC
AATGTTACTAAGGAGCCTTATTTTTCAACTCCATATTGTATTAACATTTTGGTGACTTAA
AAATTGCTATCGTAGGCGTCACAGCAGATGGTTTAAATGGAAAATGAGTATTCTGAAATGG
AGCAAGATGTATCTATTGAAAAGACATTAGTGGCATCAAACGTTGGATTAGATATATCC
ATGAAGTTGAAGAGCCAGATTTTTTATTGTAATTTATCATGGTGGATTGAATAAAATTA
GTAATAGTACGAAAAATAAAAAGGCAAGTTCGAATGAAGCTGAAAAATTAATGGAAGAA
CTCGGTGTTATAGATTTAATGATTACAGCTCATCAGCATCAAACAATAGTAGGTCAAGAT
CATGAAACGTATTATGTTCAAGGCTGGTCAGGATGCCAAAGAGCTTGTACATCTTTCGATT
AATTTTAAAAGAGAACAACAACCTTATGATGTTGAAAGCATTGATTCTAAAGTGATTGAC

TTAAATGAGTATGAAGAGGATCAAGAATTATTAGATTAAACATTCTATGATAGAAAAGCA
GTGGCTTATTGGTCACAGGAAATCATAAGTGATAAAGGTTTGATGTTATCAGTGAATGGG
TTACAAGATTTAGTCTGTCAAACACATCCATTTTCGCAATTATTACATGATGCAATTCAGC
TTGCATTTGATAATGATATAACATGTGTCCACGTGCCTATGAACGGAGAGAAGGGGTTGA
GTGGACAGATTCGAAATGAAGATTTGTATCATGCATACCCATATCCAGATAAGCCAATGG
ATATGACAATTAGTGGTCAAATATCAAAGATATATTGGAGTATAGTTATTCACATTTAG
ATTTTGTTAACGAGCAATTAAGCTTAACAATTATTGATGAAACGTTATGTACAATGTGGC
AAGGATTCAATTATGAGATTGATATGAATCAAGAACCTGGGCAACGAGTAATGTTAGATC
AAATTGATTTGACTAAGAGTTATAGAGTTACAATGACTGACTATTGTTATCGTAACTACA
AGAATTATTTAAAAAATGCTATTATACATGAATCGTACGATGAAACAATGAGTACATTAA
TTGCAGAGAAGTTAAGAGATCCGAATTATCGTATTTTCATGTAGTGATAATTTTGTAGTTAA
AAACAGGTAA

> **tRNAser2**

Function: tRNA tRNA serine (core genome, constant)

Best match: tRNAser2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1002595:1002686:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 126952 ... 127044; Length: 92 bp

Sequence:

TAACGGAAACGGAGGGATTTCGAACCCTCGCGCCGCTTTCGCGACCTACACCCTTAGCAGG
GGCGCCTCTTCAGCCAACCTGAGTACGTTTC

> **tRNAasn**

Function: tRNA tRNA asparagine

Best match: tRNAasn_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1002689:1002763:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 127046 ... 127121; Length: 75 bp

Sequence:

TGGCTCCACAGGTAGGACTCGAACCTACGACCGATCGGTTAACAGCCGATAGCTCTACCA
CTGAGCTACTGTGGA

> **comK**

Function: protein coding sequence; putative competence transcription factor (core genome, constant)

Best match: comK_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1079266:1079835:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 127262 ... 127832; Length: 570 bp

Sequence:

TTATTTATCTTCAAATAAAGAATAGCGTGTCAATGCTTCAAACACATTCAATGTGGCTTTA
TTATAATCTATTGGTTGGTTCGGGATTTTTTGATATCATGCGAGATTGTTTATCTACCATGT
AATAGTAAAAAATGGAATTGTTATATTGATGCCATAAACTGTGGTATGAAACATGAAGAA
TGATAGATTCATTATTAATAAATGTCACTTTACATTTACGATTTTTTAATTCTTTAATACTT
TCGATATAATGCATATTTAACCAAATATTTTCATTTTGTCTGTCAGAATGTGTTGGGAAAA
AATAAGTTGGAAATAATGGTGTTAGTAAAATAGGTGGTTTACTAGAAATGCCAGTAATGC
GGTTTGTCTCTGCTTTCTTGCCAAGATAAGTATTACCATAAAAATTTGCAAGAGCGTTCAAT
GATTTTCTGGACTTTAAAAGGATTTTGAATACGCGTTTTGTCAAACCGAATTATTTCACTA
CCGTTTCTTTGATCGTCATCATCAAATGCTGGTTCGAATAACCATGTCTCCTTTGCGTATCA
CATAAATATTTTGAGAATACAT

> **rli28**

Function: noncoding RNA Listeria sRNA rli28 homolog, locus 1 (core genome, variable)

Best match: rli28_L1_CC005_N315_BA000018.3[1006154:1006337] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 130478 ... 130662; Length: 184 bp

Sequence:

ATAAAAATAGTATAATATTTTGTGGGCAAGTTGAATTGATGGTGGCTATCTGAGTAAAGG
GGGGTGGTACCTATGCCATTACTTAACACTTTTGAAAGGAAAAGCCTATTGTGATATCTA

TTGCAAACGCATTACATTTAATGTTAAGTTTCGGTATGTTTATCGTCACTTTCATTGGTAT
AGT

> **txpA-var1**

Function: protein coding sequence; toxin involved in plasmid maintenance (core genome, constant)

Best match: txpA-var1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1006172:1006279] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 130588 ... 130696; Length: 108 bp

Sequence:

GTGATATCTATTGCAAACGCATTACATTTAATGTTAAGTTTCGGTATGTTTATCGTCACTTTCATTGGTATAGTAGTAGCAATAATAAATTTAAGCAATAAAAAATAA

> **Q7A194**

Function: protein coding sequence; similar to bacteriocin (core genome, variable)

Best match: Q7A194_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1006908:1007201] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 131324 ... 131618; Length: 294 bp

Sequence:

GTGTTTTTATAGAAGAATAAAAATTTTTGGCACTATATTATATTTAACTTTAGCACTTGGAT
TATCAACAGCAGCTTATGCATCTACAGAATACGCAGAAGGAGGCACTTGGAGTCACGGT
GTCGGCAGTAAGTATGTTTGGTCTTATTATTATCATGGTCATAAAGGACATGGTGCAACA
GCTATTGGAAAATATAGATCATTTAGTGGTTATACAAGAGCTGGTGTAAAAGCAAAAAGCA
TCAGCTACTAAACATAATTGCTGGGTCAATAGAGCGTATTATAACATTTATTA

> **yujE**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: yujE_CC005_N315_BA000018.3[1007337:1009301] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 131661 ... 133626; Length: 1965 bp

Sequence:

ATGAAATGGTTCAAATTAATACTTGATGTTACAACCTTCATTCTGATTGCTATATTGTTAT
TTGTTTATACATATAAAGAAAACGAAGAAATATTGCCTGATACTAAATACCCTATAGCGG
TAACTGACTGGAATAAAAAATATAGTAAAAATGAGATTTATAAACGTATAAATCAATTTCG
CTAAAAATGAGAACGTAGCAATCTATAAATCAACTTCAAATTATACAAACAAAAACGTA
GATAAAGATATATATGTATTTAATAAATCAAAGCAACAACACTATCACTCCTTTTAACGCT
AAATATAACATTCATTATTTAAGTGACGACGAATTATTAATAAAGATATCAAAGGAAGT
TATTTTGTAAGACAAAAATTTGACGTGTCTAAATTCATAAATTTTTTAAAGAATATG
GTGTTACTGCTGAATCATAAAAATAGATCATATGATGATTGCCGTTGGTGTCAATTAAC
AAATGAATATAGAAGTCCGTTATCCGCACTTTAATCGTTTATTTTATTATATTTTC
GAAAAGAACATTAATTTCAAAGCGTATGCGATTAAGTATTTAAATGGTTTTACATTAAGA
AAAATAATTTTTGAAAATTTTTCAAAAAAATGCACGTATTGGGTAACGTTAATCATAAGT
CAAATTCCTTTAACTACAAGTGTACTTTGGATATTAATTAACACGGGTAATTTAGATTTAT
TCATATTAAGATTAGTTCTGCTTTCATGTCTTTTCATTTAAACGATTAGTGTTATTAATTA
TGGACTTCTTAATGTTACTAAATTTAAATATTGCTAATATGATTAAGGTAAGCAGCACT
TTAAAACAATTCGTTTTATTAATACAGTTTGTAAGGATTTCTCTTAGTACTAATAGCTAG
TGTAATGATAGAAAATACTAGTGTTATTAAGATTTGAATAAAATAAAGGAAACTGAGA
AATATTGGAATGTATTAGATGATTATTACACGATTGAATTTGCACCTTATCACGAAACGA
AACAAAGTTTGATTGATAATATGCTGCGATCAGAACAATTAGTAAAGGCTAGTGAAGCA
GAAAATAATGCGATTTTATTCAAACCAAAGGGTACTCCGTTGACAATGACAACCTTTTCG
CCTGATGAGGGGAATGTAATATTAGTAAATAATCAGTTCTGGTTCGATTTATTACAAGCAG
TTTCAACCTGATATTCCGATAAAAAAATCAAAAAAATAATGTCGAAGTAATTATCCACAA
AAGTTTCATGCAATGCGTAATGAAATCAATCAAGCATATCATTTCATGGTTTGAATTTGTAC
AAAATAAAAAATAATAAAGAGAATAAGTTATCTATACAGTTTATCAACAAAAATGATTATC
GAATTTTTTCATTTGATGCACGAGATAGTCGCCATTTGTCATTTATAGAGGCGCCAATCAT
TGTGAATGTTCAAGCATCAGATTTATCGAATGATTTTTATTATGCCATGATCAGTCAAGGC
GGGTATTTATTCAAAAATTATGACGCGCTAGTAAAAAATATTGAAAATTATCATCTTGAT
GGGGAATCAGTGGAATAACCAATTATAAAGATAGCGTGATGGAAATGTATCATGAAAA

CAATTTGAAATTAACAGTACTCAACTTTTCACAAATCATTATCGCAATCATTTTAATAATT
ATTATTTTATTTGATGTGAAATATTATTTTGAACAGCATCGAAAATTACTCGTAATCAAAA
AGCTATATGGTTATTCAACATTAAGAGCCAATTACCAATACTTATTAATAAATAATATAG
TTGTTGTTTTTATTGGAATATTGACGAATGTAATTTTACATTCTCAGTATATAATGATGAT
ATTTGCAACGATTCTTGTCGTTCAAATATTATTGCAGATTTGCAGCCTATACTATCATGGC
CGACGTTTTAATGAAGTTATCAAGGAGTTTTAA

> **yxmA**

Function: protein coding sequence; putative exported protein (core genome, variable)

Best match: yxA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1085632:1085952] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 133628 ... 133949; Length: 321 bp

Sequence:

ATGAAATTTATCATTGCAATATTATTAGGATTAATCGTATCCATTACTATTGCTTTTACAA
TCATACATCATCCTATACTTGATCGTTTTAATCCTTTCTTAAAAACGGAGTATAGTTATGC
CAAAGTGCCAAAAGGTACGCAACAATATGTTAATATTACGGCTTATAGTGAAAGAGGGG
AAAAGCTTGATTATAAATTAACATTTAATGGATTTTCACCTAGTAGAACGTATGTGCGAAA
TAAAGCATAAAGGGCAATATGTCATATCGATCACATATGTTGAAAAAGAGGATATACCA
AAAGAGGTAAGACAAGAATGA

> **Q2FZN0**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: Q2FZN0_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1085949:1086590] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 133945 ... 134587; Length: 642 bp

Sequence:

ATGATAGAATTAAGATTTAACCATACAAAAAGGTAATATACATATTTTGAAGAACTT
AATTTGAAATTTCAATGTGGAAAATCATATGCACTTATTGGTAAAAGTGGATGCGGTAAA
TCTACATTATTAATACTATTGCTGGACTTGAAAAACGGGGAAACAATATGTCTATTTT
AATGGTCAATTAGAACAATTTAAATCTAATTTTTACAGAGATAAATTAGGATATTTATTT
AAAATTATGGATTAATCGATAATTTGACAGTAAATGAAAATTTAGATATTGGATTAGCAT
ATAAAAAAATAAGTAAGAAAAGAAAAAGAACAATTAAGATACGTTATATAGAACAGTTT
GGTCTGTCAAACAGTTTAAAAAGAAAAGTTTCATACGCTAAGTGGAGGTGAACAACAACG
TGTCGCTTTAATTAGAATGATGTTAAAAGATCCGATTGTTATGTTAGCTGATGAACCAAC
GGGTGCGTTAGATCCTAAAACAGGACAGATGATTATTCAATCATTATTTGATTTGGTTCGA
TGAAAATAAAGTGCTGATTTTAGCAACACATGATATGGCTATTGCAAATCAATGTGACGA
AATAATAGATTTAGAACAGTATAGTAAAGTAGCATCTATGTGA

> **tarM**

Function: protein coding sequence; alpha-GlcNAc appending glycosyltransferase (core genome, variable)

Best match: tarM_trunc_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1087050:1087246]

Position: 025-contig_192_RC: 135046 ... 135243; Length: 197 bp

Sequence:

GTGATTTTATAGAAGTTAATAAAAAATGGTTATTTAATAGAAAAACATAATATTAAAGACA
TGGCTGATAAAATACTAAAGCTTGTTAATAATGATGTTTTAGCAGAGGAGTTTGGTTTCGA
AAGCGAGAGAAAACATTATAGAAAAATATTCAACGGAATCAATATTAGAAAAATGGTTA
AATCTTTTCAATAGCTAA

> **Q5HH47**

Function: protein coding sequence; transport system extracellular binding lipoprotein (core genome, variable)

Best match: Q5HH47_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1088179:1089138] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 136175 ... 137135; Length: 960 bp

Sequence:

GTGAATAGGAATATCGTTAAATTAGTTGTGTTTATGCTAATCTTAGTTGTAGCAGTAGCGG
GTTGTGGTCAAAAAGATACTGAAGAGAAAAGTAAATGACGACAATAAAGATGAATTA

GGAAGTAAAAAATTAAGAAAAATCCTAAACGTGTTGTTGTATTAGAATATAGTTTTGCT
GATTATTTAGCAGCATTAGATATGAAACCTGTTGGTATTGCAGATGATGGCAGCACTAAA
AATATAACAAAGTCAGTAAGAGATAAGATTGGGGCATATGAATCGGTTGGATCTAGACC
GCAACCGAATATGGAAGTGATAAGTAAATTAACCGGATTTGATCATTGCAGATGTTAG
CAGACATAAGAAAATCAAATCAGAATTGAGCAAAATTGCTCCGACAATCATGTTAGTTAG
CGGTACGGGAGATTATAATGCAAATATTGAAGCATTAAAACAGTCGCTAAAGCAGTAG
GCAAAGAGAAAGAAGGCGAGAAGCGTCTGGAAAAGCATGATAAAATATTAGCGGAGAT
TAGAAAGAAAATTGAACAGAGTACGTTAAAATCTGCATTTGCATTCCGGTATCTCAAGAGC
AGGTATGTTTATTAATAATGAAGATACATTTATGGGACAATTCTTAATTAATGAGGTTAT
CAACCTGAAGTCACAAAAGACAAAACACTACGCATGTTGGTGAACGCAAGGGTGGTCCTTA
TATATATTTAAATAATGAAGAACTTGCCAATATCAATCCAAAAGTTATGATTTTAGCCACT
GACGGAAAAACGGACAAAATAGAACGAAATTCATTGATCCTGCAGTTTGGAAATCATT
AAAAGCTGTGAAAGATAACAAAGTTTATGACGTTGACCGAAATAAGTGGTTGAAATCAA
GGGGGATTATCGCAAGTGAAAGTATGGCAGAAGATTTAGAAAAAATTGCAGAAAAAGCA
AAATAA

> **sbrA**

Function: protein coding sequence; sigma-B regulated protein A (core genome, constant)

Best match: sbrA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1089184:1089300:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 137180 ... 137297; Length: 117 bp

Sequence:

TTAATTATGTTTATTATCTGTCGGATGTGATGATTTACCTGAAAGTTTATTTTCGAATAAAT
TTAATTACATAACCGACAAGGATTGTTTTAACAGTCTTTTAATGAATTGGCGCAT

> **menA**

Function: protein coding sequence; 1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase

Best match: menA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1090362:1091300:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 138358 ... 139297; Length: 939 bp

Sequence:

TTAAATGCCTGCAAATAATGCACTAATATAAATACCTAATGCATATAATAAACCGAAAAA
TGTATTTGTTTTACCAGCAGCAGCCATTGCTGGCATCATTGTAGGCGGTGTATCATTCTTC
TTGAAACGTCTGATAACTTTAACAGGCATTGGGAATGATAACAACGCAAGTAAGTAAAT
AATGAGCCACCAGGTTTAATAATGATCGTAAGTACAATAAAGGCATAAGCGATAAAGTA
CATGATTGCCATAAATGTTAAAGAAGCATTTTTACCTAATAGAATGGGTAAAGTTTTGCG
ACCACTTGCTTTATCTTTGACACGGTCGCGAATATTGTTAGCCATATTAATTAACCGATA
GTGATTACTATAGGTACACTTAACCAAATTACATAACTTTGAATATTGCCAGTTTGAATAA
AGAATGCAATAACGATAATAAACATACCCATAAATACGCCTGAGAATAATTCACCGAAA
GGCGTCCATGAAATAGGGAAAGGGCCACCTGTATATAGGTAACCAACAGCCATACATAC
TAATCCAACCTGGTAATAACCAAATGAAGAGTTAGCAGCTAAAAACAAACCTAATATTG
CTGCTAAGATGTAATGCAATGGCTAATCGTAGCACAAGCTCTGGGCTCATACCGTTGC
GAACAATGGCACCACCAATGCCTACAGATTCATGATCATCAAGGCCTTTTTTATAATCAT
AGTATTCATTAAACATATTAGTTGCTGCTTGAATAAGTAAGCATGCTAGTAACATGGCAA
TGAATAGGCTGATTTAATATGATCTTCGCTACCAAGAAAATATATTTTAGATGCTGCTGT
ACCAACTAAAACGGGTAACGGAAGCAGTTAATGTATGAGGACGCATTAATGCCAAT
ATTTCTTAACCTGTAGAATATTGCTGATATTGATTACTCAT

> **menF**

Function: protein coding sequence; putative menaquinone-specific isochorismate synthase

Best match: menF_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1091482:1092843] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 139478 ... 140840; Length: 1362 bp

Sequence:

ATGGCTACGGGCGTATTAGAGGACGATATTGTCAAAGAGATATATGGCAGCTCAAAGGA
ATGGGTTTCAGTTGAAGTGAATTATCACAGTCACTAGACCCGAGCACATTATTTTCATCTC
ACTGACAATGAGGCAGGAGATCGCTTTTATATGCGTTTGAATGATAATCGAACGTCATAT

TTTGGCTACAAAGCAATTCAATTATTCAAAAATAATTCTAAAAATAAACAATCTATTTTTA
AAGACTGGGAAAAATTA AACATAACATCACATTTATACATCCGCAATCTGAGAAACATC
ATCTTCGAGTTGTTGGAGGGTTTCAATTTTCAAGTCATAAATCAGATGATGAATGGCGAG
AGTTTGGACTAAATCATTTTGTATTACCTGAAGTTTTAATTTCAACTGATAATAATGGGAC
ATTTTTAACTTATACAGTTAAAAGGGAAAGTTTTACTGTTGAGGCATTGAACGATTTAATG
GATTTGTTCAACAATATATCGGATATAGATGTGGACGAGCAAATTGGGGAAATTA CTAGA
AATGAAGATATTTATAAAGATGACTGGCGTCAACTTGTAGTAGAAGCTATAGAATCTATT
AATAATGAAGAAAAAATTGTACTAGCACGTAGACGGTTAATAAAGTTTCGATAAAGATAT
CAGTATTCCATATATTCTAAAGCAAGCATATTCTAAAGAAAAAACAGTTATATATTCTT
GTTAGAATCACAAGATTCTATTTTCTTTTCACAAACACCTGAACAATTAATAAAGGTCAAT
AATAAAATACTATCGACTAAAGCTGTAGCAGGTACAATTAACGTTCCACAAGATGAGGA
CGAAGATACAAAAAATGTTGAAGCATTTTTAAAAGATAATAAAAACTTAATCGAACATC
GATTTGTTGTTGACAGTATTTTACATGATATTAACCTTATATCACTGAATTACATTATGA
TAAGACGCCTAAAATTCTAAAAAATGATCATTTATATCACTTGTACACTGAAATAAAGGC
GCCACTGAAGGATGATTCGTATATTAGTTAATTGATCATTTACATCCAACACCTGCTTTA
GGTGGCTATCCAAAAGAATTTGCGATGGATTTTATTGAACAGAAAGAATTTGGTACACGA
GGATTATATGGTGCGCCGGTTGGCTATATAGATATATATGATGATTGTGAATTTATTGTTG
CAATTCGTTTCGATGCTTATTAAGAAAGCACAAAGCAACTTTATTTGCTGGGTGTGGCATTGT
TAAAGATTCTGATCCAGATAGTGAATTGGCAGAAACGAACCTTAAGTTCACACCTATGAT
GAATGCATTAGGAGTCGATATGAATGGGAAATCATAA

> **menD**

Function: protein coding sequence; 2-succinyl-6-hydroxy-2/4-cyclohexadiene-1-carboxylic acid
synthase/2-oxoglutarate decarboxylase

Best match: menD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1092830:1094503] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 140826 ... 142500; Length: 1674 bp

Sequence:

ATGGGAAATCATAAAGCAGCTTTAACGAAGCAAGTTTTTACATTTGCATCTGAGTTATAT
GCATACGGCGTAAGGGAAGTAGTTATCAGTCCGGGATCACGCTCAACGCCACTTGCACTT
GCATTTGAAGCACATCCAAATATTA AACATGGATACACCCCGATGAGCGAAGTGCAGC
ATTTTTGCAGTTGGGTAAATTAAGGCAGTGAAAGACCTGTCGCTATATTATGTACGTCA
GGTACAGCAGCAGCGAATTATACGCCTGCAATTGCTGAAAGCCAAATTAGTAGAATTCCA
TTAATCGTTTTAACAAGTGACCGTCCGCATGAATTAAGAAGTGTAGGCGCACCAAGCG
ATTAATCAAGTAAATATGTTTAATAATTATGTAAGTTATGAGTTCGATATGCCTATTGCGG
ATGATAGTAAAGAGACCATTAATGCAATTTATTATCAAATGCAAATTGCTAGTCAATATT
TATATGGACCACATAAAGGGCCAATTCATTTAACTTGCCATTTAGAGATCCGTTAACAC
CTGATTTGAATGCAACAGAATTGTTAACTTCTGAGATGAAGATTTTACCGCACTATCAAA
AAAGTATAGATGCATCGGCATTAAGACACATTTTAAATAAGAAAAAAGGTTTAATTATTG
TAGGGGATATGCAGCACCAAGAAGTTGATCAAATACTAACGTATTCAACGATATATGATT
TGCCTATTTTAGCTGATCCTTTAAGTCATTTAAGAAAATTTGATCATCCGAATGTTATCTG
TACATATGATTTGCTGTTTAGAAGCGGCTTAGACTTAAATGTGGATTTTCGTAATTCGTGTT
GGGAAACCAGTGATTTCTAAAAAGTTGAATCAATGGTTAAAGAAAACCTGATGCATTTCAA
ATATTAGTGCAAACAATGATAAGATTGATGTCTTTCCTATAGCGCCAGATATTTCATATG
AGATTTCTGCAAATGATTTCTTTAGATCATTAAATGGAAGACACGACCATCAATCGCGTAA
GTTGGTTAGAAAAATGGCAATGCTTAGAGAAAAAAGGGCGTAAAGAAATTAATGTTAT
TTGGAACAAGCTACAGATGAGAGTGCATTCGTTGGTGAATTGATTAAGAAAACATCTGAA
AAAGATGCATTATTTATTAGTAATAGTATGCCTATCAGAGATGTAGATAACTTGTATTGA
ATAAAAATATAGATGTCTATGCGAATCGTGGTGCGAATGGTATTGATGGTATCGTTTCAA
CTGCACTGGGTATGGCTGTGCATAAACGAATAACATTATTGATAGGTGATTTGTCATTTTA
TCATGATATGAATGGACTATTAATGTCAAAATTAATAATATTCAGATGAATATTGTATT
ATTGAACAACGATGGTGGCGGTATTTTTTCATATTTACCACAAAAAGAAAGTGCAACTGA
CTATTTTGAACGGTTGTTTGGCACACCGACGGGATTGGATTTTCGAGTATACAGCTAAGTT
ATATCAATTCGATTTTAAACGTTTTAACAGTGTTCAGAATTTAAAATGCCACATTGTTA
TCTGAAACTTCGACGATTTATGAATTGATAACGAATCGCGAAGATAACTTTAAACAGCAT
CAAATTTTATATCAGAAATTGAGTGAATGATTCATGACACATTATAA

> **A5IRT0**

Function:

Best match: A5IRT0_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1094490:1095293] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 142486 ... 143290; Length: 804 bp

Sequence:

```
ATGACACATTATAAATACTATGAAGCAAACGTTGAGACCAATCAAGTTTTAGTATTACTG
CATGGTTTTCTTAGCGACAGTCGTAATTATTATAATCACATCGATAAATACTGATATCT
GTCATGTCATCACTATAGACTTACCAGGCCATGGCGAAGATCAGTCTTCAATGGATGAAA
CGTGGAATTTTGATTATATTACGACGTTGTTAGACCGAATTTAGATAAATAAAAGATA
AATCAATAACATTGTTTGGATATTCAATGGGTGGGCGTGTTCATTATATTATGCAATTAA
TGGTCACATCCCTATATCTAATTTGATATTAGAAAGTACGTCACCAGGTATTAAAGAAGA
AGCAAATCAATTGGAACGCCGTCTTGTTGATGATGCACGTGCTAAAGTATTAGACATAGC
AGGTATTGAATTATTTGTTAATGATTGGGAAAAGTTGCCATTATTTCAATCGCAACTAGA
ATTACCAGTTGAAATACAACATCAAATAAGACTACAACGATTGTCTCAATCGCCACAGAA
AATGGCCAAAGCATTAAAGAGATTATGGTACAGGTCAAATGCCAACTTATGGCCGCGCCT
GAAAGAAATTAAGTACCAACATTAATATTAGCTGGAGAATATGATGAAAAATTTGTAC
AGATTGCGAAAAAATGGCAAATTTAATTCCTAATAGTAAATGTAAATTAATTTCTGCTA
CAGGTCATACAATTCATGTGGAAGATAGTGATGAATTTGATACAATGATATTAGGATTTT
TAAAGGAGGAGCAAAATGACTAA
```

> **menB**

Function: protein coding sequence; naphthoate synthase

Best match: menB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1095286:1096107] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 143282 ... 144104; Length: 822 bp

Sequence:

```
ATGACTAACAGACAATGGGAAACACTTAGAGAATATGATGAAATCAAATATGAATTTTA
CGAAGGGATTGCTAAGGTAACAATAAATCGCCCTGAAGTACGCAATGCGTTTACACCTAA
AACAGTTGCTGAAATGATTGACGCATTTTCACGTGCACGTGATGATCAAAACGTTTCAGT
TATCGTATTAACCTGGTGAAGGTGATTTAGCATTCTGTTCTGGTGGTGACCAGAAGAAACG
TGGACATGGTGGTTATGTAGGTGAAGACCAAATCCCTCGCTTAAATGTATTAGATTTACA
GCGTTTAATTCGTATTATTCCAAAACCGGTTATCGCGATGGTAAAAGGTTATGCTGTAGGT
GGCGGTAATGTACTAAATGTTGTTTGTGACTTAACGATTGCTGCTGATAATGCTATTTTTG
GACAACTGGTCTAAAGTAGGTTCAATTTGATGCAGGTTATGGTTCAGGATATTTAGCAC
GTATCGTTGGACATAAGAAAGCACGTGAAATCTGGTACTTATGTCGTCAATACAATGCAC
AAGAAGCTTTAGATATGGGCCTAGTAAATACAGTGGTACCTTTAGATAAAGTTGAAGATG
AACTGTGCAATGGTGTAAAGAGATTATGAAACACTCACCAACAGCTTTACGATTCCTTA
AAGCAGCTATGAATGCTGACACAGATGGTTTAGCTGGTTTACAACAAATGGCTGGGGATG
CAACATTGCTTTATTACACAACCTGATGAAGCGAAAGAAGGCCGTGATGCGTTTAAAGAAA
AACGTGATCCTGACTTCGATCAATTCCCTAAATTCCCATAA
```

> **sspC**

Function: protein coding sequence; staphostatin B (core genome, variable)

Best match: sspC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1096345:1096674:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 144341 ... 144671; Length: 330 bp

Sequence:

```
TTATACTAAGCGCTCATAAACGATTGGGCGCGAAGTGCCAATACCTTGTTTGGATGACGT
TTGCATGAGGATATGCTGTGTATCATCATAATCAAGAATATAAGTGATTTCTTCATTATCA
ATAGATGAAAATTTAATGCGTTGATGTGCCGTATCTATAAAAAGAATATGATATTGATTG
TGACTTGTATCATCGCCATGACGTATACAAATTGATTTTTGTAATTGATGATTACTCCAAT
TACCAATGAATAAATTGATATTGGTTTGTCTAGATGTGTGAGTTTGGTTGTGTCGTAAC
TAAATTTATAAATTGTAGTTGATACAT
```

> **sspB**

Function: protein coding sequence; staphopain B (core genome, variable)

Best match: sspB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1096712:1097893:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 144708 ... 145890; Length: 1182 bp

Sequence:

```
TTAGTAACCTATCATTGAACCATAACCAGTTATAATCACGATTGAATGATAAATGTAATAG
GCTTGAATCTGCATCTTGGATTGATAATTCTGTATCCCAAGGATTCAGTAAATAAGTTTT
TCTTGGTCATTAATTTTAGCATTACCAACAACCTGCTAGGGCATGTCCTAAATGTGGATCAT
TAGGGTTTTGAGATACACTTTGTGCAAGAATCATAATTCCTACATTATCTTTTGTAAAGTTG
ATCAACTTGTTTCATATGATGGTACGCCTTCTTGATAATGAATATCTCTGCCTTGTGATTA
CCGTATTCAATCATTGATTAGGGAATGTTGAGCAATTAGGAAGGTCTTGCTCACTTACTT
CAGGGTATAATGTACGCATAAATATCATGTGCATTATAAGTGTCTGTATTTTTAGTTGCATT
TAATAATGCTGCCATACTAAATCCTGCACACCATGAGTTATCGAATTGTTGTTCTCTAATT
TTGAAGTTTTTTAATGTATTTTCATATTGAACTTGATCTTCTTGTATCGCTTCGTTTTCTTCA
ACTTTAGTAGGTGTTACTGTATTTTTAACTCTTGTTTCAATTTTGCTGAACTGTTTTAGC
ACTTCTTTTTCTTTTACATTACCAGGTAGTGGCGTAGCTTTTACTAATCTAACTTTGCCAT
CTTCTTCAAATAAAAACCTTTTTTCATCAGTAAGAACAGTGATATTTGAATTTTTATCTTT
AATTTGGTCTAAATCTTTAGCGATGAAGTTTGAATTTTAACTGTAATTCATGTCTTCT
TTTGATTTGTTTAAATCATCTTTATTTTTAGGGCTAAGTGTTAAAGTATAAACAATTTTACC
GTCTTTTATAACTGGATAATAGTAACTATTATCTTCTTACCATTAAATTTATAAATTTTAA
AAGCTTCGCCAAGTTCATATTTACCAGTTTTTGCATTACTTTGTTTATCTAATGCTTTAGCA
TAACCAGCAAATTGTTGTTGTGCTAGATCTTTTACTTTTTGAGGTACTTTGTCACTCTTAAC
ATTAATTTCTAGCTGTTTAGAGTGTGAATCGGCTTTGGCTTTATTGTTATTAGCAAATGCG
CCTAGTGATAAAATAAGCATTGAAACCATTATGATGCTTATAATATTGAATACTCTAGAT
TTATATGAACTATTCAT
```

> **sspA**

Function: protein coding sequence; glutamyl endopeptidase chv

Best match: sspA-Mu50_part_CC005_MR1_ACZQ01000091.1[1:118]RC

Position: 025-contig_192_RC: 145971 ... 146089; Length: 118 bp

Sequence:

```
TTATGCAGCGTCAGGGTTGTCTGAATTATTGTTATCGCCATTGTCTGGATTATCAGGGTTG
TTAGGGTTGTCAGGGTTATTTGGTTCATCTGGGTTGTTAGGGTTATCAGGATTGTTA
```

> **aspC**

Function: protein coding sequence; putative aspartate transaminase (core genome, variable)

Best match: aspC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1099531:1100685:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 147581 ... 148736; Length: 1155 bp

Sequence:

```
TTATTTAGTATTTAAATATTTAGCAAGTCTCTTCATACCTTCTTTTAAAACATCCATTTTCAT
AAGCATAGGAAATCCTTACAAATCCTTTACCGAATTCTGTAAAGGATGAGCCTGGAACGA
TTGCTAAATGTGTTGATTCAAGTAAATCGACACAAAATTCGAAATCGTCATCGGTGATAT
GTTTAATACTTGGGAAAATATAAAACGCGCCTTCAGGTTGAGCGGTAATCTCAAACCTA
ATTTAGTTAATTCAGATACTAAATAATTTCTTCGTTCTACATAAGCTTCGTTTCATATATTTA
GGAGCTTCTAATCCTTCGTTAAGTGCTGTTATACATGCTATTTGAGCTGGAACATTGGCAC
AAATACAATTATAGGCGTGCATAAATGTTAATTTATCAATCAAATATTGAGGCCCTAATA
GAAAACCAATTCTTATTCCGGTTGCTGAGTGTGATTTACTTAAACCACCAATTAATATTTAA
TTGATCACGAATGTCTTCAAATTCAGCGAAGGATACATGTTTACCACTAAATGTATTTTCA
GCATAAATCTCATCGCTAATAATAAATATCGGATATTTTTTTAATAACATTTACGATATTTA
AACTTCATTTCTTTTTAAACTACGCCAGTTGGATTAGTCGGATAATTTAACAAGACAGC
TTTTGTCTTTGGAGAAATATGACTTTCTAATGCATCAGGTGTAATTTTGAATTGTGTTGCT
GTTGTATCAATATAAATTGGTTTACCACCTAGTACTTCGATGAGTGGTATGTAGCCTGCAT
AAATTGGTCCCGGTATTATAATTTTCATCTCCAGGCTCTATGATAGAACGTAACGTTGTGTC
TATTGCTTCACTTGCTCCATTTGTCCACAATAATTTCTTCAGGATCATAGGAAAAATGATAA
CGATTTTTGAAGTATTGACTAATTGCTTCGCGAGTTTCTAATAACCCTTTATTGTGAGAGT
ATGATGTCTTGTCAATTGTTAATAGCATCAATATATGCCTTTTTTCAACATCAGGCATCGG
GAAGTCTGGTTGGCCAATAGTTAAATTAACACAATCATCAAATATTTCATACGATTTGA
AAATTGGCGAATACTTGGTGTCTTAAATATTTAGAATTAGAATTTAAAGAAAGTTTCAT
```

> **atl**

Function: protein coding sequence; autolysin (core genome, variable)

Best match: atl-Mu50_CC005_ED98-hen_CP001781.1[1037532:1041278:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 150719 ... 154466; Length: 3747 bp

Sequence:

```
TTATTTATATTGTGGGATGTCGAAGTATTTGCCGACTTCGCCAATTTTATCATAGTAGCCT
TTGATGATTTTAGCATTGATGTTAGCCCAATCTACATCTGTAGCATATTGGTGTGTTCTCG
GATGTGCAGGATTCCATCTCATTTTGTAAAGTGTATTTTGACCAGCTTTTACATATGAGTT
GCCGATGAATTTAGCACCACCAACGATTGCTTTTGATACTGTGTCCCAACCAGCTTGTTTA
GCATATTTAATACCTTCACGTAAAGGATCGTTATCATATGCAGCAATACCAAATACGTTA
TGGTATTTTCGTGTTTGAGTTAGTTACAACCTTTGTTGTTCACTACATCTGCACCTTTCGCTAA
TTGAGAAGTACCGTTACCTGTTTCTAATAGGGCATGTGAGATAAGATAAACTTCATTAAT
GCCATACATTTGAGCAGCTTTGTAAATGCAGCACCTTGGTTTTCTAATACACCTTTACCT
TTTAAGAATTGATTAATTTTATCAATAGAAATATTTTGTGGTTGGTCTAAGCGTAAGAATT
GATATTTTAATGCTGGATCTTGAGCTAAACGCTTCGTATCCATTGCATGCTTAACATCATT
AAAGTTAGCATCTGTCCACTTACCTGGTACACGTTGTACTTGTGGTTTATATTGTAAACCA
GCTTGTATTTGAGCAACTTGGTTTAAATGTCATACCTGTTTGATTATACTTAATTAATTCTTT
AGCTAAATCAGTTGATTTAATCCATGCTAATTTACCGTTAGATAATTTACCATAGTACCAA
GTTTGTCCATTAATGACTTGTTCCTTTAACAACCTGCGAATGGTTGTTCAATTAATGCTTTTA
ATGAGTATTTAGCTGTATCAGAATTTGGTGTACATAGTAATAACCATTACCATTTTAAAT
TACATAAGTGTAGTTATAATCTTTGGCAGCTGATGTAGTTGGTTTCACAGCAGTTGGTGCA
GTTAAATCTTTTGCATTTACCCAACCAGTGCGGTTATTAATAGTACCGTATAAATAAACAT
CTTTGCCTACAGATACTTGTTCGTTGCATTAATGTACCTTGAGCAATGTTATTGCCTGTT
AAAATGACTTGGTTTTTAGTACCCCAAGGAACCATTGATAAGCCGTTATTTGATTTATTA
CAGTATATTTTGTAGTCGTTTTAACTTCTTTGCCTAAGTTTTGAACATTTAAGTCTTTTACA
TTGAACCAACCTAATGGGATGTTATGGCTTGATTTGTTTAAATAACATACGTTTCATTAC
CATGAGCACGCTCTTTTGTACATAGAACGTACGGTCTGCATATTTTCGCACCGTTTTTCGC
TGTTTTTTCATAAACAGAAGCACGAATACCAGTGTTGTTGGTTTAACTTGAGCAATCTTG
CTAACTGTTTGTAGTCGTTTGTGGTTTAGTAACAGTATAAGCTTTTACAGCTGTTTTGGTT
GTGCTACTGCTTTTTTAGGTGCAGCAGGTACAGCTAAATATGCTTTACTTACCCAACCAGA
TTTACCATTTACAGTTCCAAATAAATAGATAGATTTATCAATTTGTTGTTGCTTAGTCGCT
TTAAAAGTTTGGTTACCTGTACCAGAACTGCACCAGCTTCTTGTTTATAAGTGCCCAAG
GACTGAATATAATTTAGTGCCTGGTTTTACTGTATATGTTTGCATTACATTTACAGGTGA
TTTTGCATTGTTATAAATAACGTCACCTTGTTTAAACCAACCAATTAAGTTGGACTATTG
TAATCTTTAACTAAGTAGAATTTGTTTCCACCTAACTTGCTTCTTTTGTACAGCAAATG
TTTTTTGAACTTCTTTCGTTGGCTTACCAGTTTTGTCATAAACTGTAGTGAATAAGCCATTG
TTTTTAGCATTAAATTTGAGCAACACCGTTTAAATGATGAACTGTAAATTTATTATTTGTTGT
AGGTGTTGATGGCTTAGGTATTGGTGTAGGCGTAGGTTTAGCAGTATCAACTAAATATGC
TTTACTTACCCAACCAGATTTACCATTACAGAGCCATATAAATAAATTGATTTATCAATT
TGTGTTGCTTTGAAGCCTTAAATGTTTGGTTTCCAGAGCCAGACACGCTACCAGCAACTT
GTTTAGATGTACCCCAAGGTACTGTATAAAGTTTCGTACCAGATTTGATTGAATATGATTG
ATTTACATTTACAGGTGATTTAGCTGTGTTGTAAACCACATCGCCTTCTTTAACCCAACCA
AATTTATTACCAGAATTGTAATCTTGAACAAGATAGAATTTTTGATTACCTAATGTAGCTG
TTTTAGATACAGCAAATGTTTTTTGAACTTCATTAGTTGCTTTACCAGTTTTGTCGTAAC
AGTAGTATATAAACCACTATTTGTTGGTTTGAATTTGTGCGACACCATTGTTTGTCTGCAACT
GTTAATTTACCAGTTGATGGTTTCGACGGTGTGTTGGTTTTGATGGTGTAGTAGGGGTAG
TTGTAAATTGCGTACCCCATGGCGCCACTTTACCCATTTTTATTAATAATTTTTTCATTAATT
AAGTCATATAATTGATCATAACTATAATTATGACTTCTTAAATATCCATGTGGATCGGCAT
GGTCCGTACCACCTAAATATTTACTTACAGCGTAGTGAGTCCATACTGTACCATTTCCATC
ATACTCAGCACTGTCTGGTTTTAAACCATAATATTGTAATTGTGTAGCTGCATAGTCAGCA
TAGTTATTCATTGAACGTGCAAATGAAGCATAGTCGTGTGTGTGTACGATTTCAACATTG
ATGAATCTAGGGTTACCGACTGCACCGACACCCCAAGATAAGTAATCCGTTGGTGTCTGTT
TCGATTATACGATCCCCATCAACAAATGCATGTACGAATGCGTTTTGATAGTTATTTTTCA
TATAACTAATTTACCATTTATCGTTCGAACGATCATTAGCTGTATCATGAACTACGATACC
TTCAGGACGACCTACGCCGTTACGGTATGCGTATTTAGGGAAGTAAGATGTATAATCTTC
```

TTCAATTTTAGGTGCTTTTAAAGTTATTTTTACGAATGTAATCGTTAATTGAAGAGTTTACTT
GTGGTTTATATTTTGGCAAACCTCGTTTTTGGTGTTCAGCAACTGATCTTGGTTGTGCTGA
AGCGCTAAAAGTAGTTACTTTAGGTGTCGCTTCAGTTTTAGCTTTAGGTGCTGCGGCTTTA
TATTGCGTTTCAAGAGCTGCAGGTTTAGCAGCTGATTTAATTAATTCTGGATTAATTTGAT
GTTCTGAATTATCATCTTCATCATCAACTAACTATAACCAGCATTGTGAACATTAGTGTT
AGTTTTAGGTGCTGTAGTGCTTGTGACTTTGCAACAGGCTGCGTATTATTTGTAGTCGCT
GATTGATTAGCACGAGTGTCAACATTTACTTGTGCAGTATCAACTTTTTGACTTACTTGAG
CATTGCCTGTTTTGTTATTTGCTGTTTTTGGTTGGACAATAGCAGGGTCTTGATATACTTGA
GTGCCAGAAATGTTTTGCGTTGGATTTTTACCTCAGCTTTGCTTGTTCAGTAGTTGCTTT
AACTTTATTACTATCTAAAACATTTTTATTAGTAGTTTGATCTTGTGTCGTCTCAGCTGCTT
GAACCTGATGTGCAGTGACTGCTGAACCTACAAGCGTTAATGCAACCATTGATGGTAGTT
TGTAATTGAATTTTTTCGCCAT

> **fmtA**

Function: protein coding sequence; autolysis and meticillin resistant-related protein (core genome, variable)

Best match: fmtA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1034813:1036006] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 157468 ... 158662; Length: 1194 bp

Sequence:

ATGAAATTTAATAAAAGTAAAAGTAACTAGTTATACATGCGTGTGTAATTTATTTATCATTATTT
CTATAGCGTTAATTTTTTCATCGATTACAGACGAAGACACATTCTATAGACCCAATACATA
AGGAAACAAAATTATCAGACAATGAAAAATATTTAGTGGATCGTAATAAGGAAAAGGTT
GCGCCGTCTAAACTAAAAGAGGTATATAATAGCAAGGATCCTAAATATAAGAAAATTGA
CAAGTATTTACAAAGTTCATTATTTAACGGTTCAGTAGCTATATATGAAAATGGCAAATT
GAAAATGAGTAAAGGTTATGGATATCAAGATTTTAAAAAGGTATTAACACACACCGA
ATACGATGTTTTAATAGGTTTCAGCTCAAAAATTTTCAACAGGGTACTGTTAAAACAGTT
AGAAGAAGAACATAAAAATAAATATCAATGATCCAGTAAAGTAAATACCTTCCATGGTTTAA
AACATCTAAGCCTATCCCATTGAAAGATTTAATGTTGCATCAAAGTGGATTATATAAATA
TAAATCCTCAAAAAGATTATAAAAATTTAGATCAAGCAGTTAAAGCGATTCAAAAACGTGG
TATTGATCCTAAGAAATACAAAAGCATATGTATAACGATGGGAATTATTTAGTACTTGC
GAAAGTAATTGAAGAAGTTACAGGTAATCTTATGCTGAGAATTATTATACAAAATAGG
AGATCCTTTAAAACCTTCAGCACACAGCATTTTATGATGAACAACCTTTTAAAAAATATCT
AGCAAAAGGTTATGCTTATAATAGTACAGGACTTTTATTCTTAAGACCTAATATTTTGGAC
CAATACTATGGTGCAGGTAATTTATATATGACACCAACAGATATGGGTAAATTAATTACT
CAAATACAACAATATAAATTATTCAGTCTAAAATAACCAATCCATTATTACATGAGTTT
GGTACGAAACAGTATCCAGATGAATATCGATATGGTTTCTATGCTAAGCCAACATTGAAT
AGACTTAACGGGGGATTCTTTGGACAAGTCTTTACTGTTTACTATAATGATAAGTATGTAG
TTGTAATTGCATTAATGTAAAAGGAAACAATGAAGTTCGAATCAAACATATTTATAATG
ATATTTTAAAACAAAATAAACCTTACAATACGAAGGGTGTATTGTTCAATAA

> **tnpIS232**

Function: protein coding sequence; transposase for IS232

Best match: tnpIS232_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1036343:1036384]

Position: 025-contig_192_RC: 158998 ... 159040; Length: 42 bp

Sequence:

TGAGATTATCTTTAGACATAAATATGGATTTTGAAGTTACTA

> **qoxD**

Function: protein coding sequence; quinol oxidase subunit 4 (core genome, constant)

Best match: qoxD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1036543:1036833:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 159198 ... 159489; Length: 291 bp

Sequence:

TTATAAGTGTGAAGAGTGACCGCCTTGCATAACCCAATATGTTCCGACAACGAAACAAAG
TGTAATTACAAGAGCAAAGATAACTTTGAATGTTTGTAAACGTCCATCTTTACCTTCAGTT

AAATGCATGAACATTAATAATTGAAGTCCTGCTTGGACGAATGCAAAGCCAAAGATAATT
GTCAACTTCGCGTGGAAATGTTAATGACGTGTATAGTGTACGTATACTGCTAAAAGCGTT
AATACGATAGATGCGATAAATCCTACAGTATGTTTCATTATTGTACTCAT

> **qoxC**

Function: protein coding sequence; quinol oxidase subunit 3

Best match: qoxC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1036830:1037435:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 159485 ... 160091; Length: 606 bp

Sequence:

TCATCCGCTATACACCATCCCTATCATATATACGGCAGTAAAGATGAAAACCCAAACAAC
ATCTAAGAAGTGCCAGTATAAACTTACTATAAATAATTTTGGCGCATTATATTTGTCTAAT
CCGCGTCGTTGGATTTGGATTAATAAACAATGGCCAAACGATACCTAGCGATACGTGA
CAACCATGCGTTCCTAATAGGATAAAGAACTAGACCAGTAAGAACCAATTGTTGGGTTA
ACGCCTTCTGATGCATAGTGTGCGAATTCATAAATTCGAATCCAACAAAGACTAAACCT
AAAAGTAACGTAATGATCATCCAAAACATCATTAACTTTTGTTTTTCTTGGCGCATGTAGT
AAATAGCAATACCACATGTGTAAGAACTGAATAATAATGCAAACGTCATTATTAACA
AGAGGCAATTCAAATAACTCAGTAGTCAATTTTACCTGCATAATCGCCACCATGTTGCAAA
GTTAATAGTGTGCGCAAATAGGGTACCGAATAACGCAAATTCGGCTGTAATGAAAATCCAA
AAGCCAAGCTTATTTAATTCGCCTTCATGTGTGCGTGAATCAATAGTGTTTGTATCATGAC
TCAT

> **qoxB**

Function: protein coding sequence; quinol oxidase subunit 1

Best match: qoxB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1037425:1039413:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 160080 ... 162069; Length: 1989 bp

Sequence:

TCATGACTCATGACTTACAGCCTCCCTTTCTTTAATACGCGCTTCTCTTAATCTAGCTTCAG
TTTCAGCAACTTCAGCAGCAGGGATATGATATCCGTGATCGATTTGGAACTGCGATAAA
TCATAGTACCAAAAATACCGAATAAACAATTAATGCTGGAATTACAGTTTCGAAAATTA
AGAAGAAACCGCCGATAGTCATAAAGATACCAATCCAGAATCCAACAGGAGTATTGTTT
GGCATATGAATGTCTTTGTAATTATGGTTGTCTAAGTAATGACGACCATGTTCTTTCATAT
CAACAAATGTGTCGTAGTCATTCCAATCTGGTGAATGGCAAAGTTGTATTTAGGTGGAA
TTGCTGATGCAGTAGTCCACTCTAGAGTACGACCAAGGCCATCCCAGTTATCTCCAGTTG
CTTCACGTGGAGATTTGAAGTGACTGTATACGATACTAACAACAAGGAATAAGAATCCGA
TTGCCATTAATAATGCACCGATAGTTGAAATTAAGTTTAATAAGAACCAACCATCTGATG
GCATATAAGTGTATAAACGACGTGGCATAACCATCTAATCCAAGAATGAATTGTGGTAAGA
AACAAACGTTAAATCCGATCATGAAGAACCAGAAGCACCATTTGTTAATGTTTCGTTTA
ATTTGTAACCCATCATCTTTGGATACCAGAAGATTAACCCAGCTAAGCAGGCAAATACAA
CACCAGTAACCAATGTATAGTGGAAAGTGAGCTACTAAGAAGTACGTATTGTGATATTGAT
AGTCAGCTGATGCCATTGCTAACATTACCCCGTAACACCACCTAAAAGGAAGTTAGGGA
TAAATGCTAATGAGAATAGCATTGGTGACTCAAATGTAATACGTCCTTTATATAATGTTA
ATAACCAGTTAAACAATTTACACCAGTTGGAATACCAATCAGCATTGTTGAAATTGAGA
AGAATGAGTTGATTAACGCACCATTACCCATTGTGAAGAAATGGTGAACCCAAACTAAG
AAACTAAGGAACGCGATACCGGCAGTTGCCATAACCTACTTTGATGTCCGAATAAACGC
TTACGAGCGAATGTCGGGATAATTTCTGAGTAAATACCAAATGCTGGAAGGATAACGATA
TAAACTTCAGGGTGCCCCATAACCCAGAAGAAGTTAGCCCAAAGCATTGGCATAACGCCA
TGTGCAACTGTGAAGAATGCTGTGTCAAATATTCTATCAGTTGTCATTAATGCTAACGCTA
CTGTTAAAGGAGGGAAAGCAAGAATAACAATTAATGTAGTAATAAATGTTGTTACTGTAA
ACATTGGCATTTCATAAACTTCATAGTTGGTGTTTTACATCTTAAAATTGTTACAAAGAA
GTTGATACCTGTAGCTAAGGTACCAAGCCCTGAAATTTGTATAGCTATTAAGTAATAGTT
AACACCCGGACCAGGACTGAATTCACCTGCTAGTGGCGCATAGTTTGTCCAACCAGCTGC
TGGTGAACCACCAATAATAAATGACAGGTTGAATAAAATCATACCTGCAAAGAATAGCC
AGAACTTACGTTGTTAATACTGGGAATGCAACATCACGTGCTCCAATTTGTAATGGAA

CAACGATATTCCATAAACCAAAGATAAATGGCATTGCCATGAAGATAATCATGATTACAC
CATGTGTACTAAAAATTTTCGTTATAGTGGTTAGATTCTAAAAATTTGTTATCAGGTTACTGT
TAATTGCGCACGAATAAGTAACGCATCAATACCACCACGGACGAACATTAATACGGCAC
AGATTAAATACATAATACCGATTTTCTTATGGTCTACAGATGTGAACCATTCTTTGTAAAG
ATATTTCCATAATTTAAAGTAAGTAATTACTGCGATTAAACCAATAACTAAGAATGGGGC
ACCAATTTGTGCCATTGTAATCATCCAGTTACCTTTAACTAGTAATTGATCCCATGGAAAA
TTCAT

> **qoxA**

Function: protein coding sequence; quinol oxidase subunit 2

Best match: qoxA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1039413:1040513:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 162068 ... 163169; Length: 1101 bp

Sequence:

TTAATGTCCACCTCCATGATCATCATTGTCTTGATCTTGCGCATCTTTTGAAATTTTCTTCA
TTTCTTTTCGATTTTTCGATTCATCTTTCTTGAACCTCATTGTTATATGGTTTCGTCATTTCCAA
GAATCATCAACTTCATACCATGTCGTTTATAGTTCGCATTTGTAATTTGAGCTTTACGAGC
AGGTATTAATGGTTTGTCTGATACATCTTTAAACATATTTTCTTCACTAGTGAAGTTTGA
TCTTTCAATTCGAAATTGAAACGTTTATATGCATAGAAGATGTATTCTGGATCGGCTGCTG
GATCAACAAACGCCATATGTGTACCATTAAATTCTAAAGCTTTATTAGGTGTGCTTGGTA
ATAATTGTTTATCAAATGTATCTTGATCTAACGTTTTCTTACCTTTAACTTCTTTACCCAT
TTGTCGTAGTCTTTTTGACTAACGGCATTACTTTAAATGTTTGACGTGAGAATCCTTCAC
CATTGAAGTTAGAGTTACGACCTCTGAACGTACCAGTTTGAGATGCTTCTAACGTCCAATT
CATTGTCATGCCAGTCATGGCATATTTTGGACCCTAATTGTGGAATCCAGAACTTGTC
ATTGTATCCATAGCTTGAAGCTTAAATACAACAGGACGATCTTTAGGGATTGTTAATGTG
TTAACAGTCTCTATATGTTTCATCTGGATAAGCAAAGAACCATTTGTATCCTGCACTTACTG
CATATAACAACCATTGGATCTTCTCACTCTTCGGTGGTTTTTCGTAATCGTATAAAGTTTTA
ACTGTAGGAATAGCTAAAGCAGCAACGATTATGATAGGTATTACAAACCATATTGTTTCA
ATGATGGCATTATGGTGCATCTTACCAGATTCGGCATTCTTATTATAACTATACTTGTA
TAAAAATGGCGAACATGCCAAGTACAACGAAACAAATAACAAGCATGAAGACGATTGAA
TAAAGAATCAAGAACTTCTGACTACTTGTACTGGCCCTTTTTCGTTGAAAATTTCTATAT
TTGAACAACCACTAAGTAAATAGTGTGCCAAATAATAGAAGCAAAGACTTAAATTTTG
ACAC

> **iraE**

Function: protein coding sequence; chitinase B (core genome, constant)

Best match: iraE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1041085:1041402:r]RC (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 163740 ... 164058; Length: 318 bp

Sequence:

CTATTTAACCTCAATATACCTAGTGGAAATTTTAATTGCACCATCTGAATCAGTGACATGA
TATTTAATTTGATATTTACCAGATTTAGATGTATCAATTTGGCCATCGACTTTAATTTTATC
GGTTAAATCTCCATCTTCTTTATCAAATGCACCTTATGCCGTTTAGAAGGTTATAATCTTGA
CCTTTCTTAATAACGATATCATTAGCGCCTTTAATTTGTGGTGTAGTATTCGTCGTTGCATC
TGCATTTAAATTTGGTGTTACTAGTGTAGCAGAAACACCGAGGGCTGATAATGACTGTAA
TAGTTTATTCAT

> **txbi_1000-2**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: txbi_1000-2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1041997:1042075] (completely identical)

Position: 025-contig_192_RC: 164655 ... 164734; Length: 79 bp

Sequence:

AAGAACAAGTGAAATGCTCCCTTCAAAGCCTTCATTTATTCAATGTCTACTTTGAAGGG
AGCATTTGATCGATTAATG

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[1071185:1071224:r]RC

Position: 026-contig_248_RC: 6 ... 36; Length: 30 bp

Sequence:

AAAAGCTTGTACAAGCGAATTTTCGTTCA

> **fold**

Function: protein coding sequence; bifunct methylenetetrahydrofolate dehydrogenase and methenyltetrahydrofolate

Best match: folD_CC008_NCTC8325_CP000253.1[978261:979121:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 96 ... 957; Length: 861 bp

Sequence:

TTACGAATCAATACCTCGACGCATTTTTTCTGCAAGCAAAGTATTATTTAATACCATAGTA
ATTGTTAATGGACCAACGCCACCAGGAACTGGTGTAAATAGCTCCAGCAATTTCTTTAACC
GCATCATAATCAACGTCACCTTTTAATTTGCCATTTTCATCTGGCGTATTGCCAACATCGA
TAATTACTGCTCCTTCTTTGACCACATCTTTTGTTACTAAACCAGGCTTACCAACTGCACT
GACAATGACATCAGCATCTTTTAAATATGATGCCATATCTTTTGAACGAGAATGTAAGAT
TGTTACTGATGCATTTTTTTGAAGTAGTAACTTAGAACTGGTTGTCCGACAATATGACTT
CGTCCAATTACAACCTGCATTTTTACCTTCTAAATCAATATCAGCATGTTTTAATATTTCCAT
GATGCCGAGCGGTGTGCAAGGTACAAAAGTTTGTTCATCGATATATAATTTCCCTATATTT
ATTGGATGAAAACCGTCCACATCTTTTTCAGGATTGATTGCTTCTAATATTTTCTGTTTCGCT
AACTTGTTTTGGTAATGGTACTTGTACCAAATACCCTTACAGAATCATCATTATTTAGT
CTATTTAGTTCGTTTAATACTTCTTCTTCAGTAGCTGTTTCTTCCAAATGTACGATTTCTGA
AATCATACCAATTTTTTTCAGCTGCTTTCTTTTTTGATCTAACATAACTTTGACTAGCGCCAT
CATTACCAACTAATATAACGGATAATTTAGGTGTAACCCCTTTTCTTTTAGCGCTTCAAC
TTGATCTTGTAACCCCTGTCTGTAGTCTTTGGCAATTTGTTTACCATCTAAAATTTTAGCAA
CCAT

> **purE**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (core genome, constant)

Best match: purE_CC008_NCTC8325_CP000253.1[979322:979804] (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 1157 ... 1640; Length: 483 bp

Sequence:

GTGAAAGTAGCAGTCATTATGGGCAGTTCCTCCGATTGGAAAATTATGCAAGAGAGTTGT
AACATGTTGGATTATTTTCAAATTCGGTACGAAAAACAAGTAGTATCCGCACATCGTACG
CCAAAAATGATGGTTCAATTTGCTTCTGAAGCGAGAGAAAGAGGTATAAACATTATCATT
GCAGGCGCTGGCGGTGCGGCACATTTACCAGGTATGGTTGCATCATTAAACGACGCTACCA
GTTATTGGAGTGCCGATTGAAACAAAAGTTTAAAGGGTATAGATTCTTTATTATCAATT
GTTCAAATGCCAGGAGGTATTCCGGTTGCAACGACTGCAATTGGTGCAGCAGGTGCTAAA
AACGCAGGTATACTTGCAGCAAGAATGTTAAGTATTCAAATCCTTCTTTAGTTGAAAAA
CTAAATCAGTATGAATCTTCGTTAATTCAAAAGTGGAGGACATGCAAAATGAACTTCAA
TAA

> **purK**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (core genome, constant)

Best match: purK_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1118401:1119525] (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 1626 ... 2751; Length: 1125 bp

Sequence:

ATGAACTTCAATAAATTAAGTTTGGTGC GACTATTGGCATTATTGGTGGTGGTCAGCTTG
GAAAGATGATGGCACAATCAGCTCAAAAATGGGTTATAAAGTGGTTGTATTGGATCCTT
CTGAAGATTGTCCATGTAGATACGTTGCACACGAATTTATACAAGCCAAGTATGACGATG

AAAAGGCACTCAATCAATTAGGACAAAAATGTGATGTGATTACTTATGAATTTGAAAACA
TTTCAGCCCAACAATTA AAAACTATTATGTGAAAAGTACAATATTCCGCAAGGTTACCAAG
CTATACAGTTATTACAAGACCGCTTA ACTGAAAAAGAAACATTA AAAAAGTGCTGGTACCA
AAGTTGTCCCGTTCATTTTCAGTAAAAGAATCTACAGATATTGACAAAGCAATTGAAACAT
TAGGATATCCTTTTTATTGTAAAAACTAGATTTGGTGGCTACGATGGCAAAGGTCAAGTTTT
AATTAACAACGAAAAAGACTTACAAGAAGGTTTTAAATTAATTGAACTAGTGAATGCGT
AGCTGAAAAATATTTGAATATCAAGAAAGAAGTATCTCTTACTGTTACAAGAGGAAACA
ACAATCAAATCACTTTTTTTCCATTACAAGAAAATGAGCATAGAAATCAAATACTTTTCA
AAACAATTGTTCCAGCGAGAATAGATAAAAACAGCTGAGGCGAAAGAGCAAGTTAATAAA
ATTATCCAATCGATTCATTTTCATTGGAACATTTACAGTGGAATTTTTTATAGATAGTAACA
ACCAATTGTATGTGAACGAGATTGCACCAAGGCCTCACAAATCCGGACATTATTCAATTG
AAGCATGTGATTATTCACAATTTGATACTCATATTTTAGCAGTTACCGGACAATCATTACC
AAATTC AATTGAATTATTAAGCCTGCAGTCATGATGAACTTACTAGGTAAAGACTTAGA
TTTATTGGAAAATGAATTTAATGAACATCCAGAGTGGCACTTACATATTTATGGTAAGTCT
GGGCGTAAAGATAGCAGAAAAATGGGGCATATGACTGTACTAACGAATGATGTAAACCA
AACTGAACAAGATATGTACGCTAAATTTGAGGGGAGTAATTA

> **purC**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (core genome, variable)

Best match: purC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1044843:1045547] (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 2754 ... 3459; Length: 705 bp

Sequence:

ATGACATTATTATATGAAGGAAAAGCGAAGCGCATTTTTCTCAACAAATCAAGAAAATGA
ATTAAGAGTTGAATATAAAGATGAAGTTACTGCTGGAAACGGGGCTAAGAAAGACACAA
TGGCAGGTAAGGGGCGATTAAATAATCAAATTACTTCTATTATATTTAAATATTTACAAG
AAAATGGAATAGAAAGTCACTTTATTAACAATTATCTGAAACAGAACAATTAGTTAAGC
CTGTGAAAATAATTCCATTAGAAGTAGTTGTTTCGTAATATTGCTAGTGGATCTATTACAAA
GCGTTTAGGTTTTGAAAATGGTGAAGTTTTTAGAGAACCCTTGTAGAATTTTTCTATAAA
AATGATGCGTTAAATGATCCGTTGATAACGGATGACCATGTTAAATTGCTCAATATAGCA
TCAGATGAAGATATTGAAATACTAAAATCCAAAGCATTAAAGATTAATAATGTGTTGAAA
CAATTAATGGATGCTATGAATTTAAAATTAGTAGATTTTAAAATCGAATTTGGAAAGACT
GAGACTGGTCAAATTTTGTAGCGGATGAAATATCTCCAGATACATGTCTGAATTTGGGAT
AAAGCTACCAATGCAAACCTTTGATAAAGATGTATATAGAAATAACACTGGATCACTGATT
GAAACATATCAAATATTTTTAAACA AATTGGAGGATTTAAAATAA

> **purS**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylformylglycinamide synthase (core genome, constant)

Best match: purS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1045547:1045810] (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 3458 ... 3722; Length: 264 bp

Sequence:

ATGAAAACAATTGAACTACATATCACATTACAACCACAAGTATTAGATACGCAAGGACA
AACGCTTACTCGAGCTGTACATGACTTAGGTTATGCACAAGTGAATGATATTCGTGTAGG
AAAAGTATTATATATGACAGTGGATGAGGTTAGTGATGAAAAGGTACACAACATTATTAC
AACTCTAAGTGA AAAAATTGTTTGCAAATACAGTGATTGAAGAATATAGCTATAAAGTGTT
AGATGATGAAAAGGAGAATGCATAA

> **purQ**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylformylglycinamide synthase 1 (core genome, constant)

Best match: purQ_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1120498:1121169] (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 3723 ... 4395; Length: 672 bp

Sequence:

ATGAAATTTGCGGTTCTTGTTTTCCAGGTTCTGAATTGTGATAGAGACATGTTAATGCTG
CTATTA AAAAGTGGTGTGAAGCGGAATATGTAGATTATAGAGAAACATCACTAAGTGGAT
TTGATGGCGTACTTATTCCTGGTGGATTTTCATTCGGGGATTACTTAAGATCTGGGGCAAT
GGCTAGTGTAGCGCCGATTATTTCCGGAAGTTAAACGTCTTGCAACTGAAGGTAAGCCAGT
ATTAGGTGTTTGTAAATGGGTTTCAAATTTTAACTGAAATAGGCTTATTACCTGGTGCATTA
TTGCATAACGATTCACATTTATTTATTAGTAGAAATGAAGAGTTAGAAATAGTGAATAAT
CAAACGGCATTACAAATCTTTATGAGCAAGGTGAAAAAGTTATATATCCTGTAGCTCAC
GGTGAAGGTCATTATTATTGTACTGATGAAATATATCAACAATTA AAAAGCTAACAATCAA
ATTATTCTGAAATATGTGAATAATCCGAACGGTTCATATGATGATATTGCAGGAATTGTT
AACGAAAAAGGCAATGTATGTGGCATGATGCCACATCCTGAAAGAGCTTTAGAAACGTT
GTTAGGTACTGATAGTGGTGTGAAATTATTTGAAGCGATGGTAAAAAGTTGGAGGGAAC
AACATGTCTAA

> **purL**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylformylglycinamide synthase 2 (core genome, variable)

Best match: purL_CC005_A9299_ACKH01000027.1[19557:21746:r]

Position: 026-contig_248_RC: 4387 ... 6577; Length: 2190 bp

Sequence:

ATGTCTAAATTTATCGAACCAAGCGTTGAAGAAATTA AACTTGAAAAAGTATATCAAGAT
ATGGGATTAAGTGATCAAGAATATGAAAAAGTTTGCATATTTTAGGCAGACAACCTAAC
TTTACAGAAACAGGTATCTTTTCTGTTATGTGGAGTGAACATTGCTCTTATAAACATTCTA
AACCGTTTTTAAAGCAATTTCTACGTCAGGTGAGCATGTGCTTATGGGTCCAGGTGAAG
GTGCAGGGGTAGTCGATATAGGTGATAATCAAGCCGTAGTATTTAAAGTAGAGTCTCACA
ATCATCCATCAGCAATTGAACCATATCAAGGGGCTGCTACAGGCGTTGGTGGAAATCATT
GTGACATTGTTTCTATTGGGGCTAGACCTATTAATTTGTTAAACAGTCTTAGATTTGGAGA
ATTAGATAATAACAAAACCAAGATTACTTAAAGGGGTTGTAAGGGTATCGGAGGTT
ATGGTAACTGCATTGGTATTCCAACAACCTGCTGGTGAATCGAATTTGATGAATGTTATG
ATGGCAATCCACTTGTAAATGCAATGTGTGTTGGTGTATCAATCACGACATGATTCAAA
AAGGCACAGCAAAAGGTGTAGGTAATTCGGTCATTTATGTTGGTTGAAAACTGGTTCGAG
ATGGTATTCATGGTGCTACTTTTGCATCTGAAGAATTGACGGAAGAAAGCGAAAGTAAAC
GACCTTCTGTACAAATCGGTGATCCATTTGTAGGTA AAAAATTAATGGAAGCAACACTTG
AAGCAATTACATTTGATGAATTAGTTGGTATTC AAGATATGGGTGCTGCTGGTTAACATC
TTCATCGTCTGAAATGGCGGCAAAAGGTGGTAGTGGGTTACATTTGAGATTAGAACAAGT
GCCAACACGTGAGCCAGGTATTTCTCCTTATGAAATGATGCTTTCAGAACTCAAGAACG
TATGTTACTAGTTGTTGAAAAAGGTAATGAACAAAATTCTTAGATTTATTTGATAAGCA
CGAATTGGATAGTGCTGTTATAGGTGAAGTTACAGATACAAATCGTTTTGTTTTAACATAT
GATGATGAAGTTTATGCTGACATTCCAGTTGAACCACTAGCTGATGAAGCACCTGTATAT
ATTTTAGAAGGAGAAGAAAAAGATTATAACTTCTA AAAATGATTATACACACATCGAT
GTTAAAGATACTTTCTTTAAATTACTTAAAGCATCCGACTATAGCATCTAAACACTATTTAT
ATGATCAATACGACCAACAAGTTGGTGCCAATACGATAATTAAGCCAGGACTTCAAGCAT
CGGTAGTACGTGTGGAAGGCACAAATAAGGCAATTGCTTCAACAATTGATGGTGAAGCG
CGTTATGTATATAACAATCCATATGAAGGTGGAAAGATGGTAGTAGCTGAAGCTTATCGA
AATTTAATTGCCGTGGGTGCAACACCATTAGCAATGACAGATTGTTTAAATTATGGTTCTC
CTGAAAAGAAAGAAATCTATCAACAGTTGATAGATTCAACGAAAGGTATGGCAGAAGCA
TGCGACATTCTTAAGACACCAGTAGTTTCTGGAATGTATCTTTATATAACGAAACGAAA
GGTACTTCTATTTTCCCAACACCAGTTGTTGGAATGGTAGGTTTGATTGAAAATGTA AATT
ATTTAAATGATTTTGAACCTCAAGTTGGAGATAAATTATATTTAATCGGTGATACTAAGG
ACGACTTTGGTGGTAGTCAACTTGAAAAGTTAATTTATGGCAAAGTTAATCATGAATTTG
AGTCATTAGATTTGAGTTCAGAAGTTGAAAAAGGTGAATCAATCAAGACCGCTATTCGTG
AAGGACTATTATCACATGTTCAAACAGTTGGTAAAGGTGGCTTACTGATTACTTTAGCTA
AACTAAGTGCGCATTACGGTTTAGGATTAAGTCTTCAATAGATATAACAAATGCACAAT
TGTTTAGTGAGACGCAAGGCCGATATGTTGTTTCTGTTAAATCAGGTA AAAACTTTAAATAT
TGATAATGCAATAGAAATTGGACTTTTAAACAGATAGTGATAATTTCAAAGTAACAACACC
ATATACAGAGATTAGTGA AATGTTTCAGATATTAACAAATATGGGAAGGGGCAATTG
CTCAATGTTTAACTACTCAGGATTA

> **purF**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylpyrophosphate amidotransferase (core genome, variable)

Best match: purF_CC007_USA300_TCH959_AASB02000224.1[105546:107030]

Position: 026-contig_248_RC: 6555 ... 8040; Length: 1485 bp

Sequence:

```
ATGTTTAACTACTCAGGATTAACGAAGAATGTGGCGTGTGGTATTTGGAATCATCCT
GAAGCAGCGCAACTAACATATATGGGACTTCATAGTTTGCAACATCGTGGTCAAGAAGGT
GCAGGTATAGTTGTTTCTGATCAAAATGAATTAAGGCGAGCGAGGATTAGGCTTACTA
ACTGAAGCGATTAAAGATGATCAAATGGAACGATTAAAAGGATATCAACATGCAATTGG
TCACGTCCGTTATGCTACTTCAGGTAATAAAGGTATTGAAAATATTCAACCGTTTCTGTAT
CACTTTTATGATATGAGTGTAGGTATTTGTCATAATGGTAACCTCATTAATGCTAAATCAT
TGCGTCAGAATTTAGAAAAACAAGGTGCTATCTTCCATTTCGTCTTCTGATACTGAAGTCAT
TATGCATTTGATACGTCGAAGTAAAGCTCCTACTTTTGAGGAAGCGTTAAAAGAAAGTTT
GCGAAAAGTTAAAGGCGGTTTTACATTTGCGATATTAATAAAGATGCGTTATATGGCGC
AGTAGATCCAAATGCTATCAGACCACTTGTTGTAGGTAAAATGAAAGATGGTACATACAT
CCTTGCAAGTAAAACATGTGCAATAGATGTGTTAGGTGCAGAATTTGTTCAAGATATTCA
TGCAGGTGAATATGTCGTGATTAACGATAAAGGTATTACAGTTAAATCTTATACACATCA
TACGACAACCTGCAATTTCTGCGATGGAATATATTTATTTTGCTAGACCAGACTCAACAAT
AGCTGGTAAAAATGTCCATGCAGTACGTAAAGCTTCTGGTAAAAAATTAGCCCAAGAAA
GCCCTGTAAATGCTGATATGGTCATCGGTGTACCCAATTCATCGCTATCAGCTGCGAGTG
GTTATGCTGAAGAAATAGGTTTGCCATATGAAATGGGACTAGTTAAAATCAATATGTTG
CAAGAACATTTATTCAACCAACTCAAGAATTACGTGAGCAAGGTGTGAGAGTGAAGTTAT
CTGCGGTAAAAGATATAGTAGATGGGAAAAATATCATTCTTGTTGATGATTCCATTGTTT
GCGGTACGACAATTCGACGCATTGTGAAAATGTTAAAAGATTCTGGTGCAAATAAAGTAC
ATGTGCGTATAGCATCACCGGAATTTATGTTCCCAAGTTTTTATGGAATCGATGTTTCAAC
TACGGCAGAATTAATTTCTGCAAGCAAATCACCTGAAGAAATTAAGATTATATTGGCGC
TGATTCATTAGCATATCTATCTGTAGATGGGTTAATTGAATCAATTGGTTTAGATTATGAC
GCGCCATATAGTGGCTTATGTGTAGAAAGTTTCACTGGAGATTATCCTGCAGGGTTATAT
GATTATGAAGCAAATTATAAAGCGCATTAAAGTCATCGACAAAAGCAATATATTTCTAAA
AACAAACACTTTTTTGATAGCGAGGAAATTTAAATGTCTAA
```

> **purM**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (core genome, constant)

Best match: purM_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1124807:1125835]

Position: 026-contig_248_RC: 8032 ... 9061; Length: 1029 bp

Sequence:

```
ATGTCTAAAGCATATGAACAATCTGGTGTAATATTCATGCTGGTTATGAAGCTGTAGAA
AGAATGTCTAGTCATGTTAAACGTACGATGCGTAAAGAAGTTATCGGTGGTTTAGGTGGA
TTCGGTGCTACATTTGATTTATCACAATTAATATGACAGCACCAGTTTTAGTTTCTGGAA
CAGACGGAGTAGGTACGAAATTAAACTAGCTATCGACTATGGGAAACATGATTTCGATA
GGTATCGATGCAGTCGCAATGTGTGTTAATGATATTTAACGACAGGTGCAGAACCATTG
TATTTTTTAGATTACATCGCTACAAATAAAGTTGTTCCCTGAAGTTATTGAACAAATTGTTA
AAGGTATTAGTGATGCATGCGTTGAAACGAATACTGCCTTATCGGTGGAGAGACTGCTG
AAATGGGTGAAATGTATCACGAAGGTGAATATGATGTAGCCGATTTGCAGTTGGAGCA
GTTGAAAAGGATGACTATGTAGATGGTTCAGAAGTGAAGAGGGACAAGTTGTTATAGG
GCTTGCGTCAAGTGGCATTCAATCAAATGGATATAGTTTAGTGCGCAAATTAATTAATGA
ATCAGGCATTGATTTGGCATCAAACCTTCGATAATCGTCCATTTATAGATGTCTTTTTAGAA
CCAACATAATTATATGTCAAACCTGTACTTGTAAAAAAGAAGTTTCTATTAAGGCA
ATGAATCATATTACTGGTGGAGGCTTTTTATGAAAATATTCCACGTGCATTGCCAGCCGGA
TATGCTGCTAGAATTGATACTACATCATTTCCAACGCCAAAAATATTTGATTGGTTACAAC
AACAAAGCAATATAGACACAAATGAAATGTATAACATTTTTAACATGGGTATTGGCTATA
CGGTTATCGTTGATGAAAAAGATGCATCACGCGCTTTGAAGATTTTAGCAGAACAAAATG
```

TGGAAGCTTATCAAATTGGTCATATTGTGAAAAATGAGTCAACTGCAATTGAATTGTTGG
GGGTATAA

> **purN**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylglycinamide formyltransferase (core genome, constant)

Best match: purN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1051152:1051718]

Position: 026-contig_248_RC: 9063 ... 9630; Length: 567 bp

Sequence:

ATGGTTAAAATTGCGATTTTTGCATCAGGTTTCAGGAAGTAACTTTGAAAATATAGTTGAG
CATATTGAATCAGGAAAACCTTGAAAATATTGAAGTTACGGCGCTATATACGGATCATCAA
AATGCGTTTTGTATAGATAGAGCAAAAAGCACGGTATTCCTGTTTATATTAATGAACCA
AAACAATTTGATTCAAAGCAGCGTATGAACAACATTTAGTAACACTATTAATAAAGAT
AAGGTAGAGTGGATTATTTAGCTGGCTACATGCGTCTAATAGGTCCAGACTTATTAGCA
TCATTTGAAGGTAATAATTGAATATACATCCATCTCTATTGCCGAAATATAAGGGGATT
GACGCAATAGGCCAAGCATATCATAGTGGCGATACTATTACTGGTTCGACAGTACATTAT
GTTGATAGTGGTATGGATACGGGAGAAATTATTGAACAGAGAAAATGTGATATTAGACC
GGACGATTCAAAGAACAATTAGAAGAGAAAGTAAAAAAATTGGAATATGAATTATATC
CAAGTGTTATTGCTAAAATTGTAAAATAA

> **purH**

Function: protein coding sequence; bifunct phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide
formyltransferase/IMP cyclohydrolase (core genome, constant)

Best match: purH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1051733:1053211]

Position: 026-contig_248_RC: 9644 ... 11123; Length: 1479 bp

Sequence:

ATGAAGAAAGCTATTTTGAGCGTATCAAATAAAAACAGGTATTGTAGAGTTTGCTAAAGCG
TTAACGCAATTAATTATGAATTATATTCAACAGGTGGTACTAAACGTATATTAGATGAA
GCAAATGTACCAGTTCGTTCTGTTTCAGACTTAACACATTTTCCAGAAATAATGGATGGCC
GTGTTAAAACATTACATCCGGCTGTTTCATGGTGGCATTTTAGCTGATCGAAATAAACCGC
AGCATTTAAATGAATTATCAGAACAACATATAGATTTAATTGATATGGTAGTAGTTAATT
TATATCCATTCCAACAACTGTTGCAAACCTGATGTGACGATGGACGAAGCAATTGAAA
ATATTGATATTGGTGGTCCAACAATGTTACGTGCTGCAGCTAAAAACTATAAACATGTAA
CAACAATTGTACATCCGGCAGATTATCATGAAGTATTGACGCGATTAAGAAACGATTCGT
TAGATGAGTCATATAGACAATCATTAAATGATTAAAGTTTTTTGAGCATACTGCAGAATATG
ATGAAGCGATTGTACGTTTCTTTAAAGGGGATAAAGAACTTTAAGATATGGAGAAAATC
CACAACAATCAGCGTATTTTGTGAGAACTTCGAATGCTAAGCACACGATTGCAGGCGCTA
AACAATTACATGGGAAACAATTAAGCTATAACAATATTAAGATGCAGATGCTACACTA
GCTTTAGTTAAAAGTTTGATACACCTGCTGCAGTTGCGGTTAAACACATGAATCCATGT
GGTGTGGTATCGGTGACACGATTGAACAAGCATTTCAACATGCGTATGAAGCGGATAGT
CAATCAATATTTGGTGGAAATTGTTGCATTAAACCGAGCTGTAACACCTGAGTTAGCAGAG
CAATTGCATAGTATCTTTTTGGAAGTCATTATTGCACCAAAATTTACAGATGAAGCATTAG
ATATTTTAAAACAAAAGAAGAATGTAAGATTATTAGAAATTGATATGACTATAGACAGTA
ACGAAGAAGAGTTTGTTCAGTATCTGGCGGATATTTAGTTCAAGATAAAGACAATTATG
TCGTGCCAAAAGAAGAAATGAAAGTTGTTACAGAAGTAGCACCTACTGATGAACAATGG
GAAGCAATGTTATTAGGATGGAAAGTTGTACCATCAGTAAAAGTAATGCAATTATTTTA
AGTAATAATAAACAACTGTAGGTATAGGTGCTGGACAAATGAATCGTGTGCGGTGCTGCT
AAAATTGCGTTAGAGAGAGCTATTGAAATCAATGATCATGTAGCGTTAGTATCTGATGGA
TTTTTCCCTATGGGAGATACAGTTGAACTTGCAGCACAAACATGGTATAAAGGCAATTATC
CAACCGGGTGGTTCGATTAAAGATCAAGATTCAATTGATATGGCTAATAAACATGGTATT
GCAATGGTAGTCACAGGCACTCGACATTTTAAACACTAA

> **purD**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylamine-glycine ligase (core genome, constant)

Best match: purD_CC010_D139_ACSR01000034.1[61660:62907]

Position: 026-contig_248_RC: 11144 ... 12392; Length: 1248 bp

Sequence:

```
ATGAATGTATTAGTAATTGGTGTCTGGTGGACGAGAACATGCACTTGCATATAAACTTAAT
CAATCGAATCTAGTTAAACAAGTGTGTTGTCATTCCAGGTAATGAGGCAATGACACCTATA
GCTGAAGTACACACTGAAATTTTCAGAATCTAATCATCAAGGGATACTAGATTTTGCTAAA
CAGCAAAATGTTGATTGGGTAGTTATAGGTCCAGAACAGCCGCTAATTGATGGATTAGCA
GACATTTTACGAGCTAATGGTTTCAAAGTGTGTTGGTCCAAATAAGCAAGCAGCTCAAATC
GAAGGCTCAAATTTATTGCTAAAAAGATAATGAAAAAATATAATATTCCAAGTGTGCTGAT
TATAAAGAAGTTGAGCGAAAAAAGGATGCTTTAACATATATTGAAAAGTGTGAATTGCC
GTTGTTGTCAAGAAAGATGGGTTAGCTGCTGGGAAAGGCGTTATTATTGCAGATACTATT
GAAGCAGCCAGAAGTGCTATTGAGATTATGTATGGTGATGAAGAAGAAGGTAAGTGTGTT
ATTTGAAACGTTTTTAGAAGGTGAAGAGTTCTCGCTAATGACATTTGTTAATGGTGATTTA
GCAGTACCTTTCGACTGTATTGCACAAGATCATAAACGCGCATTGATCATGATGAAGGA
CCAAATACTGGTGGTATGGGGGCTTATTGTCCAGTACCACATATTAGTGACGATGTTTTA
AACTTACAAATGAAACAATTGCACAACCCATTGCAAAGGCAATGCTTAATGAAGGTTAT
CAATTCCTTCGGTGTATTATACATTGGTGCTATTTTAACTAAAGATGGTCCAAAAGTAATAG
AATTTAATGCCCGTTTTGGTGATCCTGAAGCTCAAGTATTATTAAGTCGCATGGAAAGTG
ATTTAATGCAGCATATTATTGATTTAGATGAAGGAAAACGTAAGTCAAAATGGAAAA
ATGAATCTATTGTAGGGGTCATGTTGGCATCAAAGGATATCCTGATGCATATGAAAAAG
GGCATAAAGTAAGTGGCTTTGATTTAAATGAAAAGTATTTTGTAGTGGATTAAAGAAGC
AAGGTGATACCTTTGTTACTTCAGGTGGTAGAGTTATACTTGCCATCGGAAAAGGTGACA
ATGTACAAGATGCACAGCGAGACGCATACGAAAAAGTATCTCAAATACAAAGTGACCAT
TTATTCTATCGTCATGACATTGCGAATAAAGCACTACAAGTAAATAA
```

> repeat_Sgenus

Function: repeat repeat element alien/(mobile element)obile/

Best match:

Position: 026-contig_248_RC: 12401 ... 12431; Length: 30 bp

Sequence:

```
AAAAATACTAAGATTAGCTATGAAGAAATC
```

> ykoC

Function: protein coding sequence; ATP binding cassette transporter/membrane protein (core genome, constant)

Best match: ykoC_CC005_ED98-hen_CP001781.1[1064296:1065102:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 12658 ... 13465; Length: 807 bp

Sequence:

```
TTAACCTACACGACCAAGACGAACATCATCTATGCCCGTGATGGGTAAGGTGATTGAACA
ATAATATGCCATAGTAATAATGGCAATTTAAACTATAATAAAGATTATATCTTTATATGA
GAAAGGTACGTTGTAATAGTAAGTACGAGGACCATCTCTAAATCCTTTCGACTCCATCGC
AACTGATAATTGATGTGCCTTTCTAATATTTTGGCTTAATAGAGGTATAATTAATGCTTA
AATCGCTTTAACCCTCTATAATTTGCTGCGTCTATCATCTGATAGCGCATTTTTAAAGATC
TGCGAAGCTGTATTAAGAATAATCATTAAAGGTATCATAACGAATGGCAGCCATGAATG
CATAAGCAACTTTTGATTTAACCTTTAAATGTTGCATTAAGTATAAAATATCATGACAAC
CTGAGATGTAAGTGCATTAAGATACCGAAAAATGAAATAGCAATGGTCTTAATGATAC
ATGTAAACCACGAAGTAACTTTCTGTTGTAATATGGATAAATCCGAATTTCAAATTTGT
ATGGCTACCATTCCCGTATAAAATCATGAACAGGGAAGAGAGTAATGCAAAGCCAATAC
TTATAGTTATAAAAATTGCTGTAATTTTAACTGAGTACCATTAAACATCAATAAGAAAA
CTAACATTAAGATAGTGATATAAAGCATAAAATCGAAATTATGCACAAATATAATAAAG
AAAAATAGTATAATTCCAAGAAATAGTTTCGTTATAATGTTGACATCATCAACAAATGAT
TGCCGAAGTTCATTGCTCATAACAT
```

> ykoD

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: ykoD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1130233:1131633:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 13457 ... 14858; Length: 1401 bp

Sequence:

```
TCATACATTCGTATCACCATCACAATCTAGTAACGCACCATCTGAAATTTTAAGTCTTCTT
GATGGATAACGTTCAATTATTTTCATCGTCATGTGTAACCATGACAATACTTTGTCCCAAT
TAATTCGCTTTTGGAAAAGTTTGATCAACTGGAATGTATTATGGCTATCAAGTCCAAATGT
CGGTTTCATCTAAAAAGATAATATCAGCTTTAGAACTTAGTGCGGTAGCTACGCTAAGGCG
TCGTTTTTGACCAATAGACAACCTCATAAGGATGTTGATCTTTTACATTTTGTAAATCTAAA
AGTTTTAAAAGTTGTATCGTTTCATCATCACTTTGATCTTTAGAAAGGTGATTA AAAATGAA
TGTTAATTTTCATCATAAAACCGAATTTGTTATAAATTGTAATTCTGGGTTTTGATAAACTAG
GTACATGTGTTTTGCTGCATGTTTAATTTTTGTTAAACGCTGATTTTCAAATAAACATCA
CCTTGATATTTAATCAATTGCATAATTGATTCAAGCAAGGTTGTTTTACCACTACCATTTG
CCCCTGTAATTGTAATCCACTCACCTAGACCAATTTCTAAATCTGAGAATGAGAGCAATG
TTGATTTACCGCGAATAATACGTCCATTTTTAAATTGTAATAAGTGTGAGTTTGTGTTGG
AAAGTCAACACGACTTGGTGCGAATTCCCATGCACGTGGATGCCACACACCATATTTACT
GAGTAAATGAACATACTTCTGTAATATGATTTTCAGGACATTCATCGGCAATGATATTTCC
GTTATAATCCATCAAATGACGCGGTTCGACATGATTTCCAGATGTGTTTAACTTTATGTTCA
ACGATTACAACAGTTTGATCTTCCCAAAGTTCAATTAGTTTAGTCCATAAATCTTCTGTTG
CTTGAACATCTAACATTGCTGTGCGTTCATCTAAAAACAATGTTTTTGTGTTGAAGAAT
GGTTTCAACAATTGCCAATTTCTGTTTCATCCCGCCACTTAAATCTTTGATATACGTTTCA
GGGGTAACATTTAAATTGACCATATTTAAAGCATTGATAATTAACGCATCCATGTCTTCAC
GTGGTACTTGTCTATTTTCTAAAACGAATGCAAGTTCTTCGTATACTTTTGGCATACAAAA
CTGGCTATCAGGGTCTTGGAAAATAACGCCACTTAATGGGTCAACGATTAGTTCATCATA
TTTCATAGGTAATTCAATTAATTAGGAACAATACCACTTAATACATTCAGAAGTGTACTT
TTACCGCAACCAGAAGGACCGAGTAAAAGTACTTTTTCTTTGTCTTGAATAGTGATATTTA
AATGATCGAAAATTTTACGCTGACCATTTGGATATTTAATCGTAAATCACTTACTTTTAA
CAC
```

> **ykoE**

Function: protein coding sequence; substrate-specific component of transporter for hydroxy-methyl-pyrimidine (core genome, constant)

Best match: ykoE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1056959:1057534:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 14872 ... 15448; Length: 576 bp

Sequence:

```
TTATAAGTTGTCGTAATCTTCTTTAGCAGCTGGTCTAAATAATTTTGTACGCCTGTCTTAT
CTAAAGCTTTTACTAAAAGGTAAGATAGGACGCCGCGACTACTGCACCACTAATTAATC
TAAATACGATGAATAATGTTAAGTTCCAACCTGCAACTTCATTTAAATAACCATAGAAAT
AATCTATAGGGAAAGCCGCGATTGCTGTACAAAACCTGCTAACATAGCTACCATAACTG
AACGAGATTGATATTTAAAAATTGCAAAGACAAGTTCACACGCTAAACCTTGTATGAAAG
CGTAAACGATTGTCGGAATATCGAAACGACCCATAATGATAGTTTTCGCCGGCACCTGCAG
CAAATTCAGCCAGTAAAGCAATACCTGGTTTTTGAATAATTAGATAGCAGACAATCGCTG
CCATGAACCAAACCCCGTTTGTAAATTGTTTCGAGGTGAAGGCCTGTAGCTTGCACACCAT
TGTAACAACAAACCACATAAATTGTAAATAACTGCGAATACTACTGAAATAAGTACGGTTA
CTAGTATTTTCAGATAGCTTTAAACCTTTTGACAT
```

> **TPP_riboswitch_L1**

Function: noncoding RNA thiamine pyrophosphate binding riboswitch/locus 1 (core genome, constant)

Best match: TPP_riboswitch_L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1057611:1057711:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 15524 ... 15625; Length: 101 bp

Sequence:

```
ATATGTATAGTAACACTTTTCTACGCTAGTTCAAGCTAGATCAGGTTCAAAGGGTTTGGAG
GGCAAGCCTCATCTCAGTATAAAAACACCCCTAGTGTGTGCG
```


> **graF**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: graF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1058055:1058189:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 16220 ... 16355; Length: 135 bp

Sequence:

```
TTAATTTAGTGTATCTTGGATATCTTGTTTTGTTTGATTAAATATCTTCTGTTTTTTCTTCTTT  
TTTATCTTTTAAATTTTTCTTCAACTTCTTTAGCTTTTTCTGCTGCTTTTTTATTTTGATTTTCA  
TTAGACAT
```

> **ywbD**

Function: protein coding sequence; S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase (core genome, constant)

Best match: ywbD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1060061:1061233]

Position: 026-contig_248_RC: 18226 ... 19399; Length: 1173 bp

Sequence:

```
ATGAAAATAGCAACTCTGAACAAAGGCCAAAGAAACAAAATATTTTAATGGATATCCTTTA  
ATTGAAGAAGAGGATATCTATTCACAAGATCATTTAAAAGAAGGAGATATTTTTCAAATT  
GTGACTGATAAATCACAATATGTTGCAACGGCTTATGTTGGTCGCCAACATAAAGGATTA  
GGTTGGGTTCTAACATACGATAAAGCTCAAGAAATCAACACAGCTTTCTTTGTGAAATTG  
TTAATACTGCATTAGCAGAACGTGATTATTATTTAATATAGATGGAACAAATGCTTTTA  
GATTATTTAATGCTGAAGGTGATGGTGTGGGGGATTAACAATCGACAATTACGATGGTC  
ATTTGTTGATTCAATGGTACTCAAAAGGTATTTATAAATTTAAATATGCCATTCTTGAAGC  
GGTTAGAAAAGTATTTGATTATAAATCTATTTACGAAAAGTAAGATTTAAAGACAGCGA  
ATATAGTGGTGGTTTTGTTGAAGGCGATGCACCTGAGTTTCCAATTGTTATCGAAGAAAA  
CTTCACATTTTATAATGTAGACCTTGAAGATGGTTTGATGACAGGTATCTTTTTAGATCAA  
AAAGAAGTGCGCAAGAAATTAAGGGGTCAATATGCCAAAGAACGCCATGTTTTAACTT  
ATTTAGTTATACAGGTGCTTTTTCTGTAATAGCAGCAAGTGAGGCATCTTCAACAACAAG  
TGTAGATTTGGCTAATCGTTCTCGTAGTTTAACTGAAGAAAATTTGGATTAAATGCTATT  
GATCCTAAATCCCAATATATTTATGTCATGGACACTTTTGATTTCTATAAATATGCTGCAC  
GACATGGACATAGTTATGACACGATCGTGATTGATCCACCTAGCTTTGCACGCAACAAAA  
AACGTACATTTTCAGTGCAAAAAGATTATGACAAATTAATTAATGGCGCCTTAAATATTT  
TATCATCTGAAGGAACATTATTGTTATGTACAAATGCAAGTGTATATCCATTAAGCAAT  
TTAAAAATACTATTA AAAAGACGCTTGAAGAGAGTGGCGTTGATTATGAATTA ACTGAAG  
TTATGGGATTACCAAAAAGATTTTAAAACGCATCCACATTATAAGCCATCTAAATATTTAA  
AAGCTGTTTTTGTAATATTAGACATTAA
```

> **ptsH**

Function: protein coding sequence; phosphocarrier protein HPr (core genome, constant)

Best match: ptsH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1061983:1062249]

Position: 026-contig_248_RC: 20148 ... 20415; Length: 267 bp

Sequence:

```
ATGGAACAAAATTCATATGTAATCATCGACGAGACTGGTATTCACGCTAGACCAGCAACA  
ATGTTAGTACAAACAGCTTCAAATTCGATTCTGATATTCAATTAGAATATAACGGTAAG  
AAAGTAAATTTAAAATCAATCATGGGTGTTATGAGCCTTGGTGTGGTAAAGATGCTGAA  
ATTACAATTTATGCTGACGGTAGTGATGAATCTGACGCCATTCAAGCAATCAGTGACGTC  
TTATCAAAGAAGGATTGACTAAATAA
```

> **ptsI**

Function: protein coding sequence; phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase (core genome, constant)

Best match: ptsI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1062252:1063970]

Position: 026-contig_248_RC: 20417 ... 22136; Length: 1719 bp

Sequence:

ATGTCTAAATTAATTAAGGTATTGCCGCATCTGATGGTGTGCGCAATTGCTAAAGCTTATT
TATTAGTTGAGCCAGACTTAACATTTCGACAAAAATGAAAAAGTCACTGATGTTGAAGGAG
AAGTTGCAAAGTTCAATAGCGCTATCGAAGCTTCTAAAGTTGAGTTAACTAAAATTAGAA
ATAATGCAGAGGTTCAACTAGGTGCTGATAAAGCTGCTATCTTTGATGCACATTTATTAGT
TTTAGATGACCCTGAATTAATTCAACCAATCCAAGATAAGATTAATAAATGAAAACGCTAA
TGCTGCTACAGCATTAAACGGATGTAACAACACAATTTGTTACAATTTTTGAATCTATGGAT
AACGAATACATGAAAGAACGTGCGGCTGATATTCGCGACGTTTCTAAACGTGTGTTATCA
CATATTTTAGGTGTAGAATTACCGAATCCGAGTATGATTGATGAAAGCGTTGTTATTGTA
GGGAATGACTTAACGCCATCTGATACTGCTCAATTAATAAAGAATTCGTACAAGGTTTT
GCTACAAACATTGGCGGAAGAACAAGTCACTCTGCAATTATGAGTCGTTCTTTAGAAATT
CCAGCAATTGTTGGTACAAAATCAATTACTCAAGAAGTTAAACAAGGCGACATGATTATC
GTAGATGGATTAATGGTGTATGTAATCGTTAATCCAAGTGAAGATGAGTTAATCGCTTAT
CAAGATAAACGTGAGCGTTATTTTGTGACAAGAAAGAATTACAAAACTACGTGATGCT
GATACTGTTACAGTTGATGGTGTTCACGCAGAGCTTGCTGCAAATATTGGTACACCTAAT
GATTTGCCAGGTGTTATTGAAAATGGTGCACAAGGTATCGGCTTATATAGAAGTGGTTT
TTATATATGGGTCGTGACCAAATGCCTACAGAAGAAGAACAATTTGAAGCTTATAAAGAA
GTATTAGAAGCAATGGGCGGTAAACGTGTTGTTGTACGTAAGTATAGATATAGGTGGAGAT
AAAGAATTATCATACTTAACTTGCCTGAAGAAATTAATCCATTCTTAGGTTACCGTGCG
ATTCGTTTATGCCTTGCGCAACAAGATATTTTCAGACCACAGCTACGTGCATTATTACGTG
CATCAGTTTATGGTAAGTTAAATATCATGTTCCCAATGGTTGCAACAATTAACGAATTTAG
AGAAGCTAAAGCTATATTATTAGAAGAAAAAGAAAACCTTAAAAATGAAGGTCATGACA
TTTCGGATGATATAGAATTAGGAATCATGGTAGAGATACCTGCAACAGCAGCATTAGCTG
ATGTCTTTGCTAAAGAAGTAGATTTCTTCAGTATCGGTACAAATGATTTAATTCAATACAC
ATTAGCTGCTGACCGTATGTCAGAGCGTGTATCATATCTATACCAACCATATAACCCTTCA
ATCTTACGTTTAGTTAAACAAGTTATTGAAGCGTCACATAAAGAAGGTAAATGGACAGGT
ATGTGTGGTGAAATGGCTGGAGATGAAACAGCTATTCCATTATTGCTTGGTTTAGGTTTA
GATGAGTTCTCTATGAGTGCAACGTCTATTCTGAAAGCAAGAAGACAAATTAATGGTTTA
AGTAAAAATGAAATGACTGAACTTGCTAACCGTGCAGTCGACTGTGCAACGCAAGAAGA
AGTTATTGAATTAGTTAACAACACTACGTAATAATAA

> **nrdH**

Function: protein coding sequence; glutaredoxin (core genome, constant)

Best match: nrdH_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1139211:1139444:r]RC (completely identical)

Position: 026-contig_248_RC: 22372 ... 22606; Length: 234 bp

Sequence:

TTAATCTTGGATATTTAATACTTTGTTGATTTTCATCAAGATCAACATGGTACATTGGATTG
CCATTCAACAAAATAAACGGAGTTGAAAAAGCATCAAAATCTATCATTTTCGTTTCGATAT
TGTTGATTGTTGATATTTCTCTCTTCAAATCAATTTGATGCTCATTTAGATAATTTTTTAC
AAATGTACAAGGTGGACAATCATTCTGCGTATAAACGATTATTTCTGACAT

> **cydA**

Function: protein coding sequence; cytochrome D ubiquinol oxidase subunit 1 (core genome, constant)

Best match: cydA_CC001_MSSA476_BX571857.1[1093424:1094785]

Position: 026-contig_248_RC: 22803 ... 24165; Length: 1362 bp

Sequence:

ATGGATACAGTTGAAATCAGTCGGTTTTTGACAGCTATGACTTTAGCAGTTCATATCATT
TTGCAACGATTGGTGTGGTATGCCTTAATGTTTCGCAATTGCAGAATTTTTAGGTATTTCG
CAAAAATGATCTTCAATATATAGCTATGGCCAAAAGGTGGGCTAAAGCTTATACAATTAC
TGTAGCAGTGGGAGTTGTTACAGGTACAATTATAGGACTTCAATTATCATTGATTTGGCCT
ACTTTTATGGAAATGGGTGGACACGTTATTGCACTTCCATTATTTATGGAAACATTTGCGT
TCTTCTTTGAAGCTATTTTCTTAAGTATATATTTATATACTTGGGACCGTTTTAAAAATAA
ATGGACACATTTCTTAATTAGTATACCAGTAATTTTTGGTGGCTCTTCTCAGCATTCTTCA
TTACTTCAGTGAATTCATTTATGAATACGCCTGCAGGTTTTGAGTTGAAGAATGGAAAGA
TGGTCAATGTTCAACCTATAGAAGCGATGTTTAACCCATCGTTTATAGTTTCGATCATTTC

CGTAATTACTACAGCCGGTATGACGATGGCATTGTTATTGCATCAATAGCAGCTTTTAA
TTATTGCGTAATCGTCAACCTAAAGATACTGTCTACCATAAGAAAGCTTTGAAAATGTCT
ATGATAGTTGGATTCTTTTCAACTTTACTTTCTATGTTGGCAGGGGATTTATCTGCAAAT
TTTTGCATAAATCCAACCTGAAAAATTAGCAGCTTATGAATGGCATTTCGATACATCTTC
CCATGCTAAATTATTATTATTTGGTGTGTTAGATGAAAAGACTCAGCAAGTTAAAGGTGC
GATTGAATTACCTGGACTATTGAGTTTCTTAGCAGATAAATAGTGTCAAACTAAAGTGCA
AGGGTTAAATGATTTTCCAAAAAGTTTACATCCGCCTATGATTGTCCATTATTTCTTTGAT
TTAATGGTAACGATGGGAATTTTATGTTTTGTCATTTCAGGTGTTTATGTTTTAACTTTAAT
GTTTTAAAAGCTTAGAAAAGTTTCTACTCATAAATGGATGCTTTACGGAATATTATTAACA
GGACCAGCTTCAATGCTAGCTATAGAATTTGGATGGTTCTTAACAGAGATGGGTAGACAG
CCTTGGATTGTTTCGTGGTTATATGCGCGTGGCAGAAGCAGCAACACAAGCAGGCGGAATA
ACCTTCGTTACAATTTTATTTGGCATATTGTACATCATTTTAAATGTATACATGTGCATACGT
ATTAATTCGTATGTTTTAAAAATAAACCGGCGTATGAAGATGTAAATCGTTTAGCCAAGAA
GCAAGGAGGAGAAATAGAAAAATGA

> **cydB**

Function: protein coding sequence; cytochrome D ubiquinol oxidase subunit 2 (core genome, constant)

Best match: cydB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1065996:1067015]

Position: 026-contig_248_RC: 24161 ... 25181; Length: 1020 bp

Sequence:

ATGATTTATGCATTTATAGGTATAACAGTGTATGGTTGTTTTATTTTGCATATATCATTAT
TGCTTCTATAGATTTTGGGGCAGGTTTCTTCGCATTGCATTCAAAGTTAACTGGTGATGAA
AAGAAAATTAATCACTTAATTTACGTTATTTGAACCCAGTTTGGGAAGTTACGAATGTA
TTCTTTGTTTTCTTCTTCGTAGGATTTCGTAGGTTTCTTCCAGAGTCAATCAAATATTTAGG
CACGGTATTGTTAATACCAGGTTCAATAGCACTGATTATGATATCATTGAGAAACAGTTTT
TATGCATTTGAAAATTATGGTCAAGATACAAAATTAGCATGGATGATCATGTATGGGGTA
AGTGGATTATTAATTCAGCTTCATTATCTACTGCTTAACTATTACAGAAGGTGGCTATA
TTAATGTTTCGAAACAATGTTATCGATCTAGATTGGGTGCAGTACTATTAAGCCCATTTGC
TTGGTCTGTAGTATTCTTGGCAATTATTTAGTTTTATATATTTTCATCAGGATTTTTGACAT
ATTATGCTAAAAAAGCAAATGACGAACCAGCATATAATTTAACAAGACAATGGCACATA
TTTTTAGGGCCGCGGATGATTATCATTGTTTATTTCGTATTTCTATCATTACGCATTCAAAA
TTCTGAACATTTTTATTCAGCTGTTTTGACTATTGGTGGATGTTTGCATATAAGTTTCTTAT
TCTTGCATTAGCTTCATTGTTAACATTCCTTAAGAAAAACATGGTTTGGCTTTTGTATT
GTTATTTTACAAATGATGTTTCGCGTTCCTTTGGCTATGGAATTAGTAAATTGCCATACCTTT
TATATCCGTTTGTAATAATTACAGATGCATATGTTAATCCAGAAATGGGCTGGACATTAG
TGATTGTCTTTATTTAGGTTTACTTTTATTACTTCCATCGTTAATATTATTATTAAGATTA
TTTGTTCGACAAAGAATATGTTGAAGGAAAGAAATCATAA

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC093_JKD6159-ST93_CP002114.2[1411399:1411438:r]RC

Position: 027-contig_249: 0 ... 30; Length: 30 bp

Sequence:

AAAAGCTTGTTACAAGCGCATTTTCGTTCA

> **rnjA**

Function: protein coding sequence; ribonuclease J1 (core genome, constant)

Best match: rnjA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1143060:1144757:r]RC

Position: 027-contig_249: 168 ... 1866; Length: 1698 bp

Sequence:

TTATTTATTGTTTGATTCTTTTTGTTTCGTTTACCTTCATAATGACTGGTAAAATCATTGGTT
TTCTAGCTGTTTTTCAAATAAATAAGGTTGTAATGTTTCAATGATAGAAGATTTAATCTG
ATGCCATTGAATATCTTTATTTGATTAACTTACTAATAACATCAGTTTTGATTTTGCCTT
GTGCATCATAAATTAATTGACCTGATTCCTCATATATACAAATCCTCGAGAAATAATGTC

TGGACCAGAAAGTAATTTATTTGTATTAAAATCAATACTAACAACAACGATAACTAAACC
TTCTTCAGATAAATAGCTTACGGTCTCTTATTACAACATTACCGATATCACCGATAACCACTA
CCATCAACAAGTACATTACCAGATGGAATGCGACCAGCTTTACGTGCTGAATCGTGTGTT
AAAGCTAAGACATCTCCAATATCAAAGATGAAGACATTATCTTCTTCAACGCCGCATTCA
ACACCAGTCTCACCATGTGCTTTTAAACATACGGTATTCACCATGAATAGGTAAGAAATAT
TTCGGCTTGATTAATCGAAGCATTAAATTGTTGATCACCTTGAGAACCATGCCCTGAAGTAT
GGATGTTAGAAATCTTGCTATGGATAACATCTGCACCAGCTTTATACAAGGAATTAATAG
TTCTGTTAATACTTTTTGTATTACCTGGGATAGGTGATGAACTAAATACAACGGTATCTTC
AGGTATAATTTTAATTTGCTTATGAGTACCATTAGCAATTCTAGATAATGCTGCCATTGGT
TCACCTTGTGAACCAGTACACAGTATCAATAACTCATGCTTCGGTACGGTATTAATTTTAT
TAGGTTCAATAAATGTTTCAGGTGGTGTCTTAATATAACCAAGTTCATACCGATTTTAAAT
ATTGTTTTCCATCGAACGACCGAACGTAACAATTTTACGGTATTTTTGATAGCAGCTTCA
ACTGCTTGTGAACTCGGTAAATATTAGAAGCGAAGGTAGCAAATATAATACGACCTTTA
CAATTACGGAAGATCTTATCTACGTTTTGACCAACTTCACGTTTCGCTTAAAGTAAAATCAG
GCACAAGTGAATTTGTTGAGTCTGAAAGTAAACATAGAACGCCCTTCTTCGCCTAATTGAG
CCATTTTAGCAATGTTTGCTGGTTTTGCCTACAGGTGTAATAATCAAATTTAAAGTCACCGGT
ATGAACTACTTTTCTTCAGGTGTATCTACGATGACGCCATAAGTTTCAGGAATACTATGC
GTAGTTAAGTAGAAAGAAATCGTAAAGTGCTTAGATTTAATCACACTGTCCTCATTGATT
TCATTTAGTTTAGCAGTACGTAATAAATGATGTTCTTCAAGTTTATTACGGATTAACCTA
ATGCTAAAGGACCACCATAAATAGGTATATTAAGTTGTTTTAATAGGAAGGGCACACCGC
CTATATGGTCTTCGTGACCATGTGTTATAAATAGGCCAACAAATTTTATCTTGGTTTTGAAC
TAGATATGTGTAGTCAGGTATAACATAATCAATCCCTAATAAGTTATCATCAGGGAATTT
GATACCTGCATCGATAATGACAATTTCTGCTTTATACTCAACTGCATAAGTATTTTTACCG
ATTTACCTAGACCTCCAAGTGCATATACACCTACTTCATTTGGATGTAATTGTTTCAT

> def1

Function: protein coding sequence; peptide deformylase (core genome, constant)

Best match: def1_CC001-ST772_118_AJGE0100009.1[193196:193747:r]RC (completely identical)

Position: 027-contig_249: 2565 ... 3117; Length: 552 bp

Sequence:

TTAAACTTCTACTGCATCTGTATGTGGTTGTAATGGGTGGTCTTTGTCAATGTGATCATAG
AACATTACACCATTTAAATGATCAATTTTCATGTTGGAAAACAATTGCTGGATATCCTTTTA
GTCGTAATTGTATATCATTACCTTCGATGTCTTTGGCTTTAATTGTAATTCTATTATGACGG
TGAAGTAGACCAGCAACATTATCATCGACACTAAGGCAACCTTCACCAGTTGGTAAATAA
GCTTCTTGAACGCTATGACTTACAATTTTTGGGTTTACAAGCATATAGTCATAAGATTTGC
CACTGCCATCATCTGGTATTTAAAACAGCAATCATAACGTTTAGAAATATTAATTTGAGGTG
CAGCCAAACCAACGCCTGAACGTAACCATATCGTTTCGCGATTTCTCCTCATCTTGACTATT
TACTAAAACTCTCTCATGGCGATTAATGTTTCTTTTTCTTCTTTAGTTAATGGTAATTCTA
ACTCAGCTGCTTTTTGACGCAAAGTTGGATGACCATCTCTAATGATGTCTTTCATTGTTAA
CAT

> pdhA

Function: protein coding sequence; pyruvate dehydrogenase E1 component/alpha subunit (core genome, constant)

Best match: pdhA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1072269:1073381] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 4278 ... 5391; Length: 1113 bp

Sequence:

ATGGCTCCTAAGTTACAAGCCCAATTCGATGCAGTAAAAGTTTTAAATGATACTCAATCG
AAATTTGAAATGGTTCAAATTTTGGATGAGAATGGTAACGTCGTAATGAAGACTTAGTA
CCTGATCTTACGGATGAACAATTAGTGGAAATTAATGGAAAGAATGGTATGGACTCGTATC
CTTGATCAACGTTCTATCTCATTAAACAGACAAGGACGTTTAGGTTTCTATGCACCAACTG
CTGGTCAAGAAGCATCACAATTAGCGTCACAATACGCTTTAGAAAAAGAAGATTACATTT
TACCGGGATACAGAGATGTTCCCTCAAATTTTGGCATGGTTTACCATTAAGTGAAGCTTT
CTTATTCTCAAGAGGTCACTTCAAAGGAAATCAATTCCTGAAGGCGTTAATGCATTAAG
CCCACAAATTATTATCGGTGCACAATACATTCAAGCTGCTGGTGTTCATTTGCACTTAAA

AAACGTGGTAAAAATGCAGTTGCAATCACTTACACTGGTGACGGTGGTTCTTCACAAGGT
GATTTCTACGAAGGTATTAACCTTGCAGCAGCTTATAAAGCACCTGCAATTTTCGTTATTC
AAAACAATAACTATGCAATTTCAACACCAAGAAGCAAGCAAACCTGCTGCTGAAACATTA
GCTCAAAAAGCAATTGCTGTAGGTATTCCTGGTATCCAAGTTGATGGTATGGATGCGTTA
GCTGTATATCAAGCAACTAAAGAAGCACGTGACCGCGCAGTTGCAGGTGAAGGTCCAAC
ATTAATTGAACTATGACATATCGTTATGGTCCTCATAACAATGGCTGGTGACGATCCAAC
TCGTTACAGAACTTCAGACGAAGATGCTGAATGGGAGAAAAAAGACCCATTAGTACGTTT
CCGTAAATTCCTTGAAAACAAAGGTTTATGGAATGAAGACAAAGAAAATGAAGTTATTG
AACGTGCAAAAGCTGATATTAAGCAGCAATTAAGAGGCTGATAACACTGAAAAACAA
ACTGTTACTTCTCTAATGGAAATTATGTATGAAGATATGCCTCAAACTTAGCAGAACAA
TATGAAATTTACAAAGAGAAGGAGTCGAAGTAA

> **pdhB**

Function: protein coding sequence; pyruvate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: pdhB_AF235026.1[32:1009]

Position: 027-contig_249: 5394 ... 6372; Length: 978 bp

Sequence:

ATGGCACAAATGACAATGGTTCAAGCGATTAATGATGCGCTTAAACTGAACTTAAAAAT
GACCAAGATGTTTTAATTTTTGGTGAAGACGTTGGTGTAAACGGCGGTGTTTTCCGTGTTA
CTGAAGGACTACAAAAAGAATTTGGTGAAGATAGAGTATTCGATACACCTTTAGCTGAAT
CAGGTATTGGTGGTTAGCGATGGGTCTGCAGTTGAAGGATTCCGTCCGGTTATGGAAG
TACAATTCCTAGGTTTCGTATTTCGAAGTATTTGATGCGATTGCTGGACAAATTGCACGTAC
TCGTTCCGTTTCAGGCGGTACTAAAACCTGCACCTGTAACAATTCGTAGCCATTTGGTGGT
GGCGTACACACACCTGAATTGCACGCAGATAACTTAGAAGGTATTTAGCTCAATCTCCA
GGTCTAAAGGTTGTTATTCCTTCAGGCCATACGATGCGAAAGGTTTATTAATTTCTTCTA
TTAGAAGTAATGACCCAGTCGTATACTTGGAGCATATGAAATTGTATCGTTCATTCCGTG
AAGAAGTGCCTGAAGAAGAATATACAATTGACATTGGTAAGGCTAATGTGAAAAAAGAA
GGTAATGACATTTCAATCATCACATACGGTGCAATGGTTCAAGAATCAATGAAAGCTGCA
GAAGAAGTTGAAAAAGATGGTTATTCTGTTGAAGTAATTGACTTACGTACTGTCCAACCA
ATCGATGTTGACACAATTGTAGCTTCAGTTGAAAAACTGGTCGTGCAGTAGTAGTTCAA
GAAGCACAAACGTCAAGCTGGTGTGGTGCAGCAGTTGTAGCTGAATTAAGTGAACGTGCA
ATCCTTTCATTAGAAGCACCTATTGGAAGAGTTGCAGCAGCAGATACAATTTATCCATTC
ACTCAAGCTGAAAATGTTTGGTTACCAAACAAAAATGACATCATCGAAAAAGCAAAAGA
AACTTTAGAATTTTAA

> **pdhC**

Function: protein coding sequence; dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (core genome, constant)

Best match: pdhC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1074453:1075745]

Position: 027-contig_249: 6462 ... 7755; Length: 1293 bp

Sequence:

GTGGCATTGAAATTTAGATTACCCGATATCGGGGAAGGTATCCACGAAGGTGAAATTGTA
AAATGGTTTTGTTAAAGCTGGAGATACTATTGAAGAAGACGATGTTTTAGCTGAGGTACAA
AACGATAAATCAGTAGTAGAAATCCCATCACCAGTATCTGGTACTGTAGAAGAAGTTATG
GTAGAAGAAGGTACAGTAGCTGTAGTTGGTGACGTTATTGTTAAAATCGATGCACCTGAT
GCAGAAGATATGCAATTTAAAGGTCATGATGATGATTATCATCTAAAGAAGAACCCTGCG
AAAGAGGAAGCGCCAGCAGAGCAAGCACCCGTAGCTACTCAAACCTGAAGAAGTAGATGA
AAACAGAAGTGTAAAGCAATGCCTTCAGTACGTAAATACGCACGTGAAAAAGGTGTTA
ACATTAAGCAGTTTCTGGATCTGGTAAAAATGGTCGTATTACAAAAGAAGATGTAGATG
CATACTTAAATGGTGGTGCACCAACAGCTTCAAATGAATCAGTTGCTTCAGCTACAAGTG
AAGAAGTTGCTGAAACTCCTGCAGCACCTGCAGCAGTAACATTAGAAGGCGACTTCCCAG
AAACAAGTGAAAAAATCCCTGCTATGCGTAGAGCAATTGCGAAAGCAATGGTTAACTCTA
AGCATACTGCACCTCATGTAACATTAATGGATGAAATTGATGTTCAAGCATTATGGGATC
ACCGTAAGAAATTTAAAGAAATCGCAGCTGAACAAGGTAAGTTAACATTCTTACCTT
ATGTTGTTAAAGCACTTGTCTGCATTGAAAAATACCCAGCACTTAACACTTCATTCAA

TGAAGAAGCTGGTGAATCGTTCATAAACATTACTGGAATATCGGTATTGCAGCAGACAC
TGATAGAGGATTATTAGTACCTGTTGTTAAACATGCTGATCGTAAGTCTATTTTCCAAATT
TCAGATGAAATTAATGAATTAGCTGTAAAGCACGTGATGGTAAATTAACAGCCGATGAA
ATGAAAGGTGCTACATGCACAATCAGTAATATCGGTTGAGCTGGTGGACAATGGTTCCT
CCAGTTATCAATCACCCAGAAGTAGCAATCTTAGGAATTGGCCGATTGCTCAAAAACCT
ATCGTTAAAGATGGAGAAATTGTTGCAGCACCAGTATTAGCATTATCATTAAGCTTTGAC
CACAGACAAATTGATGGTGCAACTGGCCAAAATGCAATGAATCACATTAACGTTTATTA
ATAATCCAGAATTATTATTAATGGAGGGGTAA

> **pdhD**

Function: protein coding sequence; dihydrolipoyl dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: pdhD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1075749:1077155] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 7758 ... 9165; Length: 1407 bp

Sequence:

ATGGTAGTTGGAGATTTCCCAATTGAAACAGATACTATAGTAATCGGAGCAGGTCCTGGT
GGATACGTTGCAGCAATTCGTGCAGCTCAATTAGGACAAAAAGTAACAATCGTTGAGAA
AGGTAATCTTGGTGGTGTGTTGCTTAAACGTAGGATGTATTCCTTCAAAGCATTACTACAT
GCTTCTCACCGTTTTGTTGAAGCACAACTTCTGAAAACCTTAGGTGTTATTGCTGAAAGTG
TTTCTTTAAACTTCAAAAAGTTCAAGAATTCAAATCATCAGTTGTTAATAAAATTAAGTGG
TGGTGTGAAAGGCTTACTTAAAGGTAACAAAGTTAACATCGTTAAAGGTGAAGCATATTT
CGTAGATAACAATAGCTTACGTGTTATGGACGAAAAGAGCGCACAAACATAACAACCTTTA
AAAATGCAATCATTGCAACAGGTTCAAGACCAATTGAAATTCCTAATTTCAAATTCGGTA
AACGTGTTATCGACTCAACAGGTGCTTTAAACTTACAAGAAGTACCAGGTAATAGTTG
TAGTTGGTGGAGGATACATTGGATCAGAATTAGGTACAGCATTGCTAACTTTGGTTCAG
AAGTAACCATCCTTGAAGGTGCTAAAGATATCTTAGGTGGCTTCGAAAAACAAATGACAC
AACCTGTTAAAAAAGGTATGAAAGAAAAAGGTGTTGAAATCGTTACTGAAGCTATGGCT
AAATCAGCTGAAGAAACAGATAACGGAGTTAAAGTTACTTATGAAGCTAAAGGCGAAGA
GAAAACAATCGAAGCTGATTATGTATTAGTAAGTGTAGGTGCTCGTCCAAACACAGACGA
ATTAGGCCTAGAAGAATTAGGTGTTAAATTCGCTGACCGTGGATTATTAGAAGTTGATAA
ACAAAGCCGTACGTCTATCAGCAATATCTATGCAATTGGTGATATCGTTCCAGGTTTACC
ACTTGCTCACAAGCTAGCTATGAAGCTAAAGTTGCTGCTGAAGCAATTGATGGTCAAGC
TGCTGAAGTTGATTACATTGGTATGCCAGCAGTATGCTTTACTGAACCAGAATTAGCTAC
AGTTGGTTATTCAGAAGCGCAAGCTAAAGAAGAAGGTTTAGCAATTAAGCTTCTAAATT
CCCATATGCAGCAAATGGTCGTGCATTATCATTAGATGATACTAACGGATTTGTTAAACTT
ATTACACTTAAAGAAGATGATACTTTAATCGGTGCTCAAGTAGTTGGTACTGGTGCATCA
GATATTATCTCTGAATTAGGTTTAGCAATTGAAGCTGGTATGAATGCTGAAGATATCGCA
TTAACAATCCATGCACATCCAACATTAGGTGAGATGACTATGGAAGCAGCAGAAAAAGC
TATCGGATACCCAATCCATACAATGTAA

> **potA**

Function: protein coding sequence; spermidine/putrescine import ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: potA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1078294:1079388]

Position: 027-contig_249: 10303 ... 11398; Length: 1095 bp

Sequence:

TTGGAACCGTTATTATCATTAAAATCAGTTAGTAAAAGCTACGATGATCTTAATATCTTAG
ATGACATAGATATTGATATTGAATCAGGATACTTTTATACATTATTAGGTCCTTCAGGTTG
TGGTAAAACAACAATTTTAAAATTAATTGCAGGGTTTGAATATCCTGACAGTGGTGAAGT
GATTTATCAAAAACAAACCAATTGGTAATTTACCACCAAATAAACGTAAGTGAATACAGT
CTTTCAAGATTATGCATTATTTCCACACTTAAACGTCTATGATAATATCGCTTTTGGTTTG
AAATTAAAAAAATTATCAAAAACCGAAATTGATCAAAAAGTAACTGAGGCATTAATAATT
AGTAAAACCTTTCAGGTTATGAAAAAAGAAATATTAATGAAATGAGTGGCGGACAAAAGC
AACGTGTTGCAATTGCACGTGCTATCGTAAATGAACCAGAAATATTATTGTTAGATGAAT
CTTTATCCGCATTAGATTTGAAATTGCGTACTGAAATGCAATATGAATTACGAGAATTGC
AATCTAGATTAGGTATTACATTTATTTGTAACACATGATCAAGAAGAAGCGTTAGCAT

TAAGTGACTTTCTTTTTGTATTAAAAGATGGGAAAATTCAACAATTTGGCACACCAACAG
ATATATATGACGAACCAGTGAATCGATTTGTAGCTGATTTTATTGGAGAATCTAATATTGT
TGAAGGGCGCATGGTTAGAGATTATGTCGTGAATATTTATGGGCAAGATTTCGAATGTGT
CGATATGGGTATTCCTGAAAATAAAAAAGTAGAAGTCGTTATTCGACCAGAAGATATATC
ATTAATCAAAGCTGAAGAAGGATTATTTAAAGCAACTGTTGATTCTATGTTATTTAGAGG
GGTCCACTATGAAATATGTTGTATAGACAATAAAGGTTATGAATGGGTAATACAAACGAC
TAAAAAAGCTGAAGAAGGCAGTGAAGTTGGTCTTTATTTTGATCCTGAAGCCATTCATAT
TATGGTTCCTGGAGAAACAGAAGAAGATTTGATAAACGTATTGAAAGCTATGAGGAAG
TAGACAATGCGTAA

> **potB**

Function: protein coding sequence; spermidine/putrescine ABC transporter (core genome, constant)

Best match: potB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1079381:1080178]

Position: 027-contig_249: 11390 ... 12188; Length: 798 bp

Sequence:

ATGCGTAATACTAATAAATTTCTCTTAATCCCGTATTTACTATGGATGGTTATATTTATTAT
TGTACCAGTTGTATTACTCATTTATTTTTCATTTTAGATATCAATGGACATTTTAGTTTCA
CGAATTATCAACAAATTTTACTACAAAATATTTGAAAATGTTTGCATATTCAATTTTATA
TGCCGCTTTAATAACAATTATTACCTTGACTATCAGTTATCCAGCTGCCTATTATATTACT
CGTTCGAAATTTCAAATATCTTATTAATGATAATGATTATTCCAACATGGATAAATTTAT
TGTTAAAGACATATGCTTTTATAGGTTTATTAAGTCATGATGGCGTGATTAATCAATTTTT
CCACTTATTTAATTTACCATCATTCAATTTGTTATTTACAACCTGGTGCCTTTTTAGTAGTGG
CAAGTTACATTTATATAACCATTTATGATTTTACCTATATTTAATAGCATGAAAGCAATTCC
TAATAATTTATTGCAGGCCTCAAGTGATTTAGGTGCTAGTCCTTTCTATACTTTTAGAAAA
GTAATCATGCCGTTAACAAAAGAAGGTGTTATGACTGGAATTCAAGTAACCTTTATTCCA
TCACTTTCAATTATTTATGATTACAAGATTAATTGCAGGTAATAAAGTCATAAATATAGGTA
CGGCAATAGAGGAACAATTTTAAACAATTCAAATTTATGGTATGGGATCAACTATAGCTA
TATTCTTAATTGTATTTATGGCATTCAATTTAATCATTACAAAATCATCTAATGGGAGAGG
GTGA

> **potC**

Function: protein coding sequence; spermidine/putrescine transport system permease (core genome, constant)

Best match: potC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1155085:1155894] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 12193 ... 13003; Length: 810 bp

Sequence:

ATGAAATGGTATGGAAAGCTGTATATCGGGATACTTTTAGCGATTTTATACATCCCAATA
TTCTTTTTAATGTTCTATTCAATTCGGCTGGTAATATGATTCACCTTTGAACATTTTAC
ATTAGAGCATTATCAATCATTATTTCAAATGATCATTAAATGTCGGTCATTTTAAATACG
ATAGCTGTAGCACTTTTAGCAGCCTCAATTTCTACAGTTATTGGTACATTTGGTGCCATTG
CTATTTATTATTTAAGAAATAAAAAGTTTAAAGTAACTTTACTAACATTGAATAATGTCTT
GATGGTATCATCCGACGTTGTCATAGGTGCATCATTCTTAATTATGTTTACAACGATTGGC
CATTTTACTGGTCTTGGTTTAGGATTTTGGACAGTTCTAATATCTCATATTGCATTTTGCAT
ACCTATAGTTGTGATTATCGTCTTACCACAACCTGTATGAAATGAATAATAATATGTTAAAT
GCTGCAAGAGATTTAGGAGCGACTGAACCACAATTATTAAGCAACATTATTATTCCTAAT
ATTTTACCTTCTATTATAGGAGGTTTCTTTATGGCTTTAACTTATTCACTAGACGATTTTAC
AGTAAGTTTCTTCGTTACTGGTAATGGCTTTAGTGTGTTATCAGTTGAAGTTTATGCTATG
GCGAGAAAAGGAATTAGTATGGAAATTAATGCGATTTCAACATTATTGTTTGTCTGTTATT
GTATTAGGAATACTAGGATATTATTTGATTCAATACGTGATAAATAAGAAAAAACTAATC
AAGCGAGGTGTAAAATAA

> **potD**

Function: protein coding sequence; ABC transporter extracellular binding protein (core genome, constant)

Best match: potD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1080993:1082066] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 13002 ... 14076; Length: 1074 bp

Sequence:

```
ATGAAACGTTTTTTACAACCTCATTATAGGTGCATTAGTTGTGGGTATGCTTTGTCTTACTTT
AAGTCATTGGTTTAAATCTAAAGAACAAGTGCATACAAATCAAAAAATTTACGTATACAA
TTGGGGCGAATATATTGATCCAGAGTTAATTAAGAAATTTGAAAAAGAACTGGCATTCA
AGTCGTTTATGAAACTTTTCGATTCAAATGAAGCGATGGAAGCCAAAATTCGCAATGGCGG
TACACATTATGATGTTGCTTTTCCTAGTGAATATACAGTTCAAAAATTGAAAAGAGATCA
TTTATTGTTACCAATAGATCATAATAAGGTACCTAATATTAATAAATTTAGATTTCAGATTAT
ATGAATATGTCATTTGATAGAGGCAATAAATATTCTTTACCTTATTTCTTTGGAAGTGTAG
GTATTTTATATAATAAAGAAAAGTATCCAAATGAATCATTGATAGTTGGAAGTCATTGT
ATAATCCTAAATTTAAAAACCAAATTTTACTAGTTGACGGTGCTAGAGAGATTATAGGCA
TGAGTTTGAATAAACTTTGGGTATAATCTTAATGACCGTAATTCGCACCATTTAAAAGAAG
CAGAGCGAGATTTAACCAAAGTAGCACCACAAGTAAGAGGGTGTTCGTAGGTGATGAAATT
ACCATGATGCTTCAACAAAATGAAGGTAACATAGCGGTTGTTTGGAGTGGTGTTCAGCA
CCTCTAGTGCAAGAAGGGGATAAATAAATTATGTTATTCCTAAAGAAGGATCGAATTTA
TGGTTCGACAATATGGTAATTCAAAAACGGCACAAAATAAAGAGGGTGCATATAAATTT
ATGAATTTTTTATTAGATGCTAAAAATAACAAGCAAAATACAGAATTCGTAGGCTATGCA
ACGCCAAACAAGGCTGCTCGACAATTGTTGCCTAAAGAGATTAAAGACGACCATCGTTTT
TATCCGACTAAGAAAGAGCAAGAACGCCTTGAAGTTTATAAAGATTTAGGACCTGAAGTT
TTAAGTGAATACAATGAAAACCTTTTTGAATTTCAAAAATGTCATTAATAAATAA
```

> **mntH**

Function: protein coding sequence; manganese transport protein (core genome, constant)

Best match: mntH_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[206581:207933:r]RC (completely identical)

Position: 027-contig_249: 15950 ... 17303; Length: 1353 bp

Sequence:

```
TTAACTTTGTAGTTCTTGGAAATGTTTGAACGATTAATAGACATTTAAAATACTTAGAATA
ATAATAAGTGTCCATGAAATGATATTAACCCATGTTTTATTATAGAAAGGTCCCATCAAG
TCTTTATTACTAGTAGCTAATTGTAATGGTATTAACAGAATGGCAGAGCAATACTTAAA
AATACTTGAGAGAATACAAGTAGTTGCTCAATTTTAGCTGCATTACCTTTAAAATGATT
AAGCATACGATAACAGGAATGACAGCAAGGGAACGTGTAATTAACGTCTTAACCAATT
TGGTATGTGTAATCTTAAAATCCTTCCATTACAATTTGTCCTGCTAAAGTACCAGTAATC
GTTGAATTTTGACCTGACGCTAATAATGCAACTGCAAATAATGTACTCATGATTGCACCC
ATTGTTGCACCTAGTACAGGTTTCAGTTTTTAAGGCGTGATATAAATCATAGAAACCACCT
AAATCGTCAGCATTTGAGTTGAAAAATAGTGATGCTCCTAACACTAATAATAAGCAATTG
ACTACAAATGCGATTGATAACTGAATGTTGCAATCTATCGTAGCAAATTTAATCGCTTGC
GCCTTTTCTTCATTGTTATGTCTTGAGTATGTTCTAGATTGTACAATTGATGAATGTAAGT
ACAAATTATGAGGCATAATTGTAGCGCCAATAATACCTAATGCAATATAGAGAATGCCGT
TATTTGTAATGATTTCACTATGTGGTATAAATCCATTTAACACAGCATTCAACTGTGGTGA
TGAAATATAGACTTCAAATATAAAGATGAATAACACTGTGAAAATTAATGTACCAACAAT
AGCTTCAATTTTTCTAAAACCATATTTTATTATAAATAGTAGTAAAAATACATCAAGTACA
GTTATTAGTGCACCGACGATTAAAGGTATGTTAAATAGGAGATTAAGAGCAATAGCACTA
CCAATAACCTCAGCAATATCTGTAGCGATAATTGCTAGTTCTGCAATGATCCAAAAGATT
ATAGCAATAGGTCTTGATAAATAATGTCGTGTCATTTGAGCTAAGTCCATACCTGTTGCTA
TTCTAATCTCACTGTCATGCTTTGAAGTAACATTGCTGATAAACTTGAATAAAGAATTAC
GAATAGCAAAGTATAGCCATATTGGGCGCCACCTTGCATTGATGTTATCCAGTTTCCGGG
ATCCATGTAACCAACAGCGACTAATAACCCAGGTCCAAGAAATGATAAAAATTTCTGTTT
ATTTGAACTGCGATGATCGAATTTAATTGTATTGTTTATTTCTGCTAAACTTAATTGTTTCA
TTGTTGAATGTCGTTTATTATTCAT
```

> **typA**

Function: protein coding sequence; GTP-binding protein (core genome, constant)

Best match: typA_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[210163:212010] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 19532 ... 21380; Length: 1848 bp

Sequence:

```
ATGACTAATAAAAGAGAAGATGTCCGCAATATAGCAATTATTGCTCACGTTGACCATGGT
AAAACAACCTTTAGTAGATGAGTTGTTAAAACAATCTGGTATATTCAGAGAAAATGAACAT
GTCGATGAACGTGCAATGGACTCTAACGATATCGAAAGAGAGCGTGGAATTACGATTCTA
GCCAAAATACGGCTGTTGATTATAAAGGTACACGTATTAATATTTTGGATACACCAGGA
CATGCAGACTTTGGTGGAGAAGTAGAACGTATTATGAAAATGGTTGATGGGGTTGTCTTA
GTAGTAGATGCGTATGAAGGTACAATGCCTCAAACACGTTTTTGTACTTAAAAAAGCGCTA
GAACAAAACCTGAAACCTGTTGTTGTTGTTAATAAAAATTGATAAACCATCAGCACGTCCA
GAGGGTGGTGTAGATGAAGTTTTAGATTTATTTATTGAATTAGAAGCAAACGATGAACAA
TTAGAATTCCTGTTGTTTATGCTTCAGCAGTAAATGGAACAGCTAGCTTAGATCCTGAAA
ACAAGATGATAATTTACAATCATTATATGAAACGATTATTGATTATGTACCAGCTCCAA
TTGATAACAGTGATGAGCCATTACAATTCCAAGTAGCATTGTTGGACTACAATGATTATG
TTGGACGTATTGGTATTGGTCGTGTATTACAGAGGTAATAATGCGTGTCCGAGATAATGTAT
CACTAATTAATTAGACGGTACAGTGAAAACTTCCGTGTAATAAAATCTTTGGTTACT
TTGGATTAAAACGTTTAGAAAATTGAAGAAGCACAAAGCTGGAGATTTAATTGCTGTTTCAG
GTATGGAAGACATTAATGTTGGTGAACCTGTAACACCACATGACCATCAAGAAGCATTGC
CAGTTCTACGTATTGATGAGCCTACTCTTGAAATGACATTTAAAGTTAACAATTCTCCATT
TGCTGGCCCGTGAAGGTGACTTTGTAACAGCACGTCAAATTCAGAACGTTTAAATCAACA
ATTAGAAACAGATGTATCTTTGAAAGTTTCTAACACAGATTCTCCAGATACATGGGTAGT
TGCTGGTTCGCGGTGAATTGCATTTATCAATCCTTATTGAAAATATGCGTTCGTGAAGGTTAT
GAATTACAAGTTTCAAACCACAAGTAATTATTAAGAAAATAGATGGTGTAAATGTGTGAA
CCATTTGAACGTGTGCAATGTGAAGTGCCACAAGAAAATGCAGGTGCTGTTATTGAATCA
TTAGGTGCACGTAAAGGTGAAATGGTTGATATGACTACAACCTGATAATGGACTTACACGT
TTAATCTTTAATGTACCGGCTCGTGGTATGATTGGTTATACGACTGAATTTATGTCAATGA
CAAGAGGTTACGGTATTATTAACCATACATTTGAAGAATTTAGACCACGTATTAAGCAC
AAATTGGCGGTTCGTGTAATGGTGCATTAATTTCAATGGATCAAGGTTCTGCAAGTACTT
ATGCCATTTTGGGACTTGAAGATAGAGGTGTAACCTTCATGGAACCTGGTACTGAAGTTT
ATGAAGGTATGATTGTTGGTGAACATAATCGTGAAAATGATTTAACTGTTAACATCACTA
AAACAAAACATCAAACCTAACGTACGTTCTGCAACGAAAGACCAAACACAACAATGAAT
AGACCGCGTATTCTAACATTGGAAGAAGCGTTACAATTCATTAATGATGATGAACTTGT
GAGGTTACACCAGAAAGTATACGTTTAAAGAAAGAAAATTTTAAACAAAATGTTTCGTGA
AAAAGAAGCAAAGCGTATCAAACAAATGATGCAAGAAAACGAATAA
```

> ftsW2

Function: protein coding sequence; putative cell division protein (core genome, variable)

Best match: ftsW2_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[213531:214757] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 22900 ... 24127; Length: 1227 bp

Sequence:

```
ATGAAGAATTTTAGAAGTATTTTACGGTATATTGGTAAAACCTCAAAGTTTATTGATTATC
CGTTATTAGTTACATATATTGTATTGAGTTTAATTGGATTAGTTATGGTATATAGTGCAAG
TATGGTTCCAGCAACTAAAGGCACATTGACTGGTGGTATCGATGTTCCAGGAACGTATTT
TTACAACCGACAATTAGCATATGTCATAATGAGTTTTATAATTGTATTTTTTATTGCATTTT
TAATGAATGTTAAATTACTGAGTAATATTAAGGTGCAAAAAGGTATGATTATAACTATCG
TCTCACTATTATTACTGACGTTAGTAATAGGTAAAGATATTAATGGTTCTAAAAGTTGGAT
AACTTAGGATTTATGAACTTACAGGCATCTGAGTTATTAATAAATTGCAATCATATTATAT
ATCCCATTTATGATCAGTAAAAAATGCCTAGAGTATTAAGTAAACAAAATTAATTTTA
AGTCCTATTGTATTAGCATTAGGTTGTACGTTTTTATGTTTTCTACAAAAGACGTAGGGC
AAACATTACTAATATTAATTTTATGTTGCGATCATTTTTTATTACAGGAATTGGGGTAAA
CAAAGTCCTAAGATTTGGTATACCAGCAGTGCTAGGATTCTTAGTAGTATTTGTCATTGCA
TTAATGGCTGGTTGGTTACCAAGTTATTTAACAGCCAGATTTAGTACGCTAACAGATCCAT
TCCAATTCGAATCAGGAACCTGGATACCATATTTCCAATTCATTGCTTGCAGATAGGTAACG
GTGGCGTATTTGGAAAAGGATTAGGAAATAGTGCAATGAAATTGGGCTATTTACCAGAAC
CACATACAGATTTTATTTTTGCAATTATTTGCGAAGAATTAGGTTTAAATCGGAGGATTGCT
AGTTATTACTTTAGAGTTCTTTATTGTATATCGTGCCTTCCAGTTTGCAAATAAAAACATCA
TCATATTTTTATAAACTTGTGTGTGTTGGGATTGCCACATACTTTGGAAGTCAAACGTTTG
TAAACATTGGCGGTATTTCCGCAACAATTCATTAATGTTGTTGCCATTGCCATTTATCAG
```

CTTTGGTGGATCATCAATGATTAGTTTAAGTATTGCTATGGGATTACTTCTGATTGTAGGT
AAACAAATCAAAGTAGACCAGCAACGAAAGAAACAACAACAAAAAGTTGATATAAGAA
GACAATTTAATTA

> **tx_A5IS00**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_A5IS00_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1092211:1092273] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 24219 ... 24282; Length: 63 bp

Sequence:

GATGAGTTCAATAACGGAAGTTAGGCAACCAAACAACGCTTAACTTCCTTTTTGTTTTGAT
AT

> **pycA**

Function: protein coding sequence; pyruvate carboxylase (core genome, constant)

Best match: pycA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1092672:1096124]

Position: 027-contig_249: 24680 ... 28133; Length: 3453 bp

Sequence:

TTGAAACAAATAAAAAAGTTACTTGTTGCTAACCGTGGAGAAATTGCAATTCGTATATTC
AGAGCGGCGGCAGAATTAGACATCAGCACAGTTGCAATTTATTCGAATGAAGACAAAAG
TTCATTACATAGATATAAAGCAGATGAATCCTATTTAGTTGGAAGTGATTTAGGTCCTGCT
GAAAGTTATTTAAATATTGAGCGTATCATTGATGTAGCAAAACAAGCGAATGTGGATGCG
ATTCATCCTGGCTATGGATTTTTAAGTGAAAATGAACAATTTGCGCGTCGTTGTGCAGAA
GAAGGAATTAATTTATTGGTCCTCATTTAGAACATTTAGATATGTTTGGAGATAAAGTT
AAAGCTCGTACAACGGCTATCAAGGCAGATTTACCAGTTATTCCTGGTACAGACGGTCCA
ATTAATCATATGAATTAGCAAAAGAATTTGCAGAAGAAGCTGGTTTCCCGCTAATGATT
AAAGCCACAAGTGGTGGCGGCGGTAAAGGTATGAGAATCGTTCGTGAAGAAAGTGAATT
AGAAGATGCTTTCCATAGAGCAAAATCAGAAGCTGAAAAATCATTGGTAATAGTGAAG
TTTACATAGAAAGATACATTGATAATCCAAAGCATATTGAAGTACAAGTTATAGGTGACG
AACATGGAAATATCGTACACTTATTTGAACGTGATTGTTTCAGTACAACGTCGTCATCAAA
AAGTTGTAGAAGTTGCACCATCAGTTGGATTATCACCAACATTACGTCAACGATTTTGTG
ATGCTGCAATTC AATTGATGGAAAATATTAATATGTCAATGCAGGTAAGTTGAATTTCT
AGTATCTGGTGACGAATTCCTTTATAGAAGTTAACCCCTCGTGTACAAGTTGAGCATAACA
ATTACAGAGATGGTAACAGGAATTGATATTGTTAAGACACAAATTTAGTTGCAGCAGGT
GCCGATTTATTTGGTGAAGAAATTAATATGCCGCAACAAAAGATATTACAACATTGGGC
TATGCCATCCAATGTCGTATTACAACAGAAGATCCGTTAAATGATTTTCATGCCGGATACT
GGAACAATCATTGCTTATCGTTCAAGCGGTGGCTTTGGTGTACGTCTCGATGCTGGAGAT
GGTTTCCAAGGTGCTGAGATATCACCTTATTATGATTCATTACTCGTAAAATTATCTACAC
ACGCGATATCATTAAACAAGCAGAAGAAAAAATGGTACGTTTCATTACGAGAAATGCGT
ATTCGTGGTGTAAAATAATTTCCATTCTTAATTAATGTAATGAAGAATAAAAAAGTTC
ACAAGTGGTGATTACACAATAAATTTATTGAAGAAACACCAGAACTTTTCGACATTCAG
CCGTCTCTAGATAGAGGTAATAAACATTAGAATATATAGGTAATGTAACAATTAATGGT
TTCCCAAATGTTGAGAAACGTCCGAAACCAGACTATGAATTAGCATCAATTCCAACTGTA
TCTTCAAGTAAAATCGCTTCATTTAGTGGTACGAAACAATTGCTTGATGAAGTAGGTCCA
AAAGGTGTAGCTGAATGGGTTAAAAGCAGGATGATGTCTTACTAACAGATACAACCTTT
AGAGATGCACACCAATCATTATTAGCTACACGAGTTAGAATAAGGATATGATTAATATC
GCATCCAAAACAGCGGACGTATTTAAAGATGGTTTCTCACTTGAAATGTGGGGCGGTGCT
ACATTTGATGTGGCATATAATTTCTTGAAGGAAAACCCATGGGAACGACTTGAACGTCTA
CGTAAAGCTATTCCAAATGTATTATTCCAAATGTTGTTACGTGCTTCAAACGCAGTTGGTT
ATAAAAATCTATCCTGATAATGTTATTCATAAATTCGTACAAGAAAGTGCTAAAGCAGGCA
TAGATGTCTTTAGAATTTTCGATTCTTTAAACTGGGTAGATCAAATGAAAGTTGCCAATGA
AGCAGTACAAGAAGCGGGCAAAATCTCTGAAGGTAAGTATTTGTTATACAGGTGACATTTT
AAATCCTGAGCGATCAAACATTTATACTTTAGAGTATTATGTCAAACACTAGCTAAAGAGTT
AGAACGTGAAGGTTTCCATATTTTAGCGATTAAAGATATGGCAGGCTTATTAACCTAA
AGCCGCTTACGAATTGATTGGTGAGTTAAAATCAGCTGTAGATTTACCAATTCATCTTAC

ACTCATGATACAAGTGGTAATGGTTTATTAACATACAAACAAGCAATAGATGCTGGTGTC
GATATCATTGATACTGCTGTTGCTTCAATGAGTGGTTTAAACAAGTCAGCCAAGCGCCAAT
TCGTTATATTATGCATTAATGGCTTCCCACGCCACCTTAGAACTGATATTGAAGGTATGG
AGTCACTTAGTCATTATTGGTCAACTGTACGTACTTATTATTCAGACTTTGAAAGTGATAT
CAAATCACCGAATACTGAAATTTATCAACATGAAATGCCTGGTGGACAGTATTCGAATTT
AAGTCAACAAGCTAAAAGTTTAGGTTTAGGCGAAAGATTTGATGAAGTCAAAGATATGT
ATCGCAGAGTGAATTTCTTATTTGGTGATATCGTAAAAGTAACTCCATCGTCTAAAGTAGT
TGGTGATATGGCACTTTATATGGTACAAAATGATCTTGATGAACAATCCGTGATTACAGA
TGGCTATAAATTAGATTTCCCAGAATCAGTAGTGTCTGTTCTTCAAAGGCGAAATAGGACA
ACCTGTAAATGGTTTTAATAAAGATTTACAAGCGGTTATTTTAAAAGGCCAAGAAGCACT
AACAGCTCGTCCAGGTGAATATCTAGAGCCAGTTGATTTTAAAAAGTCCGTGAGTTGCT
TGAAGAAGAGCAACAAGGTCCTGTTACGGAGCAAGATATTATTAGTTATGTATTATATCC
AAAGGTATATGAACAATATATTCAAACTAGAAATCAATACGGAACTTATCGTTACTTGA
TACGCCTACATTCTTCTTTGGAATGCGTAATGGTGAAACAGTAGAAATCGAAATCGATAA
GGGTAAACGATTAATTATTAACACTAGAAACGATTAGTGAACCAGATGAAAATGGTAATA
GAACGATTTACTATGCGATGAATGGTCAAGCGAGACGTATTTACATTAAAGATGAGAATG
TGCATACAAATGCGAACGTTAAGCCAAAAGCAGATAAGAGTAATCCAAGTCATATCGGT
GCGCAAATGCCAGGTTTACAGTAACTGAAGTCAAGGTTAGTGTAGGTGAATCTGTGAAAGCT
AACCAGCCGTTGCTAATTACTGAAGCTATGAAAATGGAAACAACAATTCAAGCACCATTT
GACGGTGTGATTAAACAAGTAACTGTAAATAATGGTGACACAATAGCGACAGGCGATTT
ATTAATCGAAATTGAAAAAGCAACTGACTAA

> **ctaA**

Function: protein coding sequence; heme A synthase (core genome, constant)

Best match: ctaA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1096264:1097175:r]RC (completely identical)

Position: 027-contig_249: 28272 ... 29184; Length: 912 bp

Sequence:

TTATTGCTTGTCACTTCTTACTGATCGTAACATTAGCATGATAAAGTATGTTGTCATACCA
AATAAATAAGTGATAAATAATGCATGGAAAAGTGGCATTATCAGGTTAACATTTGTCATA
ATAGATAATGCACCTGTGATAACTTGTAATATAACAAGTATAAATGCAGCTGTATAACCA
TAATGAACAGTACGGTTATTTGGATAATTTTAAACAGCGTGAATATAAGTAATCATAATA
ATCGTAAACACTATAAAAGCCATGATACGATGCGTGAGTTGAACCCAATCTTGTTCTGAA
TGTGGTACAAGATCGTGGAAATGGCAATGGCCAACCACCATATGCTAAACTTGCATCCGCA
TGTCTCACTAGTGCACCAGTATAAACACCACAATAAATGATGATTGCCATTAACCATGTT
AAACGTCTTAATGGCTTTTTGATATATAATTCGTCAGCTTCATATTTTTGATCTATAGAGA
AAATAATCAATGTTATTAATAAATACAGATGAGAACTGATTAATGATATACCAAAGTGCA
ATGCTAAAACGTAATCGTTTTGTTGCCAATAACAGCAGCAGCTCCGATTAATGCTTGCA
ATAATAAGAATCCAACACTAATGATTGATAAAGGTTTAAATTTCTTAAATATAGCCTATATG
TTCCATGCAGTGATAACTAACCATAAGACCATTAATAAAGACAAAGCTGAAACGGCTCT
ATGACTTAACTCAATAATCGTATCAATAGGAAAGAATTCTGGAATCAACGCACCATGACA
TAGTGGCCAAGAAGAACCACAACCATCAGCTGATCCGGTTTTGGTAACTAAGGCTCCACC
AAGTTGTACAAATGTCATCATTAAACGTTGCTACGACACCTAACCATTTTAAATTCTTTTTG
CCAAACAA

> **ctaB**

Function: protein coding sequence; protoheme IX farnesyltransferase (core genome, constant)

Best match: ctaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1097615:1098526]

Position: 027-contig_249: 29623 ... 30535; Length: 912 bp

Sequence:

ATGAGCAAAGAGCATACTTTGTCACAAAATATTAGCAGAGTTAACTTCAAAGAATTGCAA
CAGATAATTAATAATGGGACTTGTTCAAGGTAACCTTAATTCCGGCTTTTGCGGGCGCATGG
CTAGCAGTTGTAATGACAAATCATTCTTCTTATCATCAATACCTCAAATTTTATTAATGC
TATTTGGATCTACTTTAATTATGGGTGGCGCATGTGCGTTAAATAATTATTACGACCAAGA
TATTGATCGTATTATGCCTAGTAAACAAAATAGACCAACTGTAATAATAGAATTACAGA

TCAA AATTTATTACTATTAAGTTTTGGTATGATGTTAGTTGGAGAAATTTGTTTGTTTTTAT
TGAATATAACCATCAGGCGTACTTGGTCTTATGGGGATTGTAGGTTATGTGTCTTATTACTC
AATATGGTCTAAAAGACATAACAACATGGAACACAGTCATTGGGAGTTTTCTGGAGCAGT
ACCACCCTAATTGGATGGGTTGCAATTGAAGGACAAATTAGTTTAAACAGCGATTGCGCT
GTTTTTAGTTGTATTTTGTGGCAACCAATTCATTTTTATGCCTTAGCTATTAACGTAAAG
ATGAATATGCACTTGCAAATATCCAATGTTACCATCAGTTAAGGGCTTTAAACGTACAC
GTGTCAGTATGTTTATCTGGTTGATTATTTTATTGCCAGTACCTTTATTACTAATAAATTTA
GGTGTCTGATTTCGTAGTGTAGCTACATTATTAATTTAGGATGGATTGCATTAGGTTTAA
CAACATTTAAGAAAAATTCAGATCAAACAAAATGGGCAACACAAATGTTTATATATTCAC
TAAATTATTTAGTGATCTTTTTCGTGTTAGCTGTGATTGTTTCATTACTTACTTTGATCTAG

> **coaD**

Function: protein coding sequence; phosphopantetheine adenylyltransferase (core genome, constant)

Best match: coaD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1103314:1103796] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 35322 ... 35805; Length: 483 bp

Sequence:

ATGGAACATACAATAGCGGTCATTCCGGGTAGTTTTGACCCCATTAATTATGGTCATTTAG
ACATTATTGAGAGAAGTACAGATAGATTTGATGAAATTCATGTCTGTGTTCTTAAAAATA
GTAAAAAGAAGGTACGTTTAGTTTAGAAGAGCGTATGGATTTAATTGAACAATCTGTTA
AACATTTACCTAATGTCAAGGTTCAATTTAGTGGTTTACTAGTCGATTATTGTGAACA
AGTAGGAGCTAAAACAATCATACTGGTTTAAAGAGCAGTCAGTGATTTTGAATATGAATT
ACGCTTAACTTCAATGAATAAAAAGTTGAACAATGAAATTGAAACGTTATATATGATGTC
TAGTACTAATTATTCATTTATAAGTTCAAGTATTGTTAAAGAAGTTGCAGCTTATCGAGCA
GATATTTCTGAATTCGTTCCACCTTATGTTGAAAAGGCATTGAAGAAGAAATTTAAGTAA

> **Q4L5E0**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q4L5E0_CC030_MRSA252_BX571856.1[1145912:1146469] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 37132 ... 37690; Length: 558 bp

Sequence:

ATGAAATGGTCAATTACGCAATTAAGGAAATATCAAGGTAAGCCATTTGAATTTGATCAA
ACGGTGAGTTTTGACAATTTAAAAGAATCATTAGATTTAATTGATTTATCTCCAATTACAA
TCCAAGGTCAGTTAACCATTAAGTCAACAGAAGTCGTTGCGGATATTCACATTAAGTAA
CGTATACAATGCCTTGTGCACGTACTCTTGTACCAGTTAAAGTCCCCTAGATGTAAGTAC
TACAGAAGTATTTGATTTAGAAGGGTACAATCAGTATAACGATGATCAAGATGATGTAGA
TGAACACTATCACATTATTAAGATGGTATGGTTAATCTTCAGGATATTGTCGAGGATAT
AGTTATTATTGAGAAACCAATGAGAGCTTATTCAGAGCAAAGTGACCAATGTTGACAGT
AGGTAATGGTTGGGAAGTAATCGATGAGGATCAATTAGATGAGCTTGCTAAACAGCAAG
ACAAGATGATTCAGAATCACGACAAGTTGATCCAAGGCTTCAAAAATTACAACAATTAT
ATGATAAAGAGCAATAA

> **rpmF**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L32 (core genome, constant)

Best match: rpmF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1105761:1105934] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 37769 ... 37943; Length: 174 bp

Sequence:

ATGGCAGTACCAAAAAGAAGAACTTCTAAAAGTAAAGAAACAAACGTCGTACGCATTT
CAAAATTTAGTACCAGGTATGACTGAATGCCAAACTGTGGCGAATACAAATTATCACA
CCGTGTATGTAAAAGTGTGGTTCTTACAATGGCGAAGAAGTAGCAGCTAAATAA

> **tx_rpmF**

Function:

Best match: tx_rpmF_isdB_1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1105942:1106003]

Position: 027-contig_249: 37950 ... 37980; Length: 30 bp

Sequence:

TACTCAATATAAAAAGTCCCGCTTAAAATG

> **attB_phiSa7**

Function: attachment site for int (mobile element)

Best match: attB_phiSa7_empty_CC001_MW2-USA400_BA000033.21105980:1106068:rRC

Position: 027-contig_249: 37988 ... 38077; Length: 89 bp

Sequence:

AAGTGGGACTTTTTATATTGAGAAAAATAATTGGCGAACGAGGTAAGTGGATACCTCATC
CGCCAATTAATAATTTGTTAATTTAATAAT

> **isdB**

Function: protein coding sequence; iron-regulated cell wall-anchored protein (core genome, variable)

Best match: isdB_CC001_MSSA476_BX571857.1[1134874:1136811:r]RC

Position: 027-contig_249: 38096 ... 39989; Length: 1893 bp

Sequence:

TTAGTTTTTACGTTTTCTAGGTAATACGAATGCAACGATGCTACTTAAAGCTAATAATGCC
ATTAATGGTAATGTCATATCTTTATTTGATTCTTCACCAGTTTGTGGTAATGATTTTGCTTT
ATTTCTTGTGTATTTTTATTGTTTTGGCTTTGAGTGTGTCCATCATTTGTGTTTTTAATGTT
TGCTTTTTGTAATGGAGCACTATCTTTTGCTTCGCTAGAACCTGCTGAAGTTTGAACAACA
TCTTTTGTGTTTTTGTGATGAAGCAGTTGTTGGTTTTGCAACATTTTGTAGTCGTAGATACTAC
CTTAGTTGGAGTTGTACTACTTGATTCTACTTCACCTTTAGTTGGTTTTGTAGCAGGCGTTT
TGCTTTTACCTGACTCACTAGATGCGTCATTTTCTTTTTCAACACTTGGTAATTGTTTATTG
TCATCTTTTTGGCTGTCTTGTTTTTGTGATTCTTTTTCAACAGGTGATGGTGTGGTTTGCT
AGGCGTAGCTGGAGTAGCTTCCCTTCTTAGCTGAGTTATCTTGTGTTCTTTTTTGTAGATT
TATCGGTATTGGCTTTTTGTAAATGCTTCTTTATCAACGATTCTGACATGGTATTGTCCATC
ATAATCAATCGTTTTTACGTGAACTTTAACGATAGCATCATATAGAGTTTTACCTTCAACA
TATGGGAAAATAAATTGTTCTAGTATTATTTTTAGCATCTTTGCTTATAGTTCTAACACGTT
GACCTTCAACCATGAAATCTTCCAGTAATCGTCATTAGTAGTTCCATGACCATATATTT
TTTGCCGTTAAGCATACTGTTTTAATAGGGTGTTTAAACAAAAGTATCCATCATAGATTGCG
TTATTCTCAACACTTTCATAAACAACATATTTTGTATCTTGTAATCAGTCATTTTTTTCATT
TGTTGGTTGTACATTTTGGAAATTCAGTAATAGCTGATTTCACTTGCTCATCTAAAGCTTTCT
TTGTATCCTCTAATTTCTTCTTGTACTCAGCCTTAAATTTTTCAGGAAGTTTATCTTGAATT
TTATTTAATTCATAAACTTGTCTTTCTAGTGTTTTCGCTTTTTTATATGGCGCTAATAATTT
TTCAGCTTTATAATCTTCTTCAGTTTTGAATTTATCTGCACTGTTATAAATTGGTTGTGCGA
ATTCCATTAATGTGTAATCGTATTTTTCTTCTTTGTTATTGAAGTGTGTTGAACTAACAATT
TTAACAGCTTTTGTTCATTTGATACAGAGAAGCGAATGTAAGCATAATCTTTAACAGTAT
CGTATGATACTAATTTAATTGGCAACTTTTTGTCACCTTCATAAACTTCAAATTTTCTCCA
AAATTGACCTGATTGTAATCCTAATTCAATTTCTGGTTTTGAATCAGTGAAAATAACTCTA
GCAGGTTTAAACAGAAGTTGCATAATGATAAACTGTTGAGTTCCATCTTTCTTTTTTCATTT
CAAATCAATTGGACGAGAGTTTGGTGCCTATGATCTTTGTCTTTTATTGCAGGGTTTTT
AATCGCTTCTCTAAGTTCTGATTCAAAATAGGATATGTATTGTTAGTGGCTTTTGCTGCT
GGTTTAACTTCTTTTGTTCAGAAGTAGGGGCTCAACTTCTTTATTAGATACTGAGACAG
CATTAGCTACTGGTTTAGTTTCTGGAGCTTTTTCAGATGTTGTTGTTGGACTTGCAACTGCT
TCAGTTTTTGGTTGTGCTTCTGTATTTGTACCACCTGTTTCTTCAGCTGCTGCTTGTGCTTC
GCCATTTGACATTAATAATAAAAAGTGTACTAATTGCTACAGATGCAACGCCTAGTGATGA
CTTTCTAATTGAATAAAAATGATTTAAATTTCTTTTTGCTGTTTGTTCAT

> **isdA**

Function: protein coding sequence; heme-binding protein (core genome, variable)

Best match: isdA_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[230822:231874:r]RC (completely identical)

Position: 027-contig_249: 40191 ... 41244; Length: 1053 bp

Sequence:

TTATTTAGATTCTTTTCTTTTGAAGTAATAAAGATAATGAACCTAAAAGGGCAAGTGTT
GCGAAGGCAACTGTGCTAATAAAGTTATCAACTGAAGTTAAACCAGTTTTTGGTAATTCT
TTAGCTTTAGATGCTTGTTTAGGCGTTTCGTTATGTTTTGTAACCTTTGTTAGTTTGTGTTGTA

TTTATTATCACTTACAGCTTGATTGTTGCTTTCAGATTTTCGCTGTTGCAACATCTTTAACAG
GTGTTTGAACCTTATTTTGTTCCTGAGCAGTTTGTGCTGTTTTAACTGTATGAGCAGTTTGT
GTTTTAGTTTGATCTTTTGTGTGTCAGTACTTACAACCTTAGTAGAGTGATTGTCTTCAAC
TTTGCTTGTGTAGTTACAGTAGGTTAACTTTTTCAACTTTAGGTTGAACTGGTTTAGTTT
GCTCAGTAGGTGTTTTAGGTTGAGCTGGTTTTGGTTGAACCGGTTAACATTGTTTGGTTT
TGCTGCGTCAGCTAATGTAGGAATTGCTTTTTCAAATTCCAAATGCGTAGTATATCTATGA
TTGTAATTAATTTGTGGCACGACAATATGTACTTTAGTAGTTAAGCTCTTATATCCAGGTT
CAACTGCAACATTGATTGTTCTAGTATCCGCTTTTTTATTATCGTTAACAAACAGTTGTTGCT
AATTCTTGATTGTTTGCATTGTAAAATTTGTATTCTTTCCAGAATGATGCATTGTTAACAC
GGTTTGGAAATAATATTTATTATTTTGTTTAATTACTTTACCAGGGTGTTCATATAGTCA
TCCATGTGTGACTTCTCTGAAGAGCCATCTTTTTGCACTTGGAATTAATTGGTTGTGATG
TTGCTTGAGAACTTGTGTGCTTTGATTATTAGTTGCGTTCGTAGCTTCTGTTGCCGCATTG
ACTTGTGGCTGCCTGCGCCTATGTATAACAAGGGAACCTAAAATGATAGATGCTGTACCC
ATTGTAATCTTTTTCATAGCTGATGAACGTTGTTCTGATTGATACTTACTGTTTAAATAAT
GTTTTGTCAT

> isdC

Function: protein coding sequence; extracellular heme-binding protein (core genome, constant)

Best match: isdC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1109489:1110172]

Position: 027-contig_249: 41452 ... 42136; Length: 684 bp

Sequence:

TTGAAAAATATTTTAAAAGTTTTTAATACAACGATTTTAGCGTTAATTATCATCATCGCGA
CATTACAGTAATTCTGCAAATGCCGCAGATAGCGGTACTTTGAATTATGAGGTTTACAAAT
ACAATACCAATGACACGTCAATTGCTAATGACTATTTTAATAAACCGGCAAAGTACATTA
AGAAAAATGGTAAATTGTATGTTCAAATAACTGTCAACCACAGTCATTGGATTACTGGAA
TGAGTATCGAAGGACATAAAGAAAATATTATTAGTAAAAACACTGCCAAAGATGAACGC
ACTTCTGAATTTGAAGTAAGTAAGTTGAACGGTAAAAATAGATGGAAAAATTGACGTTTAT
ATCGATGAAAAAGTAAATGGTAAGCCATTCAAATATGACCATCATTACAACATTACATAT
AAATTTAATGGACCAACTGATGTAGCAGGTGCTAATGCACCAGGTAAAGATGATAAAAA
TTCTGCTTCAGGTAGTGACAAAGGATCTGATGGAACGACTACTGGTCAAAGTGAATCTAA
CAGTTCGAATAAAGACAAAGTAGAAAATCCACAAACAAATGCTGGTACACCTGCATATA
TATATGCAATACCAGTTGCATCCTTAGCATTATTAATCGCAATCACATTGTTTGTAGAAA
AAAATCTAAAGGCAATGTGGAATAA

> isdD

Function: protein coding sequence; iron-responsive Surface Determinate (core genome, variable)

Best match: isdD_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1046312:1047388] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 42135 ... 43212; Length: 1077 bp

Sequence:

ATGAGAAATGTTAAACAAATTGCTACAAAATCTATTATAGCTATTATTAGCTTAGGTATA
CTTACATATACAACAATGATTGGTAGCGTGTGGCTGATGAGATAAAAATATCCATCAGCC
AAATTTAATCAACCTGAAGCAAAGATAAAACAGAATTAACACTACATCAATTTTTGATGAA
AAGATAAAAGAGAATAAAGCGTTAGAGTTACTAATTTTTAATCAAGAAAATAAAAATGT
AACTGAGGAACAACAACACTAGTTGACGAAAAGGCGCAATTGATTTAGATATGACTGGTA
AAATTTACTTGAAGTAAAGCTAAAAGGTCAAATAGATAAAGAACAACCTGTTTTTCAA
ATGACAAAAATGAAGAATTTCTTTTTGTTATAAAAAGATGAAAAGGATGACACAATAGTA
AGAATTTTAATTGAACAGCATATGGATAAAAATCAATATGCATGTTAAAACGTTGGCTGAA
AAGAAAAATCTAGATAACAAAGAAATGGTGTATTCTATTCTTTTAAAGAGAAAAAAGT
ACAACATGATGATGCAAAAGAAGTGCCTTCAAACATCAAATCAAGAAAATAATCAAG
ATCAGCTTAAAAAAGATATTGATGACAAAAAAGATAGTCAAATCAGATACTAAGGAA
AGACGTAAGTACTGCTTTTTACTGAAAAAGGATTAATGATATTCCTGTACAAAAAGATAAA
GTGCAACAAGACAGTAATAAAAAGATTGAAAATGAGCGACCTAAAGCATCAGGTACATT
AAAAGTTGAAAATAGCCCTCCAACAATAAAAAGGTTGAAAATAATCACAAAGAGCAAC
CGAAACATAAAGATGAAAATCAAAAAGGAAAAGAAAAAAGTAGTTGAAAAGAAAA
AGCGTTACCAGCTTTTAAATAGAGATGATGATAGCAAGAATAGTAGTCAATTATCTAGTGA

TATTAAGAAGCTTGATGAACCAAATCATAAAAAGCAATATATGTTATTTGCAGCTGGCAT
TGTGTTAGCAACTATTTTACTTATTTTCGGCACATTTATACAGCAGAAAGAGAGGTAACCA
AGTTTGA

> **isdE**

Function: protein coding sequence; heme-binding lipoprotein of ATP-binding cassette transporter (core genome, constant)

Best match: isdE_CC005_JH9_CP000703.1[1234393:1235271]

Position: 027-contig_249: 43208 ... 44087; Length: 879 bp

Sequence:

TTGAGAATCATAAAGTATTTAACCATTTTAGTGATAAGCGTCGTTATCTTAACCAGCTGTC
AATCTTCCAGTTCTCAAGAATCAACTAAATCCGGCGAATTCAGAATCGTACCAACAACCTG
TTGCATTGACAATGACATTGGACAAATTGGATTTACCAATTGTCGGCAAACCCACGTCAT
ATAAGACATTGCCTAATCGTTATAAAGATGTACCTGAAATTGGTCAACCAATGGAGCCGA
ATGTTGAAGCTGTTAAAAAATTTAAACCAACACATGTTTTGAGTGTGTCAACGATTAAG
ATGAAATGCAACCATTTTACAAACAATTAATATGAAAGGCTACTTTTATGATTTTGATA
GTTTTAAAAGGGATGCAAAAGTCGATTACACAATTAGGTGATCAATTTAATCGTAAAGCAC
AAGCAAAAGAATTAATGACCATTTAAATTCTGTTAAGCAAAAAAATTGAAAATAAAGCA
GCTAAACAAAAGAAACATCCCAAAGTATTAATTAATGGGTGTACCGGGTAGCTATTTA
GTAGCAACTGATAAATCATATATTGGTGATTTAGTTAAAATAGCAGGTGGAGAAAATGTT
ATTAAGTGAAAGATCGTCAATATATTTTCGTCTAATACTGAAAATTTGTTGAATATCAATC
CAGATATTATTTTAAGATTACCACACGGAATGCCTGAAGAAGTTAAGAAAATGTTTCAA
AAGAATTTAAACAAAATGATATTTGAAACATTTTAAAGCTGTGAAAATAATCATGTTT
ATGACTTAGAGGAAGTGCCATTCGGTATTACAGCAAATGTTGATGCTGATAAGGCAATGA
CTCAATTATATGATTTATTTTATAAGGATAAAAAATAG

> **isdF**

Function: protein coding sequence; iron transport permease protein (core genome, constant)

Best match: isdF_CC030_MRSA252_BX571856.1[1152956:1153921]

Position: 027-contig_249: 44099 ... 45065; Length: 966 bp

Sequence:

ATGATAAAAAATAAAAAGAACTACTATTTTTATGTTTGTAGTCATTTTAATCGCAACG
GCTTATATTTTCGTTTGTAAACCGGTACAATTAATTGTCATTTAATGACCTATTTACAAAAT
TTACAACCTGGTAGCAATGAAGCAGTGGATTCAATCATTGATTTGCGATTGCCACGTATAT
TAATTGCATTAATGGTTGGCGCAATGTTAGCAGTTTCTGGAGCATTATTACAAGCAGCAC
TACAAAATCCTTTGGCAGAGGCGAATATCATTGGCGTTTCTTCAGGTGCACTTATAATGA
GAGCACTTTGTATGTTGTTTATTCCACAATTGTACTTTTACTTACCATTATTAAGTTTTATT
GGAGGTTTAATACCATTTTAAATAATTATATTGTTGCATTCTAAATTTAGATTCAATGCTG
TAAGTATGATATTAGTAGGTGTTGCGTTATTCGTATTATTAATGGTGTTTTAGAAATTTT
AACTCAAACCTTTAATGAAAATTCCTCAAGGCTTAACAATGAAAATATGGAGCGACGT
ATACATATTAGCAGTATCAGCATTATTGGGATTAATATTAACATTACTATTGTCCCCTAAA
TTGAATTTACTAAATTTAGACGACATACAAGCGCGAAGTATCGGTTTAAATATTGATCGTT
ACAGATGGTTAACAGGTTTATTAGCAGTATTTTAGCAAGTGCAACTGTTGCGATTGTTGG
ACAACCTAGCCTTTTATAGGTATTATTGTGCCACATGTGGTTAGAAAGCTAGTTGGGGGCAA
TTACAGAGTACTTATTCGGTTTCTACAGTTATTGGTGCATGGCTATTGTTAGTGGCTGAT
TTATTAGGACGAGTGATACAGCCTCCTTAGAAATTCAGCCAATGCTATTTTAATGATTG
TCGGTGGTCCAATGCTAATTTACTTAATTTGTCAAAGTCAACGAAATCGAATCTAA

> **srtB**

Function: protein coding sequence; sortase B/NPQTN specific (core genome, constant)

Best match: srtB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1113163:1113897]

Position: 027-contig_249: 45126 ... 45861; Length: 735 bp

Sequence:

ATGAGAATGAAGCGATTTTTAACTATTGTACAAATTTTATTGGTTGTAATTATTATCATTT
TTGGTTACAAAATTGTTCAAACATATATTGAAGATAAGCAAGAACGCGCAAATTATGAGA

AATTACAACAAAAATTTCAAATGCTGATGAGCAAACATCAAGAACATGTGAGACCACAA
TTTGAATCACTTGAAAAAATAAATAAAGACATTGTTGGATGGATAAAATTATCAGGAACA
TCATTAATTATCCAGTACTACAAGGTAAGACAAATCACGATTATTTAAATTTAGATTTTG
AGCGAGAACATCGACGTAAGGTAAGTATTTTTATGGATTTTAGAAATGAATTGAAGAATT
TAAATCATAATACTATTTTATACGGGCACCATGTCTGGTGATAATACGATGTTTGATGTGT
AGAAGATTATTTAAAGCAATCGTTTTATGAAAAACACAAGATAATTGAATTTGACAATAA
ATATGGTAAATATCAATTGCAAGTATTTAGTGCATATAAACTACTACTAAAGATAATTA
CATACGTACAGATTTTGAAAATGATCAAGATTATCAACAATTTTAGATGAGACAAAACG
TAAATCTGTAATTAATTCAGATGTTAATGTAACGGTAAAAGATAGAATAATGACTTTATC
AACGTGCGAAGATGCATATAGTGAAACAACGAAAAGAATTGTTGTTGTGCGAAAAATAA
TTAAGGTAAGTTAA

> **isdG**

Function: protein coding sequence; iron transport lipoprotein (core genome, constant)

Best match: *isdG_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1188814:1189137] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 45879 ... 46203; Length: 324 bp

Sequence:

ATGAAATTTATGGCAGAAAATAGGCTGACGTTAACAAAAGGAACAGCAAAAGATATTAT
AGAACGATTTTACACGAGACATGGGATTGAAACATTAGAAGGCTTTGATGGCATGTTTGT
TACACAAACTTTAGAACAAGAAGATTTTGATGAAGTGAAAATTTTAAACAGTTTGGAATC
AAAGCAAGCTTTTACGGATTGGTTAAAATCTGATGTCTTTAAAGCAGCGCATAAACATGT
TAGAAGTAAAAATGAAGATGAAAGTAGCCCGATTATCAATAACAAAGTAATTACATATG
ATATAGGCTATAGTTACATGAAATAA

> **spoU**

Function: protein coding sequence; putative tRNA/rRNA methyltransferase (core genome, constant)

Best match: *spoU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1114623:1115363]

Position: 027-contig_249: 46586 ... 47327; Length: 741 bp

Sequence:

ATGGAACAAATTACTTCTGCACAAAATAATAGAATTAACAAGCGAACAAGCTAAAAAA
GAAACGTGAGAGGGATAAACTGGATTAGCTTTAATTGAAGGTGTGCATTTAATTGAAGA
AGCTTATCAAAGTGGAATTGTAATTACACAATTTTGAATGAACCGGCAAGATTAGA
TCAGCAAATTATCGCATACGCGCAAGAAGTTTTTGAAATAAACATGAAAGTTGCTGAATC
TTTATCAGGTACAGTGACACCACAAGGGTTTTTCGCAATCATTGAGAAGCCGCATTATGA
TATTTCTAAAGCACAACAAGTATTGCTCATCGATCGTGTTC AAGATCCTGGAAATTTAGG
CACATTAATTAGA ACTGCGGATGCTGCTGGAATGGATGCTGTAATAATGGAGAAGGGTAC
GACAGATCCTTATCAAGATAAAGTGTTGCGAGCGAGTCAAGGTAGTGTTCATTTGCC
AGTTATGATACAAGATCTCGATACGTTTATTACTCAATTTAATGGTCCTGTTTATGGTACA
GCACTTGAAAACGCAGTGGCATACAAAGAAGTTACTTCAAGTGATTCTTTTGCATTACTA
TTAGGTAATGAGGGAGAAGGTGTTAATCCTGAATTATTAGCACATACTACAAAAAATTTA
ATCATACCTATTTATGGTAGTGCTGAAAGTTTAAATGTAGCGATTGCAGGTAGTATTTTAC
TTTATCATTTGAAAGGTTGA

> **tbox04**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: *tbox04_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1115444:1115655] (completely identical)

Position: 027-contig_249: 47407 ... 47619; Length: 212 bp

Sequence:

TAAACCAATAAAAAGGCATGGACATTTATATAAATAATTGTTTTAGGGAGAATAATCGTG
ACTGCAAGTTATTCCAATTATTTAAAGTCTTTTCACCTTTTTGGTTACTTAAAGAGATTTA
AGTCGGAAGACAATCCGTTATCAATATTAACAAGTGTATGCTTAGGCATAAATTTGGG
TGGTACCACGGAATGACTTTCGTCCCTTAT

> **pheS**

Function: protein coding sequence; phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (core genome, constant)

Best match: pheS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1115744:1116802]

Position: 027-contig_249: 47707 ... 48766; Length: 1059 bp

Sequence:

```
ATGTCTGAACAACAACAATGTCAGAGTTAAAACAACAAGCGCTTGTAGATATTAATGA
AGCAAATGATGAACGTGCACTGCAAGAAGTTAAAGTGAAATACTTAGGTAAAAAAGGGT
CAGTTAGCGGACTAATGAAATTGATGAAGGATTTGCCGAATGAAGAGAAACCTGCGTTTG
GTCAAAAAGTGAATGAATTGCGTCAAACAATTCAAATGAATTAGATGAAAGACAACAG
ATGTTAGTTAAAGAAAAATTAATAAGCAATTGGCTGAAGAAACAATTGATGTATCATT
CCAGGTCGTCATATTGAAATCGGTTCAAAGCATCCATTAACACGTACAATAGAAGAAATT
GAAGACTTATTCTTAGGTTTAGGTTATGAAATTGTGAATGGATATGAAGTTGAACAAGAT
CATTATAACTTCGAAATGCTGAATTTACCTAAATCACACCCTGCACGTGATATGCAAGAT
AGTTTCTATATTACGGATGAAATTTTATTACGTACGCATACATCACCAGTGCAGGCACGT
ACGATGGAATCACGTACATGGTCAAGGTCCAGTTAAAATTTTGGCCTGGTAAAGTGTAT
CGTCGTGACTCTGATGATGCGACACATAGTCATCAATTTACACAAATTGAAGGATTAGTT
GTTGATAAAAACGTTAAAATGAGTGATTTGAAAGGCACTTTAGAAATTGTTAGCTAAGAAA
TTATTTGGTGTGATCGTGAAATTCGTTTACGTCCAAGTTACTTCCCATTCACTGAACCTT
CTGTAGAAGTTGATGTGTCATGTTTTAAATGTAAGGAAAAGGTTGTAATGTGTGTAAAC
ACACAGGATGGATTGAAATTTTAGGTGCTGGAATGGTACATCCTAATGTATTAGAAATGG
CTGGTTTTGATTCTTCAGAGTACTCTGGATTTGCATTTGGTATGGGACCAGACCGTATTGC
AATGTTGAAATATGGTATAGAAGATATTCGTCATTTCTATACTAATGATGTGAGATTTTA
GATCAATTTAAAGCGGTAGAAGATAGAGGTGACATGTAA
```

> pheT

Function: protein coding sequence; phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (core genome, constant)

Best match: pheT_CC001_ATCC51811_ADVP01000010.1[55786:58188:r]

Position: 027-contig_249: 48765 ... 51168; Length: 2403 bp

Sequence:

```
ATGTTGATATCAAATGAATGGTTGAAAGAATATGTAACAATCGATGATTCTGTAAGTAAT
TTGGCAGAACGTATTACGCGCACAGGTATTGAAGTGGATGATTTAATTGACTACACAAA
GATATCAAAAATTTAGTTGTTCGGCTTCGTTAAGTCAAAGAGAAACATCCTGATGCTGAT
AAATTAATGTTTGCCAAGTTGATATCGGAGAAGACGAACCTGTACAAATCGTATGTGGT
GCACCGAACGTTGATGCAGGACAATATGTCATTGTTGCTAAAGTAGGTGGCAGATTGCCT
GGTGGTATTAATAAAGCGTGCCAAATTACGCGGTGAACGTTTCAAGGATGATTTGT
TCGTTACAAGAAATTTGGTATTTCAAGTAACTATGTACCAAAAACGTTTGAATCTGGTATCT
ATGTATTTAGTGAAGCCCAAGTCCAGGAACAGATGCCTTACAAGCTTTATATTTAGATG
ATCAAGTAATGGAATTTGATTTAACGCCGAATCGTGCAGATGCTTTAAGTATGATAGGTA
CTGCTTATGAAGTTGCAGCATTATATAATACAAAATGACTAAGCCAGACACAACATCAA
ATGAGCTTGAGTTATCTGCAAATGATGAACTGACTGTGACAATAGAAAATGAAGATAAA
GTACCATATTATAGTGCACGTGTTGTTTACGACGTGACAATTGAACCCTCGCCAATTTGG
ATGCAAGCACGCTTAATAAAAGCGGGTATACGTCTTATAATAATGTTGTTGACATTTCA
AATTATGTATTATTAGAATACGGTCAACCATTGCACATGTTTGATCAAGATGCGATTGGTT
CACAACAAATTGTTGTTTCGTCAAGCTAATGAAGGCGAAAAAATGACAACATTAGATGAT
ACAGAACGTGAATTATTAACGAGCGATATTGTCATTACTAATGGACAAACTCCAATTGCA
TTAGCTGGTGTATGGGTGGCGATTTTTCAGAAGTTAAAGAACAACATCAAATATAGTG
ATTGAAGGTGCTATTTTTGATCCAGTTTCAATTCGTCATACATCAAGGCGTTTAAATTTAC
GCAGTGAATCATCTAGTCGTTTTGAAAAGGAATAGCTACTGAATTTGTAGATGAAGCAG
TCGACCGTGCATGTTATTTATTACAACTTATGCAAACGGAAAAGTGCTAAAAGATAGAG
TGTCTTCAGGAGAACTTGGTGCATTTATTACACCAATCGACATCACTGCTGATAAAATTA
ATCGCACTATTGGATTTGATTTGTCACAAAATGATATTGTTACTATTTTTAATCAATTAGG
GTTTGATACAGAAATAAATGATGATGTTATTACAGTGCAAGTACCATCACGTCGTAAAGA
TATTACAATTAAGAAGATTTAATTGAAGAAGTTGCACGTATATATGGTTACGACGATAT
TCCATCAACGTTACCTGTCTTCGAAAAAGTTACTAGTGGTCAGCTAACTGATCGCCAATAT
AAAAC TAGAATGGTTAAAGAAGTGTTAGAAGGTGCTGGATTAGACCAAGCTATTACGTAT
TCGTTAGTATCTAAAGAAGATGCTACTGCATTTTCGATGCAACAGCGTCAAACAATTGAT
```

TTATTGATGCCAATGAGTGAAGCGCATGCGTCATTACGTCAAAGTTTATTACCACATTTAA
TCGAAGCGGCATCATATAATGTGGCACGCAAAAATAAAGATGTAAAATTATTTGAAATCG
GCAATGTCTTCTTTGCTAATGGAGAAGGTGAACTACCAGATCAAGTTGAATATTTAAGTG
GTATTTTAACTGGAGATTATGTAGTCAATCAATGGCAAGGTAAGAAAGAAACGGTTGATT
TCTATTTAGCAAAAAGGTGTCGTGGATCGAGTATCTGAAAAGTTAAACCTTGAATTTAGTT
ATCGTCGTGCCGATATTGATGGATTACATCCAGGTCGTACAGCTGAAATCTTATTAGAAA
ATAAAGTTGTTGGTTTTATTGGTGAATTACATCCAACATTAGCAGCTGATAATGATTTAAA
ACGTACGTATGTTTTTGGAGTTGAATTTTGGATGCATTAATGTCTGTGTCGGTAGGTTACATT
AATTACCAGCCAATTCCGAGATTCCCAGGCATGTCTCGTGACATTGCATTAGAAGTAGAT
CAAATATTCCAGCAGCTGATTTATTATCAACGATTCATGCACATGGTGGCAATATATTA
AAAGATACACTTGTCTTTGATGTATATCAGGGCGAACATTTAGAAAAAGGTAAAAAATCA
ATTGCAATACGTTTAAATTATTTAGACACAGAAGAAACATTGACAGATGAGCGCGTTTCA
AAAGTACAAGCGGAAATTGAAGCAGCATTAATTGAACAAGGTGCTGTTATTAGATAA

> **rnhC**

Function: protein coding sequence; ribonuclease HIII (core genome, constant)

Best match: rnhC_CC001_MSSA476_BX571857.1[1148225:1149163:r]RC

Position: 028-contig_257_RC: 193 ... 1132; Length: 939 bp

Sequence:

TCAAAGAGGCTTTAAAATTTTTGGGGCTTTTTTCACGATTTTTAAAATGCTTTTTTGGAAATG
GTATCTAAACGTGAAAGACCGTATTTTTTATAATTTTGGCGGCAATTACATCGACTTTAG
CACCGGCACCTTTAGGAATCGTCATATTAATATTTTTTGGATATTTGATCCATATATGTAAC
AAATGCGTATCGAGAAATTATGCTTGCCACTGCAATGGCTAATGACTTCGATTCTCCTTTT
GTTTCAAATTTTGTCTTTCTTTGGAAGTGGTATATCTGATAATGCGTAATGGCTATACACTT
CGCGTTTTGCGAACTGATCAATGACGATATAGTCTAATTGAGACGAATCAATTTTTTCAA
GTACATTTTTGATGGCTTCATTATGAAGAACAGCTTTCATTTTTACTTGAGTCCAGCCTTTT
GCTTGCTGAATATTATATTTTTTCATTGTGTAGTGTTAATAGTGAATGTGGGATGAAAGTAA
CCAATTGCTCAGCAAGTTCTACAATTTTGGTATCGGTTAATTTTTTTGAGTCATCTACACC
CAAAGTTTTTAAAATAGGGACATGCTCTTTGGTAACGAAAGCAGCACACACAGTCAACGG
ACCAAAGTAATCACCCTCCAGCTTCATCACTACCAATACAGTTAAATTGATCATAACATT
AAAGTTTGTTCAGAAAAGAATTAGCCATATTTTTCTTTTTAGTTTTATTAGTATTCAATT
GAGAATGCTGCGGTAGAAGTTCTTCAGACACAGCTTCTGCATGATTACCCTGAAACATGA
CTTTACCTGATTGGTAAATATTTACAGTTGTATTTTGATACTTTGCACGTGCTTTCATACCT
TGAGGTAATTTCTCAGTATCAAAGAAATGCGTGACATTAATGTCGTTATGTCTTTATCCG
ACAATTTAAAACGATATTCGCCAT

> **zapA**

Function: protein coding sequence; cell division protein (core genome, constant)

Best match: zapA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1120747:1121013] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 1501 ... 1768; Length: 267 bp

Sequence:

ATGGCACAGTTTAAAAACAAGGTAAATGTATCAATTAATGATCAGCTTTTTACAATTGTT
GGGGAAGATAACCCAGAGCACATACGATATGTAGCACATTTAGTTGATGATAAAAATAAA
AGAATTAGGGTATAAAGCAGCAGGTTTAGATACTTCAAGAAAAGCAATACTAACTGCTGT
GAATATTATGCATGAAAAGTACTACTAGAAGAAGAAAATCGACGTTTGAAACAACAAA
TTCACAAATTGCAGCAGCGTGAGCAATAA

> **polX**

Function: protein coding sequence; DNA-dependent DNA polymerase IV beta subunit (core genome, constant)

Best match: polX_CC005_04-02981_CP001844.2[1154963:1156675]

Position: 028-contig_257_RC: 2362 ... 4075; Length: 1713 bp

Sequence:

ATGACAAAAAAGATGTTATCAAACCTATTAGAACAAATTGCTACTTATATGGAATTTAAA
GGGGAATAACTTTTTAAAATATCAGCGTATCGAAAAGCAGCTCAAAGTCTTGAATTAGAT

GAACGACCATTAGATGAAATATCTGATGTAACGGAGTTAAAAGGCATTGGTAAAGGTGTT
GCAGAAGTAATCAATGATTACCGTGAGACCGGTGAATCTCAGTATTTACAGCAATTACAG
GAAGAAGTCCGGAAGGTCTTATTCCACTTTTGAAAATTCAAGGACTTGGAAAGCAAGAAA
ATTGCTAAGCTATATAAAGAGTTGAATATTGTTGATAAAGCGTCACTTCAAGTTGCTTGTG
AAAATGGAAAAGTTAGTGAATTAAGCGGATTTGCTAAGAAAACGGAACAAAACATATTA
GAAGCTGTGAAACAACCTGGTGCTAAGAAAGATAGATATCCAATTGATCAAATGAGAAG
ACTTAATCAAGAAATCATTGATTATATAGATACATTAATTATATCGATCAATATTCATCT
GCAGGAAGCTTCCGTCGTTTTAAAGAAATGAGCAAAGATTTAGATTTTCATAATAAGTACC
GATAACCCAAAAGCAGTGCAGCAGCAATTATTAATATTCCAATAAAGTAAAAGAAGT
TGCAGTGGGGAACACAAAAGTTTCATTAGAATTAGCGTATGATGATGAAACGATTGGTGT
CGATTTTCGATTAATTGAACCAAGTGCTTTTTATCATAACATTGCAGCATTTTACTGGGTCA
AAAGAACATAATATAAGAATTCGACAACCTTGCTAAAGCACGTGATGAAAAAGTTAGTGA
ATATGGAATTGAACAAGCTGATGGTACATTAATTCAATATGATAGTGAAGCCAAGATATA
TGAACATTTTAATGTGAATTTTATACCACCTGCTATGCGAGAAGATGGTAGCGAATTTGA
TAAAGATCTAAGTAATATCATTACATTAGATGATATTAATGGTGATATTCATATGCATAC
AACGTATAGTGATGGTGCCTTTTCTATTTCGAGACATGGTAGAAGCAAATATCGCAAAAAG
TTATAAATTCATGGTAATTACTGATCATTCACAAAGTTTACGTGTTGCTAATGGCTTACAA
GTGGAAAGACTTTTAAGACAAAATGAAGAAATTAAGGCTTTAGATAAAGAATATAGTGA
AATTGATATTTATTACAGGTACAGAAATGGATATATTACCTGATGGCTCGCTGGATTATGAT
GATGAAATTTTAGCACAACTTGATTATGTAATTGGAGCTATTCATCAAAGCTTTAACCAAT
CAGAAGAACAATTTATGGAACGATTAGCTAATGCATGTCGCAATCCATACGTGCGACATA
TAGCGCATCCAACAGGGCGTATTATAGGTAGAAGAGATGGTTATAAACCGAATATTGAA
CAATTAATGGCATTAGCTGAAGAAACGAATACAGTATTAGAAATTAATGCCAATCCACAT
CGACTGGATCTGAACGCTGATATCGTTCGTAATATCCAAATGTGAAATTAATTAAC
ACTGATGCGCATCATACAAATCATTTAGATTTTATGAATTATGGCGTAGCAACTGCGCAA
AAAGGATTTGTAACAAAAGATAGAGTGATTAACGCATTATCGCGTGAAGCTTTTAAAGAC
TTTATTGAAAATAATATAAAACTTAAGAAATAG

> mutS2

Function: protein coding sequence; DNA mismatch repair family protein (core genome, variable)

Best match: mutS2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000228.1[1340:3688]

Position: 028-contig_257_RC: 4084 ... 6433; Length: 2349 bp

Sequence:

ATGAGACAAAAACATTAGACGTCTTAGAATTCGAAAAAATAAAATCACTCGTTGCCAAT
GAAACTATTAGTGACTTAGGCTTGGAAAAGGTCAATCAAATGATGCCAGCTACTAATTTT
GAAACGGTTGTTTTTCAAATGGAAGAAACGGATGAGATTGCTCAAATCTATAATAAGCAT
CGTTTACCAAGCTTGAGTGGCTTATCTAAAGTATCAGCATTATTTCATCGCGCTGATATTG
GCGGCGTTTTAAATGTATCAGAGCTTAACTTGATAAAAAGATTAATTCAAGTACAAAATC
AATTCAAGACATTTTATAATCAATTGGTTGAAGAAGATGAAGGTGTTAAATACCCAATAT
TAGATGACAAGATGAATCAATTACCTGTGTTAACTGATCTTTTTCAACAAATAAATGAAA
CATGCGATACGTATGATTTATATGATAATGCGAGTTATGAATTGCAAGGGATTAGAAGTA
AAATTTCTAGCACGAATCAACGTATTAGACAAAATTTGGACCGTATTGTTAAAAGCCAAG
CAAATCAGAAAAAATTATCAGATGCTATTGTAACAGTTAGGAATGAAAGAAACGTTATA
CCTGTCAAAGCTGAATATCGACAAGATTTAATGGGATTGTACATGATCAATCTGCTTCA
GGACAAACATTGTATATTGAGCCATCATCAGTTGTTGAAATGAATAATCAAATTAGTCGA
TTACGTCATGACGAAGCAATTGAAAAAGAACGCATTTTAAACGCAACTAACTGGTTATGTG
GCTGCGGACAAAGATGCACTACTTGTGGCAGAACAAGTCATGGGTCAGTTAGATTTTTTA
ATCGCAAAAGCGAGATATAGTAGAAGTATTAAGGAACAAAGCCGATATTTAAAGAGGA
CCGTAATGATATTTACCTAAAGCATACCATCCATTATTAATCGTGAGACTGTTGTAGCT
AATACCATCGAATTTATGGAAGATATTGAAACGGTAATTATTACAGGACCGAATACAGGT
GGTAAACTGTAAACATTAATAAACATTAGGTTTAATTATTGTTATGGCTCAATCAGGATTG
TTGATTCCCACACTTGATGGTAGTCAGTTAAGTGTATTTAAAATGTATATTGCGATATCG
GAGATGAACAATCAATAGAACAATCATTATCAACTTTTTCATCTCATATGACGAATATAG
TTGAAATTTTAAAGCATGCAGACAAACATAGTTTATGTTTATTTGATGAATTAGGTGCAG
GTACAGATCCGAGTGAAGGTGCTGCATTAGCAATGAGCATTTTATAGATCATGTTAGAAAA
TTGGTTCTCTAGTAATGGCAACGACGCACTATCCTGAACCTAAAGCATATAGTTATAATC

GAGAAGGCGTTATGAATGCGAGTGTAGAATTTGATGTAGATACTTTGAGTCCAACGTATA
AGTTATTAATGGGTGTGCCGGGTCGTTCAAATGCTTTTGACATTTCTAAAAAGTTAGGTCT
TAGTTTGAATATTATTAATAAGGCTAAGACGATGATTGGTACTGATGAAAAAGAAATAAA
TGAAATGATTGAATCATTAGAGCGTAATTACAAACGTGTAGAGACACAGAGGTTAGAAC
TGGACCGTCTTGTA AAAAGAAGCGGAGCAAGTGCATGATGATTTATCTAAGCAGTATCAAC
AATTCCAAAATTATGAAAAGTCTCTAATAGAGGAAGCGAAAGAAAAAGCAAATCAGAAG
ATTAAGCTGCAACAAAAGAAGCTGACGATATTATTAAGACTTAAGACAATTGCGTGA
ACAAAAGGTGCAGATGTTAAAGAACATGAATTGATTGATAAGAAGAAACGATTAGATG
ATCATTATGAAGCGAAATCTATAAAGCAAAATGTACAAAAGCAAAAATACGATAAAATT
GTTGCTGGTGATGAAGTAAAAGTATTATCTTACGGTCAAAGGGTGAAGTTTTAGAAATT
GTCAATGATGAAGAAGCAATTGTTCAAATGGGAATTATTA AAAATGAAGTTACCTATTGAA
GATTTAGAGAAAAACAAAAGAAAAAGTTAAGCCAACGAAAATGGTTACACGTCAAAA
TCGTCAAACAATTA AAACTGAACCTGACTTACGAGGCTATCGTTATGAGGATGCTTTAAT
TGAAGTAGATCAATATTTAGATCAAGCTGTTTTAAGTAATTACGAACAAGTTTATATCATT
CATGGTAAAGGTACAGGTGCACTTCAA AAAAGGTGTACAACAACATTTGAAAAAGCATAA
AAGTGTTAGTGACTTTAGAGGTGGTATGCCAAGCGAAGGTGGATTTGGCGTTACCGTTGC
AACACTAAAATAA

> **trxA**

Function: protein coding sequence; thioredoxin (core genome, constant)

Best match: *trxA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1125851:1126165]

Position: 028-contig_257_RC: 6605 ... 6920; Length: 315 bp

Sequence:

ATGGCAATCGTAAAAGTAACAGATGCAGATTTTCGATTCAAAGTAGAATCTGGTGTACAA
TTAGTAGATTTTTGGGCAACATGGTGTGGTCCATGTAAAATGATCGCTCCGGTATTAGAA
GAATTAGCAGCTGACTATGAAGGTAAAGCTGACATTTTAAAATTAGATGTTGATGAAAAT
CCATCAACTGCAGCTAAATATGAAGTGATGAGTATCCAACATTAATCGTCTTTAAAGAC
GGTCAACCAGTTGATAAAGTTGTTGGTTTCCAACCAAAGAAAACCTTAGCTGAAGTTTAA
GATAAACATTTATAA

> **uvrC**

Function: protein coding sequence; ultraviolet response system protein C (core genome, constant)

Best match: *uvrC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1126489:1128270]

Position: 028-contig_257_RC: 7244 ... 9026; Length: 1782 bp

Sequence:

TTGGAAGACTATAAGCAACGAATTA AAAAATAAATTA AATGTCGTACCTATGGAACCAGG
CTGCTATTTAATGAAAGATCGTAATGATCAAGTGATATATGTTGGCAAAGCTAAAAGCT
AAGAAATCGATTGAGATCATATTTTACGGGTGCTCATGATGCTAAAACAACGAGACTGGT
TGGTGA AATACGTCGCTTTGAGTTTATTGTCACGTCAAGTGAAACAGAGTCACTTTTACTA
GAATTGAATCTGATTAACAATATCAACCAAGATATAATATATTATTA AAGGATGATAAA
AGTTATCCATTTATTA AAAATTACGAAGGAGAAATATCCTAGACTACTAGTGACGAGAACT
GTAAAACAAGGTACTGGCAAATATTTCCGACCGTATCCGAATGCATATTCTGCTCAAGAA
ACTAAAAGTTATTAGACAGAATATATCCATATCGCAAATGTGATAAGATGCCAGATAAA
TTATGTCTTTATTACCATATTGGACAATGTTTAGGACCATGTGTATATGACGTTGATTTGA
GTAAATACGCACAAATGACGAAGGAAATTA CTGATTTTCTGAATGGGGAAGACAAAACA
ATTTTAAAAGTTT TAGAAGAGCGAATGTTAACTGCAAGTGAATCACTTGATTTTGAACGG
GCTAAGAATATAGAGATTTAATTCAACATATTCAA AATCTGACAAACAACAAAAAATT
ATGTCATCAGATAAAACGATTCGTGATGTCTTTGGTTATAGTGTTGATAAAGGATGGATG
TGTATCCAAGTTTTCTTTATACGACAAGGTAATATGATAAAGCGAGATACAACGATGATT
CCATTACAGCAAACAGAAGAAGA AATTTTATACATTTATTGGACAATTTTATAGCTTA
AACCAACATATTTTACCTAAGGAAGTTCATGTACCACGTAATTTGGATAAAGAAATGATT
CAATCTGTTGTGGACACTAAAATCGTTCAACCCGCGGAGGTCCCAAAAAGATATGGTT
GACCTAGCTGCACATAACGCTAAAGTATCCTTAAATAATAAATTTGAATTAATATCACGT
GATGAGTCAAGAACGATTA AAGCTATTGAAGA ACTTGGAACACAAATGGGAATTCAAAC
ACCAATTAGAATTGAAGCATTTCGATAATTCTAATATTCAAGGTGTGGATCCAGTGTACG

AATGGTTACATTTGTCGACGGTAAACCAGATAAGAAAAATTATAGAAAGTATAAAAATCA
AAACGGTTAAAGGTCCAGATGATTACAAATCAATGAGAGAAGTAGTAAGACGACGATAT
TCTCGGTTTTAAACGAAGGATTACCATTACCTGATTTAATAATAGTAGATGGTGGTAAA
GGACATATGAACGGGGTTATTGATGTGCTACAAAACGAATTAGGTCTTGATATCCCTGTT
GCAGGTTTGCAGAAAAATGATAAACACCAAACATCTGAATTATTATATGGCGCTAGTGCA
GAAATTGTACCACTGAAGAAAAATAGCCAGGCATTTTATTTGTTGCATCGTATCCAAGAT
GAGGTTACACAGATTCGCAATCACATTTTCATAGACAAACACGTCAAAGACAGGCTTGAA
ATCAATACTTGATGATATAGATGGTATCGGTAACAAACGTAAAACATTATTATTGCGTTC
ATTCGGTTCAATCAAGAAAATGAAGGAAGCTACACTTGAAGATTTTAAAAATATAGGTAT
TCCTGAAAACGTGCAAAGAACCTACATGAACAATTGCATAAATAA

> **sdhC**

Function: protein coding sequence; succinate dehydrogenase cytochrome b-558 (core genome, constant)

Best match: *sdhC*_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[251389:252003] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 9349 ... 9964; Length: 615 bp

Sequence:

TTGGCTCAATCAAAAAATGAATTTTATCTAAGACGTATTCCTCGTTATTAGGTATTATCC
CAATAGGTGCATTTTTGGTCGTTCAATTTATTAGTGAATCACCAAGCAACACAAGGTGCTG
AAGCGTTTAATAAGGCATCTAACTTTATGGAATCATTACCATTTCTAATTATTGTAGAATT
TTTATTTATATACATTCCGTTGTTATATCACGGTTTGGTTGGTATACACATTGCATTTACAG
CAAAGAAAAATGTTGGACATTACTCGATTTTAGAACTGGATGTTCTTTTTCCAAAGAG
TGAGTGGTATCTTAACATTTATCTTTATTGGTATCCATTTATGGCAAACACGTTTACAAAA
AGCATTTTACGGCAAAGAAGTGAATTACGATTTAATGCACGAAACATTGCAACATCTTGG
ATGGGCAATATTTTATATTATTTGTATTATTGCTGTTGTGTTCCACTTTGCAAATGGCTTAT
GGTCATTCTTAGTTACTTGGGGTGGACTTCAATCTCCAAAATCACAACGAGTATTTACATG
GGTTTCATTAATCGTATTCTTAGTTATTTTCGTATATTGGTGTACTGCAATTATTGCCTTTA
TGTA

> **sdhA**

Function: protein coding sequence; succinate dehydrogenase subunit A (core genome, variable)

Best match: *sdhA*_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[252055:253821] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 10015 ... 11782; Length: 1767 bp

Sequence:

ATGGCAGAGAAACATCTTATTGTTGTCGGAGGTGGCCTAGCGGGCTTAATGTCAACAATT
AAAGCGGCAGAAAAAGGTGCACATGTAGATTTGTTCTCAGTTGTACCAGTAAAGCGTTTCG
CACTCTGTTTGTGCCCAAGGTGGCATTAAATGGTGCAGTCAATACTAAAGGGGAAGGCGAT
TCTCCTTGGATTCATTTGATGATACAGTGTATGGTGGCGACTTCCTTGCAAACCAACCAC
CTGTTAAAGCGATGACAGAGGCAGCACCTAAAATTATTCATTTATTAGACCGTATGGGCG
TAATGTTCAATAGAACAAATGAAGGTCTATTAGATTTTAGACGTTTCGGTGGTACATTAC
ACCACAGAACAGCATATGCAGGGGCAACAACCTGGACAACAATTATTATATGCATTGGAT
GAACAAGTTCGTGCATATGAAGTAGATGGATTAGTTACGAAGTATGAAGGATGGGAATT
CCTTGGCATAGTTAAAGGTGACGATGATAGTGCAAGAGGTATCGTTGCACAAAATATGAC
AACTGCTGAGATTGAAACATTTGGTTCAGATGCAGTTATTATGGCAACGGGTGGCCCTGG
TATTATTTTCGGTAAACAACAACACTCAATGATTAATACAGGATCAGCGGCTTCCATTGTT
TACCAACAAGGCGCTATTTATGCTAATGGTGAGTTCATTCAAATTCATCTACTGCAATCC
CTGGTGATGATAAACTGCGACTAATGAGTGAATCAGCACGTGGTGAAGGTGGACGAATTT
GGACATATAAAGATGGTAAGCCTTGGTACTTCTTAGAAGAGAAATATCCTGATTATGGTA
ACTTAGTACCTCGTGATATCGCAACGCGTGAAATTTTCGATGTATGTATTAACCAAAAATT
AGGTATAAATGGCGAAAACATGGTATATCTTGATTTGTACATAAAGATCCACATGAGTT
AGATGTAAAACCTAGGTGGTATCATTGAAATTTATGAAAAATTCCTGGTGATGACTCACG
CAAAGTACCAATGAAGATTTTCCCAGCTGTTCACTATTCAATGGGTGGTCTATATGTAGAT
TATGATCAAATGACAAATATTAAGGGTTATTTGCAGCTGGAGAATGTGACTTCTCTCAA
CATGGTGGTAACCGCTTAGGTGCCAATTCATTGTTATCAGCGATTTATGGTGGTACAGTA
GCAGGTCAAACGCGATTGATTATATTTCAAATATTGATCGATCATATACTGATATGGAC

GAAAGTATTTTTGAAAAGCGTAAAGCTGAAGAGCAAGAACGTTTTGATAAATTATTAGCT
ATGCGCGGTACAGAAAATGCCTATAAATTACACCGTGAACCTGGTGAAATTATGACAGCA
AATGTAAGTGTTCGTGAAAATGAAAACTGTTAGAAACAGATAAAAAGATTGTTGAA
TTGATGAAACGTTATGAAGATATTGATATGGAAGATACTCAAACCTGGAGTAACCAAGCG
GTATTCTTTACTCGTCAATTATGGAACATGTTAGTACTTGCACGTGTTATTACGATTGGTG
CATATAACCGTAACGAATCACGCGGTGCCATTATAAACAGAAATCCAGAGCGTAATG
ATGAAGAGTGGTTAAAAACGACAATGGCCTCATTCCAAGGCGCATTTGAAAAACACAG
TTTACTTATGATGACGTGATGTGAGTTAATACCACCTCGTAAACGTGATTACACAAGTA
AGTCTAAAGGGGGTAAAAATAA

> **sdhB**

Function: protein coding sequence; succinate dehydrogenase subunit B (core genome, variable)
Best match: *sdhB_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1*[253821:254636] (completely identical)
Position: 028-contig_257_RC: 11781 ... 12597; Length: 816 bp

Sequence:

ATGACTGAACAATCAGTGAAAAACACTCCACAACATGAAACACAATCTAAACCGAAACA
AAAAACAGTAAAATTAATTATTAACGACAAGATACAAGTGATTCTAAGCCTTATGAAG
AAACATTTGAAATCCATATCGTGAAAATTTAAACGTCATTGCTTGTTAATGGAAATTAG
ACGTAACCCAGTTAATATTAAGGTGAAAAACAACACCTGTTGTCTGGGATATGAACTG
CTTAGAAGAAGTATGTGGAGCATGTTCTATGGTTATCAATGGTCGTGCAAGACAATCTTG
TTCTGCGATTGTTGATCAATTAGAACAACCTATTCGTTTAGAGCCAATGAATACTTTCCCA
GTTATCCGTGACTTACAAGTTGATCGTTCTAGAATGTTTCGATAACTTAAAACGTATGAAA
GCATGGATCCCAATTGATGGAACGTATGATTTAGGTCCGGACCACGTATGCCAGAGAAA
AAACGTCAAACAGCTTATGAATTATCTAAATGTATGACATGTGGTGTATGTTTAGAGGTT
TGTCCTAATGTTACTGAAAATAATAAATTCGTTGGTTCGCAAGCAATCTCGCAAGTTCGTT
TGTTAATTTGCACCCAACAGGATCTATGACTAAAGATGAACGTTTAAATGCATTAATGG
GTACTGGTGGCTTACAGCAGTGTGGAATTCACAAAACCTGTGTTAATGCTTGCCCTAAAG
GTATTCCATTAACAACATCCATTGCAGCAATGAACAGAGAAACAACATTCCACATGTTTA
AATCATTTCTTTGGTTCAGACCATGAAGTAGAATAA

> **murI**

Function: protein coding sequence; glutamate racemase (core genome, variable)
Best match: *murI_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1*[254877:255677] (completely identical)
Position: 028-contig_257_RC: 12837 ... 13638; Length: 801 bp

Sequence:

ATGAATAAACCAATAGGTGTAATAGACTCTGGTGTGCGGAGGTTTGACAGTAGCTAAAGA
AATTATGCGTCAGTTGCCAAATGAGACGATTTATTACTTAGGTGATATTGGGCGATGCC
ATATGGGCCAAGACCAGGAGAACAAGTAAAACAATATACAGTTGAAATCGCTCGTAAAT
TAATGGAATTTGATATAAAAATGCTCGTGATTGCTTGTAATACAGCAACTGCTGTAGCTTT
AGAATATTTACAAAAGACCTTATCAATCCCAGTGATTGGCGTAATTGAACCAGGTGCTAG
AACAGCAATAATGACTACTAGAAATCAAATGTATTAGTACTAGGAACGGAAGGCACAA
TTAAATCTGAAGCATATCGTACGCATATTAACGTATCAATCCACATGTAGAGGTACATG
GCGTTGCCTGTCCAGGTTTTGTGCCACTTGTAGAACAAATGAGATATAGTGATCCAACAA
TTACAAGCATTGTCATTCATCAAACACTGAAACGTTGGCGTAATAGTGAGTCTGATACTG
TCATTTTAGGATGTACCCACTATCCATTGCTCTATAAACCTATCTATGATTATTTTGGTGGT
AAAAGACAGTGATTTCTGCTGATTAGAAACGGCTCGTGAAGTTAGTGCATTGCTAACA
TTTAGTAATGAACATGCAAGTTATACTGAAAATCCAGATCATCGATTTTTTGAACAGGT
GATCCTACTCACATTACTAACATTATCAAAGAGTGGTTAAATTTATCTGTCAATGTGGAAC
GTATATCAGTGAATGACTAG

> **ntpA**

Function: protein coding sequence; nucleoside-triphosphatase (core genome, variable)
Best match: *ntpA_CC008_NCTC8325_CP000253.1*[1068965:1069552] (completely identical)
Position: 028-contig_257_RC: 13649 ... 14237; Length: 588 bp

Sequence:

ATGAAAGAGATTGTTATTGCATCGAATAATCAAGGGAAAATAAATGACTTTAAAGTAATA
TTTCCAGATTACCACGTAATAGGTATTTTCAGAACTAATACCAGATTTTGATGTGGAAGAA
ACAGGATCAACATTTGAAGAAAATGCTATATTAATAATCAGAAGCTGCTGCAAAAGCATT
GAATAAAACGGTCATAGCTGATGACAGTGGACTAGAAGTTTTTGCATTAAATGGTGAGCC
AGGTATATACTCTGCACGTTATGCTGGTGAAAATAAAAAGCGATGAAGCAAATATTGAAA
AATTATTAATAAGCTTGGTAATACAACTGATCGTCGTGCGCAATTTGTTTGTGCATAAG
TATGAGTGGCCCTGATATGGAAACAAAAGTATTTAAAGGTACTGTTTCAGGTGAAATTGC
AGATGGAAAATATGGCGAAAATGGTTTCGGATATGATCCGATATTTTATGTACCGAAATT
AGATAAAACCATGGCTCAACTTTCAAAGAACA AAAAGGGCAAATTAGTCATAGACGAA
ATGCGATTAATTTACTTCAAGCTTTTCTTGAAGGTGATAAAAATGTCTAA

> **Q5HGT1**

Function: protein coding sequence; putative phosphodiesterase (core genome, variable)

Best match: Q5HGT1_CC001_ATCC51811_ADVP01000010.1[41018:41521:r]

Position: 028-contig_257_RC: 14229 ... 14733; Length: 504 bp

Sequence:

ATGTCTAAATGGATTATTGTGAGTGATAACCATACAGAATCAGGCGTTTTATATCAAATTT
ATGAAATGCACCCAGATGCAGATGTATTTTACATTTAGGAGATTCAGAATTCGCGTATG
ATGATACGGAACCTTAGCTTATTTAATAGAGTAAAAGGCAATTGTGATTTTTACCCAGAAT
TTGAAAATGAAGCGGTCGCAAAAATATAATGACGTGAAAGCATTTTATACTCATGGACATT
TATATCAAGTCAATCGAACAAGAGATTTATTAGCTGAAAAGGACTTGAATTAGGTTGTT
TGTTTGCATTTTTATGGACATACACATGTGGCAAAAATATGAGTATATTAATGGTGTTCATGT
TATTAATCCTGGAAGTATATCTCAATCTAGAAGTTCAATGGAAGAAACATATGCTGAAGT
TATTATTGATGATCAAACCTTTACATGGCACCATCAATTTCAAAAATCGACATCACGAAAC
AATCAGTCATACTACTTTTTAA

> **Q6GA61**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q6GA61_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000022.1[4264:4431:r] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 14860 ... 15028; Length: 168 bp

Sequence:

ATGAAAAGAATTGTAATTTTAGAGAATGTGATTGTTGATGACCCTATATGGTTGAATCAT
GTTGATTATTTGGTTAAAAGTGTATTATTA AAAAGTATAAAAATTAAGATTCCAAGAAGTC
AGGAAATTTGAAATTTTAGTTAAAATCATGATTCGTATACATATTTAA

> **ecb**

Function: protein coding sequence; extracellular complement-binding protein (core genome, variable)

Best match: ecb_CC022_HE681097.1[1102220:1102549]

Position: 028-contig_257_RC: 15221 ... 15551; Length: 330 bp

Sequence:

ATGAAAAGAATTTTATTGGGAAATCAATTTTAAGCATAGCTGCTATTAGTTTAAACGGTA
TCAACGTTTGCCGGTGAATCTCATGCACAACTAAAACGCTGAAACTGTAAAAAATAT
AACGAGTATCAAACAACTTTAAAAAACAAGTAAATAAAAAAGTAGTGACGCACAAAA
AGCTGTAAACTTGTCAAACGTACAAGAACTGTTGCAACACACCGTAAAGCACAAAGAG
CTGTTAATTTAATTCATTTCCAACACAGCTATGAAAAGAAAAAATTACAAAGACAAATCG
ATCTAGTTTTAAATATAATACTTTAAAATAA

> **flr**

Function: protein coding sequence; formyl peptide receptor inhibitory protein (core genome, variable)

Best match: flr_CC007_TCH959-USA300_AASB02000228.1[13158:13559:r]RC [4_150END]

Position: 028-contig_257_RC: 16172 ... 16322; Length: 150 bp

Sequence:

GTCCTTTTGTAGCTTGATCTGCTAAATTTTTGCGATTTCTAAACCTTTCCATTCATAACTAA
AGAAAGCTTTAGCATCATTAGTTTGTGAGTTGAAAGACCTGCAGCGATTACTGTAGATGCGA
TAATAGTTTTTGTGATATTTTTTTTCAT

> **Q2YXB9**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q2YXB9_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1211324:1211830] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 16991 ... 17498; Length: 507 bp

Sequence:

```
ATGATAAATTTAAATTTTAAACAATTCTATTACTACTTTGTATATTGAGCTATTTGGTTACAA
ATAGAAAGAAGCCTTTTCTGTTCTTAAAGACACTCTTTATGGGTGTGGTATTTATCTTTAT
AGGATATATTTCACTGGCAATATCTGCCGTAATTATTTATGGTATTATTCAATTTATCACA
ATTGATTTTGGTAGTTTTTTCTTAATGGGTATTATATTGATCTTGATTCAAGTATATTCCA
ATTATTTATAGTTAGATTACTTTTTAGAAAAAGAATGTCGATTGACAGAGGTTGTCGTT
TTAGAGCATTTAATTC AATGGTTCTTAGTTTACTTTGCGATCTATCAAGCAGTAAATGAAA
AAATGGACATTAATGATATTAATATCGACAATTTCCAATCTGTCTTTTTTGTGACGTGTCTAA
TTTGAATTTAGTAATTCTACCAACGTTAATCATTAGCTGGGTCACAATATTTAACTATAGA
ATGAGAAGTTACAAATAA
```

> **efb**

Function: protein coding sequence; extracellular fibrinogen-binding protein (core genome, variable)

Best match: efb_CC001-ST772_118_AJGE01000009.1[259797:260294] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 17757 ... 18255; Length: 498 bp

Sequence:

```
ATGAAAAATAAATTGATAGCAAAATCTTTATTAACAATAGCGGCAATAGGTATTACTACA
ACTACAATTGCGTCAACAGCAGATGCGAGCGAAGGATACGGTCCAAGAGAAAAGAAACC
AGTGAGTATTAATCACAATATCGTAGAGTACAATGATGGTACTTTTAAATATCAATCTAG
ACCAAAATTTAACTCAACACCTAAATATATTAATTTCAAACATGACTATAATATTTTAGA
ATTTAACGATGGTACATTCGAATATGGTGC GCGTCCACAATTTAATAAACCAGCAGCGAA
AACTGATGCAACTATTAATAAAGAACAATAAATTGATTCAAGCTCAAATCTTGTGAGAG
AATTTGAAAAACACATACTGTCAGTGCACATAGAAAAGCACAAAAGGCAGTCAACTTA
GTTTCGTTTGAATACAAAGTTAAGAAAATGATATTGCAAGAGCGAATTGATCAAGTATTA
AAGCAAGGATTAGTGAGATAA
```

> **scc**

Function: protein coding sequence; similar to complement inhibitor (core genome, variable)

Best match: scc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1137633:1137983]

Position: 028-contig_257_RC: 18726 ... 18756; Length: 30 bp

Sequence:

```
AAAGAAATTGATGAAATTATAAATAGATAA
```

> **tx_universal2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_universal2_CC025_21193_AFEG01000027.1[76692:76730:r] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 19032 ... 19071; Length: 39 bp

Sequence:

```
CTAAATGAAAATACGCTTGTAACAAGTTTTTTCAATACT
```

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC001_MW2-USA400_BA000033.21138347:1138525 [4_50ANF10END]

Position: 028-contig_257_RC: 19119 ... 19185; Length: 66 bp

Sequence:

```
TGCAAGTTGGCGGGGCCCAACATAGAGAAATTGGATCACCAATTTCAACAGACAATGC
AAGTTGG
```

> **STAR**

AGGTTGAACATATTTTCAGTGTATGACCAATCGAAACATTTGCACCAATAAGGCCGCAAT
TTTTCTGTATCATCACCAGTAACATTACCGTTGAATCCATAAGTTAAAGTACTCATATAC
TCTTTTGTATCAATCGAATTTCTTGGATAGCAATCAGATATTTGAGCTACTTCATTATCAG
GTAGTTGCAACTGTACCTTAAAGGCTGAAGGCCAGGCTAAACCACTTTTGTTAGCACCTT
CTTCGCTATAAACTCTATATTGACCAGCAATGGTACCTTTCGTTCTAATAACTAGCAGTTT
TTTATTGTGATTTTTATCATCGATAAAACTATAAAATACTTTTTTGTGCATGCCATTTTCTT
TATCATAAGTGACTAAATCACCTGTTTTACTGTAGTATTGCTTCCAATATCTGTAGTACC
GGTTTTAATATTAATATCAGAATCTGCGGCATTAGCGACAGGATTCATTAATATGGAACC
TAGCAATAGTGTGTGTTACTGAGCTGACTATACGTGTTTTTCAT

> **A6U0Y3**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A6U0Y3_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1218522:1218668] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 22500 ... 22647; Length: 147 bp

Sequence:

ATGAAACTATTTTATATCGTATTTCTTATTATTATATGGCTGAATATATTTTTAGGAAATG
AAATTATCCATACACTGACTGTTTTAATAACAACATTGTATATTGTTAATTCAAGAAAGG
GGATTA AAAATGACAGAGTTGAATAA

> **Q2FZB4**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2FZB4_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1218652:1218849] (completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 22630 ... 22828; Length: 198 bp

Sequence:

ATGACAGAGTTGAATAATATTATAAACTCTCTTCAATCTTTGTTTGAGTCTGAATCAGGCT
ATAAAAATTTTCGAAAAATTCAGGAGTTCCATATCAAACAGTACAAGATTTAAGAAATGGG
AAAACCAAACCTAGAAGATGCTAGATTTAGAACGATTATTAACCTTTATAGTTACTATGTC
TCATTA AAAAGAACATTA

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397234:1397306:r]RC
(completely identical)

Position: 028-contig_257_RC: 22895 ... 22968; Length: 73 bp

Sequence:

TAAATCCCTAAAAAACAGCAGTAAGATAATTTTCAATTAGAAAATATCTTACTGCTGTT
CTCTATTTATACA

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC008_COL_CP000046.1[2415294:2415357:r]RC (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 7 ... 71; Length: 64 bp

Sequence:

ATACATATCAAAAAAGCTGATTTCTATCAAATAATTAATAGAAATCAGCTTTTTTACATTG
CCT

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_15653_EU272084.1[3547:5193]

Position: 029-contig_258_RC: 43 ... 73; Length: 30 bp

Sequence:

AATAGAAATCAGCTTTTTTACATTGCCTAA

> **tx_universal2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1142336:1142376] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 121 ... 162; Length: 41 bp

Sequence:

CCGAATGAAAATGCCCATGTAACAAGCATTTTTCAATTATA

> repeat_nyS γ

Function: repeat element

Best match: repeat_nyS γ _CC008_COL_CP000046.12325058:2325185RC [4_50ANF10END]

Position: 029-contig_258_RC: 162 ... 230; Length: 68 bp

Sequence:

GGCGGGGCCCAACATAGAGAATTTCAAAAAGAAATTCTACAGACAATGCAAGTTGGCG
GGGCCCAA

> Q2FZB6

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]

Position: 029-contig_258_RC: 245 ... 275; Length: 30 bp

Sequence:

AAAGTCAGCTTACAATAATGTGCAAGTTGG

> setB3

Function: protein coding sequence; staph enterotoxin-like toxin B (core genome, variable)

Best match: setB3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1142778:1143494:r]RC

Position: 029-contig_258_RC: 450 ... 1167; Length: 717 bp

Sequence:

CTAATCAAAGAGGACGTCAACAGTTATTTTATTAGGATTTTAAACATAAACATTTGCTAG
ATCTGAATGTAATCTTTTGCTTAAATCAATAGTGTAGTTATTACCGCCACCGGTGATCTTA
AGCTTACCTTTATTACGATTTTCGTTATATAATTTTTATTTTTTATTAACGCTTCTCGTGC
ACGGAATCGATTTCTTTCAATGTTAATACTGGTTTATTGCCTTGGTATATTTTTATGCGCA
CCAATAATCGTTTGTAGTTTATCTTTGTATTGCACAAAAAGATTATAAGTTTTATCAGAAG
GTTTTGCGGCTGGTGTAACGCCACCTGTAAATGTCTCTCTATAAGACCACCATAACTGATC
AGTATCTTTGTCTTTTAGTCCAAACACATCTACGTAACGATCTTTAACTGATTAATATTTT
CCCAACTTTTACGCGCCCATAAAGATATATGTGCTGACCATGAATATCTCTTAAGTTCAAC
ATAAATGTTTCCATTATCATATTGATATAGCCATTTATTTGAAAATGAAAATGAGGCTGT
GTGTAATATTTAATTAATTCATTGATGTTAGTTTCATCTTGACCAATACTATAAGCTTTAG
CTTCAGAGTAAAACTAAATACTGGTTTTTTGATTTTGAGGTAATACAGTACCTAATAGTA
ATAATGTTGTCGTTAAAATTATATTTTCGTGATGTTCTTACTCAT

> setB2

Function: protein coding sequence; staph enterotoxin-like toxin B (core genome, variable)

Best match: setB2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1143602:1144327:r]RC

Position: 029-contig_258_RC: 1274 ... 2000; Length: 726 bp

Sequence:

TTAGTTTGATTTTTTCGAGGATAACTTCAATTTTTGCATTTTGAGGTTTTTTAACATATCTAT
TTGCATCAGTTGATGGCAACCTTTTACTTAAATCTATTGTGTAGTTATTGTCTGCACCTGTT
ATTTTAATTTGTCCTTTATTATAAGAATTATTATATAATTTTTTACTTTTAATTAATGTTT
ACGAATACGAAAATCTAATTTCTTTTAAAGTTAAAACAGGCTTATTGCCTTCATAAACTGG
AAATCCGCCAGTAAACGTTTCTGCTTTATCTTTATATGTTACATTCAGTTTATAGTGTTTAT
CGTTAGATGTTGCTGCAGGAGTAACACCACAGTAAACGTTTCTTGAGATAATGCAAAAAG
AATCAATGGTTTCTTGGTCTTTTATGCCAAAAATATCAACGCTTTTATTTCTTAATGGTTG
ATATTGCCCAACTTTCAGGTCCATAAACTTGAATATGACTATACCAAGAAAACCTGTAAC
AACGTTGCATGAATCGTACCGTTATCTTTTTGCCATAACGTACTGTTTGAGAAGGTTAAAT
ATTTTTGCGAGTAATATTTAGTTAACTCATTTACGTTAGTTTCGTTTTGATTTATATAATAA

GCTTTCGCTTCAGATGAAGAATTGATAGGTGTATTAGGAAATTGTGTAGATGCTGTACCT
AATAGTAACAATGTTGTTGATAAAAATAATTTTTTTTCGTGATGTTATTGTTTCAT

> **setB1**

Function: protein coding sequence; staph enterotoxin-like toxin B (core genome, variable)

Best match: setB1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1144422:1145147:r]RC

Position: 029-contig_258_RC: 2094 ... 2820; Length: 726 bp

Sequence:

TTAGTTAGATTTTTTCGAGTATGACTTCAATTTGTGCATTTTTAGGATTTTAAACATAACGGT
TTGTGTCAGTTAATTTTAACTTTTTACTTAAATCAATCGTGTAAATTATTTCCATCAGCAGTT
ATCTTAATTTGACCTTTATTAATTTCTCCGTTATATAACTTTTTATTCTTTATTAATGTTTG
ACGAATACGGAAGTCTAATTTCTTTAGAGTTAATACTGGTTTATTTCCCTTTGTAAAATTCA
TGTCCACCGATGATAGTTTGTGTTTATCACTATATTTTAAAAATAGTCTATAAGGTTTAT
CAGATGAAGTAGCTGCTGGCGTAACACCACCAGTAAATGTTTCATCATAAGTCCAGTAAAC
CTTCAACTGTGTCCTCATCTTTAGTTCCAAATATATCAACGTATTTATTTCTTAACTGATTA
ATGTTTCCCAACTCTCGGATCCAAACACTTGAATATGACTATACCAAACCCACGTTTGCA
ATGTTGCATGAATGCTACCATTGGGCTTTTGCCATAACCATTTATTTGATAGTGATAAATG
AGGCTGTGTATAATACTTTATTAACCTCATTGATATTAGTCTCGTTTTCACTGATATTATAG
GCTTTTGCTTCAGATGAAAACTGATTGGTGTTTTAGGAAGTTGTGTTGATGTGGTTCCTA
AAAGTAACAATGCAGTTGATAAACTAATTTATTCATGATGTTCTTTTTTCAT

> **arcB-L1**

Function: protein coding sequence; ornithine carbamoyltransferase locus 1 (core genome, constant)

Best match: arcB-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.21145585:1146586 [4_50ANF10END]

Position: 029-contig_258_RC: 3257 ... 4259; Length: 1002 bp

Sequence:

ATGAAAAATTTACGAAACAGAAGTTTTTTAACTTTATTAGACTTTTCACGACAAGAGGTA
GAATTCTTATTAACACTCTCCGAGGATTTAAAACGTGCTAAATATATTGGCACTGAAAAG
CCTATGTTAAAAAATAAAAAATATTGCACTGTTATTTGAAAAAGATTCTACAAGAACGCGA
TGTGCATTTGAAGTTGCAGCGCATGATCAAGGTGCAAATGTAACCTTATTTAGGCCCAACT
GGATCACAAATGGGTAAAAAAGAAACAACCTAAAGATACTGCACGTGTGCTTGGTGGAAAT
GTATGATGGCATTGAATACCGTGGTTTTTACAAAAGAACAGTAGAACTTTAGCTGAGTA
TTCAGGCGTACCAGTGTGGAATGGTTTAACTGATGAAGATCATCTACTCAAGTTCTTGCT
GATTTCTTAAACAGCAAAAAGAGTCTTAAAAAAGATTATGCAGATATTAACTTTACATAT
GTTGGAGATGGTCGTAATAACGTTGCAAATGCATTAATGCAAGGTGCTGCCATTATGGGT
ATGAACTTCCATTTAGTTTGTCCAAAAGAATTAATCCAACAGATGAATTATTAATATCGC
TGTA AAAAATATTGCCGCTGAAAATGGTGGCAACATATTAATCACAGATAATATTGACCAA
GGTGTA AAAAGGTTCCGATGTAATTTACTGACGTTTGGGTATCAATGGGTGAACCTGAT
GAAGTATGGAAAGAACGACTTGAATTATTGAAACCATATCAAGTAAATAAAGAAATGAT
GGATAAACTGGTAATCCAAATGTTATTTTTGAGCATTGCTTACCATCTTTCCATAATGCT
GATACGAAAATTGGTCAACAAATTTTTGAAAAATATGGAATTCGAGAAATGGAAGTTAC
AGATGAAGTATTCGAAAGTAAAGCTTCAGTTGTATTCCAAGAAGCTGAGAACAGAATGC
ATACAATCAAAGCAGTGATGATTGCTACATTGGGTGAATTTTAA

> **arcC-L1**

Function: protein coding sequence; carbamate kinase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: arcC-L1_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000010.1[27450:28382:r]

Position: 029-contig_258_RC: 4281 ... 5214; Length: 933 bp

Sequence:

ATGGCGAAAATAGTAGTAGCATTAGGTGGTAATGCTTTAGGAAAATCACCTCAAGAACA
ACTCGAGCTTGTTAAAAATACTGCGAAATCATTAGTAGGATTAATAACAAAAGGACATGA
GATTGTTATTAGTCATGGTAATGGACCACAGGTTGGAAGCATTAAATTTGGGACTTAACTA
TGCTGCAGAACATAACCAAGGTCCGGCATTTCATTTGCTGAATGTGGCGCAATGAGTCA
AGCTTACATCGGCTATCAATTACAAGAAAGCTTACAAAATGAATTGCATTCTATTGGAAT
GGATAAACAAGTGGTAACACTAGTGACACAAGTTGAAGTTGATGAAAATGATCCGGCAT

TTAACAATCCTTCAAACCAATTGGGTTATTTTACAACAAAGAAGAAGCTGAACAAATTC
AAAAAGAAAAGGATTTATATTTGTTGAAGATGCTGGAAGAGGATATAGACGCGTTGTT
CTTACCACAACCCATCTCTATTATTGAATTAGAGAGTATTAACACTTATTAATAATG
ATACACTCGTTATTGCTGCTGGCGGTGGAGGTATACCAGTAATTAGAGAGCAACATGATG
GTTTTAAAGGTATTGATGCAGTTATAGACAAAGATAAAAACAAGTGCATTGTTGGGTGCTA
ATATTCAATGCGATCAATTGATTATTTTAAACAGCAATTGATTATGTATATATTAATTTTAA
CACTGAAAACCAACAGCCTTTGAAAACAATAAATGTTGATGAATTAACGATATATAG
ACGAAAATCAATTTGCAAAAAGGAAGTATGTTACCAAAAATTGAAGCAGCCATATCATTTA
TTGAAAACAATCCAAAAGGAAGCGTGCTTATAACATCATTAAATGAATTAGATGCTGCCT
TAGAGGGTAAAGTAGGTACTGTGATTAATAAAGTAA

> **arcD1**

Function: protein coding sequence; C4 transporter/TRAP family (core genome, constant)

Best match: arcD1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1083751:1085307] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 5385 ... 6942; Length: 1557 bp

Sequence:

GTGGAAAATACAATTAATGAAAGTGAAAAGAAAAACGATTTAAATTAATAATGCCAGG
TGCATTTATGATTTTATTCATTTAACGGTTGTTGCAGTTATAGCAACATGGGTTATTCCTG
CTGGTGCATATTCTAAACTTTCTTACGAACCTTCATCCCAAGAACTAAAGATAGTTAACCC
TCATAACCAAGTGAAAAAGGTTCCGGGTACGCAACAGGAACTAGACAAAATGGGGGTTA
AAATTAAGATTGAACAATTTAAATCAGGTGCAATTAATAAGCCGGTATCAATTCCGAATA
CTTATGAAAGATTAAAGCAACATCCAGCTGGACCAGAACAATAACAAGTAGCATGGTT
GAAGGTACGATAGAAGCGGTCGATATCATGGTATTCATTCTTGTACTAGGGGGACTTATT
GGCGTAGTTCAAGCCAGTGGTCTTTTGAATCGGGATTGTTAGCTTTAACGAAGAAAACA
AAAGGGCATGAATTTATGCTAATTGTGTTTGTATCAACTAATGATTATCGGCCGGGACA
TTATGTGGTATTGAAGAAGAAGCTGTAGCATTATCCGATTTTAGTCCCTATATTTATAG
CGTTAGGATACGATTCTATCGTTTCAGTTGGTGCCATATTCCTTGCCAGCTCTGTCGGTAG
TACATTTCAACTATTAACCCGTTCTCGGTTGTAATTGCCTCTAATGCCGCTGGTACAAC
TTTACGGATGGCTTGTATTGGAGAATAGGTGCTTGTATTGTCCGGTGCATTTTGTATTATTA
GTTATTTATATTGGTACTGTAAAAAATTAATAACGATCCTAAAGCGTCATATTCCTATGA
AGACAAAGATGCTTTTGAACAGCAATGGTCTGTATTAAGATGACGATAGTGCCCATTT
TACTTTGCGTAAGAAGATAATCCTTACATTATTTGTACTACCATTCCAATTATGGTATGG
GGAGTTATGACGCAAGGTTGGTGGTCCCAGTTATGGCTTCAGCATTTTAATATTTACAA
TTATAATAATGTTTATTGCTGGGACAGGTAATCTGGATTGGGAGAAAAGGAAGTGTAG
ATGCATTTGTCAATGGTGCATCAAGTTTAGTAGGTGTATCTTTAATTATTGGTTTAGCTCG
AGGTATTAATTTAGTGTGGAATGAAGGTATGATTTTCAGATACAATCTTACACTTTTCATCA
TCTTTAGTTCAACATATGAGTGGACCATTATTTATCATCGTATTACTATTTATTTCTTCTG
TTTAGGTTTATCGTGCCATCATCTTCTGGCTTAGCGGTATTATCAATGCCTATCTTTGCAC
CACTAGCTGATACAGTAGGTATACCAAGATTTCGTCATCGTTACGACATATCAATTTGGTC
AATATGCGATGTTATTCTTAGCGCCGACTGGACTTGTATGGCCACACTACAAATGTTAA
ACATGCGATATTCACATTGGTTCCGATTTGTATGGCCGGTAGTTGCTTTTGTATTGATTTTC
GGTGCCGGAGTACTAATTACGCAAGTACTAATTTATTCATAA

> **A5IS57**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: A5IS57_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1226137:1226364] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 7249 ... 7477; Length: 228 bp

Sequence:

ATGACACATTTGACAAAGGTTTTAGATACACTAACTGGAATATGCGTAGTATTATTATTTA
GTAAATATTTTGTGGCGTATGCAAATATGGTGTGTTGATTGGAATTTAAGATGGTATTTGCT
AGAAAACATACCACATTTGCCAATTATATTTATTCTGATGTTTATTTTCGGAGTACCT
TCTGAAATGATAAAAGATAGGCAAAGGAAAAATAACGGTGTTTAA

> **txbi_per**

Function: bidirectional rho-independent terminator of per

Best match: txbi_per_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1086063:1086126] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 7697 ... 7761; Length: 64 bp

Sequence:

AGGCATTGATATACACTAAAAAGAGGCAAGATTACCTGCCTCTTTTTAGTTATTAATAT
ACGT

> **per**

Function: protein coding sequence; putative permease (core genome, variable)

Best match: per_CC001-ST772_118_AJGE01000008.1[7719:8666:r]RC (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 7781 ... 8729; Length: 948 bp

Sequence:

TTACTGAGACGCATTACGAAGAAATTTATCTTGTTTTCTTTTTAAAAAGAAGTGAAGA
TATCCTATAAAGACTCTAAGTACTATTACAGTGGCTAATAACACTTCGATAAACAAAAGA
CCTTTCCAAATGTCTGAAACATAAGTACAGGCAAACTGTTCTTTAAAGCAGTTGCTGAG
ATTACTAAAGGGAATGTGAAAGCTGAAAATACGGGCGAAAAAGGTTCTTTTAGTAATTTA
GGCAATTGTATAATGATATAAAAAATAAAATATTTGAGCTAATAGTAAAAATATAATTACG
ATAAAAGCATTTCGCCTTAGGAAAAGCTATAACATATGCTGCAGCGACTAAAGAAAATGG
TGCGCAAATGTGCGATGTGTTTCGGTTTGATTGACGTCTGCAATGGAAATGCTTTTAATCGC
TTGAAAATATAGGTAAGACAATACAAGTAGCTACAAAGCCATATATTACTGTTAATTGA
CCTATGAAAAAATATCCGCTAACGGGTGCCGTCAATCCTGCGATAGCAATACCAATAAAA
AGTACAGTCCACGAAGGATAAACATTTTCAAGTGAAAAATCTTTTAAATATTTTATTGAA
AAAATAATCATATGCGTCATAATTCCCACAAGGCATAAAATCCAAATAGGCGTTATTAAG
CTATTGATAAAAAGTTATGTTACTAAAAAATGTATTTAAATAAGTAGTACCTAAAAAGCCA
GACATGAAAAATGTTGTGAACACTGATGAACTAGAGGACTGTTAATTGTTCTTTTACACA
TTATTAATAATTTAATCATAGTACATAAAAGGTGAATCCAAATCAAGAAAGCAAAGATT
CCGCAAACAGCGTTTAAAGTAAGAGATAAGTCTTTTAATAGATTACCCAGGCCTAATAAT
CCTAAGACTAGTCCTGACGTTACTAGAGGTGCTTTTTGAAGTCTCAT

> **A6QG73**

Function: protein coding sequence; putative DNA-binding protein (genomic island)

Best match: A6QG73_CC001-ST772_118_AJGE01000008.1[8915:9103] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 8977 ... 9166; Length: 189 bp

Sequence:

ATGAGAAATCAAATTCAAAACTATTAGACAGTGATTTGAGCAGTTTACATATATCGAAA
CAAACAGGAGTTCCACAAAGCACAAATACACAGAATGAGAAAAAATGAAAGATCATTAGA
TAATATGTCATTGAAAAACGCTGAACTGCTTTATAAATTTGCCAATAGTATATTTAGCAAT
GAAAATTAA

> **tRNAarg3**

Function: tRNA tRNA-Arg (core genome, constant)

Best match: tRNAarg3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1151964:1152042:r]RC (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 9635 ... 9714; Length: 79 bp

Sequence:

TAAACGTCCTGGGAGGGATTTCGAACCCCGACCGATGGCTTAGAAGGCCATTGCTCTATC
CAGCTGAGCTACCAGGACA

> **psmB1**

Function: protein coding sequence; phenol soluble modulins beta 1 (core genome, constant)

Best match: psmB1_CC001-ST772_118_AJGE01000008.1[10014:10148] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 10076 ... 10211; Length: 135 bp

Sequence:

ATGGAAGGTTTATTTAACGCAATTAAGATACCGTAACTGCAGCAATTAATAATGACGGC
GCAAATTAGGCACAAGCATTGTGAGCATCGTTGAAAATGGCGTAGGTTTATTAGGTAAA
TTATTCGGATTCTAA

> **psmB2**

Function: protein coding sequence; phenol soluble modulins beta 2 (genomic island)

Best match: psmB2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1152596:1152730] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 10267 ... 10402; Length: 135 bp

Sequence:

```
ATGACTGGACTAGCAGAAGCAATCGCAAATACTGTGCAAGCTGCACAACAACATGATAG
TGTGAAATTAGGCACAAGTATCGTAGACATCGTTGCTAACGGTGTGGGTTTACTAGGTAA
ATTATTTGGATTCTAA
```

> **Q1Y2B3**

Function: protein coding sequence; putative haloacid dehalogenase-like hydrolase (core genome, constant)

Best match: Q1Y2B3_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1229408:1230103] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 10525 ... 11221; Length: 696 bp

Sequence:

```
ATGGGGAAATTGGGATATAAAAATATTTTGTATAGACTTTGATGATACAATTGTTGATTTTT
ATGATGCAGAAGAATGGGCGTTTCACTATATGGCGAATGTTTTTAATCATAAAGCAACAA
AGGATGATTTTTTAACATTTAAAAAATCAATCACCAACATTGGGAAGCTTTTCAACAAA
ATAAATTAACGAAGTCTGAAGTATTATCAGAACGATTTGTGAATTACTTCAAACATCATC
AAATGGAAGTTGATGGGCATCGTGCAGATGTGTTATTTAGAAATGGATTAGCAGAAGCTA
AAGTTAAATACTTTGATCAAACATTAGAAAACAATTGTCTGAATTATCGAAAAGACATGATT
TATATATTGTTACTAATGGTGTAAACCGAAACGAAAAGAGAAGGTTAAATCAGACGCCGT
TGCATAAATATATTA AAAAGATATTTATATCTGAGGAAACAGGATATCAAAAACCTAATC
CGGAATTTTTTAATTATGTTTTTAATGATATTGGTGAGGATGAAAGACAGCACTCGATTAT
AGTTGGAGATTCTTTAACATCTGACATTCTAGGTGGAATCAATGCGGGTATAGCTACTTG
CTGTTTTAATTTAGAGGATTTGATCATAATCCAGGAATTATACCTGATTATGAAATTAAT
TCATGGAAACAACATAATGATATTGTACGTAA
```

> **Q931T2**

Function: protein coding sequence; N-acetyltransferase/GNAT family (core genome, constant)

Best match: Q931T2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1153658:1154098:r]RC (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 11329 ... 11770; Length: 441 bp

Sequence:

```
TTATGGTTTCCACAATAAGACATCATGTCCCTCTATATTTTTAGCTTCCACATCTGTAAAT
CCATGATGTAAAAAGAAATCCTTAGAATCATTTCTGCCAATGGCTTTAATTGGCATATTG
AAACTCTTTGCAAAATCAATCAATTCTGAAGCGTACCCTCTGTTTTGATATTTTTGGTAATA
CTTCTAACTTCCATAATAATATATAATCTTCAAATCTGGGAAGTAGATTTCTTCCGACATC
ACCTTTTTTTAGTAATGCCATTCTAGCTCCTAATTGATCTCCGACAAATATGCCATAAAAT
GGTGAATCTGAACTTGCATCAATCATTTGACCGTTTAACTCATTGACCATGTATAAGTCTT
TGTTGCCAAACGCTCTAAAGTTTTCGAATAAATTCGTCAGTTTTGTAATTAATTTCAAGACG
TTTGATTTCACTCAT
```

> **Q5HGQ4**

Function: protein coding sequence; UPF0747 protein (core genome, variable)

Best match: Q5HGQ4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1154293:1155906]

Position: 029-contig_258_RC: 11964 ... 13578; Length: 1614 bp

Sequence:

```
ATGGACTGTAAAGTAGTTAGTTTAAATGAAAAAGATCAGTTTATACCAAAAATAAAGAG
CAGTGACCCTGTAAATAACAGGATTATTTCAATATGATGCAGCTCAACAAACTAGTTTTGA
AAAAAGGATGTCTAAAGAAAATAATGGAAGAGAAGCGGCATTAGCGAATGTTATTCGTG
AATATATGAGTGATTTAAAGCTTTCTAGTGAACAAGAATTAAACATAACAACATTTAGCTA
ATGGTTCAAAGTTGTGATTGGTGGACAACAAGCAGGGCTTTTCGGGGGACCATTGTATA
CATTCCATAAAATATTTTCAATCATTACTTTATCTAAGGAATTAACGGATACACATAAGCA
```

ACAAGTAGTACCAGTTTTTTGGATTGCAGGAGAAGATCATGATTTTCGATGAAGTGAATCA
TACATTTGTTTATAACGAAAATCATGGGTCGCTGCATAAAGGTTAAATATCATAACAATGGA
GATGCCAGAGACGACTGTCTCTAGATATTATCCTGATAAAGGCTGAGTTGAAACAACTTT
AAAAACGATGTTTCATTTCATATGAAAGAACTGTTTCATACACAAGGTCTACTGGAGATTTG
TGACAGAATTATTGACCAATATGACTCGTGGACTGATATGTTTAAAGCACTACTGCATGA
AACATTTAAAGCATATGGCGTTCTATTTATAGATGCGCAGTTTGAGCCGTTAAGAAAAAT
GGAAGCGCCTATGTTTAAAAAGATTTTGAAAAAACATCAGTTGCTTGATGATGCTTTTAG
AGCAACACAACAACGCACTCAAAATCAAGGCTTGAATGCGATGATACAAACAGATACAA
ATGTTCAATTTATTCTTACATGATGAAAATATGCGTCAATTAAGTTTCGATGATGGTAAGCA
TTTTAAATTAATAAAAACAGATAAGACATATATAAAGGAAGAAATTATAAATATTGCGG
AAAATCAACCTGAATTATTTTCTAATAATGTAGTGACAAGACCATTAATGGAAGAATGGT
TATTTAACACGGTGGCATTGTTGGAGGACCGAGTGAAATTAAGTACTGGGCTGAACTAA
AAGATGTATTTGAACTATTTGATGTTGAAATGCCTATCGTGATGCCAAGGCTTAGAATTA
CTTATTTAAATGACCGTATAGAAAAATTACTTTGAAATACAATATTCCATTAGAAAAAG
TGTTAGTCGATGGTGTGAAAGGAGAAAGAAGTAAGTTTATTAGAGAAACAAGCATCACATC
AATTTATTGAAAAGGTAGAAGGTATGATTGAACAACAGCGTCGTCTAAACCAAGACTTAT
TAGATGAAGTGGCGGGGAATCAAATAATATTAACCTTGTGAATAAAAAATAATGAAATT
CATATACAACAGTATGATTATTTGTTAAAACGTTATCTTTTAAACATTGAAAGAGAAAAC
GACATCAGTATGAAGCAATTTAGAGAAATTC AAGAAACACTCCATCCAATGGGAGGATT
ACAAGAAAGAATATGGAATCCACTTCAAATTTTGAATGATTTTGGGACAGATGTGTTCAA
GCCCTCCACCTATCCACCCTTTCTTACACTTTTGATCATATTATTATAAAACCTTAA

> **mraZ**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: mraZ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1156050:1156481] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 13721 ... 14153; Length: 432 bp

Sequence:

ATGTTTCATGGGAGAATACGATCATCAATTAGATACAAAAGGACGTATGATTATACCGTCC
AAGTTTCGTTATGACTTAAATGAGCGTTTTATTATCACAAGAGGCCTTGATAAATGTTTAT
TCGTTTACTCTAGACGAATGGCAACAGATTGAAGAGAAAATGAAAACCTTACCTATG
ACAAAAAAGACGCACGTAAGTTTATGCGTATGTTCTTCTCTGGTGCTGTTGAAGTAGAA
CTTGATAAGCAAGGGCGTATTAACATCCCTCAAACCTTGAAGAAATACGCTAATTTAACT
AAAGAATGTACAGTAATCGGTGTTTCAAATCGTATTGAGATTTGGGATAGAGAACTTGG
AATGATTTCTATGAAGAATCTGAAGAAAGTTTCGAAGATATTGCTGAAGATTTAATAGAT
TTTGATTTTTTAA

> **rsmH**

Function: protein coding sequence; ribosomal RNA small subunit methyltransferase H (core genome, constant)

Best match: rsmH_CC001_MSSA476_BX571857.1[1185191:1186105]

Position: 029-contig_258_RC: 14189 ... 15104; Length: 915 bp

Sequence:

ATGTTAAACGAAACCATTGATTATTTAAATGTAAAAGAAAATGGTGTGTACATTGACTGT
ACGCTAGGTGGAGCGGGACATGCCCTTTATTTACTAAATCAATTAATGACGACGGAAGA
TTAATAGCAATCGATCAAGACCAAACCTGCAATTGATAATGCTAAAGAGGTATTAAGGAT
CATTTGCATAAGGTGACTTTTGTTCATAGCAACTTCCGTGAATTAACCTCAAATATTTAAAG
ACTTAAACATTGAAAAGTAGATGGAATTTATTACGACTTGGGTGTTTCAAGTCCCCAAC
TCGACATTCAGAACGAGGATTCAGTTATCACCATGACGCAACATTAGACATGCGTATGG
ACCAAACACAAGAATAACAGCATATGAAATTGTTAACAATTGGTCATATGAAGCGTTAG
TGAAGATTTTTTATCGTTATGGCGAGGAGAAATTTTCAAACAGATAGCTCGAAGAATCG
AAGCACATCGCGAACAACAACCAATAACAACAACATTAGAATTAGTTGACATTATAAAA
GAAGGTATTCCTGCAAAAGCAAGAAGAAAAGGCGGACATCCTGCAAAACGAGTATTTCA
AGCACTACGAATTGCAGTAAACGATGAATTGTCAGCTTTTGAAGATTCAATAGAACAAGC
GATTGAATTAGTGAAGTAGACGGCAGGATTTCCGTAATCACTTTCCATTCTTTAGAAGA
TCGTTTATGTAAACAGGTGTTCCAAGAATATGAAAAGGTCCAGAGGTACCAAGAGGATT

ACCAGTTATACCAGAAGCATATACACCTAAGTTAAAGCGTGTTAATCGTAAACCGATTAC
CGCTACAGAAGAAGATTTAGATGACAATAACAGAGCACGAAGCGCGAAATTACGTGTAG
CTGAAATACTTAAATAA

> **ftsL**

Function: protein coding sequence; cell division protein L (core genome, constant)

Best match: ftsL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1157446:1157847] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 15117 ... 15519; Length: 402 bp

Sequence:

ATGGCTGTAGAAAAAGTGTACCAACCATATGACGAACAAGTTTATAATAGTATACCGAA
GCAACAACCACAACTAAGCCCCGAAAAGAAGACTGTTTCGAGAAAAGTGGTTGTACAAT
TAACTAAATTTGAAAAAGTTTTATACATAACTTTGATTACTGTAATTGCTATGTTAAGTAT
TTATATGCTATCTTTAAAATGGATGCGTATGATACGCGAGGAAAGATTGCAGATTTAGA
TTATAAAATAGATAAAACAATCAAGTGAAAACAGTGCTTTACAATCTGAAATCAAAAAGA
ATTCTTCTTATGAACGCATATACGAAAAGGCTAAGAAACAGGGGATGAGCCTTGAGAAC
GATAATGTAAAGGTAGTGCGTAGTAATGGCGAAGCAAAAAATTAA

> **pbpA**

Function: protein coding sequence; penicillin binding protein A (core genome, constant)

Best match: pbpA_CC001_ATCC51811_ADVP0100010.1[14930:17163:r]

Position: 029-contig_258_RC: 15499 ... 17734; Length: 2235 bp

Sequence:

ATGGCGAAGCAAAAATTTAAAATTAATAAAAAAATAAAAATAGGGGCAGTCCTACTTGTTGG
TTTATTCCGACTGCTCTTTTTTATATTGGTTTTAAGAATTTTCATATATCATGATTACTGGAC
ATTCTAATGGTCAAGACTTAGTCATGAAGGCAAATGAAAAGTATTTAGTTAAGAATGCAC
ACAACCAGAACGAGGAAAGATATATGATCGTAATGGTAAAGTGCTAGCAGAAGATGTA
GAAAGATATAAACTTGTTGCAGTAATAGATAAAAAGGCGAGTGCCAATTCTAAAAAACC
TAGGCATGTAGTTGATAAAAAAGAGACTGCAAAGAAATTATCTACAGTCATTGATATGAA
GCCAGAGGAAATTGAAAAGAGACTTAGTCAAAGAAAGCTTTCCAAATTGAATTTGGAC
GCAAAGGAACAAATTTAACGTATCAGGACAAATTGAAAATAGAGAAAATGAATTTGCCT
GGTATTTCTTTATTGCCTGAAACAGAACGCTTTTATCCAAATGGCAATTTTGCATCACACT
TAATTGGTAGAGCTCAGAAAAATCCGGATACTGGTGAACCTAAAGGTGCACTTGGAGTTG
AAAAGATTTTTGATAGTTATTTAAGTGGATCTAAAGGATCATTGAGATATATTCATGATAT
TTGGGGATATATCGCACCAAATACTAAAAAAGAGAAGCAGCCTAAACGTGGTGTATGATG
TCCATTTAACAATCGATTCAAATATTCAAGTATTTGTTGAAGAAGCTTTAGATGGCATGGT
TGAAAGATACCAGCCGAAAGATTTATTTGCGGTTGTCATGGATGCCAAAACCTGGAGAAAT
TTTAGCATAACAGTCAGCGACCAACATTTAATCCTGAAACTGGTAAAGACTTTGGTAAAAA
GTGGGCAAATGACCTTTATCAAACACATACGAGCCTGGATCAACATTTAAATCATATGG
GTTAGCAGCTGCTATTCAAGAAGGTGCTTTTGATCCTGATAAGAAATATAAATCTGGACA
TAGAGATATTATGGGTTACGATTTTCAGACTGGAATAGAGTCGGTTGGGGTGAAATCCC
AATGTCACTCGGATTTACTTATTCATCTAATACATTGATGATGCATTTACAAGATTTAGTT
GGTGCAGACAAAATGAAATCTTGGTATGAACGATTTGGATTTGGAAAATCAACTAAAGGT
ATGTTTGATGGAGAAGCACCTGGTCAAATTTGGATGGAGTAATGAGTTACAACAAAAAAC
GTCATCATTTGGTCAATCGACAACCTGTAACACCTGTTCAAATGTTACAGGCGCAATCAGC
GTTCTTTAATGATGGTAATATGTTAAAACCATGGTTTGTGAATAGCGTTGAAAATCCTGTT
AGTAAAAGACAATTTTATAAAGGGCAAAAACAAATCGCAGGCAAACCAATAACAAAAGA
TACTGCTGAAAAGTTGAAAAGCAATTGGATTTAGTTGTGAATAGTAAGAAGAGTCACGC
TGCAAACCTATCGTATTGATGGTTATGAGGTTCGAAGGTAAGACTGGTACAGCACAAGTCGC
TGCACCTAATGGTGGTGGATACGTTAAAGGTCCAAACCCATATTTTGTAAGTTTTATGGGT
GACGCACCGAAGAAAAATCCTAAAGTTATTGTATACGCTGGTATGAGCTTGGCACAAAA
AAATGACCAAGAAGCTTATGAATTAGGTGTTAGTAAAGCGTTTTAAACCAATAATGGAAA
ATACTTTGAAATATTTAAATGTAGGTAAATCAAAGATGACACATCTAATGCAGAGTATA
GTAAAGTGCCAGATGTTGAAGGTCAAGACAAACAAAAGCTATTGATAATGTGAGTGCA
AAATCATTAGAACCAGTTACTATCGGTTCTGGCACACAAATAAAAGCACAAATCTATAAAA
GCAGGGAATAAAGTCTTACCTCATAGTAAAGTACTGTTATTAACAGACGGGAGACTTAACT

ATGCCTGACATGTCAGGATGGACGAAAGAAGATGTCATTGCTTTTGAAAACCTAACAAAT
ATTAAGTAAATTTAAAAGGTAGCGGTTTTGTGTCCCACCAATCAATTAGTAAGGGACAA
AACTTACTGAAAAAGATAAAAATAGACGTAGAATTTTCATCAGAGAATGTAGACAGCAA
TTCGACGAATAATTCTGATTCAAATTCAGATGATAAGAAGAAATCTGACAGTAAACTGA
CAAGGATAAGTCGGACTAA

> **mraY**

Function: protein coding sequence; phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (core genome, variable)

Best match: mraY_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1160354:1161319]

Position: 029-contig_258_RC: 18025 ... 18991; Length: 966 bp

Sequence:

ATGATTTTTGTATATGCGTTATTAGCGCTAGTGATTACATTTGTTTTGGTACCTGTTTTAAT
ACCTACATTA AAAAAGGATGAAATTTGGTCAAAGTATTTCGAGAAGAAGGTCCACAAAGCC
ATATGAAGAAGACTGGTACACCAACGATGGGTGGACTAACATTTCTATTAAGTATTGTGA
TAACGCTTTTGGTGGCTATTATATTTGTGGATCAAGCTAATCCAATCATACTGTTATTATT
TGTGACGATTGGTTTTGGGTTAATTGGTTTTATAGATGATTATATTATTGTTGTTAAAAAG
AATAACCAAGGTTTAAACAAGTAAACAGAAGTTTTTGGCGCAAATTGGTATTGCGATTATT
TTCTTTGTTTTAAGTAATGTGTTTCATTTGGTGAATTTTTCTACGAGCATACATATCCATT
TACGAATGTAGCAATCCCACACTATCATTTCGATATGTTATTTTCATTGTTTTTTGGCAAGTA
GGTTTTTCTAATGCGGTAAATTTAACAGATGGTTTAGATGGATTAGCAACTGGACTGTCA
ATTATCGGATTTACAATGTATGCCATCATGAGCTTTGTGTTAGGAGAAACGGCAATTGGT
ATTTTCTGTATCATTATGTTGTTTGCACCTTTTAGGATTTTTACCATATAACATTAACCCTGC
TAAAGTGTATATGGGAGATACAGGTAGCTTAGCTTTAGGTGGTATATTTGCTACGATTTCA
ATCATGCTTAATCAGGAATTATCATTAAATTTTTATAGGTTTAGTATTCGTAATTGAAACCT
TATCTGTTATGTTACAAGTCGCTAGCTTTAAATTGACTGGAAAGCGTATATTTAAAATGAG
TCCGATTCATCATCATTTTGAATTGATAGGATGGAGCGAATGGAAAGTAGTTACAGTATT
TTGGGCTGTTGGTCTGATTTCAAGTTTAAATCGGTTTATGGATTGGAGTGCATTA

> **murD**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylmuramoylalanine-D-glutamate ligase (core genome, variable)

Best match: murD_CC001_MSSA476_BX571857.1[1189994:1191343]

Position: 029-contig_258_RC: 18992 ... 20342; Length: 1350 bp

Sequence:

ATGCTTAATTATACAGGGTTAGAAAATAAAAATGTATTAGTTGTCGGTTTTGGCAAAAAGT
GGTTATGAAGCAGCTAAATTATTAAGTAAATTAGGTGCGAATGTAAGTGTCAATGATGGA
AAAGACTTATCACAAGATGCTCATGCAAAAGATTTAGAATCTATGGGCATTTCTGTTGTA
AGTGGAAGTCATCCATTAACGTTGCTTGATAATAATCCAATAATTGTTAAAAATCCTGGA
ATACCTTATACAGTATCTATTATTGATGAAGCAGTGAAACGAGGTTTGAAAATTTTAAACA
GAAGTTGAGTTAAGTTATCTAATCTCTGAAGCACCATCATAGCTGTAACGGGTACAAAT
GGTAAAACGACAGTTACTTCTCTAATTGGAGATATGTTTAAAAAAGTCGCTTAACTGGA
AGATTATCCGGCAATATTGGTTATGTTGCATCTAAAGTAGCACAAGAAGTAAAGCCTACA
GATTATTTAGTTACAGAGTTGTCGTCATCCAGTTACTTGGAAATCGAAAAGTATAAACCA
CACATTGCTATAATTACTAACATTTATTCGGCGCATCTAGATTACCATGAAAATTTAGAAA
ACTATCAAATGCTAAAAGCAAATATATAAAAATCAAACGGAAGAAGATTATTTGATTT
GTAATTATCATCAAAGACAAGTGATAGAGTCGGAAGAATTAAGCTAAGACATTGTATT
TCTCAACTCAACAAGAAGTTGATGGTATTTATATTAAGATGGTTTTATCATTTATAAAGG
TGTTGCTATTATTAACACTAAAGATCTAGTATTGCCTGGTGAACATAATTTAGAAAATATA
TTAGCAGCTGTGCTTGCTTGATTTTAGCTGGTGTACCTATTAAGCAATTATTGATAGTT
TAACTACATTTTCAGGAATAGAGCATAGATTGCAATATGTTGGTACTAATAGAACTAATA
AATATTATAATGATTCCAAAGCAACAAACACGCTAGCAACACAGTTTGCCTTAAATTCAT
TTAATCAACCAATCATTTGGTTATGTGGTGGTTTGGATCGAGGGAATGAATTTGACGAAC
TCATTCCTTATATGGAAAATGTTTCGCGCGATGGTTGTATTTCGGACAAACGAAAGCTAAGT
TTGCTAAACTAGGTAATAGTCAAGGGAATCGGTCATTGAAGCGAACAATGTCGAAGAC

GCTGTTGATAAAAGTACAAGATATTATAGAACCAAATGATGTTGTATTATTGTCACCTGCTT
GTGCGAGTTGGGATCAATATAGTACTTTTTGAAGAGCGTGGAGAGAAATTTATTGAAAGAT
TCCGTGCCCATTTACCATCTTATTAA

> **ftsQ**

Function: protein coding sequence; cell division protein Q (core genome, variable)

Best match: ftsQ_AC027138.10[4092:5412]

Position: 029-contig_258_RC: 20357 ... 21677; Length: 1320 bp

Sequence:

ATGGATGATAAAACGAAGAACGATCAACAAGAATCAAATGAAGATAAAAGATGAATTAGA
ATTATTTACGAGGAATACATCTAAGAAAAGACGGCAAAGAAAAGATCAAAGGCTACAC
ATTTTTCTAATCAAATAAAGATGATACATCTCAACAAGCTGATTTTGTATGAAGAAATTT
ACTTGATAAATAAAGACTTCAAAAAAGAACAAAGCAATGATGAAAATAATGATTCTGCT
TCTAGTCGTGCAAATAATAATAATATCGATGATTCTACAGACTCTAATATTGAAAATGAG
GATTATAGATATAATCAAGAAATTGACGACCAAATGAATCGAATGGAATTGCATTTCGAC
AACGAACAACCTCAATCAGCTCCTAAAGAACAAAATGGCGACTCGAATGATGAGGAAAC
AGTAACGAAAAAAGAACGAAAAAGTAAAGTAACACAATTAAGCCATTAACACTTGAAG
AAAAGCGGAAGTTAAGACGTAAGCGACAAAACGAATCCAATACAGTGTTATTACAATA
TTAATATTGTTGATTGCTGTTATATTAATTTACATGTTTTACCACCTTAGTAAAATTGCGCA
TGTAATATAAATGGAAATAACCACGTTAGTACTTCAAAGATAAACAAAGTTTTAGGTGT
TAAAAATGATTCAAGGATGTATACGTTTAGTAAAAAAAATGCTATTAATGATCTCGAAGA
GGATCCATTAATCAAAGTGTTGAGATACACAAGCAATTACCAAACACATTAACGCTAG
ATATCACAGAAAATGAAATTATTGCTTTAGTGAAATATAAAGGTAATATTTACCTTTATT
AGAAAATGGTAAATTGCTTAAAGGTTCAAATGATGTCAAATTAATGATGCACCTGTCAT
GGATGGTTTTCAAAGGTACAAAAGAAGATGATATGATTAAGGCGTTATCTGAAATGACAC
CTGAAGTTAGACGATATATTGCCGAAGTGTCATACGCCCAAGTAAAAACAAACAAAGC
AGAATTGAATTGTTTACGACAGATGGACTTCAAGTAATCGGTGATATTTTCGACGATATCT
AAGAAAATGAAATATTATCCGCAGATGTCACAATCATTATCAAGGGATAGTTCGGGTAAA
CTAAAAACACGAGGCTATATTGATTTATCAGTCGGTGCTTCATTTATCCCATACCGTGGAA
ACACGCTAGTCAATCAGAAAGCGATAAAAAATGTGACTAAATCATCTCAAGAGGAAAAT
CAAGCAAAGAAGAAATTACAAAGCGTTTTAAACAAAATTAACAAACAATCAAGTAAGAA
TAATTA

> **ftsA**

Function: protein coding sequence; cell division protein A (core genome, variable)

Best match: ftsA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1240666:1242078] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 21782 ... 23195; Length: 1413 bp

Sequence:

ATGGAAGAACATTACTACGTAAGTATTGATATTGGATCATCAAGCGTAAAAACAATAGTA
GGCGAGAAATTTACAATGGTATAAATGTGATAGGTACAGGACAAACCTACACGAGCGG
TATAAAAAATGGTTTAATTGATGATTTTGTATTTGCGCGACAAGCAATCAAAGACACAAT
TAAAAGGCATCAATCGCTTCGGGTGTTGATATTAAGAAGTTTTCTGAAATTACCTAT
CATTGGAACGGAAGTTTATGATGAATCAAATGAAATCGACTTTTATGAGGATACAGAAAT
CAACGGTTCACATATCGAAAAAGTATTAGAAGGTATTAGAGAAAAAAATGATGTGCAAG
AAACAGAAGTAATTAATGTGTTCCCGATTCGTTTTATAGTCGATAAAGAAAATGAGGTTT
CAGACCCTAAAGAATTAATTGCCAGACATTCATTAAGGTTGAAGCAGGCGTAATTGCTA
TTCAAAAATCGATTTAATTAATATGATTAATGCGTAGAAGCATGTGGTGTGATGTATT
AGATGTTTACTCTGATGCATATAACTATGGTTCAATCCTAACAGCTACTGAAAAAGAGTT
AGGTGCATGTGTCATTGATATTGGTGAAGACGTTACGCAAGTTGCTTTTTATGAACGCGG
TGAATTAGTAGATGCTGATTCTATCGAAATGGCAGGGCGTGATATTACAGACGATATTGC
ACAAGGATTAACACTTCTTATGAACTGCTGAAAAAGTTAAACACCAATATGGTCATGC
ATTCTATGATTCTGCTTCAGATCAAGATATCTTCACTGTTGAACAGGTTGATAGTGATGAA
ACAGTACAGTATACTCAAAAAGATTTGAGTGACTTTATTGAAGCGCGTGTAGAAGAAATA
TTCTTCGAAGTATTTGATGTTTTACAAGATTTAGGATTAACAAAAGTAAATGGTGGGTTTA
TTGTAACCTGGTGGATCTGCAAACCTTACTTGGCGTAAAAGAATTATTATCAGATATGGTAA

GTGAAAAAGTTAGAATTCACACGCCATCACAAATGGGAATTAGAAAACCTGAATTTTCTT
CAGCAATTTCTACAATTTCTAGTAGTATCGCTTTTGATGAGTTATTAGATTATGTTACAAT
TAATTATCATGATAATGAAGAACTGAAGAAGATGTTATTGATGTGAAAGACAAAGATA
ACGAATCTAAATTAGGCGGATTTGATTGGTTTAAACGTAAAACAAACAAAAAAGATACTC
ATGAAAATGAAGTAGAGTCAACAGATGAAGAAATTTATCAATCAGAAGATAATCATCAG
GAACATAAACAGAATCATGAACATGTTCAAGACAAAGATAAAGATAAAGAAGAAAGTA
AATTCAAAAACTAATGAAATCTCTATTTGAATGA

> **ftsZ**

Function: protein coding sequence; cell division protein Z (core genome, constant)

Best match: ftsZ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1165556:1166728] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 23227 ... 24400; Length: 1173 bp

Sequence:

ATGTTAGAATTTGAACAAGGATTTAATCATTAGCGACTTTAAAGGTCATTGGTGTAGGT
GGTGGCGGTAACAACGCCGTAACCGAATGATTGACCACGGAATGAATAATGTTGAATTT
ATCGCTATCAACACAGACGGTCAAGCTTTAACTTATCTAAAGCTGAATCTAAAATCCAA
ATCGGTGAAAAATTAACACGTGGTTTAGGAGCAGGAGCTAATCCTGAAATCGGTAAAAA
AGCTGCAGAGGAATCTCGTGAACAAATTGAAGATGCAATCCAAGGTGCAGACATGGTAT
TTGTTACTTCTGGTATGGGTGGCGGAACTGGTACTGGTGCAGCACCAGTCGTTGCTAAAA
TTGCAAAAGAAATGGGCGCATTAACTGTTGGTGTGTAACCTCGTCCATTTAGTTTTGAAG
GACGTAAACGTCAAACCTCAAGCTGCTGCTGGAGTAGAAGCTATGAAAGCTGCAGTAGAT
ACATTAATCGTTATACCAAATGACCGTTTATTAGATATCGTTGACAAATCTACGCCAATG
ATGGAAGCATTTAAAGAAGCTGATAACGTGTTACGCCAAGGTGTACAAGGTATCTCAGAC
TTAATCGCTGTTTCTGGTGAAGTAACTTAGACTTTGCAGACGTTAAGACAATTATGTCTA
ACCAAGGTTCTGCATTAATGGGTATTGGTGTCTTCTGGTGAAAATAGAGCGGTAGAAG
CTGCTAAAAAAGCAATCTCTTCTCCATTACTTGAAACATCTATCGTTGGTGCACAAGGTGT
GCTTATGAATATTACTGGTGGCGAGTCATTGTCATTATTTGAAGCACAAAGAGGCTGCTGA
TATTGTCCAAGATGCTGCAGATGAAGACGTTAATATGATTTTCGGTACAGTTATTAATCCT
GAATTACAAGATGAGATTGTTGTAACAGTTATTGCAACTGGTTTTGATGACAAACCAACA
TCACATGGTTCGTAATCTGGTAGCACTGGATTCGGAACAAGCGTAAATACTTCTAGCAAT
GCAACTTCTAAAGATGAATCATTCACTTCAAATTCATCAAATGCACAAGCAACTGATAGT
GTAAGTGAAAGAACACATACTAAAGAAGATGATATTCCTAGCTTCATTAGAAATAG
AGAAGAAAGACGTTCAAGAAGAACAAGACGTTAA

> **ylmD**

Function: protein coding sequence; putative protein similar to Bacillus subtilis YlmD (core genome, constant)

Best match: ylmD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1166988:1167779] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 24659 ... 25451; Length: 792 bp

Sequence:

GTGAATGATAATTTTAAAAAGCAACCGCATCATTAAATATATGAAGAGTTATTACAACAA
GGTATTACTCTAGGTATTACAACCTAGAGGCGATGGTTTAAAGTACTATCCTAAAAATGCT
TTAATATGGCGAGATATATTGATGATCGCCATATAATTAATCAACATCAATTGCAAT
TAGCTGAAGAAATTGCGTTTGATAGAAAAAATGGGTGTTTCCCATTCAAACACATGAAA
ATAAAGTTCGCTTGATTACAAAGGATGATATAGGCACAAATATAGACACTTTAACTGATG
CGTTTCATGGTATTGATGCGATGTACACATATGATAGTAATGTCTTATTAACGATGTGTTA
TGCAGACTGTGTACCAGTATATTTTTATAGTACAAAACATCATTTTATTGCATTGGCGCAT
GCAGGTTGGCGTGGTACCTATACTGAAATTGTAAGAAGTGTAAAACATGTGAACTTT
GATTTGAAAGACTTACATGTCGTTATTGGACCATCTACATCATCAAGTTATGAAATTAATG
ATGATATTAATAAATAAATTTGAAACATTGCCAATTGATAGTGCCAACTATATTGAAACTA
GAGGACGAGATCGTCATGGTATTGATTTGAAAAAAGCCAATGCTGCATTATTAATTAAT
ATGGTGTTCCTAAAGAAAATATTTATACGACAGCGTATGCTACATCTGAACATTTAGAAT
TATTTTTCTCTTATCGATTAGAAAAAGGTCAAACAGGACGCATGTTAGCATTTCATTGGTCA
ACAGTAA

> **ylmE**

Function: protein coding sequence; putative protein similar to Bacillus subtilis YlmE (core genome, constant)

Best match: ylmE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1167797:1168471] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 25468 ... 26143; Length: 675 bp

Sequence:

```
TTGCGTGTGAAAGATAATTTACAACAAATCTCAACACAAATTAATGACAAAAGTGAAAA
AAATAATTTTTCAACAAAACCAAACGTGATTGCAGTTACAAAATATGTTACAATAGAGCG
AGCTAAAGAAGCGTATGAGGCTGGAATAAGACATTTTGGTGAGAATAGATTGGAAGGCT
TTTTACAAAAGAAAGAAGCATTACCATCAGATGCGGTGATCCATTTTATAGGATCATTAC
AATCTCGAAAAGTTAAGGGCGTTATAAACGACGTAGATTATTTCCATGCTTTAGATCGAT
TGAGCTTAGCCAAAGAAATTAACAAACGTGCAGAACATAAAATTAATGTTTCTTGCAAG
TGAACGTTTCGGGAGAAGCTTCTAACATGGTATTGCTTTAGAAGATGTTGATCAGTTTAT
AGATGATCTTAAAAAATATGACAAAATCGAAATTGTAGTTTAAATGACGATGGCACCATT
GACAGATGATGAAGCATATATTAGATCGTTATTTAAACAGTTACGTTTGAAAAAAGAAGA
AATACAACGACTCAATTTAGAATATGCGCCTTGTGATGAATTATCAATGGGAATGAGTAA
TGACTATCTTATTGCAGTTGAAGAAGGTGCGACGTTTGTTAGAATTGGGACTAACTTGT
AGGAGAAGAGGAGTGA
```

> **sepF**

Function: protein coding sequence; cell division protein (core genome, constant)

Best match: sepF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1168468:1169031] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 26139 ... 26703; Length: 564 bp

Sequence:

```
GTGAGCCACTTGGCTTTAAAAGATTTATTTAGTGGATTTTTTGTAAATAGATGATGAAGAG
GAAGTAGAAGTACCTGACAAACAACAACAGGTCAATGAAGCGCCAGCAAAAAGAGCAGTC
ACAACAACAACAACAACAACAACGCAATCAAATCAGTCCCTCAAAAATCTGCATCAAGAT
ATACAACAACGTCAGAAGAAAGGAATAACCGTATGTCTAATTATTCAAAAAATAATTCAC
GTAATGTTGTAACATGAACAATGCTACACCAACAATGCATCACAAGAAAGTTCAAAA
ATGTGTTTATTCGAACCACGTGTTTTTTTCAGATACACAAGATATTGCTGATGAGCTTAAAA
ACCGCCGTGCGACACTTGTCAATTTACAACGTATTGATAAAGTATCAGCGAAAAGAATTA
TTGATTTTTTAAGCGGTACTGTTTATGCAATCGGTGGAGATATCCAACGTGTAGGTACTGA
TATTTTCTTATGTACGCCTGATAATGTGGAAGTAGCTGGAAGCATTACAGACCATATTGA
AAATATGGAACATTCATTCGACTAA
```

> **ylmG**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: ylmG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1169043:1169333] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 26714 ... 27005; Length: 291 bp

Sequence:

```
ATGGATATAAATGTGCTAGCTACAATATTTAAATTTATCCTTTTTGTTGTTGAAATTTATT
ATTTTCGGCATGATTATATATTTCTTTACATCTTGGGTACCAAGTATTAGAGAACTAAGGT
AGGTTATTTTTTAGCGAAAATATATGAACCTTTCTTACAACCATTTAGAAAAGTAATTCCA
CCTATTGGAATTATCGACATATCATCAATCGCTGCAATTATCGTTTTAGTATTATTCCAAA
AAGGGTACTCCAAATCTTTAATTGGATTTTAATTCAATTACAATAA
```

> **ylmH**

Function: protein coding sequence; putative protein similar to Bacillus subtilis YlmH (core genome, variable)

Best match: ylmH_CC008_21232_AGTY01000013.1[4773:5579:r]

Position: 029-contig_258_RC: 27087 ... 27894; Length: 807 bp

Sequence:

```
ATGGTATTTTATAATTTTTTTAAGGTAGTGATTAACATAGATATTTATCAACACTTTAGAC
AGGAAGAATACGAATTAATTGATCAGCTAACGGATAAATGTGATCAAGCGGAACAGCAT
TATGCACCAGTATTAACGCATTTTTTAGATCCAAGAGAGCAATATATATTGGAAGTGATT
```

TGTGGCAGTTATGAAGATTTAAACGTATCTTTTTATGGTGGACCTAATGCTGAAAGAAAA
AGAGCAATCATTTTCGCCGAACCTATTATGAACCTAAAGAAAGCGACTTTGAATTAACTTTA
ATGGAAATAGATTATCCTGAAAAATTCGTCACTTTAAAACATCAACATATTTTAGGGACA
TTAATGTCTTTAGGTATCGAACGCGAACAAAGTTGGAGATATAATTGTGAATGAACGAATT
CAATTTGTTTTGACAAGTAGATTGGAATCATTTATTATGTTAGAATTACAACGTATTAAG
GCGCATCAGTTAACTTTATACTATTCCAGTAACAGATATGATACAATCTAATGAGAATT
GGAAAAATGAAAGTGCAACAGTTAGTCTTTAAGGTTAGATGTTGTTATTAAGAAATGA
TACGTAAATCACGTACGATTGCGAAACAACCTAATCGAAAAAAAACGTGTTAAAGTGAAT
CACACTATTGTTGATTCAGCAGATTTTCAATTACAAGCAAATGATTTAATATCCATCCAAG
GTTTTGGTAGAGCACACATTACTGACTTAGGTGGTAAAACCTAAAAAAGATAAAACGCAC
ATTACCTATAGAACATTATTCAAATAG

> **Q7A131**

Function: protein coding sequence; putative cell-division initiation protein DivIVA (core genome, constant)

Best match: Q7A131_CC005_21201_AFT001000027.1[4638:5254:r]

Position: 029-contig_258_RC: 27917 ... 28535; Length: 618 bp

Sequence:

ATGCCTTTTACACCAAATGAAATTAAGAATAAAGAGTTTTTCACGTGTAAAGAATGGTTTA
GAACCTACTGAAGTTGCTAATTTTTTTGGAGCAACTAAGCACTGAAATTGAACGTCTTAAA
GAAGATAAAAAACAACCTTGAAAAAGTAATCGAAGAGAGATACTAATATTAAGTCTTA
TCAAGACGTGCATCAATCTGTAAGTGATGCTTTGATACAAGCTCAAAAAGCTGGTGAAGA
AACTAAGCAAGCTGCAGAGAAACAAGCTGAAGCGATTATAGCTAAGGCAGAAGCGCAAG
CTAATCAAATGGTTGGTGACGCGGTAGAAAAAGCACGCCGTTTAGCATTCCAGACTGAAG
ATATGAAACGCCAATCAAAGTATTTAGATCGCGTTTCCGTATGTTAGTTGAAGCGCAAT
TAGACTTATTAAAAAACGAAGATTGGGATTACTTGTGTAATTATGATTTAGACGCTGAAC
AAGTGACGCTTGAAAATATTCATCATTTGCATGAAAATGATTTAAAGCCAGATGAAGTTG
CAGCAAATGCACAAAATAATGCATCAAATACACCAGACAATAATCAACAATCCAATGAT
TCAGAAACAACCTAAGAAGTAA

> **tbox11**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox11_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1170869:1171041] (completely identical)

Position: 029-contig_258_RC: 28540 ... 28713; Length: 173 bp

Sequence:

AAATAAAGACAGACGCGTAATATACATTTAACTTTTCACAGCGAATTAGGTAATGGTGAG
AGCCTAGTAAAAGCATGTATGTTATATCACTGGCTTTTTAATATTTAAATAATGTAATGAG
AGAACTCTAAGTTGAGTTAATAAGGGTGGTACCGCGAGCAATCGTCCCTTTT

> **ileS**

Function: protein coding sequence; isoleucyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: ileS_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1107130:1109883]

Position: 029-contig_258_RC: 28755 ... 31509; Length: 2754 bp

Sequence:

ATGGATTACAAAGAAACGTTATTAATGCCTAAAACAGATTTCCCAATGCGAGGTGGTTTA
CCAAACAAGGAACCGCAAATTCAGAAAAATGGGATGCAGAAGATCAATACCATAAAGC
GTTAGAAAAAATAAAGGTAACGAAACATTCATTTTACATGATGGCCCACCATACGCGA
ATGGTAACTTACATATGGGACATGCCTTGAACAAAATTTTAAAAGACTTTATTGTACGTT
ATAAACTATGCAAGGGTCTATGCACCATACGTACCAGGTTGGGATACACATGGTTTAC
CAATTGAACAAGCATTAAACGAAAAAAGGTGTTGACCGAAAGAAAATGTCAACGGCTGAA
TTCCGTGAGAAATGTAAAGAATTTGCTTTAGAACAAATTGAATTACAGAAAAAAGATTTT
AGACGTTTAGGTGTTTCGTGGTGACTTTAATGATCCATATATTACATTAACCTGAATACG
AAGCTGCACAAATTCGTATTTTTGGAGAAATGGCAGATAAAGGTTAATTTATAAAGGTA
AAAAGCCAGTTTATTGGTCTCCTCAAGTGAGTCTTCATTAGCAGAAGCAGAAATTGAAT
ATCACGATAAACGTTACGCATCAATTTACGTTGCATTTGACGTTAAAGATGACAAAGGTG

TCGTTGATGCAGATGCTAAATTTATTATCTGGACAACAACGCCATGGACAATTCCATCAA
ATGTTGCAATTACCGTTCATCCTGAATTAATAATATGGTCAATACAATGTAAATGGCGAAA
AATATATTATTGCAGAAGCCTTATCTGACGCTGTAGCAGAAGCACTGGATTGGGATAAAG
CATCAATCAAATTAGAAAAAGAATACACAGGTAAAGAATTGGAGTATGTTGTAGCACAA
CATCCATTCTTAGACAGAGAATCGTTAGTGATTAATGGTGATCATGTTACTACAGATGCT
GGTACAGGTTGTGTACATACAGCACCAGGCCACGGGAAGATGACTATATTGTTGGTCAA
AAATATGAATTACCAGTAATTAGTCCAATCGATGATAAAGGTGTATTTACTGAAGAAGGC
GGCCAATTTGAAGGGATGTTCTATGATAAAGCTAATAAAGCCGTTACTGATTTATTAACA
GAAAAAGGTGCACTATTAATAATTAGACTTTATTACACATAGCTATCCACACGACTGGAGA
ACAAAAAACCTGTAATCTTCCGTGCTACACCACAATGGTTTGCCTCAATCAGTAAAGTA
AGACAAGATATTTAGATGCAATCGAAAATACAACTTCAAAGTAAATTGGGGTGAAC
ACGTATTTACAATATGGTTCGTGACCGTGGCGAATGGGTTATTTCTCGTCAACGTGTGTGG
GGTGTACCGTTACCAGTATTTATGCTGAAAATGGCGAAATTATCATGACGAAAGAAACA
GTGAATCATGTTGCTGATTTATTTGCAGAACACGGTTCAAATATTTGGTTTGAAAGAGAA
GCGAAAGACTTACTACCAGAAGGATTTACACATCCAGGCAGCCCTAACGGTACATTTACT
AAAGAAACAGACATTATGGACGTTTGGTTTGATTCTGGTTCATCACACCGTGGCGTGTG
GAAACAAGACCGGAATTAAGTTTCCCAGCGGATATGTATTTAGAAGGTAGTGACCAATAT
CGTGGTTGGTTCAACTCTTCTATCACAACCTTCAGTTGCTACAAGAGGAGTATCACCTTATA
AATTCTTACTTTCTCATGGTTTTGTTATGGATGGTGAAGGTAAGAAAATGAGTAAATCTTT
AGGTAATGTGATTGTACCTGACCAAGTGGTTAAACAAAAGGTGCTGATATTGCGAGACT
TTGGGTAAGTAGTACGGACTATTTAGCTGATGTTAGAATTTCTGATGAAATTTTAAAACA
AACATCTGATGTTTATCGTAAAATCAGAAATACATTAAGATTTATGTTAGGTAACATTAA
CGATTTCAATCCTGACACAGATAGCATTCTGAATCAGAGTTATTAGAAGTGGATCGTTA
CTTGCTAAATCGTTTACGTGAATTTACTGCAAGTACGATTAACAACCTATGAAAACCTTGAC
TACTTAAATATTTATCAAGAAGTTCAAAACCTTATCAATGTTGAGTTAAGTAATTTCTATT
TGGATTACGGTAAAGATATTTTATATATTGAACAACGTGATTCTCATATCCGTCGTAGTAT
GCAACAGTGTTATATCAAATTTTAGTTGATATGACGAAGTTGTTAGCACCAATCTTAGT
GCATACAGCTGAAGAAGTTTGGTCTCATACACCACATGTTAAAGAAGAAAGTGTTCACTT
AGCAGACATGCCTAAAGTTGTAGAAGTAGATCAAGCTTTATTGGATAAATGGCGTACATT
TATGAATTTACGTGATGATGTGAACCGTGCATTAGAACTGCTCGTAATGAAAAAGTTAT
TGGTAAATCATTAGAAGCTAAAGTTACGATTGCTAGTAACGATAAATTTAATGCATCTGA
ATTCTTAACTTCATTTGATGCATTACATCAATTTTATCGTGTCAACAAGTTAAAGTTGTA
GATAAGTTAGACGATCAGGCAACAGCTTATGAACATGGTGATATTGTCATCGAACATGCA
GATGGTGAAAAATGTGAAAGATGTTGGAACCTTTCAGAGGATCTTGGTGCTGTTGATGAA
TTGACGCATCTATGTCCACGATGCCAACAAGTTGTAATAATCACTTGTATAA

> **A5IS80**

Function: protein coding sequence; glyoxalase family protein (core genome, constant)

Best match: A5IS80_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1250683:1251480]

Position: 029-contig_258_RC: 31798 ... 32596; Length: 798 bp

Sequence:

ATGTATCATAACAGTAACGCAAACCTTGTAAATGGTATCACTTTAAATGTGAGAGATAAG
AATGAATTAAGCCATTTTATGAGGACGTATTAGGATTAATATTATAAATGAGACATTA
ACATCGATACAATATGAAGTAGGTCAAATAATCATGTCATTACACTTGTTGAATTACAA
AATGGACGTGAACCTTTAATGTCCGAAGCGGGACTGTTTCATATCGCAATTAACCTACCT
CAAATTAGTGATTTAGCTAATTTACTAATTCATTTAAGCGAATATGATATTCCAGTTAACG
GAGGTATACAGCCTGCTTCGTTATCATTATTTTTTGAAGACCCAGAAGGAAACGGTTTTA
AATTTTATGTTGATAAAGACGAAGCGCAATGGACGAGGCAAAATGATTTAGTAAAAATT
GATATTAGACCATTAATGTACCGAGATTAGTGAGTCATGCAACAAAATTTGTTATGGTTA
GGTATTCCAGATGACGCTATTATAGGTGCATTGCATATTAAGACAATTCATTTATCAGAG
GTAAAAGACTACTACCTCGATTATTTTGGACTAGAGCAATCGGCATATATGGATGATTAT
TCAATATTTTTAGCATCGAATGGCTATTATCAACATTTGGCCATGAATGATTGGGTATCAG
CAACGAAACGTGTAGAAAATTTTATACGTATGGATTAGCAATTGTTGACTTTCATTATCC
TGAAACAACACATTTAAATTTACAAGGTCCGGATGGTATCTATTATCGCTTTAATCATATC
GAAGTTGAAGATTAG

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC005_ED98-hen_CP001781.1[1188459:1188529] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 207 ... 278; Length: 71 bp

Sequence:

```
TGTATAAATAGAGAACAGCAGTAAGATAATTTTTAATTAGAAAATATCTTACTACTGTCT
TTTTAGGGATT
```

> **lspA**

Function: protein coding sequence; lipoprotein signal peptidase (core genome, constant)

Best match: lspA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1175777:1176268] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 487 ... 979; Length: 492 bp

Sequence:

```
ATGCACAAAAAATATTTTTATTGGCACTTCCATTTAATAGCAGTATTTGTCGTTATATTTG
ACCAAGTTACTAAATATATTATAGCTACTACAATGAAAATTGGAGATTCATTTGAAGTGA
TACCGCACTTTTTAAACATAACATCACATCGAAATAATGGTGCTGCATGGGGAATATTGA
GTGGAAAAATGACATTTTTCTTTATTATTACCATTATTATATTAATAGCCTTAGTATATTT
TTTTATTAAGATGCTCAATATAAATTTGTTTATGCAAGTTGCTATTAGTTTACTTTTTGCAGG
TGCACCTGGAACTTTATTGATAGAATTTAACAGGAGAAGTTGTTGACTTTATTGATACA
AATATTTTTGGTTATGATTTTCCAATATTTAATATCGCAGATTCAAGTTTAAACAATTGGTG
TAATATTAATTATTATTGCCTTATTAAAGGATACTTCCAATAAAAAGGAGAAGGAGGTTA
AGTAA
```

> **ylyB**

Function: protein coding sequence; ribosomal large subunit pseudouridine synthase (core genome, constant)

Best match: ylyB_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000009.1[220028:220945:r]

Position: 030-contig_240: 978 ... 1896; Length: 918 bp

Sequence:

```
ATGGAGACTTATGAATTTAACATTACAGATAAAGAACAACAGGTATGCGTGTAGATAA
GTTGCTGCCTGAATTAATAGTGATTGGTCTCGTAACCAGATACAAGATTGGATTAAAGC
AGGTTTAGTCGTTGCAAACGATAAAGTTGTTAAATCTAATTATAAAGTGAACTTAATGA
TCATATAGTTGTCCTGAAAAAGAAGTGGTTGAAGCTGATATTCTACCTGAAAATTTAAA
TTTAGATATTTATTATGAAGATGACGATGTTGCAGTTGTATATAAACCGAAAGGCATGGT
AGTTCATCCATCACCAGGGCATTATACCAATACATTAGTTAATGGTTAATGTATCAAATT
AAAAATTTGTCAGGTATTAATGGAGAAATTCGTCCAGGTATTGTTACCGTATAGATATG
GATACTTCTGGTTTATTAATGGTTGCTAAAAATGATATTGCTCATCGTGGGCTTGTAGAAC
AATTAATGGATAAATCTGTTAAAAGAAAATATATCGCTTTAGTTCACGGGAATATTCCTC
ATGATTACGGTACAATCGATGCGCCAATTGGTAGAAACAAAATGATCGTCAATCTATGG
CTGTTGTTGATGATGGTAAGGAAGCAGTGACACATTTAACGTACTAGAACATTTTAAAG
ATTATACGCTTGTGAATGTCAACTTGAAACAGGACGTACGCATCAAATCCGTGTTTACA
TGAAATATATTGGCTTCCCATTAGTTGGTGATCCAAAGTATGGACCGAAAAAGACATTGG
ATATTGGTGGTCAAGCTCTACATGCTGGACTTATTGGATTTCGAACATCCAGTAACAGGTG
AATATATTGAAAGACATGCTGAATTACCACAAGACTTTGAAGATTTATTAGATACAATTC
GAAAAAGAGATGCATAA
```

> **pyrR**

Function: protein coding sequence; pyrimidine operon regulator and uracil phosphoribosyltransferase (core genome, constant)

Best match: pyrR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1177585:1178112] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 2295 ... 2823; Length: 528 bp

Sequence:

```
ATGTCTGAACGTATCATAATGGATGATGCCGCAATACAACGTACAGTGACGAGAATCGCT
CACGAAATTTGGAGTATAACAAAGGTACTGATAATTTAATTCTTTTAGGTATCAAACA
```


AGAGGTGAATATTTAGCGAATCGTATACAAGATAAAAATTCATCAAATTGAGCAACAACGT
ATACCTACTGGAACAATTGATATTACATACTTTAGAGATGATATAGAGCACATGTCATCA
CTTACGACAAAAGACGCAATAGACATCGACACAGATATTACAGATAAAGTAGTCATCATT
ATTGATGATGTGCTGTATACTGGTCGAACGGTTTCGTGCTTCACTTGATGCTATTTTGCTAA
ATGCTAGACCTATTAATAATTGGTTTAGCTGCTTTGGTTGATCGAGGACATCGTGAGTTACC
AATTCGAGCAGATTTTGTGGTAAAAATATACCTACTTCTAAAGAGGAAACGGTAAGTGT
CTATTTAGAAGAAATGGATCAAAGAAATGCAGTTATAATTAATAA

> **pyrP**

Function: protein coding sequence; uracil-cation symporter (core genome, constant)

Best match: pyrP_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[210156:211463:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 3040 ... 4348; Length: 1308 bp

Sequence:

ATGCAAAATGATGAAATGTTTGAACGAACAGTAAAACCAGTACTAGATGTAATGAAAA
ACCACAACCAGCGCAATGGGCATTTTTAAGCTTACAACATTTATTTGCGATGTTTGGCGC
AACAGTACTAGTACCATTCTTAACAGGACTACCAATATCCGCAGCGTTACTAGCTTCGGG
AATCGGTACATTACTTTATATCTTAATAACGAAGGCGCAAATACCAGCATACTTGGGATC
TAGCTTTGCATTTATCACACCAATTATCACGGGATTAAGTACGCATAGCTTAGGAGACAT
GCTTGTAGCATTATTCATGAGTGGTGTATGTACGTCATCATCGGAATTCTAATCAAATTA
AGTGGGACAGCATGGTAAATGAAATTATTACCACCAGTTGTTGTTGGACCAGTCATCATG
GTAATTGGTTTAAAGCTTAGCGCCTACTGCAGTCAATATGGCAATGTATGAAAATCCTGGA
GATATGAAAGGTTACAATATCAGTTTCTTAATTGTTGCAATGATAACCTTGCTTGTAACAA
TAGTCGTTCAAGGATTTTTTAAAGGATTCCTATCTTTAATACCAGTACTTGTAGGTATTAT
CGTAGGTTATGTGGTAGCGATTTTTATGGGGATTGTGAAATTTGATGCAATTATGTCAGCA
AAATGGATAGATTTCCCTCATATTTATCTGCCATTTAAAGATTATGTACCTTCATTTCACTT
AGGACTTGTACTTGTAAATGATTCCGATTGTGTTTGTAAACAGTAAGTGAACATATTGGGCA
CCAAATGGTATTGAATAAAATCGTAGGTAGAACTTCTTTGAAAAGCCAGGACTTGATAA
ATCAATCATTGGTGTGGTGTCTTACAATGTTTGCCAGTATTATTGGTGGACCACCAAGT
ACAACATACGGTGAAAATATCGGTGTATTAGCGATTACCAGAATATACAGTATTTACGTC
ATTGGTGGTGCAGCAGTTATAGCAATTGTTTTAGCATTCAATTGGTAAGTTCACTGCATTAA
TTTCTTCTATACCTACACCAGTTATGGGAGGAGTATCTATATTACTTTTCGGAATTATTGC
AGCAAGTGGCTTAAGAATGTTAGTTGAAAGCAAAGTAGATTTTGCGAACAATCGAAATTT
AGTTATAGCTTCTGTAATTTTAGTTGTAGGTATCGGTAATTTAGTATTTAACTTAAAAGAA
ATTGGTATCAACCTTCAAATTGAGGGGATGGCATTAGCTGCACCTTCAGGAATTATTTTGA
ACTTAATCTTACCTAAAGAGAAAAAACAACAATTA

> **pyrB**

Function: protein coding sequence; aspartate carbamoyltransferase (core genome, constant)

Best match: pyrB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1179665:1180546] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 4375 ... 5257; Length: 882 bp

Sequence:

ATGAATCATTTATTATCAATGGAACATTTATCTACAGATCAAATATACAACTTATCCAA
AAGGCAAGTCAATTTAAATCTGGTGAACGTCAACTACCAAACCTTTGAAGGGAAATATGTC
GCAAATTTATTTCTTTGAAAATTCTACTCGAACAAAATGTAGTTTTGAAATGGCAGAACTT
AAGCTAGGGTTAAAACGATTAGCTTTGAAACATCAACATCATCTGTTTCAAAGGTGAA
TCTTTATATGACACATGTAAAACCTTTAGAAAGTATTGGCTGTGATTTATTAGTCATTAGAC
ATCCGTTTAAATACTACTATGAAAATTAGCGAATATTAACATCCCAATTGCGAATGCTG
GTGATGGTAGTGGACAACATCCAACACAAAGTTTACTTGATTTAATGACGATATATGAAG
AATATGGATATTTTGAAGGCTTGAATGTATTGATTTGTGGAGACATTAATAAATTCACGTG
TCGCACGTAGTAATTACCATAGTTTAAAAGCATTAGGTGCAAACGTAATGTTTAAATAGCC
CAAATGCTTGGATTGATGATTCTTTAGAAGCACCTTATGTAAATATAGATGATGTTATAG
AAACAGTAGATATAGTTATGTTATTAAGAATTCAACATGAAAGACATGGGCTTGCAGAAG
AAACTAGATTTGCAGCAGATGATTATCATCAAAGCATGGCTTAAATGAAGTGCCTATA
ACAAATTACAAGAACATGCTATTGTTATGCATCCGGCACCTGTGAATAGAGGAGTAGAAA

TACAAAGCGATTTAGTAGAAGCTTCAAATCAAGAATTTTTAAGCAAATGGAAAATGGC
GTTTACTTAAGAATGGCAGTCATTGATGAATTATTAATAATAG

> **pyrC**

Function: protein coding sequence; dihydroorotase (core genome, constant)

Best match: pyrC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1257091:1258365] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 5274 ... 6549; Length: 1275 bp

Sequence:

ATGAAATTAATTAACCGGTAAGTATTACAAAATGGAGAATTACAACAAGCAGATAT
TTAATTGATGGTAAGGTAATTAACAAATTGCACCTGCAATTGAACCAAGCAATGGTGT
TGACATCATAGATGCGAAAGGTCACCTTTGTGTCACCTGGATTTGTCGATGTTTCATGTT
TTACGTGAACCTGGTGGTGAATATAAAGAGACAATTGAAACTGGTACTAAAGCTGCTGCT
AGAGGCGGATTTACAACCTGTATGTCCAATGCCTAACACAAGACCGGTACCAGATTCTGTA
GAACATTTTGAAGCTTTACAAAATTAATCGATGACAATGCTCAAGTACGTGTATTACCT
TATGCTTCAATTACAACACGTCAATTAGGTAAAGAATTGGTTGATTTCCCAGCACTAGTA
AAAGAAGGTGCCTTTGCGTTTACAGATGACGGTGTAGGAGTACAACTGCAAGCATGAT
GTATGAAGGCATGATTGAAGCTGCAAAAGTAAACAAAGCCATCGTAGCACACTGTGAAG
ATAATTCATTAATCTATGGTGGTGCATGCAATGCATGAAGGGAAACGCAGTAAAGAGTTAGGTA
TACCAGGTATCCAAACATTTGTGAATCTGTTCAAATCGCAAGAGATGTACTATTAGCTG
AAGCAGCAGGTTGTCATTATCATGTATGTCATGTTTCTACTAAAGAAAGTGTAGAGTCA
TTCGTGACGCTAAACGCGCAGGCATTCATGTTACAGCTGAAGTTACACCACACCATTTAT
TGTTAACAGAAGATGATATTCCTGGTAATAATGCCATTTATAAAATGAATCCACCATTGA
GAAGTACTGAAGATAGAGAGGCTTTGTTAGAAGGGTTACTAGACGGTACAATTGACTGTA
TCGCAACAGACCATGCACCACATGCACGTGATGAAAAAGCACAACCAATGGAAAAAGCA
CCATTCGGAATTGTTGGTAGTGAAACAGCATTCCCATTATTATATACGCATTTTGTAAAAA
ATGGTGATTGGACATTACAACAATTAGTAGATTACTTAACAATTAACCATGTGAGACAT
TTAATTTAGAATACGGCACATTAAGAAAGAAATGGTTATGCAGATTTAACAATCATTGATT
TAGATAGTGAACAAGAAATTAAGGAGAAGATTTCTTATCAAAGCAGATAATACACCA
TTTATCGGCTATAAAGTTTATGGAAATCCGATCTTAACAATGGTTGAAGGCGAAGTTAAA
TTTGAGGGGGATAAATAA

> **pyrAA**

Function: protein coding sequence; carbamoyl-phosphate synthase short chain (core genome, constant)

Best match: pyrAA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1258367:1259467] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 6550 ... 7651; Length: 1101 bp

Sequence:

ATGCAAAGCAAACGTTATCTAGTGTTAGAAGACGGTCTTTTTTACGAAGGCTACCGTTTA
GGATCTGATAACTTAACTGTAGGAGAAATTGTATTTAATACAGCTATGACAGGTTATCAA
GAAACTATTTTCAGATCCATCATATACAGGTCAGATCATTACTTTTACGTATCCATTAATCG
GTAATTATGGTATCAATAGAGACGATTTTGAATCATTAGTACCTACATTAACGGTATTGT
AGTGAAGAAGCGAGTGCATCAAGTAATTTAGACAACAAAGACACTTCATGACG
TTTTAGAATTGCATCAAATCCAGGGATTGCAGGTGTTGATACAAGAAGTATTACGCGTA
AAATTCGACAACACGGTGTGTTAAAAGCTGGTTTTACTGATCGAAAAGAAGATATTGATC
AACTTGTCAAACATTTACAACAAGTAGAATTACCTAAAACGAAGTAGAAATCGTTTCGA
CTAAAACACCGTATGTTTCGACAGGTAAGGATCTAAGTGTCTGACTTGTAGACTTTGGTA
AGAAGCAAATATTGTTTCGAGAATTAACCGTCAGAGGTTGTAACGTCACAGTTGTACCAT
ATACAACACTGCCGAAGAAATTTAGCAATGGCTCCAGATGGCGTTATGCTATCAAACG
GACCAGGTAATCCTGAAGTTGTAGAATGTGCGATTCCAATGATTCAAGGAATTTTAGGGA
AAATTCGTTCTTTGGTATCTGTCTAGGACATCAACTTTTTGCATTATCTCAAGGAGCAAG
CTCATTTAAAATGAAGTTTGGTCATCGTGGTGCGAACCATCCAGTTAAAAATTTAGAGAC
TGGAAGGTTGATATTACGAGTCAAACCATGGATATGCAATAGATATAGATTTCGTTAAA
AAGTACTGATTTAGAAGTTACTCATCTTGCATTAAATGATGGTACTGTAGAAGGTTTAAA
ACATAAACATTACCAGCATTTTCTGTTCAATACCATCCTGAAGCAAATCCAGGACCGTC
AGATTCAAACTATCTATTTGATGATTTTGTAGCAATGATGACTAATTTTAAGGAAAAGGA
GCGTCATATCAATGCCTAA

> **pyrAB**

Function: protein coding sequence; carbamoyl-phosphate synthase large chain (core genome, constant)

Best match: pyrAB_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[203687:206860:r]

Position: 030-contig_240: 7643 ... 10817; Length: 3174 bp

Sequence:

```
ATGCCTAACGTAATGATATCAAACAATTTTAGTAATAGGGTCTGGGCCAATTATCATA
GGTCAAGCAGCTGAATTTGATTATGCTGGAACACAAGCATGTCTAGCTTTAAAAGAAGAG
GGATATCGAGTTATTCTTGTAATTCAAATCCAGCGACAATCATGACTGATAAGGAAATT
GCGGATAAAGTATATATCGAACCGTTAACTCATGATTTTATAGCGCGAATTATACGTA
GAGCAACCTGACGCTTTACTTCCAACCTTAGGTGGTCAAACAGGTTTAAACATGGCGATT
CAACTACACGAAAGTGGTGTGCTTCAAGATAATAACGTCCAATTATTAGGAACTGAGCTA
ACATCAATTCAACAAGCAGAAGACCGTGAAATGTTTAGAACATTAATGAATGATTTAAAC
GTTCTGTACCAGAGAGTGACATTGTAATAACAGTAGAGCAAGCCTTTAAATTCAAAGAG
CAAGTGGGATACCCGCTAATTGTTAGACCGGCATTTACGATGGGTGGTACCGGAGGCGGT
ATTTGTCATAATGATGAAGAATTACATGAAATCGTCTCAAATGGTCTTCATTATAGTCCAG
CAACGCAATGTTTATTAGAAAAATCTATCGCAGGTTTTAAAGAAATCGAATACGAAGTAA
TGCGTGATAAAAACGATAATGCCATCGTTGTATGTAACATGGAAAATATTGATCCAGTTG
GTATTCATACAGGCGATTCAATTGTTGTGGCTCCTAGCCAAACATTATCAGATGTTGAGTA
TCAAATGTTACGTGATGTTTCATTAAGTTATTCGAGCTTTAGGTATCGAAGGTGGTTGT
AATGTTCAATTAGCATTAGATCCCATTCATTGATTATTATATTATAGAAGTAAATCCGC
GTGTATCACGTTTCATCAGCGTTAGCTTCAAAGCAACAGGATATCCTATTGCAAAATTAG
CTGCTAAAATCGCGTTGGTCTAACATTAGATGAAATGTTAAATCCAATTACAGGAACAT
CTTATGCAGCGTTTGAACCAACTTTAGACTATGTGATTTCAAAAATACCAAGATTTCTTT
TGATAAATTTGAAAAGGAGAACGAGAGCTTGGCACACAAATGAAAGCAACAGGTGAAG
TTATGGCCATTGGTTCGAACTTACGAAGAATCATTGTTAAAAGCAATTCGATCACTTGAGT
ATGGTGTGCATCACTTAGGATTACCAAATGGTGAAGCTTCGATCTTGATTATATTAAG
AACGTATTTACACCAAGATGATGAACGATTATTTTCATCGGCCGAAGCAATTAGAAGAG
GCACAACATTAGAAGAAATTCATAATATGACTCAGATTGATTACTTCTTACACAAGTT
CCAAAACATTATTGATATTGAGCATCAATTAAGAGCATCAAGGTGATTTAGAATATCT
TAAATATGCAAAAGATTATGGATTTAGTGATAAAACAATAGCGCATCGCTTTAATATGAC
GGAAGAAGAAGTATATCAATTGCGTATGGAAAATGATATTAACCTGTTTACAAGATGGT
TGATACTTGCGCAGCTGAATTTGAATCTTCAACACCATATTATTATGGTACATACGAACT
GAAAATGAATCCATAGTTACTGACAAAGAAAAAATCTTAGTATTAGGCTCTGGACCAATT
CGAATCGGCCAAGGTGTAGAATTTGACTATGCGACAGTTCACGCCGTTTGGGCAATTCAA
AAAGCAGGGTACGAAGCGATAATTGTGAATAACAATCCAGAAACAGTTTCAACAGACTT
CTCAATTTCTGACAAATTATACTTTGAACCTTTAACTGAAGAAGATGTGATGAATATCATT
AATTTAGAAAAACCTAAAGGTGTCGTTGTACAATTTGGAGGACAAACAGCGATTAATTTA
GCAGACAAATTGGCTAAACATGGTGTAAATACTTGGTACTTCACTAGAAAATCTAAAT
CGTGCTGAAGATAGAAAAGAATTTGAAGCACTATTAAGAAAAATTAACGTGCCACAGCC
ACAAGGAAAAACAGCTACATCACCTGAGGAAGCATTAGCGAATGCTGCAGAAATCGGAT
ATCCGGTTGTAGTAAGACCTTCTTATGTATTAGGTGGTTCGCGCAATGGAAATTGTAGACA
ATGACAAAGAGTTAGAAAACCTATATGACCCAGGCTGTAAAAGCGAGTCCGGAACATCCG
GTACTAGTCGATAGATATTTAACTGGTAAAGAAATTGAAGTTGATGCGATTTGTGATGGA
GAAACGGTCATTATTCCAGGAATCATGGAACATATTGAACGTGCTGGTGTGCATAGTGGT
GACTCAATCGCTGTATATCCGCCACAACTTTGACAGAAGACGAGTTAGCAACACTTGAG
GACTATACTATAAAATTAGCTAAAGGTTTTAAACATCATTGGCTTAATCAACATTCAATTC
GTTATAGCTCACGATGGTGTGTATGTTTTAGAAGTAAATCCACGTTCTAGTAGAACGGTA
CCATTCTTAAAGTAAAATTACTGATATCCAATGGCACAATTAGCTATGCGAGCAATCATT
GGGGAAAACTAACAGATATGGGTTATCAAGAAGGGTTCAACCATATGCTGATGGTGT
CTTTGTGAAAGCACCGGTATTTAGTTTTAATAAATTGAAAAATGTTGATATTACTTTAGGA
CCTGAAATGAAGTCAACAGGTGAAGTGATGGGGAAAGATACTACATTAGAAAAGGCGTT
ATTCAAAGGGTTAACAGGTAGTGGTGTGAAAGTTAAAGATCACGGTACAGTATTAATGAC
CGTCAGTGACAAAGATAAAGAGGAAGTTGTTAAATTGGCACAACGCTTAAATGAAGTTG
GCTATAAAATTTTAGCAACGTCTGGAACAGCTAATAAATTAGCTGAGTATGACATACCTG
CAGAAGTAGTAGGCAAAATTGGTGGCGAAAATGATTTATTAACACGTATTCAAAATGGTG
```

ATGTTCAAATCGTTATAAATACAATGACTAAAGGTAAAGAAGTAGAAAGGGATGGCTTC
CAAATTAGACGTACTACAGTTGAAAATGGTATTCCATGTTTGACATCTTTAGATACAGCT
AATGCCTTAACGAATGTAATTGAAAGTATGACATTTACAATGCGTCAAATGTAA

> **pyrF**

Function: protein coding sequence; orotidine 5'-phosphate decarboxylase (core genome, constant)

Best match: pyrF_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1262743:1263435] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 10926 ... 11619; Length: 693 bp

Sequence:

ATGAAAGATTTACCAATTATTGCATTAGATTTTGAATCAAAAGAAAAAGTAAATCAATTT
TTAGATTTATTTGATGAATCATTATTCGTA AAAAGTAGGTATGGAAC TTTTTATCAAGAAG
GTCCTCAATTAATTAATGAGATAAAAAGAAAGAGGCCATGATGTATTTTATAGATTTAAAAC
TGCATGATATTCCTAATACAGTTGGTAAGGCGATGGAAGGACTAGCTAAATTGAATGTTG
ATCTGGTAAATGTTTCATGCTGCTGGTGGCGTAAAAATGATGTCTGAGGCCATTAAGGAT
TAAGAAAACATAATCAACATACAAAAATTATTGCAGTAACACAGCTTACGTCAACAACA
GAAGACATGTTACGACACGAACAAAATATACAAACATCGATTGAAGAGGCCGTTTTAAA
TTATGCCAAGTTAGCAAATGCAGCTGGTTTAGATGGCGTTGTTTGTTCACCTCTTGAAAGT
CGTATGTTGACTGAAAAGTTAGGTACATCATTTTTAAAAGTAACACCAGGTATTAGACCT
AAAGGTGCATCTCAAGATGACCAACACCGTATTACGACACCGGAAGAAGCAAGACAGCT
TGGTTCGACGCATATTGTAGTCGGTAGACCGATTACACAAAGTGACAATCCAGTCGAAAG
TTATCATAAAAATTAAGAAAGTTGGTTAGTATAA

> **pyrE**

Function: protein coding sequence; orotate phosphoribosyltransferase (core genome, constant)

Best match: pyrE_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[202274:202885:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 11618 ... 12230; Length: 612 bp

Sequence:

ATGGCTAAAGAAATTGCAAAATCATTATTAGATATTGAAGCTGTAACATTATCACCAAAT
GATTTATATACATGGAGTTCAGGTATTAATCACCGATTTACTGTGATAACCGTGTTACGT
TAGGTTATCCTTTAGTTCGAGGCGCAATCCGCGATGGTTTAATTA ACTTAATTAAGAAC
ACTTTCCTGAAGTAGAAGTTATTTCTGGTACTGCAACAGCTGGTATTCCACATGCAGCTTT
TATTGCTGAAAAATTAAAATTACCAATGAATTATGTTTCGTTTCATCAAATAAGAGTCATGG
TAAGCAAAATCAAATCGAAGGTGCTAAAAGTGAAGGTAAAAAAGTAGTTGTGATAGAAG
ATTTAATTTTCGACAGGAGGATCTTCAGTCACAGCAGTTGAAGCCTTAAAACAAGCAGGTG
CAGAAGTATTAGGTGTTGTAGCTATCTTTACTTACGGTTTGAAAAAAGCAGATGATACAT
TTAGCAATATTCAACTACCTTTTTACTTTAAGTGATTACAATGAATTAATTGAAGTAGC
TGAAAATGAAGGTAAAATTTCTAGTGAAGATATCCAAACATTAGTTGAATGGAGAGACA
ACTTAGCATAA

> **Q5HGM6**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HGM6_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1264076:1264288] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 12259 ... 12472; Length: 213 bp

Sequence:

ATGAATGACAAAACATCTAATGATTTATATGGGAAGATAAAAACATTGTAACGAATTTATC
AATCATTCAAATGATTCCAATCTATCTAGTAGTCACGATGTGACGAAAGTTCAACGAAG
CAAAAACATATAAAAAATAAAACA ACTATAGATCATAATGATGATTTATTTAAACATGTA
AAGGATATATTACGTAAACAAGGACAAATTTAA

> **Q5HGM5**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HGM5_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[201194:201595:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 12908 ... 13310; Length: 402 bp

Sequence:

ATGGATATTCCAAAAATCACGACATTTTTAATGTTTAATAACCAAGCTGAAGAAGCTGTT
AAACTATACACAAGCTTATTTGAAGATAGTGAGATTATAACAATGGCTAAGTATGGTGAA
AATGGACCTGGTGATCCTGGGACTGTACAACACTCAATATTTACATTAATGGACAAGTA
TTCATGGCAATTGATGCTAATAGTGGCACAGAATTACCAATGAATCCTGCGATTTTCATTAT
TTGTTACAGTAAAAGATACTATTGAAATGGAACGACTATTTAATGGATTAAGAAGATGAAG
GTGCCATTTTAATGCCAAAAACGAATATGCCACCATACAGAGAGTTTGCTTGGGTTCAAG
ATAAGTTTGGAGTAAGTTTTCAATTAGCATTACCTGAGTAA

> **fbpA**

Function: protein coding sequence; putative fibronectin/fibrinogen-binding protein (core genome, constant)

Best match: fbpA_AC027138.10[30240:31936:r]RC

Position: 030-contig_240: 13572 ... 15270; Length: 1698 bp

Sequence:

TTATGATTGTTTCATTTTTTTGAATAAGTTCATAATCAGGTGTAGCATACAAAGTTTTTTGA
TTGTCATATGTTACAAACCCAGGCTTTGCACCTGATGGTTTATGCACATTTTTTAATTAACG
TGTAATCAACAGGTATTTGTCCAGAATTACCAGCTTTTGAAAAATATCCTGCTAACATAG
CCGCTTCTTGATTGTCGTATCACTGGTGCATCATTAAATATAACGACATGTGAACCAGG
AATATCTTTTGTGTGTAACCATGTGTGAGTTTTTTTTAGCTTTTTTATTTGTTAAATAATCAT
TTTGCTTGTTATTCTTGCCAACATATATATCGTCGCCATCAGTTGATACATAATGTTGTAA
TTGAATCTGCGCTTTCTTTTTCTTAGTTTGATTTTTACGCTGTTTCATAAAGCCTTGTTCTG
CTAATTCATCTCTAATTCATCAATGTCATGGACAGAAATATGATGTAATTGTTGTTTCGAT
TGTTGAAAAATAATCTATATTGTCTTTCGTCAATTGAATTTGATGTTGTAATTCACGTTCTC
TCGTTTTCATACGATTATATTGTTTATAATAATATTGAGCATTGCTGATGGGGATTTTGT
AGGATTTAAAGGAATGACAACCTTCTTCATTCGTATAATAATTCAATGCCGTCACCTCTTTA
TCGCCTTGCTTAATTCGATATATATTAGCAGTGATCAATTCACCATATAACTGTTCCAGTAT
CTTTATTTTTAGACTGCTCATATTCTTCAATCAACTTCGCTAATTTATTTTGATATTTGTGC
AACTGCTGTTGAACAAATCGAACTAAATCATTTCGCACGTTGTTAACGCGTTCACGTTCCG
CACGCGCATCATAAAAACGGTCAAGTAAATCATTTAATGAATCGTATGTAACCTGTATCAT
CATTAAATTGATTTAACTTTATAAAAATAGAAATCCTCTTTACCTGTTTCATGATTTTTATGA
AAAATAGGAGTAGGTGGTAACTTGGTTTCTGCCATTACTTCGTCAAATGCTTCTGGTAATG
TTGATGAAGTCATAAATTGACGACGACTAACGATTTTCATTCGTAATTAAGGGCTAAATC
CTTCAAACCTGATTCAATAATTGTTTAGCAATATTACCTGCGTTAAAATCGATATATTTCAA
CACCTCTGCACCTGTAATATCATACGGATTTATTTTTGTGCTGAGTAGGTGGTGCTTCATAA
TTAAATCCTGGCATTACTGTACGATAGTGATTCGTATTTGGTGTAAAGTGTTTAAATCCTT
CAATTATTTTGCATTTTCATCTACTAAAATTAAGTTACTATGTTTACCCATAATCTCAAG
GATGACAGTGCGGTAAATAGTATCGCCAATTTTCATCTTTACTCTTTATATCGATTTCAATG
CGACGATCATTACCAATTTGCTTAATCGATTCGATAATACCACCTTCTAAGTGTTTTCTAA
AAACACGCGCAAACATGGGTGGATTAAATGGATTATCATATTTTTTTAGTAGTTAATTGTA
ATCTTGAAAGGTTTGGATGGATTGACAATAACAATTGATGGTTTTGTCTATTTTGACGTAC
AACCATTAGTATCGTGTCATTATCAGGTTGATTGATTTTGTGAACGCGTCCTGTTGTTAAA
AATTGTAGAGACTCAACCATTTTCTTTGTAATAAGCCATCATAAGCCAT

> **gmk**

Function: protein coding sequence; guanylate kinase (core genome, constant)

Best match: gmk_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1190834:1191457] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 15544 ... 16168; Length: 624 bp

Sequence:

ATGGATAATGAAAAAGGATTGTTAATCGTTTTATCAGGACCATCTGGAGTAGGTAAAGGT
ACTGTTAGAAAACGAATATTTGAAGATCCAAGTACATCATATAAGTATTCTATTTCAATG
ACAACACGTCAAATGCGTGAAGGTGAAGTTGATGGCGTAGATTACTTTTTTAAACTAGG
GATGCGTTTTGAAGCTTTAATCAAAGATGACCAATTTATAGAATATGCTGAATATGTAGGC
AACTATTATGGTACACCAGTTCAATATGTTAAAGATACAATGGACGAAGGTCATGATGTA
TTTTTAGAAATTGAAGTAGAAGGTGCAAAGCAAGTTAGAAAGAAATTTCCAGATGCGCTA
TTTATTTTCTTAGCACCTCCAAGTTTAGAACACTTGAGAGAGCGATTAGTAGGTAGAGGA

ACAGAATCTGATGAGAAAATACAAAGTCGTATTAACGAAGCGCGTAAAGAAGTTGAAAT
GATGAATTTATACGATTACGTTGTAGTTAATGATGAAGTAGAACTTGCGAAGAATAGAAT
TCAATGTATTGTAGAAGCTGAGCACTTAAAAAGAGAGCGCGTAGAAGCTAAGTATAGAA
AAATGATTTTGGAGGCTAAAAAATAA

> **rpoZ**

Function: protein coding sequence; DNA-directed RNA polymerase omega subunit (core genome, constant)

Best match: rpoZ_CC030_MRSA252_BX571856.11233626:1233844 [4_50ANF10END]

Position: 030-contig_240: 16167 ... 16386; Length: 219 bp

Sequence:

ATGTTAAATCCACCATTAAACCAATTAACGTCACAAATTAATCAAAGTATTTAATTGCA
ACAACCTGCAGCGAAAAGAGCGCGTGAAATTGATGAACAACCTGAACTGAATTATTAAG
TGAATATCATTCAATTAACCAAGTTGGTAGAGCGTTAGAAGAAATTGCTGACGGTAAAAT
TCGCCCTGTTATTTCAAGTGATTATTATGGTAAAGAATAG

> **coaBC**

Function: protein coding sequence; bifunct phosphopantothencysteine decarboxylase/phosphopantothenate-cysteine ligase (core genome, constant)

Best match: coaBC_CC007_USA300_TCH959_AASB02000232.1[16672:17871]

Position: 030-contig_240: 16601 ... 17801; Length: 1200 bp

Sequence:

ATGAAGAAAATATTATTAGCCGTTACAGGTGGCATTGCGGCATATAAAGCGATTGATTTG
ACAAGTAAGTTAACACAATCTGGGTATGAAGTTCGCGTTATGTTAACGAATCACGCACAA
AAATTTGTGACACCATTAGCATTTCAGCAATAAGTCGAAATGCTGTTTATACAGATACT
TTTATAGAAGAAAATCCTTCAGAAATACAGCATATTGCATTAGGTGATTGGGCAGATGCA
ATCATTGTTGCACCTGCAACGGCAAATACAATTGCAAATGAGTGTAGGTATTGCTGAT
GATTTGGTGCATCAACGTTGCTAGCAACAGAGACACCGAAATTTATTGCGCCTGCTATG
AATGTGCATATGTATGAAAATAAACGTACGCAGCAAAATATTAATATTTTAAAAGAAGAT
GGGTATCATTTTATCGAACCGGAAGCGGATTTCTAGCATGTGGTTATGTTGCTAAAGGA
CGTATGGAAGAACCGCTTCAAATCGTTTCTGTTATTGATGCTCATTTTCAAATAGTAATC
GTTTAGCTAATAGTTCATTTCAAGATAAACCGCGCATTGGTTACAGCAGGACCAACTATTG
AAGTTATCGATCCAGTCAGATTTGTATCCAATCGTTCTTCTGGAAAAATGGGCTATGCAAT
AGCTGAAGCATTGCGAAATCGAGGAGCTATCGTGACGTTAGTTGCTGGTCTACAACACT
AGAGGATCCAAAAGATATTGAAGTTATTCATGTTCAAAGTGCTGAAGAAATGTTTGAACA
AGTGACAAGCCGATTTGACGAACAAGATATTGTTGTAAGCAGCAGCCGTATCTGACTA
TACACCAGTTGATGTATTAGAACATAAGATGAAAAGCAGGATGGTGATTTATCAGTATC
TTTTAACGTACTAAAGACATTCTTAAATATTTAGGTGAACATAAAACATCACAGTATTT
AATAGGCTTTGCAGCAGAGACTGAAGATATTGAAAATTATGCACAACAAAAATTACGCA
AGAAAAATGCAGATGTGATTATTTCAAATAATGTTGGGGATATGTCTATCGGATTTAGTT
CTGATGATAATGAATTGACAATGATTTTAAAAATAATGAAAAGGTAAATATCAAGAAA
GGAAAAAAGTAGTATTAGCTGCACAAATTTTAGATGAACTAGAACTAGGTGGCAATA
A

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 030-contig_240: 17151 ... 17160; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **priA**

Function: protein coding sequence; primosomal protein N' (core genome, constant)

Best match: priA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1193090:1195498]

Position: 030-contig_240: 17800 ... 20209; Length: 2409 bp

Sequence:

```
ATGATAGCGAAAGTCATAGTCGATGTCGCGTTCGAAGAGCGTTGACTATAAATTTGATTAT
ATAATTCCTGAACAACCTCGAATCTGTTCATCCAACCTGGTGTGCGTGTGATTGTACCTTTTG
GACCAAGAACGATTCAAGGTTATGTAATGGAAGTAACAGCAGAACCTGATGCACAACCTT
GACGTTTCGAAGTTAAAAAAAATCATAGAAGTGAAAGATATACAACCTGAATTAACATC
AGAATTAATAGCTTTAAGTGAGTGGATGGGTTCAACTCATGTCATTAACGTATTTCTATG
CTAGAAGTGATGCTTCCGAGTGCTATTAAGCGAAGTATAAAAAAGCATTAAAGATGAA
AGATGACAAAGAGGTACCTTCAGCTTTATTACAAAAATTTGATAAGCATGGTTACTATTA
TTATAAAGATGCGCAAAAAAATAATGATATTCAATTGCTTATGAAGTTGTTAAAAGATGA
TATCGTTGAAGAAAAACGATTCTCACACAAAATATAACTAAAAAAACCAAGCGTGTCTG
TTCGTGTCATTGAAGGGTATCATCCTGATGAAGTATTAGCTAAGTTGGAGAAAGTTATTA
ACAATACGATTTGTATGCTTACTTGTCTGAAGAACAACATAAAACAATATTTTAACTG
ATATTGAGGATATGGGCTTTTCAAAATCCAGTTTAGATGGACTTATCAAAAAAGGTTATG
TTGAAAAATATGACGCGGTTGTTGAAAGAGACCCATTTAAAGATCGTGTTTTCGAACAAG
AATCAAAACAGCAATTAACAGAAGACCAATATAAAGCATATGAAGCGATTAAGCTAAA
ATTGTAAGCCAAGAGCAAGAAACATTTTACTTCATGGTGTGACGGGATCAGGTAAAACA
GAAGTATATTTACAAACGATAGAAGATGTTTTAAGCCAAGGAAAACAGGCGATGATGTT
AGTTCCTGAAATCGCTCTAACACCGCAAATGGTTTTACGCTTCAAACGTGATTTGGTGTG
GACGTTGCTGTATTACATTCTGGCTTATCTAATGGGGAACGTTATGATGAGTGGCAAAAA
ATTAGGGATGGTTCGTGCGAGAGTAAGTGTGGTGCAAGGTCAAGTGTGTTTCGCACCTTTC
AAAAATTTAGGGTTAATCATCATTGATGAAGAACATGAATCTACATATAAGCAAGAAGAT
TATCCGAGATATCATGCTAGAGAAATTGCCAATGGCGAAGTGAATATCATCACTGCCCA
GTCATTTTAGGAAGTGCAACACCATGTCTTGAAAGTTATGCACGAGCTGAAAAAGGCGTT
TATCATTTGCTATCATTACCAAACAGAGTGAACCAACAAGCTTTACCTGAAATTGATATA
GTAGATATGCGTGAAGAATTGAGTGAAGGTAATCGGTCAATGTTTTCAAAGATTTACGT
GAAGCCATACAATTAAGATTAGATCGACAGGAACAAGTTGTTTTATTTTTAAATCGACGT
GGTTATGCATCGTTTATGTTATGTCGGGATTGTGGATATGTACCGCAATGTCCAAACTGTG
ATATTTCATTAAACGTATCATAAAACGACAGACTTATTAAAATGTCACTATTGTGGTTACCA
AGAGACGCCACCGAATCAATGTCCAAATTGTGAGAGTGAACACATTTCGACAAGTAGGTA
CTGGTACTCAGAAAGTTGAAGAACTATTGCAACAAGAATTTGAAGATGCGCGCATAATTA
GGATGGATGTAGATACAACCTCAAAGAAAGGTGCACATGAAAAGTTATTGACTGAATTC
GAAAAAGGTAACGGTGATATTTTACTAGGTACTCAGATGATTGCGAAAGGATTAGATTAT
CCAAATATTACTTTAGTTGGTGTGCTGAATGCAGATACAATGTTAAATTTACCTGATTTTC
GGGCGAGCGAACGTACTTATCAACTATTAACGCAAGTGGCTGGTAGAGCTGGTTCGTCATG
AAAAGGCAGGTCAAGTCATCATTCAAACGTATAATCCGGATCATTATTCAATATTGGATG
TTCAAAAAAATGATTATTTAACATTTTATCGTCAGGAAATGGAATATCGTAAATTAGGAA
AGTATCCACCGTATTATTATTTGATTAATTTACAATCTCACATAAAGAAATGAAGAAGG
TTATGGAAGCATCGCAGCATGTTTATAAATTTTATTACAGCATTTAACAGAAAAAGCGC
TTGTACTAGGTCCATCTCCGGCAGCACTTGCAGAAATCAACAATGAATTTAGATTCCAAA
TTTTAGTGAATATAAAAGTGAACCTGGATTATTACAAGCCATTGATTTTTAGATGACTA
TTACCATGAAAAATTTATAAAGAAAAATTAGCATTGAAGATTGATATTGATCCACAGAT
GATGATGTAA
```

> **def2**

Function: protein coding sequence; peptide deformylase homolog (core genome, constant)

Best match: def2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1197619:1198107] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 22330 ... 22819; Length: 489 bp

Sequence:

```
ATGGCGATTAAAAAGTTAGTACCAGCATCGCATCCTATTTTAAACGAAAAAAGCGCAAGCA
GTTATAAATTTGATGATTCGTTAAAAAGATTATTACAAGATTTAGAAGATACAATGTAT
GCACAAGAAGCAGCTGGCTTATGTGCACCTCAAATTAATCAGTCATTGCAAGTGGCAATC
ATTGATATGGAAATGGAAGGATTATTACAACCTGTTAATCCGAAAATTATTAGTCAATCA
AATGAAACGATAACAGACTTAGAAGGTTCAATTACATTGCCAGATGTTTACGGCGAAGTG
ACAAGAAGTAAAATGATAGTTGTCGAAAGTTATGACGTCAATGGGAACAAAGTTGAACT
AACTGCACATGAAGATGTAGCAAGAATGATTTTGCATATTATAGATCAAATGAACGGTAT
```

CCCTTTTACAGAACGTGCGGACCGTATTTTAACAGATAAAGAAGTGGAGGCATATTTTAT
AAATGACTAA

> **fmt**

Function: protein coding sequence; methionyl-tRNA formyltransferase (core genome, constant)
Best match: fmt_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1198100:1199035] (completely identical)
Position: 030-contig_240: 22811 ... 23747; Length: 936 bp

Sequence:

ATGACTAAAATAATATTTATGGGTACACCAGACTTTTCAACAACCTGTTTTAGAAATGCTTA
TTGCAGAACATGATGTCATTGCAGTCGTAACGCAACCAGATCGACCTGTTGGACGTAAAC
GTGTTATGACACCACCAGTTAAAAAAGTTGCAATGAAATATGATTTACCTGTATATC
AGCCTGAAAAATTAAGTGGATCAGAAGAATTAGAACAATTGCTTCAATTAGATGTAGATT
TAATTGTAACCTGCTGCTTTTGGACAATTATTACCTGAATCATTGTTGGCATTACCAAACT
TGGGGCAATTAATGTACATGCATCATTGTTACCGAAGTATAGAGGTGGTGCACCAATTCA
TCAGGCAATTATCGATGGTGAACAAGAAACCGGCATAACAATTATGTATATGGTTAAAAA
ATTAGATGCGGGTAATATTATTTTCGCAACAAGCAATTAATAAGAAAATGATAATGT
CGGTACGATGCATGATAAATTAAGTGTATTAGGGGCAGATTTATTAAGAACTTTACC
ATCTATTATAGAGGGCACAAATGAAAGTGTACCTCAAGATGATACGCAAGCAACATTTGC
TTCCAATATTCGACGCGAAGATGAGCGAATTAACCTGGAATAAACAGGAAGACAAGTGT
TTAATCAAATTCGTGGATTATCACCATGGCCAGTTGCTTATACAACCTATGGATGACTA
ACTTGAAAATATACGATGCTGAACTCGTTGAGACTAATAAGATAAACGAGCCTGGAACC
ATTATAGAAACGACTAAAAAAGCCATTATTGTTGCTACAAATGATAATGAAGCTGTTGCA
ATTAAGATATGCAATTAGCTGGGAAAAAGAGAATGTTAGCTGCCAATTATTAAGTGGT
GCGCAAAACACACTAGTAGGGAAGAACTTATATGA

> **sun**

Function: protein coding sequence; ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (core genome, constant)
Best match: sun_CC007_TCH959-USA300_AASB02000232.1[23813:25120]
Position: 030-contig_240: 23743 ... 25051; Length: 1308 bp

Sequence:

ATGATAGAAAACGTGAGAAGTCTTGCTTTTGACACGATTCAAGATATATTAATGAAGGT
GCGTATAGTAACTTGCGTATTAATGAAGTGTGTCAGAAAATGAATTAATGCAATGGAT
AAAGCCTTATTTACAGAAATTGTCTACGGAACCGTTAAAAGAAAATATACGTTAGATTTT
TATTTAAAGCCTTTTGTGAAAACAAAGATTAAGGCATGGGTTAGGCAATTATTATGGATG
AGTATTTATCAATATGTTTATTTAGATAAAGTTCCAAATCATGCCATTATTAATGAAGCAG
TTGAAATAGCAAAAAGAACGCGGTGGCTATCATAATGGTAATGTCGTAAATGGTATTTTAC
GTACAATGATGCGTAGTACTTACCTGATTTTAAATGAAATTGCAGATCCTAAAAAAGAA
TGGCAATCGAATATAGTATGCCGAAGTGGATTATAGATCATTGGGCAACACATTATGGTC
TCGAAGAACTGAAACAATTTTACAGTCATTTTATAGAAACGACATCAACAACCTGTGCGTG
CCAACCTGACGCGAGCATCATTAGATGATATTATTGAAAAGTTGCAAGACGAAGGTTATG
ACGTTGAAAAGATCATGACTTACCTTATTGTCTCCATATAGGTGGACAACCAATTATTC
ATTCTCGTTTCAATTAAGATGGATTGTTTCAATTCAAGATAAAAGCTCAATGTTTGTGTC
ACACATTATGAATGTAGACCGACATGATCACGTATTAGATGCATGTAGTGCACCTGGCGG
TAAAGCTTGTACATTGCTGAAGTTTTAATGCCAGAAGGGCAAGTTGACGCTTCAGATAT
ACATGATCACAAAATAGACTTAATTAATTTAATATAAAAAAATTACGATTAACAAATAT
TAAAGCTTTTCAACATGATGCGACAAAACCTTATGATAAACATACGATAAGATACTTGT
TGATGCACCATGTAGCGGATTAGGTGTAATGAGACATAAGCCGGAGATTAAGTATACTCA
AAGCAAACAACATATTGAGTCACTAGTTGAATTACAGCTTGAAATATTGGAAAATGTAAA
AAACAATGTAAAAATAGGTGGCGAAATCATCTATTCAACATGTACAATTGAGCAACTAG
AAAATGAAAACGTGATTTATACGTTTTTGAATAATAAAAACTTCGAATTTGAACCGT
TTCAACATCCGATAACTGGAGAGTTGGTCAAACGTTACAAATCATGCCGCAAGACTTTA
ATTCAGATGGATTCTTTATCACTAAGATAAAAAGAAAGGACAATTAG

> **rlmN**

Function: protein coding sequence; ribosomal RNA large subunit methyltransferase (core genome, constant)

Best match: rlmN_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[188356:189450:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 25053 ... 26148; Length: 1095 bp

Sequence:

```
ATGATAACTGCTGAAAAGAAAAAGAATAAATTTCTTCCAAATTTTGACAAGCAATCA
ATATATTCATTGCGATTTGACGAAATGCAAACTGGCTCGTTGAACAAGGTCAACAAAAA
TTTCGAGCGAAACAGATTTTTGAATGGTTATATCAAAAAAGAGTAGATTGCGATTGATGAA
ATGACGAACTTATCGAAAGACTTACGACAGCTTTTAAAAGATAACTTTACTGTTACAAC
TTAACAACCTGTAGTAAAACAAGAAAGTAAAGACGGTACAATTAATTTCTTATTTGAATTA
CAAGATGGCTATACAATTGAAACTGTTTTAATGAGACATGATTATGGAAATTCAGTATGT
GTAACGACACAAGTAGGTTGTCGTATCGGATGTACGTTTTGTGCTTCTACACTTGGCGGCT
TAAAAAGAAACCTTGAAGCTGGCGAAATTGTTTCACAAGTTTTAACAGTTCAAAAAGCCC
TTGATGCTACAGAAGAGCGCGTATCTCAAATTGTCATAATGGGTATCGGTGAACCAATTTG
AAAATTATGATGAAATGATGGACTTTTTAAGAATCGTCAATGATGATAATAGTTTAAATA
TTGGTGCACGTCACATTACAGTATCAACATCAGGTATCATTCCCTAGAATATACGACTTTGC
GGATGAAGATATCCAAATTAATTTTGGCTGTAAGCTTACACGCCGCAAAAGATGAAGTGCG
ATCACGCTTGATGCCAATTAACCGTGCATATAATGTTGAGAAGTTAATCGAAGCAATTCA
ATATTATCAAGAAAAACAAATCGTCGTGTTACTTTTTGAATATGGTCTGTTTGGTGGTGTG
AATGACCAACTAGAACATGCAAGAGAATTAGCACATTTAATAAAAGGCTTAAACTGCCA
TGTTAACTTAATTCCTGTCAACCATGTTCCAGAAAGAAATTATGTGAAAACGGCTAAAAA
TGATATCTTTAAATTTGAAAAAGAATTAAGAGACTAGGAATTAATGCCACAATACGTCG
TGAACAAGGTTCCGATATTGACGCAGCTTGTGGTCAATTAAGAGCAAAGGAACGACAAG
TAGAAACGAGGTAA
```

> **stp1**

Function: protein coding sequence; serine/threonine protein phosphatase (core genome, constant)

Best match: stp1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1201443:1202186] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 26154 ... 26898; Length: 744 bp

Sequence:

```
ATGCTAGAGGCACAATTTTTTACTGATACTGGACAACATAGAGATAAGAATGAAGATGCG
GGTGGTATTTTTTATAATCGAACTAATCAACAACCTTTTAGTTCTGTGTGATGGTATGGGCG
GCCATAAAGCAGGAGAAGTTGCAAGTAAATTTGTTACAGATGAGTTGAAATCCCGTTTTG
AAGCGGAAAATCTTATAGAAGAACATCAAGCTGAAAATTGGTTGCGTAATAATATAAAA
GATATAAATTTTCAGTTATATCACTATGCACAAGAAAATGCAGAATATAAAGGTATGGGT
ACAACATGTGTTTGTGCACTTGTTTTTGAAAAATCAGTTGTGATAGCAAATGTCGGTGATT
CTAGAGCCTATGTTATTAATAGTAGACAAATTGAACAAATTAAGTATGATCACTCATTTGT
TAATCATCTTGTTTTAAACGGGTCAAATTACGCCGGAAGAAGCATTTACACATCCACAACG
TAATATTATTACGAAGGTGATGGGCACAGATAAACGTGTGAGTCCAGATTTGTTTATTA
GCGATTAAATTTTTATGATTATTTATTATTAATTCAGATGGATTAAGTATTATGTTAAA
GACAATGAAATTAAGCGTTTGTAGTAAAAGAAGGTACAATAGAAGATCATGGTGTATCA
ATTAATGCAATTGGCATTAGATAACCATTGAAAGATAACGTTACTTTCATACTCGCGGC
TATTGAAGGTGATAAAGTATGA
```

> **pknB**

Function: protein coding sequence; serine/threonine-protein kinase (core genome, constant)

Best match: pknB_Y18639.1[1:48:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 26894 ... 26942; Length: 48 bp

Sequence:

```
ATGATAGGTAAAATAAATAAATGAACGATATAAAATTGTAGATAAGCTT
```

> **engC**

Function: protein coding sequence; ribosome small subunit-dependent GTPase A (core genome, constant)

Best match: engC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1204405:1205280]

Position: 030-contig_240: 29116 ... 29992; Length: 876 bp

Sequence:

```
TTGAAGACAGGTTCGAATAGTGAAATCAATTAGTGGGGTATATCAAGTAGACGTTAATGGC
GAACGTTTCAATACAAAACCACGAGGATTATTTAGAAAGAAAAAATTTTCACCGGTAGTT
GGTGATATAGTGGAATTTGAAGTACAAAACATTAACGAAGGCTATATTCATCAAGTGTTT
GAGCGGAAAAATGAGTTGAAAAGACCACCTGTAAGTAATATAGATACACTAGTAATTGT
AATGAGTGCTGTCGAGCCAAATTTTCAACGCAATTATTAGATCGATTTTTAGTTATTGCA
CATTTCGTATCAGTTAAATGCGAGAGTTTTGGTGACTAAAAAAGATAAAACACCAATTGAA
AAGCAGTTCGAAATAAATGAGTTGTTGAAAATATATGAAAATATTGGCTATGAGACTGAA
TTTATTGGAAATGATGATGATCGAAAAAAAATTGTAGAAGCTTGGCCAGCTGGACTTATA
GTACTTAGTGGTCAATCAGGTGTCGGTAAGTCCACTTTCTTAAATCATTATCGTCCAGAAC
TTAATCTTGAGACAAATGATATATCAAATCATTAAATCGAGGAAAGCATACTACAAGAC
ATGTCGAACTATTCGAAACGTCAAACGGTTATATTGCAGACACACCTGGATTGAGTGCTT
TAGATTTTGATCATATAGATAAAGATGAAATAAAAGATTATTTTCTTGAATTAATCGAT
ATGGTGAAACATGTAAGTTTAGAAATTGTAATCATATCAAAGAACCTAATTGTAATGTTA
AGCATCAATTAGAGATAGGGAATATTGCGCAATTTAGATACGACCATTATTTACAACAT
TTAATGAAATTTCAAATAGAAAGGTTAGATATTA
```

> **rpe**

Function: protein coding sequence; ribulose-5-phosphate 3-epimerase (core genome, constant)

Best match: rpe_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[183867:184511:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 29992 ... 30637; Length: 645 bp

Sequence:

```
ATGACAAAACATATCCATCATTATTATCTGTTGATTTTTTTGGATTTACAACATGAATTA
AACGACTTGAAGAAGCAGGTGTCGACGGAGTTCATTTTGATGTTATGGATGGTCAATTTG
TGCCTAATATATCTATTGGTTTACCAATATTAGATGCAGTAAGAAAAGGCACAACATTAC
CTATAGACGTACATTTGATGATTGAAAATCCAGAAAAGTATATTGCATCATTGTCAGAAC
ATGGTGCCGATATGATTTCAATTCATGTCGAATCAACGCCTCATATTCATCGTGCTATTCA
AATGATTAACATTTAGATAAAAAAGCTGGTGTAATTAATCCTGGTACACCAATATC
ACAAATTGAACCTATTTTAGACATTGTTGATTATGTAAGTATGACTAGTGATGACAGTTAACCCAGG
GTTTGGTGGTCAATCATTATTGATCAATGCGTAGAAAAAATAGCGGGTCTTAATGCTATT
AAAATGGAACGTCAATTAACCTTTGATATTGAAGTTGATGGAGGCGTAAATACCGATACA
GCGAAAGTTTGTGTTGAAAATGGTGCTACAATGCTAGTAACAGGTTCATTTTTCTTTAAAC
AAGAGGATTATAAAAAAGTCACACAAGGATTGAAAGGTTGA
```

> **thiN**

Function: protein coding sequence; thiamine pyrophosphokinase (core genome, constant)

Best match: thiN_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[183219:183860:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 30643 ... 31285; Length: 642 bp

Sequence:

```
ATGCATATAAATTTATTATGTTCTGATCGACACTTGCCGCAAGATATTTGGGCCAAAAGT
AATGAAGGTAATGGGGCGGCGTTGATAGAGGTGCTTTGATTTTATTGAAGCATCAAATT
ATCCCTTTTTTCTCAGTGGGAGACTTTGATTCAGTCAGTAAAGAAGAACGCCAACTTTTAA
CAGAACAGTTACAAATCAAACCAGTTCAAGCTGAAAAAGCTGATACGGATTTAGCTTTAG
CGGTTGATAAAGCTGTTGCACTTGGATTTGATAGTATTACAATTTATGGTGCAACAGGCG
GACGATTAGATCACTTTTTTGGGGCAATTCAGTTATTATTGAAAAAAGCATATTATAAAC
ATGATGTTTCATATAGAAGTTATCGATCAACAAAATAAAATTGAATTATTGCCTAAAGGTC
AACATACAGTTGAAAAAGATAAGAGTTATCCGTACATTTTCAATTTATACCGATGACTGATG
ATGTAGAACTTTCTCTAGCAGGTTTTAAATATAATTTAGCTAGACAAATGCTTAATATAGG
TTCTACTTTAACTATTTCCAATGAAATTGAGTCTTTGCAAGCGAAAGTAACTGTACATGAT
GGGTTGATTTTGCAAATTAGAAGTACAGATTTAAATTA
```

> **rpmB**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L28 (core genome, constant)

Best match: rpmB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1206954:1207142:r]RC (completely identical)

Position: 030-contig_240: 31665 ... 31854; Length: 189 bp

Sequence:

```
TTAAACTCTAGTTACTTTACCAGATTTTAAAGCACGTGCAGAAACCCAACTTTTTTTAGGT
TTACCGTCAACTAGGATTCTAACTTTTTGAAGGTTAGCGTTCATCTACGTTTAGTAGAGT
TTAAAGCGTGTGAACGTCTGTTACCAGTCTGAAGCTTTACGACCTGTTACGAAACATTGTTT
ACCCAT
```

> yloV

Function: protein coding sequence; glycerone kinase (core genome, constant)

Best match: yloV_CC030_MRSA252_BX571856.1[1250143:1251789]

Position: 030-contig_240: 32685 ... 34332; Length: 1647 bp

Sequence:

```
ATGATTAGCAAAATTAATGGTAAATTATTTGCCGATATGATTATACAAGGGGCACAAAAT
TTATCTAACAATGCAGATTTGGTAGATTCTTTGAATGTGTATCCAGTGCCAGATGGTGATA
CAGGAACAAATATGAATCTTACTATGACTTCAGGTCGCGAAGAAGTAGAGAATAATTTGT
CGAAAAATATCGGCGAATTAGGTAAAACATTCTCGAAAGGTTTACTAATGGGTGCAAGA
GGTAACTCTGGTGTTCATCTTGTCAACAATTATTCAGAGGATTTTGTAAAAATATTGAAAGTG
AATCTGAAATTAATTCAAATTTAGCTGAAAGTTTTCAAGCTGGTGTGAAACGGCAT
ATAAAGCTGTTATGAAACCAGTTGAAGGTACAATACTTACAGTTGCAAAAGATGCTGCGC
AAGCTGCAATAGAAAAAGCAAATAATACTGAAGATTGTATAGAATTAATGGAGTACATT
ATTGTAAAAGCCAATGAATCACTTGAAAACACACCAAACCTATTAGCTGTACTTAAAGAA
GTTGGTGTGTTGATAGTGGCGGTAAAGGTTTGTATGCGTTTACGAAGGATTCTTAAAA
GCGCTTAAAGGTGAAAAAGTTGAAGCCAAAGTTGCAAAGATAGATAAAGATGAATTTGT
ACATGATGAACATGATTTCCATGGTGTAAATAACTGAAGATATTATTTATGGCTATTGT
ACTGAAATGATGGTTCGTTTTGGAAAGAATAAAAAAGCCTTTGATGAACAAGAATTCAGG
CAAGATATGAGTCAATTTGGTGATTCTTTATTAGTCATTAATGATGAAGAAATTTGTAAG
GTTACGTCATACCGAATACCCAGGTAAAGTGTTAATTATGGTCAACAATATGGTGAA
TTAATTAACCTTAAGGTTGAAAATATGAGAGAACAGCATCGTGAAGTGATTCGAAAAGA
ACAGCACACAGCTAAACCGAAAATGGAAACGGTTGAAACAGCGATTATTACTATTTCTAT
GGGTGAAGGTATTTTCAGAGATATTTAAATCAATGGGTGCCACACATATCATTAGTGGTGG
ACAAACGATGAATCCTTCTACAGAAGATATCGTTAAAGTCATTGAACAATCAAATGTAA
ACGTGCAATTATTTTACCGAATAATAAAAAATATCTTAATGGCAAGTGAACAAGCAGCGAG
TATTGTTGATGCAGAAGCAGTTGTTATTCCAACGAAATCTATTCCTCAAGGTATAAGCGC
ACTATTCCAATATGATGTGGACGCAACACTTGAAGAAAATAAAGCGCAAATGGCTGATTC
AGTAAATAACGTTAAATCTGGTTCATTAACGTACGCTGTTTCGTGATACGAAAATTGATGG
CGTTGAGATTAAAAAAGACGCGTTTATGGGCTTGATTGAAGATAAGATTGTAAGCAGCCA
AAGTGATCAATTAACAACGGTACTGAGTTGTTAAATGAGATGTTAGCAGAAGATAGTGA
AATATTGACTGTGATTATTGGTCAAGATGCAGAGCAAGCAGTTACAGATAACATGATAAA
CTGGATTGAAGAGCAATATCCAGATGTAGAAGTGGAAGTTCATGAAGGTGGACAACCAA
TTTATCAATATTTCTTTTCAGTAGAATAA
```

> recG

Function: protein coding sequence; ATP-dependent DNA helicase (core genome, constant)

Best match: recG_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[177922:179982:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 34521 ... 36582; Length: 2061 bp

Sequence:

```
TTGGCTAAAGTAACTTAATAGAAAGTCCATATTCTCTTTTACAATTAAGGTATAGGT
CCTAAGAAAATAGAAGTATTGCAACAATAAATATTCATACAGTGGAAGATCTTGTTCTT
TATTTGCCAACTAGATATGAAGATAATACAGTGATTGATTTGAATCAAGCAGAAGATCAA
TCTAACGTTACGATAGAAGGACAAGTATATACAGCTCCAGTAGTTGCATTTTTTTGGAAGA
AATAAATCAAATTAACCGTTCATTTAATGGTAAATAAATATTGCTGTCAAATGTATTTTTT
TCAATCAACCGTATTTAAAAAAGAAAATCGAATTAATCAAACCTATAACTGTTAAAGGTA
AGTGAATAGGGTTAAACAGGAAATTACTGGTAATAGGGTTTTCTTTAATTCACAAGGGA
```

CACAACTCAAGAAAACGCAGATGTTCAATTAGAACCAGTCTATCGTATTAAGGAAGGT
ATTAACAAAAGCAAATACGAGACCAAATTAGACAAGCGTTAAATGATGTGACAATTCA
TGAATGGTTAACTGATGAACTAAGAGAAAAATATAAATTAGAGACCTTGGACTTTACTTT
GAACACATTACATCATCTAAAAGTAAAGAGGATTTATTACGTGCTCGTAGAACCTATGC
ATTTACTGAACTGTTTTTATTTCGAATTACGTATGCAATGGCTAAATAGATTAGAAAAGTCA
TCTGACGAAGCAATTGAAATTGATTATGACATAGACCAAGTTAAATCATTATTGATCGT
TTACCTTTTGAACCTAACTGAAGCACAGAAATCCAGTGTTAATGAAATTTTTAGAGATTTA
AAAGCACCAATACGTATGCATCGATTACTTCAAGGTGATGTAGGTTTCAGGAAAAACAGTA
GTTGCTGCAATTTGTATGTATGCGTTAAAAACGGCTGGTTATCAATCAGCATTGATGGTAC
CAACTGAAATTTTAGCAGAGCAACATGCTGAAAGTTTAAATGGCTTTATTTGGAGATTCTA
TGAACGTTGCATTGTTAACTGGGTCAGTAAAAGGTAAGAAACGAAAGATACTTTTAGAAC
AACTTGAAGATGGTACGATTGATTGTTTAAATGGAACCCATGCTTTGATTCAAGATGATGT
GATTTTCCATAATGTTGGTTTAGTAATTACAGATGAACAACATCGATTTGGTGTGAATCAA
CGCCAGCTTTTAAAGAGAAAAAGGTGCAATGACGAATGTGTTATTTATGACAGCAACGCCG
ATACCAAGAACAAGTACGCAATATCAGTTTTTGGTGAGATGGATGTGTCTTCAATTAACAA
TTACCAAAAAGGTCGTAAACCTATCATTACTACTTGGGCAAAGCATGAGCAATACGATAAA
GTTTTGATGCAAATGACCTCAGAGTTGAAAAAAGGTCGTCAAGCATATGTCATTTGCCCG
CTTATAGAAAGTTCTGAGCATCTCGAAGATGTTCAAATGTTGTTCGATTGTACGAGTCTT
TACAACAGTATTATGGTGTTCCTCGTGTAGGGTTATTGCATGGTAAGTTGTCTGCCGATGA
AAAAGATGAGGTCATGCAAAAAGTTTAGCAATCATGAGATAGATGTTTTAGTTTCTACTAC
TGTTGTTGAAGTAGGTGTTAATGTACCGAATGCAACTTTTATGATGATTTATGATGCGGAT
CGCTTTGGATTATCAACTTTACATCAGTTACGCGGACGTGTGGGTAGAAGTGACCAGCAA
AGTTACTGTGTTTTAATTGCATCCCCTAAAACAGAAACAGGAATTGAAAGAATGACAATT
ATGACACAAACAACGGATGGATTTGAATTGAGTGAACGAGACTTAGAAATGCGTGGTCC
TGGCGATTTCTTTGGTGTTAAACAAAGTGGATTGCCAGATTTCTTAGTTGCCAATTTAGTT
GAAGATTATCGTATGTTAGAAGTTGCTCGTGATGAAGCAGCTGAACTTATTCAATCTGGC
GTATTCTTTGAAAATACGTATCAACATTTACGTCATTTTGTGAAGAAAATTTATTACATC
GTAGTTTTGACTAA

> **fapR**

Function: protein coding sequence; fatty acid and phospholipid biosynthesis transcript regulator (core genome, constant)

Best match: fapR_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[177147:177704:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 36799 ... 37357; Length: 558 bp

Sequence:

TTGAAACTAAAGAAAGATAAACGTAGAGAAGCAATCAGACAACAAATTGATAGCAATCC
CTTCATCACAGACCATGAACTAAGCGACTTATTTCAAGTGAGTATACAAACAATTTCGTTT
AGATCGCACTTATTTAAACATAACCAGAATTAAGGAAGCGTATTAAATTAGTTGCTGAAAA
GAATTATGACCAAATAAGTTCTATTGAAGAACAAGAATTTATTGGTGATTTGATTCAAGT
CAATCCAAATGTTAAAGCGCAATCAATTTTAGATATTACATCGGATTCTGTTTTTCATAAA
ACTGGAATTGCGCGTGGTCATGTGCTATTTGCTCAGGCAAATTCGTTATGTGTTGCGCTAA
TTAAGCAACCAACAGTTTTAACTCATGAGAGTAGCATTCAATTTATTGAAAAAGTAAAAT
TAAATGATACGGTAAGAGCAGAAGCACGAGTTGTAATCAAACCTGCAAAAACATTATTAC
GTCGAAGTAAAGTCATATGTTAAACATACATTAGTTTTCAAAGGAAATTTAAAATGTTTT
ATGATAAGCGAGGATAA

> **plsX**

Function: protein coding sequence; glycerol-3-phosphate acyltransferase (core genome, constant)

Best match: plsX_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1148670:1149656] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 37361 ... 38348; Length: 987 bp

Sequence:

ATGGTTAAATTAGCAATTGATATGATGGGTGGCGACAATGCGCCTGATATCGTATTAGAA
GCCGTACAAAAGGCTGTTGAAGACTTTAAAGATCTAGAAATTATACTTTTCGGTGACGAA
AAAAAGTATAATCTGAACCATGAACGAATCGAATTTAGACATTGTTCTGAAAAGATTGAA
ATGGAAGATGAGCCTGTTAGAGCGATTAAACGTAAAAAAGATAGCTCAATGGTAAAAAT

GGCTGAAGCTGTGAAATCTGGTGAAGCAGATGGATGTGTGTCAGCAGGTAATACTGGTGC
TTTAATGTCAGCTGGTTTATTCATTGTTGGACGTATTAAGGTGTAGCTAGACCGGCTTTA
GTAGTAACATTGCCAACGATTGATGGAAAAGGTTTTGTCTTTTATAGACGTTGGTGCAAAT
GCTGATGCTAAACCTGAACACTTATTACAGTATGCGCAACTAGGGGATATTTATGCTCAA
AAAATTAGAGGTATTGATAATCCGAAAATCTCATTATTAATATAGGAACCGAGCCAGCT
AAAGGTAATAGTTTAAACGAAAAAATCATATGAGTTATTAATCATGATCATTCAATTGAAT
TTTGTGGGAATATTGAAGCGAAGACATTAATGGATGGCGATACAGATGTTGTAGTTACC
GATGGCTATACTGGGAACATGGTCCTTAAAAATTTAGAAGGTACTGCAAAATCAATCGGT
AAAATGTTAAAAGATACGATTATGAGTAGTACTAAAAATAAATTAGCAGGTGCAATATTG
AAGAAAGATTTAGCTGAATTCGCTAAAAAGATGGATTACTCAGAATACGGTGGTCCGTA
TTATTAGGATTGGAAGGTACTGTAGTTAAAGCACACGGTAGTTCAAATGCTAAAGCTTTT
TATTCTGCAATTAGACAAGCGAAAATCGCAGGAGAACAAAATATTGTACAAACAATGAA
AGAGACTGTAGGTGAATCAAATGAGTAA

> **fabD**

Function: protein coding sequence; malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (core genome, constant)

Best match: fabD_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000019.1[135693:136619:r] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 38340 ... 39267; Length: 927 bp

Sequence:

ATGAGTAAACAGCAATTATTTTTCCGGGACAAGGTGCCCAAAAAGTTGGTATGGCACAA
GATTTGTTAATAACAATGATCAAGCAACTGAAATTTAACTTCAGCAGCAAAGACGTTA
GACTTTGATATTTAGAGACAATGTTTACTGATGAAGAAGGTAAATTGGGTGAAACTGAA
AACACGCAACCAGCTTTATTGACGCATAGTTCGGCATTATTAGCAGCGCTAAAAAATTTG
AATCCTGATTTTACTATGGGGCATAGTTTAGGTGAATATTCAAGTTTAGTTGCAGCTGACG
TATTATCATTTGAAGATGCAGTTAAAATTGTTAGAAAACGTGGTCAATTAATGGCGCAAG
CATTTCTACTGGTGTAGGAAGCATGGCTGCAGTATTGGGCTTAGATTTTGATAAAGTCG
ATGAAATTTGTAAGTCATTATCATCTGATGACAAAATAATTGAACCAGCAAACATTAATT
GCCAGGTCAAATTGTTGTTTCAGGTCACAAAGCTTTAATTGATGAGCTAGTAGAAAAG
GTAAATCATTAGGTGCAAAACGTGTCATGCCTTTAGCAGTATCTGGTCCATTCCATTATC
GCTAATGAAAGTGATTGAAGAAGATTTTCAAGTTATATTAATCAATTTGAATGGCGTGA
TGCTAAGTTTCCTGTAGTTCAAATGTAAATGCGCAAGGTGAAACTGACAAAGAAGTAAT
TAAATCTAATATGGTCAAGCAATTATATTCACCAGTACAATTCATTAACTCAACAGAATG
GCTAATAGACCAAGGTGTTGATCATTTTATTGAAATTGGTCCTGGAAAAGTTTTATCTGGC
TTAATTAATAAATAAATAGAGATGTTAAGTTAACATCAATTCAACTTTAGAAGATGTG
AAAGGATGGAATGAAAATGACTAA

> **fabG**

Function: protein coding sequence; beta-ketoacyl-ACP reductase (core genome, constant)

Best match: fabG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1214548:1215282] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 39259 ... 39994; Length: 735 bp

Sequence:

ATGACTAAGAGTGCTTTAGTAACAGGTGCATCAAGAGGAATTGGACGTAGTATTGCGTTA
CAATTAGCAGAAGAAGGATATAATGTAGCAGTAACTATGCAGGCAGCAAAGAGAAAGC
TGAAGCAGTAGTCGAAGAAATCAAAGCTAAAGGTGTTGACAGTTTTGCGATTCAAGCAA
ATGTTGCCGATGCTGATGAAGTTAAAGCAATGATTAAGAAGTAGTTAGCCAATTTGGTT
CTTTAGATGTTTTAGTAAATAATGCAGGTATTACTCGCGATAATTTATTAATGCGTATGAA
AGAACAAGAGTGGGATGATGTTATTGACACAAACTTAAAAGGTGTATTTAACTGTATCCA
AAAAGCAACACCACAAATGTTAAGACAACGTAGTGGTGCTATCATCAATTTATCAAGTGT
TGTTGGAGCAGTAGGTAATCCGGGACAAGCAAACACTATGTTGCAACAAAAGCAGGTGTTA
TTGGTTTAACTAAATCTGCGGCGCGTGAATTAGCATCTCGTGGTATCACTGTAAATGCAGT
TGCACCTGGTTTTATTGTTTCTGATATGACAGATGCTTTAAGTGATGAGCTTAAAGAACAA
ATGTTGACTCAAATTCGGTTAGCACGTTTTGGTCAAGACACAGATATTGCTAATACAGTA

GCGTTCTTAGCATCAGACAAAGCAAATATATTACAGGTCAAACAATCCATGTAAATGGT
GGAATGTACATGTAA

> **acpP**

Function: protein coding sequence; acyl carrier protein (core genome, constant)

Best match: acpP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1215716:1215949] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 40427 ... 40661; Length: 234 bp

Sequence:

GTGGAAAATTTTCGATAAAAGTAAAAGATATCATCGTTGACCGTTTAGGTGTAGACGCTGAT
AAAGTAACTGAAGATGCATCTTTCAAAGATGATTTAGGCGCTGACTCACTTGATATCGCT
GAATTAGTAATGGAATTAGAAGACGAGTTTGGTACTGAAATTCCTGATGAAGAAGCTGA
AAAATCAACACTGTTGGTGTATGCTGTTAAATTTATTAACAGTCTTGAAAAATAA

> **rnc**

Function: protein coding sequence; ribonuclease 3 (core genome, constant)

Best match: rnc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1216065:1216796] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 40776 ... 41508; Length: 732 bp

Sequence:

ATGTCTAAACAAAAGAAAAGTGAGATAGTTAATCGTTTTAGAAAGCGCTTTGATACTAAA
ATGACAGAGTTAGGCTTTACTTATCAAATATTGATTTATACCAACAAGCATTTCGCATT
CGAGTTTTATTAATGATTTTAATATGAATCGTTTAGACCATAATGAGCGTTTAGAGTTTTT
GGGTGATGCGGTATTAGAATTGACGTTTCACGATATTTATTTGATAAACATCCCAACTTG
CCAGAAGGGAATTTAACAAAATGCGTGCCACTATTGTATGTGAGCCCTCACTTGTAATA
TTTGCGAATAAAATTGGATTGAACGAAATGATTTTACTTGGTAAAGGTGAAGAGAAAACA
GGGGGACGTACAAGACCATCATTAAATATCAGATGCATTCGAAGCATTATTGGGGCATTG
TATTTGGATCAAGGACTAGATATAGTTTGGAAATTTGCTGAGAAAGTCATTTTCCCACAT
GTAGAACAAAATGAGTTATTAGGCGTGGTAGATTTTAAACACAATTCGAAGAATATGTG
CACCAGCAAATAAAGGTGATGTAACCTATAATTTAATAAAAGAAGAGGGACCGGCACA
TCATCGTCTATTCCTCAGAAGTTATTCTGCAAGGGGAAGCAATAGCTGAAGGTAAAGG
GAAAACGAAAAAAGAATCAGAACAACGTGCTGCTGAAAGTGCCTATAAGCAATTA AAC
AAATTAATAG

> **smc**

Function: protein coding sequence; chromosome segregation SMC protein (core genome, constant)

Best match: smc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1216943:1220509]

Position: 030-contig_240: 41654 ... 45221; Length: 3567 bp

Sequence:

ATGGTTTATTTAAAATCAATAGATGCCATTGGATTTAAGTCTTTTGCAGATCAAACCAATG
TTCAATTCGATAAAGGTGTAACCTGCAATTGTTGGTCCAAATGGAAGCGGTAAAAGTAATA
TTACAGATGCTATTAATGGGTGTTGGGTGAACAATCGGCTAAATCATTACGTGGCTCAA
AAATGGAAGATATTATCTTCTCAGGTGCAGAACATCGCAAAGCTCAAATTATGCTGAAG
TACAGTTAAGATTAGATAATCATTCTAAAAAGCTCAGTGTGATGAAAACGAAGTTATTG
TAACAAGAAGATTGTATCGAAGTGGTGAAGTGAGTACTACATAAATAATGACCGTGCA
AGATTAAGATATTGCCGATTTATTTTATAGATTCTGGATTGGGAAAAGAAGCGTATAGC
ATTATCTCGCAAGGTAGAGTTGATGAAATACTAAATGCTAAACCAATTGATAGACGTCAA
ATTATTGAAGAATCGGCTGGTGTACTTAAATATAAAAAACGTAAGGCTGAATCATTAAT
AACTTGACCAAACAGAAGATAATTTAACGAGAGTAGAAGACATTTTATATGATTTGGAA
GGTCGCGTAGAACCTCTAAAAGAGGAGGCAGCTATAGCTAAAGAATATAAGACACTTTC
ACATCAAATGAAACATAGTGACATTGTAGTTACAGTGCACGATATTGATCAATATACAAA
TGACAATAGACAATTAGATCAACGTTTAAATGATTTACAAGGTCAACAAGCAAATAAAG
AAGCTGACAAGCAACGTTTAAAGCCAACAAATTCACAATATAAAGGTAAACGACATCAA
CTTGATAACGATGTTGAATCGCTTAATTATCAATTAGTAAAAGCTACGGAAGCCTTTGAA
AAATATACGGGACAATTAATGTTTTAGAAGAACGTAAGAAAAATCAATCTGAAACAAA
TGCACGATATGAAGAAGAACAAGAAAATTTAATGGAGCTTTTAGAAAATATATCAAATG
AGATTTCTGAAGCTCAAGATACTTATAAGTCTCTGAAAAGTAAACAAAAGAAGTCAATG

CTGTCATTCGTGAACTTGAAGAACAACACTATATGTTTCAGACGAAGCACATGATGAAAAAT
TGGAAGAAATTA AAAACGAATACTATACATTAATGTCAGAGCAATCAGATGTTAACAAT
GATATTCGTTTTTTAAAGCATACTATAGAAGAGAATGAGGCTAAAAAATCAAGACTAGAT
TCTCGATTAGTTGAAGTTTTTGGAGCAATTGAAAGATATTCAGGGTCAAATAAAAACGACA
AAAAAGAATATCAACAGACCAACAAAGAACTTTCTGCTGTAGATAAAGAAATTA AAAA
TATAGAAAAATATCTCACTGATACAAAAAAGCACAAAATGAATACGAAGAGAAATTGT
ATCAAGCATATCGATATACCGAAAAAATGAAAACACGTATTGATAGTTTTGGCAACGCAA
GAGGAAGAATATACTTATTTTTTCAATGGCGTCAAACATATTTTTGAAAGCTAAAAATAAA
GAATTAAGGGTATTCATGGTGCAGTTGCGGAAATTATTGATGTGCCATCTAAATTA ACT
CAGGCAATTGAAACAGCATTAGGTGCTTCATTACAACATGTCATTGTAGATTCAGAAAAA
GATGGACGCCAGGCTATTCAATTTTTAAAGAACGTAATTTAGGTCTGCGACGTTTTTA
CCATTAATGTTATACAGAGTAGAGTGGTAGCGACTGATATTAATCTATTGCTAAAGAG
GCAAACGGATTTATTAGTATCGCTTCGGAAGCAGTTAAAGTAGCACCAGAATATCAAAAT
ATTATCGGGAATTTATTAGGTAATACGATTATCGTTGATCATTAAAGCATGCAAATGAA
TTGGCACGTGCGATTAAATATCGAACTCGTATTGTTACTTTGGAAGGTGATATTGTA AATC
CTGGTGGTTCTATGACTGGTGGTGGCGCTCGTAAGTCCAAAAGTATTCTGTCTCAAAAAG
ACGAGTTGACAACAATGAGACACCAATTAGAAGATTACTTGCCTCAAACAGAATCATTTG
ACAACAATTTAAAGAGTTGAAGATAAAAAGTGATCAATTAAGTGA ACTGTATTTTTGAAA
AAAGTCAAAAGCATAATACACTTAAAGAGCAAGTGCATCATTTTTGAAATGGAGCTCGAT
AGATTA ACTACACAAGAAACACAAATAAAAAATGATCATGAAGAATTCGAATTTGAAAA
AAATGATGGTTATACGAGTGACAAAAGTCGACAACTTTGAGTGAAAAAGAACTCATT
TAGAAAGTATTAAGCATCTTTAAAACGACTAGAAGATGAAATTGAACGCTACACAAAA
CTTTCTAAAGAAGGTAAGGAAAGCGTAACTAAAACACAACAACGTTACATCAGAAACA
ATCTGATCTTGCTGTGGTTAAAGAGCGTATTA AACACAACAACAGACAATAGATCGATT
AAATAATCAAAGTCAACAACTAAACATCAATTA AAAAGATGTTAAAGAAAAAATTGCAT
TCTTTAATTCGGATGAAGTGATGGGCGAACAAAGCTTTTCAAATATTAAGATCAAATTA
ATGGTCAACAAGAAACGAGAACACGCTTATCTGATGAATTAGATAAATTGAAACAACAA
CGTATTGAGTTGAATGAACAAATCGATGCGCAGGAAGCTACACTACAAGTTTGTACCAA
GATATTTTAGCTATCGAAAATCACTACCAAGATATTAAGCTGAACAATCAAAGTTAGAT
GTATTAATTCATCATGCGATAGATCATTAAATGATGAATATCAATTGACTGTTGAACGTG
CGAAATCTGAATATACGAGTGATGAATCGATTGACGCATTACGTAAAAAAGTTAAGTTAA
TGAAGATGTCGATTGATGAACTAGGTCTGTAACTTAAATGCAATTGAACAATTTGAAG
AGTTAAATGAACGTTATACATTTTTAAGTGAACAACGTACAGATCTTCGTAAAGCTAAAG
AAACATTAGAGCAAATTATAAGTGAAATGGATCAAGAGGTTACTGAAAGATTTAAAGAA
ACTTTCCATGCTATTCAAGGACATTTTACAGCTGTGTTCAAACAATTTGTTTGGTGGAGGCG
ATGCAGAATTGCAATTA ACTGAAGCCGATTATTTAACAGCTGGTATTGATATTGTGGTAC
AACCACCGGGTAAAAAGTTGCAACATTTATCGTTACTGAGTGGTGGTGGAGCGTGCATTAA
CTGCTATTGCTTTACTATTTGCAATTTTAAAAGTAAGATCTGCACCTTTTGTATATTAGAT
GAGGTTGAAGCTGCACTAGATGAAGCAAATGTTATTAGATACGCAAAAATATTTAAATGAG
TTATCAGACGAAACACAATTCATTGTTATTACACACCGTAAAGGAACAATGGAATTTGCG
GATAGGTTATACGGTGTAACAATGCAAGAATCAGGTGTTACTAACTTGTGAGTGTGAAT
TTAAATACAATAGATGATGTGTTGAAGGAGGAGCAATAA

> **ftsY**

Function: protein coding sequence; signal recognition particle-docking protein (core genome, constant)

Best match: ftsY_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1220509:1221759] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 45220 ... 46471; Length: 1251 bp

Sequence:

ATGAGCTTTTTTAAACGCTTAAAAGATAAGTTTGGCAACAAATAAAGAAAATGAAGAAGTT
AAATCCTTAACAGAAGAACAAGGTCAAGACAAATTAGAAGATACACATTCTGAAAGTTC
AACGCAGGACGCAAATGATTTAGCAGAAAATGCTGAAGTGAAAAAGAAGCCACGCAAGT
TGAGTGAAGCGGATTTTGTGACGATGGCTTAATATCAATTGAAGATTTTGAAGAAATTG
AAGCTCAAAAAATGGGTGCTAAATTTAAAGCAGGACTCGAAAAATCTCGTCAAAAATTTCC
AAGAACAATTAATAAATTTGATAGCGAGATATCGTAAAGTAGATGAAGACTTTTTTGAAG
CTTTAGAAGAAATGTTAATCACTGCAGACGTGCGTTTTAATACAGTGATGACGTTAACTG

AAGAATTACGTATGGAAGCACAACGACGTAATATTCAAGATACTGAAGATTTGCGTGAA
GTCATTGTTGAAAAAATCGTAGAGATTTACCATCAAGAAGATGATAATTCAGAAGCTATG
AACTTAGAAGATGGTTCGTTTAAATGTCATTTTAAATGGTTGGTGTGAATGGTGTGGTAAA
ACAACAACAATTGGAAAATTAGCTTACCGATATAAAAATGGAAGGTAAAAAAGTAATGTT
AGCTGCGGGCGATACTTTTAGAGCGGGTGCTATTGATCAATTGAAAGTTTGGGGCGAACG
TGTTGGTGTAGACGTAATTAGCCAAAGTGAAGGTTCTGATCCAGCTGCTGTTATGTATGA
TGCGATTAATGCCGCTAAAAACAAAGGTGTTGATATTTTAAATCTGTGATACCGCTGGACG
TTTACAAAATAAAAACAAATCTAATGCAAGAATTAGAAAAAGTTAAGCGTGTAAATTAATCG
AGCAGTGCCAGATGCGCCTCATGAAGCATTACTATGTTTAGATGCTACAACCTGGTCAGAA
TGCGTTGTCACAAGCTAGAACTTTAAAGAAGTAACAAATGTTACAGGTATTGTATTAAC
GAAATTAGATGGTACAGCCAAAGGTGGTATCGTATTAGCCATTCGTAATGAATTGCACAT
TCCAGTTAAATATGTAGGTTTAGGTGAGCAATTAGATGACTTACAACCTTTAACCCTGA
AAGTTATGTCTACGGCTTATTCGCTGATATGATTGAACAAAATGAAGAAATAACAACAGT
TGAAAATGATCAAATTGTAACAGAAGAAAAGGACGATAATCATGGGTCAAATGA

> P67249

Function: protein coding sequence; putative transcription factor (core genome, constant)

Best match: P67249_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1221746:1222078] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 46457 ... 46790; Length: 333 bp

Sequence:

ATGGGTCAAATGATTTAGTTAAAACGTTACGAATGAATTATTTGTTTGATTTTTATCAAT
CCTTATTGACGAATAAACAACGTAATTATTTGGAATTATTTTATCTTGAAGATTATTCTTT
AAGTGAAATCGCAGATACTTTAATGTGAGTAGACAAGCAGTTTATGATAATATAAGAAG
AACTGGCGATTTAGTTGAAGATTATGAAAAGAAATTGGAATTATACCAGAAATTTGAGCA
ACGCCGAGAAATATATGATGAAATGAAACAACATTTAAGTAATCCAGAACAATACAAC
GTTATATTCAACAATTAGAAGACTTAGAATAG

> ffh

Function: protein coding sequence; signal recognition particle subunit ffh (core genome, constant)

Best match: ffh_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1222104:1223471] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 46815 ... 48183; Length: 1368 bp

Sequence:

ATGGCATTGGAAGGGTTATCAGAACGCTTGCAAGCGACGATGCAAAAAATGCGTGGTAA
GGGTAAACTTACTGAAGCTGATATAAAGATAATGATGCGTGAAGTAAGATTAGCGTTACT
TGAGGCTGACGTAAACTTTAAAGTGGTAAAAGAATTTATTA AAAACAGTATCAGAACGCGC
ATTAGGTTCCGATGTAATGCAATCATTAAACACCAGGGCAACAAGTTATTA AAAATAGTTCA
AGATGAATTAACGCAGTTGATGGGTGGAGAAAATACGTCGATTAATATGTCAAATAAAC
CACCTACTGTTGTTATGATGGTTGGTTTACAAGGTGCTGGTAAAACAACA ACTGCAGGTA
AATTAGCATTATTGATGCGTAAAAAATACAACAAAAAACCTATGTTAGTTGCAGCAGATA
TTTATCGTCCAGCAGCGATAAATCAATTACAACAGTAGGGAAACAAATTGATATTCCTG
TATACAGTGAAGGAGATCAAGTAAAGCCACAACAAATTGTA ACTAATGCATTA AACAT
GCTAAAGAAGAACATTTAGACTTTGTAATCATTGATACAGCAGGTCGATTACACATCGAT
GAAGCATTGATGAACGAATTA AAAAGAAGTAAAAGACATTGCTAAACCAAACGAAATTAT
GTTAGTTGTCGATTCAATGACGGGTCAAGATGCTGTCAATGTTGCAGAATCTTTTGACGAT
CAACTTGATGTCACAGGTGTTACCTTAACTAAATTAGATGGTGATACACGTGGTGGTGCA
GCTTTATCTATTCGTTTCGGTGACACAAAACCAATTA AATTTGTTGGTATGAGTGAAAAG
TTAGATGGTTTAGAGCTATTCCATCCTGAACGTATGGCATCACGTATTTTAGGTATGGGTG
ATGTGTTAAGTTTAATTGAAAAAGCGCAACAAGATGTGGATCAAGAAAAAGCAAAGAT
TTAGAGAAAAAGATGCGTGAGTCATCGTTTACTTTAGATGATTTTTTTAGAACAACTTGATC
AGGTGAAAAATCTAGGACCACTGGATGATATTATGAAAATGATTCCAGGTATGAATAAA
ATGAAAGGGCTAGATAAGCTTAATATGAGTGAAAAGCAAATTGATCATATTAAGCGAT
TATCCAGTCAATGACGCCGGCTGAAAGAAACAATCCAGACACATTGAATGTATCACGTAA
AAAGCGTATTGCTAAAGGGTCTGGTCGTTTATTACAAGAAGTCAATCGTTTGATGAAACA
ATTTAACGATATGAAGAAAATGATGAAACAATTC ACTGGTGGCGGTAAAGGTAAAAAAG
GTAAACGCAATCAAATGCAAAATATGTTAAAAGGTATGAATTTACCGTTTTAA

> **rpsP**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S16 (core genome, constant)

Best match: rpsP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1223906:1224181] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 48617 ... 48893; Length: 276 bp

Sequence:

```
ATGGCAGTTAAAATTCGTTTAAACACGTTTAGGTTCAAAAAGAAATCCATTCTATCGTATC
GTAGTAGCAGATGCTCGTTCTCCACGTGACGGACGTATCATCGAACAAATCGGTACTTAT
AACCCAACGAGCGCTAATGCTCCAGAAATTAAGTTGACGAAGCGTTAGCTTTAAAATGG
TTAAATGATGGTGCGAAACCAACTGATACAGTTCACAATATCTTATCAAAAAGAAGGTATT
ATGAAAAAATTTGACGAACAAAAGAAAGCTAAGTAA
```

> **rimM**

Function: protein coding sequence; 16S rRNA processing protein (core genome, constant)

Best match: rimM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1224369:1224872] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 49080 ... 49584; Length: 504 bp

Sequence:

```
ATGAGAGTTGAAGTTGGTCAAATTGTTAACACACATGGTATTAAGGTGAAATTAAGTA
AAATCCAATTCAGACTTTACAGACGTTTCGTTTTCAACCCGGTCAAGTGCTGACAGTTGTGC
ATAACAATAACGACCTTGAATATACTGTTAAGTCACATAGAGTGCATAAAGGGCTTCATA
TGCTTACATTTGAAGGTATTAATAATATTAATGATATTGAGCATTAAAAGGGAGTTCTAT
TTATCAAGAGCGTGATCATGAAGATATCGTACTTGAGGAAAATGAATTTTATTATTCAGA
TATTATAGGATGTACAGTTTTTGGATGATCAAGAAACACCAATAGGTCGTGTAATTAATAT
ATTTGAAACAGGTGCGAATGATGTGTGGGTGATTAAGGATCTAAAGAATATTTGATTCC
TTATATTGCTGATGTTGTAAGAAGTGGATGTTGAAAATAAAAAAATTATCATCACGCC
AATGGAAGGATTGTTGGATTAA
```

> **trmD**

Function: protein coding sequence; tRNA (guanine-N(1)-)-methyltransferase (core genome, constant)

Best match: trmD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1224872:1225609] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 49583 ... 50321; Length: 738 bp

Sequence:

```
ATGAAAATTGATTATTTAACTTTATTTCTGAAATGTTTGATGGTGTTTTAAATCATTCAA
TTATGAAACGTGCCCAAGAAAACAATAAATTACAAATCAATACGGTTAATTTTAGAGATT
ATGCAATTAACAAGCACAAACCAAGTAGATGATTATCCGTATGGTGGCGGACAAGGTATG
GTGTTAAAGCCTGAACCTGTTTTAATGCGATGGAAGACTTAGATGTACAGAACAACA
CGCGTTATTTAATGTGTCCACAAGGCGAGCCATTTTCACATCAGAAAGCTGTTGAATTA
AGCAAGGCCGACCACATCGTTTTTCATATGCGGACATTATGAAGGTTACGATGAACGTATC
CGAACACATCTTGTCACAGATGAAATATCAATGGGTGACTATGTTTTAACTGGTGGAGAA
TTGCCAGCGATGACCATGACTGATGCTATTGTTAGACTGATTCCAGGTGTTTTAGGTAATG
AACAGTCACATCAAGACGATTCATTTTCAGATGGGTATTAGAGTTTCCGCAATATACAC
GTCCGCGTGAATTTAAGGGTCTAACAGTTCAGATGTTTTATTGTCTGGAAATCATGCCAA
TATTGATGCATGGAGACATGAGCAAAAGTTGATCCGCACATATAATAAAAGACCTGACTT
AATTGAAAAATATCCATTAATAATGCAGATAAGCAAATATTAGAAAGATATAAAATAG
GATTGAAAAAAGGTTAG
```

> **L19**

Function: noncoding RNA ribosomal protein L leader RNA (core genome, constant)

Best match: L19_leader_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1225650:1225692] (completely identical)

Position: 030-contig_240: 50361 ... 50404; Length: 43 bp

Sequence:

```
ACTATGATCCGCTGCTATATATTTGTCGAGGCAAGAACATAGG
```

> **rplS**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L19 (core genome, constant)
Best match: rplS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1225712:1226062] (completely identical)
Position: 030-contig_240: 50423 ... 50774; Length: 351 bp

Sequence:

```
ATGACAAATCACAATTAATCGAAGCAGTAACTAAATCACAATTACGTACAGACTTACCT
AGTTTCCGTCCTGGTGATACTTTACGTGTACACGTACGTATCATTGAGGGTACTCGTGAGC
GTATCCAAGTATTCGAAGGCGTTGTAATTAACGTCGTGGCGGTGGCGTTTCTGAAACGT
TTACAGTTCGTAAAATTTTCATCAGGTGTTGGCGTGGAACGTACATTCCCATTACACACACC
AAAAATTGAAAAAATCGAAGTTAAACGTCGTGGTAAAGTACGTCGTGCTAAATTATATTA
CTTACGTAGTTTACGTGGTAAAGCTGCTAGAATCCAAGAAATTCGTAA
```

> tx_universal2

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC030_MRSA252_BX571856.1[2550413:2550453]

Position: 030-contig_240: 51013 ... 51043; Length: 30 bp

Sequence:

```
CTGAACGAAAATACGCTTGTAACAAGCTTT
```

> repeat_nySAgamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2700866:2700976]RC

Position: 031-contig_247: 6 ... 36; Length: 30 bp

Sequence:

```
TGGCGGAAAGTCAGCTTACAATAATGTGCA
```

> Q2FZB6

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]

Position: 031-contig_247: 12 ... 42; Length: 30 bp

Sequence:

```
AAAGTCAGCTTACAATAATGTGCAAGTTGG
```

> yfhO

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: yfhO_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[160663:163269]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 115 ... 2722; Length: 2607 bp

Sequence:

```
TTATTTTTGTCTTGCCCATCTCGTGAAAATAATACTACATATAATGCCAAATATAGTAATT
GTTATAAGTAAATAATAGTATGGTGGGGCATAGCTCAATTGAATCTTTGTTATATTTTTAG
GTGCTTTAATGCCGTCATAACACCACTTACTTGTTCAACTTTAAGACTTTGATCACCTGA
TGTCGCTTTCATACCTTGATTATATGCTGTTGGCAAACAATATACCCAGATGAATTTTA
TTTTTAGTAATAGTATAACCTTGCTTTGTCTTACTAACTTTGACAGCCTCTAATGAATTTGA
AGCGTCTTTAAGCGTGGTATAATCTTCGCCGTATATCCCTTTTAAATTTACACGATACTTA
CCTTAGGCAATGATAATCTAATCCTATCTGAAGCTTTAATGCGTATTGTTACGGGTGTTA
CAAAGCGTCGATATTTATAAGTGAGTTTATTTCTTTCTTGTGTATATTCATTCACTTTAACA
TCATGAGCTTTATCCGGCGAAAGTAATTCTAAATCCATTTCAAATAACAAATCTTTAAATT
GATTAGAACTGATTTTGGCAACTGTACAGTTAGACCACCATTATTTGTTAACTTGTAA
TAAATGTTTTGTAGGAGATTGCCAGGCTGCACTATTTAATTTAATTGTTGAATCTGATAGT
AAATTTTTATTGGCTTTAAAATGTGTATTAACATCTTTAGTCTTGTTAGAAAACAATCCCTT
GCAACATTGCTTGTCTTTATCTAATGGAGATTTTAAATCTTTATTGGAAAAGACCTTATTT
GTAATATGTGCACTTGGATAATGGATGGTATTTTTAGAATGAATCCAACGAACTTTATTGT
CTTTGTGTTACAGACTTAATTTTAAATCCATATGGTAAGTTGTCATCATGATTCACTCTAATT
CGATCATTAACATTTCAAAGTGATAGTAAATTTTGACGATTGCCAAGTAATCTATAAGTG
CTGTTTTTATCGATTGGCATATTAATTTGGAGTGTCTTGTGCATAATATTTTAAATATGTCTCC
ATTA AAAATACTAGAATATAATGAAATGCCATTATAATGATATATAAATGGTGAATTTAA
```

TGCATAGTCTGACATATAATCAATGCGATTAATGGACCAGTTGCATTTTGATTTATCTTT
TTTATAAGCTGGTTTACATAGTTACTATGGTAATCGTGTTGTTTCAACGTTGATAATGATT
GTTGATAAGGTTTGATTGCCATATTTTTATTGTTATCTAAAATGACGATTTGTTGAATCAT
AACGATTAATACTAATATTGCAACGGTTAATTTTTTATAACGCCATAAACTAAATTTTAA
ATAACGGCAAGCACCATTAGCAGGATAATACCTACTATAAGTGCAAGTGGGTGTGTTCGGT
GATAGTAATACATAAAGTAATGCGATGATGCTTACTGGTATTGTTCTGATTAATAATATT
TCATATTTAATGTTGATAAATGTTGAATAAACAATCCGCAAAGAGCGCTTGATGATAGTG
CTAAGATATACACCCAACGCCTTTCTGGAAATGAAAAACCATTAAAAGCACTGTCGAAAT
ACTGTGATAATGAACCAATAAATAAATAACCATGTTACTATTGCGAAAAGTCTATAAAAGT
AAAAACGATACAGTTTGAATGACAATAATGCAACGATAGTAAGAATTGAAATCGTAATA
TAAAATCCATCGCTAAAGAAAAAATAATGGTAATCAAGTGGTGTCAAAAACGGTATATC
AACATTGGGATTTTGTCTTTCTGTCATTTTCCAAAACGCAGAAATGCCAGTGAATAAACC
AAATACACTTGATAACACACTCAAACTGTAGCAGATATGACGCAAATTAATTTTTGTGT
TCTAGAGACAATGTCATATTTGTAAGTGAATAAATGAGTCGATATAAATAGTAGCAACCTAT
ATAATAGCTTGATAATAACTGAAATAAAAATTGCTAAATAGTGTTAAGGCTATCGCAAC
AATGAAAATACCGATTTTGCCTTGTGAAAATATCTTTCCAAACCAAGAATCGATAATGG
TAATAAATATAATAAACTTCCATAAAAATGACCAAGTAAATTAAGTATATAACGACAGT
TGACATGCCGTATAAAATCGTAGCGATCATATTTGTTGAGCGTTTAAAGTGTAAATTTTTA
AATAAGTAGAAGGTCACGACAAATGTTATGATAGCTCTTATCATGGCCATAATAAGTTGG
TTTGTTCGGCCAAAATGTATTGTTGTTCGGATTAATATAACCAACCGTTTCTCCTATTTTAA
TGAATAGAAAATTTAGCCACATTAAGGTGACAGCGAATAATAATATGATAGTCCTTTCA
TATAATCGCCACCTAATCCAAACGATGCATCATATAAACTAGAAAACTACTTAAATGTT
CATACAAATACATTTGAAATGGCATCATTTGACGGAATCCATCTCCAGCCCCACTAAAA
CAGTACCATTCACAATATAATCATAGATATGAGTAGAAAATAAAAATAAGCGTTAATATTA
CACTAATGAAAGTTATAACAAAGAATTGTTTGACGTTTGAATTTAGCCACTTTTTTAAACAC

> **rbgA**

Function: protein coding sequence; putative GTP-binding protein (core genome, constant)

Best match: rbgA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1229652:1230536] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 3122 ... 4007; Length: 885 bp

Sequence:

ATGGTTATTCAATGGTATCCAGGACATATGGCGAAAGCCAAAAGAGAAGTAAGTGAACA
ATTAAAAAAAGTAGATGTAGTGTTTGAACTAGTAGATGCAAGAATTCCATATAGTTCAAG
AAACCCTATGATAGATGAAGTTATTAACCAAAAACCACGTGTTGTTATATTAATAAAAA
AGATATGTCTAATTTAAATGAGATGTCAAAATGGGAACAATTTTTTATTGATAAAGGATA
CTATCCTGTATCGGTGGATGCTAAGCACGGTAAAAATTTAAAGAAAGTGGAAAGCTGCAGC
AATTAAGCGACTGCTGAAAAATTTGAACGTGAAAAAGCAAAGGGACTTAAGCCAAGAG
CGATTAGAGCGATGATTGTTGGAATTCCAAATGTTGGTAAATCCACATTAATAAATAAAC
TGGCAAAGCGTAGTATTGCGCAGACTGGTAATAAACCAGGTGTGACCAAACAACAACAA
TGGATTAAGTTGGTAATGCATTACAACCTATTAGACACACCAGGGATACTTTGGCCTAAA
TTTGAAGATGAAGAAGTCGGTAAGAAGTTGAGTTTAAACAGGCGCGATTAAAGATAGCAT
TGTGCACTTAGATGAAGTAGCTATATATGGATTGAACTTTTTAATTCAACATGATTTAGCG
CGATTAAAGTCACATTATAATATTGAAGTTCCTGAAGATGCAGAAATCATAGCGTGGTTT
GATGCGATAGGGAAAAAACGTGGCTTAATTCGACGTGGTAATGAAATTGATTACGAAGC
AGTCATTGAACTGATTATTTATGATATTCGAAATGCTAAAATAGGAAATATTGTTTTGAT
ATTTTTAAAGATATGACTGAGGAATTAGCAAATGACGCTAACAATTA

> **rnhB**

Function: protein coding sequence; ribonuclease HII (core genome, constant)

Best match: rnhB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1230520:1231287] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 3990 ... 4758; Length: 768 bp

Sequence:

ATGACGCTAACAAATTAAGAAGTTAAGCAGTTGATTAATGCGGTTAATACAATAGAAGA
ATTAGAAAATCATGAATGCTTTTTAGATGAGCGAAAAGGTGTTCAAAATGCCATAGCTAG
GCGCAGAAAAGCGTTAGAAAAGAACAAGCTTTAAAAGAAAAGTATGTTGAAATGACTT

ACTTTGAAAATGAAATATTTAAAAGAGCATCCTAATGCAATTATTTGTGGTATTGATGAAG
TTGGAAGAGGACCTTTAGCAGGTCCAGTCGTTGCATGCGCAACAATTTTAAATTCAAATC
ACAATTATTTGGGCCTTGATGACTCGAAAAAGTACCTGTTACGAAACGTCTAGAATTA
ATGAAGCACTAAAAAATGAAGTTACTGCTTTTGCATATGGTATCGCGACAGCTGAAGAAA
TAGATGAATTTAATATTTATAAAGCTACTCAAATCGCCATGCAGCGAGCTATTGATGGAT
TATCAGTACAACCAACGCATTTATTGATAGACGCGATGACGCTTGATAATGCACTGCCTC
AAGTATCTTTAATCAAGGGTGTATGCAAGAAGTGTATCTATTGCAGCGGCAAGTATCATGG
CAAAGGTTTTTCGTGATGATTATATGACACAGTTATCTAAAGATTATCCTGAATATGGTTT
TGAAAAAACCGCGGGTTACGGTACCAAACAACATTTACTAGCAATCGATGATATTGGCAT
TATGAAAGAGCATAGAAAAAGCTTTGAACCTATAAAAATCGTTACTGTAA

> **sucC**

Function: protein coding sequence; succinyl-CoA synthetase subunit beta (core genome, constant)

Best match: sucC_CC001_MSSA476_BX571857.1[1259891:1261057] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 4866 ... 6033; Length: 1167 bp

Sequence:

ATGAATATCCACGAGTATCAAGGTAAAGAAATATTTTCGTTCAATGGGCGTTGCAGTTCCA
GAAGGACGAGTAGCATTACTGCTGAAGAAGCGGTGGAGAAAGCAAAGAATTAATTC
TGATGTTTATGTTGTAAGCACAAATTCATGCTGGAGGTAGAGGTAAAGCAGGCGGAGT
AAAAATTGCTAAATCTTTATCTGAGGTAGAAACATATGCAAAAAGAATTATTAGGGAAAC
TTTGGTGACACATCAAACCTGGTCCAGAAGGTAAAGAAATTAAGCGTTTATATATCGAAGA
AGGTTGTGCTATTCAAAAAGAATATTACGTTGGATTTCGTTATTGATCGTGCGACTGACCA
AGTAACATTGATGGCGTCTGAAGAAGGGGGCCTGAGATTGAAGAAGTTGCTGCGAAGA
CTCCTGAAAAGATCTTCAAAGAACTATCGATCCAGTAATCGGACTTTCACCATTCCAAG
CAAGACGAATTGCGTTTAAATATTAATATTCCTAAAGAATCTGTAAACAAAGCAGCTAAAT
TCTTATTAGCACTTTATAATGTATTCATTGAAAAAGATTGTTCAATCGTAGAAATCAACCC
ATTAGTTACAACAGCTGATGGTGATGTATTGGCATTAGATGCTAAAATTAATTTTGATGAT
AATGCATTATTCAGACATAAAGATGTTGTAGAATTACGTGATTTAGAAGAAGAAGATCCG
AAAGAGATTGAAGCGTCTAAACATGATTTATCATAACATTGCATTAGATGGTGACATCGGA
TGTATGGTTAATGGTGCAGGTTTAGCCATGGCAACAATGGATACGATTAATCATTTCGGT
GGAAACCCAGCCAATTTCTTAGATGCAGGCGGAAGCGCTACTAGAGAAAAAGTAACTGA
AGCATTAAAATCATTTTAGGTGATGAAAATGTTAAAGGTATTTTTGTAACATTTTCGGT
GGCATTATGAAATGTGATGTTATCGCAGAAGGTATCGTTGAAGCTGTAAAAGAAGTAGAT
TTAACTTTACCACTAGTTGTACGCTTAGAAGGTACAAATGTTGAGTTAGGTAAAAAAATC
TTAAAAGACTCAGGATTAGCAATTGAACCAGCAGCAACAATGGCTGAAGGTGCACAAAA
AATTGTTAACTAGTCAAAGAAGCATAA

> **sucD**

Function: protein coding sequence; succinyl-CoA synthetase subunit alpha (core genome, constant)

Best match: sucD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1232584:1233492] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 6054 ... 6963; Length: 909 bp

Sequence:

ATGAGTGTATTTATAGATAAGAATACTAAAGTAATGGTACAAGGTATTACAGGGTCTACT
GCCTTTTCCATACAAAACAAATGCTTGATTATGGTACGAAAATAGTAGCAGGTGTGACC
CCTGGTAAAGGTGGTCAAGTTGTTGAAGGCGTTCCTGTTTTCAACACTGTTGAAGAAGCT
AAAATGAAACCGGGGCAACGGTTTCAGTCATTTACGTTCCAGCACCATTTGCTGCAGAC
TCAATTTTAGAAGCAGCTGATGCAGACTTAGATATGGTTATTTGTATCACTGAACATATTC
CTGTATTAGACATGGTTAAAGTTAAACGCTACTTACAAGGTAGAAAAACACGTTTAGTTG
GTCCAAACTGTCCAGGTGTGATTACAGCAGATGAATGTAAAATTGGTATTATGCCTGGCT
ATATTCACAAAAAAGGTCATGTTGGTGTAGTATCTCGTTCAGGTACATTAACATATGAAG
CAGTGCACCAATTGACTGAAGAAGGTATTGGTCAAACACTACAGCTGTTGGTATTGGTGGAG
ACCCAGTCAACGGAACAAACTTTATTGATGTTTTAAAAGCATTCAATGAAGATGACGAAA
CGAAAGCAGTTGTTATGATTGGTGAAATCGGTGGTACGGCTGAAGAAGAAGCAGCTGAA
TGGATTAAGCGAATATGACAAAACAGTTGTAGGCTTTATCGGTGGACAAACAGCACCT
CCTGGAAAACGTATGGGACATGCTGGTGCAATCATTTACAGGTGGTAAAGGTACTGCTGAA

GAGAAAATTTAAAACATTAATAGTTGTGGTGTGAAAACAGCGGCAACACCTTCAGAAAT
TGGTTCAACATTAATTGAAGCTGCTAAAGAAGCAGGTATTTATGAAGCATTATTAAGTGT
TAATAAATAA

> **lytN**

Function: protein coding sequence; cell-wall hydrolase (genomic island)

Best match: lytN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1233686:1234837] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 7156 ... 8308; Length: 1152 bp

Sequence:

ATGTTTGTATATTATTGTAAGGAGTGTTCATCATGAATAAACAACAAAGTAAAGTACGC
TATTCAATTAGAAAAGTTAGTATTGGAATTTTGTCAATTTCAATAGGTATGTTTTTGGCAT
TGGGTATGTGCAACAAAGCATATGCAGATGAAATTGATAAATCTAAAGATTTTACAAGAG
GGTATGAGCAAATGTATTCGCGAAATCAGAGTTAAATGCTAATAAAAATACGACAAAA
GACAAAATAAAAAATGAAGGTGCTGTTAAAACATCGGACACAAGTTTAAAGTTAGACAA
CAAATCAGCAATTTCAAACGGAAATGAAATTAATCAAGATATAAAGATTTCAAATACTCC
GAAAACTCAAGCCAAGGTAACAATCTAGTTATTAATAACAATGAACCTACTAAAGAAA
TTAAAATTGCAAATTTGGAAGCTCAAAATTTCTAATCAGAAGAAAACGAATAAAGTTACTA
ATAATTACTTTGGTTACTACAGTTTTAGAGAAGCTCCAAAAACACAAATCTATACTGTAA
AAAAAGGAGACACACTTAGTGCTATAGCATTAAAATACAAAACTACAGTTTCAAATATTC
AAAATACAAATAATATAGCAAATCCTAATTTAATATTTATTGGTCAAAAATTTAAAGTGC
CAATGACACCATTAGTAGAACCAAAACCAAAAACAGTGTCTTCAAATAATAAAGTAAT
AGTAATAGCAGTACATTAATTTGAAAACATTAGAGAATAGAGGATGGGATTTTCGAC
GGTAGTTATGGATGGCAATGTTTCGATTTAGTTAATGTATATTGGAATCATCTTTATGGTC
ATGGATTA AAAAGGATATGGAGCTAAAGATATACCATATGCAAATAATTTAATAGTGAAG
CTAAAATTTATCACAACACACCAACTTTCAAAGCTGAACCTGGGGACTTAGTGGTTTTTA
GTGGAAGATTTGGTGGAGGATATGGTCATACAGCTATTGTCTTAAATGGTGGATTATGATG
GAAAATTAATGAAGTTCCAAAGTTTAGATCAAACTGGAATAATGGTGGATGGCGTAAA
GCAGAGGTTGCACATAAAGTTGTTTATAAATTATGAAAATGATATGATTTTTATTAGACCA
TTTAAAAAAGCATAA

> **fmhC**

Function: protein coding sequence; endopeptidase resistance gene (genomic island)

Best match: fmhC_CC008_TCH1516_CP000730.1[1264248:1265492] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 8335 ... 9580; Length: 1245 bp

Sequence:

ATGAAATTTTCAACTTTAAGTGAAGAAGAATTTACCAACTACACCAAAAAGCACTTCAA
CATTATACACAGTCTATAGAATTATATAAATTATAGAAATAAAAATAAATCATGAAGCACAT
ATTGTGGGAGTGAAGAATGATAAAAATGAAGTTATAGCTGCATGTTTATTAACAGAGGCA
CGAATTTTTAAATTTCTACAAATATTTCTACTCTCATAGAGGTCCTTTACTTGATTATTT
TGCTAAATTAGTTTGTACTTTTTTAAAGAATTATCTAAATTCATTTATAAAAATAGAGGA
GTATTTATTCTTGTGATCCATATTTAATAGAGAATTTAAGAGATGCAAATGGTAGGATA
ATAAAGAATTATAATAATTCAGTGATAGTAAAGATGCTAGGGAAAATTTGGGTATCTCCAT
CAAGGTTATACAACAGGATATTCAAATAAAAAGTCAAATTAGGTGGATTTCTGTATTGGAT
TTAAAAGATAAAGATGAGAATCAACTTTTTAAAAGAAATGGAATACCAAACTAGAAGAAA
TATAAAAAGACTATTGAGATTGGTGTTAAGGTTGAAGATTTATCTATTGAAGAAACAAA
TCGATTTTATAAATTGTTTCAAATGGCTGAAGAAAACATGGTTTTTCATTTTCATGAATGAA
GATTATTTTAAACGAATGCAAGAAATATATAAAGATAAAGCAATGTTAAAGATAGCTTGT
ATAAATCTTAATGAATATCAAGATAAATTTAAAATACAATTATTGAAAATCGAAAATGAA
ATGATGACTGTGAACAGAGCATTAAATGAAAATCCAAATTTCTAAAAAAAATAAATCAA
ATTAATCAGTTAAATATGCAATTATCTAGTATTAATAATAGAATTAGTAAAACCGAAGA
ACTAATATTTGAAGATGGACCTGTTTTGGATTTAGCTGCTGCTTTATTTATATGTACTGAT
GATGAAGTTTATTATCTATCAAGTGGATCAAATCCGAAATATAATCAGTATATGGGTGCA
TATCATCTACAATGGCATATGATAAAAATATGCAAATCACATAATTAATAGGTATAAT
TTTTATGGAATAACAGGCGTCTTTAGTAATGAGGCGGATGATTTTGGTGTTCACAATTTA

AAAAGGGTTTTAATGCACATGTTGAAGAATTAATTGGTGATTCATCAAACCAGTAAGAC
CAATTCTATATAAATTTGCAAACCTTATTTATAAGGTTTAA

> **dprA**

Function: protein coding sequence; putative DNA processing protein/chain A (core genome, variable)

Best match: dprA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1236282:1237154] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 9752 ... 10625; Length: 873 bp

Sequence:

TTGATTAAACTATTTTTGCTTAAGTTATACTGGGCACACTTTTCGACTAAACAAATTCATC
AATTTTTAATGGCATATCCTAATGTAATTAAGAGGAGGGAAGAAAAAAGATAGTTATT
TATGTGAATGGGTGAATAGGGAAGAAAATGTTCAATTTATTACGTAATACTATGCTTTTA
TAAACTTGATCATAACGATATTATTAAGAAGACTGCAGAAATTAAGTAAGTTACATTA
CATATATGGATTCTGAATACCCAGTGCTATTAAGAAATATATCAATTTCCATTACTTCT
TTTCTATAAAGGGAACATCAAATTAATAAATAATATGCATCATTGGCAGTAGTAGGTGC
AAGAGATTCTACAAGTTATACCCAACAGTCTTTAGAATTTTTATTATCAAATGATAAAG
CAAATATTTAACAATTGTTTCCGGCCTTGCTCAAGGAGCTGATGCAATGGCACATCAAAT
AGCTTTAAAATAACAATCTCCCTACAATTGCAGTTTTAGCCTTTGGCCATCAAACACATTAT
CCCAAAGTACATTAGCATTAAAGAAATAAAATAGAAGAAAAAGGTTTAGTTATATCCGA
ATATCCACCACATACCCAATTGCTAAATATAGATTTCTGAGCGCAATAGAATTATCAG
CGGTTTGTCAAAGGGGTTTTAATTACTGAGGCTAAGGAACAAAGTGGCAGTCACATCAC
GATAGATTTTGCATTAGAGCAAATAGAAATGTTTATGTTTTACCTGGATCTATGTTTAAAT
CCTATGACAAAAGGTAATTTATTACGTATCCAAGAAGGTGCTAAGGTAGTATTAACGCT
AATGATATATTTGAAGACTACTATATTTAA

> **topA**

Function: protein coding sequence; DNA topoisomerase 1 (core genome, constant)

Best match: topA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1237334:1239403]

Position: 031-contig_247: 10804 ... 12874; Length: 2070 bp

Sequence:

TTGGCAGATAATTTAGTCATTGTTGAATCGCCTGCAAAAGCAAAAACCATTGAAAAGTAT
TTAGGTAAGAAATATAAAGTTATAGCTTCAATGGGACACGTCAGAGACTTACCAAGAAGT
CAAATGGGTGTCGACACTGAAGATAATTACGAACCAAAATATATAACAATACGCGGAAA
AGGTTCTGTTGTAAGAATTGAAAAACATGCAAAAAAGCGAAAAACGCTTTTCTCG
CAAGTGACCCCGACCGTGAAGGTGAAGCAATTGCTTGGCATTATCAAAAATTTAGAGC
TTGAAGATTCTAAAGAAAATCGCGTTGTTTTCAACGAAATAACTAAAGACGCTGTTAAAG
AAAGTTTTAAAATCCTAGAGAAATTGAAATGAACTTAGTCGATGCACAACAAGCGCGTC
GAATATTAGATAGATTGGTTGGCTATAACATCTCGCCAGTTCTATGGAAAAAGTAAAAA
AAGGTTTGTGAGCGGGTCGAGTTCAATCTGTTGCACTTCGTTTAGTCATTGACCGTGAAAA
TGAAATTCGAAACTTTAAACCAGAAGAATATTGGACTATTGAAGGAGAATTTAGATACAA
AAAATCAAAATTCATGCTAAATTCCTTCATTATAAAAATAAACCTTTTAAATTA AAAAC
GAAAAAAGATGTTGAGAAAATTACAGCTGCACTAGATGGAGATCAATTCGAAATTACAA
ACGTGACTAAAAAAGAAAAACGCGTAATCCAGCAAACCCATTTACAACTTCTACATTAC
ACAAGAGGCGGCACGTAAATTAACCTTTAAAGCAAGAAAAACAATGATGGTTCGCACAA
CAATTATATGAAGGTATAGATTTGAAAAACAAGGTACGATTGGTTAATAACATATATG
AGAACCGATTCTACACGATTTTCAGATACTGCCAAAGCTGAAGCAAAACAGTATATAACT
GATAAATACGGTGAATCTTACACTTCTAAACGTAAAGCATCAGGGAAACAAGGTGACCA
AGATGCCCATGAGGCTATTAGACCTTCAAGTACTATGCGTACGCCAGATGATATGAAGTC
ATTTTTGACGAAAGACCAATACCGATTATACAAATTAATTTGGGAACGATTTGTTGCTAG
TCAAATGGCTCCAGCAATACTTGATACAGTCTCATTAGACATAACACAAGGTGACATTAA
ATTTAGAGCGAATGGTCAAACAATCAAGTTTAAAGGATTTATGACACTTTATGTAGAAAC
TAAAGATGATAGTGATAGCGAAAAGGAAAATAAACTGCCTAAATTAGAGCAAGGTGATA
AAGTCACAGCAACTCAAATTGAACCAGCTCAACACTATACACAACCACCTCCAAGATATA
CTGAGGCGAGATTAGTAAAAACACTAGAAGAATTGAAAATTGGGCGACCATCAACTTAT
GCACCGACAATAGATACGATTCAAAGCGTAACTATGTCAAATTAGAAAGTAAGCGTTTT
GTTCTACTGAGTTGGGAGAAATAGTTCATGAACAAGTGAAAGAATACTTCCCAGAGATT

ATTGATGTGGAATTCACAGTGAATATGGAAACGTTACTTGATAAGATTGCAGAAGGCGAC
ATTACATGGAGAAAAGTAATCGACGGTTTCTTTAGTAGCTTTAAACAAGATGTTGAACGT
GCTGAAGAAGAGATGGAAAAGATTGAAATCAAAGATGAGCCAGCCGGTGAAGACTGTGA
AGTTTGTGGTTCTCCTATGGTTATAAAAATGGGACGCTATGGTAAGTTCATGGCTTGCTCA
AACTTCCCGGATTGTCGTAATACAAAAGCGATAGTTAAGTCTATTGGTGTAAATGTCCA
AAATGTAATGATGGTGACGTCGTAGAAAAGAAAATCTAAAAAGAATCGTGTCTTTTATGGA
TGTTTCGAAATATCCTGAATGCGACTTTATCTCTTGGGATAAGCCGATTGGAAGAGATTGT
CCAAAATGTAACCAATATCTTGTGAAAATAAAAAAGGCAAGACAACACAAGTAATATG
TTCAAATTGCGATTATAAAGAGGCAGCGCAGAAATAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 12319 ... 12328; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **gid**

Function: protein coding sequence; tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme (core genome, constant)

Best match: gid_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1239559:1240866] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 13029 ... 14337; Length: 1308 bp

Sequence:

ATGACTCAAACGTAAATGTAATAGGTGCTGGTCTTGCCGGTTCAGAAGCGGCATATCAA
TTAGCTGAAAGAGGAATTAAGTTAATCTAATAGAGATGAGACCTGTTAAACAAACACC
AGCGCACCATACTGATAAATTTGCGGAACTTGTATGTTCCAATTCATTACGAGGAAATGC
TTTAACTAATGGTGTGGGTGTTTTAAAAGAAGAAATGAGAAGATTGAATTCTATAATTAT
TGAAGCGGCTGATAAGGCACGAGTTCAGCTGGTGGTGCATTAGCAGTTGATAGACACG
ATTTTTCAGGTTATATTACTGAAACACTTAAAAATCATGAAAATATCACAGTTATTAATGA
AGAAATTAATGCCATTCCAGATGGATACACAATTATCGCAACAGGACCACTTACTACAGA
AACCCCTGCGCAAGAAATAGTGGACATTACTGGTAAAGATCAACTTTATTTCTATGATGC
GGCTGCTCCAATTATTGAAAAAGAATCTATTGATATGGATAAAGTTTACTTAAAGTCCCG
TTATGATAAAGGTGAAGCTGCATATTTAACTGTCCTATGACTGAGGATGAATTTAATCG
CTTTTATGATGCAGTATTAGAAGCTGAAGTTGCGCCTGTAAATTCATTTGAAAAAGAAAA
ATATTTTCGAGGGTTGTATGCCTTTTGAAGTAATGGCAGAACGCGGACGCAAGACATTACT
ATTTGGACCAATGAAACCAGTAGGATTAGAAGATCCAAAGACTGGGAAACGTCCTTATG
CAGTGGTTCAATTAAGACAAGATGATGCTGCTGGCACACTCTACAATATTGTCGGCTTCC
AAACGCATTTAAAATGGGGAGCTCAAAAAGAAGTTATTAATTAATTCAGGTTTAGAAA
ATGTTGATATTGTTAGATATGGTGTGATGCATAGAAATACCTTCATTAACCTCACCGGACGT
ATTAACGAGAAATATGAATTGATTTACAACCAACATACAGTTTGCGGGACAAATGAC
TGGTGTGAAAGTTATGTAGAAAGCGCAGCTAGCGGCTTAGTTGCAGGTATCAATCTTGC
GCATAAAATATTAGGCAAAGGTGAGGTAGTATTTCTAGAGAAACGATGATTGGAAGTA
TGGCTTACTATATTTCTCATGCTAAAAATAATAAGAATTTCCAACCTATGAATGCTAACTT
CGGGTTATTACCATCTTTAGAACTAGAATTAAGATAAAAAAGAACGCTATGAAGCAC
AAGCTAATAGAGCTTTGGATTACTTAGAAAATTTCAAAAAACTTTATAA

> **xerC**

Function: protein coding sequence; site-specific recombinase C (core genome, constant)

Best match: xerC_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1176773:1177669] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 14753 ... 15650; Length: 897 bp

Sequence:

TTGAATCATATTCAAGATGCGTTTTTAAATACATTGAAAGTTGAACGGAATTTTTCGGAAC
ACACATTGAAATCATATCAAGATGACTTAATTCAGTTAATCAATTTTTAGAACAAAGAAC
ATTTAGAGTTGAATACTTTTGAATACAGAGATGCTAGAAATATTTGAGCTATTTATATTC
AAATCATTTGAAAAGAACATCTGTTTCTCGTAAAATCTCAACGTTAAGAAGTTTCTATGA

ATATTGGATGACGCTTGATGAGAACATTATTAATCCATTTGTTCAATTAGTACATCCGAAA
AAAGAAAAATATCTTCCGCAATTCTTTTACGAAGAAGAAATGGAAGCGTTATTCAAACCT
GTAGAAGAGGACACTTCAAAAAATTTACGGGATCGAGTTATTCTTGAATTGTTGTATGCT
ACAGGCATCCGTGTTTCGGAATTAGTAAATATTAACCAAGATATAGATTTTTACGCG
AATGGTGTTACCGTATTAGGAAAAGGGAGCAAAGAGCGCTTTGTACCGTTTGGTGCTTAT
TGTAGACAAAGCATCGAAAATTATTTAGAACATTTCAAACCAATTCAGTCATGCAATCAT
GATTTTCTTATTGTAAATATGAAGGGTGAAGCAATCACTGAACGCGGTGTACGATATGTT
TTAAATGATATTGTTAAACGAACAGCAGGCGTAAGTGAGATTCATCCCCACAAGCTCAGA
CATACATTTGCAACGCATTTATTGAATCAAGGTGCAGACCTAAGAACAGTACAATCGTTA
TTAGGTCATGTTAATTTGTCAACAACCTGGTAAATATACACACGTATCTAACCAACAATTA
AGAAAAGTGTATCTAAATGCACATCCTCGAGCGAAAAAGGAGAATGAAACATGA

> hslV

Function: protein coding sequence; heat shock protein/ATP-dependent protease (core genome, constant)

Best match: hslV_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1242176:1242721] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 15646 ... 16192; Length: 546 bp

Sequence:

ATGAGTAATACAACATTACATGCAACAACAATTTATGCTGTAAGACATAATGGGAAAGC
AGCTATGGCTGGAGATGGGCAAGTAACGCTTGGTCAACAAGTCATCATGAAACAAACGG
CAAGAAAAGTGCACGTTTATATGAAGGTAAAGTGTTAGCTGGTTTCGCAGGTAGTGTAG
CAGATGCGTTTACGTTATTTGAAAAATTCGAAACAAAATTACAACAGTTTAGTGGTAACT
TAGAAAGAGCTGCTGTTGAATTGGCACAAGAATGGCGAGGCGATAAACAATTACGTCAA
TTAGAAGCTATGCTAATTGTAATGGATAAAGATGCTATTTTAGTTGTCAGTGGAACCTGGC
GAAGTTATTGCCCCAGATGATGACCTTATCGCTATTGGATCAGGAGGCAACTACGCATTA
AGCGCAGGACGTGCATTGAAACGCCATGCATCGCATTGTCTGCTGAAGAAATGGCATAT
GAGAGCTTGAAAGTAGCGGCTGATATTTGTGTCTTTACCAACGATAATATTGTTGTTGAA
ACACTATAA

> hslU

Function: protein coding sequence; heat shock protein/ATPase subunit (core genome, constant)

Best match: hslU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1242787:1244190]

Position: 031-contig_247: 16257 ... 17661; Length: 1404 bp

Sequence:

ATGGATACAGCTGGAATAAGATTAACCTCCAAAAGAAATCGTATCTAAATTAATGAATAC
ATCGTTGGACAAAATGATGCTAAACGTAAAGTGCCAATTGCCTTACGTAATCGATACAGA
AGAAGTTTATTAGATGAGGAATCAAAGCAAGAAATTTACCTAAAAATATTTTGATGATT
GGACCAACTGGCGTTGGTAAAACCTGAAATTGCAAGAAGAATGGCCAAAGTTGTCGGCGC
GCCATTTATAAAAAGTAGAAGCTACTAAATTTACTGAGGTAGGTTATGTAGGACGAGATGT
TGAAAGTATGGTTAGAGATCTTGTGATGTTTCAGTAAGATTAGTCAAGGCACAGAAAAA
ATCATTGGTACAAGATGAAGCAACAGCTAAGGCCAATGAAAAACTTGTTAAGTTATTAGT
TCCAAGTATGAAAAAGAAAGCGTCTCAAACGAATAATCCTTTAGAGTCACTTTTCGGAGG
TGCAATTCCAAATTTTCGGACAAAATAACGAAGATGAAGAAGAACCACCTACTGAGGAAA
TTAAAACAAAACGTTCTGAAATTAAGAGACAGCTAGAAGAAGGCCAAACTTGAAAAAGAA
AAGGTAAGAATTAAGTCGAACAAGATCCTGGTGCTTTAGGTATGCTAGGTACAAATCAA
AATCAGCAAATGCAAGAGATGATGAATCAATTAATGCCTAAAAAGAAAGTTGAGCGAGA
AGTTGCTGTTGAGACGGCAAGGAAAATCTTAGCTGATAGTTATGCGGATGAACTAATTGA
TCAAGAAAGCGCTAACCAAGAAGCGCTTGAATTAGCAGAACAAATGGGTATCATCTTTAT
AGATGAAATCGACAAAGTTGCGACGAATAATCATAATAGTGGTCAAGATGTCTCAAGAC
AAGGTGTTCAAAGAGATATTTTACCTATACTTGAAGGTAGCGTTATTCAAACCAATATG
GTACTGTGAATACTGAACATATGCTGTTTATAGGTGCTGGAGCTTTCATGTATCTAAGCC
GAGTGACTTGATACCAGAATTGCAAGGTCGTTTTCCGATTAGAGTTGAACTTGATAGTTT
ATCGGTAGAAGATTTTGTAAAGAAATTTTGACAGAACCAAAATTTGTCATTAATTAACAATA
TGAAGCATTGCTTCAAACAGAAGAAGTTACTGTAAACTTTACCGATGAAGCAATTACTCG
CTTAGCTGAGATTGCTTATCAAGTAAATCAAGATACAGACAACATTGGTGCACGTCGACT

TCATACAATTTTAGAAAAGATGCTAGAAGATTTATCATTTCGAAGCACCAAGTATGCCGAA
TGCAGTTGTAGATATTACCCACAATATGTTGATGATAAATTAATAATCAATTTCAACAAA
TAAAGATTTAAGTGCATTTATTCTATAA

> **codY**

Function: protein coding sequence; GTP-sensing transcript pleiotropic repressor (core genome, constant)

Best match: codY_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1179705:1180478] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 17685 ... 18459; Length: 774 bp

Sequence:

ATGAGCTTATTATCTAAAACGAGAGAGTTAAACACGTTACTTCAAAAACACAAAGGTATT
GCGGTTGATTTTAAAGATGTAGCACAAACGATTAGTAGCGTAACTGTAACAAATGTATTT
ATTGTATCGCGTCGAGGTAATAATTTTAGGATCGAGTCTAAATGAATTATTAATAAGTCAA
AGAATTATTCAAATGTTGGAAGAAAGACATATTCCAAGTGAATATACAGAACGATTAATG
GAAGTTAAACAAACAGAATCAAATATTGATATCGACAATGTATTAACAGTATTCCCACCT
GAAAACAGAGAATTATTCATAGATAGTCGTACAACCTATCTTCCAATTTTAGGTGGAGGG
GAAAGATTAGGTACATTAGTACTTGGTCGAGTACATGATGATTTTAATGAAAATGATTTG
GTACTAGGTGAATATGCTGCTACAGTTATTGGTATGGAAATCTTACGTGAGAAGCATAGT
GAAGTAGAAAAAGAAGCGCGGATAAAGCTGCTATTACAATGGCAATTAATTCATTATCT
TATTCTGAAAAAGAAGCGATTGAACATATCTTTGAAGAACTTGGCGGTACGGAAGGCCTA
TTAATCGCATCAAAAGTTGCAGATAGAGTTGGTATTACTAGATCTGTAATTGTAAATGCA
CTACGTAAATTAGAAAGTGCTGGTGAATTGAATCACGTTCTTTAGGAATGAAAGGTACT
TTCATTAAGTTAAAAAGAAAAATTCTTAGATGAATTAGAAAAAGTAAATAA

> **rpsB**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S2 (core genome, constant)

Best match: rpsB_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1245330:1246097] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 18800 ... 19568; Length: 768 bp

Sequence:

ATGGCAGTAATTTCAATGAAACAATTACTAGAAGCGGGTGTTCACTTCGGTCACCAAACA
CGTCGTTGGAACCCAAAAATGAAAAAATATATCTTCACTGAGAGAAATGGTATTTATATC
ATCGACTTACAAAAACAGTGAAAAAGTAGACGAGGCATACAACCTTCTTGAAACAAGT
TTCAGAAGATGGTGGACAAGTCTTATTCGTAGGAACATAAAAAACAAGCACAAGAATCAG
TTAAATCTGAAGCAGAACGTGCTGGTCAATTCTACATTAACCAAAGATGGTTAGGTGGAT
TATTAACATACTATAAAACGATCTCAAACGAATCAAACGTATTTCTGAAATTGAAAAA
TGGAAGAAGATGGTTTATTCGAAGTATTACCTAAAAAGAAGTAGTAGAACTTAAAAA
GAATACGACCGTTAATCAAATCTTAGGCGGAATTCGTGATATGAAATCAATGCCTCAA
GCATTATTCGTAGTTGACCCACGTAAGAGCGTAATGCAATTGCTGAAGCTCGTAAATTA
AATATTCCTATCGTAGGTATCGTTGACACTAACTGTGATCCTGACGAAATTGACTACGTTA
TCCCAGCAAACGACGATGCTATCCGTGCGGTTAAATTATTAAGTCTAAAATGGCAGATG
CAATCTTAGAAGGTCAACAAGGCGTTTCTAATGAAGAAGTAGCTGCAGAACAAAACATC
GATTTAGATGAAAAAGAAAAATCAGAAGAAACAGAAGCAACTGAAGAATAA

> **tsf**

Function: protein coding sequence; translation elongation factor Ts (core genome, constant)

Best match: tsf_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1181770:1182651] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 19749 ... 20631; Length: 882 bp

Sequence:

ATGGCAACTATTTTCAGCAAACTTGTTAAAGAATTACGTGAAAAAACTGGCGCGGGTATG
ATGGATTGTAAAAAGCGCTAACTGAACTGATGGTGACATCGATAAAGCGATTGACTA
CCTACGTGAAAAAGGTATTGCTAAAGCAGCTAAAAAAGCAGACCGTATTGCGGCTGAAG
GTTTAGTACATGTAGAACTAAAGGTAACGACGCAGTTATCGTTGAAATCAACTCTGAAA
CAGACTTTGTTGCTCGTAACGAAGGTTTCCAAGAGTTAGTTAAAGAAATCGCTAATCAAG
TATTAGATACAAAAGCTGAACTGTTGAAGCTTTAATGGAAACAACTTTACCAAATGGTA
AATCAGTTGATGAAAGAATTAAGAAGCAATTTCAACAATCGGTGAAAAATTAAGTGTTCT

GTCGTTTTGCTATCAGAACTAAAACCTGATAACGATGCTTTCGGCGCTTACTTACACATGGG
TGGACGCATTGGTGTATTAACAGTTGTTGAAGGTTCAACTGACGAAGAAGCAGCAAGAG
ACGTTGCTATGCATATCGCTGCAATCAACCCTAAATATGTTTCTTCTGAACAAGTTAGCGA
AGAAGAAATCAACCACGAAAGAGAAGTTTTAAAACAACAAGCATTAAATGAAGGTAAAC
CAGAAAACATCGTTGAAAAAATGGTGGAAAGGACGTTTACGTAAATACTTACAAGAAATT
TGTGCTGTAGATCAAGACTTCGTTAAAAACCCTGATGTAACAGTTGAAGCTTCTTAAAA
ACAAAAGGTGGAAAACCTTGTGACTTCGTACGCTATGAAGTAGGCGAAGGTATGGAAAA
ACGCGAAGAAAACCTTTCGGGATGAAGTTAAAGGACAAATGAAATAA

> **pyrH**

Function: protein coding sequence; uridylylate kinase (core genome, constant)

Best match: pyrH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1247297:1248019] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 20767 ... 21490; Length: 723 bp

Sequence:

ATGGCTCAAATTTCTAAATATAAACGTGTAGTTTTGAAAACCTAAGTGGTGAAGCGTTAGCT
GGAGAAAAAGGATTTGGCATAAATCCAGTAATTATTAAGTGTGCTGAGCAAGTGGCT
GAAGTTGCTAAAATGGACTGTGAAATCGCAGTAATCGTTGGTGGCGGAAACATTTGGAG
AGGTAAAACAGGTAGTGACTTAGGTATGGACCGTGGAACCTGCTGATTACATGGGTATGCT
TGCAACTGTAATGAATGCCTTAGCATTACAAGATAGTTTAGAACAATTGGATTGTGATAC
ACGAGTATTAACATCTATTGAAATGAAGCAAGTGGCTGAACCTTATATTCGTCGTCGTCG
AATTAGACACTTAGAAAAGAAACGCGTAGTTATTTTTGCTGCAGGTATTGGAAACCCATA
CTTCTCTACAGATACTACAGCGGCATTACGTGCTGCAGAAGTTGAAGCAGATGTTATTTT
AATGGGCAAAAATAATGTAGATGGTGTATATTCTGCAGATCCTAAAGTAAACAAAGATG
CGGTAAAATATGAACATTTAACGCATATTCAAATGCTTCAAGAAGGTTTACAAGTAATGG
ATTCAACAGCATCCTCATTCTGTATGGATAATAACATTCCGTTAACTGTTTTCTCTATTAT
GGAAGAAGGAAATATTAACGTGCTGTTATGGGTGAAAAGATAGGTACGTTAATTACAA
AATAA

> **frr**

Function: protein coding sequence; ribosome recycling factor (core genome, constant)

Best match: frr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1248038:1248592] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 21508 ... 22063; Length: 555 bp

Sequence:

ATGAGTGACATTATTAATGAAACTAAATCAAGAATGCAAAAATCAATCGAAAGCTTATCA
CGTGAATTAGCTAATATCAGTGCAGGAAGAGCTAATTCAAATTTATTAACGGCGTAACA
GTTGATTACTATGGTGCACCAACACCTGTACAACAATTAGCAAGCATCAATGTTCCAGAA
GCACGTTTACTTGTTATTTCTCCATACGACAAAACCTTCTGTAGCTGACATCGAAAAAGCG
ATAATAGCGGCTAACTTAGGTGTCAACCCAACAAGTGATGGTGAAGTGATACGTATTGCA
GTACCTGCCTTAACAGAAGAGCGTAGAAAAGAGCGCGTTAAAGATGTTAAGAAAATTGG
TGAAGAAGCTAAAGTATCTGTTTCGAAATATTCGTCGTGATATGAATGATCAGTTGAAAAA
AGATGAAAAAATGGCGACATTACTGAAGATGAGTTGAGAAGTGGTACTGAAGATGTTT
AGAAAGCAACAGACAATTCAATAAAAGAAATTGATCAAATGATTGCTGATAAAGAAAAA
GATATTATGTCAGTATAA

> **uppS**

Function: protein coding sequence; undecaprenyl pyrophosphate synthetase (core genome, constant)

Best match: uppS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1248965:1249735] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 22435 ... 23206; Length: 771 bp

Sequence:

ATGTTTAAAAGCTAATAAATAAAAAGAACACTATAAATAATTATAATGAAGAATTAGA
CTCGTCTAATATACCTGAACATATCGCTATTATTATGGATGGTAATGGGCGATGGGCTAA
GAAGCGAAAAATGCCTAGAATTAAGGTCATTACGAAGGTATGCAAACAATAAAAAAAA
TTACTAGGGTAGCTAGTGATATTGGTGTAAAGTACTTAACCTTTATACGCCTTTTCCACTGA
AAATTGGTCAAGACCTGAAAGTGAAGTAAATTATATTATGAATTTGCCTGTCAATTTCTTA
AAGACATTCTTACCGGAACTAATTGAAAAAATGTCAAAGTTGAAACAATTGGATTTACT

GATAAGTTGCCAAAATCAACGATAGAAGCAATTAATAATGCTAAAGAAAAGACAGCTAA
TAATACCGGCTTAAAATTAATATTTGCAATTAATTATGGTGGCAGAGCAGAACTTGTTCA
TAGTATTAATAAATATGTTTGACGAGCTTCATCAACAAGGTTTAAATAGTGATATCATAGA
TGAAACATATATAAACAATCATTTAATGACAAAAGACTATCCTGATCCAGAGTTGTAAAT
TCGTACTIONCAGGAGAACAAGAATAAGTAATTTCTTGATTTGGCAAGTTTCGTATAGTGA
ATTTATCTTTAATCAAAAATTATGGCCTGACTTTGACGAAGATGAATTAATTAATGTATA
AAAATTTATCAGTCACGTCAAAGACGCTTTGGCGGATTGAGTGAGGAGTAG

> **cdsA**

Function: protein coding sequence; phosphatidate cytidyltransferase (core genome, constant)

Best match: cdsA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1185233:1186015] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 23212 ... 23995; Length: 783 bp

Sequence:

ATGAAAGTTAGAACGCTGACAGCTATTATTGCCTTAATCGTATTCTTGCCTATCTTGTTAA
AAGGCGGCCTTGTGTTAATGATATTTGCTAATATATTAGCATTGATTGCATTAAGAATT
GTTGAATATGAATATGATTAATTTGTTTCAGTTCCTGGTTAATTAGTGCAGTTGGTCTT
ATCATCATTATGTTGCCACAACATGCAGGGCCATGGGTACAAGTAATTCAATTAAGAAGT
TTAATTGCAATGAGCTTTATTGTATTAAGTTATACTGTCTTATCTAAAAACAGATTTAGTT
TTATGGATGCTGCATTTTGCTTAATGTCTGTGGCTTATGTAGGCATTGGTTTTATGTTCTTT
TATGAAACGAGATCAGAAGGATTACATTACATATTATATGCCTTTTTAATTGTTTGGCTTA
CAGATACAGGGGCTTACTTGTGGTAAAATGATGGGTAAACATAAGCTTTGGCCAGTAA
TAAGTCCGAATAAAAACAATCGAAGGATTCATAGGTGGCTTGTCTGTAGTTTGATAGTAC
CACTTGCAATGTTATATTTTGTAGATTTCAATATGAATGTATGGATATTACTTGGAGTGAC
ATTGATTTAAGTTTATTTGGTCAATTAGGTGATTTAGTGAATCAGGATTTAAGCGTCAT
TTCGGCGTTAAAGACTCAGGTCGAATACTACCTGGACACGGTGGTATTTTAGACCGATTT
GACAGCTTTATGTTTGTGTTACCATTATTAATATTTTATTAATAACAATCTTAA

> **rseP**

Function: protein coding sequence; RIP metalloprotease (core genome, variable)

Best match: rseP_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[137892:139178:r] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 24206 ... 25493; Length: 1287 bp

Sequence:

GTGAGCTATTTAGTTACAATAATTGCATTTATTATTGTTTTTGGTGTACTAGTAACTGTTCA
TGAATATGGCCATATGTTTTTTGCGAAAAGAGCAGGCATTATGTGTCCAGAATTTGCGAT
CGGTATGGGGCCGAAAATTTTLAGTTTTAGAAAAAATGAAACACTTTACTACTATTAGGTT
ATTGCCTGTTGGTGGATATGTTTCGTATGGCAGGAGATGGCTTAGAAGAGCCACCAGTCGA
GCCCAGTATGAACGTTAAAATTAACCTTAATGAAGAAAATGAAATAACACATATCATATT
AGATGATCATCATAAGTTTCAACAAATTGAAGCGATCGAAGTTAAAAAATGTGATTTTAA
GGATGACTTATTCATAGAAGGTATCACTGCTTATGATAATGAAAGACATCATTTTAAAAT
TGCTAGAAAGTCTTTCTTTGTTGAAAATGGTAGCTTAGTTCAAATTGCTCCGAGAGACAG
ACAATTTGCACATAAAAAGCCATGGCCGAAATTTTTAACATTATTTGCGGGACCGTTATTT
AACTTTATATTAGCTTTAGTCCTATTTATTGGTCTTGCATATTATCAAGGCACGCCTACGT
CTACTGTAGAACAAGTCGCAGATAAGTATCCAGCTCAACAAGCAGGATTACAAAAGGT
GATAAGATCGTCCAAATTGGCAAATATAAAATATCTGAATTTGATGATGTTGATAAGGCG
TTAGATAAAGTTAAAGATAATAAGACGACTGTTAAATTTGAACGTGATGGTAAAACAAA
GTCAGTTGAATTAACACCTAAAAGACTGAAAAAAACTGACTAAAGTAAGTTCAGAGA
CGAAGTATGTTCTCGGATTTCAACCAGCGAGTGAACATACACTTTTTAAACCAATTGTATT
CGGATTTAAAAGCTTTTTAATCGGTAGTACTTATATTTTTACAGCTGTAGTAGGTATGTTG
GCTAGTATATTTACGGGCGGATTCTCATTTGATATGTTAAATGGTCCGGTTGGTATTTATC
ATAACGTCGACTCAGTTGTTAAAGCGGGTATCATTAGCTTAATTGGTTACTGCGTTATT
AAGTGTAACCTTAGGTATTATGAATTTAATTCCTATTCCTGCACTAGACGGTGGTTCGTATT
TTATTTGTTATATATGAAGCGATTTTCAGAAAACCAGTTAATAAAAAAGCGGAAACAACG
ATTATTGCTATTGGTGCCATTTTCATGGTCGTTATAATGATATTAGTAACGTGGAATGATA
TTCGACGATATTTCTTATAA

> **proS**

Function: protein coding sequence; prolyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: proS_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1187558:1189261]

Position: 031-contig_247: 25512 ... 27216; Length: 1704 bp

Sequence:

```
ATGAAGCAATCCAAAGTTTTTATACCAACGATGCGTGACGTGCCATCAGAAGCAGAAGC
ACAAAGTCATCGTTTATTATTGAAATCGGGTTTGATAAAACAAAGTACAAGTGGGATTTA
TAGTTATTTACCGCTAGCAACACGTGTGTTAAATAATTTACTGCAATTGTGCGACAAGA
AATGGAACGTATCGATTCTGTTGAAATTTAATGCCAGCGTTACAACAAGCTGAATTATG
GGAAGAATCAGGACGTTGGGGTGCATATGGCCCAGAATTAATGCGTTTACAAGATAGAC
ATGGAAGACAATTTGCATTAGGTCCAACACATGAAGAATTAGTTACATCAATAGTAAGAA
ATGAATTGAAATCATAACAAACAATTACCGATGACATTATTCCAAATTCAATCTAAATTCC
GTGATGAAAAGAGACCACGTTTTGGTTTACTTCGTGGGCGTGAATTTATTATGAAAGATG
CATATTCATTCCATGCTGACGAGGCATCATTAGATCAAACGTATCAAGATATGTATCAAG
CGTATAGCCGTATTTTTGAGAGAGTTGGCATTAAACGCAAGACCAGTAGTTGCAGATTCAG
GTGCTATAGGCGGTAGCCATACACATGAATTTATGGCATTAAAGTGCTATCGGTGAGGATA
CAATCGTTTACAGTAAAGAAAGTGATTATGCTGCTAACATCGAAAAAGCAGAAGTCGTTT
ACGAACCAAATCATAAGCATACTACTGTGCAACCTTTAGAAAAAATTGAAACACCAAAT
GTAAAGACTGCGCAAGAATTGGCAGACTTCTTAGGTAGACCAGTAGATGAAATCGTTAA
ACGATGATTTTCAAAGTTGATGGCGAATATATTATGGTTTTAGTGCGTGGCCATCATGAA
ATTAATGACATTAATTTAAAATCTTATTTTCGGCACAGATAATATTGAATTAGCAACACAA
GACGAAATTGTTAATTTAGTTGGTGCAAATCCTGGTTCCTAGGTCCTGTAATTGATAAA
GAAATCAAATTTATGCAGATAATTTTGTGCAAGATTTAAATAATTTAGTTGTCGGTGCTA
ACGAAGATGGTTATCACTTAATTAATGTAATGTAGGTAGAGACTTCAACGTTGATGAAT
ATGGCGATTTCCGTTTTATTTTAGAAGGCGAAAAGTTAAGTGATGGTTCAGGCGTTGCAC
ATTTTGCTGAAGGTATTGAAGTTGGTCAAGTATTCAAATTTGGGTAAGTATTGAGAAAT
CAATGAATGCTACATTCTTAGATAACCAAGGAAAAGCTCAACCTTTAATTATGGGTTGTT
ACGGAATTGGAATTTCTAGAACGCTAAGTGCGATTGTTGAACAAAATCACGATGATAATG
GAATTGTTTGGCCTAAATCAGTTACTCCGTTTGATTTACATTTAATTTCTATTAATCCTAAG
AAAGATGATCAACGAGAACTAGCAGATGCACTATATGCTGAATTTAATACTAAATTTGAT
GTGTTGTACGATGATCGTCAGGAACGTGCAGGTGTCAAATTTAATGATGCCGATTTAATT
GGTTTACCCTGCGAATTGTTGTTGGTAAACGTGCATCGGAAGGTATTGTAGAAGTTAAA
GAACGTTTAAACAGGTGATAGCGAAGAAGTTCACATTGATGACTTAATGACTGTCATTACA
AATAAATATGATAACTTAAATAA
```

> **polC**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase III alpha chain (core genome, constant)

Best match: polC_CC030_MRSA252_BX571856.1[1295711:1300021]

Position: 031-contig_247: 27479 ... 31790; Length: 4311 bp

Sequence:

```
ATGACAGAGCAACAAAAATTTAAAGTGCTTGCTGATCAAATTTAAATTTCAAATCAATTA
GATGCTGAAATTTTAAATTCAGGTGAACTGACACGTATAGATGTTTCTAACAAAAACAGA
ACATGGGAATTTTCAATTACATTACCACAATTCTTAGCTCATGAAGATTATTTATTATTTA
TAAATGCAATAGAGCAAGAGTTTAAAGATATCGCCAACGTTACATGTCGTTTTACGGTAA
CAAATGGCACGAATCAAGATGAACATGCAATTAATACTTTGGGCACTGTATTGACCAAA
CAGCTTTATCTCCAAAAGTTAAAGGTCAATTGAAACAGAAAAAGCTTATTATGTCTGGAA
AAGTATTTAAAGTAATGGTATCAAATGACATTGAACGTAATCATTTTGGATAAGGCATGTA
ATGGAAGTCTTATCAAAGCGTTTAGAAATTGTGGTTTTGATATCGATAAAAATCATATTCG
AAACAAATGATAATGATCAAGAACAAAACCTTAGCTTCTTTAGAAGCACATATTCAAGAA
GAAGACGAACAAAGTGCACGATTGGCAACAGAGAACTTGAAAAAATGAAAGCTGAAA
AAGCGAAACAACAAGATAACAACGAAAGTGCTGTCGATAAGTGTCAAATTTGGTAAGCCG
ATTCAAATTTGAAAATATTTAAACCAATTGAATCTATTATTGAGGAAGAGTTTAAAGTTGCA
ATAGAGGGTGTCAATTTTTGATATAAACTTAAAAGAACTTAAAAGTGGTCGCCATATCGTA
GAAATTTAAAGTGACTGACTATACGGACTCTTTAGTTTTTAAAAATGTTTACTCGTAAAAAC
AAAGATGATTTAGAACATTTTAAAGCGCTAAGTGTGGTAAATGGGTTAGGGCTCAAGGT
```

CGTATTGAAGAAGATACATTTATTAGAGATTTAGTTATGATGATGTCTGATATTGAAGAG
ATTAAGAAAGCGACAAAAAAGATAAGGCTGAAGAAAAGCGTGTAGAATTCCACTTGCA
TACTGCAATGAGCCAAATGGATGGTATACCCAATATTGGTGCATGTTAAACAGGCAGC
AGACTGGGGACATCCAGCCATTGCGGTTACAGACCATAATGTTGTGCAAGCATTTCAGA
TGCTCACGCAGCAGCGGAAAAACATGGCATTAAAATGATATACGGTATGGAAGGTATGT
TAGTTGATGATGGTGTTCGATTGCATACAAACCACAAGATGTCGTATTAAGATGCTA
CTTATGTTGTGTTTCGACGTTGAGACAACCTGGTTTATCAAATCAGTATGATAAAATCATCGA
GCTTGCAGCTGTGAAAGTTCATAACGGTGAAATCATCGATAAGTTTGAAGGTTTAGTAA
TCCGCATGAACGATTATCGGAAACGATTATCAATTTGACGCATATTACGGATGATATGTT
AGTAGATGCCCTGAGATTGAAGAAGTACTTACAGAGTTTAAAGAATGGGTTGGCGATGC
GATATTCGTAGCGCATAATGCTTCGTTTGATATGGGCTTCATCGATACGGGATATGAACG
TCTTGGGTTTGGACCATCAACGAATGGTGTATCGATACTTTAGAATTATCTCGTACGATT
AATACTGAATATGGTAAACATGGTTTGAATTTCTTGGCTAAAAAATATGGCGTAGAATTA
ACGCAACATCACCGTGCCATTTATGATACAGAAGCAACAGCTTACATTTTCATAAAAAATG
GTTCAACAAATGAAAGAATTAGGCGTATTAATCATAACGAAATCAACAAAAAACTCAG
TAATGAAGATGCATATAAACGTGCAAGACCTAGTCATGTCACATTAATTGTACAAAACCA
ACAAGGTCTTAAAAATCTATTTAAAAATTGTAAGTGCATCATTGGTGAAGTATTTCTACCGT
ACACCTCGAATTCCACGTTTATTGTTAGATGAATATCGTGAGGGATTATTGGTAGGTACA
GCGTGTGATGAAGGTGAATTATTTACGGCAGTTATGCAGAAGGACCAGAGTCAAGTTGA
AAAAATTGCCAAATATTATGATTTTATTGAAATTCAACCACCGGCACTTTATCAAGATTTA
ATTGATAGAGAGCTTATTAGAGATACTGAAACATTACATGAAATTTATCAACGTTTAATA
CATGCAGGTGACACAGCGGGTATACCTGTTATTGCGACAGGAAATGCACACTATTTGTTT
GAACATGATGGTATCGCACGTAAAATTTTAAATAGCATCACAACCCGGCAATCCACTTAAT
CGCTCAACTTTACCGGAAGCACATTTTAGAACTACAGATGAAATGTTAAACGAGTTTCAT
TTTTTAGGTGAAGAAAAAGCGCATGAAATTGTTGTGAAAAATACAAACGAATTAGCAGA
TCGAATTGAACGTGTTGTTCTTATTAAGATGAATTATACACACCCGCGTATGGAAGGTGC
TAACGAAGAAATTAGAGAATAAGTTATGCAAATGCGCGTAAACTGTATGGTGAAGACC
TGCCTCAAATCGTAATTGATCGATTAGAAAAAGAATTAAGTATTATCGGTAATGGAT
TTGCGGTAATTTACTTAATTTTCGCAACGTTTAGTTAAAAAATCATTAGATGATGGATACTT
AGTTGGTTCCCGTGGTTCAGTAGGTTCTAGTTTTGTAGCGACAATGACTGAGATTACTGAA
GTAAACCCGTTACCGCCACACTATATTTGTCCGAACTGTAAAACGAGTGAATTTTTCAAT
GATGGTTCAGTAGGATCAGGATTTGATTTACCTGATAAGACGTGTGAAACTTGTGGAGCG
CCACTTATTAAGAAGGACAAGATATCCGTTTGAACATTTTTAGGATTTAAGGGAGAT
AAAGTTCCTGATATCGACTTGAACCTTGTAGTGGTGAATATCAACCGAATGCCATAACTAC
ACAAAAGTATTATTTGGTGAAGATAAAGTATTCGTCAGGTACAATTGGTACTGTTGCT
GAAAAGACTGCTTTTGGTTATGTTAAAGGTTATTTGAATGATCAAGGTATCCACAAAAGA
GGTGTGAAATAGATCGACTCGTTAAAGGATGTACAGGTGTTAAACGTACAACCTGGACA
GCATCCAGGGGGTATTATTGTAGTACCTGATTACATGGATATTTATGATTTTACGCCGATA
CAATATCCTGCCGATGATCAAAATTCAGCATGGATGACGACACATTTTGTATTTCCATTCTA
TTCATGATAATGTATTAAACTTGATATACTTGGACACGATGATCCAACAATGATTCGTAT
GCTTCAAGATTTATCAGGAATTGATCCAAAAACAATACCTGTAGATGATAAAGAAGTTAT
GCAGATATTTAGTACACCTGAAAGTTTGGGTGTTACTGAAGATGAAATTTTTATGTAAAAC
AGGTACGTTTGGGGTTCAGAAATTCGGTACAGGGTTCGTGCGTCAAATGTTAGAAGATAC
AAAGCCAACAACATTTTCTGAATTAGTTCAAATCTCAGGATTATCTCATGGTACAGATGT
GTGGTTAGGCAATGCTCAAGAATTAATTAACCAGGATATATGTGATTTATCAAGTGTAAAT
TGGTTGTCGTGATGATATCATGGTTTATTTAATGTATGCTGGTTTGAACCATCAATGGCT
TTTAAATAATGGAGTCAGTACGTAAAGGTTAAAGGTTTAACTGAAGAAATGATTGAAAC
GATGAAAGAAAATGAAGTGCCGATTGGTATTTAGATTCATGTCTTAAAATTAAGTACAT
GTTCCCTAAAGCCCATGCAGCAGCATAACGTTTTAATGGCAGTACGTATCGCATATTTCAA
AGTACATCATCCACTTTATTACTATGCATCTTACTTTACAATTCGTGCGTCAGATTTTGTATT
TAATCACGATGATTAAGATAAAACAAGCATTTCGAAATACTGTAAAAGACATGTATTCTC
GCTATATGGATCTAGGTAAAAAAGAAAAAGACGTATTAACCTGTCTTGGAAATTATGAATG
AAATGGCACATCGAGGTTATCGCATGCAACCGATTAGTTTGAAGAAAGAGTCAGGCGTTTCG
AATTTATCATTGAAGGCGATACACTTATTCGCCGTTTCATATCAGTGCCTGGGCTTGGCGA
AAACGTTGCGAAACGAATTGTTGAAGCTCGTGACGATGGACCATTTTTATCAAAAAGAAGA

TTTAAACAAAAAGCTGGATTATCTCAGAAAATTATTGAGTATTTAGATGAGTTAGGCTC
ATTACCGAATTTACCAGATAAAGCTCAACTTTCGATATTCGATATGTAA

> **rimP**

Function: protein coding sequence; ribosome maturation factor (core genome, constant)

Best match: rimP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1258609:1259076] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 32079 ... 32547; Length: 468 bp

Sequence:

ATGAGTAAAATTACAGAACAAGTAGAAGTGATTGTAAACCAATTATGGAAGACTTGAA
TTTTGAACTTGTAGACGTTGAATATGTCAAAGAGGGTAGAGATCATTTTCTTAGAATCTCT
ATTGATAAAGAAGGTGGCGTAGATTTAAATGATTGTACGCTAGCTTCTGAAAAAATAAGT
GAAGCTATGGATGCAAATGATCCTATTCCTGAAATGTATTATTTAGACGTAGCGTCACCT
GGTGCAGAACGTCCAATTA AAAAAGAACAAGATTTCCAAAATGCAATAACTAAACCTGT
ATTTGTTTCTTTATATGTACCAATTGAAGGTGAAAAGGAATGGTTAGGCATTTTACAAGA
AGTCAATAATGAAACAATTGTAGTACAAGTTAAAATCAAAGCAAGAACGAAAGATATAG
AGATACCGAGAGACAAAATAGCAAAAGCACGTCACGCAGTTATGATTTAA

> **nusA**

Function: protein coding sequence; transcription termination-antitermination factor (core genome, constant)

Best match: nusA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1194613:1195788]

Position: 031-contig_247: 32567 ... 33743; Length: 1176 bp

Sequence:

GTGTCAAGTAATGAATTATTATTAGCTACTGAGTATTTAGAAAAAGAAAAGAAGATTCCCT
AGAGCAGTATTAATTGATGCTATTGAAGCAGCTTTAATTACTGCATACAAAAGAATTAT
GATAGTGCAAGAAATGTCCGTGTGGAATTAATATGGATCAAGGTAATTTCAAAGTTATC
GCTCGTAAAGATGTTGTTGAAGAAGTATTTGACGACAGAGATGAAGTGGATTTAAGTACA
GCGCTTGTTAAAAACCCTGCATATGAAATTTGGTGATATATACGAAGAAGATGTAACACCT
AAAGATTTTGGTCGTGTAGGTGCTCAAGCAGCGAAACAAGCAGTAATGCAACGTCTTCGT
GATGCTGAACGTGAAATTTTATTTGAAGAATTTATAGACAAAGAAGAAGACATACTTACT
GGAATTATTGACCGTGTGACCATCGTTATGTATATGTGAATTTAGGTCGTATCGAAGCTG
TTTTATCTGAAGCAGAAAGAAGTCCTAACGAAAAATATATTCCTAACGAACGTATCAAAG
TATATGTTAACAAAGTGGAACAAACGACAAAAGGTCCTCAAATCTATGTTTCTCGTAGCC
ATCCAGGTTTATTA AAAACGTTTATTTGAACAAGAAGTTCCAGAAATTTACGATGGTACTG
TAATTGTTAAATCAGTAGCACGTGAAGCTGGCGATCGCTCTAAAATTAGTGTCTTCTCTGA
AAACAATGATATAGATGCTGTTGGTGCATGTGTTGGTGCTAAAGGCGCACGTGTTGAAGC
TGTTGTTGAAGAGCTAGGTGGCGAAAAAATCGACATCGTTCAATGGAATGAAGATCCAA
AAGTATTTGTAAAAAATGCTTTAAGCCCTTCTCAAGTTTTAGAAGTTATTGTTGATGAAAC
AAATCAATCTACAGTAGTTGTTGTTTCTGATTATCAATTGTCATTAGCGATTGGTAAAAGA
GGACAAAACGCACGTCTAGCTGCTAAATTAACCGGCTGGAAAATTGATATTAATCAGA
AACAGATGCGCGTGAAGCGGGTATCTATCCAGTAGTTGAAGCTGAAAAGTAAGTGAAG
AAGATGTTGCTTTAGAAGATGCTGACACAACAGAATCAACCGAAGAGGTAATGATGTTT
CAGTTGAAACAAATGTAGAGAAAGAATCTGAATAA

> **infB**

Function: protein coding sequence; translation initiation factor IF-2 (core genome, constant)

Best match: infB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1260896:1263013]

Position: 031-contig_247: 34366 ... 36484; Length: 2118 bp

Sequence:

ATGAGTAAACAAAGAATTTACGAATATGCGAAAGAATTAATCTAAAGAGTAAAGAGAT
TATAGATGAGTTAAAAAGCATGAATATTGAGGTTTCAAATCATATGCAAGCTTTGGAAGA
TGACCAAATTAAGCATTAGATAAAAAGTTCAAAAAAGAACA AAAAGAACGACAATAAAC
AAAGCACTCAAAAATAATCACCAAAAATCAAACAATCAAAAACCAAAAATAAAGGGCAACAA
AAAGATAACAAAAGAATCAACAACAAAATAATAAAGGCAACA AAAGGCAATAAAAAGA
ATAATAGAAATAATAAGAAAAATAACAAGAATAATAAACCACAAAATCAACCAGCTGCT

CCAAAAGAAATACCATCAAAAGTGACATATCAAGAAGGTATTACATTAGGCGAATTTGC
GGATAAATTAATGTTGAATCATCAGAAATTATCAAAAAATTATTCTTACTTGGTATTGTT
GCTAATATCAATCAATCATTAAATCAAGAAACAATCGAATTAATTGCCGATGATTATGGC
GTTGAGGTTGAAGAAGAAGTTGTGATTAATGAAGAAGATTTATCAATCTACTTCGAAGAC
GAAAAAGATGATCCAGAAGCAATTGAGAGACCAGCAGTTGTAACAATTATGGGACATGT
TGACCATGGTAAAACGACTTTATTAGATTCAATTCGTCATACAAAAGTTACAGCAGGTGA
AGCAGGCGGAATCACTCAACATATTGGTGCATATCAAATTGAAAACGATGGCAAAAAA
TCACTTTCTTAGATACACCGGGACATGCTGCATTTACAACGATGCGTGCGCGTGGTGCAC
AAGTAACAGATATTACAATTTTAGTAGTTGCAGCTGACGATGGTGTTATGCCACAAACAA
TTGAAGCAATTAACCATGCTAAAGAAGCAGAAGTACCAATTATTGTTGCAGTAAATAAAA
TTGATAAACCAACTTCAAACCCTGATCGAGTTATGCAAGAATTAAGTGAATATGGTTTAA
TTCCTGAAGATTGGGGCGGCGAAACAATTTTCGTTCCACTTTCTGCATTAAGTGGTGATGG
TATCGACGATTTATTAGAAATGATAGGATTAGTTGCAGAAGTTCAAGAACTTAAAGCAAA
TCCTAAAACCGTGCTGTTGGTACAGTTATCGAAGCTGAATTAGATAAATCACGTGGTCC
TTCTGCATCATTATTAGTACAAAATGGTACATTAATGTTGGTGATGCGATTGTAGTTGGT
AACTTACGGCCGTATCCGTGCAATGGTTAATGACTTAGGTCAAAGAATCAAACGGCT
GGTCCATCAACGCCTGTTGAAATTACAGGTATTAATGATGTGCCACAAGCTGGGGATCGC
TTTGTGTTATTTAGTGATGAAAAACAAGCTCGTTCGATTGGTGAATCAAGACACGAAGCT
AGCATTGTACAACAACGTCAAGAAAGTAAAAATGTTTCATTAGATAACCTGTTTGAACAA
ATGAAACAAGGTGAAATGAAAGATTTAAACGTTATTATTAAGGTGATGTTCAAGGTTCT
GTTGAAGCTTTAGCTGCATCATTAAATGAAAATTGATGTTGAAGGCGTAAATGTTTCGTATC
ATTCATACAGCGGTTGGTGAATTAATGAGTCAGACGTGACACTTGCTAATGCCTCAAAT
GGTATTATCATTGGTTTCAATGTTTCGTCAGACAGTGGTGCAAACGCTGCTGCAGAAGCT
GAAAATGTTGATATGCGTTTACACAGAGTTATTTATAATGTTATCGAAGAAATTGAATCA
GCGATGAAAGGTTTACTTGATCCAGAATTTGAAGAACAAGTTATCGGACAAGCTGAAGTT
CGTCAAACATTCAAAGTTTCTAAAGTTGGTACTATTGCTGGATGTTATGTTACTGAAGGTA
AAATTACGCGAAATGCTGGTGTACGTATTATTCGTGATGGTATTGTTCAATATGAAGGCG
AATTAGATACACTTAAACGTTTCAAAGATGATGCTAAGGAAGTTGCAAAGGTTATGAAT
GTGGTATTACAATTGAAAACACTACAATGACCTTAAAGAAGGCGATGTTATCGAAGCATTG
AAATGGTTGAAATTAAGCGTTAA

> **rbfA**

Function: protein coding sequence; ribosome-binding factor A (core genome, constant)

Best match: rbfA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1263399:1263749] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 36869 ... 37220; Length: 351 bp

Sequence:

ATGAGCAGTATGAGAGCAGAGCGTGTGGTGAACAAATGAAGAAGGAATTAATGGATAT
CATCAACAATAAAGTCAAAGATCCTCGAGTTGGTTTTATTACAATTACAGATGTTGTTTTA
ACAAATGATTTATCGCAGGCTAAAGTATTTTTAACTGTATTAGGTAACGATAAAGAAGTA
GAAAATACATTTAAAGCACTTGATAAAGCAAAGGCTTCATTAAGTCTGAATTAGGTTCT
AGAATGCGATTACGTATTATGCCGGAATTAATGTATGAATATGATCAATCAATCGAATAT
GGTAATAAAATTGAACGAATGATTCAAGATTTACACAAACAAGATAGATAA

> **truB**

Function: protein coding sequence; tRNA pseudouridine synthase B (core genome, constant)

Best match: truB_CC001_MSSA476_BX571857.1[1292414:1293331]

Position: 031-contig_247: 37389 ... 38307; Length: 918 bp

Sequence:

ATGTATAATGGGATATTACCAGTATATAAAGAGCGCGGTTTAAACAAGTCATGACGTTGTA
TTCAAATTGCGTAAAATATTA AAAA ACTAAAAAATAGGTACACGGGTACGCTTGATCCC
GAAGTTGCAGGCGTGTACCAGTATGTATAGGTAATGCAACGAGAGTTAGTGATTATGTT
ATGGATATGGGCAAAGCTTATGAAGCAACTGTATCGATAGGAAGAAGTACAACGACTGA
AGATCAAACGGGTGATACATTGGAAACAAAAGGTGTACACTCAGCAGATTTTAATAAGG
ACGATATTGACCGATTGTTAGAAAGTTTTAAAGGTATCATTGAACAAATCCGCCGATGT
ACTCATCCGTCAAAGTAAATGGTAAAAAATTATATGAATATGCGCGTAATAATGAAACAG

TTGAAAGACCAAAGCGTAAAGTTAATATTATAGACATTGGGCGTATATCTGAATTAGATT
TTAAAGAAAATGAGTGTCAATTTAAAATACGCGTCATCTGTGGTAAAGGTACATATATTA
GAACGCTAGCAACTGATATTGGTGTGAAATTAGGCTTCCGGCACATATGTCGAAATTA
CACGAATCGAGTCTGGTGGATTTGTGTTGAAAGATAGCCTTACATTAGAACAAATAAAAG
AACTTCATGAGCAGGATTCATTGCAAAAATAAATTGTTTCCTTTAGAATATGGATTAAAGG
GTTTGCCAAGCATTAAAATTAAGATTCGCACATAAAAAAACGTATTTAAATGGGCAGA
AATTTAATAAAAATGAATTTGATAACAAAATTAAGACCAAATTGTATTTATTGATGATG
ATTCAGAAAAAGTATTAGCAATTTATATGGTACACCCTACAAAAGAATCAGAAATTAAC
CTAAAAAAGTCTTTAATTAA

> **ribF**

Function: protein coding sequence; riboflavin biosynthesis protein (core genome, constant)

Best match: ribF_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1200366:1201337]

Position: 031-contig_247: 38321 ... 39293; Length: 972 bp

Sequence:

ATGAAAGTCATAGAAGTGACACATCCTATACAATCTAAACAGTATATTACAGAGGATGTT
GCAATGGCATTCCGATTTTTTCGATGGCATGCATAAAGGTCATGACAAAGTCTTTGATATA
TTAAACGAAATAGCTGAGGCACGCAGTTTAAAAAAGCGGTGATGACATTTGATCCGCAT
CCATCTGTCGTGTTGAATCCTAAAAGAAAACGAACAACGTATTTAACGCCACTTTCAGAT
AAAATCGAAAAAATTAGCCAACATGATATTGATTATTGTATAGTGGTTAATTTTTTCATCTA
GGTTTGCTAATGTGAGCGTTGAAGATTTTGGTGAATAATTATAAATAAATAATGTAA
AAGAAGTCATTGCTGGTTTCGATTTTACTTTTGGTAAATTTGGAAAAGGTAATATGACTGT
ACTTCAAGAATATGATGCGTTTAATACGACAATTGTGAGTAAACAAGAAATTGAAAATGA
AAAAATTTCTACAACCTTCTATTCGTCAGATTTAATCAATGGTGAGTTGCAAAAAGCGAA
TGATGCTTTAGGCTATATATATTCTATTAAGGCAGTGTAGTGCAAGGTGAAAAAAGGGG
AAGAACTATTGGCTTCCCAACAGCTAACATTCAACCTAGTGATGATTATTTGTTACCTCGT
AAAGGTGTTTATGCTGTTAGTATTGAAATCGGCAGTGAATAAATTATATCGAGGGGTA
GCTAACATAGGTGTAAAGCCAACATTTATGATCCTAACAAAAGCAGAAGTTGTCATCGAA
GTGAATATCTTTGACTTTGAGGATAAATTTATGGTGAACGAGTGACCGTGAATTGGCAT
CATTTCTTACGTCCTGAGATTAATTTGATGGTATCGACCCATTAGTTAAACAAATGAACG
ATGATAAATCGCGTGCTAAATATTTATTAGCAGTTGATTTTGGTGTATGAAGTAGCTTATAA
TATCTAG

> **rpsO**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S15 (core genome, constant)

Best match: rpsO_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1265937:1266206]

Position: 031-contig_247: 39407 ... 39677; Length: 270 bp

Sequence:

ATGGCAATTTCAACAAGAACGTAAAAACGAAATCATTAAAGAATACCGTGTACACGAAAC
TGATACTGGTTCACCAGAAGTACAAATCGCTGTACTTACTGCAGAAATCAACGCAGTAAA
CGAACACTTACGTACACAAAAAAGACCACCATTCACGTCGTGGGTTATTAATAAATGGT
AGGTGTCGTAGACATTTATTAATACTACTTACGTAGTAAAGATATTCAACGTTACCGTGA
ATTAATTAATCACTTGGTATCCGTCGTAA

> **pnpA**

Function: protein coding sequence; polyribonucleotide nucleotidyltransferase (core genome, constant)

Best match: pnpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1266574:1268670]

Position: 031-contig_247: 40046 ... 42143; Length: 2097 bp

Sequence:

ATGTCTCAAGAAAAGAAAGTTTTTAAAACCTGAATGGGCAGGAAGATCTTTAACGATTGAA
ACAGGGCAATTAGCTAAACAAGCAAATGGCGCTGTATTGGTTCGTTATGGAGATACAGTC
GTGTTATCGACGGCAACTGCATCAAAGAACCCTCGTGATGGAGATTTCTTCCCATTAAACA
GTGAACATATGAAGAAAAAATGTACGCTGCGGGTAAAATTCCTGGTGGATTTAAAAAGAG
AGAAGGACGTCCTGGTGACGATGCAACATTAACCTGCGCGATTAATTGATAGACCAATTAG
ACCTTTATTCCCTAAAGGATATAAGCATGATGTTCAAATTATGAACATGGTATTAAGTGC

AGATCCTGATTGTTCCACCACAAATGGCTGCAATGATTGGTTCATCTATGGCGCTTAGTGTG
TCGGATATTCCATTCCAAGGGCCAATCGCCGGTGTAATGTGGGTATATTGACGGTAAA
TATATCATTAACCCAACAGTAGAAGAAAAAGAAGTTTCTCGCTTAGACCTTGAAGTAGCT
GGTCATAAAGATGCAGTAAACATGGTAGAGGCAGGCGCTAGTGAGATTACTGAACAAGA
AATGTTAGAGGCGATCTTCTTTGGTTCATGAAGAGATTCAACGTTTATGTTGATTTCCAACAA
CAAATCGTCGACCACATTCAACCTGTAAACAAGAATTTATTCCAGCAGAGCGTGATGAA
GCGCTAGTTGAACGTGTAATAATCTTTAACCGAAGAAAAAGGACTTAAAGAAACAGTTTTA
ACATTTGATAAACAACAACGAGATGAAAATCTTGATAACTTAAAAGAAGAAATCGTCAA
TGAATTTATCGATGAAGAAGATCCAGAGAATGAATTACTTATTAAAGAAGTTTATGCAAT
TTTAAATGAATTAGTGAAAGAAGAAGTTAGACGTTTAATTGCAGATGAAAAAATTAGACC
AGACGGCCGTAAACCTGATGAAATCCGTCCATTAGATTCTGAAGTTGGTATTTACCTAG
AACGCATGGTTCAGGTCTATTTACACGTGGTCAGACTCAAGCACTTTCAGTTTTAACATTA
GGTGCTTTAGGCGATTATCAATTAATTGATGGTTTAGGACCTGAAGAAGAAAAAAGATTC
ATGCATCATTACAACCTCCCGAATTTTCAGTAGGTGAAACTGGTCCAGTACGTGCGCCA
GGTCGTCGTGAAATTGGACATGGTGCCTTAGGTGAAAGAGCATTAAAAATATATTATCCT
GATACTGCTGATTTCCCATATACAATTCGTATTGTAAGTGAGGTACTTGAATCAAATGGTT
CATCATCTCAAGCGTCAATTTGTGGATCAACATTAGCATTAAATGGATGCGGGCGTACCGA
TTAAAGCACCAGTTGCTGGTATTGCTATGGGCCTTGTTACACGTGAAGATAGCTATACGA
TTTTAACTGATATCCAAGGTATGGAAGATGCATTAGGTGATATGGACTTTAAAGTCGCTG
GTACTAAAGAAGGTATTACAGCAATCCAAATGGATATTAATAATTGACGGTTTAAACGCGTG
AAATTATCGAAGAGGCTCTAGAACAAGCGAGACGTGGTCGTTTAGAAATAATGAATCAT
ATGTTACAAACAATTGATCAACCACGTACTGAATTAAGTGCTTACGCGCCAAAAGTTGTA
ACTATGACAATTAACCAGATAAGATTAGAGATGTTATCGGACCTGGTGGTAAAAAATT
AACGAAATTATTGATGAAACAGGCGTTAAATTAGATATTGAACAAGATGGTACTATCTTT
ATTGGTGCCGTTGATCAAGCTATGATAAATCGCGCTCGTGAAATCATTGAGGAAATTACA
CGTGAAGCGGAAGTAGGTCAAACCTTATCAAGCCACTGTAAACGTATTGAAAAATACGGT
GCGTTTGTAGGCCTATTCCCGGGTAAAGATGCGTTGCTTCACATTTACAAATTTCAAAAA
ATAGAATTGAAAAAGTGGAAGATGTATTAATAATCGGTGACACAATTGAAGTTAAGATT
ACTGAAATTGATAAACAAGGTCGAGTAAATGCTTCACACAGAGCATTAGAAGAATAA

> **rnjB**

Function: protein coding sequence; ribonuclease J2 (core genome, constant)

Best match: rnjB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1268906:1270579]

Position: 031-contig_247: 42378 ... 44052; Length: 1674 bp

Sequence:

TTGAGTTTAATAAAGAAAAAGAATAAAGATATTCGCATTATACCATTAGGCGGTGTTGGC
GAAATTGCTAAAAATATGTATATCGTTGAAGTAGACGATGAAATGTTTATGTTAGATGCT
GGACTTATGTTTCCAGAAGACGAAATGCTAGGTATTGATATTGTTATAACCAGACATTTTAT
ACGTACTIONGAAAATAAAGATAAATTGAAGGGTATATTCCTTACACACGGACATGAGCAGC
CGATTGGTGCAGTGAGTTATGTTTTAGAACAATTAGATGCACCAGTATATGGATCTAAAT
TGACAATAGCGTTAATTAAGAAAAATATGAAAGCCCGTAATATTGATAAAAAAGTTCGCT
ACTATACAGTTAATAATGATTCAATTATGAGATTCAAAAACGTGAATATTAGTTTCTTTAA
TACGACACACAGTATTCCTGATAGTTTAGGTGTTTGTATTACACTTCATATGGTGCCATT
GTGTATACAGGTGAATTTAAGTTTGACCAAAGTTTACATGGACATTATGCACCAGATATT
AAACGTATGGCAGAGATTGGTGAAGAAGGCGTATTTGTCTTAATCAGTGATTCTACTGAG
GCAGAGAAACCTGGATATAATACTCCGGAATAATGTGATTGAACATCATATGTATGATGCT
TTTGCAAAAGTGCGAGGTCGCTTGATAGTTTCATGTTATGCTTCGAACTTTATACGTATTC
AGCAAGTTTTAAATATTGCTAGCAAGCTAAATCGTAAAGTGTCATTTTTAGGAAGATCAC
TTGAAAGTTCATTTAATATTGCTCGTAAATGGGGTATTTTCGACATTCCTAAAGATTTGCT
AATTCCTATAACAGAAGTTGATAATTATCCTAAAAATGAAGTGATAATTATAGCTACTGG
TATGCAAGGAGAACCTGTAGAAGCCTTAAGTCAAATGGCGCAACATAAGCATAAAATTA
TGAATATCGAAGAAGGCGATTCTGTATTTTTAGCAATTACGGCTTCTGCTAATATGGAAG
TTATCATTGCGAATACATTAATGAGCTTGTACGTGCTGGCGCACATATTATCCAAATAA
CAAGAAGATTTCATGCTCAAGTCATGGTTGCATGGAAGAATTAATAATGATGATTAATAT
TATGAAACCTGAATACTTTATTCCTGTACAAGGTGAATTTAAATGCAGATAGCACATGC
GAAGCTAGCAGCTGAAGCAGGTGTTGCACCAGAAAAGATTTTCCTTGTGGAAAAAGGAG

ATGTCATTAATTACAACGGTAAAGATATGATATTAATGAAAAGGTAAATTCAGGAAATA
TTTTAATAGATGGTATTGGTATTGGGGATGTAGGAAATATCGTGTTGAGAGACCGTCATC
TTTTAGCAGAAGATGGTATCTTTATTGCTGTAGTAACGTTAGATCCTAAAAATAGACGTAT
AGCTGCGGGACCTGAAATTCAATCTCGTGGGTTTGTATATGTACGTGAAAGTGAAGACTT
ATTACGTGAAGCAGAAGAGAAAGTACGTGAAATAGTAGAGGCTGGTTTACAAGAAAAAC
GCATAGAATGGTCTGAAATTAAGCAAAATATGCGTGATCAAATTAGTAAACTATTATTCG
AAAGTACAAAACGTCGTCCTATGATTATTCCAGTAATTTCTGAAATTTAA

> **ftsK**

Function: protein coding sequence; cell division protein K (core genome, variable)

Best match: ftsK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1270962:1273205]

Position: 031-contig_247: 44433 ... 46677; Length: 2244 bp

Sequence:

ATGGTGTGGGTGTTTTCCAATTAGGAATAATAGGTTCGTCTAATTGACAGCTTCTTTAATT
ATTTATTTGGGTACAGTAGATATTTAACATATATTTTAGTACTCTTAGCAACTGGTTTTATT
ACATACTCTAAACGTATTCCTAAAACCTAGACGAACGGCTGGTTCGATTGTATTGCAAATT
GCATTGCTATTTGTATCACAGTTAGTTTTTCATTTAATAGTGGTATCAAAGCTGAAAGAG
AACCTGTACTTTCTTATGTGTATCAGTCATACCAACACAGTCATTTCCCAAATTTTGGTGG
CGGTGTATTAGGCTTTTTATTTATTAGAGTTAAGCGTACCTTTAATTTTCATTATTTGGTGTAT
GTATTACTATTTTATTATTATGCTCAAGTGTATTTTATTAACAAACCATCAACATCGT
GAAGTTGCAAAAAGTTGCACTGGAAAATATAAAAAGCTTGGTTTGGTTCATTTAATGAAAA
ATGTCGGAAAGAAACCAAGAAAAACAATTGAAGCGTGAAGAAAAAGCAAGACTTAAAG
AAGAACAAAAGGCACGTCAAATGAACAGCCACAAATAAAAAGATGTGAGTGATTTTACG
GAAGTGCCTCAAGAAAGAGATATTCCAATTTATGGGCATACTGAAAATGAAAGTAAAAG
CCAGAGTCAACCAAGTCGAAAAAACGAGTGTTTGATGCAGAGAATAGTTTCGAATAACA
TCGTAAATCATCATCAAGCAGATCAGCAAGAACAATTAACAGAACAACCTCATAACAGT
GTTGAAAGTGAAAACACTATTGAAGAAGCTGGTGAAGTTACGAATGTATCGTATGTTGTT
CCACCGTTAACTTTACTTAATCAACCTGCAAAACAAAAAGCAACATCTAAAGCTGAAGTG
CAACGTAAAGGACAAGTACTAGAGAATACATTAAGATTTTGGGGTAAATGCAAAAAGT
GACACAAATTAAGATTGGTCTGTAGTAACCTCAATATGAAATTCACCAGCTCAAGGGGT
TAAAGTGAGTAAAATTGTAACTTGCATAATGATATTGCATTAGCTTTAGCAGCAAAAAGA
TGTTAGAATCGAAGCGCCAATACCTGGTTCGTTCTGCAGTAGGTATTGAAGTGCCAAATGA
GAAAATTTCATTAGTTTCACTAAAAGAAGTTTTAGATGAAAATTCCTCGTCTAATAATAA
ACTAGAAGTTGGATTAGGAAGAGATATATCAGGTGATCCAATTACTGTTCCACTAAATGA
AATGCCACACTTATTGGTGGCAGGATCGACGGGTAGTGGTAAATCTGTTTGTATAAATGG
TATTATTACAAGTATTTTATTAATGCTAAGCCGCATGAAGTTAACTTATGTTAATCGAT
CCGAAAATGGTTGAACTAAATGTTTATAACGGAATTCACACTTATTAATCCGGTTGTTA
CAAATCCTCATAAAGCTGCTCAAGCTTTAGAAAAAATTGTAGCTGAGATGGAAAGACGTT
ATGATTTATTCCAACATTCATCAACTAGAAACATTAAGGTTATAACGAATTAATCCGTA
AGCAAAATCAAGAATTAGATGAGAAGCAACCAGAATTACCTTATATCGTTGTTATTGTAG
ATGAGCTTGCAGATTTAATGATGGTAGCTGGTAAAGAAGTTGAAAATGCGATTCAACGTA
TTACACAAATGGCACGTGCAGCAGGTATACATTTAATTGTAGCGACACAAAGACCTTCTG
TGGATGTAATTACAGGTATCATTAAAAATAATATCCATCTAGAATAGCTTTTGCTGTGAG
TTCTCAAACAGATTCAAGAACTATTATTGGTACTGGCGGCGCAGAAAAGTTACTTGGTAA
AGGTGACATGTTATACGTTGGAAATGGTGACTCATCACAAACACGTATTCAAGGGGCGTT
TTAAGTGACCAAGAGGTGCAAGATGTTGTAATTTATGTAGTAGAACAACAACAGGCAA
ATTATGTAAGAAATGGAACCAGATGCACCAGTGGATAAATCGGAAATGAAAAGTGAA
GATGCTTTATATGATGAAGCGTATTTGTTTGTGTTGAACAACAAAAGGCAAGTACATCA
TTGTTACAACGCCAATTTAGAATTGGTTATAATAGAGCATCTAGGTTGATGGATGATTTA
GAACGCAATCAGGTAATCGGTCCACAAAAGGAAGCAAGCCTAGACAAGTTTTAATAGA
TCTTAATAATGACGAGGTGTAA

> **pgsA**

Function: protein coding sequence; CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-
phosphatidyltransferase (core genome, constant)

Best match: pgsA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1278586:1279164]

Position: 031-contig_247: 52057 ... 52636; Length: 579 bp

Sequence:

```
ATGAATATTCCGAACCAGATTACGGTTTTTGTAGAGTAGTGTTAATACCAGTTTTTATATTGT
TTGCGTTAGTTGATTTTGGATTTGGCAATGTGTCATTTCTAGGAGGATATGAAATAAGGAT
TGAGTTATTAATCAGTGGTTTTATTTTTATATTGGCTTCCCTTAGCGATTTTGTGATGGTT
ATTTAGCTAGAAAATGGAATTTAGTTACAAATATGGGGAAATTTTTGGATCCATTAGCGG
ATAAATTATTAGTTGCAAGTGCTTTAATTGTACTTGTGCAACTAGGACTAACAAATTCTGT
AGTAGCAATCATTATTATTGCCAGAGAATTTGCCGTAACCTGGTTTACGTTTACTACAAATT
GAACAAGGATTCGTAAGTGCAGCTGGTCAATTAGGTAAAATTTAAAACAGCAGTTACTATG
GTAGCAATTACTTGGTTGTTATTAGGTGATCCATTGGCAACATTGATTGGTTTGTATTAG
GACAAATTTTATTATACATTGGCGTTATTTTTACTATCTTATCTGGTATTGAATACTTTTAT
AAAGGTAGAGATGTTTTTAAACAAAATAA
```

> **cinA**

Function: protein coding sequence; competence-damage inducible protein (core genome, constant)

Best match: cinA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1279391:1280542]

Position: 031-contig_247: 52860 ... 54012; Length: 1152 bp

Sequence:

```
ATGTCAATTGCCATTATTGCTGTAGGCTCAGAACTATTGCTAGGTCAAATCGCTAATACCA
ACGGACAATTTCTATCTAAAGTATTTAATGAAATTGGACAAAATGTATTAGAACATAAAG
TTATTGGAGATAATAAAAAACGTTTAGAATCAAGTGTACGTCATGCGCTAGAAAAATATG
ATACTGTTATTTTAAACAGGTGGCTTAGGTCCTACGAAAGATGACTTAACGAAGCATAACAG
TGGCCCAGATTGTTGGTAAAGATTTAGTTATTGATGAGCCTTCTTTAAAATATATTGAAAG
CTATTTTGAGGAACAAGGACAAGAAATGACACCTAATAATAACAACAGGCTTTAGTAA
TTGAAGGTTCAACTGTATTAACAAATCATCATGGCATGGCTCCAGGAATGATGGTGAATT
TTGAAAACAAACAAATTATTTTATTACCAGGTCCACCGAAAGAAATGCAACCAATGGTGA
AAAATGAATTGTTGTCACATTTTATAAACCATAATCGAATTATACATTCTGAACTATTAAG
ATTTGCGGGAATAGGTGAATCTAAAGTAGAAACAATTAATAGATCTTATCGATAAACA
GACTAATCCTACGATTGCGCCTTTGGCGGGAAGTCATGAAGTATATATTAGATTGACTGC
AAATGCCGACTCAAAGAACAAGCACAAATCATTGATTCAACCTGTTAAACAAGAAATTCT
TGATCGTATTGGAGAATATTATTATGGTTCAGATGACACATTAATTGAGCAAGCTGTAAT
AAAGAAAATTCATGAACCTTTTGTAAATATATGATGGTATTACTAATGGTGCTTTATATCAT
CGATTGAAAGAAGTGGATTTAAACGATGTTCTAAAGGGTATGATTAATCACAATGAAAAC
TTTGTTGATATTAATAAACCTATTGAGCAGCAATTTAAAGATGCAGTGCAATTTGTTAAT
AAATTGTTAATGTGTCATCAGCAATTATTCTATTAGAGTATGATGGTGTAGTCCATATAG
GCTATGATAATAACTTAGAATTTAAAACCTGAGCAATTTAAAATGTCTAAATCTAGAAATT
TATTAAGAACAGAAGTCAAATTTATGCGCTCATAAGATTATTAATTGGCTTAGAACAA
CAAATTA
```

> **recA**

Function: protein coding sequence; recombinase A (core genome, constant)

Best match: recA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000234.1[54337:55380] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 54176 ... 55220; Length: 1044 bp

Sequence:

```
TTGATAACGATCGTCAAAAAGCTTTAGATACAGTAATTTAAAATATGGAGAAATCTTTC
GGTAAAGGTGCCGTAATGAAGTTGGGTGACAATATAGGTCCGCCGAGTTTCAACTACATCA
ACTGGTTCAGTTACATTAGATAAATGCGCTAGGTGTAGGTGGCTATCCTAAAGGACGAATT
ATTGAAATTTATGGTCCTGAAAGTTCTGGTAAGACAACAGTAGCGCTTCACGCTATTGCT
GAAGTACAAAGTAATGGCGGGGTGGCAGCATTTATCGATGCTGAACATGCTTTAGATCCA
GAATATGCTCAAGCATTAGGCGTAGATATCGATAATTTATATTTATCGCAACCGGATCAT
GGTGAACAAGGTCTTGAAATCGCCGAAGCATTGTTAGAAAGTGGTGCAGTTGATATTGTA
GTTGTAGACTCAGTTGCTGCTTTAACACCTAAAGCTGAAATTGAAGGAGAAATGGGAGAC
ACTCACGTTGGTTTACAAGCTCGTTTAAATGTCACAAGCGTTACGTAAACTTTACGGTGCTA
TTTCTAAATCAAATACAACCTGCTATTTTCATCAACCAAATTCGTGAAAAGTTGGTGTAT
```

GTTCGGTAATCCAGAGACTACACCAGGTGGACGTGCATTAAAATTCTATAGTTCAGTAAG
ACTAGAAGTACGCCGTGCAGAACAGCTTAAACAAGGACAAGAAATTGTAGGTAATAGAA
CTAAAATTAAGTCGTTAAAAATAAAGTGGCACCACCATTTAGAGTAGCTGAAGTTGATA
TTATGTATGGACAAGGTATTTCTAAAGAGGGTGAACCTATTGATTTAGGTGTTGAAAACG
ACATCGTTGATAAATCAGGAGCATGGTATTCTTACAATGGCGAACGAATGGGTCAAGGTA
AGGAAAATGTTAAAATGTACTTGAAAGAAAATCCACAAATTAAGAAGAAATTGATCGT
AAATTGAGAGAAAATTAGGTATATCTGATGGTGTGTTGAAGAAACAGAAGATGCACC
AAAGTCATTATTTGACGAAGAATAG

> **rny**

Function: protein coding sequence; ribonuclease Y (core genome, constant)

Best match: rny_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1282104:1283663]

Position: 031-contig_247: 55573 ... 57133; Length: 1560 bp

Sequence:

GTGAATTTATTAAGCCTCCTACTCATTGCTGGGGATCATTCTAGGAGTTGTTGGAGGGT
ATGTTGTTGCCGAAATTTGTTGCTTCAAAAGCAATCACAAGCTAGACAAACTGCCGAAG
ATATTGTAAATCAAGCACATAAAGAAGCTGACAATATCAAAAAGAGAAATTACTTGAG
GCAAAGAAGAAAACCAAATCCTAAGAGAACAACCTGAAGCAGAACTACGAGAAAGAC
GTAGCGAACTTCAAAGACAAGAAACCCGACTTCTTCAAAAAGAAGAAAACCTTAGAGCGC
AAATCTGATCTATTAGATAAAAAAGATGAGATTTTAGAGCAAAAAGAATCAAAAATTGA
AGAAAACAACAACAAGTAGATGCAAAAGAGAGTAGTGTTCAAACGTTAATAATGAAGC
ATGAACAAGAATTAGAACGCATCTCCGGTCTCACTCAAGAAGAAGCTATTAATGAGCAA
CTTCAAAGAGTAGAGGAAGAAGTGTCAAGATATTGCAGTACTTGTTAAAGAAAAGA
AAAAGAAGCTAAAGAAAAAGTTGATAAAACAGCAAAAGAATTATTAGCTACAGCAGTAC
AAAGATTAGCAGCAGATCACACAAGTGAATCAACGGTATCAGTAGTTAACTTACCTAATG
ATGAGATGAAAGGTCGAATCATTGGACGAGAAGGACGAAACATCCGCACACTTGAACCT
TTAACTGGCATTGATTTAATTATTGATGACACACCAGAAGCGGTTATATTATCTGGTTTTG
ATCCAATAAGAAGAGAAATTGCTAGAACAGCACTTGTTAACTTAGTATCTGATGGACGTA
TTCATCCAGGTAGAATTGAAGATATGGTTCGAAAAGCTAGAAAAGAAGTAGAGGATATT
ATTAGAGAAGCAGGTGAACAAGCTACATTTGAAGTGAACGCACATAATATGCATCCTGA
CTTAGTAAAAATTGTAGGGCGTTTAACTATCGTACGAGTTACGGTCAAATGTACTTAA
ACATTCAATTGAAGTTGCGCATCTTGCTAGTATGTTAGCTGCTGAGCTAGGCGAAGATGA
GACATTAGCGAAACGAGCTGGACTTTTACATGATGTTGGTAAAGCAATTGATCATGAAGT
AGAAGGTAGTCATGTTGAAATCGGTGTAGAATTAGCGAAAAAATATGGTGAAAATGAAA
CGGTTATTAATGCAATCCATTCTCATCATGGTGTGTTGAACCTACATCTATTATATCTAT
CCTTGTTGCTGCTGCAGATGCATTGTCTGCGGCTCGTCCAGGTGCAAGAAAAGAAACATT
AGAGAATTATATTCGTCGATTAGAACGTTTAGAAAACGTTATCAGAAAGTTATGATGGTGT
AGAAAAGCATTGCGATTCAGGCAGGTAGAGAAATCCGAGTGATTGTATCTCCTGAAG
AAATTGATGATTTAAAATCTTATCGATTGGCTAGAGATATTAATAATCAGATTGAAGATG
AATTACAATATCCTGGTCATATCAAGGTGACAGTTGTTTCGAGAGACTAGAGCAGTAGAAT
ATGCGAAATAA

> **porA**

Function: protein coding sequence; pyruvate ferredoxin oxidoreductase alpha chain (core genome, constant)

Best match: porA_CC005_Mu50-omega_BABM01000001.1[1362657:1364417]

Position: 031-contig_247: 58755 ... 60516; Length: 1761 bp

Sequence:

ATGAAACCACAATTATCGTGGAAAGTTGGCGGTCAACAAGGCGAAGGTATTGAATCAAC
TGGGGAAATCTTCGCTACGGCTATGAATAGAAAAGGATATTATTTATATGGATATAGACA
TTTTTCAAGTCGTATCAAAGGTGGACATACGAATAATAAAATTAGAGTTTCTACGACGCC
TGTTTCATGCAATTAGTGATGATTTAGATATTTTGATTGCATTTGACCAAGAAACAATTGAT
GTAAACCATCATGAAATGAGAGAAGACAGTACTATTTTAGCTGATGCCAAGGCTAAACCT
GTGAAACCAGAAGGATGTCATGCACAGCTTATTGAATTACCTTTTACAGCAACCGCTAAA
GAATTAGGTACAGCATTAAATGAAAACATGGTTGCAATAGGTGCTACTAGCGCATTGATG

AATTTGAATACAAATACATTTGAAGAACTTATTACTAATATGTTTTCTAAAAAAGGTGAC
AAGGTAGTTGAAGTCAATATCCAAGCATTAACGAAGGTTATCAATTAATGCAATCCCGC
TTACCTGAAATCGACGGGACTTTGAATTAGAGTCAACAGATGCACTACCACATCTATAT
ATGATTGGTAACGATGCCATTGGATTAGGTGCAATTGCTGCAGGTTACAATTTATGGCG
GCATATCCTATTACACCTGCGTCTGAAGTTATGGAATATATGATTGCCAATATATCTAAAG
TAAACGGAGCGGTTATTCAAACAGAAGATGAAATTGCTGCTGTAACCTATGGCTATTGGTG
CAAATTATGGTGGAGTCAGAGCGTTTACGGCTAGTGCTGGTCCAGGTTTATCTTTAATGAT
GGAAGCAATTGGATTATCTGGTATGACTGAAACGCCATTAGTCATTATTAATACTCAACG
AGGTGGACCTTCTACTGGATTACCTACGAAACAAGAACAGTCAGATTTAATGCAAATGAT
TTATGGTACACATGGTGATATTCCAAAAATAGTTGTAGCACCAACTGATGCAGAAGATGC
ATTTTATTTAACTATGGAAGCCTTTAATTTAGCAGAACAATATCAATGCCCTGTTATAGTT
TTAAGTGATTTGCAATTATCTTTAGGTAAACAACTGTTGAAAAATTAGATTATAATCGC
ATTGAAATTAACGTGGTGAATCATTCAATCTGATATTGAACGTGAAGAAGATGATAAA
GGTTATTTCAAGCGTTATGCGTTAACATCCAATGGTGTTCCTAGACCTATCCCCGGTG
TTAAAGGAGGTATTCATCATATAACTGGTGTGGAACACAATGAAGAAGGTAACCTAGT
GAATCTGCGTCAAATAGACAACAACAATGGAAAAACGAATGCGTAAAATTGAGCAGTT
ACTAATTGAATCGCCAGTAGAAGCTAACTTACAACATGAGGATGCAGATATTCTTTATAT
CGGTTTTATTTCTACAAAAGGTGCAATTCAAGAAGGTAGTAACCGTTTGAATCAACAAGG
CATAAAAGTTAACTACTATACAAATTAGACAATTGCATCCATTCCCAACAAGCGTTATTCA
AGATGCAGTTAATAAAGCGAAGAAAGTCGTTGTAGTGGAGCACAATTATCAAGGACAAT
TGGCTAGTATTATAAAAATGAATGTCAATATTCATGATAAGATTGAAAATTATACAAAGT
ATGATGGGACACCTTTCCTACCACATGAAATCGAAGAAAAAGGCAAAATAATTGCTACTG
AAATAAAGGAGATGGTATAG

> **porB**

Function: protein coding sequence; 2-oxoglutarate ferredoxin oxidoreductase subunit beta (core genome, constant)

Best match: porB_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1252184:1253050]

Position: 031-contig_247: 60516 ... 61383; Length: 867 bp

Sequence:

ATGGCGACATTTAAAGATTTTAGAAATAATGTTAAGCCTAACTGGTGCCCTGGATGTGGC
GATTTCTCAGTACAAGCTGCAATTCAAAAAGCAGCCGCAAATATAGGGTTAGAACCCTGAA
GAAGTAGCTATCATCACCGGTATAGGATGTTCTGGCCGTCTTTCAGGATATATTAATTCTT
ATGGCGTTCATTCTATTACGGACGTGCATTACCTTTAGCTCAAGGTGTA AAAAATGGCGA
ATAAAGATTTAACTGTTATTGCATCTGGAGGAGATGGTGATGGTTATGCTATAGGTATGG
GGCATACAATCCATGCTTTAAGAAGAAATATGAACATGACGTATATAGTCATGGATAATC
AAATTTATGGTTTGACAAAGGGACAAACATCGCCGTCATCAGCAGTAGGATTTGTTACTA
AAACAACGCCAAAAGGTAATATAGAAAAAAATGTTGCGCCTTTAGAATTAGCATTATCAT
CTGGTGCCACATTTGTAGCCCAAGGTTTTTCAAGTGATATTAAAGGATTAACAAA ACTAA
TTGAAGATGCAATTAATCATGATGGATTTTCATTCGTTAATGTCTTTTCACCATGTGTGAC
TTATAATAAAATTAACACATACGATTGGTTTAAAGAACATTTAACAAGTGTTGATGACAT
TGAAAATTATGATTCTACAGATAAACAATTAGCGACTAGA ACTGTTATTGAACATGAATC
TTAGTAACTGGTATTGTTTATCAAGATAAAGAAACACCATCATATGAATCTCAAATTA
AGAGTTAGATGATACACCACTTGCTAAAAGAGATATCAA AATTACTGAAGACACGTTCAA
TGCATTA ACTGAACAATTTATTTAA

> **miaB**

Function: protein coding sequence; (dimethylallyl)adenosine tRNA methylthiotransferase (core genome, constant)

Best match: miaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1288434:1289978]

Position: 031-contig_247: 61903 ... 63448; Length: 1545 bp

Sequence:

GTGAACGAAGAACAAGAAAAGCAAGTTCTGTGGATGTTTTAGCTGAGAGAGATAAGAA
AGCAGAAAAAGATTATAGTAAATATTTTGAACATGTTTATCAACCGCCTAATTTAAAAGA
AGCGAAAAAAGAGGTAACAAGAAGTTCGTTATAATAGAGATTTCAAATTGATGAAA

AATATCGCGGTATGGGGAACGAGCGTACATTTTTAATTA AAAACATATGGATGTCAAATGA
ATGCACATGACACTGAGGTCATTGCTGGTATACTTAAAGCATTAGGCTATCAAGCAACGA
CTGATATTAACACTGCAGATGTTATTTTTAATTAATACATGTGCGATTAGAGAAAATGCCG
AGAACAAAGTGTTTAGTGAAATAGGTAATTTGAAGCATTGAAAAAAGAACGACCTGAT
ATTTTTAATCGGTGTTTGTGGTTGTATGTCACAAGAAGAGTCAGTAGTGAATAAAAATTTA
AAATCGTATCAAAATGTAGATATGATATTTGGTACACATAATATTCATCATTACCAGAA
ATTTTAGAAGAAGCATACTTATCTAAAGCAATGGTTGTTGAAGTATGGTCTAAAGAAGGA
GACGTTATTGAAAATCTTCCAAAAGTCCGTGAAGGCAACATTAAAGCATGGGTCAATATT
ATGTATGGTTGTGATAAGTTTTGTACATATTGTATTGTTCCATTTACAAGAGGTAAAGAAC
GAAGCCGTAGACCTGAAGACATTATAGATGAAGTACGTGAACCTTGCTCGTGAAGGTTACA
AAGAAATAACGCTTTTAGGTCAAAATGTAAATCTTATGGTAAAGATTTACAGGATATAG
AATATGACTTAGGAGATCTTTTACAAGCAATTTCTAAAATAGCGATTCCAAGAGTTCGTTT
CACAACAAGTCATCCTTGGGACTTTACAGATCACATGATTGATGTTATTTACAGAGGGTGG
TAATATCGTTCGCGATATCCACTTGCCAGTTCAATCTGGAAATAATGCAGTATTA AAAAT
AATGGGTAGAAAATATACACGAGAAAGTTATTTGGATTTAGTAAAACGAATCAAAGATA
GAATTCCTAATGTAGCATTAACTACAGATATTATTGTAGGGTATCCAAATGAATCAGAGG
ACAATTTGAAGAACTTTAACTCTGTATGATGAAGTTGGTTTTGAACATGCATATACGT
ACTTGTATTCACAACGTGATGGTACGCCTGCTGCTAAAATGAAAGATAATGTACCTTTAG
ATGTCAAAAAGGAACGATTGCAACGTTTGAATAAAAAAGTTGGTCATTATTCACAAATAG
CTATGAGTAAGTACGAAGGACAACTGTAACAGTACTTTGTGAAGGTAGTAGTAAAAAA
GATGATCAGGTTCTTGCTGGCTACACTGATAAAAATAAGCTAGTTAATTTCAAAGCGCCT
AAAGAAATGATTGGTAAACTAGTGGAAGTACGAATAGATGAAGCTAAACAGTATTCATT
AAATGGCAGTTTTGTAAAGGAAGTAGAGCCGAAATGGTGATTCAATAA

> **thiW**

Function: protein coding sequence; ThiW family protein (core genome, constant)

Best match: thiW_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[99053:99544:r] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 63840 ... 64332; Length: 492 bp

Sequence:

ATGAAATCAAGAAAACCTGGCTATAACTGCACTTTTAATTGCAATAAATGTTGTATTAAGC
AGTATTATCATCATTCCTCTAGGACCAGTTAAGGCAGCACCAGTACAGCATTGTTGTAAT
GTATTAAGTGCGGTGATAGTAGGTCCTTGGTATGGATTAGCTCAAGCGCTTATATCATCA
ATTTAAGAGTTCTTTTTGGTACTGGTACAGCTTTTGCATTTCCGGGTAGTATGATTGGAG
TTTTATTGGCTAGTATGTTTTACATATATCGTAAACATATATTTATGGCCGCGGTCCGGTGA
AGTACTTGGAACCTGGTGTATCGGAAGTTAATTTGTATACCATTAGCATATTTCTTGGG
CTTCAAGACTTCTTCATTA AACCGTTAATGATTACGTT CATAGTCTCAAGTGCTATCGGAT
CTATTATAAGTTATTTCTTATTAATTA ACTCTAAAAAACGTGGTATTCTTCAAAGGTTTAT
AAAATAA

> **mutS**

Function: protein coding sequence; DNA mismatch repair protein (core genome, constant)

Best match: mutS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1291165:1293783]

Position: 031-contig_247: 64634 ... 67253; Length: 2619 bp

Sequence:

ATGTCTAATGTTACACCAATGATGCAGCAATATTTAAAAATAAAATCAGAATACCAAGAT
TGCTTATTATTTTTAGACTAGGTGATTTCTATGAAATGTTTTATGAAGATGCCAAGGAGG
CATCACGTGTACTTGAAATTACTTTAACTAAAAGAGATGCTAAAAAAGAAAATCCAATTC
CGATGTGTGGTGTCCGTATCATTCTGCAGATAGTTATATAGATACACTTGTTAATAATGG
ATATAAAGTAGCTATTTGTGAACAGATGGAAGATCCGAAACAAACGAAAGGTATGGTTA
GACGTGAGGTAGTAAGAATTGTGACTCCAGGA ACTGTGATGGAGCAAGGTGGTGTAGAT
GATAAACAAAATAACTATATTTTAAAGTTTTGTTATGAATCAACCTGAAATTGCGCTTAGTT
ACTGTGATGTTTCTACTGGCGAATTAAGGTTACACATTTTAAATGATGAAGCGACTTTATT
AAATGAAATTACGACGATAAACCTAACGAAGTTGTTATCAATGACAATATTTCCGATAA
TTTAAAAAGACAAATTAATATGGTGACAGAAACAATAACAGTCAGGGAAACGTTATCAT
CAGAAATCTATAGTGTGAATCAA ACTGAACATAAATTAATGTATCAAGCGACACAATTAT

TGCTAGATTATATTCATCATACACAAAAACGTGATTTATCGCATATCGAGGATGTTGTTCA
ATATGCAGCTATAGATTATATGAAAATGGATTTTTATGCTAAGAGAAACCTTGAGTTAAC
GGAAAGCATTTCGATTAATAAATCAAAAAAAGGAACGCTACTTTGGCTAATGGACGAAACGA
AAACACCAATGGGAGCACGCCGCTTAAACAATGGATAGATAGACCACTAATAAGTAAA
GAACAAATTGAAGCACGATTAGATATCGTTGATGAATTTAGTGCTCATTTTCATAGAAAAGA
GACACCTTAAGAACATATCTTAATCAAGTGTATGATATTGAACGTCTTGTGGGCGTGTTA
GTTACGGAAATGTTAATGCGAGAGATTTAATTCAACTTAAACATTCCATTTCTGAAATAC
CGAATATTAAGCATTACTAAATTCTATGAATCAGAATACTCTTGTACAAGTTAATCAAC
TAGAACCCCTTGATGATTTACTTGATATATTAGAACAGAGTTTAGTAGAAGAACCACCAA
TTTCAGTTAAAGATGGCGGACTATTCAAAGTTGGTTTTAATACGCAATTAGATGAATATCT
TGAAGCTTCAAAAAACGGAAAAACATGGTTAGCAGAATTACAAGCCAAAGAAAGACAAC
GTACAGGAATAAAATCATTGAAAATAAGCTTTAATAAAGTGTGGTTATTTTATAGAAA
TAACACGTGCCAACTTGCAAAATTTTGAACCAAGTGAATTTGGTTATATGAGGAAGCAA
CGTTATCGAATGCTGAACGTTTTATAACTGATGAACTTAAAGAAAAAGAAGATATCATTT
TAGGTGCGGAAGACAAAAGCCATCGAATTAGAATATCAATTATTTGTTTCAGCTACGTGAAG
AAGTTAAAAATATACTGAACGTTTACAACAACAAGCTAAAATTATTTTCAGAGCTAGATT
GTTTACAGAGCTTTGCAGAAATTGCTCAAAAATATAATTACACTAGGCCTTCATTTAGTG
AAAATAAACATTAGAATTAGTGGAATCTAGGCACCCAGTAGTGGAAGAGTAATGGAT
TATAATGACTATGTGCCTAATAATTGTCGATTAGATAATGAAACATTTATATATTTAATTA
CAGGTCCGAATATGTCTGGTAAATCGACATATATGAGACAAGTTGCCATAATTAGTATAA
TGGCCCAAATGGGAGCTTATGTCCCTTGTAAGAGGCAGTGTTACCTATATTTGATCAA
TATTCCTAGAAATAGGTGCGGCAGATGATTTGGTTTCAGGTAAGAGTACGTTTATGGTAG
AAATGCTAGAAGCACAAAAGGCATTAACCTTATGCAACAGAGGATAGTTTGATTATTTTCG
ATGAAATTGGACGTGGTACTTCAACGTATGACGTTTTAGCTTTAGCGCAGGCAATGATAG
AGTATGTAGCTGAAACATCGCATGCTAAAACGTTATTTTCAACACATTATCATGAATTGA
CAACATTAGATCAAGCATTACCAAGTCTAAAAAATGTTACGTCGCTGCTAATGAATATA
AAGGTGAACTTATATTCTTGCATAAAGTCAAAGATGGTGCAGTTGACGATAGTTATGGTA
TTCAAGTTGCGAAATTAGCTGATTTACCTGAAAAAGTTATTAGCAGAGCACAAAGTGATCC
TAAGCGAGTTTGAAGCGTCTGCTGGTAAAAAATCATCGATATCAAATTTAAAAATGGTCG
AAAATGAACCTGAAATTAATCAAGAAAATTTAACTTAAGTGTGAAGAAACAACCTGAT
ACTTTATCCCAAAAAGACTTTGAACAAGCATCATTTGATTTGTTTGAAGAAATGATCAAGAA
AGCGAGATTGAACTACAAATTAATAAATTTGAATTTATCTAATATGACACCAATTGAGGCA
TTGGTGAAGTTAAGTGAATTACAAAATCAATTAATAATAG

> **mutL**

Function: protein coding sequence; DNA mismatch repair protein (core genome, constant)

Best match: mutL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1293796:1295805]

Position: 031-contig_247: 67265 ... 69275; Length: 2010 bp

Sequence:

ATGGGGAAAATTAAGAAGCTCCAAACCTCATTAGCAAATAAAAATCGCAGCAGGTGAAGT
AGTTGAAAGACCGAGTTCTGTTGTGAAAGAACTGTTGGAAAATGCTATAGATGCAGGCGC
TACAGAAATAAGCATTGAAGTAGAGGAATCTGGCGTCCAATCTATTCGCGTAGTCGATAA
TGGAAGCGGAATTGAAGCGGAAGACTTAGGATTAGTATTTTCATAGACATGCGACTAGTA
AATTAGATCAAGATGAAGATTTATTTTCATATTAGGACATTAGGATTCCGTGGTGAAGCAC
TAGCCAGTATTTTCATCAGTTGCTAAAGTAACATTGAAGACTTGCACGGATAATGCTAATG
GAAATGAAATATATGTAGAAAATGGTGAATATTAATCATAAGCCTGCAAAAAGCGAAA
AAAGGAACAGATATACTTGTAGAATCATTATTTTATAATACACCAGCACGTTTAAAATAT
ATTAAGTTTATACACTGAACTAGGTAATAACAGATATTGTCAACAGAATGGCAATG
AGCCATCCGGACATTTCGAATAGCACTCATTTTCAGATGGCAAAAACAATGTTAAGTACAAAT
GGTTCAGGACGAACTAATGAAGTATGGCAGAGATTTATGGGATGAAAGTTGCACGAGA
TTTAGTACATATATCTGGAGATACAAGTGATTATCACATTGAAGGTTTTGTTGCAAAGCCT
GAACATTCTAGAAGTAATAAGCACTATATTTCTATTTTTATTAATGGACGATACATTA
ACTTTATGCTAAATAAAGCGATTTTGAAGGCTATCATACACTCTTAACAATAGGTAGGT
TCCCGATTTGTTATATTAATATTGAAATGGATCCAATCTTAGTAGACGTAATGTTTCATCC
AACAAAACCTAGAAGTGCCTTTATCAAAAAGAAGAGCAACTATACCAATTGATTGTGAGCA
AAATACAAGAAGCATTTAAAGACCGTATATTAATTCCTAAAAATAACTTGGATTATGTGC

CGAAAAAAAAATAAAGTGTTACATTCATTCGAACAACAAAAATCGAATTTGAACAAAGA
CAAAACACAGAGAATAATCAAGAGAAGACGTTTTTCATCTGAAGAAAGTAACAGTAAGCC
ATTTATGGTAGAAAATCAAACGATGAAATAGTTATAAGAGAAGATTCATATAATCCATT
CGTAACGAAAACGTCTGAAAGTTTAATAGCTGATGATGAATCTTCCGGTTATAATAATAC
ACGTGAAAAAGATGAAGACTACTTCAAAAAGCAACAAGAAATTCTACAAGAAATGGATC
AAACATTTGATTTCGAATGACGATACATCTGTGCAAAATTATGAGAATAAAGCGTCTGATG
ATTATTATGATGTAAACGATATTAAGGAACAAAAAGTAAAGACCCTAAACGAAGAATT
CCATATATGGAAATTGTTGGCCAAGTACATGGAACGTATATTATTGCTCAAAATGAATTT
GGCATGTACATGATTGACCAGCATGCAGCTCAAGAAAGAATAAAAATATGAATATTTTCGA
GATAAAATAGGTGAAGTTACCAATGAAGTACAAGATTTATTAATCCCGTTAACATTTTCAT
TTTTCAAAAGATGAACAATTAGTCATTGATCAATATAAAAATGAGCTTCAACAAGTAGGT
ATCATGTTAGAACATTTTGGTGGTCATGATTATATTGTAAGTAGCTATCCAGTTTGGTTCC
CTAAAGATGAAGTAGAAGAAATTATTAAGATATGATTGAGCTAATTTTGGAAAGAGAAA
AAAGTAGATATCAAAAAATTACGTGAAGATGTAGCAATCATGATGTCATGTAAAAAATCT
ATTAAGCGAATCATTATTTACAAAAACATGAAATGTCTGATTTAATTGATCAATTAAGA
GAAGCGGAAGATCCATTTACATGTCCACATGGTCGTCCAATTATCATTATTTTCAAAAT
ACGAATTAGAAAAATTATTTAAGCGTGTGATGTAG

> **glpP**

Function: protein coding sequence; glycerol uptake operon antiterminator regulatory protein (core genome, constant)

Best match: glpP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1295820:1296353] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 69289 ... 69823; Length: 534 bp

Sequence:

GTGAATAACAACATATTGCCTGCCATAAGAAACATTAAGATTTAGAGAAACTGATTAAA
ACAGATTATAAAATGTGTGTGCTTCTAGATATGCATATAGGACATATAAAAAGTATTATG
GAATTGCTGAAGCAAAATCATATAGAGTGTTTTATTTCATATAGATTTGATAAAAGGTTTA
AGCCACGATGAATTTGCAAGTGAATTTATTATTCAGCAATACAAGCCAAAAGGTATCGTA
TCGACTAAATCTAAAGTAATAAAAAAAGCTAAATCATTAAATACTTTAACGATTTTTAGA
GTATTTATTATTGATAGTCAAGCATTGAAACGCAGTATAGATTTGATAAAAAAAGTTGAA
CCTGATTTTGTGGAAGTACTTCCAGGTGTTGCGAGTAAAGCGATTCATCATATTCAGAAA
GAAACAAACACACAAGTCATTGCAGGTGGCCTAATTAATACAATAGATGAAGTCAATGA
AGCTGTTAAAAATGGAGCGAAATATGTAACAACACTAGTTATGATAAACTTTGGTAA

> **glpF**

Function: protein coding sequence; glycerol uptake facilitator (core genome, constant)

Best match: glpF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1296828:1297646] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 70297 ... 71116; Length: 819 bp

Sequence:

ATGAATGTATATTTAGCAGAATTCCTAGGAACTGCAATCTTAATCCTTTTTGGTGGTGGCG
TTTGTGCCAATGTCAATTTAAAGAGAAGTGCTGCGAATGGTGCTGATTGGATTGTCATCA
CAGCTGGATGGGATTAGCGGTTACAATGGGTGTGTTTGCTGTCCGGTCAATTCTCAGGTG
CACATTTAAACCCAGCGGTGTCTTTAGCTCTTGCATTAGACGGAAGTTTTGATTGGTCATT
AGTTCCTGGTTATATTGTTGCTCAAATGTTAGGTGCAATTGTCGGAGCAACAATTGTATGG
TTAATGTACTTGCCACATTGGAAAGCGACAGAAGAAGCTGGCGCGAAATTAGGTGTTTTTC
TCTACAGCACCGGCTATTAAGAATTACTTTGCCAACTTTTTAAGTGAGATTATCGGAACA
ATGGCATTAACTTTAGGTATTTTTATTTATCGGTGTAACAAAATTGCCGATGGTTTAAATC
CTTTAATTGTCGGAGCATTAAATTGTTGCAATCGGATTAAGTTTAGGCGGTGCTACTGGTTA
TGCAATCAACCCAGCACGTGATTTAGGTCCGAGAATTGCACATGCGATTTTACCAATAGC
TGGTAAAGGTGGTTCAAATTGGTCATATGCAATCGTTCCTATCTTAGGACCAATTGCCGGT
GGTTTATTAGGTGCAGTGGTATACGCTGATTTTTATAAACATACATTTAATATTGGTTGTG
CAATTGCAATTGTTGTAGTTATTACTTTGATTTTAGGTTACATTTTAAATAAATCATCA
AAAAAAGGTGATATCGAATCAATTTACTAA

> **glpK**

Function: protein coding sequence; glycerol kinase (core genome, constant)

Best match: *glpK_CC001_MSSA476_BX571857.1*[1326270:1327766]

Position: 031-contig_247: 71244 ... 72741; Length: 1497 bp

Sequence:

```
ATGGAAAAATATATTTTATCTATAGACCAAGGAACAACAAGCTCAAGAGCGATTTTATTC
AATCAAAAAGGGGAAATTGCAGGGGTAGCACACCGTGAGTTTAAGCAATATTTTCCACA
ATCAGGTTGGGTTGAACATGATGCAAATGAAATTTGGACATCTGTGTTAGCTGTAATGAC
GGAAGTAATTAATGAAAATGATGTTAGAGCTGATCAAATTCAGGAATCGGTATTACAA
ACCAACGTGAAACAACGGTTGTTTGGGACAAACATACTGGCCGCCCAATTTATCACGCAA
TTGTTTGGCAATCACGTCAAACACAATCAATTTGTTTCAGAGTTAAAACAACAAGGATATG
AACAAACATTTAGAGATAAGACAGGATTACTTTTAGATCCGTATTTTGCAGGTACAAAAG
TTAAATGGATTCTAGACAATGTTGAAGGTGCACGAGAAAAAGCAGAAAATGGCGATCTA
TTATTTGGAACGATTGATACTTGGTTAGTATGGAAATTATCAGGAAAAGCTGCGCATATT
ACTGATTATTCAAATGCGAGTCGTACATTAATGTTTAATATCCATGATTTAGAATGGGAC
GATGAGTTATTAGAACTACTTACAGTACCTAAAAATATGTTGCCAGAAGTTAAAGCTTCG
AGTGAAGTATATGGTAAGACAATTGATTACCACTTCTATGGTCAAGAAGTACCAATCGCT
GGAGTAGCTGGTGATCAACAAGCAGCATTATTTGGACAAGCTTGCTTCGAACGTGGTGAC
GTGAAAAACACATATGGAACCTGGTGGCTTCATGTTAATGAATACAGGTGACAAAGCGGTT
AAATCTGAAAGTGGTTTATTAACAACAATTGCTTATGGTATTGATGGAAAAGTAAATTAT
GCGCTTGAAGGTTCCATCTTTGTTTCGGGTTTCAGCAATCCAATGGTTACGTGATGGATTAA
GAATGATTAATTCAGCACCACAATCAGAAAGTTATGCGACACGAGTTGACTCTACTGAGG
GTGTTTATGTTGTTCCAGCTTTTGTAGGTTTAGGAACACCATATTGGGATTCTGAAGCACG
TGGTGCGATTTTTCGGTTTAAACACGTGGAACCTGAAAAAGAGCACTTTATCCGTGCAACTTT
AGAATCACTATGTTACCAAACCTCGTGACGTTATGGAAGCAATGTCAAAAAGACTCTGGTAT
TGATGTCCAAAGTTTACGTGTGCGATGGTGGTGCAGTTAAAAATAACTTTATTATGCAGTTC
CAAGCAGACATTGTTAATACTTCTGTTGAAAGACCTGAAATTCAAGAACTACAGCTTTA
GGTGCTGCATTTTATAGCAGGTTTAGCAGTTGGATTCTGGGAGAGTAAAGATGATATCGCT
AAAAACTGGAATTAGAAGAAAAATTCGATCCGAAAATGGATGAAGGCGAAAGAGAAA
AATTATATAGAGGTTGGAAAAAAGCTGTTGAAGCAACACAAGTTTTTAAAACAGAATAA
```

> **glpD**

Function: protein coding sequence; aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: *glpD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1299381:1301102]

Position: 031-contig_247: 72850 ... 74572; Length: 1722 bp

Sequence:

```
ATGTGGGACAAGTCTCTCGTTTTTACATTTTTTAGGAGGCGTTTTGGAATGGCATTGTCTA
CTTTTAAGAGAGAACATATTA AAAAAGAATTTAAGAAATGATGAATATGATTTAGTAATTA
TTGGTGGCGGTATTACAGGTGCAGGTATTGCACTAGACGCGAGTGAAAGAGGAATGAAA
GTTGCATTAGTTGAAATGCAAGACTTTGCACAAGGAACAAGCTCAAGATCTACAAAATTA
GTCCATGGTGGTTTTCGTTACTTAAAACAATTCCAAATTTGGAGTAGTTGCCGAAACTGGT
AAAGAACGTGCGATTGTTTATGAAAATGGGCCTCATGTTACGACTCCAGAGTGGATGCTT
TTACCAATGCATAAAGGTGGAACATTTGGTAAATTCTCAACATCAATTGGTTTAGGAATG
TATGATCGTTTAGCAGGTGTTAAGAAGTCTGAACGTAAAAAATGTTATCTAAAAAAGAA
ACTTTAGCTAAAGAACCATTAGTTAAAAAAGAAGGTCTAAAAGGCGGCGGTTACTATGTT
GAATATCGTACTGACGATGCGCGTTTAACTATTGAAGTTATGAAGCGTGCTGCTGAAAAA
GGCGCAGAAATTATCAACTATACTAAATCTGAACACTTCACTTATGATAAAAATCAACAA
GTAAATGGTGTAAAGTTATAGATAAATTA ACTAATGAAAATTATACAATTAAGGCTAAA
AAAGTGGTTAATGCAGCAGGTCCATGGGTTGATGATGTTAGAAGTGGTGATTATGCACGC
AATAATAAAAAATTACGTTTAACTAAAGGTGTACATGTTGTTATTGATCAATCAAATTC
CCATTAGGTCAAGCAGTATACTTTGATACTGAAAAAGATGGAAGAATGATTTTTGCAATT
CCACGTGAAGGAAAAGCGTATGTAGGTACTACAGATACATTCTATGACAATATCAAATCT
TCACCATTA ACTACACAAGAAGACAGAGACTATTTAATCGATGCGATTAATTACATGTTT
CCTAGTGTTAATGTTACAGATGAAGATATTGAATCAACATGGGCAGGAATTAGACCATTA
ATTTACGAAGAAGGCAAAGACCCTTCTGAAATCTCTCGTAAGGATGAAATTTGGGAAGGT
AAATCAGGTTTATTA ACTATTGCAGGTGGTAAATTAACAGGCTATCGTCACATGGCTCAA
```

GACATTGTTGATTTAGTATCTAAACGCTTGAAAAAAGACTACGGTTTAAACATTTAGTCCAT
GTAATACAAAAGGTCTGGCAATTTTCAGGTGGCGATGTAGGTGGTAGCAAGAAGTTTGTGATG
CGTTTGTAGAGCAAAAAGTAGATGTAGCTAAAGGATTTCGGCATTGATGAAGATGTTGCAA
GACGTTTAGCATCTAAATATGGTTCAAATGTTGATGAATTGTTCAACATTGCGCAAACAT
CTCAATACCATGATAGCAAGTTACCATTAGAAAATTTATGTAGAACTTGTTTATAGTATTCA
ACAAGAAATGGTATACAAACCTAACGATTTCTTAGTTCGTCGTTCTGGTAAAATGTATTTT
AATATTAAGATGTATTAGATTATAAAGATGCTGTATCGATATTATGGTAGATATGCTT
GATTACTCTCCAGCTCAAATTGAAGCATATACTGAAGAAGTTGAGCAAGCAATTAAAGAA
GCGCAACATGGAAATAATCAACCAGCAGTTAAAGAATAA

> **miaA**

Function: protein coding sequence; tRNA Delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (core genome, constant)

Best match: miaA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1302184:1303119] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 75653 ... 76589; Length: 936 bp

Sequence:

ATGAATAAAAATAAGCCTTTTATTGTAGTAATTGTGGGGCCAACCTGCTTCAGGTAAAACA
GAGCTTAGCATAGAACTCGCGAAGCGTATCAATGGTGAAATCATAAGCGGTGATTCTATG
CAAGTTTACAAACATATGAATATTGGAAC TGCAAAGTAACACCTGAAGAAATGGATGG
TATTCCACATCATTTAATTGATATCTTGAATCCTGATGATACATTTTCAGCATATGAATTC
AAGCGATTAGCAGAAGATTTAATTACTGATATAACGAATAGAGGTAAAGTTCCAATCATA
GCAGGTGGAACAGGCTTATATATTCAATCATTAAATATATAATTATGAATTAGAAGATGAA
ACAGTTACACCTGCACAATTATCCATAGTTAAACAAAAGTTATCTGCATTAGAACATTTA
GATAATCAGCAACTACACGATTATTTAGCTCAATTTGATGCGGTTTCTGCAGAAAATATTC
ACCCTAACAAACCGCCAAAGAGTGTTGCGCGCTATTGAATATTATTTAAAAACAAAAAAC
TTTTGAGTAATCGCAAGAAAGTGCAACAATTTACTGAAAATTATGATACATTATTATTAG
GGATTGAAATGTGCGGTAACACATTATATTCAAGAATAAATAAACGTGTTGATATTATGT
TGGATCACGGATTATTTAGAGAAGTGCAACAACCTGTTGAACAAGGCTATGAATCTTGCC
AAAGTATGCAAGCTATTGGATATAAAGAATTAATACCTGTGATTAACGGACAAATGATTT
ATGAAGATGCTGTCAATGATTTAAAGCAACATTCACGCCAATATGCAAAAACGACAAATG
ACATGGTTCAAGAATAAAATGAGTGTTTATTGGTTAGATAAAGAAAATATGTCACTTCAA
ATGATGTTAGATGAGATTACAACCCAGATTAAGTAA

> **hfq**

Function: protein coding sequence; RNA chaperone Hfq (core genome, constant)

Best match: hfq_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1303134:1303367] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 76603 ... 76837; Length: 234 bp

Sequence:

ATGATTGCAAACGAAAACATCCAAGACAAAGCACTAGAGAATTTTAAAGCAAACCAAAC
TGAAGTAACTGTATTCTTTCTAAACGGTTTCCAATGAAAGGTGTTATTGAAGAATACGA
CAAGTATGTGTAAGCTTAAATTCTCAAGGCAAACAACACTTGATTTACAAACATGCGAT
CAGCACTTATACAGTAGAACTGAAGGTCAAGCATCTACTGAAAGTGAAGAATAA

> **gpxA-L1**

Function: protein coding sequence; glutathione peroxidase locus 1 (core genome, constant)

Best match: gpxA-L1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1239095:1239571:r]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 77058 ... 77535; Length: 477 bp

Sequence:

TTATAATAATTTTTCTATTTCTCTTTTCGATTTGAACAGGTTTTTTTTTGAGGTGCAAATCGTT
TAACAACGTTACCTTCGCGATCCACTAAAACTTAGTGAAATTCCATTTGATTTTCTCATT
AAAGAATCCGTGTTGTGCCGAGTCAAATATCTAAATAAAGGTAATTGATGTTCCCTTTT
ACGTCTATTTTTGATGCATAGGGAAGGTAACACCATAGTTTAATTTACAGTTTTGAGCTG
CTTCTTCGCCTGAACCAGGTTCTTGGCCACCAAATTGATTACAAGGGAAACCTAGAATTA
CAAACCCTTGATCTTTGTATTTCTCGTATAATGATTGCAAACCTTCAAATTGTGAAGTAAA

GCCACATTCGCTAGCTGTATTAACAATTAGCATAACGTCACCCTTATATGCATCTAATTTG
TAAGTAACACCTTTATTTGTTTCTACTACAAAATCATAAATTGTCTCCAT

> **ynbA**

Function: protein coding sequence; GTP-binding proteinase modulator (core genome, constant)

Best match: ynbA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1239683:1240921] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 77646 ... 78885; Length: 1239 bp

Sequence:

ATGGCTCAGCAACAAATTCATGATACTAAAAATAAACTAGAAAAAGCTGTCTTAGTCCGGT
GTACATGCTCAAGATGATAAGCAATTTAATTTTGAGTCTACAATGGAGGAATTATCATCT
TTATCAGAGACTTGCCAACTTGAAGTGTGGGTCAAATTACTCAAACAGAGATCGTGTA
GATCGCAAATATTATGTTGGTAAAGGTAATAATTGAAGAAATTCAAGCATTATTGAGTTC
AAAGATATTGATGTAGTCATCACAATGATGAATTAACGACTGCACAATCCAAATCACTA
AATGAAGCTTTAGGTGTAATAATTATTGATAGAACTCAGTTGATTCTTGAAATATTTGCAT
TAAGAGCAAGAAGTAAAGAAGGTAATAATTGCAAGTAGAGCTAGCACAACCTTGATTATTTA
TTACCTAGATTGCAAGGCCATGGTAAAAGCCTTTCTCGTTTAGGTGGCGGTATTGGAAC
AGAGGCCCTGGTGAAACGAAGTTAGAGATGGATCGCAGACATATTCGAACTCGTATGAA
TGAAATTAACATCAATTGCGGACGGTAGAAGAACATCGCGAAAGATATCGAAATAAAA
GAAATCAAATCAGGTGTTTCAAGTAGCTTTAGTTGGTTATACAAATGCTGGTAAATCAT
CATGGTTTAATGTTTTAGCAAATGAAGAGACGTATGAAAAAGATCAATTATTTGCAACGT
TAGATCCTAAAACACGACAAATCAAATAAATGATGGATTAAATTAATTATTTTCAGATA
CTGTTGGTTTTATACAGAACTACCTACGACGTTAATTGCAGCTTTTAAATCAACTTTAGA
AGAGGCTAAAGGTGCAGATTTATTAGTACATGTCGTAGATAGTAGCCATCCTGAATACCG
TACGCAGTATGACACAGTTAATGATTTAATCAAACAATTAGATATGAGTCATATTTCTCA
AATAGTTATTTTTAATAAAAAGGACTTATGTGATCATGCATCAAATCGTCCAGCAAGTGA
TTTGCCTAATGTTTTTGTCTTCTTAAAATGATGGTGATAAATTACTTGTAAAGACGTTAT
TTATTGATGAAATCAAAGGCAATTAACCTATTATGATGAGACAATTGCGACGAATAATG
CAGATCGATTATATTTTCTAAAACAACATACATTAGTGACTGAACTTAAATATGATGAAA
TTGAAATGTTTATCGTATAAAAAGGATTTAAAAAATAA

> **glnR**

Function: protein coding sequence; glutamine synthetase repressor (core genome, constant)

Best match: glnR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1306916:1307284]

Position: 031-contig_247: 80384 ... 80753; Length: 369 bp

Sequence:

ATGATATCGAATGATGCAATCAGACGAAATATGGCTGTCTTCTCTATGAGTGTAGTAAGT
AAGTTAACGGATTTAACACCAAGGCAAATACGTTACTATGAAACACATGAACTCATCAAA
CCTGAAAGAACAGAAGGTCAAAAACGTCTGTTCTCACTCAATGATTTGGAAAGATTACTA
GAAATTAATCATTATTAGAAAAAGGATTTAATATCAAAGGGATTAAACAAATCATTTAT
GACTCACAAGAGCATTTAACAACAGATGAACAAGAGATAAGAAAAAAGATGATTGTAGA
TGCCACGCAAAAGCCTATTGGAGAACTTTGCCAATAAATCGTGGTGATTTATCCCGATT
TATTAAATAA

> **glnA**

Function: protein coding sequence; glutamine synthetase/type I (core genome, variable)

Best match: glnA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000234.1[80932:82272] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 80771 ... 82112; Length: 1341 bp

Sequence:

ATGCCAAAACGTACTTTCACTAAAGACGACATTCGTAAATTTGCAGAAGAGGAAAATGTA
AGATATTTAAGATTACAATTCAGTATTTTAGGAACAATTAATAAATGTTGAAGTGCCT
GTAAGCCAATTAGAAAAAGTACTTGATAACGAAATGATGTTTGACGGTTCTTCTATCGAA
GGTTTCGTACGTATCGAAGAATCAGATATGTACTTACATCCAGATTTAGATACTTGGGTA
ATCTTCCCATGGACTGCTGGACAAGGTAAGTTGCACGTTTAATTTGTGATGTATATAAA
ACAGATGGAACACCATTTGAAGGGGATCCTCGTGCAAATTAACGTTAAACGTTAATAAAGA
AATGGAAGATTTAGGCTTCACAGACTTTAACCTAGGGCCTGAACCAGAATTCCTTCTTGTTT

AAGTTGGATGAAAAAGGGGAACCAACTTTAGAACTTAATGATGATGGTGGATATTTTCGAT
TTAGCACCTACAGATTTAGGTGAAAAGTGTCTCGTCGTGATATTGTTTTAGAAATTAGAGGAT
ATGGGCTTCGATATTGAAGCTAGTCACCATGAAGTTGCCCTGGTCAACATGAAATTGAC
TTTAAATATGCAGATGCTGTTACAGCATGTGATAATATCCAAACATTTAAATTGGTTGTTA
AAACAATCGCACGTAAACATAATTTACACGCAACATTTATGCCTAAACCATTATTCGGTG
TGAATGGTAGCGGTATGCACCTTAAACGTTTCATTATTCAAAAGGTAAAGAAAATGCATTCT
TTGATCCAAATACTGAAATGGGCTTAAACGGAAACTGCATATCAATTTACAGCAGGTGTGC
TTAAAAATGCACGCGGATTTACTGCTGTATGTAACCCGTTAGTAAACTCATATAAACGTTT
AGTACCTGGTTATGAAGCACCATGTTATATTGCATGGAGTGGTAAAACCGTTCACCATT
AATCCGTGTACCATCTTCAAGAGGATTATCTACTCGTATCGAAGTACGTTACAGTAGATCC
AGCTGCAAACCCATACATGGCGTTAGCTGCAATCTTAGAAGCTGGACTAGATGGTATTAA
AAATAAATTTAAAGTTCCAGAACCAGTTAACCAAAAATATTTACGAAATGAACCGTGAAG
AACGTGAAGCAGTAGGCATTCAAGACTTACCTTCAACACTTTATACTGCATTAAAAGCAA
TGCGTGA AAAATGAAGTTATTA AAAAAGCTTTAGGAAATCATATCTATAATCAATTTATTA
ATTCAAAATCAATTGAATGGGATTACTACAGAACTCAAGTATCTGAATGGGAAAGAGATC
AGTACATGAAGCAATATTA

> **A6U1C8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A6U1C8_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[80583:80780:r] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 82604 ... 82802; Length: 198 bp

Sequence:

ATGAATTGCTATGATGAAATATTCAATACAATCAAAAAGTTGATAGAAAACAAAGAGAT
ATCGAGTTATCAAATTAATAAAGATACTGGGATAAGTTACGGTAATATTAATGCTATGCG
CCGTGGAGAAAGAAGAATAGAAAATTTAAGCTTAAAGAATTCAAAAATCTTATATGAAT
ATGCGAAAAAGGTATTATA

> **Q2FYY4**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2FYY4_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[79669:79893:r] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 83491 ... 83716; Length: 225 bp

Sequence:

TTGACAAAAATAATGAACCAGTTTAAAGAAATTTATAATACAATAGAAAAATTACTAAAT
GATAAAACAATATCTAATTATAGAATTAATCAAGACACTGGTGTTCCTTATGGTGGTATA
AGTGAATTAAGAAGCGGGAAAAGAAAAGTGAATAATTTAACTTTAGAAACAGCGGAAAA
ACTCTATAATTACCAAAAACAATTAGAAATAATGATTGAAGATTAA

> **A5ISJ3**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A5ISJ3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1310546:1310752] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 84012 ... 84219; Length: 207 bp

Sequence:

ATGAATGAGATTGAAACTATTATAAGTGAATAGAAAAGTTATTA ACTAACAATACACCA
TATAGTATTTCAAAAAGTCTCAGGTGTACCACGTCAAACAGTTACTGATTTAAAGGTAGGT
AAA ACTAAAATAAAAAGAAGCTAAATTTAAAACGATAATCAAGTTATATGAATATCAAAG
AACATTAGAAAATAAAAACAGAATGTTAA

> **Q2YXQ4**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q2YXQ4_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[77742:77927:r] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 85457 ... 85643; Length: 186 bp

Sequence:

ATGTCAGAATACAAGAAAAAGATAATTGAATTAATTGAAAGTAATTTAACAGGATATGA
AATTTCTAAAAAACTGGAGTTTCTCAATATGTACTTTCACAATTAAGACAGGGCAAACG

CGAAGTAGATAATCTAACCCTTAATACAACAGAAAAATTATATGAATATGCCAATAAAGT
TTTGTA

> **txbi_1000-3**

Function: ter bidirectional rho-independent terminator

Best match: txbi_1000-3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1312393:1312470]

Position: 031-contig_247: 85860 ... 85890; Length: 30 bp

Sequence:

TGGATCGTCTTGAAATGCTCCCTTCAAAGT

> **Q2YXQ3**

Function: putative protein (genomic island)

Best match: Q2YXQ3_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1312686:1312726]

Position: 031-contig_247: 86154 ... 86195; Length: 41 bp

Sequence:

ATGTTCAAAGTGAATTATTCGATTTTAAGTTATTATCCAGA

> **A6QGL3**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A6QGL3_CC093_JKD6159-ST93_CP002114.2[1298443:1299024]

Position: 031-contig_247: 86684 ... 86714; Length: 30 bp

Sequence:

ATGCTTTTTTA ACTATTTACTGAAATAGCA

> **Q8NWW7-L2**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q8NWW7-L2_CC030_58-424_ACUT01000044.1[91:613]

Position: 031-contig_247: 86843 ... 86873; Length: 30 bp

Sequence:

ATGATACCAGGTGTGAATGCGCCACCTATG

> **A6QGL6-Sepi**

Function: protein coding sequence; putative protein

Best match: A6QGL6-Sepi_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1280590:1281533]

Position: 031-contig_247: 86936 ... 86966; Length: 30 bp

Sequence:

GAGCGTGAAGGTAAATATCAAGTAGAAGAT

> **Q8NWX1**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q8NWX1_ref_CC001_MSSA476_BX571857.1[1342141:1342575] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 87113 ... 87548; Length: 435 bp

Sequence:

TTGCTTAAAGATGCCAAAGAAAACAATGATAGCAATGAAGTAGCTTATTTATTA AAAAGAT
GGTAAAGTTACAAAAGTATATGGTGATCAAGATAGTGTATCTTTTGCACCAGGGGAAAAA
GCAACAGAATTGTTATTTAACAGTAAACCGAATTCAATTGTTATGTTACATAACCATCCTG
GGCAGTCTAGTTTTTCTTACAGACTTGTATTTATTTATTTAATAATTCTATTA AAAACA
CTGACAATTGTTACAAATAAAGGTCAAACAAAGTACTTAACTAAGACAAAAGAATATTG
CAAATCAACTTGTATTGATTGTATTA AAAAATAATAA AAAAATAAGAATATAAAAAAATT
CAATCATAAGGATATTGATATGATTCTAAAGAGATTATATAATAGTGGTAACATAATATA
TAAAGTTAGGTGA

> **A6QGL8**

Function: protein coding sequence; aromatic amino acid beta-eliminating lyase/threonine aldolase (core genome, variable)

Best match: A6QGL8_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[72308:73333]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 90051 ... 91077; Length: 1026 bp

Sequence:

```
TTAGATTAATTCTAATAGTTTATTTAAATTTTCTTCGGTTGTTCGCCAGCTGGTTGCGAATC
TAACAACACGATGTTGATCATCGTATTTTTCCCAAACAGCAAATTTAACTTTTTGTTCTAA
CTCTGCTATTTTTCTCGTTACTTAAAATAAAAAATTGTTGATTGGTTGGAGAATCAAAGTAA
AGACGATAGCCTTTATTTTTAAACCCGCTTTTCATCTTATTTGCCATTTTCGATAGCATGTCT
GCTTATATATAAAATATAAATTGTCCGTAATAAATTCTAAAAATTGTATGCCTGTTAACCGT
CCTTTTGCTAAAAGGGCACCGTGGTGTGTTGATTTCGAGTGGTAAATTGTTTTGGTTCATTAT
TTTTTGTGAAAACAATAGCTTCTCCGCAAAGTGCACCAATCTTCGTACCACCTATATAAAA
TACATCACAATATTTAGCGATGTCTTTAATAGTCATATCTGATTGATCACTCATTAAATGCA
TATCCTAAACGTGCACCATCCATAAATAATGGAAGCTTATATTGCTTACATACTTTACATA
ACTCTTTCAATTCTGATTTAGAGTATAATGTGCCATATTCTGTAGGATGAGAAATATATAC
CATTCCTGGGAATACCATATGGTCCTTTTTAAAATCACTTTTAAATGTCTCCATGTAAGTT
TCAACATCTGAAGCACTAACTTTTCCTTCGTTAGATGCTAACGTAATTACTTTATGACCAC
TAAATTCAATAGCACCGCCTTCATGTACAGCAACATGTCCCGTATCCGCTGACAATACAC
CTTCGTAGCTTTCTAACATTGAATTAATAACAACCTGATTGGTTTGCCTCCACCTACTAA
AAAACGGATAGTAGCATTGGACAATCAATTGTATCTTTAATCTTTTCAATTGCCTGAGCT
GTGAATTGATCAAAGCCATATCCCGAAGCTTGTACAAGATTTGTATCTACTAATCGTTTTA
ATACTTTTTCATGAGCACCTTCTAAATAATCATTTTTCAAATGAGATCAC
```

> **A5ISJ9**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A5ISJ9_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1317882:1318079] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 91346 ... 91544; Length: 198 bp

Sequence:

```
ATGGAACAAATTAACCTTAAACTTTTTACAGCTGAGACTTTAGAGTTATTAGAAAAAAAC
ATTAATGCTTTTTTAAGTTCTGAAGAAGCTACAAATTTAAAATTAGTAAATATTACTATTA
AAGAAATAGAAGAAAGAACATTCCCAAATAATGAAGAAGAATCAATGCAATTTTAACT
TTATCTGTGAATAAATAA
```

> **cls1**

Function: protein coding sequence; cardiolipin synthases 1 (core genome, variable)

Best match: cls1_CC005_ED98-hen_CP001781.1[1328794:1330275]

Position: 031-contig_247: 91600 ... 93082; Length: 1482 bp

Sequence:

```
ATGCGATATACATTTTCAAATGATTTAGGAACACTTTTTACCATTATTTTAGCCATTGGAT
TCATCATTAACCTTAGTATTGGCTTTTGTTATTATCTTTTTAGAAAGAAATAGGCGTACAGC
GAGTTCAACTTGGGCATGGCTATTTGTACTTTTTGTCTTACCATTGATTGGTTTTATTCTTT
ACTTGTTTTTTGGTAGAACCGTTTCGGCACGCAAATTGAATAAAAACAATGGTAACGTGT
TAACGGATTTTCGATGGACTTTTTAAAACAACAATAGAAAGCTTTGATAAAGGTAATTATG
TACTGATAACAAACAAGTTCAAAAACATCATGATTTAGTACGTATGCTTTTGATGGATC
AAGATGGTTTTTTAACTGAAAATAATAAAGTTGATCATTTCATTGATGGAAATGATTTATA
TGATCAAGTTTTAAAAGATATTTAAAATGCAAAAAGAATATATCCATTTAGAGTACTATAC
TTTCGCTTTAGATGGTTTAGGTAAAAGAATTTTACATGCTTTAGAAGAAAATTGAAACA
AGGTCTAGAAGTAAAATATTATATGATGATGTTGGATCTAAAATGTTAAGATGGCAAA
TTTTGATCACTTTAAATCATTAGGTGGCGAAGTTGAAGCATTTTTTGCTTCTAAATTACCC
TTATTAATTTCCGTATGAATAACAGAAATCATAGAAAATCATCGTAATCGATGGTCAA
CTAGGTTATGTCGGAGGATTTAACATTGGTGATGAATATCTAGGATTAGGTAAACTAGGG
TATTGGAGAGATACGCATTTACGTATACAAGGGGATGCGGTTGATGCACTGCAGTTGCGA
TTTATTTTAGACTGGAATTCGCAAGCGCACCGTCCACAATTTGAATATGATGTTAAGTATT
TCCCTAAAAGAACGGACCATTGGGCAATTCACCAATTCAAATAGCTGCAAGTGGCCAG
CTAGTGACTGGCATCAAATTGAATATGGTTATACAAAATGATTATGAGCGCTAAGAAGT
```

CGGTATATTTGCAATCGCCTTATTTCAATCCGGATAACTCATATATAAATGCCATTAAAAT
TGCAGCTAAATCAGGTGTAGATGTTTCATCTAATGATTCCATGTAAGCCAGATCATCCTTTA
GTTTATTGGGCGACATTTTCAAATGCCTCTGACTTATTATCAAGTGGTGTAAAATTTATA
CGTATGAAAATGGATTTATACATTCTAAAATGTGCTTAATTGATGATGAAATCGTATCAG
TGGGCACAGCAAATATGGACTTTAGAAGTTTTGAATTAATTTTGAAGTAAATGCCTTTG
TATATGATGAAAATCTTGCTAAGGATTTAAGGGTGGCTTATGAACATGATATTACAAAAT
CAAAACAATAACCAAAGAATCATATGCCAATAGACCGCTGTCTGTAAATTCAAAGAAT
CGTTAGCAAATTAGTTTTCGCCAATTTTATAA

> **A6QGM1**

Function: protein coding sequence; ABC transporter ATP-binding protein (genomic island)

Best match: A6QGM1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1319801:1320700]

Position: 031-contig_247: 93265 ... 94165; Length: 900 bp

Sequence:

TTGATTCAAATATCTAATATCAACAAGTCATTTAATAAAAAGATGTGTTCTAAAAAATATTT
CGTTCGATATTGAACAAGGTAAATGTATCGCTTTAATTGGAAAAAATGGTGCTGGAAAGT
CAACGTTAATTGATATATTAATTGGTAATGTAAATGCTAATTCTGGTGAGATATTTGATAA
AGACAAGTTATTACAAAGTGAAAATCGCAGTATAATGTTCCAAAAAACGATGTTTACAGA
TCAATTAAGTTATTGAGATTATCAACTTATATCAATCATTTTACGAAAATCCATTACCA
TTGGAAGAAATAATAGAAGTACGAAAATTTGATTCTAGTCAACTGAACCAATTTGTAAAT
AAACTTTCTGGTGGTCAACAACGATTACTCGATTTTGTATTATCTTTAATCGGACAACCAC
AATTGATCTTATTAGATGAACCAACATCGACTATGGATATAGAAATTAGAGAATATTTTT
GGTCAATTATTGAAAATTTAAAAGAAGATAATCGAACGATACTCTATACATCGCACTATA
TTGAAGAAGTCGAACGTATGTCAGACAAAATTATTCTCATTGAAAATGGAGAAATAATAC
TTAATGATTCAACGTCACATATTAGAACCAATCAGCAATCTCAGATTACGTTATCCGATG
AATATATAAGAAAGTTAAACTAGATAAAGATGATTTAGTTATTCAAAAAAATCATAATG
GCACTATCAAAATTATTACTTCAAATGTAAATGATACGATTTTATATCTTCAACAACCTCA
TATTAATTTGGATGATATTGAAATACAAAAAGTCTCAATTGTTGATTCATACTTCAACAAT
AAAAGCAAAGGGGATCTAATTATGATACTAAGTTACTTGAAAATCGAATTTAA

> **Q5HGA1**

Function: protein coding sequence; putative ABC transporter/permease protein (genomic island)

Best match: Q5HGA1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1256491:1257222] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 94133 ... 94865; Length: 732 bp

Sequence:

ATGATACTAAGTTACTTGAAAATCGAATTTAAAGTTATAATGCGTAAAAAACAACATTA
ATATTATCTATTTTATTTCTGTTATATTCTATATATTATTTACTTCGATATTGGAATTGCC
GGAAGATGTTAAACCTAAATTTTATAAAGAGTATATGTATAGTATGACGGTTTATAGTTT
GTTAAGTTTTAGTTTACTAACTTTTCCATTAGATATTATTAATGAAAAACAAAATGAATGG
CGCCAAAGATTAATGGTAACACCAATTTACTTTTACTAGTTATTATATTTCAAAAAGTAGTGA
AACTATGCTGCAATTTGCAATAGCGATATTAGTTATTTTTATGGTTGGACATTTTTATAA
AGGTGTTGCAATGAGTGCAGTTCAATGGTTAGAGTCAGGAATATTTTTATGGTTAGGTGC
GTCTCTATTAATAACTTTTGGCATATTATTTTCTTTGTTAAATGATATTCAAAAACAAGT
GCTTTAGCTAATATCGTAACAATGGTTTAGCAGTATTAGGTGGATTGTGGTTTCCGATAA
ACACATTTCCAAATTGGCTTCAACATGTTGCTCATGTTTTACCGAGCTATCATTGCGTAA
ACTAGGTGTAGATATTGCTTCAAATCATCATATCAATTTAATATCATTGCTATAATACTC
TTGTATGCTTTAGGGAGTATAATAGCAGTATATTGTATTAGTCATTTTAAAAGGGCGGAA
TAA

> **A5ISK3**

Function: protein coding sequence; putative sensor kinase protein (genomic island)

Best match: A5ISK3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1321404:1322495] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 94868 ... 95960; Length: 1092 bp

Sequence:

ATGAAATTTTTAAAAGATACTTCAATTGCTGAAATATCGTCTATACTTTATCTGATTTTTCT
CTATTGCCGGTATATTTTTAATGAAGTATATGGTCCCAAATGGTTGTATATTATATCAGT
CATTGTCTTTTCGTTGTCGTATCTTATATTAGTTATAGTAAATAATAGACTTAATACATTA
ATGTTTTACATTTTGTGATTATTCATTATTTTATTATTTGTTATTTTGTTCAGTGTACAT
CCAATGCTAAGTTTGTTCCTTTTATAGTGCTTTTGCCGTTCCATTTACTTTTAAAAATAA
TGTTAAAAAACGGCAACTAATCTTTTCATACTAACAATGATTATATGTACAATAATAAC
GTACTTATTGTATAACAACACTATTTTGTGCAATGATGGTTTATTATGTTCGTTATATCGTTAA
TAATGCTAGATAATTTTAAAAAATGAAAAACCGTGAATATCAAAAAGAAATAGCAGAA
AAAAATAGACATATTAATACATTAATTGCTGAACAAGAGCGACATAGAATTGGTCAAGA
CTTACATGATACGTTAGGGCATGTGTTTGCAAGTTTATCATTAAAATCAGAATTAGCTTAT
AACTAATAGATGCTGATGTAGAAAAAGTAAAAGCTGAATTATTAGCAATTAATAAATTA
TCTCGTGAATCATTGAACAAAGTTCGAGAAATTATTGATGATGTAAAATTACCATCATT
ATTGAAGAGATTGATAGTATACGTAAAGTTTAAAAGATGCTGATATTGATTTTACATTTG
AAAATAAGAATTAGCGCAAGTATTAAGTCCTACTAAACAATCTATGTTAGTTATGATTA
CGCGTGAAGCGATAAATAATGTTATTAACATGCAAATGCTTCAAAAGTTCATGGTAAAT
TAAAACTGTAAACAATCATAAATTACTGCTTATGATTGAAGATGATGGCAAAGGTATCG
ATAGTGATTGTGAGGTGAAAAGTATTCACAGCGTGTACAACATTTAAATGGAACCTTAG
CAGTCGACTCAACAAATGGAACATAAATAATCATTGAAATCTCAACAGGAGGAATAGCA
TGA

> **A5ISK4**

Function: protein coding sequence; two component transcript regulator/LuxR family (genomic island)

Best match: A5ISK4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1322492:1323094] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 95956 ... 96559; Length: 603 bp

Sequence:

ATGACATCTTTAATTATTGCAGAAGATCAAAATATGTTACGACAGGCAATGGTTCAATTA
ATTAACACTACATGGTGATTTTCAAATTTTAGCAGATACTGATAATGGTCTCGATGCAATG
AACTTATTGAAGAATATAATCCTAACGTTGTTATTTTAGATATAGAAATGCCAGGCATG
ACTGGACTTGAAGTTTTAGCGGAAATTAGAAAAAGCATTGGAATATTAAGTGATTATT
GTAACAACCTTTTAAAAGACCGGGATACTTTGAAAAAGCAGTTGTGAATGATGTGGATGCA
TATGTTTTAAAAGAACGTTCTATAGAAGAATTGGTGGAAACCATTAATAAAGTAAATAAC
GGAGAGAAAGAATATAGCGCCACATTGATGACTTCATTTTTTGTAGATAAAAACCCATTA
ACGCCCAAAGAACAATTGTATTAAGGGAAATTGGCAATGGTTTAAGTAGTAAAGAAAT
AAGTGAAAAATTATTTTTGACAGATGGAACAGTTAGAAATTATACATCTGTTATAATTGA
TAAATTATTTGCAGATAATCGTTTTGATGCTTGAAAAAGGCAAATGAAAAAGGCTGGAT
CTAA

> **Q99UF3**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q99UF3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1323207:1323395:r]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 96671 ... 96860; Length: 189 bp

Sequence:

CTAATTTTTTCGCTTATTATAAAAACGAAACAATCAAGTAAACGATAAAGCCTACAAAGAT
ACCCAATAAAATAGATAGTACTGCCGTCCTATTAATGGTAATTTGAAAAATATTTGTAG
GAAATACCAATGATAATTGCGATAATTACTGCAATTAATGTGACTGTATTTTCATTTGAA
ATGTTTCAT

> **nuc2**

Function: protein coding sequence; nuclease family protein (core genome, constant)

Best match: nuc2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1323534:1324067] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 96998 ... 97532; Length: 534 bp

Sequence:

ATGAAGTCAAATAAATCGCTTGCTATGATTGTGGTAGCCATCATTATTGTAGGTGTATTAG
CATTTCAATTTATGAATCATACGGGTCTTTCAAAAAGGGGACGAATCATGAAACTGTAC

AAGATTTAAATGGTAAAGATAAAGTACATGTTCAAAGAGTTGTGGATGGTGATACATTTA
TTGCAAATCAAATGGTAAAGAAATTAAGTTAGGCTTATAGGGGTTGATACGCCAGAA
ACGGTGAACCGAATACGCCTGTACAACCATTTGGCAAAGAAGCATCAAATTATAGTAA
GAAGACATTAACAAATCAAGATGTTTATTTAGAATATGATAAAGAAAAACAAGATCGCT
ATGGTAGAACATTGGCGTATGTATGGATAAGTAAAGATCGTATGTACAATAAGGAATTAG
TGGAAAAGGGACTTGCTAGAGAGAAGTATTTTTACCAAATGGCAAATATAGAAATGTAT
TTATAGAAGCACAAAATAAAGCTAAACAACAGAAATTAATATTTGGAGTAAATAA

> Q5HG96

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HG96_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1324210:1325064:r]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 97674 ... 98529; Length: 855 bp

Sequence:

TTACTTGAATATAGCTGTGATTTGATCAACCTGTTCTTTATTTAAAGGGTGTTTAGATAGC
TCTATGGCTTCGCTAATAATACGTCGTAACGAAGATTTTGTGAACTGTATCAACATATT
TATCTCTTTCTTCAGAACCTTGAATGATATTAAGTACCATCACTAAAGTAAATAACACC
GGTACTTTGGACTTTAAAGTTAAAGTTTTGTTC AATATGATCCTTTAATGCTTTTCGCATTAT
TTGCTGCTAATTGATACGGATCATAATCATAAAAATCATAAATAACACGATTTGGTTGAA
CTGTTTCTGTAAAAGTATAGATAGACTTTCTTGATGAATTAAGTGCATGATATTGCTG
GCTAATGTAATGACCGACAACTTTTCAATATTACTATTGCTTATTTCTGTATCATGCTCAT
CAGGTACATCAAAGTGATAAAAATGTTTTTTACCCAGCTTTTTACATCAACGTTTATTAA
ACCGATATCTGAAACAATGATAAAAATCAAATGAACGTGCATACTCGAAAAACGGATGTTT
AGTAGCTAAATTGCTTGTAAACGATAAATATCGTAATATTTAATTTACCATTTTCGAGATAG
CTATCTAAAATCTTGCGTAAATTCTCTTTTAGCATTTTTGTATGCATGGTGGCCAACATCATT
ATTAGAACTCAGCATTGACTTCTTAATTCAGCATTTTCTGCACTTAATGCTTTGTTCTTTT
TAATAAGTTGCTTTCTTGCATAAACTTCGGTATCTATTTACTATTACTATACTTTGATTT
AAAATAATATACCAATTAATGCTACAATGATAATGATAAGTACAACATAAAAAGACAT

> Q5HG95

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HG95_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1325380:1325970]

Position: 031-contig_247: 98844 ... 99435; Length: 591 bp

Sequence:

TTGAGAGTGAATGAAATGAATGCTAAAGAACAATTAGTGGACAATTTAATGAAAACATC
ATCGCAATTATTTAAATTTACCGGTGAAGTTGCCATGCAGCTTTTCTTAAATGATGAATTA
AAATTACCTTCTATTGTTGAAATATGCGTAGAACGTAAGCGTTTAAAGTGATATTGTGAAA
GTTATTCCGCAATCATATGCGTTACTATACATAGATAAGCAAGATCAAGCAATAGCTAAA
GAAGATTTATCACTTTCAAAAATTGCAAAAAGTTTATGTGCAATATGATGATACAACAATA
ATGAGTATTTTCGTTTATGATGTAGTAAACGATGAATGGATTTTTAGATTGGATCCGAATA
TACGTATACCTAAGAGTAACATATACTTCCATAGTTTAAATTGGGATGTGGATTATATTAA
ACCGGAGATCGTTCTAATGTATGATCTAATGCAACACCATCAGTATCATCATTATTCCAAT
TATAAACGAGTCATAGATGCATTAAGCTACTATCAATTTTTTATTTTAAAATTTGTAGTAG
GTGAGCAACGTATTAAGGATGCAATCCAGAGAACAATAAATAATTAA

> txbi_thrA

Function: bidirectional rho-independent terminator of thrA

Best match: txbi_thrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1325962:1326031:r]RC (completely identical)

Position: 031-contig_247: 99426 ... 99496; Length: 70 bp

Sequence:

AATAATTAAGAAAAAGCAATTCATAACGCAGTTGAATACATGTGTTACGAATTGCTTTTA
TATTAGTTTT

> thrA

Function: protein coding sequence; aspartokinase (core genome, constant)

Best match: thrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1326024:1327406:r]RC

Position: 031-contig_247: 99488 ... 100871; Length: 1383 bp

Sequence:

```
TTAGTTTTTATCACACAAGTTTTTTAATGCAACCCCGTGATAGCAAAACTCATATGTAGAT
AATACAGCTTTTTTCAGCATCATCTACATGAATTCCAACATCATCGAGATTTCCGAAGCA
CCTGGTTAATCATTTTTAAGTTAATTTTTGATTCAGCTAAGGCATGTGTAATTTTATTTGC
AGTACCGATGACTTTATTCATACCTTCGCCGACAATCATTAAATATTGCTAAATCATGCTCA
ATACTTAGCTCATCAACATCACATTTTTGACGAATTCATTTAATACTTTTGTTCCTTATT
TTGAATTTGTTTTGAGCGCATAACGATACTGATAGTATCAATACCTGAAGGCATATGATC
AAATGAAATATTATTATCCTCTAAGACACCTAATATCTTTCTAGTAAAGCCGACTTGTCTA
TTCATTAATACTTTTTGATATTAATAACGGTAAAATCTTTATCACAACCTTATACCGCTAA
TCACATTTTTCGCATTTATTTCTCTATCATGCACTATAAATGTACCTTTATCTTGAGGGCGG
TTCGTATTTTTAATCACCACAGGGATGCGATCTTTATAAAGTGGTTGTAAGGCTTCATCAT
GGAAAACACTAAAACCAGCATAAGATAATTCACGCATTTCTCGATAAGTGATTTCTTCGA
TTAATTCAGGATCTTTGATGATATTTGGATTAGCTTTATAAATACCAGACACATCGGTGAA
ATTTTCATAAATTGTAGCTCTAACACCACTTGATATGATGGCGCCAGTTATATCTGATCCG
CCACGTGGAAATGTAACCTATATATCCTTCATGAGATACGCCGAAAAATCCTGGGATAATT
AGTTTCTCATCATAATCTCTTAATTTTTTAATTTTCAGAGTAAGCACTATCTAATATTTGTGC
TTCTTGTGGGACGTCAGTAACAAAAATACCCGCTTCCTTCGGTGATATATATTTTTGTTGGT
ATACCTTGACTATTATTATATAAAGCTATCAATTGCGCATTAAAATCTTCACCACAAGAA
AGTAATGCATCTAATAGTCTCTTTGGTTCATTTTTTAATTGATTAATATAATGTTCCAAAG
TCACATCTATCGTCCGTA AAAATACTTTCATCCATTTGCAATTTCTTTTACAATATCATCATA
ACGCTGAATAATTTCTCTTTTTTTATCATGATAATCAAGATGATTAATGACCTTTTCATAT
AATCTGATTAACAAATCAGTTGTTTTAATATCATTATCATGTCTTTTACCTGGAGCAGAAA
CGATAACAATCTTTCGCTCTGGATCAGAATTAACAATATTTAAAACCTTTTTAATTTGAGT
AGCATTGGAGACGGAGCTACCACCGAATTTGGAACTTTCAT
```

> metL

Function: protein coding sequence; homoserine dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: metL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1327597:1328877]

Position: 031-contig_247: 101061 ... 102342; Length: 1281 bp

Sequence:

```
ATGAAAAAATTAATATAGCATTATTAGGATTAGGTACTGTCCGATCTGGTGTGTTAAA
ATCATCGAAGAGAACCGACAGCAAATTCAGATACATTAATAAAGATATTGTCATAAAA
GCATATTCTTGTTTCGAGATAAATCTAAAAAGAGACCGCTAAATATTAGCCAATATCATT
AACTGAAGATGTTAATGAAATTTTAAATGATGATTCATTAGATATTATCGTTGAAGTCAT
GGGAGGAATTGAACCAACTGTAGATTGGTTAAGAACAGCACTTAAAAATAAAAAACATG
TTATTACCGCAAATAAAGATTTATTAGCAGTACATCTTAACTTTTAGAAGATTTAGCAG
AAGAAAATGGTGTAGCTTTAAAGTTTGAAGCGAGTGTAGCAGGTGGTATTCCGATCGTAA
ATGCCATAAATAATGGTTTGAATGCGAATAATTTTCAAATTTATGGGAATTTTAAATG
GTACCTCTAATTTTATTTTATCTAAAATGACTAAAGAGCAAACGACATTTGAGGAAGCAC
TTGATGAAGCGAAAAGACTTGGTTTTGCTGAAGCGGATCCAACCTGATGATGTAGAAGGG
GTAGATGCAGCGCGTAAAGTTGTCATTACATCATATTTATCATTTAACCAAGTCATTAAT
TAAACGACGTTAAACGAAGAGGAATTAGTGGCGTAACTTTAACTGATATTAATGTAGCCG
ATCAACTGGGGTATAAAATTAATTTGATTGGTAAGGGAATATATGAAAATGGCAAAGTT
AATGCATCGGTAGAACCAACGTTAATTGATAAAAAGCATCAATTAGCAGCTGTAGAGGA
TGAATATAACGCGATTTATGTCATTGGTGATGCTGTTGGTGACACGATGTTTTATGGAAA
AGGAGCAGGCAGTTTAGCAACAGGTAGTGCCGTTGTCAGTGATTTATTGAATGTAGCATT
ATTCTTTGAATCAGATTTACACACATTGCCACCACATTTTGAATTAAGACAGATAAAAC
ACGGGAAATGATGGATTCAGATGCAGAAATTAATATTAAGAAAAATCCAATTTCTTTGT
AGTAGTGAATCATGTCAAAGGTTCAATTGAAAATTTTGA AAAATGAGTTAAAGGCAATATT
ACCATTTACCGATCATTAAAGAGTTGCAAATTACGATAATCAATCATATGCCGCTGTTATA
GTTGGATTGGAATCATCACCAGGAAGAATTAATCACTAAGCATGGATACGAAGTTGACAA
AGTATACCCAGTAGAAGGAGTTTAA
```

> **thrC**

Function: protein coding sequence; threonine synthase (core genome, constant)

Best match: thrC_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1264705:1265766] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 102347 ... 103409; Length: 1062 bp

Sequence:

```
ATGAGAAGATGGCAAGGATTAGTAGAAGAGTTTAAAGCACATTTACCAGTAAATGAAAA
TACACCAAAATTAACATTGAACGAGGGAAATACACCACTCATTTCATTGTGAAAATATGTC
TAAAATACTAGGCATAGATTTATATGTGAAGTATGAAGGTGCCAATCCGACAGGTTTCATT
TAAAGATCGCGGTATGGTAATGGCTGTGACAAAAGCAAAAGAGCAAGGTAAGAAAATTG
TAATATGCGCTTCGACTGGAAATACATCAGCGTCTGCAGCAGCATATGCAGCGAGAGCAG
GTTTAAAAGCTATCGTCGTAATACCAGAAGGTAATAATTGCATTAGGTAAATTGTCGCAAG
CAGTAATGTATGGTGCAGAAATCGTTTCTATTGAAGGAAACTTTGATGAAGCTTTAGAAA
TTGTAAGAAATTGCAAAAAGTGGCGAAATCGAGCTTGTAACTCTGTCAATCCATTTA
GAATCGAAGGACAAAAGACAGGCTCATTGAAATTGTACAACAATTAGACGGTGAAGCA
CCTGATATTTTAGCGATTCTGTAGGTAATGCAGGTAATATTACTGCATATTGGAAAGGCT
TTAAAGAATATCATGAAGCTAAAGGATCACAATTGCCGAAAATGTTTGGCTTCCAAGCTG
AAGGCGCATACCAATTGTTCAAATAAAGTCATTAATAATCCTGAAACGATTGCAACTG
CTATTCGAATTGGTAATCCTGCTAGTTGGGATAAGGCGACTAATGCTCTTAAAGAATCAA
ATGGATTAATAGATAGTGTTACTGATGATGAAATTCTAGAAGCATATCAGTTAATGACAA
CTAAAGAAGGTGTCTTTAGTGAACCAGCGAGTAATGCTTCTATTGCAGGTTAATTAAT
TGCATAGACAAGGTAAATTACCTCAAGGTAAGGTAAGTGTGCTATTTAACTGGTAATG
GATTAAGATCCTGATACTGCTATTTCACTACTAGATAATCCGATAAAGCCATTGCCAA
ATGATAAAGATAGCATTATCGATTATATTAAAGGAGCTTTATAA
```

> **thrB**

Function: protein coding sequence; homoserine kinase (core genome, constant)

Best match: thrB_CC001_MSSA476_BX571857.1[1358442:1359356]

Position: 031-contig_247: 103410 ... 104325; Length: 915 bp

Sequence:

```
ATGTCGAATGTTTTGGAGTTAACAATTCCTGCATCAACAGCCAACCTTGGAGTTGGCTTTG
ATTCTATAGGTATGGCTTTAGATAAATTTTTGCATCTGTCTGTAAAGGAAACATCAGGGA
CAAATGGGAATATATTTCCATGATGATGCATCTAAGCAATTGCCTACTGACGAAACAA
ACTTTATTTATCATGTAGCACACAAGTTGCTTCTAAATATAGTGTTGACTTGCCTAATTT
ATGTATCGAAATGAGAAGTGATATTCATTAGCAAGAGGGTTAGGTTTCGTCAGCTTCTGC
TTTAGTAGGAGCTATATATATCGCAAATTATTTTGGTGATATCCAACGTCTAAACATGAG
GTATTACAATTAGCGACTGAAATCGAAGGACATCCTGATAATGTTGCGCCGACCATTTAT
GGTGGTTTAATCGCTGGATATTATAATGATGTCTCGAAAGAAACGTCAGTTGCACATATC
GACATAACCAGACGTGGATGTGATTGTAACGATACCAACTTATGAACTAAAAACAGAAGC
ATCAAGACGTGCTTTACCACAAAAATTAACACATAGTGAAGCGGTTAAAAGTAGTGCAAT
TAGTAATAACAATGATTTGTGCATTAGCACAGCACAAATTATGAATTAGCAGGTAACATCAT
GCAACAAGATGGCTTTTCATGAACCGTATCGTCAGCATTTAATTGCTGAATTTGATGAAGT
GAAAACAATTGCTATTCAACATAATGCCTATGCAACTGTAATTAGTGGTGCTGGACCAAC
TATTTAATATTTAGTCGTAAAGAAAATAGTGGGGAATTGGTTCGCTCTTTAAATAGTCAG
GTAGTATCATGCCATTCTGAATTGGTCGATATTAATATCAGTGGTGTTAAAGAACGAATT
GTATACCAATAG
```

> **Q5HG87**

Function: protein coding sequence; putative amino acid permease (core genome, constant)

Best match: Q5HG87_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1332546:1334000:r]RC

Position: 031-contig_247: 106010 ... 107465; Length: 1455 bp

Sequence:

```
TTATTTTTGATTGTCATAATCGTGTGGTTTTAAATTTATTGTTTCTAGCTTTACAAATTTTG
TTTTGTGAATGATTTTATGAATAAAGTAAATCAACGCTAGAATGATTAAGGTAAGGTAAGT
TTTTAAAAGCATTTAACCATTGATCTTTTAAAATATATTCAACTGAGCCACCAAATAGCAA
GAATAATAGTGTAGTGATGACAATGATTGGTCCTAATGGATAAAAAGGTGCTTTATATGG
```

TAGGACCTTATTAGGGTCTTGACCTTGTTTTTAATAGCTTGTCGCAATCGTATTTGTGAC
CAAATGCTTGATCCCCAAACAATAATCATTGAACCAATAATTTCAAGTAAATTA
ACGGCATTGGAATTAAGTTTGCATAAATAATAACAATAACAACGACTGCATAAGTAGTT
AATAATGCTCTTAAAGGTAACCTAGTTGTCTTGTTAATTTACTTAAAAATTGGGGTGCTT
TTTTGTCTGAACTTAAGGAATACAACATTCTGCCTGTTGTATAAACACCTGAATTTGCAGC
GGATAATAATGAAGTTAAAATAACCGCGTTGATTACTGATGCTGCAAAGGCTATGCCTAC
TCTATCGAATACAATTGTAAATGGGCTTTGACTTATTGAACTACTTGCTCTTAATAATGAT
GGATCTGTGTACGGAATAATTGCACCAATTACTGCAATTGATAAGACATAGAATAAAAGA
ATACGCCAAAATACTTGTTAATTGCCTTAGGCATAGACTTTTTAGGGTCATCTGATTCAC
CAGCAGTTACTGCTACTACTTCTGTACCACCAACCGAAAATCCGGCGACTAATAATACGC
CTAAGAAACCAGAGATACCACCAACAAACGGTGCTTGGCCTTTTGTATAGTTTTCAAATC
CATATGTATGACCACCTAAGATACCGAAAATCATTAAAAAGCCAAAAATAACGAATACG
ATAATTGTTAACACTTTAATCAATGATAACCAAACTCAGTTTCTCCAAATGATTTTACAG
AAAAATGTTAATAATAGTAAAATTGTAATAAAGATTAAGCTCCAAGTAATGGGGTGG
AAAAATTTAAATGTGTCCAGAAATAAAGCACATTTGACGCTACTATGACATCAACACTT
GTAATAATGACCACAATGCCCAATACAACCATCCCATGGTAAAGCCAAGAGATGAGTC
AATAAAGCGTGTTGAATAAGAGCTGAATGAACCTGATACTGGATAAAATGTTGCCAACTC
TCCAATTGATGACATTAAGAAATATAGCATGACACCAATAACAAGATAAGCGAGTATAG
CGCCTCCAGGACCAGCTTGAGAAATGATATTACCAGTAGCTACAAATAGACCAGTCCCAA
TTGCACCACCTATAGCAATCATGGAAATGTGTCTTGAGTTAAGACTACGGTTCATTTTATT
ATCTTCCAT

> **katA**

Function: protein coding sequence; catalase A (core genome, variable)

Best match: katA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1334204:1335721] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 107668 ... 109186; Length: 1518 bp

Sequence:

ATGTCACAACAAGACAAAAAGTTAACTGGTGTTTTTGGGCATCCAGTATCAGACCGAGAA
AATAGTATGACAGCAGGGCCTAGGGGACCTCTTTAATGCAAGATATTTACTTTTTAGAG
CAAATGTCTCAATTTGATAGAGAAGTAATACCAGAACGTCGAATGCATGCCAAAGGTTCT
GGTGCATTTGGGACATTTACTGTAACATAAAGATATAACAAAATATACGAATGCTAAAATA
TTCTCTGAAATAGGTAAGCAAACCGAAATGTTTGCCCGTTTCTCTACTGTAGCAGGAGAA
CGTGGTGCTGCTGATGCGGAGCGTGACATTCGAGGATTTGCGTTAAAGTTCTACACTGAA
GAAGGGAAGTGGGATTTAGTAGGGAATAACACACCAGTATTCTTCTTTAGAGATCCAAAG
TTATTTGTTAGTTTAAATCGTGCGGTGAAACGAGATCCTAGAACAAATATGAGAGATGCA
CAAATAACTGGGATTTCTGGACGGGTCTTCCAGAAGCATTGCACCAAGTAACGATCTTA
ATGTCAGATAGAGGGATTCTAAAGATTTACGTCATATGCATGGGTTTCGGTTCTCACACA
TACTCTATGTATAATGATTCTGGTGAACGTGTTTGGGTAAATTCATTTTAGAACGCAAC
AAGGTATTGAAACTTAACTGATGAAGAAGCTGCTGAAATTATAGCTACAGATCGTGATT
CATCTCAACGCGATTTATTTCGAAGCCATTGAAAAAGGTGATTATCCAAAATGGACAATGT
ATATTC AAGTAATGACTGAGGAACAAGCTAAAAACCATAAAGATAATCCATTTGATTTAA
CAAAGTATGGTATCACGATGAGTATCCTCTAATTGAAGTTGGAGAGTTTGAATTAATA
GAAATCCAGATAAATACTTTATGGATGTTGAACAAGCTGCGTTTGCACCAACTAATATTA
TTCCAGGATTAGATTTTTCTCCAGACAAAATGCTGCAAGGGCGTTTATTCTCATATGGCGA
TGCGCAAAGATATCGATTAGGAGTTAATCATTGGCAGATTCCTGTAAACCAACCTAAAGG
TGTTGGTATTGAAAATATTTGTCTTTTAGTAGAGATGGTCAAATGCGCGTAGTTGACAAT
AATCAAGGTGGAGGAACACATTATTATCCAAATAACCATGGTAAATTTGATTCTCAACCT
GAATATAAAAAGCCACCATTCCCAACTGATGGATATGGCTATGAATATAATCAACGTCAA
GATGATGATAATTTTTGAACAACCAGGTAAATTGTTTAGATTACAATCAGAGGACGCT
AAAGAAAGAATTTTTACAAATACAGCAAATGCAATGGAAGGCGTAACGGATGATGTTAA
ACGACGTCATATTCGTCATTGTTACAAAGCTGACCCAGAATATGGTAAAGGTGTTGCAAA
AGCATTAGGTATTGATATAAATTCTATTGATCTTGAAACTGAAAATGATGAAACATACGA
AAACTTTGAAAAATAA

> **rpmG2**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L33/locus 2 (core genome, constant)
Best match: rpmG2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1335812:1335961] (completely identical)
Position: 031-contig_247: 109276 ... 109426; Length: 150 bp
Sequence:
GTGCGCGTAAACGTAACATTAGCATGCACAGAATGTGGCGATCGTAACTATATCACTACT
AAAAATAAACGTAATAATCCTGAGCGTATTGAAATGAAAAAATATTGCCCAAGATTTAAA
CAAATATACGTTACATCGTGAAACTAAGTAA

> rpsN

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S14 (core genome, constant)
Best match: rpsN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1336415:1336684] (completely identical)
Position: 031-contig_247: 109879 ... 110149; Length: 270 bp
Sequence:
ATGGCTAAGAAATCTAAAATAGCAAAGAGAGAAAAAGAGAAGAGTTAGTAAATAAAT
ATTACGAATTACGTAAAGAGTTAAAAGCAAAGGTGATTACGAAGCGTTAAGAAAATTA
CCAAGAGATTCATCACCTACACGTTTAACTAGAAGATGTAAAGTAACTGGAAGACCTAGA
GGTGTATTACGTAAATTTGAAATGTCTCGTATTGCGTTTATAGAGAACATGCGCACAAAGGA
CAAATTCAGGTGTTAAAAAATCAAGTTGGTAA

> guaC

Function: protein coding sequence; GMP reductase (core genome, constant)
Best match: guaC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1336841:1337818]
Position: 031-contig_247: 110305 ... 111283; Length: 978 bp
Sequence:
GTGAAAATATTTGATTACGAAGATATTCAATTAATACCTAATAAATGCATAGTTGAAAAGT
AGGTCTGAATGTGATACTATCCAATTTGGTCCGAAAAAATTCATCTACCTGTAGTT
CCTGCAAATATGCAAACAGTTATGAATGAGAAATTAGCGAAATGGTTTGCTGAAAATGAT
TACTTTTATATCATGCATCGTTTTGATGAAGAAGCAAGAATACCTTTTATAAAACATATGC
AAAATTCAGGCTTATTTGCATCTATTTTCAGTTGGTGTAAAGAAAGCGGAATTTGATTTTAT
TGAAAAGTTAGCTCAAGAAAAATTAATCCCCGAATATATTACAATAGATATTGCGCATGG
TCACTCAGATTCAGTGATAAACATGATTAACATATAAAAAACCATATACCTGATAGTTT
TGTTATTGCTGGTAATGTTGGTACGCCAGAAGGTGTTAGAGAATTAGAAAATGCTGGTGC
TGATGCTACCAAAGTCGGTATAGGTCCTGGTAGAGTTTGTATTACAAAGATTTAAAACAGG
TTTTGGTACTGGTGGTTGGCAGTTAGCGGCATTAACATATGTAGTAAAGCAGCTCGTAA
ACCTTTGATTGCTGATGGTGGTATAAGAACGCATGGCGACATCGCTAAATCAATTAGATT
TGGTGCATCAATGGTCATGATTGGTTCATTATTTGCGGCACACGAAGAATCACCTGGTGA
AACTGTAGAACTTGATGGTAAACAGTATAAAGAATATTTTGGTAGTGCATCTGAATTTCA
AAAAGGCGAACATAAAAAATGTGGAAGGTAAAAAATGTTTGTAGAACATAAGGGTTCAT
TAATGGATACCTTAAAAGAAATGCAACAAGATTTACAAAGCTCAATTTTCATATGCCGGTG
GAAAAGACTTGAAATCATTACGTACTGTAGATTATGTTATTGTTAGAACTCTATTTTCAA
CGGTGATAGAGATTAA

> lexA

Function: protein coding sequence; DNA damage-inducible LexA repressor (core genome, constant)
Best match: lexA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000234.1[113984:114607:r]RC
Position: 031-contig_247: 112700 ... 113324; Length: 624 bp
Sequence:
TTACATTTTCGCGGTACAAACCAATTACTTTCCCAATTACAGCAACATTGTCGAGGTA AATT
GGCTCCATTGTA CTATTTTCAGGTTGTAATCGATAACGATTTTTTTCTTTATAGAAGCGTTT
GACAGTTGCTTCATCTTCCTCAGTCATAGCAACAATAATGTCTCCATTTTCTGCTATGGTT
TGACTGCGAACAATTACTTTGTCTCCGTCTAATATAACCAGCCTCAATCATACTGTGCGCTA
CGACGTTTAATATGAATATGTCGCTATTGTGTGTCGATGTTAAGTGTTTCAGGTAATGGAA
AATATTCTTCAATATTTTCTACTGCGGTAATAGGAACACCTGCTGTGACTTTACCAATAAC
TGGCACATGAATCGTTTCTTCATATTAATATTTTCATTTGTTTGATCACTTACAATTTCTA
TAGCACGTGGTTTCGTCGGATCTCTTCTTATATAGCCTTTTTCTTCAAGACGTGAAAGGTG

ACCATGAACAGTTGAACTGGATGCTAAGCCAAGTCTTACCAATTTTCGCGAACACTAGG
CGGATAACCTTTTCATTTGAACAAGTGTGTTAATATAGTTATATATTTTCGCTTTGTCGTTTTG
TTAATTCTCTCAT

> **tkt**

Function: protein coding sequence; transketolase (core genome, constant)

Best match: tkt_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1340731:1342719]

Position: 031-contig_247: 114195 ... 116184; Length: 1989 bp

Sequence:

ATGTTTAATGAAAAAGATCAATTAGCTGTTGATACGCTGCGTGCACTAAGTATCGACACA
ATCGAAAAAGCGAATTCTGGTCATCCAGGATTACCTATGGGAGCTGCCCAATGGCTTAC
ACTTTGTGGACACGTCATCTGAATTTAATCCACAATCTAAAGATTACTTCAATAGAGACC
GTTTCGTATTATCTGCAGGGCATGGTTCAGCATTATTGTATAGCTTGTACATGTTTCTGG
TAGTTTAGAATTAGAAGAATTAAGCAATTTAGACAATGGGGTTCTAAAACACCAGGTCA
TCCTGAATACAGACATACAGATGGTGTAGAAGTTACTACCGGACCACTTGGACAAGGTTT
TGCTATGTCAGTAGGATTAGCTTTAGCAGAAGATCACCTAGCAGGGAAATTTAATAAAGA
AGGATATAATGTTGTAGATCATTACACATATGTATTAGCTTCTGACGGTGATTTAATGGA
AGGTATTTTCGCATGAAGCAGCTTCATTTGCTGGACATAATAAATTAAGTAAATTAGTTGTT
TTATACGATTCAAATGATATTTTCATTAGATGGCGAATTAACAAAGCTTTTTTCTGAAAAC
ACAAAAGCTCGTTTTGAAGCATATGGTTGGAATTACTTACTAGTTAAAGATGGTAATGAT
TTAGAAGAAATTGATAATGCGATTACTACTGCTAAATCTCAAGAAGGACCAACAATTATC
GAAGTTAAACAACAATCGGATTTGGTTCACCGAATAAAGCAGGAACTAATGGTGTTCAT
GGGGCACCTTTAGGTGAAGATGAAAGAAAATTAACATTTGAAAATTACGGTTTAGATCCT
GAAAACGTTTTAATGTTTCAGAAGAAGTATACGAAATTTTCCAAAATACTATGTTAAAA
CGTGCTAATGAAGATGAATCTCAATGGAATTCATTATTAGAAAAATATGCAGAAACATAT
CCTGAATTAGCAGAAGAATTTAAATTAGCAATTAGTGGTAAATTGCCTAAAAATTATAAG
GATGAATTACCACGTTTTGAAGCTGGTTCATAATGGTGCATCTCGTGCTGATTCTGGTACTG
TTATTCAAGCAATCAGTAAAAGCTTTCCTTTCATTCTTTGGTGGATCAGCAGACCTTGCTGG
TTCAAACAAATCCAATGTAATGATGCAACTGATTATAGTTCTGAAACACCTGAAGGTAA
AAATGTGTGGTTTGGTGTACGTGAATTTGCTATGGGTGCTGCTGTAAATGGTATGGCTGC
ACATGGAGGTTTACATCCATATGGTGCAACATTCCTTCGTATTTAGTGATTATTTAAAACCA
GCGTTACGTTTATCATCAATTATGGGATTAATGCAACGTTTCATCTTCACACATGATTCAA
TTGCAGTAGGTGAAGATGGTCCGACTCATGAACCAATTGAGCAATTAGCTGGATTAAGAG
CCATTCCAAATATGAATGTTATCCGTCCTGCTGATGGTAAATGAAACAAGAGTAGCATGGG
AAGTTGCCTTAGAATCTGAATCTACACCTACTTCATTAGTATTGACACGTCAAACTTACC
GGTATTAGATGTACCAGAAGATGTAGTTGAAGAAGGCGTTCGAAAAGGTGCCTATACAG
TTTATGGCTCTGAAGAGACACCAGAATTCCTATTATTAGCTTCAGGTTTCAGAAGTTAGTCT
TGCAGTTGAAGCTGCTAAAGATCTTGAAAAACAAGGTAAATCAGTACGTGTTGTTTCAAT
GCCTAACTGGAATGCATTTGAACAACAATCTGAAGAATATAAAGAATCAGTTATTCCATC
AAGCGTAAACAAACGTTGCGATTGAAATGGCTTCACCGCTTGGATGGCATAAATATGT
AGGTAAGTGCAGGTAAAGTTATTGCTATTGACGGCTTTGGCGCAAGTGCACCTGGCGATTT
AGTAGTTGAAAATATGGATTTACTAAAGAAAATATCTTAAACCAAGTTATGAGCTTATA
A

> **ccdC**

Function: protein coding sequence; membrane protein involved in cytochrome C biogenesis (core genome, constant)

Best match: ccdC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1343418:1343885] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 116882 ... 117350; Length: 468 bp

Sequence:

GTCCTCTATTTAATATTTTTCAATCATTGTAGCTTTATTTATGGGAACTATAGTTATAGTTAT
TCGTATGAAAGCTCAAAATTATCCGGTAAATGAGAAAAAATAGTTTTGCCACCGTTTTTT
TATGGCGACCGGTGCATTGATGTACGTCGTTCCATATTTTAGGCTAACAGGATCGGAAAT
GCTAGAAGCCTTTATAATTGGTTTGCTTTTTTCTACAGTTCTAATTTGGACTTCTCGATTTG
AAGTCAAAGGTACAGAAATTTATATGAAACGATCTAAAGCATTTCAGTTATTTTGATTT

CATTA CTTATCATTTCG TACTGTGATGAAAATATTCATTAGTAATGAAATAGATCCTGGAG
AATTAGGCGGCATGTTCTTTTTATTAGCATTCTGTATGATTGTTCCCTGGAGAGCAGCAAT
GCTATATAAATACAAAAAACTAAAGAAAACATTAATCAATTA

> **sbcD**

Function: protein coding sequence; nuclease SbcCD subunit D (core genome, variable)

Best match: sbcD_CC001-ST772_118_AJGE0100002.1[44790:45911:r] (completely identical)

Position: 031-contig_247: 117473 ... 118595; Length: 1122 bp

Sequence:

ATGAAAATTATACATACAGCAGACTGGCACTTAGGGAAAATATTAATGGCAAACAGCT
TTTAGAAGATCAAGCGTATATTTTAGATATGTTTCGTAGAAAAAATGAAAGAAGAAGAAC
CCGATATCATTGTGATAGCTGGAGATTTATATGACACAACATATCCAAGTAAAGATGCAA
TCATGTTATTAGAACAAGCGATTGGAAAGTTAAATTTAGAACTGCGTATACCAATAATTA
TGATTAGTGGAAATCACGATGGTAAAGAGAGGTTAAACTATGGGGCGAGTTGGTTTGAA
CATAATCAGTTATTTATAAGAACAGATTTTACATCGATTAATTCACCAATAGAGATAAAT
GGGGTTAATTTTTATACACTCCCTTATGCTACTGTGAGCGAAATGAAACACTACTTTGAAG
ATGACACCATTGAAACACATCAACAGGGAATTACGCGCTGTATTGAAACAATAGCACCG
GAAATTGATGAAGATGCCGTCAATATTTTAATTAGTCATCTGACTGTTCAAGGTGGAAAG
ACATCTGATTCTGAAAGACCATTAACTATTGGAACGGTTGAATCAGTTCAGAAAGGTGTT
TTTGATATATTTGATTATGTCATGCTAGGTCCTGTCATCATCCATTTAGTATAGAAGACC
ACAAAATTAAATATAGTGGCTCCTTATTGCAGTATTCATTTTCGGAAGCGGGTCAAGCTA
AAGGGTATAGACGTGTAACAATTAATGATGGCATTATTAACGATGTATTTATTCCTCTTAA
GCCACTTAGACAATTGGAAATTATCTCAGGCGAATATAATGATGTTATTAATGAAAAAGT
TCATGTGAAAAATAAAGATAATTATTTACATTTTAACTTAAAAATATGTCTCATATTACT
GATCCAATGATGAGTTTTAAAACAAATTTATCCTAATACTTTAGCGCTGACGAATGAAACT
TTTAATTACAATGAAGAAAATAATGCTATAGAAATAAGTGGAAAAGATGACATGTCAATT
ATCGAAATGTTTTATAAACATATAACTGATAAAGAATTATCGGATATCCAATCTAAAAAG
ATAAAAAATATTTTAGAAAACGAATTGAGAAAAGGAGGATTA

> **sbcC**

Function: protein coding sequence; nuclease SbcCD subunit C (core genome, constant)

Best match: sbcC_CC001_MSSA476_BX571857.1[1373630:1376659]

Position: 031-contig_247: 118598 ... 121628; Length: 3030 bp

Sequence:

ATGAAACCATTACATTTAAAGTTGAATAATTTCCGCCCTTTTTAAAAGAAGAAATTGAT
TTTTCTAAAATTGATAATAATGAATTGTTTTTAATAAGTGGTAAGACTGGATCGGGTAAA
ACAATGATTTTTGATGCAATGACTTATGCCTTGTTTGGTAAAGCATCAACTGAACAAAGA
GAAGAAAATGATTTGAGAAGTCATTTTCGCTGATGGTAAACAGCCGATGTCAGTAACATTT
GAATTTCAATTAATCATCGAATTTATAAAGTGCATAGACAAGGCCCTTATATCAAAGAA
GGTAATACAACAAAAACGAACGCTAAATTTGATGTATTTGAGATGGTGGATGGCAAGTAT
GAAATTAGAGAAAGTAAAGTAATTTACAGGTACCCAATTCATTATTGAATTATTAGGAGTA
AATGCAGATCAATTCGACAATTGTTTATTTGCCTCAAGGTGAATTCAAACGCTTTTTAA
TATCAAACAGTCGTGAAAAGCAAGGGATATTAAGAACACTGTTTGACAGTGAAAAATTT
GAAGCTATACGAGAAATATTAAGAAGAAAGTAAAAAAGAAAAGCTCAAATCGAGA
ATAGATATCAACAAATTGACCTTTTATGGCAAGAAATTGAATCATTTGATGATGACAATA
TAAAAGGCTTATTAGAGGTTGCCACTCAACAGATAGACAAATTGATTGAAAATATACCAC
TTTTACAAGCTAGGTGCAAGAAATACTAGCATCTGTAAATGAAAGTAAAGAACTGCTA
TTAAAGAATTTGAAATAATAGAAAAGAAAACATTAGAAAATAATATATTAAGATAAT
ATTAATCAACTCAACAAAAATAAAATTGATTTTCGTTCAATTGAAAGAACAACAACCTGAA
ATAGAGGGAATTGAAGCTAAGTTAAAGTTGTTACAAGATATTACAAACCTATTGAATTAT
ATTGAAAATAGAGAAAAAATTGAAACTAAAATTGCTAATAGCAAAAAAGATATTTCTAA
AACCAATAATAAAATATTGAATCTTGATTGTGATAAGCGAAACATAGACAAAGAGAAAA
AAATGTTAGAAGAAAACGGAGATTTAATTGAAAGTAAAATCTTTTTATTGATAAAACTA
GAGTATTATTTAACGATATTAATAAGTATCAACAAAGTTATCTCAATATTGAAAGCTTGA
GAACTGAGGGTGAACAATTAGGTGATGAATTAATAATCTAATTAAGGTTTAGAAAAG

GTCGAAGATTCAATAGGTAATAACGAAAGTGATTACGAGAAAATTATCGAACTAAATAA
TGCGATAACTAACATAAATAATGAAATTAATATAATTAAGAAAATGAAAAAGCTAAAG
CTGAATTAGATAAACTATTAGGTAGTAAGCAAGAGTTAGAGAATCAAATTAATGAAGAA
ACAACTATAATGAAGAATCTCGAAATAAAATTAGATCACTACGATAAATCAAAATTGGA
CTTAAATGATAAAGAAAGCTTTATAAGTGAAATTAATCTGCTGTAAAGATTGGAGATCA
ATGTCCGATATGTGGTAATGAAATTCAGGATTTAGGGCATCATATTGATTTTTGACAGTATT
GCTAAACGTCAAAATGAAATTAAGAAATTGAAGCAAATATCCACGCAATAAAAATCGAA
TATTGCTGTGCATAATTCTGAAATTAATTTGTTAATGAAAAAATATCGAATATTAATATT
AAAACGCAAAGTGATTTTTCTACTCGAAGTATTGAATAAGCGTCTGCTAGAAAATGAAAT
GCATTGAATAATCAAAGAGATCTTAATAAATTTATAGAACAAATGAAAGAAGAAAAAGA
TAATCTAACGTTGCAAATTCATAATAACAATTGCGACTAAATAAAAATGAATCTGAGTT
GAAATTATGTCGAGATCTCATCACTGAATTTGAAACACTCTCGAAATATAATAATATCAC
TAATTTTGAGGTGGATTATAAGAAGTATATTCAAGATGTGAACCAACATCAAGAACACTC
AAAGGAGATTGAAGATAAGTCAATGCAATTGTCTCAAAGAAAGTTAATTGAGCAAAAATA
ATCTAAATCACTATGAAAATCACTAGAACTTACAATAATGACTTAGAATTGAATGAAA
AATCTATTGAAATGGAAATGTCGAGGCTGAATTTAACTGACGACAATGATATAAATGAAA
TAATAGCCTGGAGGGGCGAGCAAGAGGAATTAGAGCAGAAAAGGGATACTTATAAAAA
ACGTTATCATGAATTTGAAATGGAAATAGCTAGGTTAGAATCATTAAACCAAGGATAAAGA
GTTATTGGACTCTGATAAATTAAGATGAATATGAGCAAAAAAAGAAAAGATGAATA
CACTGATAGATGAATACTCTGCTGTTTATTATCAATGTCAAATAATATTAATAAAACAC
AATCTATAGTTTCGCATATTAATTAATTAATCAAGAATTAAGGATCAACAAGAAATTT
TTCAATTGGCTGAAATTGTCAGTGGTAAGAATAACAAAAATCTTACATTGGAAAACTTTG
TCTTAATTTACTATTTAGATCAAATTATTGCCCAAGCAAATCTGAGATTAGCAACAATGTC
AGATAATCGATACCAACTAATTAGGCGAGAAGCGGTTTTCTCATGGTCTTAGTGGCCTAGA
AATTGATGATTTGATTTGCATTCAAATAAGTCTAGACATATTAGCTCGTTATCAGGTGGA
GAACTTTCCAATCGTCGCTTGCATTAGCTTTAGGGTTAAGCGAAATTGTACAGCAGCAA
TCAGGAGGTATTTCACTAGAATCAATATTTATTGATGAAGGATTCGGTACATTAGATCAA
GAAACGCTTGAAACAGCGTTAGACACTTTATTAATCTTAAATCAACTGGTAGAATGGTT
GGGATTATTTACATGTGAGCGAATTGAAAAATAGAATACCTTTAGTTTTAGAAGTGAAA
TCAGATCAATATCAGAGTTCAACAAGATTCAAAAGAAATTAA

> **mscL**

Function: protein coding sequence; large-conductance mechanosensitive ion channel (core genome, constant)

Best match: mscL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1348234:1348596:r]RC

Position: 031-contig_247: 121698 ... 122061; Length: 363 bp

Sequence:

TTATTTTTTCTCACGTAATAAATCTCTGATTTTCAGTTAATAACACAACATTTTCTTCCACAA
CTGCTTCTTCTTCGGCTTCTTCTTCTTTCATTAATGTATTTGCAATCTTAACAAAGATGAAT
AAAGCAAACGCGATGATAATAAAGTCGATAACAGATTGGATAAATAAACCGTATTTAAT
ACCCAGAAATGACCATTCTTTAGCAAATCAACTGATCCGAAAATTTTACCAATTAATGG
CATGATGATATTTTCTACTAATGAAGATATAATCTTGTTGAAAGCTGCACCCATCACAAC
AGCAATTGCTAAATCTAAGACGTTACCTTTTAAGGCGAACTCTTTGAATTCTTTTAACAT

> **opuD1**

Function: protein coding sequence; glycine betaine transporter 1 (core genome, constant)

Best match: opuD1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1348800:1350446]

Position: 031-contig_247: 122264 ... 123911; Length: 1647 bp

Sequence:

ATGAATTCTTCTTACCAGAGAATCCAAATGGAAAGAAGTATTCACCAGTCTTCATCTAT
AGTGCAATTGTTGTTGCTATAGTCGTATTACTTGGTGCATTTTTACCTGAACAATTCAACT
ATGTTACCAATAATATTAATAATGTGGATTACAGAAAAGTTAGGTTGGTATTATCTTATTCT
TACTACGATTATCGTGTCTTCTGTATATTCCTTATTTTTAGTCCTATTGGAAAACCTTAAAC
TAGGTAAACCAATGACAAACCTGAGTTTAATACAATTTTCATGGTTTGCTATGTTGTTTGG
TGCTGGTATGGGGATAGGTTTGGTGTTTTATGGTGCAGCTGAACCGATGGCGCACTTTGCT

ACGCCACCTACAGCAGATCCCAAACACTACTGAAGCTTATACTGAAGCTCTACGTTCAACA
TTTTTCCATTGGGGATTCCATGCTTGGGCTGTTTATGGTGTGTTGCGTTAGCGTTGGCAT
ATTCGCAATTCCGTAAAGGTGAACCAGGTTTATTATCTAGAACTTTACGTCCTCTTTTAGG
TGATAAAGTAGAAGGTCCTATTGGGATTTTTATTGACGTTTTATCTGTATTTGCGACAATC
GTTGGGGTAGCCGTTTCGTTAGGTATGGGTGCTCTACAAATTAATGGTGGTTTACATTACT
TGTTCAATGTTCCAAATAATACGTTTGTACAAGCGATTATCATCATTGTTGTTACTATCTT
ATTTATAGCAAGTGCATGGTCTGGATTAAGTAAAGGTATTCAATACTTAAGTAACTTGAA
CATTGGTTTLAGGTACTATTTAATGGTAGCTGCTTTAATTGTTGGACCAACTGTTCTTATTT
TAAATATGTTAACTAGCTCTACGGGTAGTTTACTAAACACATTCTTGTTAATAGTTTTGA
TACAGCAGCTTTAAATCCTCAAAAACGTGAATGGATGTCTTCATGGACACTTTATTACTG
GGGTTGGTGGTTAAGTTGGAGCCATTTCGTTGGAGTGTTTATTGCACGAGTTTCAAAGG
ACGTTCAATTAGAGAGTTCATTTCTGGTGTCTTGCTAGTTCCAGCAATTGTTAGTTTTGTTT
GGTTTAGTGTCTTTGGTGTATTAGGCATCGAGACAGGTAAGAAACACAAAGAAATTTTTG
ATATGACTCCTGAAACACAGCTATTTGGAGTGTTAATCATGTGCCATTTGGCATTGTTTT
ATCGTTGATTGCATTATTATTAATTGCATCATTCTTTATTACATCTGCTGACTCAGCAACAT
TTGTATTAGGAATGCAAACAACATTTGGTTCATTAAATCCATCTAGTATGGTAAAAGTTGT
TTGGGGAATTTACAGGCCTTAATAGCATTGTACTTTTATTAGCTGGTGGCGGTAACGGC
GCTGAAGCTTTAAATGCGATTCAAAGTGCTGCAATTATAAGTGCATTCCCATTCTCCTTTG
TCGTCATACTCATGATGGTAAGTTTCTACAAGGATGCGAACCAGGAACGTAAATTCCTAG
GTTTAAACATTGACTCCGAATAAACATCGCTTACAAGAATATATCAAGAGTCAACAAGAAG
ATTATGAATCTGACATTCTTGAAAAGCGTCAGTCACGTAGAAATATAGAGAAAAAAGAT
AACTAA

> **acnA**

Function: protein coding sequence; aconitate hydratase (core genome, constant)

Best match: acnA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1351280:1353985]

Position: 032-contig_259_RC: 390 ... 3096; Length: 2706 bp

Sequence:

ATGGCTGCAAATTTTAAAGAGCAATCAAAAAACATTTTGACTTGAATGGCCAAAGTTAT
ACTTACTATGATTTAAAAGCTGTAGAAGAGCAAGGTATTACTAAAGTTTCCAATTTACCTT
ATTC AATTCGIGTTTTGTTAGAATCTTTACTTCGTCAAGAAGATGATTTTGTAATTACAGA
CGATCATATTAAGCTTTAAGTCAGTTTGGAAAAGATGGAAATGAAGGCGAGGTACCATT
TAAACCTTCTCGTGTTATTTTACAAGATTTACAGGTGTACCAGCCGTAGTTGATTTAGCT
TCTTTACGTAAAGCAATGGATGACGTTGGGGGAGATATTACTAAAATTAATCCAGAAGTA
CCGGTGGATTTAGTTATTGACCACTCAGTTCAAGTGGATAGCTATGCAAATCCAGAAGCT
CTTGAACGTAATATGAAATTAGAATTTGAACGTA ACTATGAACGTTATCAGTTTTTAAATT
GGGCAACGAAAGCATTGATAATTACAATGCAGTTCCTCCTGCAACTGGAATAGTTCACC
AAGTTAACTTAGAATATTTAGCAAGTGTTGTACATGTTTCGTGATGTAGATGGTGAAAAAA
CTGCATTTCCGGATACATTAGTTGGTACTGATTACATACAACAATGATAAATGGTATTG
GCGTACTAGGATGGGGTGTGGTGGTATTGAAGCTGAAGCTGGAATGCTTGGACAACCTT
CTTATTTCCCAATTCCAGAGGTTATTGGTGTACGACTAGTAAATTCATTACCACAAGGCGC
AACAGCAACTGATTTAGCGTTAAGAGTAACTCAAGAGCTACGTAAAAAAGGTGTTGTTGG
TAAATTTGTAGAGTTCTTTGGTCCAGGTGTACAACATTTACCACTAGCAGACCGTGCTACA
ATTGCAAACATGGCACCAGAGTATGGAGCAACTTGCGGATTCTTCCCAGTTGATGATGAA
TCTCTTAAATATATGAAGTAACTGGTAGATCAGACGAACATATCGCGCTAGTAAAAGAA
TATTTGAAACAAAACCATATGTTCTTTGATGTTGAGAAAGAAGATCCTAATTATACAGAT
GTTATCGAATTGGATTTATCAACAGTTGAAGCATCGCTTTCAGGACCAAAAACGTCCTCAA
GATTTAATTTTCTTAAGTGATATGAAATCATCTTTGAAAATTCTGTAACAGCTCCAGCAG
GCAACCAAGGACACGGTTTAGATAAAAAGTGAATTTGATAAGAAAGCTGAAATTAACCTT
AAAGATGGATCAAAGCTACAATGAAAACAGGTGATATTGCAATAGCAGCAATTACATC
ATGTACAAATACATCTAACCTTATGTAATGTTAGGTGCAGGTTTAGTTGCTAAAAAAGC
AGTTGAAAAAGGCTTGAAAGTTCCTGAATACGTTAAAACCTTCTCTAGCACCAGGATCAAA
AGTTGTTACCGGATATTTAAGAGATGCTGGCTTACAACCTTATTTAGATGATTTAGGCTTC
AACTTGGTTGGTTATGGATGTACAACCTTGTATCGGTAATTCAGGTCTTTTATTACCAGAAA
TTGAAAAAGCGATTGCTGATGAGGACCTATTAGTGACATCTGTATTATCTGGTAACCGTA
ACTTTGAAGGTCGTATCCATCCTCTTGTTAAAGCCAATTACCTAGCTTACCACAGTTAGT

TGTTGCTTATGCATTAGCTGGAACGGTTGATATTGATTTACAGAATGAACCTATTGGTAAA
GGTAATGACGGTGAAGATGTATATTTGAAAGATATTTGGCCATCAATTAAGAAGTTTCA
GATACCGTTGATAGTGTGTAACACCTGAATTATTTATTGAAGAATATAATAACGTATAC
AATAACAACGAATTATGGAATGAGATTGATGTAACCTGATCAACCTCTATATGACTTTGAT
CCTAATTCAACATACATTCAAAATCCATCATTCTTCCAAGGATTATCTAAAGAACCGGGT
ACGATTGTTCCATTAAATGGTTTACGTGTTATGGGTAAATTTCGGTGATTCTGTGACAACCTG
ACCACATCTCTCCAGCAGGTGCAATTGGTAAAGATACGCCAGCTGGTAAATATTTACAAG
ATCATCAAGTGCCTATTTCGTGAATTTAATTCATATGGTTCAAGACGTGGTAATCACGAAG
TAATGGTTCGAGGTACGTTTGCTAATATACGTATTA AAAACCAATTAGCGCCAGGTACTG
AAGGTGGTTTTACAACCTATTGGCCAACAAATGAAGTAATGCCTATCTTTGATGCTGCAA
TGAAATATAAAGAAGATGGTACAGGTTTAGTTGTATTAGCTGGTAACGATTATGGTATGG
GTTTCATCTCGTGACTGGGCAGCAAAGGTACAACTTATTAGGTGTTAAAACAGTTATTG
CACAAAGTTATGAACGTATCCATCGTTCAAATTTAGTTATGATGGGTGATTACCATTAGA
GTTTAAAAAAGGTGAATCAGCTGATTCTTGGTCTAGATGGTACAGAAGAAATTTCTGT
TAATATTGATGAAAATGTTCAACCACATGACTACGTCAAAGTTACTGCTAAGAAGCAAGA
TGGTGATTTGGTAGAATTTGACGCTATGGTTCGTTTTGACTCACTTGTTGAAATGGATTAC
TATCGTCACGGTGGAAATTTTACAAATGGTTTTAAGAAATAAATTAGCGCAATAA

> **grlB**

Function: protein coding sequence; DNA topoisomerase IV/subunit B (core genome, constant)

Best match: grlB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1356324:1358315] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 5435 ... 7427; Length: 1992 bp

Sequence:

ATGAATAAACAAAATAATTATTCAGATGATTCAATACAGGTTTTAGAGGGGTTAGAAGCA
GTTTCGTA AAAAGACCTGGTATGTATATTGGATCAACTGATAAACGGGGATTACATCATCTA
GTATATGAAATTGTTCGATAACTCCGTCGATGAAGTATTGAATGGTTACGGTAACGAAATA
GATGTAACAATTAATAAAGATGGTAGTATTTCTATAGAAGATAATGGACGTGGTATGCCA
ACAGGTATACATAAATCAGGTAAACCGACAGTTCGAAGTTATCTTTACTGTTTTACATGCA
GGAGGTAAATTTGGACAAGGCGGCTATAAACTTCAGGTGGTCTTCACGGTGTGGTGTCT
TCAGTTGTAATGCATTGAGTGAATGGCTTGAAGTTGAAATCCATCGAGATGGTAATATA
TATCATCAAAGTTTTAAAAACGGTGGTTCGCCATCTTCTGGTTTTAGTGAAAAAAGGTAAA
ACTAAGAAAACAGGTACCAAAGTAACATTTAAACCTGATGACACAATTTTTAAAGCATCT
ACATCATTTAATTTTGATGTTTTAAGCGAACGACTACAAGAGTCTGCGTTCCTATTGAAAA
ATTTAAAAATAACGCTTAATGATTTACGCAGTGGTAAAGAGCGTCAAGAGCATTACCATT
ATGAAGAAGGAATCAAAGAGTTTGTAGTTATGTCAATGAAGGAAAAGAAGTTTTGCAT
GACGTGGCTACATTTTCAGGTGAAGCAAATGGTATAGAGGTAGACGTAGCTTTCCAATAT
AATGATCAATATTCAGAAAGTATTTTAAAGTTTTGTAATAATGTACGTACTAAAGATGGT
GGTACACATGAAGTTGGTTTTAAACAGCAATGACACGTGATTTAATGATTATGCACGT
CGTATTAATGAACTTAAAACAAAAGATAAAACTTAGATGGTAATGATATTCGTGAAGGT
TTAACAGCTGTTGTGTCTGTACGTATTCCAGAAGAATTATTACAATTTGAAGGACAAACG
AAATCTAAATTGGGTACTTCTGAAGCTAGAAGTGCTGTTGATTCAGTTGTTGCAGACAAA
TTGCCATTCTATTTAGAAGAAAAAGGACAATTGTCTAAATCACTTGTGAAAAAAGCGATT
AAAGCACAACAAGCAAGGGAAGCTGCACGTAAGCTCGTGAAGATGCTCGTTCAGGTAA
GAAAAACAAGCGTAAAGACACTTTGCTATCTGGTAAATTAACACCTGCACAAAGTAAAA
ACACTGAAAAAATGAATTGTATTTAGTCGAAGGTGATTCTGCGGGAGGTTTCAGCAAAC
TTGGACGAGACCGCAAATTTCCAAGCGATATTACCATTACGTGGTAAGGTAATTAATACAG
AGAAAGCACGTCTAGAAGATATTTTTAAAAATGAAGAAATTAATACAATTATCCACACAA
TCGGGGCAGGCGTTGGTACTGACTTTAAAATTGAAGATAGTAATTATAATCGTGTAAATTA
TTATGACTGATGCTGATACTGATGGTGCGCATATTC AAGTGCTATTGTTAACATTCTTCTT
CAAATATATGAAACCGCTTGTTCAAGCAGGTTCGTGTATTTATTGCTTTACCTCCACTTTAT
AAATTGAAAAAAGGTAAAGGCAAAACAAGCGAGTTGAATACGCTTGGACAGACGAAG
AGCTTAATAAATTACAAAAAGAACTTGGTAAAGGCTTCACGTTACAACGTTACAAAGGTT
TGGGTGAGATGAACCCTGAACAATTATGGGAAACGACGATGAACCCAGAAACACGAACT
TTAATTCGTGTACAAGTTGAAGATGAAGTGCCTCATCTAAACGTGTAACAACATTAATG
GGTGACAAAGTACAACCTAGACGTGAATGGATTGAAAAGCATGTTGAGTTTGGTATGCA

AGAGGACCAAAGTATTTTAGATAAATTCTGAAGTACAAGTGCTTGAAAATGATCAATTTGA
TGAGGAGGAAATCTAG

> **grlA**

Function: protein coding sequence; DNA topoisomerase IV/subunit A (core genome, constant)

Best match: grlA_CC001_MSSA476_BX571857.1[1386869:1389271]

Position: 032-contig_259_RC: 7426 ... 9829; Length: 2403 bp

Sequence:

GTGAGTGAAATAAATTCAAGATTTATCACTTGAAGATGTTTTAGGTGATCGCTTTGGAAGA
TATAGTAAATATATTATTCAAGAGCGTGCATTGCCAGATGTTTCGTGATGGTTTAAAACCA
GTACAACGTCGTATTTTATATGCAATGTATTCAAGTGGTAATACACACGATAAAAATTC
CGTAAAAGTGCGAAAACAGTCGGTGTATGTTATTGGTCAATATCATCCACATGGGAGACTAC
TCAGTGTACGAAGCAATGGTCCGTTTAAAGTCAAGACTGGAAGTTACGACATGTCTTAATA
GAAATGCATGGTAATAATGGTAGTATCGATAATGATCCGCCAGCGGCAATGCGTTACACT
GAAGCTAAGTTAAGCTTACTAGCTGAAGAGTTATTACGTGATATTAATAAAGAGACAGTT
TCTTTCATTCCAAACTATGATGATACGACACTCGAACCAATGGTATTGCCATCAAGATTTCT
CTAACTTACTAGTGAATGGTCTACAGGTATATCTGCAGGTTACGCGACAGATATACCAC
CACATAATTTAGCTGAAGTGATTCAAGCAACACTTAAATATATTGATAATCCGGATATTA
CAGTCAATCAATTAATGAAATATATTAAGGTCTGATTTTCCAAGTGGTGGTATTATTCA
AGGTATTGATGGTATTAATAAAGCTTATGAATCAGGTAAAGGTAGAATTATAGTTCGTTT
TAAAGTTGAAGAAGAACTTTACGCAATGGACGTAAACAGTTAATTATTACTGAAATTCC
ATATGAAGTGAACAAAAGTAGCTTAGTAAAACGTATCGATGAATTACGTGCTGACAAAA
AAGTCGATGGTATCGTTGAAGTACGTGATGAACTGATAGAAGTGGTTTACGAATAGCAA
TTGAATTGAAAAAAGATGTGAACAGTGAATCAATCAAAAATTATCTTTATAAAAACCTCG
ATTTACAGATTTTATATAATTTCAACATGGTCGCTATTAGTGATGGTCGTCCAAAATTGAT
GGGTATTCGTCAAATTATAGATAGTTATTTGAATCACCAAATTGAGGTTGTTGCAAATAG
AACGAAGTTTGAATTAGATAATGCAGAAAAACGTATGCATATCGTTGAAGGTTTGATTAA
AGCGTTGTCAATTTTAGATAAAGTAATCGAATTGATTCGTAGCTCTAAAAACAAGCGTGA
CGCTAAAGAAAACCTTATCGAAGTATACGAGTTCACAGAAGAACAGGCTGAAGCAATTG
TAATGTTACAGTTATATCGTTTAAACAAACACTGATATAGTTGCGCTTGAAGGTGAACATA
AAGAAGTTGAAGCATTAAATCAAACAATTACGTCATATTCTTGATAACCATGATGCATTAT
TGAATGTCATAAAAGAAGAATTGAATGAAATTAATAAAGAAATTCAAATCTGAACGACTG
TCTTTAATTGAAGCAGAAAATTGAAGAAATTAATAAATTGACAAAGAAGTTATGGTGCCTAGT
GAAGAAGTTATTTAAGTATGACACGTCATGGATATATTAACGTACTTCTATTTCGTAGCT
TTAATGCTAGCGGTGTTGAAGATATTGGTTTAAAAGATGGTGACAGTTTACTTAAACATC
AAGAAGTAAATACGCAAGATACCGTACTAGTATTTACAAATAAAGGTCGTTATCTATTTA
TACCGGTTCATAAATTAGCAGATATTCGTTGGAAAGAATTGGGACAACATGTATCACAAA
TAGTTCCTATCGAAGAAGATGAAGTGGTATTAATGTCTTTAATGAAAAGGACTTTAATA
CAGATGCATTTTATGTTTTTGCGACTCAAATGGCATGATTAAGAAAAGTACAGTGCCTC
TATTTAAAACAACGCGTTTTAATAAACCTTTAATTGCTACTAAAGTTAAAGAAAATGATG
ATTTGATTAGTGTTATGCGCTTTGAAAAGATCAATTAATTACCGTCATTACTAATAAAGG
TATGTCATTAACGTATAATACAAGTGAAGTATCAGATACCGGATTAAGGGCAGCTGGTGT
TAAATCAATAAATCTTAAAGCTGAAGATTTTCGTTGTTATGACAGAAGGTGTTTCTGAAAA
TGATACTATATTGATGGCCACACAACGCGGCTCGTTAAAACGTATTAGTTTTAAAATCTTA
CAAGTTGCTAAAAGAGCACAAACGTGGAATAACTTTATTAAGAATTAAGAAAAATCC
ACATCGTATTGTAGCTGCACATGTAGTGACAGGTGAACATAGTCAATATACATTATATTC
AAAATCAAATGAAGAACATGGTTTAAATTAATGATATTCATAAATCTGAACAATATACAAA
TGGCTCATTATTGTAGATACAGATGATTTTGGTGAAGTAATAGACATGTATATTAGCTA
A

> **alsT**

Function: protein coding sequence; sodium-alanine symporter family protein (core genome, constant)

Best match: alsT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1360967:1362427] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 10078 ... 11539; Length: 1461 bp

Sequence:

TTGAAAGATTTTCGATAGTTTAATTCCTGGATGGTTTAAAGAATTTGTCCATGTTGGTACCG
ATTTAATATGGTCTCAATATTTAATTGGTCTATTATTGACAGCTGGATTCTTCTTTACAATT
AGTTCTAAATTCGTCCAATTACGAATGTTACCTGAAATGTTTAGAGCTTTAGTAGAACGTC
CAGAACTTTAGAAGATGGTAAGAAGGGTATTTCCGCCATTCCAAGCATTGCGATTAGTG
CTGGTTCGAGAGTTGGTACTGGTAATATTGCTGGTGTGCGACTGCGATTGTTTTAGGCGG
TCCAGGTGCAGTGTGGTGGATGTGGGTTATTGCATTTATAGGTGCAGCGAGTGCATTTATA
GAAGCGACTTTGGCTCAGGTTTATAAAGTACATGATAAAGATGGTGGATTCCGTGGTGGT
CCAGCTTACTATAATTACTAAAGGTTTAAATCAAAAATGGCTAGGTATCGTATTTGCGATT
TAATTACAATTACATTTGCATTTGTATTTAACACAGTGCAATCTAATACAATTGCGGAGTC
GTTAAATACGCAATATAATATTAGTCCAGTAATCACAGGTATTATTTTAGCAATCGTAAC
AGCTATTATTATTTGGTGGTGTACGTAGTATTGCTACGTTATCTTCGTTAATTGTACCG
ATTATGGCTATCATTTACATTGGTATGGTTTTAGTAATATTGCTATTTAATTTAGATCAAA
TTGTTCCATGATAGGTACGATTATTAAGTGCATTTGGTATCGAACAAGTAACTGGTG
GCGCTGTAGGTGCTGCGGTTCTTCAAGGTATCAAACGTGGTTTATTCTCTAACGAAGCTG
GTATGGGTTCTGCGCCGAATGCAGCGGCAACTGCTGCCGTACCACACCCTGTTAAGCAAG
GTTAATCCAATCATTAGGTGTGTTCTTTGATACAATGTTGGTTTGTACAGCAACTGCAAT
CATGATTTTACTATATTCAGGACTGAAATTTGGTGATAACGCACCTCAAGGTGTTGCAGTT
ACTCAATCAGCACTTAATGAGCATTAGGTTCTGCTGGAGGTATTTTCTTAACAATAGCAG
TTACACTGTTTGCATTTTCATCTGTGGTAGGTAATTACTATTACGGTCAATCTAATATTGA
ATTTTTATCAACAAACCGTGAATATTATTTATCTTTAGATGTCTTGTGTAGTACTTGTCT
TTGTCGGTGCAGTTGTAAAAACAGAAACAGTATGGAATACGGCAGACTTATTTATGGGCT
TAATGGCAATTGTAAACATTATTTCCATTATAGGACTGTCCAATGTAGCTTTTGCATTGAT
GAAAGATTATCAAAGCAGAAAAAGAAGGCAAGAACCCTGTCTTTAAACCTGAAAACCT
TAGAAATTAACCTATTTGGAATTAGTGCTTGGGGCGCTAACAAATATAAGAACTCTGATA
AATAA

> **tx_alsT**

Function: rho-independent terminator of alsT

Best match: tx_alsT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1362455:1362520:r]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 11566 ... 11632; Length: 66 bp

Sequence:

TAAAAATCAAATAAACCCCTGAGGTTTTCAAATTAAGCGAAAATCTCAGGGTTTTAAATT
TGACT

> **glcT**

Function: protein coding sequence; transcript antiterminator (core genome, constant)

Best match: glcT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1362927:1363778] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 12038 ... 12890; Length: 852 bp

Sequence:

ATGGGAGAATATATTGTTACTAAAACATTGAACAACAATGTCGTAGTATGTACTAATAAT
GATCAAGAAGTTATTTAATCGGTAAAGGTATTGGTTTTAACAAAAAGAGGGAATGGCG
TTAAACGACCAAATATTACAATAGAGAAAATTTATAAATTAGAGAGTGAGCAACAAAA
AGCACATTATAAAAGTTTAGTTGAAATCGCTGATGATAATGTATTACAAGTAATTATTGA
TTCGTTGAATTTTATTCTAATACTGCGATGAATGTTGATTCAAACAACCTTGTAGTTTCA
TTAACGGATCATATTATATTGCTTATAAACGCTTAAAACAACAATCAAGTTATTAGCAATC
CATTTGTTATGGAACTATGCAGTTATATAGTGATGCATATCATATTGCTAAACAGGTGAT
TGATCAGTTAAATGCAGCATTAGATGTACATTTTCTGAAGATGAGATAGGATTTATTGC
ATTACATATTGCATCTAATACAGAAGATTTATCTATGCATGAGATGACCTTGATCAATAAT
GTTATTAATAAAGGTATAGATATCATTGAATCAGACCTTGTGACAACCTGTTGATAAGGAA
TCATTACAATACCAACGTTTTATAAGGCACGTACAATTTTTAATTCGCCGATTAAGAAGA
AAAGAATATATACATGCACAAGATGATTTTGTGTCTATGATTAATAAATCACTATCCGATT
TGCTATAACACAGCATATAAAATTTAACTATGATACAAAAACAATTTGATGTTAATATC
AGTGAGTCTGAAATTATATATTTAACATTACACATTCATCATTTTGAAGAAAGGATTAATC
AATCCTAA

> **mprF**

Function: protein coding sequence; lysylphosphatidylglycerol synthetase (core genome, variable)

Best match: mprF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1365602:1368124] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 14713 ... 17236; Length: 2523 bp

Sequence:

```
ATGAATCAGGAAGTTAAAAACAAAATATTTTCAATCTTAAAAATTACGTTTGCTACAGCT
TTATTTATTTTGTAGTAATCACATTGTATCGGGAGTTATCTGGTATTAACTTTAAAGATA
CGTTGGTTGAATTTAGTAAGATTAACCGTATGTCCTTAGTTTTACTATTTATTGGTGGTGG
GGCATCGCTTGTTATTCTATCAATGTATGATGTGATTTTATCTAGAGCTTTAAAAATGGAT
ATATCCTTAGGCAAAGTTTTAAGAGTAAGTTATATCATCAATGCATTGAATGCGATTGTA
GGTTTCGGTGGCTTTATTGGTGCAGGCGTTAGAGCTATGGTTTATAAAAACTATACGCAT
GATAAAAAGAAATTAGTTCACTTTATATCCTTAATACTTATTTCAATGTTGACAGGTTTAA
GCTTATTATCATTGTTAATTGTATTCCATGTTTTCGATGCATCTTAAATTTTAGATAAGATT
ACATGGGTAAGATGGGTATTATATGTAGTGTCAATTTTTCTTACCATTATTCATTATTTATTC
AATGGTTAGACCACCTGATAAAAACAATCGTTTTGTAGGATTGTACTGCACTTTAGTGTC
GTGTGTTGAATGGTTAGCAGCTGCAGTTGTATTATTTCTGTGGTGTAAATTGTTGACGCT
CATGTATCATTGATGTCCTTTATTGCAATATTTATCATTGCTGCATTATCAGGTTTAGTCAG
CTTTATTCTGGTGGTTTCGGCGCTTTTCGATTTAGTTGTATTACTAGGATTTAAAACTTTAG
GTGTCCCTGAGGAAAAAGTATTATTAATGCTACTTCTATATCGTTTTGCGTACTATTTTGT
ACCGGTAATTATTGCATTAATTTTATCATCATTTGAATTTGGTACATCAGCTAAGAAGTAC
ATTGAGGGATCTAAATACTTTATTCCTGCTAAAGATGTTACGTCATTTTTAATGTCTTATC
AAAAGGATATTATTGCTAAAATTCCATCATTATCATTAGCAATTTTAGTATTCTTTACAAG
TATGATCTTTTTTGTAAATAACTTAACGATTGTTTACGATGCTTTATATGATGGAAATCAC
TTAACGTATTATATTCTATTGGCAATTCATACTAGTGCTTGTTTATTACTTTTACTGAATGT
AGTTGGTATTTATAAGCAAAGTAGACGTGCCATCATCTTTGCTATGATTTCAATTTTATTA
ATCACAGTGGCGACATTTCTTCACTTACGCTTCATATATTTTAATAACATGGTTAGCTATTA
TTTTTGTCTGCTTATTGTAGCTTTCCGTAGAGCACGTAGGTTGAAACGCCCAGTAAGAAT
GAGAAATATAGTTGCAATGCTTTTATTCAGTTTATTTATTTTATATGTTAACCATATATTTA
TTGCTGGAACGTTATATGCATTAGATATTTATACGATTGAAATGCATACATCTGTATTGCG
CTATTACTTCTGGCTTACGATTTAATCATCGCTATCATCATAGGTATGATTGCATGGTTG
TTTGATTATCAATTTAGCAAAGTACGCATTTCTTCTAAAATTGAAGATTGCGAGGAGATTA
TTAATCAGTATGGCGGTAATTATTTGAGTCACTTGATATATAGTGGTGACAAGCAGTTTTT
CACTAATGAAAATAAAACAGCATTTTAATGTATCGTTATAAAGCAAGTTCATTAGTGGT
TCTTGAGATCCGTTAGGTGATGAAAATGCCTTTGATGAATTGTTAGAAGCATTCTATAAT
TACGCTGAGTATTTAGGCTATGATGTTATATTCTATCAAGTTACAGATCAACACATGCCTT
TATATCATAATTTCCGGTAACCAATTTTCAAATTAGGTGAAGAAGCAATTATTGATTTAAC
GCAATTTTCAACTTCAGGTAAAAACGCCGTGGATTTAGAGCGACTTTAAACAAATTCGA
TGAACTTAATATTTTCAATTCGAAATTATTGAACCACCGTTTTCAACTGAATTTATAAATGAA
CTTCAACATGTAAGTGATTTATGGCTAGATAATCGTCAGGAAATGCATTTCTCTGTGGGTC
AATTTAATGAAGAATACTTATCTAAAGCGCCAATTGGTGTAAATGCGAAATGAAGAAAATG
AAGTAATTGCATTTTGTAGTTAATGCCAACATACTTTAATGATGCCATTTTCAATCGATTT
AATTAGATGGTTGCCAGAGTTAGATTTACCATTAATGGATGGTCTATACTTGCATATGTTA
CTTTGGAGTAAAGAACAAGGTTATACAAAATTTAATATGGGTATGGCAACGTTATCGAAC
GTTGGTCAATTGCATTATTCATATTTAAGAGAACGACTTGCAGGCCGTGTCTTTGAACATT
TCAACGGTCTATATCGTTTCCAAGGATTACGTCGTTATAAATCTAAATATAATCCGAATTG
GGAACCACGCTTTTATGTTTATCGTAAAGATAATTCGCTTTGGGAATCACTTTCTAAAGTA
ATGCGTGTAAATACGTCACAAATAA
```

> **msrA1**

Function: protein coding sequence; peptide methionine sulfoxide reductase A1 (core genome, constant)

Best match: msrA1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1368327:1368836:r]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 17438 ... 17948; Length: 510 bp

Sequence:

```
TTATTGCTTATTTTTGTATTCTTGGCGTATTTTTTGTTCCTTCTGCATAGCGCTCTGGATTTTT
CTTATAAAAATCTTGGTGATAGTCTTCGGCTTTGTAAAATTGTGACGCGGGTAATTTTTT
GTTGCAATTGCCTTATCAGCATTAAATCGTATTTTTAAGCTGCTCGATATAAGTCTCAGCGA
GTTCTTTTTGATGATCATTAGTGTAGAAAATAGCTGTTTGATATTGAGGACCACGGTCTTG
ATATTGACCCCTGTATCTAATGGGTCAATGACTGAGAAAAATATTTCTAATAACTTATTG
TATGAGAATAATGCAACATCATATTGAATTTCAACAGTTTCTAAATGACCACTCGTACCT
GATTTTACTTGTTCGTAAGTAGGATTTTCAATATGTCCGCCATATATCCAGAAGTTACTT
TTTCTATGCCGTCAAAGGTGTCAAATGGTTTCGTCATACACCAAAGCAACCTCCGGCAA
AATAAGCTGTATTAATATTCAT
```

> **msrR**

Function: protein coding sequence; regulatory protein msrR (core genome, constant)

Best match: msrR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1368973:1369956] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 18084 ... 19068; Length: 984 bp

Sequence:

```
ATGGATAAAGAACTAATGACAACGAATATAGACGTCAAAGTGAACATCGCACTTCGGC
GCCTAAGCGAAAAAAGAAGAAGAAAATTAGGAAATTACCTATCATTCTTCTGATTGTTGT
AATTTTACTTATCGCATTAGTTGTATATATTGTGCATAGTTACAATAGCGGTGTAGAATAT
GCCAAGAAACATGCGAAAGATGTTAAAGTACATCAATTTAATGGACCAGTAAAAAATGA
TGGTAAAATTTCTATTCTTGTACTCGGTGCAGATAAAGCACAAGGTGGACAATCAAGAAC
AGATTCTATCATGGTTGTTCAATATGACTTTATCAATAAAAAGATGAAAATGATGTCTGTC
ATGCGTGATATTTATGCAGATATTCAGGATATGGAAAACACAAAATTAATTCAGCATAAC
GCTTTAGGTGGTCCAGAGCTACTTAGAAAAACACTTGATAAAAATTTAGGAATTAATCCT
GAATATTATGCAGTAGTTGATTTTACTGGATTTGAGAAAATGATTGATGAATTAATGCCA
GAAGGTGTACCAATTAATGTTCGAAAAGGATATGTTCGAAAATATTGGTGTATCTTTGAAA
AAGGGTAACCATAGGTTGAATGGTAAAGAATTACTTGGTTATGCAAGATTCCGTCACGAC
CCTGAAGGTGACTTCGGACGCGTGCGACGTCAGCAACAAGTGATGCAAACATTGAAAAA
AGAAATGGTTAATTTTAGAACAGTTGTTAAATTACAAAAGTTGCAGGTATTTAAGAGG
CTATGTGAATACAAACATTCCTGATTCAGGGATTTTCCAAACAGGTTTGAGTTTTGGTATC
CGAGGTGAAAAAGATGTTAAGTCATTGACTGTGCCAATCAAGAACTCATACGAAGATGTC
AATACAAATACTGATGGTAGTGCATTACAGATTAATAAAAACACAAATAACAAGCTATT
AAAGACTTTTTAGATGAAGATTAA
```

> **txbi_msrR**

Function: bidirectional rho-independent terminator of msrR

Best match: txbi_msrR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1369949:1370017] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 19060 ... 19129; Length: 69 bp

Sequence:

```
AAGATTAATAAATAACAAGGCGATTTCTATCATACTCAGATAGAAGTCGCCTTGTTTCGTT
TTCAAAGAA
```

> **dmpI**

Function: protein coding sequence; 4-oxalocrotonate tautomerase (core genome, constant)

Best match: dmpI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1370044:1370232:r]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 19155 ... 19344; Length: 189 bp

Sequence:

```
TTATTGATCTGACTTTCTTACGCCAGCCACACCATAATGGTTTGGTTTCATTTCTTCTATAA
CAACGTGAATTGCTTGTCTATTTGCCCCCGTTGTTTTTCTACGGCGTCAGTTACTTCGCTA
ACTAAATTTTTAATTGTTTCATCCGAACGACCTTCTAATAATTTTACATTGACGATTGGCA
TCAT
```

> **Q99UB7**

Function: protein coding sequence; DNA-damage repair protein (core genome, constant)
Best match: Q99UB7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1370377:1371639] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 19488 ... 20751; Length: 1263 bp

Sequence:

```
GTGTATAATTATCATTTTATTAGAAGATAGGGATGTTCTATGTATTGACCAAAAAAGTTTTT
TTGCGAGTGTTCCTTGTATTGAAAAGGGGCTAGATCCATTAGAAACAAAGCTAGCTGTTG
TTGCAGATACTAAGCGTCAGGGTTCTGTAATATTGGCTGCGACACCTAAATTTAAAAGAAT
TAGGCATCAAGACAGGGTTCGCGATTGTTTCAAATACCACATAGAAATGATATTTACATTA
TCAATCCAAGTATGCGTAAATATCTTAATGTTTCAGTTGCTATTTCTAAGATTGCATTGCG
TTATATTCCACCTGAAGATTTACACCAATATAGTATTGACGAATTTTTTATGGATGTTACT
GATAGCTATCATAGATTTAGTTCTACAGTACATGCATTTTTCGCAAAGACTTAAACGTGAA
ATTTATGAAGAAACAGGCATTTATTGTTACTGTGGGCATTGGTTCTAATATGTTATTAAGTA
AAATTGCTATGGATGTTGAAGCGAAGCATAGTCAAAAATGGTATAGCTGAATGGCGATATC
AAGATGTACCAACGAAATTATGGCCAATTCAGCCCTTTCGCGAGATTTTTGGGGTATTAATC
GTCGAACAGAAGCCAAATTGAATAAAAAGAGGAATTTTTACTATAGGAGATTTAGCGAAA
TATCCATATAAATTTTTAAAAAAGAGTTCGGTATTTAGGTGTTGATATGCATCTACATG
CGAATGGGATAGATCAGAGTAAAGTACGTGAAAAGCACAAAGATCAGCAATCCATCGATA
TGCAAAAAGTCAAATATTAATGAGAGATTATCATTTTGATGAAGCAAAAAGTAGTAATGCAA
GAGTTAATTGAAGATGTTGCTAGCAGAGTTCGAGCAAGAAAAAAGTGGCAAGAACGAT
ACATTTTGCCTTTGGCTATAGTGATGAAGGCGGTGTACATAAGCAATATACTTTGAAAGA
TCCAACAACTTAGAAAAAGATATTTATAAAGTAGTAATGCATTTTCGAGATAAATTATG
TAATAAACAAGCACTATATCGTACGCTAAGTATATCTTTGAGTCAATTTATTAATGAGGA
TGAGCGACAGTTAAGTCTGTTTGAAGATGAATACCAACGCAAACGTGACGAATGTCTAGC
TAAAACGATAGACCAATTACATTTGAAATACGGCAAAGGTATTGTGTCCAAAGCAGTATC
GTTTACAGAAGCAGGTACAAAACACGGCAGATTAGGTTTAAATGGCTGGACATAAAAATGT
AA
```

> **tyrA**

Function: protein coding sequence; prephenate dehydrogenase (core genome, constant)
Best match: tyrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1371775:1372866:r]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 20886 ... 21978; Length: 1092 bp

Sequence:

```
TTATTGGATATAACAATCAAATCACTCAATGCTTGCATACCGCGTTCTCGGTCAGTAGG
GTTTTTGAACATAATTTTTAAAGCACCGTATATATCTTCGCGTACTTCTAAGATTCTTAAG
TTGCTTATAGATATGTTATGTAACCTCAGGATATAAGTCACTTTACTTATCATACCTGATT
CATCCGGAATGTCTACATATAGATCATAACGAGTATTTAGTCCACCTAGTTGTTTAGCGGG
TAGTGCGTCGCGATACGATTTAGCTTGGGCAAAAATGATAACAATTTTTTCAGAATCATT
GCTTTCAATTAGTCTTTCTAAATCTTGAAACTGACTTTTTAGCTGTGCAATCATTCTAAA
ATATACGTTTTTACTCAAGGTGATATCTTTCCACATTTGTGCATTACTACTAGCTATAC
GAGTGATATCACGAAAACCACAGCTGCAAGTTTATTAATAAATGATGTTCTTGACCGT
TCTTTTGACTAACATGAACTAACTAGATGCAACGATATGAGGTAAATGACTTACGACGC
TTGTTACGTAGTCGTGTTCTTCAGCAGTAGTTACAATAAATTTAGCAAGAGTAGGTGATA
ACAGTTCTTTAACGTGTTTGTGCTGCTCATTCTTTGGCTCATTGTAGACTAAAATATA
ATAAGCGTTTTCAAATAAGTGCTTTTTAGCATTTAGTACACCAGATTTATGACTACCAGCC
ATTGGATGACCACTGACTAAATGAATATTATGCTTTAATAAATTGCATTCGTGTTGCTGTA
TCATTGCTTTAGTACTACCAGTATCAGAAACAATAACACCAGGTTTAGTTGGCATATCTAT
AAGCTCGCTAAGATATTTATTTGTGATAGCAACAGGTGTTGCATAAATAATTACATCGGC
TTTTTTAATAGCTTCACTATAATTTAAACATTTTTTCATTAATAATGCCGATTGATTTAGCTT
TATCTAACTGAGAAGTATCTGCATCGTATGCAATAATATTAGTATTAGGGTTATGGTATTT
TATATTGCTAGCAAGACTTCCACCAATTAATCCAAGCCCAACAATAAAAACCTGTTGTCAT
```

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)
Position: 032-contig_259_RC: 23214 ... 23223; Length: 9 bp
Sequence:
ATGAACTAT

> **tbox05**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)
Best match: tbox05_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1374124:1374297] (completely identical)
Position: 032-contig_259_RC: 23235 ... 23409; Length: 174 bp
Sequence:
AATTTTCTAAAGAAATAGTAGCAGATATGAAACGTAGCAAATAGAAAGCTAATGGGTGA
TGGGAATTAGCACGCCATATCTTGTGAATTGGACTTTGGAAAACAATTGAATGAGTTTTG
AAAGTGAACATGAATTATGTTAACTAAGGTGGCACCACGGTAACGCGTCCTTACA

> **tbox06**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)
Best match: tbox06_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1374325:1374511] (completely identical)
Position: 032-contig_259_RC: 23436 ... 23623; Length: 187 bp
Sequence:
ATTTAGACAAAATGTAGTAGTTAATTAAAGGTAGCAACAGAAAGTTAGTGGATGATGTG
AACTAACACCGAGATTAATGAAATTGGGTTTTGTCTGCAACAGAAAAATTATATATAGTA
AAGAGTGAACATGAATATTTCAATATTCGGTTAATTTAGGTGGTACCACGCGTCAGCG
TCCTTTAT

> **trpE**

Function: protein coding sequence; putative anthranilate synthase component I (core genome, constant)
Best match: trpE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1448894:1450300]
Position: 032-contig_259_RC: 23665 ... 25072; Length: 1407 bp
Sequence:
ATGGATATATTTTATAAAAAAATAAAAGCAAATGTAACGCCCGAAGTTTTAGCACAACTT
CATTCCAAGAAGATCATTTTGGAAAGTACAAATCAACAACAACTAAAGGTTCGCTATTCA
GTTGTTATTTTGGATATTTATGGCACTTTAACTTTAGATAATGATGTATTATCAGTAAGTA
CTTTAAAAGAATCGTATCAAATCACTGAAAGACCGTACCATTATTTAACGACTAAAATAA
ATGAAGACTACCATAATATTCAAGATGAGCAACTTAAGTCATTACCATTTATATCTGGAT
ATGTTGGGACGTGTAGCTTTGATTTAGTAAGACATGAATTTCTAAATTGCAATCAATAC
AATTAGAAGATCACAAGCAGCACGATGTAAGGTTATATATGGTTGAACAAGTTTATGTAT
TTGACCATTACAAAGATGAGTTATATATCATCGCGACGAATCAATTTTCAAATTCACAA
AATCAGATCTTGAGAATCGAGTTATTAAGTCTATCGAAGACTTAACTAAAATCCAACCAT
TCATGCCTACACAAGATTTTGATTTTAAACTAAAGAAATTCAATCAAACATTTCTGAAG
AAAGATTTATCGAAATGATTCAGTATTTCAAAGAGAAAATAACAGAAGGGGATATGTTCC
AAGTTGTGCCATCAAGAATTTACAAATATGCGCATCATGCTAGTCAGCATTAAATCAAC
TTTCGTTTCAACTGTATCAAATTTAAACGACAAAACCCAAGTCCATATATGTATTATCT
TAATATCGATCAACCATATATTGTCGGTAGTTCTCCCGAAAGTTTCGTAAGTGTCAAAGAT
CAAATTGTAACAACATAATCCTATTGCAGGTACGATTCAACGTGGTGAGACGACACAAATA
GATAATGAGAATATGAAACAACACTTAATGATCCAAAAGAATGCAGCGAACATCGTAT
GCTAGTTGATTTAGGACGTAATGATATTCATAGAGTAAGTAAAATCGGTACCTCAAAAAT
TACTAAATTAATGGTTATTGAAAAATATGAACATGTTATGCATATCGTAAGTGAAATCAC
AGGTAATAAATCAAATTTATCACCAATGACAGTTATTGCGAATTTATTACCAACAGG
TACCGTTTCAGGTGCACCAAATACGTGCAATTGAAAGAATATATGAACAATATCCACA
TAAACGAGGCGTTTATAGTGGTGGTGGTGGATACATAAATTGTAATCATAACTTAGATTTT
GCTTTAGCAATTCGAACGATGATGATAGATGAGCAGTATATCAACGTAGAAGCTGGTTGT
GGCGTTGTATATGATTCTATTCCTGAAAAAGAAGTGAATGAAACGAAATTGAAAGCTAAA
AGCTTATTGGAGGTGAGGCCATGA

> **trpG**

Function: protein coding sequence; anthranilate synthase component II (core genome, constant)

Best match: trpG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1375957:1376523 [4_50ANF10END]

Position: 032-contig_259_RC: 25068 ... 25635; Length: 567 bp

Sequence:

```
ATGATCTTAGTTGTAGATAATTATGATTCCTTTACATATAACCTAGTGGATATTGTTGCTC
AACATACTGACGTCATTGTTCAATATCCTGATGATGATAATGTGCTGAATCAATCGGTGG
ACGCTGTTATTATATCTCCTGGTCCAGGGCATCCATTAGACGATCAACAGTTAATGAAAA
TCATATCAACCTATCAACACAAACCCATTTTAGGTATTTGCCTAGGTGCTCAGGCACTGAC
TTGTTATTACGGTGGAGAAGTCATTAAGGCGACAAGGTTATGCACGGAAAAGTTGATAC
ACTAAAGGTTATATCGCATCATCAACATCTGTTATATCAAGATATACCAGAACAGTTTTTC
AATTATGAGATATCATTCAATAAAGTAACCCTGACAATTTCCAGAAGAATTGAAAAT
TACTGGACGTACCGAAGATTGTATACAGTCATTTGAGCATAAAGAAAGACCGCATTACGG
TATTCAGTACCATCCTGAATCATTGTCTACAGACTATGGTGTCAAATAATTACAAATTTT
ATTAATCTAGTGAAGGAAGGATGA
```

> **trpD**

Function: protein coding sequence; anthranilate phosphoribosyltransferase (core genome, variable)

Best match: trpD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1376529:1377527]

Position: 032-contig_259_RC: 25640 ... 26639; Length: 999 bp

Sequence:

```
ATGACATTACTAACAAGAATAAAAACTGAAACTATATTACTTGAAAGCGACATTAAGA
GCTAATCGATATACTTATTTCTCCTAGTATTGGAAGTATTAATATGAATTACTTAGT
TCCTATTCGGAGCGAGAAATCCAACAACAAGAATTAACATATATTGTACGTAGCTTAATT
AATACAATGTATCCACATCAACCATGTTATGAAGGGGCTATGTGTGTGTGCGGCACAGGT
GGTGACAAGTCAAATAGTTTCAACATTTCAACGACTGTTGCTTTTGTGTAGCTAGTGCTG
GCATAAAAGTTATAAAACATGGTAATAAAAGTATTACCTCAAATTCAGGTAGTACGGATT
TGTTAAATCAAATGAACATACAAACAACAACACTGTTGATGATACACCTAACCAATTAATG
AAAAAGACCTTGTATTCATTGGTGCAACTGAATCATATCCAATCATGAAGTATATGCAAC
CAGTTAGAAAAATGATTGGAAAGCCTACAATATTAACCTTGTGGGTCCATTAATTAATC
CATATCACTTAACGTATCAAATGGTAGGCGTCTTTGATCCTACAAAGTTAAAGTTAGTTGC
TAAAACGATTAAGATTTAGGCAGAAAACGTGCAATCGTTTTACATGGTGCAAATGGTAT
GGATGAAGCAACACTATCTGGTGATAATTTGATATATGAATTGACTGAAGATGGAGAAAT
CAAAAATTACACATTAATGCGACTGATTATGGTTTGAATATGCACCGAATAGTGATTT
TAAAGGTGGTTCACCTGAAGAAAACCTTAGCAATCACACTGAATATTTTAAATGGTAATGA
TCGCTCAAGTCGACGTGATGTGGTTGTCTTAAATGCAGGTTTAAAGCCTATATGTTGCAGA
GAAAGTGGATACCATCGCAGAAGGCATAGAAGTTCGAACTACATTGATTGATAATGGTG
AAGCATTGAAAAAATACCATCAAATGAGAGGTGAATAA
```

> **trpC**

Function: protein coding sequence; indole-3-glycerol phosphate synthase (core genome, variable)

Best match: trpC_CC005_ED98-hen_CP001781.1[1388305:1389087]

Position: 032-contig_259_RC: 26640 ... 27423; Length: 783 bp

Sequence:

```
ATGACGATTTTAGCAGAAATTGTTAAATATAAACAGTCACTTTTACAAAATGGCTATTAT
CAAGACAAACTTAATACCTTAAAAAGTGTGAAGATTCAGAATAAAAAATCTTTTATAAAC
GCAATTGAGAAAGAACCAAGGCTAGCAATTATTGCAGAAATTAATCGAAGAGTCCTAC
AGTTAATGACTTACCTGAACGAGATTTATCGCAACAAATCTCAGATTATGACCAATATGG
TGCAAATGCCGTGTCCATTTTAACTGATGAAAAGTACTTTGGTGGTAGTTTTGAAAGATTA
CAAGCATTGACGACAAAAACAACATTACCCGATTATGCAAAGACTTTATTATAGACCCG
CTTCAAATTGATGTTGCCAAACAAGCTGGTGCATCTATGATTTTATTGATCGTTAACATCT
TATCGGATAAACAATTGAAAGATTTATATAACTACGCTATATCGCAAATTTAGAAGTGT
TAGTTGAAGTACATGATCGCCATGAATTAGAACGTGCCTATAAGGTTAATGCCAAATTGA
TTGGTGTAATAACAGGGACTTAAAACGATTTGTACAAATGTGGAACATACAAATACTA
TTTTAGAAAATAAAAAACCAAATCATTATTATTTCTGAAAGTGGTATTCACGATGCAT
```

CTGATGTAAGAAAAATCTTGCATAGTGGTATCGATGGCTTACTAATAGGTGAGGCGCTTA
TGC GTTGTGACAATCTATCTGAATTTTTACCACAACCTGAAAATGCAAAAAGGTGAAGTCAT
GA

> **trpF**

Function: protein coding sequence; N-(5'-phosphoribosyl)anthranilate isomerase (core genome, variable)

Best match: trpF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1378311:1378943] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 27422 ... 28055; Length: 633 bp

Sequence:

ATGAAATTGAAATTTTGTGGCTTTACATCAATAAAGGATGTTACAGCGGCCAGTCAATTA
CCTATTGATGCGATAGGTTTCATCCATTATGAAAAAGTAAAAGGCATCAAACAATTACC
CAAATAAAAAAGTTAGCGTCTGCTGTTCCAAATCATATCGATAAAGTATGTGTCATGGTA
AATCCTGATTTAACAACAATTGAACACGTATTAAGCAATACGTCAATTAACACAATACAG
TTACACGGCACAGAATCTATTGATTTTATACAGGAAATTA AAAAAGAAATATTCAAGCATT
AAAATCACTAAAGCTTTAGCTGCAGATGAAAACATAATCCAAAACATAAATAAATATAA
AGGGTTCGTAGATTTATTTATTATCGACACACCCTCAGTGTTCGTATGGTGGTACCGGTCAA
ACATATGACTGGACTATTTTGAAGCACATAAAGACATACCTTATTTGATAGCAGGAGGC
ATTA ACTCTGAAAATATTCAAACAGTTAATCAACTTAAATTATCACATCAAGGTTATGAT
CTTGCATCAGGTATAGAAGTAAATGGGCGAAAAGATATAGAAAAAATGACAGCAATTGT
AAATATTGTGAAAGGAGATAGAGACAATGAATAA

> **trpB**

Function: protein coding sequence; tryptophan synthase beta chain (core genome, constant)

Best match: trpB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1453276:1454490]

Position: 032-contig_259_RC: 29112 ... 29262; Length: 150 bp

Sequence:

GAAAGTGCACATGCACTGAGTTATGTTGAAAGACTAGCGCCTACGATGTCGAAAGAAGA
TATTATTGTAGTA ACTATTTCTGGACGTGGCGATAAAGATATGGAAACAATTAGACAATA
TATGGCAGAGCGAGGTCTTGCAAATGACTAA

> **trpA**

Function: protein coding sequence; tryptophan synthase alpha chain (core genome, variable)

Best match: trpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1380143:1380871]

Position: 032-contig_259_RC: 29254 ... 29983; Length: 729 bp

Sequence:

ATGACTAAATTATTTATACCTTATATTATGGGCAATAAAGATTTGATTGAAAATGCAACA
TTGTTGAGTGAAAATGGTGCAGATATAATTGAAATTGGTGTACCTTTCTCTGATCCGGTTG
CTGATGGTCCAGTTATCATGGAAGCAGGTCAACAAGCGATTAACAAGGCATAACGATA
GATTATATTTTCGAGCAATTAGAAAAACACGGTAATCAAATTAAGTGTA ACTATGTATTA
ATGACGTATTATAATATTATTTGTCATTATGGAGAACAAGCGTTTTTTGAAAATGTTCGAG
ATACTGGTGTCTACGGCTTAATTATTCCTGATTTACCATATGAATTATCGCAGCGTTTTAAA
ACAACAATTTAGTCACTATGGCGTCAAATCATATCGTTAGTTGCGATGACTACTGATGA
CAAACGTATAAAGATATCGTATCCCATGCGGAAGGCTTTATTTATACTGTGACGATGAA
TGCGACAACAGGGCAAACGGTGC GTTTCATCCAGAATTA AAAACGAAAATTGAGTCAA
TTAAAGCGATAGCCAATGTGCCAGTTGTTCGAGGATTTGGTATAAGAACACCACAACATG
TTGCAGATATAAAGAGGTTGCAGATGGCATTGTTCATTGGTAGCGAAATCGTTAAGCGAT
TTAAATCTAACACGCGTGAGGAAATCATTAATATTTACAATCTATCCAACAACATTGA
ATAATTAA

> **femA**

Function: protein coding sequence; factor essential for meticillin resistance (core genome, variable)

Best match: femA_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[7407:8669:r] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 30304 ... 31567; Length: 1263 bp

Sequence:

ATGAAGTTTACAAATTTAACAGCTAAAGAGTTTGGTGCCTTTACAGATAGCATGCCATAC
AGTCATTTACGCAAACCTGTTGGCCACTATGAGTTAAAACCTTGCTGAAGGTTATGAAACA
CATTTAGTGGGAATAAAAAACAATAAACGAGGTTATTGCAGCTTGCTTACTTACTGCT
GTACCTGTTATGAAAGTGTTCAGTATTTTTATTCAAATCGCGGTCCAGTGATCGATTATG
AAAATCAAGAACTCGTACACTTTTTCTTTAATGAATTATCAAAATATGTTAAAAAACATC
GTTGTCTATACCTACATATCGATCCATATTTACCATATCAATACTTGAATCATGATGGCGA
GATTACAGGTAATGCTGGTAATGATTGGTTCTTTGATAAAAATGAGTAACTTAGGATTTGA
ACATACTGGATTCCATAAAGGGTTTGATCCTGTGCTACAAATTCGTTATCACTCAGTGTTA
GATTTAAAAGATAAAACAGCAGATGACATCATTAAAAATATGGATGGACTTAGAAAAAG
AAACACGAAAAAAGTTAAAAAGAATGGTGTAAAGTAAGATATTTATCTGAAGAAGAAC
TGCCAATTTTTAGATCATTATGGAAGATACGTCAGAATCAAAGCTTTTGCTGATCGTGA
TGACAAATTTACTACAATCGCTTAAAATACTACAAAGATCGTGTGTTAGTACCTTTAGCG
TATATCAATTTTGATGAATATATTAAGAAGCTAAATGAAGAGCGTGATATTTTAAATAAA
GATTTAAATAAAGCATTAAAGGATATTGAAAAACGTCCTGAAAAACAAAAAAGCGCATAA
CAAGCGAGATAACTTACAACAACAACCTTGATGCAAATGAGCAAAGATTGAAGAAGGTA
AACGTCTACAAGAAGAACATGGTAATGAATTACCTATCTCTGCTGGTTTCTTCTTTATCAA
TCCATTTGAAGTTGTTTATTATGCTGGTGGTACATCAAATGCATTCCGTCATTTTGCCGGA
AGTTATGCAGTGCAATGGGAAATGATTAATTATGCATTAATCATGGCATTGACCGTTAT
AATTTCTATGGTGTAGTGGTAAATTTACAGAAGATGCTGAAGATGCTGGTGTAGTTAAA
TTCAAAAAAGGTTACAATGCTGAAATTATTGAATATGTTGGTGACTTTATTAACCAATT
AATAAACCTGTTTACGCAGCATATACCGCACTTAAAAAAGTTAAAGACAGAATTTTTTAG

> **femB**

Function: protein coding sequence; aminoacyltransferase (core genome, constant)

Best match: femB_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[6129:7388:r] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 31585 ... 32845; Length: 1260 bp

Sequence:

ATGAAATTTACAGAGTTAACTGTTACCGAATTTGACAACTTTGTACAAAATCCATCATTG
GAAAGTCATTATTTCCAAGTAAAAGAAAATATAGTTACCCGTGAGAATGATGGCTTTGAA
GTAGTTTTATTAGGTATTAAGACGACAATAACAAAGTAATTGCAGCAAGCCTTTTCTCT
AAAATTCCTACTATGGGAAGTTATGTTTACTATTCGAATCGTGGTCCAGTAATGGATTTTT
CAGATTTAGGATTAGTTGATTATTATTTAAAAGAGTTAGATAAATATTTACAGCAACATC
AATGTTTATATGTTAAATTAGATCCGTATTGGTTATATCATCTATATGATAAAGATATCGT
GCCATTTGAAGGTCGCGAGAAAAATGATGCCTTAGTAACTTGTTTAAATCACATGGTTA
CGAGCATCATGGCTTTACAACCTGAGTATGATACATCGAGCCAAGTACGATGGATGGGCGT
ATTAACCTTGAAGGTAACACCCGAAACATTGAAAAAGACATTTGATAGTCAACGTA
AACGTAATATTAATAAAGCGATAAACTATGGTGTAAAGTCAGATTCCTTGAACGTGATG
AGTTCAATCTTTTCTTAGATTTATATCGTGAACTGAAGAGCGTGCTGGATTTGTATCAA
AACAGATGATTATTTTTATAACTTTATTGACACATATGGAGATAAAGTATTAGTACCATTA
GCATATATTGACCTTGATGAATATGTGTTAAAGTTGCAACAGGAATTGAATGACAAAGAA
AATCGTCGTGATCAAATGATGGCGAAAGAAAACAAATCAGATAAGCAAATGAAGAAAAT
TGCAGAATTAGATAAGCAAATTGATCATGATCAGCATGAATTATTGAATGCAAGTGAATT
GAGCAAAACGGACGGCCCAATTCTAAACCTTGCTTCTGGCGTTTATTTGCAAATGCATA
TGAAGTGAATTATTTCTCTGGTGGTTCATCAGAAAAATATAATCAATTTATGGGACCATA
CATGATGCATTGGTTTATGATTAACCTATTGCTTCGATAATGGCTATGATCGTTATAATTC
TATGGTTTATCAGGTGATTTACGGAAAACAGTGAAGATTATGGCGTATACCGCTTTAAA
CGTGGATTTAATGTACAAATCGAAGAATTAATAGGGGATTTCTATAAACCAATTCATAAA
GTGAAATATTGGTTGTTCAACATTGGATAAATTACGTAAAAAATTAAGAAATAG

> **tx_femB**

Function: rho-independent terminator of femB (core genome, constant)

Best match: tx_femB_CC008_COL_CP000046.1[1423390:1423448] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 32845 ... 32904; Length: 59 bp

Sequence:

ATGTAAATGATGTTAGGGCTTATAGTTATTGATACTATAGGCTCTTTTTTATATGTTTT

> **cof**

Function: protein coding sequence; Cof-like hydrolase (core genome, variable)

Best match: cof_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[4685:5451:r] (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 33522 ... 34289; Length: 767 bp

Sequence:

```
ATGAGATTTGTCTTTGATATTGATGGTACGCTTTGTTTTGACGGCCGATTAATTGACCAGA
CTATTATTGATACATTGTTACAATTACAACATGCTGGTCATGAACTTATATTTGCATCAGC
ACGTCCGATTCGTGATTTGTTGCCAGTTTTACCATCAGTATTTTCATCAGCACACATTAATT
GGCGCAAATGGTGCTATGATTTTCACAGCAATCAAAGATTTCTGTTATCAAACCAATTCAT
ACAGATACATATCACCATATCTTAAAAATAATTCAAAGTATGAGTTAGATTATATTATT
GATGATGATTGGAATTATGCTGCACAACCTTGACGCTGAGAACGCGATTTTTGAGCGTTTA
GATCCACATAAGCTGGCAGTTTGTATTGATGTTGCAAATATCGACACACCAATCAAGATC
ATTTTATAAATATAGACCCGGCACAAATTACAACATATATTAGACGAGCTAAATAAATACC
ATCAAGAATTGGAAATGATTCACCATTCAAATGAGTATAACATTGATATAACAGCGCAAA
ATATTAATAAATATACTGCATTACAATATATATTTGATGCAGATGTTAAATATATAGCATT
TGGTAATGACCACAATGATATTGTCATGTTACAACATGCTAGTAGTGGCTATATTATAGG
ACCATCAGAAGCATAACACACGCAATATTGAACTTGATAAAATCAAACACATCAATA
ATAATACACAAGCTATTTGCAAAGTCTTAAAATCATATAAATAA
```

> **Q5HG42**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HG42_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1385765:1386238:r]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 34336 ... 34810; Length: 474 bp

Sequence:

```
TTAATAAAATTCGTCCTCGAACATTTCTTCTCTTCATCTAATCCAAATAATTCTGCCATT
CTCCATGTTCAATTAACATGTTTAAATATGCATCGCGGAGTTCTTCTTCACTCATATCATT
AATCATTTCTTTAAGACTATCAATCCACATATTTCTGCGTAATTGATAGTCTTCTTCAACTT
CGTTTAAACATCATTATATGTTTATTTGCTGCTTCTGGACTAGCTGTAAAGAGTAATGCAAT
CATATGTTTACATATCACTCGTCTTCCATCAGCATGAGGACAATTACATTTGGATTTTCTA
GGATGTTCCATATCAATATAACAACGATATACTTTGTTGCCACTGCCCTTTACTTCAGCCT
CATGCTGCGTTTCTGAAAATGATTTTAAAGTTAATGACGCATTCACTTTGATAATAATTA
AA GCCTCTTCTATAGAACGAATACTTGCAATATCAAGTAATCCCAT
```

> **opp2F**

Function: protein coding sequence; oligopeptide transport ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: opp2F_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[3339:4040]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 34933 ... 35635; Length: 702 bp

Sequence:

```
CTAATATGAAAATGCTTGCACTAATTCTTTTTGTATAAGGGTGTCTATCAACATTAATAAAT
TCCTCTATTGCAAAAATCATCGACTATCATGCCATCCTTAAGAACGATAATTCTATTAACTA
AGCGTTGTAACACGGATAAATCATGAGAAATAACGATAAAATGATTTAAGTTCGTAATCG
TTTGCGCTTTTAAATATATTGATTACATTTTGTTCAGCTATAACATCTAAATTTGAAGTTATC
TCATCACATATTAACCGCGAGGCTGTGCTAATAACGAACGCATGACATTAATCTTTGT
AATTGTCCGCACTCACTTCGCTTGGTAATTTAGTCAATAATTGCGCGTTTAACTCAAAG
TAGATAAATGTTGTAATAATAATTGATCCTGAGCAGTATTATCAGTTAGGCCTCTGTAATA
ATATAACGCTTCTTTTAAATGAGGTCTCAATCGTCCAATCAGGGTTAAAGCTAGTTAAAGG
GTGTTGGAAAATCGGTAACACAGCATTGTCACTTAAGTAAATTTCTCCTTTAACAGGTTTA
ACAAGCCAAGAACCAATGAAGCGAGCGTACTTTTACCACAGCCACTTTTCGCCTAAAATA
CCAACATTTTCTCCATCGGGTATAGTAATATTGATATCTTGTAGCACCATCTGCTTTTTATT
ATAACCAAAAGTCACATGTTTTAATTCAATCAT
```

> **opp2D**

Function: protein coding sequence; oligopeptide transport ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: opp2D_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[2573:3346]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 35627 ... 36401; Length: 774 bp

Sequence:

```
TCAATCATAGTAATCCCTCTTTAATTGTGTTCTATATTTAATTAGACGTTTCAGTATACGGA
TGCAAATGCTCATACTTGAAATGATTAATATTACCTCGTTCAATGATTTGACCTTCTTTTA
AAACATAAATGTACTGACAATATTTCAATACATGACTTAAGTTATGTGTGATAATAAATA
ATGTTTGACCATGTTCTAATACAATATGCTGTAATAAATCCATCACTTGATTACCGTTCAA
AGCATCCAATGATGCAACTGGTTCGTCTGCAATGATTAATTTAGGCTCCAACATGAGAAC
GCTTGCTATGTATACGCGTTCAAGTTGGCCCCCAGAAAGTTGGAAACTATATTTATTTAAT
ATATCTTTGCTTTGTAAATTAACCCACGACAAAGCCTTATCAACTTTGGACAAAGCCTCTT
CTTACTACCTTTATAATGCTTACGATAAATCGCAGTTAACTGTTTACCTAATTTAGTATG
GTCGTTAAAACCTTTCTGCATAATTTGGGAAATATAGCCAATTGTATGACCATAAATTGA
CTCAATCTACTAACAATTTCTCCATCAAATTGGTATGAATCATACGTGCAGGTTAAATCAA
ATGGTAAATATTCAAGTAAGGCTTTAGCAATCAAACCTTTTTCCAGCGCCGCTCTCTCCAA
CAAGGCATTAATCTGTTGACTAAAAATTTCAAATCAATCCCTTTAATAAGTGATTTCTCA
CTAGTATTCTTTATTGTTAAATTTTGTATATCAATGAGACTCAT
```

> opp2C

Function: protein coding sequence; oligopeptide transport system permease protein (core genome, variable)

Best match: opp2C_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[1756:2586]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 36387 ... 37218; Length: 831 bp

Sequence:

```
TCAATGAGACTCATCATATTCACCCCGTTGTTTCAGCAATCTATCTCTTAGCGCATCTCCG
GTAAATTAATAAATAAATAGTTATAGCAATGACTGAAGCAGGTGCAATCAACATAATT
GGATGAGACGAAATAAATCACGACCTTGTTGCAACATAGCGCCCCACTCTGGTGTGGC
GGTTGTGCACCTAACCAATAAATGATAGTGAACCTTATATATAGAATGATTTTACCGAAA
TCAACGACCATCAAAACGATAATAGCCGGTATAATTTTAGGTGTTAAATGACGTATTAAT
ATTGTTCTTGTAGGTACATGAAATAATTGTGCCATTTTTATATAAGGCTTATTCATTTGCT
ATTAACTATACTTCTAGTCAACCTTGTGTAATTCATCCATTTTATTACTGTAATTGAGATA
ACTAAATTCATAAAGATGGTTGAAAAAAGCTTGCTAAAGCAATCATGATGATAAATTCT
GGAATACTTAGACCAACATCAATAAACCTTAACACTAATCGTTCAATCCACCTTTTTTAT
ATCCGGCAAATAGACCTAGTGTAACACCTATGACAACGATAGCTATTAATGTTAAAACAG
TAACAAACAATGTTGAACGTGCACCGATAATAATTCGGGTAAATAAATCTCTCCATAAT
CATCAGTTCCTAATAAATGCAACCAACTAATAGGTTCAAAAGTTTGTGATAAATTGACTT
TGGTTGCATTTTCACTACTGACAAAGAATTGCAGTACAATTACCACAAAAATAAATGCAA
CGAATACAAAAATATCAGGTTATTTTTTGAAAATATTTTATGCAT
```

> opp2B

Function: protein coding sequence; oligopeptide transport system permease protein (core genome, variable)

Best match: opp2B_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[777:1763]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 37210 ... 38197; Length: 987 bp

Sequence:

```
TTATGCATGACGGTCACTACTTTCTGATATCAATGGTGTATTGGTTTTGTTTTTGGATTTC
CTAATTGTAACGCTGCTTCGGATCAAGTAATAACGTTAATAAATCAGCAATCGTATTGA
TAATAACAACGAAGAAGCCAATAAATAACACGCATCCTTGAATAACAGGATAATCTCGA
GATTTAATACTATCCATTAATAGATAACCAATACCAGGTATATCAAATAAATTTTCAATC
ACTACAGTACCACCTATTAGACTGCCAAGTGAAATCCCTAGTAATGGGATAATCGGCAAA
ATTGTTGGTTTTAGTAAATCATGAATTAATAATAACGTTCAATTCATACCGCGTAATCTTG
ATGCTTGTACGATATTACTTTGCAATAACATCAATAAATTAGAACGCACTAAACGAATGA
TGTATGCACACATACCTAAAGATAGCGTGATTACAGGTAATATAAACTGACTTAGTATAA
CGCTATCTATATTCATTAATTTGTGACAATAAATAAATAAATAAATACCGATAAAGAACC
```

CTGGTAAACTAATCGATAGTGTGAGATCACTCTAATCACTTTATCCGTCCACTTATGAAA
TCGTTTGGCTGCTATAATGCCGAGCGGTATAGATATGCATAACGACACTACTAATGTTGA
ACAAGATATGAGTAATGTTATGGGTGCATAGTTGAATAATATCTGTGTTACCGGTTCTTTT
GATTCAAAACTTTTTCTAAATTAATAATGTAATAAATGATTCATCCAATGCCACCCTGTA
CCAATAAAGAATCATTTAATCCCAATTTATCTTTGGTTGCATTTATTTGTTCCGTCGACAC
TTGTGCTACATCAAGATGTAATATTTTATCAACAGGATTGCCTGGTGATAATTTCAATAAA
ATGAATGTAAGTGTAGAAATAACAAATAAAACAACACTATCATTTGCATCAGTCTATAACAAC
ATAGACTTAATTATGAACAT

> **Q5HG37**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HG37_CC001-ST772_118_AJGE01000002.1[129:473]RC (completely identical)

Position: 032-contig_259_RC: 38500 ... 38845; Length: 345 bp

Sequence:

TTATTTTTTATCTTTACGGCGAAGTTCAGCGCCCTCATAGCCGTATTTTTCAATTTGCTTTT
CTAATTTACGCGCTTTTCTTTCTTTACGCCAATTTCTAGTAAAATACCATAATAGAAAAC
AATTAATAAACTCATGATCGCTAAAAATGCAGCGTATCCTAATAATGGTTGATATTTTAT
ATCTTGAAAATTTGGAATAAAAAATGCAAGCACACCTAATAAACAATGTAATTACTGC
AGATACAAACCATTTATTTAAAACTAAGCAACAGAATATTGTTAATAAAAATCATTATTA
TGTGTGATCCATAAATAATTAGGTATATCGAATAATGTCAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_FM207105.1[6418:7045]RC

Position: 033-contig_261_RC: 18 ... 48; Length: 30 bp

Sequence:

AGATCTGAAGAGACCTGCGGTTCTTTTTAT

> **pepF2**

Function: protein coding sequence; oligoendopeptidase F/M3 family (core genome, variable)

Best match: pepF2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1464866:1466680] (completely identical)

Position: 033-contig_261_RC: 197 ... 2012; Length: 1815 bp

Sequence:

ATGTCTCAAGGTTTACCTTTAAGAGAAGATGTTCCCTGTTTCAGAAACATGGGATTTAGTA
GACTTATTTAAAGATGATCAACAATATTATGAAAGTATTGACGCTCTAGTACAACAAGCA
AATCAATTTATCATAATGCAACAACATTAATTCGAACAAATTAATACTGCT
TTAGCTGAATTAGAAAATATTTAATTGCCTTAGATCGCTTAAGTAATTATGCAGAACTAC
GTTTAAGTGTAGATACTAGTAATATCGAGGCACAAGTATTGAGCGCTAAATTATCTACTA
CATACGGTAAAATTGTTAGCCAATTATCATTGTAGAGTCAGAAATACTTGAATTACCAG
AAGAAATACTTCAACAATTAGAAGAATCATGTCCATATCAACACTATATTAACAGTTAA
TAAACAAAAGCCATTCCAATTATCTGCGTCGGTAGAACAAGTATTAGCAACTTTATCAC
CTACGCTAAACAGTCCTTACGATTTATACGGCACGACAAAATGCTAGATATTACATTTCG
ATTCATTTGAACATGATGGTACAACGTACCCTGTCGACTATGCTACGTTTGAAAATGATTA
TGAAGATAATAAAGATCCTGAGTTTAGACGTAAGTTTCAAATCGTTTAGCGATGGGAT
TCGAAAATATCAGCATACTACCGCGGCTACATATAATATGCAAGTACAACAAGAAAAAA
TTGAAGCTGATTTACGTGGATTTGAATCAGTCATCGATTATTTATTACATAGTCAAGAAGT
AACGCGTGATATGTTTGACCGTCAAATCGATATGATTATGCGTGACTTGGCACCAGTTAT
GCAGAAATATGCTAAACTTTTACAACGTATTCACGGATTAGATAACATGCGTTTTGAAGA
CTTGAAGATTTCTGTAGACCCTGATTATGAACCAGAGATTTCAATTGAAGACTCAAAAAA
TTATATTTTCGGTGCCTTAAAGTGTTTTAGGTGATGACTATACAACATGTTACGTGAAGCA
TACGATCAGCGATGGATTGATTTGCACAAAATAAAGGTAAGATACAGGCGCATTTTGT
GCAAGTCCATACTTTACACATTCATATGTGTTTATTTCTTGGACTGGTAAAATGGCTGAAG
CATTTGTCTTAGCACATGAATTAGGTCATGCAGGTCATTTTACATTAGCTCAAAAACATCA
ACCATATCTTGAATCAGAAGCATCAATGTACTTTGTTGAAGCCCCTTCTACAATGAATGA
AATGTTGATGGCCAATTATTTATTTAACACAAGTGATAATCCAAGATTTAAGCGTTGGGTT

ATTGGCTCAATTTTATCTAGAACATATTATCATAATATGGTTACCCATTTATTAGAAGCTG
CTTATCAACGTGAAGTGTATCACAAAGTAGATCAAGGTGAATCTTTAAATGCGCCGACAT
TAAATGAAATAATGCTAAATGTTTATAAACAATTTTTTTGGAGATGCAGTAGACATGACTG
AGGGTGCTGAATTAACATGGATGCGTCAACCTCATTACTATATGGGATTATATTCGTATA
CGTATTCTGCTGGCTTAAACAATCGGAACTGTCGTTTCTCAAAAGATTA AAAAATGAAGGCC
AACCAGCTGTTGATGCTTGGTTAGAAACATTGAAAAAAGGTGGTAGTGTATCACCTGTCC
AACTTGCAAACATTGCAGGTGTAGACATTACTACAGAACAGCCACTTAAATCTACAATTC
AATATATTTCTGATTTAGTCGATGAAGTTGAAAAATTAACAGATGAAATTGAGCAAGCAA
ATAACTAA

> **txbi_pepF2**

Function: bidirectional rho-independent terminator of pepF2 and phoU

Best match: txbi_pepF2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1466699:1466764] (completely identical)

Position: 033-contig_261_RC: 2030 ... 2096; Length: 66 bp

Sequence:

GTAGAACAATATAAACCAAGATTTTCACATTACTAATTGTGAGAATCTTGGTTTTTTTGGAG
GGTTT

> **phoU**

Function: protein coding sequence; phosphate transport system regulatory protein (core genome, constant)

Best match: phoU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1392431:1393072:r]RC (completely identical)

Position: 033-contig_261_RC: 2151 ... 2793; Length: 642 bp

Sequence:

TTATTGTTTCGTAATGTGTACCTGTTAAATAAAAATAAACACTTTCAGCGATGTTAATAATA
TGATCACCAATACGTTCTAAATGTCTTGCTGCTAAATGAGCTTGTGCAGCGACAAATGGA
TCGTTATCAATAAGATACGTTGCGTTAATAATATGACTATATAAGTCATCGATATCTTCAT
CACGCTCAATTATTTCTCTTATTAATACGGTATCTTTCTTTTTAAATGCTTGATCTAAGTCC
TTTAACATTAACATAGCTAATTTACCCATTGTCTTTAAACGGGTTAACACATAATCATCTG
TAATCTTTGTACGCAATCGAATATTGGCAATACTCGATGCATTATCTCCTATTCTTTCTAA
ATCGGAGGCGATTTTTAATGAAGAAATCATCATAACGCAAATCACTCGCAATGGGCTGTTG
CTTTGTAATTAACATGATAACTCGCTCATTAATATCATAATTTAATTGATTGATATGTTTA
TCGTTTTTAAGTGTGTCGTGCAAAGCCTCTATCGTCAATACTTAATGATTTTATAACCATT
TTCAATACTCACATAGACATTTGCACCTAACCGACGTAATTCCTTTATTAATCATCAAGT
TGCTCCTGATATCGCTGTCTAATTATTGCCAT

> **pstB**

Function: protein coding sequence; phosphate import ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: pstB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1393079:1393930:r]RC

Position: 033-contig_261_RC: 2799 ... 3651; Length: 852 bp

Sequence:

TCAACCAAACCTTCCTGAAATATAATCTTCTGTTTTCTTGTGTTGATGGGTTAGAGAAAATT
TTATCAGTATCATCATATTCATTGACATAACCATTTAAGAAAAATGCAGTTTTATCTGATA
CACGAGCTGCTTGTTGCATATTATGTGTAACCATAATAATTGTATACTTTTCTTTTAGTTCT
TGAACCAACTCTTCTACTCTTAATGTTGAGATTGGATCTAATGCTGATGTCGGTTCATCCA
TTAAAATAACTTCAGGTTCAATTGCTAAACAACGCGGATACAAACACGTTGTTGTTGCC
CACCGGATAAACTATATGCATTTGTGTGCAACCTATCCTTTAATTCATCCCAAATTGCAGC
GCCACGTAATGATTTCTCAACGATTTTCATCAAGAACTTTTTTATTTTTAATACCGTGAATC
TTTGGACCGTAAGTAATATTATCGTATATTGATTTTGGAAATGGATTAGGTTGTTGAAAGA
CCATGCCACATTTGTACGTAATTGTTCTTTAGAATATTTTTGATCAAAAATGTCTTGATC
TCGATATAATATTTTACCAGCTGTTTTACAGAAGGTACTAACTCAACCATTCGATTCAAA
GTTTTAATATATGTTGATTTGCCACAACCAGATGGACCTATAATGGCAGTAATTTGGTTTT
CATAAATATCTAAATTAATATTTTGTAAATGCATGATTTTCGCCATACCATAAGTCTAAATT

TTGTGTTGAATATATAACAGAATGTGAGTTTGTATCATCTGGTGTTTTATGATGACTTTGT
GAGACATCAAACGTATGACTTTGAGATATTTGTTTAGTTTGTGCAAGTGTTCGCGCCAT

> **pstA**

Function: protein coding sequence; phosphate ABC transporter/permease subunit A (core genome, variable)

Best match: pstA_CC001-ST772_118_AJGE01000027.1[3642:4559:r]RC (completely identical)

Position: 033-contig_261_RC: 3697 ... 4615; Length: 918 bp

Sequence:

TTAGAATTTTTACTAAATTTGTTACGTAATAATCGCAACGCCATTCATTAAGATTAAG
ATAACTAGTAAAACGATAATGCCTGCCGATGCAACATTCTGGAATTCTTCTTGAGGCATT
TTCGCCCAAGTAAATATTTGGATTGGTAATGCTGAAAATTGATCCAATATACTTCTAGGTG
TTGCCAATAATATAGTCGGTATACCGATTAGCACAAAGTGGCGCTGTTTCTCCAGTGCTCT
TGAAAGAGACAAAATGAATCCAGTTAAAATACCAGGTAACGCTGCTGGTAAGACAACAC
GTCTTATCGTTTGCCATTTATTAGCACCTAAACCATAAGAAGCTTCGCGTACTGAGTTAGG
TACAGCTCTAATTGCTTCCTGACTTGAAACAATAATAATTGGTAATATCAGTAAGGTCATT
GTTAGCGCTGCTGCCAATATACTGTTACCCATTTTCAAGGCTTCAATCCCCGCACCACCA
CGAACAAAGTGTAACCTAATAACCCAAATACAACCTGATGGTACACCAGCTAAATTGGAA
ATACTGATTTTAAACAACTGAGTAAATTTGTTGTTTTTCGCATATTCTTCTAAGTATATAG
CTGTACCTATTCCTAGGATGATTGATAATGGAATGATACTTAACATTAACCAAAGTGAAC
CGATTAACGCGCCTTTAACGCCAGCCATAGATGGTGTGGAAGAAGAAAAATTAGTGA
AATTGTAAATTTAAATGACTTACCCCTTTAATCAATGTTTGGAGTTAACAACGCAATAAGTA
CGACAAGTCCTAATAATGTACATGCTAAAAATATGAGTTTGAACACTTTATTTTTAACCGT
TCTGGATGATAAATGTTTTTGGACAAGTTGTTGATCGACGAGTGATTGTCTATTATTATCT
GTCGTTTCCAT

> **pstC**

Function: protein coding sequence; phosphate ABC transporter/permease subunit C (core genome, variable)

Best match: pstC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1394896:1395822:r]RC (completely identical)

Position: 033-contig_261_RC: 4616 ... 5543; Length: 927 bp

Sequence:

TTAATACTCCTCCCTAAAACGCTTAGAAATCCACTGAGAAAGTAAATTCATGATTAAGGT
AAAGATAAATAGTGTGAACCCTACAGCATAAATACTGTAATAAATATTTGATCCAAATGT
TGCATCACCTGTGCTATCTCAACAATATATCCAGTCATTGTTTGAATCGAACTTGTTAAA
CTTAATGAAGCTGTTGGCGAACTACCTGCCGCTAATGATACAATCATCGTTTCTCCAATTG
CTCTTGAAATCGCGAGAACGATTGAAGCTACAATACCTGATGTTGCTGCGGGAAGTACGA
CTTTAGTTGCTACTTCTAATTTAGTTGCTCCAAGTCCATAGGCACCTTCTCGAATTTTATTT
GGTACAGATGCCATTGCATCCTCACTCAAACCTGTGATGAGAGGGACAATCATAATACCG
ACAACCTAAGCCGGGACTTATAGCATTAAACTCTCCAAGACCTGGTATGAAAGATCTTAAT
ACTGGTGTAACAAAGGTTAATGCAAAGAAACCAAACACAATTGTTGGTATTCCTGCTAAA
ATTTCTAATATCGGTTTAAATATGCGTTCGTGCACGGTCACTTGCAATTCCTTAAATAAA
TTGCTGCACCAAGCCCGACTGGAACCTGCAAATATAGTCGCAATAACTGTGATTTTTAAAG
TCCCTATTATCAATGCCAGATACCAAACCTTAGGGTCTGAACCGGTAGGATTCCAAGTAG
TAGAAAATAGAAATTCAGTTATTGGAATTCTGGTGAAAAAAGTGATGGTTTCTAAAAGCA
ATGTGATTAATATACCTAGTGTGTTAAAATGGAAATCGCTGAAATTGCGGCTAAAATAA
CTGGTATAATTTTGTCAATTATGCTTCCCTTTTTTATTATTATTTTTTTTCGATTAAGCTTTAA
CATTAGTAGATGAAGTCAT

> **pstS**

Function: protein coding sequence; phosphate ABC superfamily ATP binding cassette transporter/binding protein (core genome, constant)

Best match: pstS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1396013:1396996:r]RC

Position: 033-contig_261_RC: 5733 ... 6717; Length: 984 bp

Sequence:

```
TTATTTTTTGTCTTCAGACTTTTTATCATCAGATTTCTTGTCGTCTGATTTTTGATTTTTATC
AATAAATGCTTTTAAATCATCTAATTGTGATTTGTATGTTTTCTCTGGTGTCTACATATC
CAGCTTCTTCAGCTGCTTTACCTTTATCTTCTAAGACGAATTTGATAAATTCTGACATTACT
TTATTATCTTTCAATGCTTTTTTCATTTACATAAATGAATAATGGTCTACTTAATGCATAAG
AGTTATCTTGAATTGTTTTTTTCGTAGGCTCTGTTGCTTTACCATTTTCATCTTTGATTTTAA
CTTCTTTTAAATTTATCTTTATTTTGAACGTAGAAAGTTATATCCAAAGTATCCGATTCCCTCT
TTGTTTTTTCGTTACAGAAGAAACGATAGCATTGTATCAGCATTTTTTTTCTGCTTTAATATC
TTCTTTATTCATTACTTCATTTTCAAAGAAGTCATAAGTACCATGACTTGAGTTTGGTGAT
ACAGCATTTATTTTTTATCTGGCCATTTACTATTAACATCTTTCCATGTTTTAGCTTTTCC
AGAATAAATTGCTTTTAAATTGCTGTTTGTCTAATTCATCCACAAAATCATTTTCTTTATTTA
TAGCAACCGTTACACCATCTTGCGCAATTTTGAATCTTTGTATTTGATATTCTTATCTTGT
AATTTTGTCTTCTTCATCTTTAATTGGTCTAGAAGCATCAGCGAAGTCGATATCTCCTG
CAATGAATTTTGGAAACCAGCACCTGTACCAGCTTGTCCCTGCTGAGATTTTAGCATCCGA
GTGATCTTGAGCCCATTTTTCATTTAATTTCTCCACAATTGGTGCTACTGTTGATGAGCCA
TCACCTTTAGCTTCCCTTTTAAATCACTATTACCACTGCCACCATTACCGCCACCACAAG
CACCTAATAATAGTGTTGCACCTAAAGCTGTAGTACCAACAAATTGCCATTTTTTCAT
```

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397234:1397306:r]RC

(completely identical)

Position: 033-contig_261_RC: 6950 ... 7023; Length: 73 bp

Sequence:

```
TAAATCCCTAAAAAACAGCAGTAAGATAATTTCAATTAGAAAATATCTTACTGCTGTT
CTCTATTTATACA
```

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_trunc_CC075_MSHR1132_FR821777.2[2351735:2352717]

Position: 034-contig_264_RC: 7 ... 37; Length: 30 bp

Sequence:

```
TAAACGAGAGCTAGGTTTTGTATTAATGGC
```

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397772:1397835:r]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 83 ... 147; Length: 64 bp

Sequence:

```
ATACATATCAAAAAGCTAATTTCCATCAAATAATTAATAGAAATCAGCTTTTTTACATTG
CCT
```

> **cvfB**

Function: protein coding sequence; conserved virulence factor B (core genome, constant)

Best match: cvfB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1472360:1473262:r]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 284 ... 1187; Length: 903 bp

Sequence:

```
TTATTCTTTTGTGAGTCAATTCGACTCCAACCTTTTTTAGTTAAAGTGATTTTACCTGTTTCTA
TATTAATAATCTTCTGTTTATATAAGTGACCGATTGCACGTTTGAATGAACCTTTACTCAT
ATTGAATACTTCTTTAATCGCTTCAGGGCTTGATTTGTCCCAGAATGGTAATTCACCATCA
TATTCAACTAGTAAATCAAAGATGACTTGGCCGTCATCGTCTAAACGTTTCATGTGCAAGT
GGTAAAAATGAACCATTTAACTCACCTTTATCATTATGCCCGATAATTCTAACTTGAACAG
ATTCACCTAATCTTGGTTCAGCTTTACGTTCTGATTCATGTACGAAAATTTTGTAACTGTA
TTCGCTTAATAAGAAGCTACCAATTCGTAATACGCGGTAAGGTTTGGCTTCAATGACTTC
```

GTTTTTTAAATTATCATCGTGTACAGGTGTAAACATATTTTCTACAACAGATTCACTCGCT
AAACGTCCATACATATGATTCTCACGGTCAATTCGTAATGTAAGTACTAGCAAATGATCACCA
GGTTGTGGCCATAGTGATTTCACTTTTGGTAAATCTTCCCATGGTACTAACACTTCACGGG
GTAAACCAACATCTATACGTGCCCATCGCGATCCGTTTTAAGTACTTTAGCAAATCAT
ATTTATCTTTCGTAATATCAGGCATATTTTGAGTTGCAAATAATTCACCTGAACGGTTTGG
ATAAATGAAGAACTATATTCTTCACCTACTTCTAATTCATCATCATCGTTCATTTCTGAT
TGGTTAACTTTACGTTTTACCGTTTTGGTCTTTTAAAAGGTAAGTTGAGCCTTGTAACC
CTACTACTTCAAGGAATTCTATAGAACCTACTATATCTTTGTCTAATGCCAT

> **ykpA**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: ykpA_CC001-ST772_118_AJGE0100012.1[28773:30374:r] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 1333 ... 2935; Length: 1602 bp

Sequence:

ATGTTACAAGTAACTGATGTGAGTTTACGTTTTGGAGATCGTAAACTATTTGAAGATGTA
AATATTTAAATTTACAGAAGGTAATTGTTATGGATTAATTGGTGCGAATGGTGCAGGTA
TCAACATTCTTAAAAATATTATCTGGTGAATTAGATTCTCAAACAGGACATGTTTCATTAG
GGAAAAATGAACGTCTAGCTGTTTTAAAACAGGACCACTATGCTTATGAAGATGAACGCG
TGCTTGATGTTGTAATTAAGGTCACGAACGTCTTTATGAGGTTATGAAAGAAAAAGATG
AAATCTATATGAAGCCAGATTTTCAGTGATGAAGATGGTATCCGTGCTGCTGAACTTGAAG
GTGAATTTGCAGAAATGAATGGTTGGAATGCTGAAGCTGATGCTGCTAACCTTTTATCTG
GTTTAGGTATCGATCCAACCTTTACACGATAAAAAAATGGCTGAATTAGAAAACAACCAAA
AAATTAAGTATTATTAGCGCAAAGTTTATTCGGTGAACCAGACGTAATACTGGATG
AGCCTACTAACGGTCTCGATATTCCAGCAATCAGTTGGTTAGAAGATTTCTTAATTAACCT
TGATAATACTGTTATCGTAGTATCGCATGACCGTCATTTCTTAAATAATGTATGTACTCAT
ATCGCTGATTTAGACTTCGGTAAAATTAAGTTTATGTTGGTAACTATGATTTTTGGTATC
AATCTAGTCAGTTAGCTCAAAGATGGCTCAAGAACAACAAGAAAAAAGAAGAAAA
AATGAAAGAGTTACAGGACTTTATTGCACGTTTCTCAGCTAACGCTTCTAAATCTAAACA
AGCAACAAGTCGTAAAAACAACCTTGAGAAAATTGAATTAGATGATATTCAACCATCATC
AAGAAGATATCCTTTCGTAAATTCACGCCTGAGCGTGAGATTGGTAACGACTTATTAAT
CGTTCAAATCTTTCTAAAACAATTGACGGCGAAAAAGTATTAGATAATGTATCATTAC
AATGAATCCAATGATAAAGCGATTTTAATTGGAGATAGTGAAATTGCAAAAACAACATT
ACTTAAAATATTAGCTGGCGAAATGGAACCAGACGAAGGTTCAATTAATGGGGTGTTAC
TACATCATTAAGTTACTTCCCTAAAGATAACTCAGAGTTCTTTGAAGGTGTAATATGAAT
CTCGTTGATTGGTTAAGACAATATGCTCCTGAAGATGAACAAACAGAAACATTTTTACGT
GGTTTCTTAGGTCGTATGTTATTTAGTGGTGAAGAAGTTAAGAAAAAAGCTAGTGTGCTT
TCAGGTGGAGAAAAAGTACGTTGTATGCTAAGTAAAATGATGTTATCAAGTGCGAATGTA
CTTTTACTTGACGAACCTACTAACCACTTAGACTTAGAAAGTATTACTGCTGTCAATGATG
GTCTTAAATCATTTAAAGGTTCTATCATCTTTACTTCTTATGACTTCGAATTTATCAACAG
ATTGCAAACCGTGTTATCGATTTAAATAAACAAGGCGGCGTTTCAAAGAAATTCCATAT
GAAGAATACTTGCAAGAAATCGGCGTTTTAAAATAA

> **RF00168**

Function: noncoding RNA lysine riboswitch (core genome, constant)

Best match: RF00168_CC008_COL_CP000046.1[1440344:1440519] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 3537 ... 3713; Length: 176 bp

Sequence:

ATATTTTGGATGAGGCGCATCAATCATGAGTAAAGTTTAGATTACTGTCTGCTAACAGCTA
AATTTGAAAGGGTGCATGCCGAAGCAATTATAATAGCAGTTATAATTTGTTGGACTTTT
TGGTTAAGAGCTGAGAGTTTGTCAATTATTTAAAATAATGGAGTGCATCACTTGTA

> **lysC**

Function: protein coding sequence; aspartokinase

Best match: lysC_CC005_JH1_CP000736.1[1524197:1525402]

Position: 034-contig_264_RC: 3794 ... 5000; Length: 1206 bp

Sequence:

```
ATGGTAACAAGAAGTGTGTTGAAATTTGGCGGATCATCCGTCAGTGATTTTACAAAAATA
AAAAGGATCGCTGAAATGTTAAAGGAGCGAGTCAATCAAGATGAACAATTAATTGTCGT
TGTAAGTGCTATGGGTAACACAACAGATCAATTAATGACGAATGTATCGACCTTGACTAA
AGCACCAAAAACAACAAGAAGTGGCATTATTATTGACAACCGGAGAGCAACAACTGTAT
CTTATTTATCAATGGTATTAATGATATCGGTGTGAATGCCAAAGCAATGACTGGCTATC
AAGCAGGTATTAACCATTGGCCATCATTTAAAAAGTAAAATTGCTCAAATTAATCCTC
AAACATTTGAACAAGCCTTTCAAGAAAACGATATTTTAGTAGTTGCTGGATTTCAAGGCA
TCAATGAACATCAGGAATTAACAACCTTTAGGCAGAGGCGGTTCTGATACGACCGCTGTGG
CACTTGCTGTTAGTAATCAAATACCTTGTGAAATTTATACCGACGTTGATGGTGTGTATGC
CACTGACCCAAGACTTTTACCAAAAAGCTAAACGACTAGACATCGTCTCATATGAAGAAAT
GATGGAAATGAGCGCTTTAGGTGCTGGTGTACTTGAACAAGAAGTGTGGAATTAGCTAA
AACTATAATATCCCTTTATATTTAGGAAAAACTTTATCGAACGTGAAAGGAACATGGAT
TATGTCAAATGAAGAAATATTAGAGAAAAAAGCAGTTACTGGTGTGGCTTTGGATAAAC
ATATGATGCATGTAACAATTAGTTATCCCTACCTGACAATCAGCTACTTACCCAACCTATT
TACGGAACCTTGAAGAAGGTGCTGTAAATGTTGATATGATTTTCACAAATCGTCAACTTGG
TGGACTACAACCTATCCTTCACGATTAAGATAGTGATTTTCATCAAATTTCTATGATTCTT
GAAACATTAAGAATCAATATGAAGCATTAGCTTATAAAATCAATGAGCATTATGTCAA
ATTTCAATTAATTGGCTCAGGCATGCGTGATATGTCAGGTGTGGCATCAAAGCATTTTTGA
CATTAATTGAAAATAATATACCTTTCTACCAACAACAACATCTGAAATAAGTATTTTCAT
ACGTCATTGATGATTTTAATGGGCAACAAGCGGTAGAAAAACTATATGACGCATTTAACA
TTTAA
```

> **asd**

Function: protein coding sequence; aspartate semialdehyde dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: asd_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1477341:1478330]

Position: 034-contig_264_RC: 5063 ... 6053; Length: 990 bp

Sequence:

```
ATGACAAAGTTAGCAGTTGTGGGTGCAACAGGATTAGTAGGCACAAAAATGTTGGAGAC
ATTAATCGTAAAAATATTCCTTTCGATGAATTAGTATTATTTTCATCAGCACGTTCTGCA
GGCAAGAAGTTGAATTTCAAGAAAAACATATACAGTACAAGAATTAAGTATGCTCG
TGCTAGTGAACATTTTCGATTATGTATTAATGAGTGCTGGTGGCGGTACAAGCGAACACTT
TGCCCCACTCTTTGAAAAGCTGGTGCAATCGTTATAGACAATTCAAGTCAATGGCGTAT
GGCAGAAGATATTGATTTAATCGTTCCGGAAGTCAATGAACCTACATTTACAAGAGGTAT
CATTGCCAATCCAACTGCTCTACGATTCAATCTGTTGTGCCATTAAGTATTGCAAGAT
GCTTATGGTTTTAAACGAGTGGCATATACAACATATCAAGCTGTATCAGGTTTCAGGGATG
AAAGGTAAGAAAGATTTAGCTGAAGGTGTAATGGTAAAGCACCAGAAGCATATCCACA
TCCAATTTATAATAATGTGTTACCGCATATTGATGTGTTTTTAGAAAACGGATATACAAA
GAAGAACAAAAAATGATTGATGAGACGAGAAAAATTTTAAATGCGCCAGACTTAAAAGT
AACAGCAACATGCGCACGTGTGCCTGTTCAAGATAGTCATAGTGTGAAATTGATGTAAC
GCTTGACAAAGAAACGACAGCAGAAGATATTAAGCGTTATTTGATCAAGATGACCGCG
TTGTTTTAGTAGACAATCCAGAGAACAATGAATATCCAATGGCAATTAATTCCACTAATA
AAGATGAAGTGTGTTGGCCGTATACGTAGAGATGATTCATTAGAAAATACTTTCCATG
TATGGTGTACATCAGACAATTTATTAAGGTTGCTGCATTAATGCTGTACAAGTATTGG
ACAAGTTATGCGTTTTAAAGGAGCGAATTA
```

> **dapA**

Function: protein coding sequence; dihydrodipicolinate synthase (core genome, variable)

Best match: dapA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1403749:1404636] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 6054 ... 6942; Length: 888 bp

Sequence:

```
ATGACACATTTATTTGAGGGTGTGGCGTTGCACTTACAACCCCTTTTACAAATAACAAA
ATTAATATTGAAGCTTTGAAAACACACGTTAATTTTTTTACTAGAAAATAATGCCCAAGCA
ATCATCGTTAATGGAACACTGCTGAGAGCCCTACTTTAACAACAGATGAAAAAGAACGG
ATTCTAAAAACAGTTATTGATCTTGTAGATAAACGTGTTCTTGTATAGCAGGAACTGGC
```

ACTAATGATACTGAAAAGTCAATCCAAGCTTCAATCCAAGCTAAAGCCTTAGGGGCTGAT
GCAATTATGTTAATTACGCCCTACTACAACAAAACGAATCAACGTGGTTTAGTCAAACAC
TTTGAAGCGATTGCAGATGCTGTGAAATTACCAGTCGTGCTGTACAATGTTCCCTTCAAGA
ACGAACATGACAATTGAACCAGAACTGTAGAAATATTAAGTCAACATCCTTATATAGTT
GCTTTAAAAGATGCTACGAATGATTTTGGAGTATTTAGAAGAAGTGAAAAAGCGAATTGAT
ACAAATTCATTTGCATTATATAGTGGCAATGATGACAACGTCGTTGAATACTATCAACGT
GGCGGTCAAGGGGTTATCTCTGTTATTGCCAATGTCATTCCTAAAGAATTTCAAGCGTTAT
ACGATGCTCAACAAAGTGGATTAGATATTCAAGATCAATTTAAACCAATCGGCACACTGT
TATCAGCCCTATCAGTTGATATTAACCAATTCCTATTAAGCTTTAACAAGTTATTTAGG
ATTTGGAAATTATGAATTACGTTTACCATTGGTTAGCCTAGAAGATACAGATACTAAAGT
GCTTCGTGAAGCATATGACACATTTAAAGCGGGTGAAAATGAGTGA

> **dapB**

Function: protein coding sequence; dihydrodipicolinate reductase (core genome, variable)

Best match: dapB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1404633:1405355] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 6938 ... 7661; Length: 723 bp

Sequence:

GTGAAAATATTACTAATTGGCTATGGTGCAATGAATCAACGCGTTGCTAGATTAGCAGAA
GAAAAAGGACATGAAATCGTTGGGGTCATTGAAAATACACCGAAAGCAACAACGCCATA
TCAACAATATCAACATATTGCAGATGTTAAAGATGCCGATGTTGCAATAGATTTTTCAA
TCCAAATCTGCTTTTCCCTTTATTAGATGAAGAGTTTCATTTGCCATTAGTTGTGGCAACA
ACTGGCGAGAAAGAAAACTACTTAATAAGTTAGATGAATTGAGTCAAAATATACCTGT
ATTTTTAGCGCGAACATGAGTTATGGCGTTCATGCACTGACTAAAATTTAGCAGCTGCT
GTTCCCCTACTTGATGAATTCGACATCGAATTAAGTGGCACATCATAATAAAAAAGTA
GATGCACCAAGTGGTACGTTAGAAAAATTGTATGATGTGATCGTATCTTTGAAAGAAAAT
GTAACACCTGTGTATGATAGACATGAATTAATGAAAAACGCCAGCCACAAGATATTGGT
ATACATTCTATTCGTGGAGGTACGATTGTCGGTGAACATGAAGTTCTATTTGCTGGCACTG
ATGAAACGATTCAAATCACGCATCGTGCACAATCAAAAGATATTTTTGCGAATGGTGCAA
TACAAGCAGCAGAACGCTTAGTTAATAAACCAACGGCTTTTATACGTTTGACAACCTTAT
AA

> **dapD**

Function: protein coding sequence; 2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: dapD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1479965:1480684] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 7687 ... 8407; Length: 720 bp

Sequence:

ATGGTACAACATTTAACAGCTGAAGAAATTATTCAATATATAAGTGATGCTAAAAAGTCT
ACACCAATAAAAAGTATATTTAAATGGTAATTTTGAAGGCATCACATACCCAGAAAGTTTT
AAAGTATTTGGTTCAGAACAATCTAAAGTAATCTTTTGTGAAGCGGATGATTGGAAACCT
TTTTACGAAGCATATGGTAGTCAATTCGAAGATATAGAAATTGAAATGGATCGTCGCAAT
TCTGCCATTCCATTAAGACTTAACAAATACGAATGCACGTATTGAACCAGGTGCATTT
ATTAGAGAACAAGCCATTATTGAAGATGGTGTCTGCTTATGATGGGCGCAACAATTAAT
ATTGGCGCAGTCGTTGGCGAAGGTACAATGATTGATATGAATGCTACTCTCGGTGGTTCGT
GCTACAACCTGGTAAAAATGTACATGTAGGGGCTGGCGCAGTATTGGCAGGTGTGATTGAA
CCCCCTAGTGCATCACCAGTTATAATCGAGGATGATGTATTAATCGGTGCAAATGCAGTT
ATTTTAGAAGGTGTACGTGTTGGTAAAGGTGCTATTGTTGCAGCTGGCGCGATTGTGACA
CAAGATGTACCAGCTGGTGCAGTTGTTGCTGGTACACCTGCAAAAGTGATTAAGCAAGCT
TCTGAAGTACAAGATACTAAAAAGAGATTGTAGCAGCATTAAAGAAAAGTGAATGACTA
G

> **hipO**

Function: protein coding sequence; hippurate hydrolase

Best match: hipO_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1406244:1407395]

Position: 034-contig_264_RC: 8549 ... 9701; Length: 1152 bp

Sequence:

```
ATGAATGAATTAGAATTTGTTACGAAACATCGCCGTCATTTACATCAACATCCTGAATTA
AGCTTACATGAATTTGAAACAACCTGCTTATATTAAGCGTTTTTAGATAGTTTAAATATTA
AATACGATTGCCATTGGAAACTGGCGTCATTGCATACTTAGAAGGTAATGGCTCACATA
CGATAGCGTATAGAGCTGATATTGATGCGTTACCTATTTTAGAGGAAAATGATGTGCCTT
ATCGCAGTCAATCTGATCATGTGATGCATGCTTGTGGACATGATGGTCATACAACTGCAT
TAATGCTTTTTGTACAACGTTGCAAAGACATGCAAGACGCAGGTCAATTACCGCAAATG
TCGTTTTCATTTTCCAACCTGCAGAAGAACTGGTGGCGGTGCAAATCGATTAATAAAAAG
CCGGTGCCTTTGATAAGTATCCAATTGAAGCGGTATTTGGTATTCATGTTAACCCATTTGC
TGATGAAGGCATTGCAGTGATAAGAGATGAAGAAATTACGGCCAGCGCAACAGAGTATC
GCTTTTTCTTAACAGGCCTGTCAAGTCATGTTGCTGATAAAGAACAAGGTCATTCTTGTGG
TGAAGCATTACAACATGTATTAECTCAAATATCACAAATTCACAATTTACCTTAACGG
TTTGAAACGAAATATTGTTTCATATTGGTCATTTTAAAGCTGGTGAAGCGATTAACACTGTA
CCAAGTAATGGTTATTTAGAAGGTACAATTCGTACATATGATATTGATGATTTAACAATC
GTTAAAAATCAAATGCACAAGATAGCAGAAAGTGTCAAGCTTCTGTTTAAATGTAGAATGT
GAAGTTAAATTTGCAGAAGGTTATCCCCCTACAATCAATAGTCCGAAATTACGTACTIONAA
ATAGAGGACGCCTTAATAAAAGCTGATTTAAATGTCTATGACAAACCAACGCCATTCTTA
TTTGGGAAGATTTTAGTTTTATGGTCAACAACCTAGCTCCAGCTTACTTTGTTTTATAG
GAACACGAAATGAAGATAAAGGTTTTGTAAGTGGTTTGCACACATCACATTTAAATTTTG
ATGAAAAAGTGTTAATAAACGTGGTTAATTTTTACGAAAATTTATTAATAATTACAAAG
AGGTGTAA
```

> **alr2**

Function: protein coding sequence; putative alanine racemase/locus 2 (core genome, variable)

Best match: alr2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1407400:1408485]

Position: 034-contig_264_RC: 9705 ... 10791; Length: 1086 bp

Sequence:

```
TTGACAGCAACATGGTCTGTAAATAAGAAAATATTTTTACAAAATGCAATCACAGTCAAA
ACAATCAGCCATTAATGGCAGTTGTTAAAAATAATGCATATCACTATGACCTAGAATTT
GCTGTAACCTCAGTTTATCCATGCAGGTATAGATACATTTAGCACAAACATCACTACGAGAA
GCAATTCAAATTAGACAACCTTGCTCCAGATGCAACAATCTTTTTAATGAATGCAGTATAC
GAATTTGATTTAGTCCGTGAACATCAAATACACATGACTTTGCCGTCGTTGACATATTACT
ATAACCACAAAATGATTTAGCTGGTATTCATGTTCACTTAGAATTTGAAAATTTATTACA
TCGGTCTGGATTTAAAGATTTAAACGAAATTAAGAAGTATTGAAGGATCACCATCAAAA
TCAAAATGCAAAAATGATTATTAGTGGTTTATGGACCCATTTTGGATATGCTGATGAATTC
GATGTGTCAGATTATAATGTTGAACGTTCACAATGGATGGAAATTGTTGAATCACTTTTAT
CTGAAGGTTATCAGTTCGACCTAATCCATGCACAAAATAGTGCGAGTTTTTATCGGGAAG
GACAAATATTACTACCCACCATACACATGCGCGTGTAGGTATTGCGTTATACGGTTCAA
GACCATATAGTTCACTGAATCAACATGATATTGTTTCAGTCATTGACTGTAAAAGCACATG
TTATTCAAGTGCGCGAAGTGCAAGCTGGTATTATTGCGGTTATAGCTTTGCCTTTGAAGT
GACTAAAAACAATACAAAATAGCTGTAGTTGATATCGGTTATGGCGATGGAATTTTAAAG
AACACGTGCTAAACATGAAGCACTTATCAATGGTAAACGCTACCCGATACGTGCATTAAT
GATGAGCCATATGTTTGTGTAAGTAGATGGCAATGTACATGCACAAGATGAAGTTATTCT
TTATAATAATGATATCCGCATCGATGAATATACCTTTAAAGGTGTTGGTGCAAATTCTGA
ACAATTAAGTGCTATGAATCATGATTCTTTAAAAAAGGAGTACATTTCAAATGACTGTTA
A
```

> **lysA**

Function: protein coding sequence; diamino pimelate decarboxylase

Best match: lysA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1483058:1484323] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 10780 ... 12046; Length: 1266 bp

Sequence:

```
ATGACTGTAAATATAATCAAAAATGGCGAATTAACAATGGATGGTATTAGTTTTAAAAACG
ATTGCACAAAGCTTTGGTACACCTACCATTGTTTATGATGAACTACAAATTAGAGAACAG
ATGCGCCGTTACCATCGCGCATTAAAGATAGTGGATTAAATACAATATTTTCATACGCC
```

TCAAAGGCATTTACTTGCATTCAAATGGTCAAACCTGTAGCTGAGGAAGATTTACAGTTA
GATGTTGTTTTCTGAAGGTGAATTATATACAGCTTTAGAAAGCAGGTTTTGAACCGAGTCGC
ATCCATTTCCATGGTAACAATAAAACGAAACATGAAATTAGGTATGCTTTAGAAAATAAT
ATCGGTTATTTTGTATAGATTCATTAGAAGAAATTGAATTAATAGACCGCTATGCTAATG
ATACGGTTCAAGTTGTATTACGAGTTAATCCAGGTGTTGAAGCACATACACACGAATTTA
TTCAAACCTGGGCAAGAAGATAGTAAGTTTGGATTATCAATTCAATATGGCTTAGCTAAAA
AAGCAATTGACAAAGTCCAACAATCTAAACACTTAAAATTAAGGTGTACATTGTCATA
TTGGTTCACAGATTGAAGGTACAGAAGCATTATTGAAACTGCTAAAATTTGTTTTACGTTG
GCTTAAAGAGCAAGGCATTCAAGTTGAATTATTAACCTTGGTGGTGGCTTTGGTATTAA
ATATGTTGAAGGTGACGAAAGTTTCCCTATCGAAAGTGGTATTAAAGATATTACAGACGC
AATAAAATCCGAAATTAAGTTCTAGGTATAGATGCACCAGAAATAGGTATTGAACCGG
GACGATCAATTGTAGGTGAAGCTGGCGTTACTTTATATGAAGTTGGAACCATTAAGAAA
TTCCAGAGATTAATAAATATGTTTCAATCGATGGCGGTATGAGTGATCATATCAGAACTG
CACTTTATGACGCAAAGTATCAAGCATTGCTTGTTAATAGAAATGAAGAAGCAGATGACA
GTGTAACCTATAGCTGGAAAATTATGTGAGTCTGGTGATATCATTATTAAGACGCTAAAT
TACCTTCATCAGTCAAACGTGGAGACTATCTTGCTATATTATCAACTGGTGCATATCATT
CTCTATGGCATCCAATTACAATCAAATGCAAAGCCTTCTGTGTTTTTCTTAAAAGATGGC
AAAGCACGTGAAGTTATAAAGCGACAATCGTTAAGACAACCTCATTATTAATGATACAAA
ATAA

> **msa**

Function: protein coding sequence; modulator of sarA

Best match: msa_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1484563:1484964:r]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 12285 ... 12687; Length: 402 bp

Sequence:

TTAGATTTTATGCTTTACTTGCTTTTTCAAATAATATAAAAACGATAAGAATTAACAACAAA
TATAATGTATAAAACAGAATTTTCATCAAATCCAAAATCTTTACTTGTAAATTAATACATCAA
TATCTTCTAATTCCATCATCTCTGCTTTAATATAATTATTAAACTTTGGCAAAGTCATTAA
ATGTACATTGTAATATAGTAATAAAAAGTCGATAAATATGATGTTAAAAAATATGTATGT
TTTATCAATATTAGTTTTGAAAAATAGTATCCCAGAAATCATTATCGGAATCACTAATACA
ATCATCATTGCTGCTAAAATATTAATATTTAATCCAATTGCAGATAATACACCGAAAAC
AATAAATTAGCAACTAACTAAGGATAAGATATTTTCAT

> **cspA**

Function: protein coding sequence; cold shock protein A (core genome, constant)

Best match: cspA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1410578:1410778:r]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 12883 ... 13084; Length: 201 bp

Sequence:

TTATAGTTTAAACAACGTTTGCAGCTTGTGGACCGCGGTCGCCTTCAACTACTTCAAACCTCA
ACAGCTTGACCTTCTTCTAATGATTTGTAACCATCTTGGTTAATTGCTGAAAAATGTACGA
ATACGTCATTTTCTCCTTCAACTTCGATAAAGCCGAATCCTTTTTTCAGCGTTAAACCATTT
AACTGTACCTTGTTTCAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 13347 ... 13356; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **xpaC**

Function: protein coding sequence; 5-bromo-4-chloroindolyl phosphate hydrolysis protein (core genome, constant)

Best match: xpaC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1411708:1412337] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 14013 ... 14643; Length: 630 bp

Sequence:

```
ATGACAGTGAGATATAATATTTCTCATATATTTGGGGTGTAGTGGGAATTCCTGTAGCGT
TTTTAACAAAGCATATTTGGGATGATTGCACTTGATGTATCTTTTTTAATTGATATGTCTATT
GGTATTGTTGGCTTTTTAATGACATACCTACCGATACAAAACTCACTTCACGCAAATATT
TAAACGAAATTGGTTTGACTAGAAAAGACTATCGCTATATTCGAAATCAGTTAAATCATA
CACACCAAAAACCTTAGAGGTATTTTAAAAACGTATGTCAATATAAGATCAATTAAGATT
TTAGGCAGATTAATGATATATACCAAATTTACAGTTCTATTTATACGACAGTTAGACAGA
GACCTGCATCATTTTTATAAAGTTGAAGGCTTTTTTTATTCTCATATTGATAATGCTTTAAAT
TTGGTTGATGCATATACACGTCTAGCAAAAATGCCCAAAAATCAATTAATGAACAGCAA
AAGTTAGAACAACACGAATTACTTTGGATGAGGTCAAACGAACATTAATCGCTGATTTA
AAGCGTCTCAACGAAGATGATTATGAACGTTTAGATATTGAAATGGAATTAATAAGTTA
CATCAAAAACATCATCAAGATTGA
```

> **terA**

Function: protein coding sequence; putative tellurite resistance protein (core genome, constant)

Best match: terA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1347708:1348844] (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 14674 ... 15811; Length: 1137 bp

Sequence:

```
ATGACTGAAAATAAAAGTTTCAAAGAAAGCCATCCACTAGATGATTTTATAAGCGATAAAA
GAATTATCGAATACTACTATTCAAAAAGAAAAGTTAACAATTGAACAACAAAAACAGGT
AGACACAATCAGTAAACAAATTAACCCTTTAGACAATGAAGGTTTATTAGCGTTTGGTTC
TGATTTACAGAAACAATGTCTCAATTTTCACATCAAATGTTGGATGAAGTACAAAGTAA
AGATGTTGGTCCTATTGGAGATACTTTGTCAGATCTAATGTCAAACTAAAGTCAGTTAA
TCCAAATGAGTTAAATACTGATAAACCATCTATGTTAAAAAGAATTTTTAGCAGAGCAAA
GTCGTCTATCAATGAAATCTTTTCAAGAATGCAATCAGTTAGTGCTCAAGTCGATCGCAT
AACGATTCAACTGCAGAAACATCAAACACATTTAACAAGAGATATTGAATTATTAGATAC
GCTATATGATAAAAAACAACAATACTTTGATGACTTATCATTGCATATCATTGCTGCACA
GCAAAAAAAGTTGCAATTAGAAAATGAAAAGCTACCACAATTGCAACAGCAAGCGCAGC
AATCCACTAATCAAATGGATATTCAACAAGTTGCAGATATGCAGCAATTTATAGATAGAC
TAGATAAACGCATATATGACTTACAGCTTTCAGACAAATAGCTTTGCAAACCTGCGCCAC
AAATTCGTATGATTCAAATGTTAATCAAGCACTTGCCGAGAAGATACAAAGTTCAATTT
TGACAAGTATTCCTACTATGGAAAATCAAATGGCCATTGCGCTTACATTAATGAGACAGC
GTAATGCAGTTGCTGCACAACGAGCTGTCCTGATACAATAATGATTTATTAACAGCAA
ATGCTGAAATGTTGAAACAAAATGCGATTGAAACTGCAACAGAAAATGAGCGTGGCATT
GTTGATCTTGATACATTGAAACGTACACAGCGTAACATTATTGAGACAATTGAAGAAACA
TTAATTATTCAACAACACGGTCGCGAAGAACGACAATTAGCTGAAAAAGAATTACAACA
ATTAGAACAAGATTTAAAGTCACATTTAGTGAACATCAAAGGACCGAATAACAATCAT
AA
```

> **braB**

Function: protein coding sequence; branched-chain amino acid transport system II carrier protein (core genome, constant)

Best match: braB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1488161:1489504:r]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 15883 ... 17227; Length: 1344 bp

Sequence:

```
TTATTCCTGTTGATATTTAATTGGATCTTGTTTTACAAATATGCCGACTAGATAGCCTAAT
ATCGTTGCAATAAATTGCTACTGGGAACCACTCTAAAGAATACGCTCTTAGAGGCAATGAT
TCTATAAAGTTAATTTTCAGCCAACCTAACTACTAATAACACTGAAAATCGACAATATA
AATACGATAAATACTGGAATTTGTTGTGAAATGCGTTTTGTGCGGTATGAATTTGGCAATTA
AAATTAATAATAACAACAGTTATTGCTACTGGGTATACAATGCTTAATACCGGAATTGACA
TTGAGATAACAGCATTTAAACCTTGGTTAGCAATAATAAACTCATTAAAATGAAAATA
ATACAAATGCTTTGTATGATACTTTAGGTACGATTCTATGGAAATATTCAGAACTGCAA
CAATAAGCCCGCATGCTGTAGTTAGACATGCCAGCGCCACAATGATGCCCAATAAATATT
TTCCGAATGAACCAAATCCTGTTGAAGCCATTGTCGTTAATAAATATGTCCAATGTTTCG
```

ATCTTTGGATTTCAATTGATCTAACGTCATGTCACCTTACTGGCATATGATTACCAATATAA
CCTAATGAAATATATATGAAAATTAAGCTACGGCTGCAATTAACCAGCAGTCAAAGTT
TGTTTGAATATTTGATTTGTTTTAGTAATGCCTGTTAGTTTTACTGCATTAACAACAATCAT
TGAAAAAGCAATTGCTGCAATGGCATCCATTGTTAAATAGCCTTGTGTAAAGCCTTCAGC
AAAACCTGAAAAATTAGAATGATATAGTGCTTCATTGCCCTTCCAGCACTATTACCGCTA
AAGTCTAAGTATCCTTTAATAATCATCGCTAAAATAGTAATCAATAATAATGGTGTTAAT
AATGAACCAATACGATCGATTAACCTTAGATGGATTTAAACAAATATACAAAACGACTATG
AAGTAGATAATCGTAAATATAAATAAAGCGATACTACTATTGCTATGTATAATTGGTGTA
ATTGTCATTTCAAAGATGTAGATGCAGTTCTAGGTATTGCGAAAAGTGGTCTATAGTC
AAATAAATGATGATTAAGAACAATATTGAAAATTTAGGTGAAATTTTATTTAATGCGCCA
ATATATCCTTCTTTATCAAGTGCACCTACAATCACACCTAATAATGGTAAACCAATCCCAG
TTAGAACAAACGCTAAAATGGCGGGCCAGAAAAATTGACCACTATCCAATCCGAGATTA
GGAGGAAAAATTAGATTGCCTGCGCCAAAAAACATAGCGAAGAGCGTAAACCAATGAC
CCATGTATTTTTATTTCAT

> **norD**

Function: protein coding sequence; nitric oxide reductase activation protein (core genome, constant)

Best match: norD_CC008-ST72_21259_AFTS0100032.1[24894:26774]RC

Position: 034-contig_264_RC: 17451 ... 19338; Length: 1887 bp

Sequence:

TTATAAAGATTTAAGTAGTAATTTTTTTAATAATGGAGAGAGATGTCCAGGTAATGCGC
AACACCTTCAACGAAAATAGCATATTGACCATAAATATTATGAATTGTTTGTTCACATCT
TCAGTTATTGGATCTTGACTCAAAAACACATTAATAACTTCAATGCCAAATTTACGTGAC
ATTTCTACAGCTTCATACGTATCAATAATACCATCTTGACTATAAATTAATGCAGACGGTT
CGCCGTCTGAAAATACGATTAATAATCGTTGATGTTGATTTTCGACGCATTAATCGTTCCT
TGCAACTCTAATAGCAACACCATCACGATTATCATCTTGAGGTTCAAGTGCCATAATACG
TGGGCCATCTTTTTCAAAGGTTGAGTAATCATAGTTAATAATTCATTAATGATATTTGGT
TGTGCATGATCGTCTGAATCAAAGGCATCCTCACTGAATGATAAAAATTCATGTTAATGT
TCAATGCTTTTAAACGTCTCGTGGAATAAACTACACCTTCTTCGTTTCAGCCATTTTATCA
TGCATACTTGCTGACGCATCAATTAACAATGTAAACGTCGCATCAAATGATTTACTTAAA
TCTTGTTTTTTGTAAAACAATTTATATTGATCGTCGATAAACCAATTAATTAATCCTTTTG
TAATCGTCCTTTTGTTAAATTAACCGTGCATCTCGTTGTTCTCGTTCAATCGTTTTCTTTA
TAATTTGAATTAAGTCTTTGATTTTCATATTGTACGTCTTGTTTCGATTCTTGATATTCTAAA
ACATATTGTGGCTCAATTTTCAGGAATTTGCCATTTTATTTCTACATTTTTGTTACACCATC
AAGTTGAAATGCTTGGCTTTGACCAACAGCATCGCCTTCTTCACGATTTAGCGTATCGTTT
GAACCTTTGCCCTTTTTGGTTCATCATATCAGTCATATCATCTGTAGCATCGCCTTCACGTG
CTTCATCATTACCCAATGTTTCACTATTTTGCCTTCGTGAAGTTCCATTTCTAAATAGGCG
CCACCTTTTGACTCACTATCTGCAGATTTAGAGTCAGCTTTTTCACTTCCGTTATCATCATC
TTCTGAAGTATCATCTTGCCCATCGACTTGACTTGCATCAGTTCTCTTTAAATCATCAAAC
TCTGGACTAGCTAATGTATTATATAGTGTTTTAGGTAAGTAATAATATTCGTTTAGCATAT
CTTCTTTTAAATATCATCTACTTGGATACATAATTCTTTGAGCCAGATACATATTATCTTCA
GAATTTTGATTTTGGAAAAAATTAGGTAATATAAGAACATATTAACTACAATATCATCT
AAATCTGAATGTATAGATGGTATATCAAAGAAATCTTGGCTTAAAAATGCATGTTCTAAA
TACAAAATAATAAATCTGTATATTGTGTTTTAGTACGATACACTTTAATTTGAGATTCCG
TATATGATATACGTGTATCTAAGCGAAGATCAATTAATTTAGCAGTACTTGGGCGCTCAA
CTTTAATAGAATTTAATACGCGCATATCTTCTAATAATTTAAAAAGTTGTTGATAAAAATTT
AGGGTGTTTAAAAGTTTTATCTTGTACTACTTCATTTACAATTTGTACATCCATCATATGA
TAACCGTAAGCAGCTAACATAACATCTGTTTTTAAACCAGCCATTTTCGATATGGCTTTGTC
GATGTGACCAAAACCAACTCGTAATCAAACATTTTGAACAGGATTATAGTAAGGGAATT
TTTGGATTTTAACTTGTGTTTGTTCATTTTTTAAATAAGAGTCGAGCTAAGTCTTGCAACATC
ATTACTTGCTTGGCATCTAACTGTTCTGTCGTTAAATTTTATGAAACGATCACTCAT

> **txbi_odhB**

Function: rho independent terminator of odhB

Best match: txbi_odhB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1494112:1494182:r]RC

Position: 034-contig_264_RC: 21833 ... 21904; Length: 71 bp

Sequence:

TATAAAAATAAAGTACAGCAGTAAGATATTTTGACTAGAAAATAATCTTACTGCTGTTTG
TTATTGATTTG

> **odhB**

Function: protein coding sequence; dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase (core genome, constant)

Best match: odhB_CC001-ST772_118_AJGE01000012.1[8495:9763]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 21944 ... 23213; Length: 1269 bp

Sequence:

TTAAGATTCTAATAATAAGTCTTCTGGGTTTTCAATTAATTCTTTAATTGTTTTTAAGAATC
CAACTGCTTCTTTACCGTCAATAATTCTATGATCATAGCTTAATGCAATATACATCATTGG
ACGATTTTCGATTGTATCTTGATCAATCGCAATTGGTCTTGTAATAATTGAATGCATGCCT
AAGATTGCAGCTTGATTACCATTGATAATTGGCGTACTCATCATTGATCCAAAAATACCG
CCATTTGTAATCGTAAATGAACCATTAACCATATCATCTAAGCCAAGTTTTTCTCTCGTG
CTTTAACTGCTAAATTAGCAATTTCTGCTTCGATTTCTGCAAATTTCTTTTTATCACAACT
CTTACAAATGGTACTAATAATCCATCATCTGTAGAAACAGCTACACCAATATCATAATAT
TGTTTCGTAATCATGTCGTCGCCGTCGATTTCTGCATTAACCTTCTGGATACTTTTTCAAAGC
TGCTACAGAAGCTTTAGTAAAGAATGACATAAATCCTAATTTAGTACCATCATGATCTTTC
ATAAATTGTTCTTTCTTACGTTTACGCAATTCATAACATTTGTCATGTCAACTTCGTTAAA
TGTTGTTAACATAGCTGTATTATTAGATACCTCTAATAATTTTTTGGCAGCTGTTTTCTTTC
TGCGTGACATTTTTTACGAATCACTGGTTTTGTAGGATATTGATTGTATTTTTTCTCTTCT
TTTGCAGGTGCTTGTGTGTTGTTTGTGTTGATGCCGGTGCCTGTTGTTTCTTATCAATATC
TTCTTTACGAACCACATCATTTGTTTTCGGACTTACTTCAGCAAGATTCACACCATTTTCA
CGAGCATATCGACGCGCAGAAGGCGTAGCATTAAACGTTGCTGATTGTCATCATTTGCT
TGATTGACTTCAGCTTTATCTACCGAATTTTGTGTTTCTTCTTTTTTATTATTTGTTTCT
TCATTTTGTGTTGGAGTATTGTCGTTACTATTTTCTTTAGAAAGCATTGCCACTACCTTCGCC
GATGACAGCAATTGCTTGTCCAACCTTCTACAGTGTCCGCTTCACTTGCAAGTTGTTTCAGAT
AATACACCTGCTTCTTCAGATACAACCTTCGACATTAACCTTTATCAGTTTCTAATTCAGAA
TAGCTTCACCTTTTTCTACGCTATCCCCTACGTTTTTCAACCATTCTGCAATGGTACCTTCT
GTAATAGATTCTGCTAATTCTGGAACCTTAAACCTCTGGCAT

> **odhA**

Function: protein coding sequence; 2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component (core genome, variable)

Best match: odhA_CC001-ST772_118_AJGE01000012.1[5683:8481]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 23226 ... 26025; Length: 2799 bp

Sequence:

CTAGTTATTTTTAATGCATTTTCTATAATTTTATTTTGAACAAGTTTATGAATTTCTCCAT
CGCCTTCAGCTGGAGCAGCCCTTTGAATTCTGCCATGATAACTTAAATCATATTTATCTGC
AACTAGCACTTTAACATATGGATAGACATATAACCATGCACCTTGATTTTTAGGTTCTTCT
TGTACCCATGACACTTCTTCAAGGTTTGGCAATTGTGCTAGTAATGCTTCAATCTCTTCCT
CTGGGAATGGATACAATCTTCAATCGCAACGAGTAATACTGATTCTGCTGGATTTTTAGC
TAATGCTTCTTTAAATCAATGAACATTTTACCAGTCGCTAAAATAACTTTTTGTAACCTTA
TCCGATTGATATGATTCTGTCAAAATTGGCTCAAATCCACCAGAAGTAAATTCATCAATT
GGTTTTGCAACTGTTTTATTTCTCAATAAGCTTTTTGGTGACATAACAACCAATGGTCGCA
TTTGTTTCAAGTCTAAACTAGCCGCTTGTGCACGCAATAAGTGGAAATAATTAATTTGAAC
TAGATAAGTTGACAACCTGTGCAATTTTTCAGCAGCTAATTGTAAAAACCTCTCTAATCT
TGCTGATGAATGTTTCAAGGACCTTGACCCTCATATGCATGAGGTAAGAATAATGTTAATCC
TGAACGTTCTCCCCATTTTGTGAGCGAGAAGTGAATAAGAAGTTGTCAAAAATCATTGTGA
CATATTTGCAAATCACCATATTGCGCTTCCCAAATATTGAAGCTTTTTTTGTTTTCCACAT
TATAGCCGATTCAAACCAACTACTGCTGCTTCTGAAAGCGGAGAATTGTGTATATCAA
ATGTCGCTTTTTGATCAGGAACATGATGTAAAGGTGTATATGTTTACCTGTTTGCTCATC
ATGTAACACGGCATGCCTATGACTGAATGTACCACGTTCACTATCTTGACCAGTTAAGCG

AATCGGTGTACCATCTTGTAAAATTGTCGCAAATGCAAGTTGTTCTGCTTGTGCCCAATCA
ACTAAGCCATCTTCTTTATTAACGGCTCATGACGCTTCTCAAGAACTTTGTTAACTTTTT
CAAATGTTAAAGCCATCCGGATATGTTAACAATGCATCATTTATTTCTTTCAAATGATCA
AACGTAAATGATTGTTCTGCTGCTTGTAAACGGTAATGCAAGTTCTGCAGGTTTTTCCATAT
CTGGATTATCCATTTTATCAGCTTTATTAATTTTATCATGAGCTTGTCTTAGTTCCTTTTGG
ACTTGTCTATAAATGAATGCATTTTCATCTTCTGAAATGACACCTTCATTAACAAGCTTTT
TACCAAACACATATTCAACAGAGTCATGTTTGCGAATATTCTGATAAGGAACTGGATTAG
TAATTGATGGTTCATCCATTTTCGTTATGTCCGAAACGACGATAACCTACTAAATCAATAAC
GACGTCTTTATGAAACTCTTTTCTAAATTCATTGCAATATCAATTGCTTCAATAGTAGCT
TCAACGTCATCAGCATTGACATGGAATATTGGCACATCATAACCTTTGGCCACATCTGTA
GAATAAGTTGTTGAACGTGCATCAATTGGTCTGTAGTAAATCCAATTCTATTGTTAGTAA
TAATATGCAATGAACACCCGTAGAATAGCCTTTCAAGTTTCCTAAGTTCATTGTTTCGAA
GTTAATTCCTTGACCAGGATAAGCAGCATCGCCATGTATAATAATTGGCATTGCTTTATGA
TGATCAGTCGTCGGAGCCCCAGCACGTTGTGTATCATCTTGTGCTGCTCTCGTACGCCCT
CAACAACAGGTGCAACAATTTCCAAGTGAAGTTGGATTGTTAGCCAGTGCAATACGCTGCA
TTGTACCGTATGAATCAGTAGTTTTAATGCCACCAAGGTGATATTTACATCACCAGTCCA
TCCAGCAGTAACTGCAAGCTACCATCTTCAGGTAAGAATTTCAATTGGATCTGTATGCATA
AATTCTGAAATCATCATTTTCGTACGGTTTTTCTAAGACATGCGTTAAAACGTTTAAACGTC
CACGGTGAGCCATGCCTATTTGTATATTTTAAATACCTTCTTTCGCAGCAATCGTAATAGT
ACGTTGTAACATCGGTACAAGTGCCTTACCCCTTCAATTGAAAAACGCTTTGCACCAAC
GAAGTTTTTATGAAGATATTTTTCAAACCCTTCAACATACGCTAATTGTTTGAATAGTGCC
CTTTTTTCGTTATTATTTAACGTTACTTTATATGGCGTTTCAATTCTTCTTTTAAACCAACC
ACGTTTCGGTATTGTTATTAATATGTGTATACTCAAATGCAATTGGTCTTTGTAAACGTTTTT
CCATTCTTAAAATTGCTTCATAAGCATTATCATAAATGTGCGCAAAGTGATCTGAAACAA
TTCTGCTGATATACCTTCCAAAGTCTGTTGATCTAAATCAAAGTCTTCAATCTCTAATTT
AGGTACATGTTTCTTTTTGGAGGATTTACAGGATAAATATCGGCTTTAAGATGCCCGTAT
TGGCGAATATTATCAATTAACGCATGACACGCTTAATTGTGCCGTCGCTATTTTGGCTAC
TTGTACTTTTTAAAGCTGGTACAATTGAGTCATCATTCTTAATTGTGCTGAATAAGACTTG
TAAATCTTCTGGTACAGATGATGGATCTTGTA AAAAGTCATCATATAGATCTAACATTAG
ACCTAAATTCGCACCGAAGTTTACAGGAGCCTCTGAAACTTCTTTTCTTTCGTTAGTCAT

> **arlS**

Function: protein coding sequence; signal transduction histidine-protein kinase (core genome, constant)

Best match: arlS_CC001-ST772_118_AJGE01000012.1[4044:5399]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 26308 ... 27664; Length: 1356 bp

Sequence:

TTAAAATATGATTTTTAAACGTTGTTCTTTGTTAATTTCACTTTTTAATTTTAAATCGATCCTC
CGTTTAAATTGAATGATTTTTTGGAGCAATAGATAATCCAAGTCCATTACCGCCTTGACTTCT
TGAACGAGATTTATCCACTCGATAAAAAGCGATCAAAAATGAAATCTTGATCTTCTCTGG
AATACCAATTCATGATCTGTAATTTCAATTATTTTTTGGCTTATTTTTTAACTTGTCTTAA
CTTTAATTTTCTTATTCTTACATCATATTTGATTGCATTATCAATAAAGATTAAAAATAAT
TGTTCGAATTGATGAGGTTTCATTTTAAATTTCTAGATTTTTAGATGTCAGATCCGTATCAA
ATTGATAATCAGGATGCAATTGTTTTAATGAGTGTATTTCGCGAACGAATTCATCATTAAAT
ATGCACGGTCTGTGCTTCAGAAGAAATGTCATTTACATCTCCTTTAGTCAATTCAAGTAAT
TCTTCGACTAATTTTATGATACGATTCATTTCTTCAATAGAAATATTTAACGATCTTCTAA
TACTGCTGGGTCTTTTTTTCCCATCGCTGAATCAAATTTAAATGACCTTGAATAATTTGT
AATGGTGTTTCGTAATTCATGTGACGCATCTTCAACAAATTGTCTTTGTTGATTAATGATT
CTTCAATTTGGCTCATCATCTCATTAACGATTTTGCTAAATTATCTATTTCTTCATAATTT
GTATTTAATTGCAATTTATTTTGA AAACCATCTCGTCGAATCTCAATCATTTTATTTGATA
AACTGACAAGCGGTTTAGTAATTTGTGTTGAAAATACATAACTGATTGTGGCAGTTATAA
TTGTTGCAATCACTCCAAATGCCAGCGCAATGATATACAATGATTTTACGATGTTATCATA
ATTTTCTAGTGAATGAATTAACAAGCTATACCCTTTGAAATCTTGC GTTGTAAATTGGTCT
TTAATAAATTAATATTC AATGCCTTTATAGCGTTTTTTTTATTACGCGGTCAAATAACGGT
GTTCATAACCTGGTTCAACTCTCACTGTGTTATCATTTCGATGTCTCAAATAATTTATTATTA
TGCTCATCATAAATAATTATCTTGTAAAATTACCTAAAGATGCATTCAAGTCTAATGCAG

ATATATCTTTAACAGGCTTAGAATGAAATAAATTATTAATATCGCTTGAGCTTCGTTCTGC
ATCATCAAGCTCACTATTATGCAGTGTATCTTTCAAGAAAAATAATAATTAACAAAA
CAAAAATATCGTGACAAACGTAATCATTGTGGTAACAATAATCCAGTTATTGCGCAATTT
ACGTTTTGTCAT

> **arlR**

Function: protein coding sequence; response regulator

Best match: arlR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1499939:1500598:r]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 27660 ... 28320; Length: 660 bp

Sequence:

TCATCGTATCACATACCCAACGCCACGAACTGTTTCAATCATTTTTGTCACGATCGTATGGT
TTTAACTTGTTCGTAATAATATCTTATATAAACATCTACGACATTTGTTTCTACTTCACTATT
ATAACCCATACATGATTTAAAATTTGTTCCCGTTGCATAACATGGTTTTTATTTTCAGCT
AGAAGATATAGTAAATCATACTCTGTTTTTGTAAATCAATTTCTGCGCCATTTACCGTCA
CTTTAAAAGCGTTCTTATCAATTGTAATACCGTTGACATCGATAATATCCTTTTTGTGGCTG
ACGACGTAATAATTGCACGAATCCTTGCTAAAAGTTCTTCAATATCAAACGGCTTAACTAT
ATAATCGTCTGCACCGTAATCAAGCCAGCAACTTTGTCATACGTATCACTTTTCGCTGTA
ATTATAATGATAGGTGTAGATTGTTGTTGTCTAATTTTGGGACAAATTTCTAAGCCATTAA
TTGACGGCAACATTAATCTAATATGATTAAATCATAGTAATGGCTAAGCGCTTTATCTA
AACCGTCTTGCCATCATACTCTGTGTCCACATTGTAATTTTCATGTGTGAGTTCCAATTC
AAGAAATCTTGCTAAGTTTTGTTTCATCTTCTACTATTAAAATTTGCGTCAT

> **murG**

Function: protein coding sequence; undecaprenyldiphospho-muramoylpentapeptide beta-N-
acetylglucosaminyltransferase (core genome, constant)

Best match: murG_CC001-ST772_118_AJGE01000012.1[900:1970]RC (completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 29738 ... 30809; Length: 1071 bp

Sequence:

TTAATTCAATGCGTCTTTAATCATCTTATCAAATAAAGCTTCTTTTCGTATAACTTTGTTTCAT
ACGATTTTCATATTATTGATAATTCGAGTTCCTTTCCTGTTCCATTTCAATTTAGTTCTTGTAAT
AAAATTTGTGCTGTTAATTGTTCTTCATCAATCGTTTTAGCATAACCTTTATCAGCAAAAT
GATTTGCATTGTCAATTTGGTCGCCTCGGGATTGATCTAAACCTAATGGTACTAATAACAT
TGGTATACGTAATGTTAAGAACTCATAAATCGCATTGATCCAGCTCTACTTATTACTGTG
TCCGTAATTGCTAATAAATCTGTTAAATCCTCTTTAACAAATTCATATTGTATATATCCTG
ATTTTTTAACTTGAGCATCTTTTAAATCCTTTACCAGTTAAATGTATCACTTGATATTGTTGT
AATAATGCATCTAAGTTTTTCGCGAATAATGCTATTTAATTTTTTACTTCCCTAAGCTTCCAC
CCATAACGAGTAAAACCTTTTTTATTTTCATTAAGCCTGTTAATTGATAACCATTATGTGC
ATTACCATTTTTTAAATCTTCTCGAATTGTTGCTCCAATAAAATCAGCTTTCTCTTTAGGTA
GGTAGTTTAGCGTTTCTTCAAATGTTGTATATATTTTCTTGGCAAATTTAAGTGCTATCTTA
TTCGCTAATCCTGGTGTTAAGTCAGATTCATGAATAATAGTTGGTATATTTAATGATTTGG
CTGCAATAACAACAGGCACAGATACAAATCCACCTTTTAAAATAATAGATCAGGTTTTT
CTTTTTTCAAACCTTTACGAGCATCAAGAATACCTTTCAATACTTTAAATACGTCTTTGGC
ATTTTCTAAAGAAATATATCTTCTTAATTTACCACTCGAAATAGGATAATACTTAATTTCT
GGTAGTTGTGATTCAATCATTTCTCTTTCAATACCATTTTTAGAACCAATATAAAGCGCTT
CATAACCTTGATAATGCAGTTGGAATTAACCTTAAATTTACTGATACGTGTCCAACCTGT
TCCCCCTCCGGTAAATGCGATTTTCGTCAT

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1430297:1430367:r]RC
(completely identical)

Position: 034-contig_264_RC: 31663 ... 31734; Length: 71 bp

Sequence:

TACATCCCTAAAAAAGCAGTAAGATAATTTTCAATTAGAAAATATCTTACTGCTGTTCTC
TATTTATACA

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1430518:1431031]

Position: 035-contig_268_RC: 8 ... 38; Length: 30 bp

Sequence:

AAACTATATCGTGAAGTTAGTTGAAGAAAA

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397772:1397835:r]RC

Position: 035-contig_268_RC: 57 ... 87; Length: 30 bp

Sequence:

TTAATAGAAATCAGCTTTTTTACATTGCCT

> **ctpA**

Function: protein coding sequence; carboxy-terminal processing protease (core genome, constant)

Best match: ctpA_CC001-ST772_118_AJGE0100010.1[7960:9450]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 157 ... 1648; Length: 1491 bp

Sequence:

TTATTTTAAAATATTAATCAATTTATCGAGAACATCATCATGTTTATTAGCTTTTTCAACTA
ATAACTCAGTAAATTTATTATTCGTTTCTTATTAAATTCACCAGTTACCTCGAGTTTATTC
GCTTGTTGGAAAGCTTTAACTTGATTTTCTAAAGCTTGATCAAATTGCGTTGTTTCATTAT
CAACTTTATAACCTAAAGCTGACAAACCAATTTTAATAGTTTTAATATTTTTATCATCGTC
TCCAACCTTAAATGTTTTCGTATTAGGAATGACATTTAAAGATTGATATTTAGGTGTGTCA
ATAGTAACGTCTGGTTTAAATGCCTTTACCGTGAATATAATGACCATCTGGCGTTAACCATT
TCATTTTCAGTATATTTTAAACAATGAACCATCCTTAAACTCTCTTGTAGTTTGTACGACACC
TTTGCCGAATGTTTTGACCCATAAACTTTAGCTTTATTATAGTCTTTTAGCGCACCAGTA
AACACTTCAGAAGCGCTAGCTGAACCTTCATTCACTAAGATGGATATATCCATGTCTTTTCG
CTTCTTTTAAACGCATCATTAGAAGTTTGAATTGCTTCAGTATCTTTACCTTTTTCTAGTTTA
ACAACAGTTTTTCTTTATTGATAAAAATATTTGCCATTTTAAACAGCTTCATCTAGTAGTC
CACCTGGATTATTTCTTAAATCTAAAACAATCTTTTTCAAACCATCTTTGTGAGCTTTTAG
AACTGCATCTTTCAATTCACCTGATGTATCATTCTGGAATTTATTAATAGTAATAACTCCA
ACTTTACCTTTTTCTTATACTCAACACTTTTAAACATGAATTTTTTACGTTTAACTTAAAC
GTCTTTTTCTTCACTACCTCGTTGAACAGTTAAAGTGACTTCAGTGTTTTCTTTACCACGAA
CATCTTTGACAACCTTCATCTAATGCTTTTCTTTAATTGATTTTCCATTTACTTTAGTAATG
ACATCTTTAGGACGAATGCCAGCACGTTCTGCTGGAGATCCCTTCATAGGACTAGTAACC
ATAATTTGATCATTTTTCTTTTGCATTTCTGCACCAATACCTACAAAATCACCTGAAACAC
CTTCATTAAGGATTTTCGTTTGTCTTTTGTAAATATTCAGAATAAGGATCTTTTAAATTCT
TTGACCATGCCATCAATTGCAGCTTTACTTAACTTGTGACAGATCCTGTTTTTTGTAATAAT
CACTATTTAAGATTTTATACACATTTTCAATTTTATTTAAGTTTGCTTGATCAGTTTTGTTT
AAACCACTTATTTTTGATTTATAAAAATATATGCAACAACCTGTGATGACAGCTGTTATTA
GGATTGTACCAATTAATATTGATATGAATTGCCAACGTTTTAAGTGAACGCGTTTCGATG
AATTAGTTTCTTGGTCTTGATTGCTTGTGCAATTTTCAGCGCGTTCATCATCGGATGAAGA
TGTGTGTTGCTTATCATCCAT

> **ptsIIA**

Function: protein coding sequence; PTS system/glucose-specific IIA component (core genome, constant)

Best match: ptsIIA_CC008_COL_CP000046.1[1471380:1471880:r]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 2060 ... 2561; Length: 501 bp

Sequence:

TTAGTTCATTGTCACATCAATCACTTTTGTTCACCTTTAATCACAGCATTTTCATCATAAA
TATTAATTGAAGCTGCTTGATCAGTGTTAGTAATTATAATTGGTGAATTACAGATTTAGC
GTTATTATTAATATATTCAAGGTTGAATCTTACTAATGGATCTCCGACGTTAACTTCGTC

CCACTAGACACTAACACTTCAAATCCTTCACCGTCTAATTGAACTGTGTCTAAACCGATAT
GAACTAATAATTCTAATCCGTTATCTGCTTTTAACCCAATCGCATGCTTAGTTGGAAAGAC
ATTGTCAACACGTCTGCAATTGGAGACACAACCTTCTCCTTCAGTTGGATTAATACAAA
ACCTTCGCCCATCATTTTTTTGTGCGAATACAGGATCTGGAATATCTTCAATTTTCACGAAT
TCTCCAGTTAATGGTGCATAAATTGCGATATCTTTCTGAACTTCTTTGCCTTTTCCGAATA
ATTTTTTAAACAT

> **mrsB**

Function: protein coding sequence; peptide methionine sulfoxide reductase (core genome, constant)
Best match: mrsB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1433566:1433994:r]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 2572 ... 3001; Length: 429 bp

Sequence:

CTACTTATCAAAAATGTGATATTAATCGCCATAACCCAATTCTTCTAACTTTTCATATGGA
ATAAATTGAATTGCAGCGGAATTGATACAGTATCTTAAGCCGCCACTTTCTTTAGGTCCAT
CATTAAAGACATGTCCTAAATGACTATTTGATTCTTCTGAACGCACCTCAGTTCTCAACAT
ACCAAATGATTTGTCGACTAATTCTATAATTTTCATCGTCATCAAGCGCTTTGGAAAAGCTA
GGCCATCCACATTCAGAATGAAACTTTTCTTCAGATGTAAATAAAGGTTTACCAGAAATT
TTATCTACATAAATTCCTTTAGCAAAATGATTCCAATATTCATTCATAAATGGTGGTTCAG
TGCCGTTTTCTTGTGTAACAATATATTCTATATCTGTTAGTTCACTTTTATCTTTTTTAAGC
AT

> **msrA2**

Function: protein coding sequence; peptide methionine sulfoxide reductase A2 (core genome, constant)

Best match: msrA2_CC001-ST772_118_AJGE01000010.1[6081:6614]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 2993 ... 3527; Length: 534 bp

Sequence:

TTAAGCATTTTGATTCCCCCAATGTGATTCTATAAACGCTTTTCTACCTGAACCACGTTGA
TATTGGTAATAATGTACCGGGTCTTTTTATAATAATCTTGATGGTAGTCTTCAGCTGGAT
AGAAATTTTTATATGGTTTAATAGGTGTAATCACTGGTTTCTTGAAAATACCTTGTTTCATT
TAATTGTTGCTTTTTAAACTCAGCAGCCTTTTTCTGATGTTTCATCATGATAGAAAATGACT
GGTTGATAGCTTTTCGCCTCTATCGAAAAATTGCCCTTGATCATCAGTTGGGTCAAATGTTT
TGAAATATATGTCTAATATATTTTCAAAGGAAGTAACCTCTGGATCAAACGTAATTTGTA
CTGCTTCGACATGGCCGGTTTGATTTCGTACATACCTGTTTCATAAGTTGGGTTGTCAACATG
ACCGCCACTATAACCAGATACGACTGACTTGATGCCTGGATATGATGTAAATGGTTTAAC
CATGCACCAGAAACATCCTCCTGCTAATGTTGCATATTCTTTTGTCAT

> **degV**

Function: protein coding sequence; DegV domain-containing protein (core genome, variable)

Best match: degV_CC001_MW2-USA400_BA000033.21434606:1435445:rRC

Position: 035-contig_268_RC: 3612 ... 4452; Length: 840 bp

Sequence:

TTACTTCTTAAGGACTACTAGGCCAATCGCACCTTGACCAGTATGTGCAGAAATAACTGG
TGTAGTTACATTTATATCGTAATTATTCACATGAAAAGCTTCATTA AAAACTTTCTTCAAT
TTATCAACATATTCAATGACGTTAGCATGTGCGACACCAACGGATTTGATTTTCATGATCTC
CTATAAATTCAGCAATTTCTTTTTCAAGTATTGGATACTAGAATTTTGAGTTCTCGCATT
GTGCACAAGCTCTAAGCGACCATCATCTAGTGTACCAATTGGTTTAATTTTCATAAGATTA
CCAATCAAACCTTTTGTTTTACTAATTCTGCCACCTTTAATTAATTGATTCAATTGCCCTAT
AACTACAAATAATTTAATGTTTTCTCTTAAATGATTTAACTTTTTAACTATTTTCAGAAGTT
GAGACACCTTCTTTTACAAGCTCTACTAGGTGTTGTATTTGATACCCTAAACCAAAAAGAA
ATAGATTTTGAATCAATAACAGTTACATTAGCATCTACCATTTGACTTGCTTGGTAAGCAG
TGTTATATGTACCACTTAATCCTGAAGAAAGATGAATACTTATGATTTTCAGAGCCATCTTT
TCCTAGTTCTTCATAAGCAGATATAAATTCACCTATGGCTGGCTGACTTGTCTTTACATCT
TCATCATTTTCAATATGATTAATAAATTCCTTCTGATGTAATATCTACTTGGTCAACGTATG

AAGCTCCTTCAATAGTTAAACTTAAAGGAATTACATGAATGTTGTTTGCTTCTAAGTATTC
TTTAGATAAATCGGATGTTGAGTCTGTTACTATAATCTGTTTTGTCAT

> **folA**

Function: protein coding sequence; chromosomal dihydrofolate reductase (core genome, constant)

Best match: folA_CC008-ST72_21259_AFTS01000032.1[7714:8193]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 4466 ... 4946; Length: 480 bp

Sequence:

TTATTTTTTACGAATTAATGTAGAAAGGTATGTGGAATTGTATTTTTCTCATCTAGTTTA
CCTTCAACTGAAGAGGCAATTTCCAGTCTTCAAATGTATAAGGTGGAAAGAACGTATCA
CCACGGAATTTACCTTCAATAACAGTAATATAACATGTCGTCCTTATCAATCATTTCTT
CAAATAATGTTTGCCCTCCAAATATGAAAACATGGCCCGGTAGTTGGTAAATATCTTCAA
TAGAGTGAATTACATCAACGCCCTCTACGTTGAAACTTGTATCTGAAGTAAGTACAACAT
TTCGACGATTCGGTAGTGGTTTACCAATCGATTCAAATGTCTTACGACCCATTACTAAAGT
ATGACCTGTTGATAATTTTTTAACATGCTTCAAATCATTTGGTAGGTGCCAAGGTAATTGA
TTTTCAAACCAATTACTCGTTGCAAGTCATGTGCAACTAGAATGGATAAAGTCAT

> **thyA-chr**

Function: protein coding sequence; thymidylate synthase (core genome, constant)

Best match: thyA-chr_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1508996:1509952:r]RC

Position: 035-contig_268_RC: 5145 ... 6102; Length: 957 bp

Sequence:

CTACACTGCTATTGGAGCTTTTATTGCTGGATGTGATTCATAGCCAACAATTTCCAAATCT
TCATAATTTATGTCGAAAATAGACTTGTCACTGTTAATTTTTAATGTTGGAGGATTGAAAC
TTTCACGTGCTAATTGTGTTTGAATCGCATCAATATGATTTGAATAAATATGTGCATCTCC
AAATGTATGCACAAATTTCTCTACTTCAAGTCCACATTCTTTGGCAATAAGGTGTGTCAAT
AAAGCGTAGCTTGCATATTAATGGCACACCTAAAAGATATCTGCGCTACGTTGGTAT
AACTGGCAACTTAACTTACCATCTTGGACATAAAACTGGAACATGGTATGACAAGGCGGA
AGTGCCATTGTATCAATTTCTGTTGGATTCCATGCAGATACGATGTGTCGTCTTGAATCTG
GATTATGCTTAATTTGTTCAATTACTGTTTTAAGTTGATCAAATGATTACCATCTTTATCA
ACCCAATCTCGCCATTGTTTACCATAAACATTTCTTAAATCACCGAATTGCTTCGCAAAAG
TATCATCTTCAAGAATACGTTGCTTAAATTGTTTCATTTGTTCTTTATATTGTTCGTTAAAT
TCAGGATCACTCAATGCACGATGCCCGAAATCTGTCATATCTGGACCTTTATACTCGTCTG
ATTTGATATAATTTTCAAAGCCATTCGTTCCATATATTATTATTATTTTAATAAGTAT
TGGATGTTTGTATCTCCTTTAATGAACCATAATAATTCGGTTGCTACTAATTTAAAAGAAA
CTTTCTTTGTCGTTAATAGTGGAATCCTTTAGATAAGTCAAAGCGAAGTTGATGACCAA
ATTTTGAATCGTACCTGTATTTGTGCGATCATTTTCGTGTATTTCTATTTCTAAAACCTTCT
TCACAAAGACTGTGATATGCTGCATCAAATGAATTCAACAT

> **cvfC3**

Function: protein coding sequence; conserved virulence factor C operon/protein 3 (core genome, variable)

Best match: cvfC3_CC001-ST772_118_AJGE01000010.1[1505:2629]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 6978 ... 8103; Length: 1125 bp

Sequence:

TTAAATTGTTCTGTTTGCCATTTGTTTCCATACTGAACCAAGTGCCTCATCTCCGTTTTCAA
TACGAGATATGGCCATTTCAATTTGTAATTTAACTTCAAACGCATTGTCATTAATATGGGC
TTTTAGTGCGGGAAGCTGCTCTGCATTACCTTCATCAAAGATAAACATAGCAGCACGCCA
CCTAACGATTTTCTGTGGATCATCTAATAGTAGCACCATTTCTGGTAGTGCCTCTGGATAC
CCTAAATCGCTTATGCAATCCCCTGCTGTTCTTCTTACAGCAGGACTTTTATCACGAAGCC
CCTTATATAAATACGGTAAAATTTCTTTACTTTCAATCATACTAATAATAACAATCGCTTG
ACGTCTAACCGGTACTTTTTTCATCAGATAAAGCTAAATCAAGCAGCGGTATATCTTCAA
AGTCGGCTTTGGAAAATGGTTTAAACATTCGTAATCGAGTCTTCCAATTATCAGTCGCATGA
TATTCATCAAAGAGACATGTCGATAGAAATGATAATTATTAGTTACGTGATTTTCTTCTA
AAGCATGCTTTACCAATACAGGTAACCTGTGATTCTGGATAGGTAGCTAGCACTTCTTCTA

GGACACCATCCATTACTTCTTCAATATTTCCATAGCGATTTCTAAATCTAGCCATTTACG
CATAAAAACAATATTGTCATGTTCTGTTTGGCGTTGAGTCATATAATCAACATATGTTTGT
GGTAATTGTTCTCTTAATTCTTGGTCAGCAGAAGTTAGCTTAATTTGATACGGTATACCC
TAAAGGTTAATAGTTCAGCTTTAATTTACCAAAAATGATTGTCAATTTGAGCTTCATTTAC
AGATTCTAAAACCTGATTCCCATCAGAAAAACAGCTTTAATATCAGGTAATATGACTTC
CCAATCAGCTTTTGGCGCCTTATCAACAGCTAAGAAGTTCATGACATGAAAAATAGAAGT
GATACCGTCTATAGATAAACAAGTATTATAAATCTTGGTTGTGTTTCTTCTACTTTTTTAT
AAGTATTAGATAACTTGTCTTTTCTTGTAAATGACAAAACAACCTTTCATTGTATTTGGACT
TGGCGTTGGCTCTATACGTAAAATTTCCAT

> **cvfC4**

Function: protein coding sequence; conserved virulence factor C operon/protein 4 (core genome, constant)

Best match: cvfC4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1437519:1437956:r]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 6525 ... 6963; Length: 438 bp

Sequence:

CTATTTACAATTTTCGTCAAAGGCATCCTTTAAGTCCATTGCAATGTCATTAATATCTCTA
CCTTCGATAAATTCTCTAGGCATAAAATAAACTAAATCTTGACCTTTGAATAAAGCATA
GAAGGACTAGATGGTGCTTGTGAATGAATTCTCGCATTGTAGCAGTTGCTTCTTTATCTT
GCCAGCAAAAAGTGAAGTGTATTTGTAGGTCTATGTTCAATTTGTGTTGCAACTGCTAC
TGCAGCTGGTCTTGTAAATCCAGCTGCACAGCCGCATGTAGAGTTAATAACTACAAAAGT
AGTGTTCATCAGCATTACTTGGTTCATATACTCCGATACTGCTTCGCTCGTTTCTAACTT
GTAAAACCATTTTGAGTTAATTCGCCACGCATTTGTTGCGCAATTTCTTTCATATAAGCAT
CATATGCATTCAT

> **cvfC2**

Function: protein coding sequence; conserved virulence factor C operon/protein 2 (core genome, variable)

Best match: cvfC2_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1401081:1401332:r]RC (completely identical)

Position: 035-contig_268_RC: 8140 ... 8392; Length: 252 bp

Sequence:

TTATTCGAATACAGCCTCTACTTTTGGCAATACTGTTTCCCAATTTGCGTCATTTTCTTTAT
CTACTGAAATAAAGTCCATAACATGGAAAATTGATTTAACACCTTCAACCTTTAAGATGT
CATTAATAAATGCTGGCTGTGAATCATCAACTTTAGTATACGTATCTGATGTCATACCTTC
TCTGCTTTCACTAAGTGTAATCTTCATTGTGTTGTGGTTCGGTGTCTGATATAGATATAA
TTTGCAT

> **cvfC1**

Function: protein coding sequence; conserved virulence factor C operon/protein 1 (core genome, constant)

Best match: cvfC1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1439397:1439591:r]RC

Position: 035-contig_268_RC: 8403 ... 8598; Length: 195 bp

Sequence:

CTATTGAAGTTCATTTCCCTAATTGTTTTATTTCTTTCCCTATTGAACACTCATTGATACAAA
AATGATGGGCCTTCGTTTTCCCTCTAATTTACGCAGACGAGTTTTGATTGGACATTGATT
GCAATAAGTATTCATTAATCATCTATTTTCGCGAGTGCATTTTGCTCTGAAAAAGTTAAA
ATACGCGACAC

> **Q5HFZ1**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q5HFZ1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1512693:1513397]

Position: 035-contig_268_RC: 8842 ... 9547; Length: 705 bp

Sequence:

ATGTATAATGAAATTTTAGGACTAGTTACGTTTATTGCAACGTTTCGTACTTATGGTACTTA
TGTATCGCTTTTTTGGTAAACAAGGTTTAATTGCATGGGTTGCAATTGGCACAATCATTGC
CAACATACAAGTGATTA AAACTGTAGAAATCTTTGGTATTTTCAGCAACTTTAGGTAATGT
CATGTTTGCTTCTATTTATTTAGCAACAGATATTTTAAATGATATTTATGGGCGTAGAGTT
GCAAAAAGAGCAGTTTGGTTAGGCTTTTCATCAACATTAATTATGATTATTGTTATGCAAT
TGTCATTACATTTTATTCCTGCACCAGAAGATATGGCACAAAAAGCATTACACGCAATCT
TTGATGTTGTGCCACGTATTGCTTTAGGCTCAATCGTCGCATATATTATTGGTCAACATAT
TGATGTATTTATCTTTTCACTAATTA AAAAAGTATTTAGTTCTGATAAAAACGTTTTTCATCC
GTGCATATGGTAGTACATTTTTAAGCTCAATAATTGATACAGCTTTATTTGTAGCTATCGC
TTTTATCGGAAGTTTACCTGGTACAGTTGTATTTGAAATATTTATTACAACCTTACGTATTA
AAATTAGCTTCAACAGTTTCAATGTACCATTGGATATATTGCTAAATCATTTTATCGTA
AAGGTAAGATTGATAAGTTAGATCAAGGCTATTA

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC005_CF-Marseille_CABA0100081.1[16587:16794]

Position: 035-contig_268_RC: 9637 ... 9667; Length: 30 bp

Sequence:

CATTGTCTGTAGAAATTGGGAATCCAATTT

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1440798:1440838:r]RC

Position: 036-contig_189: 2 ... 32; Length: 30 bp

Sequence:

AAAGCTTGTTACAAGCGCATTTTTGTTCAG

> **rnhA**

Function: protein coding sequence; ribonuclease HI-like protein (core genome, variable)

Best match: rnhA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1375631:1376032] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 273 ... 675; Length: 402 bp

Sequence:

ATGGCGAAAATAAATTTTGATGCTGCGACGAAAGGAAATCCAGGCATAAGTACATGTGC
CATTGTAATCAAAGAAGATGAGCAGCATTATACATATACACATGAGTTAGGCGAAATGG
ATAACCACACTGCAGAATGGGCTGCATGTATTTATGCACTAGAACATGCACGTGAATTA
ATGTTCAAACGCACTATTATATACAGACTCAAAGCTAATTGCAGATAGCATTGAAGCTG
GTTATGTGAAAAACGCAAATTTCAAACCTTATTTGATCAAATAGAAATATTTGAAAAAG
ATTTTGATTTATTATTTGTTAAATGGATACCGAGAGAACAAAACAAAGAAGCGAATCAAC
ACGCTCAACAGGCATTGTATAAATTAATTA AAAAAGAATAAATAA

> **tx_rnhA**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_rnhA_ebh_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1441469:1441533] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 662 ... 727; Length: 65 bp

Sequence:

AAAGAATAAATAAAAGGAGCACCGACTGATGTGATGTCAATCGGTGCTCCTCTATTTATC
AAAGA

> **ebh**

Function: protein coding sequence; (genomic island)

Best match: ebh-Mu50_CC005_04-02981_CP001844.2[1472718:1504353:r]RC

Position: 036-contig_189: 733 ... 32377; Length: 31644 bp

Sequence:

TTATTTTTTATTTTTCTTAGATTTCTTTTTCTTCTTTTTAGCTGCTACCTTTTTAGAAAGTATTT
TTTGATGCTGACTTTTTGTCTTTGGATTGGTTATCTTTTTGATTTTTCTTTTTAGCCAATAAT
AAAGGAACGTCCTCATCTTTAGATTCAATACTAGTTGTTGTTTCAACATCTTCTCTTTATC
TTTGCCTCGTTTTGCGAATAAGAGTGGTGAATGTTTCGTTATCTTTCAACACTTTTTCATCTG
TGTTTTCATTTGTAACCTCCACATCTTCTTCATCTTCTTTACGACGACGTTTTGGTAAGAAG
AACGGCGTATGTTAACTTTATCGAGTGACTCGCCATTATTTAGCGAATCTTTTTCTTCAA
CAGTAACATCTTCTTCATCTTCTTTTTCTGCGACGTTTCGCAAATAAAAGTGGTAAATGTTT
TGTATCGTCTAAAGTCTCTTTTTATTGAATCTTTATTATTATCTCTTATTTCTAATTCCTCCTC
TTCATCTTCTTTACGACGACGTTTGGCAATGAAGAACCAGAACTAGCTAGTAAGCCAGA
GATACCCACCACACCAATAGCGTTTTTAATAACATTACCGAAATTATTACTAAAGTGACG
CATATGAAGTGGATCAATGTCATCATCTTCATCAATTTTTCTTTTTATGTCCAATAGTCGAA
CTGTTAAATGGATGATTTGCAGTCCATAACCAATTGTTAAATGGCTATTAGATTCATTTT
CAGTACTTGACGATTGTTTAGCAGCATCAGATATTACAATTTGTACTGCTGAAATTCGAGC
AATACCATTGTTCAATGCAGCCTCAACTTGCTGTAATGTATGCGCATTATTAATATCTCTA
ATTGTTTTCAAGCACAATTTTCGTTAATTTGATTCATTGCTGCTTGTTTTTTCATCAGTTGTGCC
AATTTCACTATTTTCGAATACTATTTATTTTTTCATTTGAAAAGTCTTTAATTCTACTAATTG
CTTCTTGCTTGCGTTTAGCTAGTTCTTCTGCTGTTGGATTAGCTGCTTTCATTTGAGCTTTA
AATTGTTCCAATTGCTCAGTTATTTTCATCGATGCTTTGCGCACGTTGAATCGCTTGAATTG
CTTGTTCTTTAATTGATTTAACTTAGCAATAGCTTCTTGCTTCTCTTTATCTGTTAGATCA
GTACGAGCTTTGATTTTCATCAATCATATGTTGAATTGCATCTTCAATCAATTTAATTGCAT
TTGATTTTGCTTGTTCATCGTAAATTGTTCTGGATTAAATTGTTCAATATGCGCTTGTCT
TGTTGTTGAATTTCTTCAACTGAATGAACATCAGGTGCATTGTTAATATGATCAATCGCTT
GTTGTTAAGCTTATTAACCTCTGCAATTGCAGCTTCTTTTTGTTCCAGTGTTAATGTCACA
CTATTATTGATTTCAATTAATCTTTTTGTTGTGCTGCATTTTCGATTGATTCAATTGCCTGTTG
TTTGACTACTGACAATTCTTTTTCTACAACTTTTACAGGAACATTAACAATCACTTTTGAT
CCATCAAGCAATGTAACCTTCAACTTTTGCTGTTAAGCTATCAGAAATCGTTGCAGTTGATG
GTGTATCAATAACTTCTGCTGAAAGCTGATCAATTAAGTTTATGTGTGCAAGAATATCTTG
TCTGTAATGATGTCATCACGATGTACAATGAGTTCACCATTAACTAGGATTGCTCAGGT
GTTGCTTCAAAAATTTCAATTTACAGCAGGTTGTTTCATCAACCTCCCATACATGTGTATTT
TAATGTCATCTAAACCTAAGTTTAATCCTCGATTTAATTGATCTATAGTTTGAGCATTCTC
AACGTTTTGTAGTGCTCGTTTTTCAGCTTCGTCAATTTCTTTGAGCGCTTTTGCTTTTTGCT
CAGGTGTTAAATCTGGATTTGAATTGATTTGATCACGCTTCGCATTAGCTAAGGCTTTTAT
TGCATTTTTCGCATCTTCTTTAGCTTTCACTAAATCTTTGATGTCTTGCAATGCTTGTGCAA
GTTGTGCTTTGGCTTGTTCATTTCTTCTTTAGTCATCGCATTGTTAATGCCGTTATGACCT
TGTGAAAGTATTTGATTAATTCGATCTTTAAGTGCTTGTTTTTCTTATCTGTTAGATTTGG
ATTTGATCGATTTTCGTCATTAAGCTTGTACACGTTTATCAATATCTTGTTTCGCATTTT
CTTTAGCTTTCACTAAATCTTTGATGTCTTGTAAATGCTTGTGCAAGTTGTGCTTTGGCTTGT
TCAATTTCTTCTTTAGTCATCGCATTGTTAATGTCGTTATGACCTTGTGAAGTATTTGGTT
AATTCTATCTTTAAGCGCTTGTTTTTCTTATCTGTTAGATTTGGATTTTCGATCAATTTTCGT
CAATTAATGCTTGAACCTTGTGTTCAACATCTTTATTCGCATCAATTTTAGCTTTTCGGTATT
TCATTGGCATGCACTTGTTCATCGCATGGTTGCCAGCTGTTTGAACCTGAGATACATCCT
GATTACTTGTGCTTTATTAATGTTGTTGATGATGCTGTTTGCCAATCTTCTGCTTTATTT
TTCGCAATAAGCTTGTCTTGATCCGTCGCATTTGAAGCTTCGATTTCTTTTAGCTTATTAGC
TAAAGCTTGATTAATAGATTGAATTGCCTTTTTCTTTAGCATCTTGTAGTCGTTGATCACCA
TTAAGATTATGGATTGCATCATTGACTGCTTGGATTGCGCCATTGATATCATTACATTTG
TGTTATCACTATTTAGCAATGTATTTGCTAGACGTTTGGCATCATCGAAGTTTGTTTTAGC
ATTATCGTCAGCGTTTTGGTAATTGACAGTTTGTCTGCATTTGGAATTTCAATTGTCAACT
AAATGTTTCAATGTTTCCATTGCATCATTTAAGTCAATTTGATTATTAACAATATCTGTTA
CATCTGATACAGTATCGGCATTGTTAATTGCTTTATGTGCAAGATCTTGTGCTGTTGATT
TAATCCATTTAACGAATTAACAAACGCATTTGCTTTATCTTTGGCATTGCAAGGTTTTGG
TCTCCATTTAATGCATTTTGGAGCATCGATAATTTTTGTTTCAATTGCTCTGCTTCAGCTTT
TGCAATTGCATTACCTTGCATTTATCTAACTCATGTGCTGCATTTCGCAATTGCATTATCA
TAATTTGCTTTCAAATGTGCATCTGCATTGATGTAATTTGTGCTGCTGATAACACCAAGGT
GCTGTTTCGTCATATATTGTTGTAAGTGCACCCATTGCATTATCTAATTTAGTTGCTCTATTA
ATTGCTCGAGATGCTTTATTTAGCGTTTCAGCATTATTAATTTGTTGGATTGCTAATTGCT
TTGAGCATTGTTAGATGTGTTAATTGATCCAATCTTTGTAATGCTTCAGCTTTACGATTAT

TAAGTCTTTCTTCACCATTTAATGCTTTCTTAGCTGCAGTGACTGCATCATTTAATTTGATA
ACTTGTCTGCAGTTAAGTTTTGCCAGACGATTTATCAAGTGCTTGTTCGCTTTATCAA
CCGCTTCATCATATACTTGTGGACTTGTGTATCTGCATTGACATAGTTCGTGCTACCTTC
GTGCGTCCCTTCATTGCCAGTGATTTCTTGTGACAATTGATCCATTGCACGATTAAGTGCCT
TAGCCTCATCTACAATTTGTGGATTTGATTTAAATCGTTTTGATTGATCGATGCGACCTTT
AAATCCATCTTGTGAGCATTGTTAATGCATTCAATTGGTCGATGTCATGTTACCATTT
GTTTTAGCAAGTGCTACACGTTTCATCACCATTTAATGCTTGTTCATTAAAATATTTTTG
AAGTGCTTGATCCACTTGTGCTTATTCGCATTTTGTTCATAACATTTTCAGCATCAGCA
ATCGCTTGTATAAGCCTTTTGTCTATCTGAATCTGCTTGTGTGAATCTATAGTTTGCTC
AACGTTAGCATGTTCAATAACTGCTTGTGTAATTGATCCATTGATTGGTTCAATTGCGTT
GCTTGATCTACTAATTCAGCGATTGGTTGAAGTTTCGTGCTTGTGATCAATATTTGTTAG
CAGTTGCAATTTGATCAGCATTTAAATGTGTTAATTGGTCAATAGTTTGTTCGCTTGTGT
TTTAGCTTCAGCGACTCTCTCATTACCATTTAACTCATTCACTTTTTCTTGAAGCTTAGTTA
ATGCTTGTCTACAGCGTCTTATTCGCATTTGAACCATTAGTTGGATCTGTAATGCTTTGT
GCAGCTTGTAAACGCTTGTACTGCTTCTTTTTATCAGTTGACGCTTCAGTGTAATTTGG
TTGAGCCTTATCTGTATTCATTGATCAACTTTATTTTTCAATGTTTCCATCGCGTGATCAA
GTTTCAGTAGCAGTTTGAACATGTTGTGCAACCTCTGTTCTTGTAGGCGCTGCATTTATAGC
ATCAGTTAATGTTTGTGTTGTGCATGATTTAAGTTTGGCAATGCATTTACAGTTGTTACT
GCTTGTGTTGATCAGGAGCAAGTTTTTGTATCACCATGTAGATTATCTTTGCAGTTGTTA
CTGCTTGTGTTAATTGTTCTACTTGTGATTTGTGAGTGTGGATTACCTGTTTGGTTAATT
AAATCTTTTGCATTTTGAAGTGTGCTTGGTAAGCATCTTTTGCAGTTTATCTTCATTGAT
AACTTGCTACCCGCTTCCGTTTGTGTTGATCTTGAATACTATTTGTAATGCTTGCATTG
CTTGATCAAGCGCTTTTGTTCAGCTAATTTTTGCGCTACTTCGCCACGAGTTGCTGCGTT
GTTATTTGGCTTTCAAGTGCTTGCAGTTGCGGATTATCAAACCATTTAATTGATTTAAA
TCAGTAACCGCATGTTGTTTATCGTCTGCAAGTTTTTGTATCACCCTGTAGGTTATCTTTAG
CTTGTTTAAAAGCATGTGTCAATTGTTCAACTTGTGCTTTATCAAGCGTTGGATTACCTGT
TTGGTTAATTAATCTTTTGCATTTTGAAGTGTGCTTGGTAAGCATCTTTTGCAGTTTAT
CTTCATTAATAAACTTGTACCAGATTCTGTTTGTGTTGATCTTGAATGCTATTACGTAA
AGCTTCCATTGCTTGGTTAAGTGCTTGTGCTTCAGTTAATTTTTGTGCTACTTCACCACGA
GTTGCTGCATTATTGATTTGATTTTCAAGTGCTTGCAGTTGTGGTGTATTCAAGTTAGACA
AGTTATTTAACGTTTCTGTTGCAGTTGCTTATCTTGTAGCTAGTTTTTGTATCACCATGTAAA
TTGTTTTTAGCATCAGTCACTGCCTGTGTGCTTGTGATCAATGATTGATTTAGCTAATGTAG
GATCAGTTGTTTTGTTAATCAAATCTTCGCGTGTGTACTGCTTGCATATATGCATCTTTT
TGCGCTTGTATCCTCGTTAATAAATTTACTACTTGTTCAGTTTGTGGTTGATCCTTAATACT
TTCTTTAATGCTTTCATCGCTTCATTTAATGCTTGCAGTTGTGCAATGATTTACAGCCACTT
TATCAGAGTTGTTGCATTATTAATTTGATTTTCTAGCGCTTGTGTTGAGCTGGTGTAAAT
TGATCTAAATGATTTAGAGAATTTCCAGCAGTTTGCTTATCTTGTAGCTAATCGTTCAACAC
CATCTAATGCATTTTTAGATGATATTACTGCTTGTGCTTCAGTTAATTTTTGTGCTACTTCACCACGA
GATAGTTGGATTATTTAATCCTGCAATGATAGACTCAGCATTTTGAAGTGTTCATCATAG
GCTTGTTTTTTATTTCGGTCTGCATTGACATATGCACTGCTCGCACGTGTTGCATCTTTGTC
AGCAATACTTTGTTGTAATGCATCCATAAGTTGATCTAATGCTTGTACTTCAGTCAAATCT
TGCTTAACTGCTGTTCTAGTTGTTTCACTATCAATTAACGTATCTTCATATGTTTTTGTGC
ATTGTTTAGATGTGCTAATTGGCTAACCCTTTGTTTAGCATGATCTTTATCATTTTGTAAAT
TCACATCACCATGTAATGCTGCTTTCGTTGTATTCACAGTTGCCGCTACTTGATTAATCGC
ATTATTATCTAATGTTGCAGTTTGTTCATTGATAATATTATTTGCAGCTTGAACAGCTTGA
TCATAGTTTTGTTGCTCTGGTTGATCTTCGTTGATATAATTTGCTATTTGCTTTAGTTGCTGC
GTTATCTTGAATGCTCTGTCTTAAACCATGCATTGCTTGGTTAAGCGTATTTCGCATTTTGT
CAATTTGATGAACTGCAGTTACTAAAGTTGCAGCTGTAACCTGGTCTTTAATGCTGTTTT
TTGAGGATCATTTAAGCTTGTAAAGCATCAATTGCTTGCCTCGCATTTGTTTTAGCAACT
TGTAATATGATCTCCATTTAACGCTTGAAGTGTGTTTGAACCTTAGTAATAGCTTGT
CTACTTCTGTTTGGTTTCGCATTTTGAACAGTTTGTGTTAATCATTGCTGCTGCTTCATTT
ACCGCTGATTTATAAGCAGTTTGTATCAGTATCAGCATTGATGAAGTTACCACGTTGT
CAACGGCTTCATGATCTGCAATCGCATTAAATTAAGTTACCCATCGCAGTATTTAAAGATT
TGCTGTTTGTGTTGACCATTAACCTGCAGCAATATCAGATGATTGCGTAATTTGTGATTGT
AACTGTTGCTTTTGCAGATTATCAAATGATCTAATTGATCAAGTCTGTTGTTTGTGTTG
TTAGCTGCTGCAAGGTTTCATCACCATCTAATGCAACTTTCGTATTATTCATTGTGCTGC

TTGCACCATTAACATCATCTGGATTCATCGTAGGCGATGTAGTTTGATTAATGATATTATT
AGCAGCTGTTACAGCTTTGTTATAGTCATTTTGTCTTTGCGCAGTTGCATCATGATAATCT
TCAGACGCTAATGTCGTTTGATTATCCGCAACACTATTTCTTAATAATTCCATCGCATGAT
CTAACGTTTGTGCTTTTTGATTAATCGTAGTGACATCTGTAACAAGTGGCGCTTGTGTAAT
TTGACTTTCAAATGATTGTTTTTGTGCATCATTTAAGTGTGTTAAGTTCGCCAATTGTTGTT
TTGCTTGTGTTTTGCAATTGCCAAATTGTCATTACCATTTAATGCTTGTTCGCTGCGTTC
ACTTCATTAGTGATGCTTTCAACTTGTGCTTGTACTTCATTAGTACCCTTTGTTTTATTCAA
TAATGCTTCAGCTTTTGGCTACTGCCTGTTTATACGCATTTTGTGTTGTCAGGATCTGCATTTA
AGTAATTACCGTCCGCTAATATTTGATCTTTATCATTAAATAGCTTGTGATAATTGATCCAT
TGCTTGATCTAGGCTCGTTGCTGTTTGTGTTAACTTGGTTCACTGTAGCAATTCAGGCGAT
TGATCGATTTGACCTTTAATGCTTGTGTTTTGAGCATCGTTTAAATGCGTCATTCCACTTAC
GGCATCTTTAGCATTTTGTGTTTTAGTGGCTAATTTAGCTTCACCGTTAAGCTATTTTTAG
CATCAGTCACTTGAGTTAATGCACGAGTAATGTCATCTGGGTTAAGCGTTGGATTTGTCGT
TTGATTGATAATACCTTCCGCTTGAGACACTGCATTTGTATATGCTGTTTGTGTTATCGACA
TCAGCATCGTGGTAGTTCTCACTTGTGCTTTCACAGTATCTTTATTTGCAATACCTGTTTTCAA
GTTACCCATTGCTGTATTACATTTTTGTGCATTTTGTGTTAGTTTGTGTTCAACTGTAGCTAAAG
CTTGTGCTTGATTGATTGGTTTCGTAATGCATCACGTTGTGGTTGATTTAAGTCACGTAA
CGTATCAAGATTTGCTAAAGCATCTTGTGTTTCGCTTGCCTAATTTTTTCATCACCGTTTAAAT
GCATCTTTCGCTTGATTCATAGTTGTAAGTACTGCTTTTGTGTTACTGTATCAGGCGCCAATACAG
GTGTTGGTGTGCCATTTGCGATTTGTTGCGCTTGGTTAGCTGCATTGTTATAAGCTTGTGTT
TTGTCTTGATCCGCTTGTGTAAGTCAACTGATTGTGGTACTTGACTATTCGCTTGAATTT
GTTGTTTTCAACGTACCCATTGCATTATTTAACGCATCAGCATTTTGTGTTAATAGCATTAAAC
ACCTGTAACAAGTTCTGCATGCGACACTTGGTCTTTTAAATGCTGTTTTTTGTGGTTGATTTA
AGTTTGGTAACTGATCAATGGCTGTATTTGCATTGTCTTTAGCAACTTGTAAGTTATGGTT
ACCGTTTAAATCACCCTTAGCTTGATTCACTTGTGTTGTAACGCTTGAGCCACTTGTGTTGGA
TCCACGTTTGCATTTGGTGTACCACTAATGATTGTTTCAGCATGCGCTACCGCATTGTTAT
ATGCATTTTGTGTTATCAGTATCAGCATTGACAAAGTTACCATTTGCTTTAGTTTGGTCTTTA
TCTGCAATACCTTGTGTTCAATTGTGTCATTGCTTGATTTAAATCTTGTGCTGTTTGTGTTAAT
CGTGTGTTACATTTGCAACAGTTTTCGCGCAGCATCGACTTGTGTTTAAATGCATCTTTTTGCG
CTTGATTTAAATCATTGTCATTTGTAATTAATGTTTTCGCTGCATCTTTTGCACGTTGTACA
TTGTCATTACCATTCAATGCTTGTGTTTCGCTTCGTTACACGTTGCATCGCTTGTGCCACTTC
AGTTTGACTIONGCATTGCTGCCATTTGCTTTAGATAAAAATACCTTCTGCATGTGAAACCGCA
TTAGTATAATCATCTTTCTTAGCTTGATCTGCATCAGTAAAGTTAATGCTATTTAATGTCTC
AGTTTTATCTTGTAATGCATTGTTTAAAGTTAGTCATAGCATTATTCAGATTTTGTGACTTTT
GCTTAACATTATTAAGTGTGCAATATCTGGTGCTTGTGTTCAACTTGAGTTGTTAGCGCTTG
TTTTTGTGACTCATTTAAATGATCTAGTGTACCAAGTGTGTTGCTTGTGCTTGTGTTGTTGCA
TCAGCTAATTTTTGATTACCGTTAAGTGTGCTTGTGTTGTTGTTGTTCAACAATTCTTCTGCTTTT
TTACTGCATTATCATATGCTGTTTGTGTTGCTTGTGCTGATCAGCATCGTGATAGTTCTCGCTACCT
TTAATTTGTGCTTTATTCGCAATACCTTGTGTTCAATTGTGTCATCGCGTCATTAAGCGTTGT
TGCCGCTTGTGTAATAGCATTGACGTTTGGTACAAGTGTGCTTGCCTGATTTGTTTGTGCTG
TATTCATCACGTTGCGCTTGGTTTAAAGTTTGGCAATTGATCAATAGCATGTTGAACATTTT
GTTTCGCCGTTGCTAAGTTTGTATTACCATTTAAATCATTTTTTAGCTTGCCTAAGTTTATTT
AACGCTGCAGTAATTTGCTAGGTGTAACGACAACATCAGGCGTACCACTAATTAATGCT
TCAGCTTTCGCTACTGCTTGTGATTATATGCATTTTGTGTTGCTGAGAATCTGCATTGACAAAGT
TACCATCAGCTTTTGTGTTGTTCTTTATCTGCAATGCCTTGTGTTTAAATTGTGTCATCGCATTG
TTTAACTCTTGCGCCGTTTGTGTTAACATTGTTTACACCAGCTACAGTAGTTGCATTTTGTAC
TTGTTGTTTAAATGCATCTTTCTGTGCTTGGTTAAGATCATTAGAGTTATTAATTAATGCTG
TTGCTTCGCTCTTTTGCATGTTGAACGTTGGCATTACCATTTAATGCTTGTGTTTGTGCTGCAATT
ACTTGTGTTGATTGCTTGTGTTCAACTTCAGTTTGTGTTGCATTACCACCATTAGCTTTTGAAT
GATATTTTTCAGCATTTGTAAGTGCAGTGTATATGCTTGTGTTTGTGTTTGTGCTTGTGCTGATCTGCATCAG
TGAAGTTAACTGTTGCTTTTCGTAGCATCTTTATCAGCTATCGCTTGTGTTCAAGTTACCCATC
GCAGTATTTAAGTTTTGCGCATTTTGTGTTAATTTGATTTGCTTCATCAACAGTATGCGCGC
CATTAATTTGATTAGTAAACAGCTTGTGTTTTGCGCATTATTTAAGTTGTCTAATGAACCTAA
AGATTGCGTTGCTTGTGCTTCGCTGCCTCTAAGTTTTTCATTACCATTTAAAGCATTTTTAG
ACGTGCTTACTTGTCCAGCAGCTTGTGATTGATAACAGTCGGATCTAATGAAGGGTTTGTAG

TTTGATCAATAATACCTTGTGCAGTTGTGACAGCATTATTGTACGCATCCTTTTTATTTCGG
ACTTGCATCAGTATAATTTTGGTTTTGTTTTGTTTGTGTCGCATTATCTGCAATACTTTGACGTA
ATTTGTCCATTGCTGCATCAACATTGTTTGGCTTTTTGTTTATTACCTTGTGCTTCTGCAACA
GTAGTCGATTGTTGTACCAATTGTTTTAATGCCTCTTTTTGTGCATTTGTTAAATGGCTTAA
ACCGTCAATTGCTGTATTTGCGTGTGTTTCGCTTTTTCAAGGTTTTGAGTACCATTAAGC
GCTGCTTTTTGTAGTATTCACTTGATTCATAGCTGCTTCAACTTGATCTTTAGGCACGTTCTGT
ACCTGTAGATTTATTTAAAATATTTTCAGCATTACGAACCGCTTCATTGTATGCATTTTTCT
TCTCTGGATCTGCATCTGCAAAGTTTTGACTGCCAAGTGTAGTGTCTTTATCATTCAAGCT
ATTTTTCAAGTTACCCATCGCTGTATTAGTTCCTGAGCGGTTTGAATGGCTTGCCTTACT
TCAGCTACAGTGTGCGCTTGATTGATGTTCCAGTAACAGCACCTTTTTGTGCATTGTTTA
AGTTATCTAACGTAGATAATGTTTGGTTTGCATTGTTTTTAGCATCTGTTACTTTTCTATCA
CCATTCAACGCTTGTTAGTAGTTGTTACAGTTGAAAGTGCTGCTTCAACTTGTGATTGGT
TCGCATTTGTACCATTTGCTTGATTAATAATATTTTCAGCAGCAGTTACCGCATTGTTGTA
TGCTGTTTGTCTGGATCTGCATCTGTAAAGTTAACACTTTGTTTCACTTGATCTTTGT
CTTGGATTCCGTTGATTAACGTTCCATTGCTTGATCTAATTGTTTCACTTTAGTTTTCACT
TGATTTACTGTGCTAATATTTGGTGCATTTGTCACTTGTGTATTTAAATCTTGGCTTTTTGAGC
ATTGTTTAAATGACTTAAATCGGTTGATGTTAGCAGTTGTTTCTTGGCTTTTTATTTGCTAAGT
TTTGCGCACCATTAAGCGCAGTTTTGTTAGTGTTCAGTTGATTAGCTGCTTGTGTTACTGC
AGATGGATCAAGTGTGCGCTGACTCGTTGCATTAATGATATTTTCAGCACTTGTAACTGCT
GTATTGTATGCATTTTTGTTTATCTGTATCTGCATCAACATATGGTTGACTCGCTTTACTTC
ATCTTTATTCGCAATACTATTTTCAAGTTGATTGATTGCAAGATTTGTTGCAATTTGT
CTTTCACACTTTGTACACCAGTTACTTGTGTCGCGCTATCAATTTGACCAGTAATACTTTG
TTTTTGTGCATCAGATAAATGTGTCATTTGACGTAATGCATCTTTAGCTTGTGCTTCGCA
GTTGCTAAGTTTGTATCACCATTTAAACTTGTTCAGCATTATTGACACGTTGTGTTGCCG
CAGTAACATCTGCTGCATTTGTAATCACATTAGGTGAACCATTTACGATATTCTTCGCAGC
ATTATATGCATCAGTGTAAAGCACCTTGTATATCAGGACTTGCCTTAGTGTAATTACCACCA
GCTACAATTGTGTCATGATCACCATTGCTTGTTTTAAATTGATCCATCGCATTATTAAGTG
ATGTAGCACTATTTTTTCAGATCAGTTACACCTGATACGCGTTGTGCAAGTTCAGTTGTTG
TTTCAATGCTGTTTTTTCGCGTGTATTCAATTGTGTCAAGTTATCGATAGCTTGTGTAGCTT
CAGTTTTAGCGCGTTGTAAGTTTCGCGTCACCGTTCAAAGCATTTCAGTAGACGTTACACT
TTGAATTGCTTGTCAACAGCTTGTATCTTTATTCGTACCATGATCTTTATTTAAGTAAG
ATTCAGCTTGTGTGATGGCATTATCAAATGCTGTTTTCTTAGTTGGATCTGCGTCAATGTA
GTTTTCGCTCGCTTTAGTTTGTCTTTATTTGCGATTGCTGACTCTAATCGTTGCATTGCAC
CATCTAAGTCTTGTGCTTTTCGTTTTAACACTATTTACACCGTTGACTGTTGTTGCACCTTCG
ATTTGTGATGTTAAATCTTGTTTTTGTGCATTTTAAAGTGTGTTAATGTACCTAAGTTTGC
TTTCGCATCTGATTTTGGCTTGTCTTACATTTGCATCACCAGTTTAAAGCATTCTTAGCAGTCG
TTACTTGATTTAATGCAGCTTCAACTTGTGCTTTTGTGCATATTTTACCGTTTGGCTTTATCT
AAAATACCTTGCAGATTTCGTAACAGCATTGTGTAAGCATCTTTCTTACCTTGGTCAGCAT
CTGTAAAGTTCACTTGTGTTTAAACAGTGTTTTGGTCATTAATACCATTTTGAAGTTGACC
CATTGCTGTATTTAATTCATTAGCAGTATTTTGTGCAAGCAGTTACGTCTGCTACTGTCGTT
GCATTGTCAATTTGACTAGTTGCTGCAGTTGATTGCGCGTTATTCAAGTTACTATATGAAG
CTAATGCACGTTTTGCTGTTTCTTTCGCTTGAAGCACTTTATTATCACCATTCAAGTCGTTT
TTAGCTTGATTCAATTGGTTAAGCGCTGCTTGAAGTTGTGTTTCACTTCGCGTTACTGCCATT
TGCATTAGTAATTGCTTCTGCTTGTGTAAGTGCAGTATCATAACGCTTGTGTTTTGGTTGAT
CCGCATCTGTGTAATTGACACTACGTTTCGTAATATCCTTTTCAGCAAGTGCATGTTTCAA
ATTACCCATCGCTGTGTTTAAACGATGTTGCTTTATTTTTAGCCGCTGTGACAGCTGCAAGA
TTTGGTGTGCTTGTATCCACTTCAAGCATTGCGCGCAGTTGCTTGTGCATTGTTCAAGTCTGTCA
AACGACCGATATCTGATTTTCGCAAGTTGTTTTGCTGCTGCTAATTTTTTCATCACCAGTTCAAT
GCAGACTTCGCACTGTTCACTTGGCTCGCTTTTTGGTTAATTGTATCAGGATTCATTTAG
GGTTATTCGTTGCACTAATAATACCTTCAAGCATTAGTTACCGCATCATTGTATGCATTTTGT
TAAATCTGCATTCGCGTCTTGATAATCTTCGCTTGAATTTAGTCGCATCTTTAGAAGCAATA
CTTTGTCTTAATTGATTCATTGCTTGAATTTAAAGTACCAGCATTGCTTGGATGCCTTGAA
CACCAGCAACAGTTGTACCACGTTCAATTTGTTTCTGTTAAGTTTGTCTTTTTGAGCATTAGT
TAAATGTGACATTGTCGCTAATTTGTTGTTTAGCTGTGTTCTTCGCTTCATTTAATCGCGCGT
CACCATTTAATGCTGTTTTAGCAGTATTCACACGTTGTAATGCTTGTTCACCGGCTACTTT
ATTGTCATTTGAACCAGCTGTTTTATCTAATAACGTTTTAGCTGCTGTTACAGCATCATTG

TATGCAGTTTGTATCTCTATCTGCTTCAGTATATTTCTGAGCTGCTTTTGTAGCTGCTTC
GTCATTAATACCACGTTGTAAGTTGCTCATTGCAGTATTTAATTCAGATGCCATTGTAGAC
ACTTGATTTACACCTGCAACTGTTGTCGCACCTTCAATTTGTGATTTCAATGCTGCTTTTTG
TGCATTATAATTGATGTAAGGTTATTCAATGCATTTTTTCGCAGTTGTCTTAGCGTTCGCA
ACATTTTGATTACCGTTCAATTCGTTTTTAGCACGTTGTACATTTTGTAAACGCAGTTTCGAC
ACCGTCTTTTGCAGTATTTGGACCTTGTGCTTTATTTAAAATTTGTTTCAGCTTGCCTGCACTG
CATTTGTATATGCATTACGTTTCGCTTCATCTGCATCAGTGAAGTTAACACCTTGCTTAAT
CGTATTTTGATCCTGAATACCATTTTTCAAGTTTCGTCATAGCTGTATTTAATGCGTCCGCAT
TATTTTGCCTTGTGTTACTTCATTAACATGCGTTGCACCTTCGATTTGGCGTTTCGCTGCA
TCTTTTTGTGCATTAGTTAAGTCACTTAAGCCATTCAAATGTTGCTTCGCATTTGTTTGC
AGTTCTTAAGTTTTCTTGACCGTTTAAACGCTTGTGTTTAGCTGTCACCTGGTCTTTTCGCTT
GATTAATTTCTTGCGCAATCATTGATGGACTAGTTGTTTACCATGATTGCTTTTGTGCTG
AGTGACTGCATTGTTGTAGTCATTTTGTGTTTGTGACTTGCATCTGTGTAGTTTGTGCTG
CTTTAATCGTTGCTTCATTGCAATGCTATCTCGTAGACCTTTCATTGCAGTGTAAATGTT
TGTGCATTATCACGAACAGTTTGAACATTTGGCAACGTCGTCGCTTGACCCACTTGTCTT
TAAGTTTTGCTTTTTGCGGACCATTTAAAGAAGTTAAACCATCAATTGCTGTGTTAGCATT
TTGTTTTCGCTACTTCTAAATTATGATTACCGTTTAACTGCGTCTTCGCATTCGTTACTTGC
TTGCTGCATTTGTAACATCTGATGGTGTAAACGTTGGTGTGGTGTACCACTAACGATATG
TTCTGCAGCTGTCACTTTTTCATCATATGCTTGGCGTTTATTTCGCATCAGCATTGACATAAT
TACCACTAGCTTTTGTGTCAGCTTTATCAGCAATGGCACGTTTTAAAGCTGTCATCGCAGT
ATTTAATTCAGTCGCAGTATGTTCAACACCATTTGCTGCAGATACGCGTCTGCACCTGTT
ACTTGTGCTTTCAATGCTTCTTTTTGTTTTGTATTTAAGTCCGAAGCATTGTAATCGCTGT
GTTTCGCAGCTGTTTCGCACGTTCTAAGTTTTGAATACCGTTAATGCAGTATTGGCTTGT
GTAACAGCTTGCATTGCTCTTTCGACATCTGCTTTAGGTGTATTTCTCCAGCTGTTTTATT
TAAAATAGTTGCTGCTGCATTTACTGCTTGAAGAATAAGCCGTTTCGTTTAGCATCATCAGCA
TCTTGATAATTTGACTTTGTAACGTCGTTCTTTATCACGAATTGATGTTTCTAATTGACC
CATAGCACCATCTAATTGTTGCGCTTTGGCTTTAACTGTATTAACACCTTCAACATTTGTT
GCTTGTGTAATTTCAATTATCTAACGCATTACGTTGTGCATTATTAATGTGTGTTAATGTAC
CTAACGTTTGTTCGCAGCAGCTTTAGCTTTCATTTAATTTTCGCATCACCGTTCAACGCCGT
CTTCGTAAGTTTACATTTTGTAAATGCTTGTCAACTGCTGCTTTTTCTACATTTGACCAC
TAGCTTTTGTAAAATTTGCTTTTGTGCTTTACTGCTTGTATCATAAGCTGATTTCTTACTT
GGCTCAGCATCTAGGTATTTCTGAGTTTGTGTTTGTGTTGTCTCATCATTGATAACATTTG
TAAACTGTGCATTGCGTTATTTAATTCTGTTGCTTTTGCAGTTTCTTGATTTACACCAGCTA
CTGTAGTTGCACCATCAATGTTACGCGTTAACGCATCTTTTTGTGCATTGTTAATTGATGT
TAAGTTATTCAAGTTGTTTTTCGCTGTTGTCTTAGCTTGTGCTAAGTTTTGCGCACCATTTA
ATGCATGTTCTTTAGTTGTCACTTGTGATGTTGCTTGCCTAATAGTATTTGGTTCCATCGTT
GGTTTCGATGTTTGATTAATGATTGCTTTTGTGCTGAGTAACTGCGCTGTCTACTCGTTAC
GATTATTTGGACTTGCCTCAGTGTAGTTTGTGCTTAAATCGTTGCTTTCATTGCAAT
ACTATCTCTTAAGCCTTTCATCGCTGTATTCAACGTTTGTGAACTATTTTAAACAGTTTGA
ACACCATCTAATGTAGTTGCACCTTGAACCTGTTCTTTAATTTGCTTTTTGTACATTATT
CAATTGTGCTAAGCCGTCAATTGTATTGTTAGCATGCTCTTTCGCTACACGTAAGTTGTTA
TCACCATTTAATGCTGTTTTAGCCGATTGACTTGTGATGCCGCACTATTTACGTCATTGA
CTGTTAATGTGCTGCTTTTGGTGTACCATTAATGATATTTTCAGCGTTAGTCACTTTTGAATC
ATACGCTTGCAGTTTTTCTTGATCAGCATTGACATAATTACCGCTTGTCTTTGTTCTTTCTT
TATCCGCAATAGCTGCTTTAAGTGCTGTCATCGCACCGTTCAATTCAGTAGCTGTATGTTG
AACGTTATTTGCATCAGATACACGTTGTGCATTGTTAACTTGTGTTTTTAATGCATCTTTTT
GTTTTTGGTTTAAAGTCTTGCCTGTTGTTAATTGTGTTTCGTCGCATTTGTTTTAGCTTGTGCT
AAGTTTTGTGCACCATTTAACGCTGCTTTTGTGTTGATTGACTTGTATTGCCATGTCATTAAT
CGCATTAGCATCCATATTTGGATTGTTTCGTTGCATTAATAACACCATTTGCATTATTTACA
GCAGTATTGTAATTATTTTTGTTGCTATCAGATGCATCAAGATAATTTGACTTGTTTTCGT
CGTATTATCATTTTGGATACTTGTACGTAATGCACCCATGGCAGTATTTAATGTATTACCT
TTATCTTTAACACCATTTACACCAACTACATTTTGCCTTGTTCAACTTGTGCTTCAAGTT
GCTTTTTGTAATTGTGTTAAGTTAGGTAAACCATTAATCGTATTTGTTGCTGAAGTTTTGC
CATTTCTTAAGTTTTTCAGCACCATTTAAAGCCGCTTTCGCTCTTGTAACTGCATTTAATGC
ATTATCAACGCTGCTTTAGATGTGTTACCACCTGTTTGTGTTATTTAAAATGCCTTCAGCC
GCTGTGACAGCTTGCCTATATGCATTTTCGTTTTGATTCATCTGCATCAAGATAATTTGAT

TTCTTAATGTCGCATCTTTATCATTGATTGCACCTTGTAAGCTATTCATAGCGCCGTCTAAT
GTATTGGCATTGTTTTACAGTATTAACGCCATCAACAGTCGTCGCTTGATTGATTTGAC
CTTCTAACGCAGTACGTTGTGCATTTCGTAATATGGTTAAAGTACCTAAGTTTTGTCTAGC
TGCCGCTTTCGCTTCTGCCAGTTAGCATCCCCATTCAATGCATCTTTCGTACTTGTTACTT
GTTGTAATGCACGGTCAACTGCTGCTTTATCTGAATTTGAACCTGTTTGTATTTAAAAT
TGCTTTCGCAGCAGCTACAGCTTGATCATAAGCAGTTTTCTTACTTTGTTTCAGCGTCACGA
TATTTTTGAGTTTGTGTTTGCATTTTCATCATCAATACCATGTTGTAATTGACCCATAGC
TGTATTAAGTTCATTTGCAGTTTGTGGATACTTGTTACATTTGCAACACGTTGCGCACTT
GTCACTTGTGCTTTC AACGCATCTTTTTGCGCTTATTTAAGTTAGTAGCACCATCGATGG
CATTGTTGCTGTTTGTTCGCTTGC GTTAAATTATGTGTACCATCTAATGCATTTTTCGTT
GATGTCACTTGTGTAGCGATTTGGTTAATTGCATTAGCATCCATATTTGGATTGCTTGTG
CATTAAATGACACCATTAGCACTATCAACAGCATTGTTATAGTTTGTGTTACTTCCTGT
AGCATCAAGATAGTTTTGGCCATTTTTCGTAGCTGTGTTATCTTGAATGCTATTTCTAAC
GTACCCATAGCACCATTTAATGTGTTGGCACTTGATTTAACAGTATCTACACCTGCAACAT
TTTTGTGCTTGTGCACTTGTGTTTCAATTTATCTTTTTGAGCAGTTGTTAAATGTTGAAGT
CCGTTTATAGTAGTGTGTCATTTGATTTAGCTTGCTCTAAATTATGGTTACCATTTAGGG
CACTTTTCGCATTAGCAACTTGTGACAACGCGTTTTCAACGGCAGCTTTATCTAAATTTGA
TCCACTATTTTTATTTAAAATATTTCTGCGTTCGCAACGGCTTGAGTATAAGCAGTTTTCT
TATCTGAATCAGCATCATGATAGTTTTCACTTGCTAGTGTATTTGCTTTATCATTAAATACC
ATTTTGCAAGTTAGCCATCGCTGTATTCAATTGTGTACCTGTATTAGATACAGCTTCAACA
CCAGCTACAGTTGTTGCTTGATCAATTTAGTTGTTAAGTCACGTTTTGTGCATTATTAAT
TGACGTTAAGTTATTTAATGCATTTTTAGCTGCATTCTTCGCATTTGTAACGTTTTGATCAC
CATTCAATGCATTTTTAGCACTTGAACATTTTGAATAGCCGCTTCAACATCTTGTTTAGA
CGTATTTGCACCTTGC GTTTTTATT CAGAATTGCTTCAGCTCTGCTTACCGCATTTGTATACG
CATCACGTTTAGCTTTATCTGCATCAGTGAAGTTAACACCTTGTTTAACTGTGTTTTGATC
ATGGATAGCTTGTCCAAAGTTGCCCATTTGCGTGTTTAACTCAGTTGCTGCATTTTTAGCA
GCTGTTACCTCACTCACATGACCTGCACGGTCAATTTGTGATGAGATGGCAGATTTTTGGT
TATTTGTTAAGTGTGATAACGTATTTAAGTTTTGCTTAGCAGTGTGTTGTGCATTTCTTAAG
TTTTCAGCACCGTTTTAAACCATTTTTAGCATTATCACTTGTGTTGCAGCTTGGGTAATCG
CACTAGCATCCATAGTCGGATTGTTAGTTTGATTAATGATACCTTTCGCATTTGACACAGC
GCTATTATATGTTGATTGGTTATTCGGACTTGCCTGTATAGTTTTGACTTGCTTTGACTG
TTGTTTCGTTAGCAATACTATCTCTAAGCCTTTCATTGCATTGTTCAATGCTTGTCCATTT
GTTTGAACAGATTGTACGCTTCTAATCTATTGGCTTGCCACTTGTCTTTTAAATTTAGC
TTTTTGAGGTGATTTAATTGTGTTAATGCATCAATAGCAGTATTGGCGTTTTGTTTTGCTT
CACGTAATCTTTCGTCACCATTTAATTCTTGTTTCGCGCTGTTTACTTGATTAGCTGCAGCT
GTTACTTCTGAAGGTGTCGTAACAACCGTTGGCGTACCGCTAATAATATGTTTCAGCATTG
GTAACCTTAGTTGTGTAAGCATTTTTGTTTAGTGCTATCGGCATTAACATATTTACTGCTTG
CTAACGTATTCGTCTTATCTGCGATGGCATGTTTTAATGTGCCCATTGCCGTGTTCAAGTTC
AGTCGCATTGTGCTGTACATCTTGTGCATTAGATACGCGTTGAGCACCATTAGCTTGTGCT
TTTAAATGCATCTTTTTGTTTTGATTTAAATCAGATGCGCCATTGATTGCTGTAATCGCTGC
TTGTTTCGATTATTTAAGTTTTGCGTACCATTTAATGCATGTTTCGCACTATTAACATTAT
TAAGTGCTTGTCAACCGCTGTTTTCGCTGTATTCGGTCCAGTTTGTGTTATTTAAAATGGTT
TCGGCAGCTGATATAGCTTGATTGTAAGCATTACGTTTTTGTCTCATCAGCATCCAAGAAGT
TTTTGGCTCGCTAATGTTCTGACTTATCGTTGATAGCCGTTTGTAAAGTTACCCATTGCGCC
ATCTAAACTATTTGCACCTTTGTTTAACTGATTCAACACCAGCTAAGTTTGTAGCTTGTGAA
ATTTGATTTGTTAAATCATTGCGTTGTGCTGTAGTGATATGCGTTAAAGTACCTAAATGTT
GTTTCGCTGCGTTTTGAGCTGCAATTAATTTGCATCACCATTCAATGCATCTTTCGCAGT
ATTAACACGTTGCAATGCTGCTTCAACTGCATTTTGCAGTGTGTTGGACCTGTGCTGATTTA
TTTAAAATCGCTTTCGCTGCAGTAATAGCATTATCATACTCTTGTTGTTTATTTGTATCAGC
ATCACGATATTTCTCAGATGATTTCACTTGAGATTTCGTTGTTAATAACCATTTTGTAAAGTTA
GTCATAGCTTGATCTAGATGTTGTGCATTTTTGTTTTACAGTATCAACACCCTCACTCTTG
TCGCACTAGTAATTTGACTAATCAAATGTTCTTTT GAGCATCTGTAATACTCGTTAATGT
GTTTAAAGTACGTTTTCGCATTTTGTGTTTGGCGTAGCTAAGTTTTCATCACCGTTAAGTGCCG
TTTTAGA ACTATTCATTGCTCTGCTTTTTGTGTAATCGTACTTGGATTCAATTTCTGGATTA
CTATTTGCATTAATAATCGTTTCAGCAGCAGCTACTGCGTTGTTATATGCTGTTTGTCTTATC
ATTATTAGCATCTACGTAATCTTCACTTGCTTTAGTCGCATCTTTGTTGGCAATACTTTGTC

TTAACGTATTCATGGCTTGATCTAATGTATTGGCATTGATTGAACCGTATGAACACCAGC
GACAGTAGTACCCTATTAATTTGGTTTGTAAATTCGTTTTTTGTGCAGTTGTAAATGC
GTCATATTATTTAACTGCTGTTTTGCTGTTGCTTCGCTTGATCTAATAAACGCGTACCATC
TAAGTTATTTTAGCAGAATTCACCTTGATTCATCGCTCAGTAACTTGATCTTTGTTTTAT
TTTGACCATTTGATTTATTTAAAATATCTTTCGCAGCTTGTACCGCATTGTGTATGCTGTT
TTCTTACTTGGTGTGCATCTTGATAATTTGACTATTAAGTGTCGTTTGTTCATCATTGAT
CGCACCTTGAAGTTACCCATCGCTGTATTTAAATCTGTACCTTGTGTTAACAGTATTT
ACGCCAGCAATATTTGATGCAGCATTAAATTTAGATTTAACATCTGCTTTTTGTGCATTAT
TTAAATGTGGTAATGCATCAATTGCTCTTGCAGCATCTGTTTTAGATTGTGCTAATTTTC
ATCACCATTTAATGCATTTTTATTAGTAGTAACAGCTGAAGTTGCTCGATTAACATCATCA
ACAGACATTGTCGGATTAGCTGTTTGATTAATAATTGTTTCAGCACTTGAACTGCACTAT
TATATGCATTTTGTAGCTGTATCTGCATCCGCATAATCTTCTGTACGTTTCACTTGATCT
TTATCTGCAACAGCTTGTCTTAAGTTACCCATTGCACTATTTAAGTTAGTTGCATTTTGCTT
AATCGTATTAACCTGTCTCGATTTGATGCGCACCATTAATTTGCGATTGTAAGTTTTGACGT
TGTGCATTATTCAAGTTATTTAATTGACCTAATGCAGTGTTCGCTTCTTGTGTTGGCAGCATT
TAATTTTGTATTACCATTCAATGCTTGTCTTACTTGTGACATTTGATAAAGCATTGTTAA
CATCACTGGTGTTATAACTGGATGTTGTGCATTACCATTAATAATGTCATTCGCATGGTT
GTATGCATTGTTGTAATCATTTTTCTTATTAGTATCTGCGTTGACATAATTATCACTTTGTA
CGACTTGGTTATGATTAGCAACGCCACGTTTTAAACCTGTCATAGCAGTATTTAAGCTTTG
AGTCGTTTGTAAATATCATTTACTGCTTGCACGTTTTGTGCACTATCACTTGTGTTGTTA
ATGCATTCTTTTGTGCTTGGTTAAATCACTTGCATGCGTAATCGCATTGTGTTGCTTCTGTT
TTCGCACGTTGTAAGTTTTGTTGACCATCTAAAGCATCTTTCGTCGATTTAACAGATGCTG
CTTTTTGGTTCACTGTGTTAACATCCATCGTTGGATTAGTCGTTTCTCCAATGACACCTTTA
GCCGCATTAACCTGCATTATCATACGCTTGTATTATTAGCTGGTGTGCGTCAGTGTAATTTT
GACCTGATTTAATTGTATTATTATCCGCAACACTGTCTTTTAATTTGTCATCGCAGTATTT
AAAGCCGTAATGTTAGACTTAATTGTTTCAAGCGCAGCATGATTTGAGCAGCATTAAATTT
GTTGCGTGAAATTATTTTGTGTTGCTTGGTTTAAAGTTAGATGCACCATGTAATGTTGTTAA
CGCTGGCTGTCTATCTAATGTTAAACCTTGCAGTGTCTGTATTTAATTGATCCTTAGCTTGG
TTTGCTTCTGCCACTTTATCATTGATATTTTGGACAGTTGGGTTGCCATTCAACACTTGATT
AATTTAGTTAACTTTTGCAGCGCTGCTTGTAAATTTTGGTTGTACGCATTTAACGAAGCG
GTCGTCATACCTGTTGTATCCGTTGGTTGATTAATGCTTTGTTCTAATTGCGTTTTTCGCAGT
TTGAAGCGATGCTTTATCTGGTGTAAAGCTTGCAGTGCATGATCCAAATCAGATTTAGCT
TGATTTGCTGCAGACGATTTGTATTAATTTGATCTACTGTTGGTGAACCTGCTAATACTT
GATTGATTTGTTGAATCTTATTACGTGCAGCCGTTAACTTCGCATTGTATGCATTTACAGA
GTCCTTGCATACACCAGTTGACTTGTGTTGCGTATCAATACTTTGTTGTAATTGAGCTTTTCG
CATTTTCTAAAGGCGCTTTATCGACTGTTAAGCCATTACGTGCTTGATCAAGTGCTGATTT
AGCGGCATTTCGCTGCTGTCACGTTTTGACGAATCGTTGCAACATCTGGATGAGAAGCCAG
TACGCGATCAATTTCTGAATTTTAGTTCTAGCTGCTGAAAGTTTGTCAATTAATGCAGCA
ACAGATGCGCTTGTACATACCAGTCGTAACGTTGGCTGATCAATATCATTTTGCAACTGAG
TTTTTGCAGTTTGTAAATGGTGCCAAGTCTGGTGTAAATCCAGCAATTGCTTGTTTAAGCT
ATTATATTTTTCTTCTACTTTTGTTTTTCTGCGGCAATTTGTTGGTCTGTGCGGTCACCATT
GTTAATAACATTTTGTGCATTTGTTGATTCTGTTTGCCTGCACGTTTAGCATTTTCATATG
CTTGGATTGATGATTGTGTCATACCATCAGTAGTTACTGATTTATTGATTTCTTCATCAAG
TTTCGTTTAGCAGTTCTTAAAGCACTATTATCAGCTAAAGGTAATAATTGATTAATTGCT
TGCGTTAATCGCTCATTGACACGATTTACATTTGTTAACGCAGATTGTACCTCTTGCCTG
TTCTTATTGGCTTCTGAATGATAGCATTAGCGCTATTTTTAGCACTTGTTAAGTCACTTTGA
AGTGCACGAATCGAATTATTGTAAGCAGTAATACTTGCCGGCTTCTTACCAGTCGTTGTAC
CTGTGCGATTCAATTGTTGCACTGCTTGTCTAAGGCATGTGTATCTGCAGTTAAATCATG
TTTCGCTTGGTTAATGCTGTTAATGCGTTATCAACACGATGTTTTTCATCTGAAATTTGTT
GTGCAGTTGCATCGCCATTGTCAATAACACGTTGAGCTGCAGTTATTTAGTTTCTGCTTC
ACGCTTCTTCGCATTATAGTTATCAATACTTTGTTGCGTCATACCAGCAGTTGATGGTACT
TGGTTCACAGAACTTTGTAAGTTATTTTTAGACGTTACTAATTGGCTATTATCTTCTTTATT
TTGAAGTAATGCTTTAGCTTGATCAATCTTAGTTTGTGCTGCACGAACCTTAGTTAGTGCG
TCAGAACTTGTGTTGGTGTGTCACGCTCATTATTAATCACTTGTGTTGCTTCTGTTTTCGC
AGTATTGATTTGTTGTTGCGCATTATGCATTGCATTATTGTACTGCGTAATTGTACCTGGC
TTTTTACCTTCAGTGCTTACTGGATCATCTAAATGATTTTTAGCTGTGATTAACCTCACGTTT

ATCCGCTTTTGTGAAAATGGACTCTTGTACTTCTTCAGTACTACCATCATTGTAAGTTACT
GTCACAGGAATCGTCGTTGTGCTACCACCAGCTAAATTAGTAGGCATTGCTGTGCCATTTT
TAATCGTTGCAGTACGTTTATTAGCAACTTGAAGTGCATTGTTAATTTTCAGCTGCTGTTAC
ATTTGAACCATAATCTTTTACAATTTTCAGTTGTGTTGACAGTATGTGCTGCCGGTGCAGTT
AATGTACTTGGATTACTACTTACTGAGTGACCTGTACCTGCTTTTCGGAGTAATTGTGATTG
ATGAATTTGGTTTTATAGTATTGGCATTGAACGTCACCTTACCAGTTTGTGCATCTAACGT
TACATAGTCAGGCTTATTCGCAATTGTCCATTGATTATTCTGACCACGAACAACATTAATT
GTCTTACTATGTTCTGCACCATTACCCACTTTTTTCAGTGTAAAGCAATATCCATTGCTTGTGT
TGGATTAATTAATATGTCCTGATGGATTATTAGGCGTGATATCAATATGACCATTTTGCCAA
ATCTTAGTAGTCGCTTGGTTCGGTGTGGTGCGACAACCTGTGAAATCATCACTACGTTGCT
CATCACTGATTGTTTCACCACTACCTTGTGTTGCAACAACCTGAATTGTATCAGCAGGATT
GAAAGTACCTGCTGCAACAGTAATACCATTATTAGTTCCAGCAATACCTGCTACAGTTGC
TGCAGATGCTTCTTTACCCATGGACTTGTATTATTGCGACGTGTAATGTTGTCACGACA
CTGCTGTTACGTTTAAATAACTAATTTATCAGCATAACGTCGTTACGTTACCGGCATGTGTAT
TCACTGTTTGGTTTGTCCAGGTGCAATTGTAATCGCTCCTGCCGCTGTTTCAGTCACAGT
TGGTTTCGCTGGTTGCACATCTTTTACTACAAATTTTCGCTGGTAAAGATGTTGCAAAAAGTA
TGTCGGTTATAGATGACGTCATATTTTGCGTTAACGACTTTAGCCATATTAGGTTTATTCA
TAGCTGCCCAGTTTGCATCGTTTGTACCAGTTGCTGCATTATTCCATTTATACGTAAATCC
ATCTGTTGGTAAACCATTAGCGTTTGCATATGTGCATATCCTGATGCTTGCCTACCCTT
GCTAAAGTGCCACCAACTGTTGTTGTATAAGTAGTTTGGAGGAATCAAATTGATATACG
TTCACAGTTACAGGAACCTCGTTTAGCAGCTGAAATACCTGGATATGTGACATCGACATTT
AAATGTTGAACGCCTGCTTGTGTTATTTGGTTGTTGTCTATTTGCCCATGCTGCTGTAA
TACCATTGCTATTAGTATTTGATCAAATGTAATGTAATCAATAGCGTTTGTACCATGTGT
CAAATTTTGACCTTTACATCACGTGATGGCGCCTTAGCATTAGCAACTGGATAAACTTTG
ACTGGAACCTTCAACATTACGCGTACCTTGACCACTAGGTAATGTTACAACCGCAGTTTTAT
GAGTGTACCAGCTGTATTCTTCCATGTATCTGGACTATCATGCCATGCAACCGTTGCCCC
ATGTGGCGGGTTTTGAATAAATCTTTCTACGTGTCCGAAATCAAACCGTCGCCACCTTTA
ATAAATACAGCGCCTTCAGTAGTTGCTTGTAAATTGTGGTGTCACTGTTACTGTTGCACTGT
CATTTGAATCAACAGATTCATTTCTTGTACATCTATCGCTCGACCATGTTTATCTTGAGT
AGTGTACGTCACATTATTCATTGTGATAGAAGACCTTGCCTTAATCACACCATTTGGTAAC
GCATCACTTACCGTTACAACCTGCAGTATTACCACTACCATAAGTCGTGTTTGTAAATCGTTA
ATGGCGTATTATCTGCTTTAAATAATTTAATAGATGAACTACTTAAACACATTATTAATTTT
AATTTGTTGGTTAGTAAGACCTGCTTTATAAGTCACAGAGTTGCCATCAATTCGCGGTGG
ATCTGGTTTAACTTTTGTAAAATCTTGATAATTTGCGTTTGGTGATTATCATAAGTAACT
CGAATATCCCTTGTGAAATACCAACCACATCTTTACTTGGTCCATATGAATTTGTAAATT
GGAAATTCATACGTTGCGCATTTTGTGTCCAAGAATCATTAACCTGGTTTAAACATATTGTTT
CGCATCATAACATCAGATACACCTGGGAACACAGCGCCTCTATTTCGTCTCAAAGACATG
CTTCGGTACTGTACTTACTACTTTATATGTTGCTGTTTTTCGTAATCGGCGTTGTTTCACCAT
CAATTAAGATATGTGCAGTTACTGTTATATCTTACCAATACGTGTATTATCTTTATTTGG
CGCTTGACCACTTACCCAAGTAATCGTCGCATCTGGAATGGCACTACCATTAGATAACTT
AAAGTAATCTGATGCACTAGAACCATTACCTGCTGGGAAGTCTTGGCCTTGTACAGTGTA
ATGCGAATGTGCAACGATTTCTGGAATGACATGCTTTACAGGTACAGTCACTGTTGATGT
TGTTCCATCTTGATAAGTAGCAGTTACTGTAACATTGGCATTATTTCCAGTACGACTGACA
TTACTAACTGTTTTACTAGTGATTTTATTTCGCACTTGTCTTGCATAACTTCTATTTGGTAC
TGTTTCAGTAAACGTTAATGAATTAATAATTGCTGTTTGTGATCAGCTTGTGATACTGTCGCA
TTATTCGAAATATTGGCAATTCTCACAGGATTAGCAGCCGTTGATGAAGTACCAACTCGA
TATTTATCACGCAAAGGTTTCACTGTTACATTGAACGAAGTTGTAGCTGTATTGCCGCTTG
TATCAGTTGCTAATAAATTGATTGTCTTATTAGTTGCTGATGTCACATTTGGTGCCGTTGC
AGAAACATGTTGATGGTTATTATCAACAGTACCTGTAATTTGTGATGTATTTGGTACAGTT
ACAGATTGCACACCAAGTTATCATTCGCTGTAATAGTATTTGTAAATGTTTCACCTGAGA
ACACTTGATGATTAGTGTAATTACCTACTGAAATTGTAGGATTAACCTAAGTCACTTGGTAC
AAAATAAATGTTAATAGCGTCAGTAGTATTTCTGTATTTTGTATTTAAATGTTCAACATAT
TGTTTTGGACCATATGGCGTTAAGTATAACTGTGCTTTATAAACTGCATCACTTGCATTAT
GTGTAGAATTACTTTTTACAACGTGGTCAATTGTAATGCGCCAGCACGATTAGCTGCCG
GTTTCGTTTACGTTAACAACAGTTGAGTTACTATGGTTTGCACGAGTATTTGAATTTGTAAC
AGGTTGCCACCATAACCGTTTGAAGGGTTGATGATGTCTAACACTTGAATCACTTGACC

ATCAACGTA AATTGACGTTGACCATCAGTTGTGCGCATTGATTGTGAATAACCAGTCGTT
CTAAAGTTAGGTCTTCCGCCAGCTTCTGCTTGTGTTTTTTCATTACCAGTAATATTATTACG
CAATCCAGGCACTGTAGTAGTCGCTTTTAGCATCGTTAAAATATCATTAGTTGTAATTTGT
GTGCCTAATGTAGCATCATAACGATAAATTAAGATTTATGGTCATCAGACCATGATAAA
CCACCATCTGTTGGTCTGTTTGCATTTTTCGATTCGTCATGTCACTGTATAATCTTGCGG
GAAATTAACCCAACGCAAGAAATTCATATTAGCTAGGTTTACGCGAATGATTTGTTAA
TCGACCTTTATTAATATTTACTGTAATAGTACTTACATTAGCACCATTAGGTGTATTTGTA
ACTGAAATATCACCTCGGCAAGCGTAATTACATCTCTATTTGCATTAATAAAAGCTTGT
TTACTTTTGTAGATTTTCATCAGTTGTTAAATCATATGTTGACGTACGATACACACGTTGATC
GCCTTCAGGTTGTTTACATCAACGATTTTTAACTAATATAGAAATCTTCAGTGTCTTTA
TGATATGCATTTGAAGCAACTATATGATATAACTGCGTGCCTGCATTCATTTGACTAACT
CTTGTGCAGTTGGAATAGTTCTATCAGATGTAATATTTGTAATGTGCCACTTGGAAATAGC
TTGTCCATTACTTAAAGTAAAATATTGTTTAAATATCACCAATACTAAATGATTGTCTTTA
GCAATCGTTACCGTTGCAGTTTTCAGCTGCATTGGCAGTTTGATATTCAGATTTCACTG
GTTTCGATGTCATCACATTTGTAGCATCAAGCGTTGTTGATGAGCCATCACGGTAATGTAA
TGTGACATTACCATTATTATCGACAGTACTGGATCAGTTGATGCTAAATATCCTCTTATA
TTTTGGTTTTTATTCATAAAGGCAGTAATTATGCTTTGCTTTTCATCATTAGATACAGCAGT
CGGATTGACTACTACAACCTTCTCAGTATTTCCCTAATAACAATCGGATGAGCATCTTCACTA
ATTTTACCTACATGAATTGACACATGTTTAGATTGACTATCATTGTCGTATTATTGACAT
TGTCTGTCGCTGATACTTTAAATGTAATATCACTGTTAAATGCCTGATTCATAGAGACTCT
ACCTGTAATAGCTAATGAGCCGTTTTTGTGTCGGATTTAGTTAAATTTGATGTCCAACCA
CTTGGCAATGTCGTAATAGTTGTACTTTTTAATCCAGAATGTCTATCTGAAACCCCATAG
TAAAGCTAACTTCATCACACGATAAATTTGGCATTATTCCAACAGGATTATTGATTGT
TGGTGGAAATGTCATCTGGCAAAATAGTAACAGCATTACTCATATTAGATGCAACTACTTT
ATTATAATAAACTACTGCTCTAATTTGTTTACCTACTGGTGGTATGAATACAACATAATCT
TTTTGGTTGTATAGTAATTGTGTTATGGACCCCATCAGGTGTACCAGTCGCAAGTATCGTAT
AACCAGATGGTATTTGATCTGCCTCACTACCACCATTCTAGTTTATTGTTGTTGGTGAAC
TAAATAAACCAATGCAGATGGATCCAACGGTATTTCCGAAATATTAACAGGCACTTTTTG
TAATGCTGTACCTCTTAATTGCTCAGCTGTCGTTGTAATTGTTGGTGTATGTGGTTTAA
CGAATTTTGAATAATTGTTCTTTACGTCCAAAACGTATCGTACCAAAGTAATCCCCTGGTA
ATAAATTACCAACAAGTTCAATGTTACGTTCTTAGCATTATTAGTTCTATTTGTCGAGTT
TTCAATGTGTAATGTACGCGGAATACCTGTAATTTGCCAATCTTTATCTGTAAAATTCTCA
TTACTTGTAAATTAATACGTAATGGTTGAATAGATGTTACGCTACCACCTAAATTCACGG
AAGCATTCCCTTGGTTACCTGCATATACATAGAAAACCTGGATGCCAGCTTGTGTTGAAA
ATGGTTTTTTCAGCAATATTTGAGTATCGTCATTTTTAAAGAATTTAATATTATGTTGGATT
TCAGGTAATACCGTTAAGTTAACAGGAACTAAAGTTTCACTATTACCATAACCATCAGGA
TAGTCGAAACCAATCATTAACTTATTGGGTTTCTAGTTCTTGCTGCTTCTTGTAATTTTTG
ATCAGTAAATAATTGACTTAATTGATATTCATTTAATTCTTGAACGCCCCCGGTCTAAAA
GCGTTAGTATTTGCATTAGTTGGGTA AAAACCTAACACTTTATTACTCGGCGTCTTAACAT
AACTTAAAGGATCATCAACAAAATCATCTATATTTAGGTTTGTACTTTCTAATACCTTTTT
CGTTTGTACATTTCTTACTCACTTCTACACGTTTAGTTGTACCTATGCGATATGTACGAT
TAACCACTTGTCTTAAACCATTAAGACGTTGTTGATGGTCTTGCCTTGCATGATGACGATAG
TTGACTGTACATAAATAATTGATTGTACTCTAAAGCACGCCACCTGCTGCATAATACAA
TTTATTAACAGTTGGACCTTGTGTTTTAAATGAAATTTGATAACTTGCATCACCTTGACCG
ATGAAAGTATAAACTTTAGGAACACCCGGTATTGAGCAGGTTTTTGGACCATTAATATAT
TCAAAATTTTGTCTACCAAATGCTTTAGTAGCAGCTGTTGCTCCAGCTTCACTAAAATAAT
CACTCGCTCTAGATAAATCTTCTAAAGAATAAATATGGACAGTTGGCCAGTCATATATTA
CTTGGCCACTTCTATTTCTTATTTTAAAGTCATGTGAACGATGAGGATCATTACTCCATA
TTCCACATTTGTTGAAGTGGTTTATTTGCACCTGCTCCTGCTCCATGACTCCATTGTACAT
TTGTTCCATCTGAATTA ACTGTTACAAAGTCAGTTCTTCTACTGGCACTTGGTCTGCTGG
TAATGCAAACCAGAAAATCATATTTTGTATGTGGAGCATGTCCTTTATTAACCTAATAAC
CCATTGGTACCCGTTCCAGTTTGTTCGCTGCATAAGAGCAATTTCTTTGAGTCAGAG
GCCTTCAATGTATTCCATGGTGTAGTTGGTAAATTATATGGCGCCCCCTTACTAGAAGCAT
TGATATATGTACCAACAGGATAGCCCGAACCATCATTAGCATTTC AACATAATATGATG
AATTTGCATTTTGTATAGTCTGATACTGATCTAGGCTCTGCAGCTCTTGATTCAACCGAACG
CGTTTGAATTCTATTTGAACGTCGGCTAGTCTGTTGACGTTGAGGCATTGTACGAATTA

GCAACAGCTTGTTC AATTCTTTGTATGCAAGTTGCAAGTCTTTATTGTTTATTGGATCATT
ACTGCCTAATAACGTATTAATCTTATCAAAAATGCCTTTTACATAGTTAAATGTGCCAGAA
TCTGCATTTTCACGGTCAATAAAGCGATAATCATGATAATTTGCATCAAAAATGCTTGT
AATTCATTTTCGGTCATGTTGTACGTTACCATTATCAGATGAATCTGAAGCTGTTACTACAT
TTGCTTCATGATTTTCTACATGAGCCGCTCTATTGTCGTTTCCATTTTTATTAGCAGATTGA
CTTTCGTTTTGTTTATGCTTACTTTGTTCTTTATCTGGTTGTGTTGTCGCAGCCGTTGCCGA
ATCTTTCTTTGTATTTACATTTTGAGATGCTGGTTGTTTCATCATTAGTAGTAGATGATTGCG
CTACTTTTTGATCTACTAAATTAGCTTGACTAATATTTGGTTGCTCATTTCATGAGTAGCA
GATAATGATTGACCATTTTGTGAATTTTGAGAATTTTGTACTTGAGATTCTCGATTCTCAG
TCTGTTTATTACTTTGTTGTTTCTGTTTAAACCACGCTTGCTGGTTGATTGTTTCAGCA
GCATGTGCTTGTGATGTATTGAATCCTAAAAATACCAATGTGCAATGACAGTTGAAAAT
GTACCAACTGTATTTACGAATACTAACTTTTGAATTTTATCACGATAATTAC

> **tx_norB-var1**

Function: rho indendent terminator (core genome, variable)

Best match: tx_norB-var1_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[120245:120317]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 32658 ... 32731; Length: 73 bp

Sequence:

AAGAGTAATAAAAAACCAATCCCTATGTTTCATTTTAAATAATGACACATAAGAATCGGTT
TATATTTTTGTTT

> **norB**

Function: protein coding sequence; multidrug efflux pump (core genome, variable)

Best match: norB_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[118810:120201]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 32774 ... 34166; Length: 1392 bp

Sequence:

TCATAATTGAGTGTCGTTTTGTTTAGGCACAAGTAACAAAATGATAACGAATGATAATAT
TCCCATACTGCATTTAACCATAATGCAATCATTGCACCTGTATAAATGTTTGTTCATATTT
GATACGATTGCATATACTGCACCACTCAATGCGACGCCAAATGCTCCACCTAATGCAGAA
GCCATTTTATAGATACTGCAGCAACGCCTACTTTTTCTAACGGTGCATTTGCAATTGCTG
TATCTGTTGATGGTGTAGCATATATCCCTAGTCCTAAACCAAAGAATAAATAACCTATAA
TACAACAAATGACATACAATATTTCTGGCAAGAAAGTTAATGAAATGAGACATTCTCCGA
CAATAAGAACTCCTGTTCCAATTAACATTGGTTTCTTGCATCCGAGTGTGTTGAAGTAACTT
TTCACCAACACGAATCATAATTAGTACCATTACTAAATAAGTGATTGATAAACTTCCTGCT
TGCAATGAAGAATATCCTAAACCTCTTTGAACAAATGTGTTGGCTACTATTAATGTTCCCTG
CAACACCATTTAACAAAAAGTTTGAAGCTGTTGCACCTGTGTAAGCTTTATTTTTAAATAA
TTTTAAATCGATTAAAGGATTTGTAGCACGCTTTTCAAGAACTATAAATAAACTAAAAGA
TCCAATTGCAATAGCTAATAAAGTAATAAAAAGAAGTGAGGTTACACCTAATTCTGATCC
TTTAGTAATTAATAATTTAAACTGAGGAGCATAATGACTAAAAGAACCAGACCTTTAAT
GTCAAATTTATTTAGAGAAATCGATTTAGATTTAGTTTCAGGTGTGCCTTTAATAAGAAAC
AGTGCAATTAATGAAATTATAATTGATAGGATGAAAATCCAACGCCAACCTAAAAGCGTT
GCAACTGCACCTCCAAAAAATGAACAAACACCAGAGCCGCCCATGAGCCAATTGACCA
ATAACTTAAAGCGCGTTGTCTATCTTTCCCAATGTAATATGACTTAATAATAGACAAAGTT
GCAGGCATAATACATGCTGCTGAAAGTCCTTGAATTAATCTTCCTATAATAAGTAATAAA
GGAATATTTGAAATAATGATTAATAATGAACCTAATATATTTAAGATAATACCAATGTTT
GTGAGTTTAATTCTGCCATATTTATCAGCAAGACCACCTGCTCCTACTACAAACATTCTG
AAAATAAAGCAGTTATACTAACGGCGATATTAACCGTTCCAATATCTGTATTGAACTAT
CTTCAAGTATTGGTACAACATTAACCAATGATTGTGCAAATAGCCAAAACGTTATTACAC
TTAAAACAATTCCTATTAACAACCTTATTATTGCCTTCAAATGCCTCTCTTGACGGCTTTCC
AT

> **Q5HFY6**

Function: protein coding sequence; amino acid permease (core genome, variable)

Best match: Q5HFY6_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[117332:118654]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 34321 ... 35644; Length: 1323 bp

Sequence:

```
TTATGCTGCTTTTTGTTTCTTCTTATAGTAATAAACTGGTATACCAAGTGCTGTTATTAGAA
TTCCAATGATTGCTAATATAAATTGTGTAAACAGTGTATTAATTAATACAAAAGATCCTG
CCAAAATAGCAATTAAGGTATGATCGGATATAACGGTACTTTATATGGACGCTCCATAT
TTGGTTCACGTTTTCTTAAAATTATTACAGCAACAAATGACATACAATAGAACAACCCAAA
TAACAAAGATTAACATGTTTGTAAATTGTATCAAAATGCTCCCATGACATCATGATGATAG
CGATTATAAGTTGTATAAATTGCGCCAAACCATGGTGCACCAGATTTTGTAAATTTTGCAGAA
TAAGTGGCTAAATGGCAATAATTTTCTTTCAGCCATTGCATATGGTACGCGCATAACCAGTC
ATAGTATAGCCATTGATCGTACCATAAACAGAAATTAATATACCGATTGTAATAATCTTA
CCGCCATTTTACCAAATAATATTTTGTATCTGAAGCTGCATTTAAATTACCAGCAA
GTAGTTCTATTGGCAACGTTAATAAGAATGTAGCGTTAATTAATAAATACACAGCCATAA
TACAACCGATACCAACTGAAATCGCTAAAGGTAAATCGCGTTTAGGATTTTTAAGTTCCC
CCGCAACATTTCCCTACATGAATCCAACCATCATAAGCAAACATAGTTGCTAATAAACCCAC
TACCAATTGCTGTAAAGAAACCATTTCCCTGAATTACCTGTAGTTGGAATTAATGAAAAAG
TGATATCTCCAGATTGAAAAATACCAAAAATTACAATAACGATGATTGGAATCAGTTTAA
TTACTAAAGTAACTGATTGTAAAATTCCGCCTGCTTTTGAACCTAGGAAATTTATCAACAC
AATAGATAACGCAGATGCGATTGCTATTGGTATTAACGAACCTATAGATAAATGGAATAA
ATTAATTAGCTGTGTCGCAAATACGATAGACAATGCTGCTACGTTAGCTGGAAAATAAAT
AAATGATTGCGCCAAACCTGATAGGAAGCCCCAGAAATCACCGTATGTATATTCTATATA
CTTCGTTAAGCCACCTGTTTTCAGGGATTGCAGCAGCAAGTTCTGCTGCTGTTAACCCCGCA
CAAATGGTAATGATGCCGCCTAGGAACCATACAAACAAGGCCATTTCTGCTGTTCTCTGTT
ACTTCTGTTACGTTTGTATTTTAAAGAATACTCCTGAACCAATAACTGTCCCATAACAA
TAGCAAACGCTGAGAAGAAACCTATATTTTTTTGTAATTCTTTACCATTGACAT
```

> **ilvA1**

Function: protein coding sequence; threonine dehydratase locus 1 (core genome, variable)

Best match: ilvA1-CC45_ref_CC045-agrI_A9635_ACKI01000001.1[48611:49651]RC

Position: 036-contig_189: 35674 ... 36715; Length: 1041 bp

Sequence:

```
TTAACCTACCACACCCTTGCTTGTATCTGCAATATTCAGTCCATGTTCAATGACACCTGAA
ACTCTAGTTAAGTCAACATTCCC GCCTGAAACTAAAGCAACAACATTTTTATCTTCAAGCC
ATTTATTGTTTATTTTTCCACTTAAAATTGCAGCTGTTGGTAATGCGCCTGCACCTTCAGTA
ATAATTTTGGCAGCTGCATTAATCTTTCATAGCATGTTCAATTTCTTCTTCAGTAACAA
GAATAAATTCATCTACTAAATGTTTAACTACTTCATATGTTTGTTCACCAGGAACCTTTTAC
ATCACAACCATCTGCTATTGTGCTATCCACTCGATGTTTCAGTTAAATCTCTCTTATAGAAA
GACTCAGCCATACCATGAACATTCTCAGATTGAACACCGATAATATGAATTGAAGGGTTA
AATGATTTTAAATGCGGTGGCAATACCTGCAATTAATCCTCCACCGCCAACTGGTACGATG
ACTGTATTCACATTCCAAATATCATCTAAAATTTCTAAACCAATTGTTCCCTTGGCCTGCCA
TTACAAACTTATCGTCATATGGATGAACGATTGTCATGCCATTTTCTTTTCGCTAATTCTTCC
ATATAAAGTCTAGTTTCGTTAAAGTTTTTACCTTTTAAAATGACTTTTGCACCATATCCTTT
GGTAGCATTCTGTTTAGCAATTGGTGTCTGTTTCTGGCATCACAATCGTTGCATCAATACCT
AATAGTTTTGCTGTCAAAGCTACACCTTGTGCATGATTTCCGGCTGATGCGCCAATAATAC
CTTTAGCTTTTTGTTTCATCTGACAAATGATTAATTTTATTGCTAGCACCTCTAAATTTAAAT
GAACCTGTAAACTGCATATTTTCAAGTTTTAAATATACGTTACCTTTAGTGATATTTTAC
TTAAATACATAGATTTAATTAGTGGTGTTCGACGAATAAATGGTTTAAATGCTTGTCTTAGC
TTCTTCGATATCTCCTAAACTTACAATATGTGCTGTTTGTAAATGTAAGTGTGTTGGTTGTCA
T
```

> **ald1**

Function: protein coding sequence; alanine dehydrogenase 1 (core genome, variable)

Best match: ald1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1475688:1476806:r]RC

Position: 036-contig_189: 36809 ... 37928; Length: 1119 bp

Sequence:

```
CTATTCGATAACATTTAATATTTCTTTATAATCTAGGTCATGTGATGAAGCTAATCCTTGA
TTTGTCACTTGTCTTTGGTAAATGTTTACACCAGTACTTAAGGCTTCATTATCTTTAATTGC
TTGTTCTAAGCCTTTGTCACAAATTTCTAATATATAATCAATATTTCTTGTGCTAATGCCA
TTGTTGAAGTTCTTGGGACTGCTCCTGGTTGATTTGGTACACCATAATGAATCACACCTTC
TTCTTCATACTGGATCAGAAATTGTAGTTGGTCTAATTGTTTTCAATAGTTCCACCTTGG
TCAATAGCTATATCGATTAATACTGAACCTTTTTTTCATTGATTTAACCATCTCACGAGTAA
CCAATTTTGGCGGTTTCGCACCTGGAATTAATAATTGTAGAAATAAATACATCTGCTTTCTT
AATTTGTTCTGCTAAATTTTCTGGTGTGATTGACTACTGTGACATCTTTTTCTGCATACA
TATCTTCAAGATATTTAATGCGGTCATCGTTTAACTCGATAATGATTACTTTAGCATATAG
TCCCAAGGCAACATTTGCTGCATTTGTTGCTGCTACGCCACCACCGAAAATCACATATGT
ACTACCAGGTATATCCACATTTTCATGTACACCAGTCACTAAAGTACCTTGACCACCATGT
TGTGCTTCAGAGTAGTAAGCTCCATAATTGCTGAGCGTTGACCTGCTATAGCACTCATTG
GCGCTAATAATTCTGCTTTTCCATTTTTTATAATGGTTTCACCACTAATCGCAGTTACACC
AACTTCTTGCATTTTTCTACTATTTCTTTTGAAGATGCTAGATGTAAAAATCCCAGATA
ATTTGATTCTTTTTGAAATATTGATATTCGCTTTCATGAGGTTCTTTTACTTTGATAACAAG
ATCAGCTTCCCATGCTTGTTCGTGAGTTACGATCTTAGCGCCTTCTTTTTCATACATATCGT
TAGAAAATCCTGAACCAATGCCAGCATTTTTTTCAACAATTACTTTATGTCTGCATCCGT
TAACTTACGCACATTTTCGGGTGTGCAAGCTACACGTCCTTCACCTTGTTTTAATTCTTTG
ACTACTGCAACTAACAT
```

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 38563 ... 38572; Length: 9 bp

Sequence:

```
ATAGTTCAT
```

> **Q2FGZ8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2FGZ8_CC001_ATCC51811_ADVP01000007.1[49342:52782]RC

Position: 036-contig_189: 39300 ... 42741; Length: 3441 bp

Sequence:

```
TTAATATAAAATAGTTTTTCAGTTGTTGATGTTTATCTTTCAATTGATTGATAAGTGTTGTAT
CTAAATCAAATGCTAATAAATCGTTTATTTGCGTTTGAATATTAGCTTCAAACCTTTCAA
TTGCGATTCAGCTTCTACAGCCATTTGCTTAACATATAAATTCAAGTTGTTGCCTCAATAAT
CCCATTTGTGGTTGTAATAATCCTAACGTACTTTGACAAATTGATTCATGTATATCTCTTT
GCCCATTTGGATTCAAATTTTACGTTTTGTTAATTGTTTAGGCAATGCATTTAGCATATC
GTTGAAATCGATGTGCAATAATGGTTGCTCTATATTAGCTGATTCAAAGTTAAACTGAGG
ATTAATAATGACATGTAAATCTGCTAATTGTTGAACGATTGGTGCAATTTGCTCAGTGAGT
TGCTTATTAAGTATTTTTTATAACGTTCTGTAATTAAGATTGCTCTAAAAACAATCGTT
GATGAATTTGATCTAAGTATACTCTCGTAGACACTTTCTTTTCTTCATTAATAATCACTATTT
TGCGTCATTTGAGAATTAACACTGATTTAACATCGTCAAGTAGTTGTAGTTTTAAACGG
GCATTTAAATGATAAACTTGTTCTTCAACTTCGTTGCTGTATGTTGTAACGTCGCATCAA
TTAATTGATGTTGTAACGCTGTTTATCTTTATAATCTGTAAACCTTGTGGCGACGTGA
AATATCAGCTTTATTTGTTTCAAATCTGTAATCATCTCTACATAAGAACGATCCATTTGT
TGAAGCTGATGAATCATTGTTGTTCTAAAATTGATTTAGATTCAACATCAACAAATTGTT
GTATGCTTTGTTTTAATTGATCAATGCCCTTATCTTCAGCTTGCAATGCATTTGACTTGAT
ACAGCAAAAATGTCTGATTGTAAGTGTACTTGTCTTAATGCATCTGATACATATGTTTCAA
CTGCTTCAAGATCATCTTGACTTTCTGCTAAATCAGCAGCATTAAATTACCATTTTAAATGC
TTGTTTTTCATTCAACTGGTTCATATCTTTTCATGTGTTCTATAAACGCTTTGTCATTATCAG
TAAATGAATGATTAATAAATACTTACATACAATATTAAGTCTGAAGAAGTTAAAATTTGTT
CGGTTTCATTTGATGCCTTTGGTTATTTGAGTGTAGCCCTAATGAATCAACAATTATTTT
ACCTTTTAAACCAATCATGCATTAATGCAATGTGTACTGTTTTAACAAATGTTGCGTATTCA
TCTTCTGCACTCCACTTTTTCAATTCTTGTTGATTAATGGCATGTTTTTACCATTTTCAA
```

CATATTGACATACAAATTATAATGTTTTTCAACTGCATGTACAAAAGCGAGTTGATTTTTA
TTTAAATGTGATTTTTAACTTTTCTAAATCTGAATTAATAAAGTCTTCTATAGTTGAAAAAG
ACATATCTTGGTATTCAACTACTGCATTAATTTTCATCTAATAATTGCGATTGTGATTTTTAG
CGTTATATAACTCTCGTCTCCATAAGATATTTCTGTAGTAGCTGCTGTAGTAGGATTTGGA
GAACTGACTAAAATCTGCTCGCCTAATAATGCATTTATCAAACACTTTTTACCAGCACTAA
ATGTTCCAAATACACCTATTTTTATTAATTTATTATCTATACGTGTTAATGTTTCGTGGATA
TCTTGCTTTGTACGCTTGAACAAAGGCACATCCGAAATTATATCAAGCGCTTTTTGAATAT
CTATAGACATATTTGTTGTAGCTGTATTTTGATTTAGCTGCTGATTATCACGATTATCCTG
AGTATTATCAGTAGCCACTTGATATGTTGTCTCTTGTGCGACCTATTAATTTATCTAGAGAT
TCATCTAAATGAATATAGTAGTGACGATAATTCTTAGTCGTCAATGACTGACGCAGCTCA
TTTAATTTCTGTATAACGTTGATATTTCTTTTAAATCATCACTTTCTTCTGTTGGTAATTCATC
TGCCTGTACATTTTCTATTATTTCTTTAAAAATTGGTGTGATTGTTGTTCAACATATTTCT
TAATGGCTTTAACCCTTCGTCTGAAAATGTAAGTACATAAGTATTGCTGATTGATGTTTTG
TGGTTGATATAAATCTTCAATCATTCCGGCTTAACGTCATAATGCTGATTTAATACTTTA
TCTGAAGCTTCTTTTTTATTGATAAAACGCGTTACAAATGACATATCTTCTCGCATTGGTT
GACGAATTTGTTGATTAACATGTTCTTGTAACGCATCTGTGCTGTTAATAATCGCTGTTG
TTGAATTTGTAGCTTTTTCTTCTTTTTATTAATAAAACCCACCAACATTAAGTCTTGAGAC
ATACTTTCCAAATAACTTCGTAACATTTCTCTCATATTATGCGGCATAATGTATGCATTTT
CTAAAATATTTTTACGCTTATTCTTTAAAAATGCCATTAATTCATCTGGATTATTTAAAAG
TTGTGCCTCTTCACTAATTGCTTGATGTTGTTGACTATTTAAAAATGCTTGTCAAACCTCCG
CTTCTTCGATACCTAAATCTTCTAGTACTTCCTGAATTTCAAGACTGAATGTAATCTAGCTG
AGCTTCGGTAATGTATTCAACCGTTCTTGATGTATAATCCTCTATTGTCTCTCTATGTTGAT
CTAATGAAATTAGATAACTTGATAATACTTCAAGTTCATTTTCAGGGTGATCAAATTTAGA
TACATAAAAGGTGCGTTCTAATTTAATGCCCAATCTGCAATTGATTTTTCAACTCGTGAT
TTAAACGTAGAGAATGACAATTCATCGTCTTGATGCTTGTCAATTTGATTAATGATAAAC
ACAACAGGTATTCCAACATCATTATATGCTTCATAAACTTAAAGTTAAGTTCAGATTGA
ACGTGGTTATAGTCAACCGTATAAAATATCATATTACTTGTATACATATATTGTTCTGTTA
TTGACTGATGTGATGCAACATTTGAATCAACACCTGGTGTATCTTGCAACGTAAACCCATT
TTCAAATTTAGCTGATTGAAAATTAATTTCTACAGATTCAACGTCGACATTTTGGCGATTTC
ATTTCCCTTACTTCATCATAATTAGATAATTTGGCATAACGTTTGATTCGGCAAATTAGCAA
TAATATCGTGATTGTCTGAAACTGACACAATAGCAGTATTACTTGTGCTTGGTACAGGAG
AACTTGGTAAGATATCTTGTTCAAATTAATAAATTTATCAGTGTGATTTACCTGCAGAAAA
ATGTCCAACGAACGAACATGTATATTGCTGCAAATATACTTTCTTAATTACTTGGTTAATT
GTATGTAAGTGTCTTCAATTCGCGACTTTTCAACTTCTTTTTTTAATTTATATAAAAGATC
TAATTGTTCTTTATTAATCAT

> **piuB**

Function: protein coding sequence; iron-regulated membrane protein (core genome, variable)

Best match: piuB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1481924:1483264]

Position: 036-contig_189: 43044 ... 44385; Length: 1341 bp

Sequence:

ATGAAAAATACATTTAATCCATTACAAAGATTACATTTCTATGCAGCAATATTTATTGCTC
CACTGTTAATCACTTTAACCATTTTCGGGCATTGGTTACTTGTCTTTCCAGAAGTTGAAAA
TAATATTTATAAGAATGAGTTTTTTGGTGACAGTGATGTAACAAACGCATCAAACATTA
TGATGCAGTACATCAAGTTGAACAACAATATGAAGGATTCTTTGTAAGTAAAGTTAGCAT
ACTTGATGAACCATATAACAAACGAATTACACTGAGTGATATGGTAGGAAATCAACGTTA
CGTCTTTCTAGATCATAACAATCAATTTGTTGCAGATCAAAATGCGAAACATACGTATTCT
AATGTGATGCGAAGTATACATAGTTCTTTGTTTACTGAAAATACTATTATTAATTTAG
TAGAGTTAACCGCATGTTGGACGATATTCATGATTTTATCTGGTACTTATTTACTCATTAA
GAAGCATTTAATTTCTAACAAAAGTAAAGGCACTTCGTTGGCAAAGTGGCACGCAATGAT
TGGAGTTATCATTGCAATTCAGTATTTGTATTAGTTTTAACTGGATTGCCATGGTCTGGT
TTTATGGGCAGTAAAATTGCCGGTATGATGGACACAAACGGTGACCTTGGTCAAGGTGAA
TTAGCGATTAATCCACCTAAATCAGATTTGAACGAATTACCTTGGGCTACACGTAAAAAT
AAACAGCCAGCTTCATCCGAAAAAGGTTCAAGTGGTCATCATGGTAATGCAGCAATGCCT
CAAACCAAATTAGATTATCAAATATCTATTGATAAGGTCGTTGAACAGGCGCAAAAATCT
GGTATTAATAAAAGCCGTTTTCAATCGTATATCCAAGTGATAAAAATGGTGCCTTTATTGTAT

CTAATACTAGTAATTCAGGTGTTACTGGGCTAGATGTATCACCTTACAAGGAACAAACAC
TTTATTTTCGATCAATATAGCGGTAAAAAGCTAGGTACGATTAATATGATGACTACGGTA
TTATTGCTAAATGGTTTACATGGGGCATTCCGCTTACGAAGGTCATTTATTCGGCATTTT
AAATAAAATCATTAATTTATTTGTATGTATCGCTTTATTAGTAGCCATTGGCATGGGGTTT
GTCTCTTGGATAAAGCGTACAAAAAATACTGCAGTAAAAGTACCACATCGCGTAAAAAA
ACCAGCATCTATATCACTCATAATATGTTAATTGTATTAGGATTATTAATGCCATTATTT
GGATTATCACTTATCCTTGTATTTATAATTGAATTAATATTATATATTAAGATCGTCGTG
CTAAACAATAA

> **ypsC**

Function: protein coding sequence; site-specific DNA-methyltransferase (core genome, constant)

Best match: ypsC_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000016.1[132658:133803]RC

Position: 036-contig_189: 45006 ... 46152; Length: 1146 bp

Sequence:

TTAGTTTTCAATAGTTTTACGTTCTGTCTTTTTACCCAGTATTGATAATAAGTACATTCTA
TATATCCATTAATAAATACTTACGTCGCTTTGTTGCTTTACGATCTACTAAATATTCAAATTCT
TTATTACTTGTTAAAATGTATGTAGATAAAAATGGATGTTGTTTCATTAGTTTACCAATAT
AACGGTACATTTCTTCAACTTCTTACGATCACCAATACGTTACCATATGGAGGATTTCC
AATTAACGCCACCGGTTCTTCTGTATCAATTGTTAATGTATTGACATCTTTTACACTAAAT
TTAATAATATCAGACAACCCAACCTTCTTACGCGTTACGCTTAGCAATCTCTACCATTTCTG
GATCGATATCAGAAGCATATACTTCGATTTCTTTATCATAATCAGCCACCTTATCCGCTTC
ATCACGGTAATCATCATAAATATTTGCTGGCATGATGTTCCATTGCTCTGATACGAACTCG
CGATTA AAAACCAGGTGCGATATTTGAGCAATTAACAAGCTTCTATAGCTATTGTACCC
GAACCGCAAATGGATCAATTAAGGTGTATCACCTTCCAGTTTGCAAGACGGATTA AAA
CTTGCTGCCAACGTTTCTTTAATTGGTGCTTACCTTGTGCTAATCTATATCCACGTCTGTT
CAAACCAGAACCTGATGTATCGATAGTCAATAATACATTATCTTTTAAAATGGCAACTTC
AACGGGGTATTTTCGCACCTGATTCATTTAACCAACCTTTTTCGTTATATGCGCGACGTAAT
CGTTCAACAATAGCTTTCTTAGTTATCGCCTGACAATCTGGCACACTATGTAGTGTGATT
TAACGCTTCTACCTTGAACCTGGGAAGTTACCCTCTTTATCAATTATAGATTCCCAAGGGAG
CGCTTTGGTTTGTTCGAATAATTCGTCAAACGTTGTTGCGTTAAAACGTCCAACAACAATT
TTGATTTCGGTCTGCTGTGCGCAACCATAAATTTGCCTTTACAATTGCACTTTCGTCTCCTT
CAAAAAATATACGACCATTTTCAACATTTGTTTCATAGCCTAATTCTTGAATTTCCCTAGC
ACAACAGCTTCTAATCCATTGGACAAACTGCAAGTAATTGAAACAT

> **rnpB**

Function: noncoding RNA ribonuclease P RNA component (core genome, constant)

Best match: rnpB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1485649:1486045:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 46346 ... 46743; Length: 397 bp

Sequence:

ACTAGTAGTGATATTTCTATAAGCCATGTTCTGTTCCATCGTACTCATCACGTGCACTAGT
CACACTGGTACTCAGGTGATAACCATCTGTCTACACCACTTCATTTTCGCGAAGTGTGTCTC
GTTTATACGTTGAATTCGGTTAAACAAGTGCTCCTACCAAATTTGGATTGCTCACTCGAGG
GGTTTACCGCGTTCACCTTTTATATTTCTATAAAAAGCTACGTCACTGTGGCACTTTCAA
TTACTCTATCCATATCGAAAGACTTAGGATATTTTCATTGCCGTCAAATTAATGCCTTGATT
TATTGTTTCATCAAGCACGAACACTACAATCATCTCAGACTGTGTGAGCATGGACTTTCCT
CTATATAATATAGCGATTACCCAAAATATCA

> **gpsB**

Function: protein coding sequence; cell cycle protein (core genome, constant)

Best match: gpsB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1486105:1486449:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 46802 ... 47147; Length: 345 bp

Sequence:

TTATTTACCAAATACAGCTTTTTCTAAGTTTGAAATACGTTTTAAAATATCTACATTATTTG
AAGATGTATTTGTTGTTGTATTATTCGAAGAAAACTTTTATTGTCCTGAGGTCTTGATGT
TGCTACACGTAGTCTTAATTCTTCTAATTCCTTTTTAAGTTTATGATTCTCTTCTGATAATT
TTACAACTTCATTATTCATATCGGCCATTTTTTGATAATCAGCAATAATGTCATCTAAAAA
TGCATCTACTTCTTCTTCTATAGCCACGAGCCATCGTTTTTTCAAATCTTTTTCATAAA
TATCTTTTGCTGATAATTTCAATGAAACATCTGACAT

> **UPF0398**

Function: protein coding sequence; unknown protein fold 0398 (core genome, constant)

Best match: UPF0398_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1486463:1487026:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 47160 ... 47724; Length: 564 bp

Sequence:

TTAGAAACTTTGATCTTCAGACCACTGTAAGTCATTGATGAATGCTGTTAATTCATCGAAC
GTCACAATATCACAAGTATAGTTTGTATCCATAAAATCAACTAACATCTGCTTGAAGA
ACTTAGGACTTGCCTCTTGTTCCTCATCATAAATGAGCAATGTTGATCCGAATGTTCAAG
CATAAATTGATCTGCTTGTAAATTGAAAAGGACCCTGATACGACGTATGAAAAATACT
ATCAACATAAATCTGCATGCTTAATTATGTTGGCATACTTACTTTGATTATGTTTCATTCCACT
TTTCTGTATGTCCTTGGAACGGTGTAAATTACAGCAAACCTTAAACGAATCATATGTTTCGTTG
TAATTCAATAACAACCTTCTGCAGTCCATAATTCTATACCCATTTGCCCTTGTATTAACACC
CATTCTAATCCTTCATCCAACAGTTGTTCAATTTTATGTTTTATAAATTGTTTTAAATAATG
TACTTCAGGTGCGTCATCTTTAAAATGTTTAATTTCGAATGATTTGTAACCTGTTACATAA
ACTGTTTTAACCAT

> **recU**

Function: protein coding sequence; recombination protein U (core genome, constant)

Best match: recU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1487908:1488534] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 48606 ... 49233; Length: 627 bp

Sequence:

ATGAATTATCCAAATGGTAAACCATATCGTAAAAATAGTGCTATAGACGGAGGGAAAAA
GACCGCTGCCTTTAGTAATATTGAGTATGGTGGACGTGGTATGTCACCTGAAAAAGATAT
CGAACATTCAAATACGTTTTATCTTAAAAGCGACATTGCAGTTATTCACAAAAAGCCTAC
GCCAGTACAAATAGTTAATGTCAACTATCCTAAGCGGAGTAAAGCTGTGATTAACGAAGC
TTATTTTCGTACACCTTCAACAACCTGATTACAACGGCGTTTATCAAGGTTATTATATTGAT
TTTGAAGCAAAGGAACTAAAAACAAGACGTCCTTTCCCTTTAAATAATATTCATGACCAT
CAAGTCGAACATATGAAAAATGCATATCAACAAAAAGGTATTGTGTTTTTAATGATTCGT
TTTAAACGCTAGATGAAGTTTATCTTTTACCCTATTCAAATTCGAAGTATTTTGGGAAGA
GATATAAAGATAATATTA AAAAGTCTATAACAGTTGATGAAATACGAAAAAATGGTTAC
CATATTCCTTATCAGTATCAACCAAGATTAGACTATCTAAAAGCAGTTGATAAGTTGATA
TTAGATGAAAGTGAGGACCGCGTATGA

> **pbpB**

Function: protein coding sequence; penicillin binding protein B (core genome, constant)

Best match: pbpB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1488531:1490714]

Position: 036-contig_189: 49229 ... 51413; Length: 2184 bp

Sequence:

ATGACGGAAAACAAAGGATCTTCTCAGCCTAAGAAAAATGGTAATAATGGTGGGAAATC
CAACTCAAAAAAGAATAGAAATGTGAAGAGAACGATTATTAAGATTATTGGCTTCATGAT
TATTGCATTTTTCGTTGTTCTTTTACTAGGTATCTTATTGTTTGCTTATTATGCTTGGAAAG
CACCTGCTTTTACCGAAGCTAAATTACAAGATCCGATTCCTGCAAAGATATATGACAAGA
ACGGAGAACTTGTTAAAACATTAGATAATGGCCAAAGACATGAGCATGTAAATTTAAAA
GACGTGCCGAAATCAATGAAAGACGCAGTACTTGCAACTGAAGACAATCGTTTCTACGA
ACATGGCGCACTTGATTATAAACGTTTATTCGGTGCAATTGGTAAGAACTTGACTGGTGG
ATTTGGTTCTGAAGGTGCCTCAACATTAACACAACAAGTTGTTAAAGATGCATTTTTATCA
CAACATAAATCTATTGGACGTAAAGCTCAAGAAGCATACTTATCATATCGTTTAGAACAA

GAGTATAGTAAAGATGATATCTTCCAAGTATATCTAAACAAAATTTACTATTCTGATGGC
GTAACAGGTATTAAGCTGCTGCTAAGTATTACTTTAATAAAGATTTAAAAGATTTAAAC
TTAGCGGAAGAAGCTTATTTAGCCGGTTTACCTCAGGTTCCAAACAATAATATTTATG
ATCATCCAAAAGCTGCTGAAGATCGTAAAAACACTGTTTTATACTTAATGCATTATCATA
AACGCATTACAGATAAACAGTGGGAAGATGCTAAGAAAATCGATTTAAAAGCGAACTTA
GTAAATCGTACTCCTGAAGAACGTCAAAACATTGATACAAATCAAGATTCTGAGTATAAT
TCATACGTTAACTTTGTGAAATCTGAATTAATGAATAATAAAGCATTCAAAGATGAAAAT
TTAGGTAATGTATTACAAAGTGGTATTAATAATTTATACAAATATGGATAAAGATGTTCAA
AAAACATTACAAAATGATGTTGATAATGGAAGCTTCTACAAGAATAAAGACCAACAAGT
TGGTGCAACGATTCTTGATAGTAAAACACTGGTGGTTTGTGCTATATCTGGTGGACGTGAT
TTCAAAGACGTCGTTAACAGAAACCAAGCAACAGATCCTCACCTACTGGTTCATCTTTA
AAACCTTTCTTAGCGTATGGACCTGCCATTGAAAATATGAAATGGGCAACAAACCATGCG
ATTCAGATGAATCTTCATATCAAGTTGACGGTTCTACATTTAGAACTATGATACGAAG
AGTCACGGTACTGTATCTATTTATGATGCTTTACGACAAAAGTTTCAATATCCCAGCTTTAA
AAGCTTGGCAATCAGTTAAGCAAAAATGCTGGTAATGATGCACCTAAGAAAATTCGCTGCCA
AACTTGGCTTAAACTACGAAGGCGATATTGGTCCATCTGAAGTACTTGGTGGTTCTGCTTC
AGAATTCTCACCAACACAATTAGCATCAGCATTGCTGCAATCGCTAACGGTGGTACTTA
TAACAACGCGCATTCAATTCAAAAAGTAGTTACTCGTGATGGTGAACAATCGAATACGA
TCATACTAGCCATAAAGCGATGAGTGATTACACTGCATACATGTTAGCTGAGATGCTAAA
AGGTACATTTAAACCATATGGTTCTGCATATGGCCATGGTGTATCTGGAGTAAATATGGG
TGCTAAGACAGGTAAGTACTGTTACGGTGTGAAACTTATTCACAATATAATTTACCTGAT
AATGCAGCGAAAGACGTGTGGATTAACGGCTTTACACCTCAATACACTATGTCAGTGTGG
ATGGGCTTCAGTAAAGTTAAACAATATGGTGAACACTCATTTGTGGGACATAGCCAACAA
GAATATCCACAGTTCTTATATGAAAATGTGATGTCAAAAATTTTCATCTAGAGATGGCGAA
GACTTTAAACGTCCTAGCTCAGTAAGTGGTAGTATCCCATCAATCAATGTTTCTGGTAGTC
AAGATAACAACACTACAAATCGTAGTACACACGGTGGTAGTGACACATCAGCAAACAGC
AGTGGTACTGCACAATCAAATAACAATACTAGATCTCAACAATCTAGAAACAGCGGTGG
ATTAACAGGTATATTCAACTAA

> **Q1YBU7**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q1YBU7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1491278:1491619:r]RC

Position: 036-contig_189: 51978 ... 52320; Length: 342 bp

Sequence:

CTATACCTGCTTATTCTTTAACCTTGTGGATAACTAGCATTTCATTTTAATCAATTCAGTTT
TAAAGGTCTTCATTTGTCGATAGCCATAAAAATGATATTTACGTTCAATCATATAATCATA
TCTTTCTTTAAAATTCATTGGCACAACAGGATATTGATTTAAATTATCAAAATCAATATTG
CCAGTTATGTCATTAACCTGCTTAAAATAATCAATAATTTTACTATGGTATTCATCCAAGT
AGGGCTTTGCTTCACTAGAACCTAATGTCTTATTTTTGGCAAATACATCAATCTCTTGTT
TAAATTATCAAAATACCTCTTTTGTAAATATTTGTCAT

> **nth**

Function: protein coding sequence; putative endonuclease III (core genome, constant)

Best match: nth_S-epidermidis_AGTZ01000030.1[432903:433562:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 52324 ... 52984; Length: 660 bp

Sequence:

TCACGCTTCTTTCAAACACTAGCTTTATAACGTTTTTGTCTTCTCTACAATCTTCTAATAATG
GACAAATATCGCATTAGGTTTTTCGGGCTAAACAGTGGTATCTTCCAAGAAAATGAGTT
GATGATGGCTCCTATCCATCTATCTCTAGGTATGACAGAACATAAACGGTCTTCTACCTG
TCTCACATTATCTTTCCAACGATTAATACCTAAGCGTTTAGAAACACGTTCTACATGCGTA
TCAACAGCTAATGAAGGTTCAATCAATGCTACACTCATGACTACATTAGCTGTTTTACGTC
CTACACCTGCTAAACTTTCTAATTCCTTATGTGTTTGTGGTATTTCTCCATTAAATTGATCA
ATCAAAGATTGACAAAGTTTCTTAATATTCTTAGCTTTGTTACGATACAAACCGATAGAA
CGAATATCATTCAATAAGTTCTTCATCACTGACTGCCAAATAATCTTCAGGGCGTTTTGTATT
TTTTAAACAGCTCAGTTGTTACTCTATTTACTAGAACGTCTGTACATTGCGCTGACAATAA

TACAGCAATAGTTAATTCGAACGGATTATCATGTTTTAATTCACATTCTGCATCCGGAAAC
ATATTTGCTATAACATCAACCATTTCTAATGCTTTTTTCTTACTTACCAT

> **dnaD**

Function: protein coding sequence; primosome/dnaD subunit (core genome, constant)

Best match: dnaD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1492273:1492959:r]RC

Position: 036-contig_189: 52973 ... 53660; Length: 687 bp

Sequence:

TTACTTACCATCAAGGTTCTCCCCATTTAACCAATCAAATTTAGGTACCGTTTTAACTGTG
TGCGTCAATTTTCGGTTTATTGAATTTTTCTCTTATTTTTCTAGAATCGTCAATTGTTTTGAC
ATTGTTTTTCTTCCAATTAAGTAAAATACGATCTATATTTAAAGCTAAGTTTATTCAA
CTATTCGCCTCGTCTAATGCCGCTTGTATAATTGCAGTATCGTGTTTATCAACATCAATCC
ATTGATTTAACGTTTCTATTTTCATATGGAGATAACGGCCTTGCAAATGTATCCTCTAAAAC
TCTAAATAATTGTTTTAAATTTTTCTTACTATTTTGCTCTTTCGTTTCCATACTTTGTTGCTT
CAATATATGACTTAATTTTTCGAAAAAAGGATCTAGATTCATATATTCGGTAAATCTACCT
TCTTCATCTTTTTGAACTTGTAAATTCTAGCAATTCACGTTGTATCAAATTTGAATAACCAT
TGTAATATCACGTGGTTGCATAGTTGAGCCCTTCTGAAGTAATTCAATTGAAGGCTGTTTA
TTTGATGTTTCGGAAGCATAAATCAATTTAAGCAAATGACTAAATCTTGCTCATCTAAA
CCTAAGTCACTGTAATGGTCTAATAATTCTCTTCGTATCACTACAGGTCTTGCTTTTAATT
GATATTTATCCAT

> **asnS**

Function: protein coding sequence; asparaginyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: asnS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1493287:1494579:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 53987 ... 55280; Length: 1293 bp

Sequence:

TTATGGATATAAACGGTTTAATAATCTTGGGAATGGCGCTGTTTCACGAACGTGTTCAAC
ACCAGAAATCCATGCTACTGTACGTTCTAAACCTAAACCAAATCCACAGTGTGGCACACT
ACCATAACGACGTAAGTCTAAGTAGTAACTATATGCTTCTTCGTCTAATCCATGTTCTTTA
ACGCGTTGTTCTAACAAATCTAAGTCATCCACACGTTCCAGATCCACCAATAATTTACCGT
ATCCTTCAGGTGCAATTAAGTCTGCACATAATACAGTTTCTTCATTTTCAGGATTTGGTTG
CATATAGAAAGGCTTAATTTTAGTTGGATAATTAGTAATAAACACCGGTAATCATAATG
ATTAGCAATGGCTGTTTCATGTGGCGCACCAAAATCTTCGCCCCATTCAATATCATCAA
GCCTTCTGATTTTAAGAATTCAATTGCATCATCATATGAAATTCTAGGGAATGGTGTCCGA
ACTTTTTCAAGTTTTGATGTATCACGCTCTAAAATTTTCAACTCTAGTTTACAATTTTCTAA
AACTGATTTTACAACATGTGTTACATATTGTTCTTGAATTTCTAAACTTTCAGCATGATTT
GTGAAAGCCATTTCCCCTTCAATCATCCAGAACTCGATCAAGTGTCTACGTGTTTTTGATT
TTTCAGCTCTGAAAGTTGGACCAAATGAAAATACTTTTCCGTGTGCCATTGCTGCAGCTTC
TAAGTATAACTGACCCTTTGAGATAAAAACGCATCTTGATCAAAGTATTTAGTATGGAA
TAATTCATTTGTACCTTCTGGCGCACTTGCTGTCAAATTTGGTGGATCAACCTTTGTAAT
CCATCTTTGTTGAAAAATTCATACGTTGCACGAATAACTTCATTTCTAATTTTCATTACAG
CATGTTGTTTTTTAGAACGTAACCATAAATGACGGTGATCCATTAAGAATTCTGTACCATG
ATTTTTAGGTGTAATCGGATAGTCATGCGCTTCTGAAATAACTTCAATTGATTTCACTTGC
ATTCGTATCCTAAGTCAGAACGATTATCTTCTGTAATTGTGCCTGTAACGTATAGAGATG
ATTCCTGAGTAATTTCTTTCGCAAGTTTGAATACCTCTTCATCAACTTCTGATTTAACTACT
ACGCTTGCATAAAGCCTGTTCCATCACGTAATTGTA AAAAGGCGATTTTACCACTTGAA
CGTTTATTTGTTAGCCAAGCACCAATTGTAACGTCTTGGTTTAAATGATCTTTCGCTTGTT
AATCGTTGTTTTTCAT

> **dinG**

Function: protein coding sequence; single-stranded DNA and RNA nuclease (core genome, constant)

Best match: dinG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1494901:1497594:r]RC

Position: 036-contig_189: 55601 ... 58295; Length: 2694 bp

Sequence:

TCACTTTTCTTTTTTTGAATTTGTCTTAATAATTTTCCAAACTGTTGAATGTCGCCTTTTT
CTGACGATAAATTTCAAGTGTGTTCAAAAAAGTTTTATAATTACTGTTTATAAGTCGA
TCATCAAATGAACTATTATGCCGCGATCATTTTCACTTCTAATTAATCTTCCAAGTCCTT
GTCTAAAACGTGTAAGTGCATCAGGTAATACATATTCCTTGAAAGTTGAAGTGAATTCAG
AATCCATAAGCCAATATTTTGCATTATGCTTGTTCATAAACGGTAACTTCGCTATCATCAC
ACATTTAATACCATTTGCTTGAAAATCAAAACCTTCAAAAAATGTTGACGTACCAAGCAG
TATGGCCTTATCAAAATTATTAACCTGTTGTACTATTTTATAATTTTGGTTCTGCTGTTGTG
TTAATACAACATAATCTTCAAATTCTGGCAATTCATTTAGCATATCTTGTACCATATGCAT
CATTTTATAACTCGTAAATAAGACTAAACATTTTGTATGACGTTATAGTCGTATATTCAATA
ATATAGCTTACAATCGATGCTACATACTCATCTATATTTTTATATTGATAAGATGCTACAT
CACTCGGTATAAATACACTTGTATTTTTTGCACCTTGTAAACGACGTGTTAACTTCAAATGT
ATTAAGTGAACATCTTTGTTGAATAACTGTTTAAAAGCTTCAAACGAATGATTAATTTT
AAAGTACCAGATATAAAAATGAGTGATTTAAATTTTCCAATACTTGTTCGTTAATACAT
CTTTTACAGCGTAATCTTTCACATATAAACGTATTGTTGATTTTTGAGATAAATTTTTAATC
GAAATGAACTAGTATGTCCAGCTTTTAACTTTGTTGATATTTTTAAATTTATCTTTTA
AATACAACAAGTGTTCGTAATGATTTAACTGTTTTATGACTAATGCCATTGAATATTTT
TAGCGTTTTATTTAACTTATCGATAATCGCATGTAATCCTTCAAATGTCTTTTGTTCAA
AAGTAAATACATTATGGAAGCGATGAATATCATCATATAAACATCAGAATCATTGATAA
TCGTAATATCGTTGAGAACAATTGCTCATTAACTCATGAATCTCATTACTACTAGCCTT
CAAGCCAAAATATCAATTGGTGAATATCTAATTTTTCCAAAATTCGCTGCTTTTCCAGT
TGATCAATTGCCTTTAACAATTTTTCATTTTCGTTTTTACCAATCAAACCAAGCTGATATTT
AATATCAGCATAACTCAACTCATTTGTCACTTGATTTAAGGCATAGTCTGGTAAGCGATGT
GCTTCATCCACTATACAATCATCAAACAATTGATATATTGAATTTTCAACATCAGAATGA
ATTAATGTGCATGATTTGTAATACCAATTTGAATGTTCTGTGCATTTTCGCTTAATAAAAT
TATAATAATGAACATCGTGACGTGCCGGTACATATGTTTCAATTTTCTGGTCAAATACAT
CTTTTGACCACCTTTTAAATTTAATTCCTGTATATCTCCGGACGGCGTCTCTGTAATCCAA
ATCAACAATTGCATTTTCAAGATATTCACTTCGTAATTACTTGTGTCATCTTTTAAAATTTG
ACTAATAAGTCCCAATGAAATGTAATCACTTTTACTTTTAAATCAATAGTGCATTAATTTTA
AAATTCAACGCTTCATTCATTGCTGGAATATCTTTTTTCTAACAATTGACTTTGCAGTAATT
TAGTATTGGTAGAAATCATGACATGCTTCCCAGTTTCAATATTATACATCAAGGCCGCAA
GTAAATATGCTAATGATTTACCACTGCCTAGTGATGCTTCAATCATTGCTTTTTTCACTATG
CATGAGCTGATCTAATATAGTTTCCGCTAAATATAATTGTTGCGGTGATATGTTAAGCCA
AGTTGATCTACAGCTTTGCTATATAAAGACTTCAAGCTGCCATTATAATTTGTTGTGCGCT
TTTTAAAATCAACTTGCTTACGATAGATAATCTGTTTCAACTTTTTCGTACGATTTATCCAA
TGGCTTTGCATCATATTGCCTAACCATCTCAAAGAAAATATCATACAAATCGTATTTCAAC
TGTTACTTAAATAATATAATTGCTTTAAAGTATCTAACGGTAACTTTTCAAATTTTTCAA
AAGCTAATATCATCAATTTAGCAGTAGTAGCGGCATCTTCGTCAGCTCGATGGGCATTTG
CTAAGGTAATACCATGTGCCTCTGCTAATTCACTTAATTGATAGCTTTTATCTGTAGGAAA
AGCTATTTTAAAGATTTCTAGTGTATCTATAACTTTTTTGGGACGATATTGAATATTACAA
TCTTTAAATGCCTTTTTAATAAAATTCAAATCAAAATCTACATTATGAGCGACAAAAATG
CAATCTTTTATCTTATCGTAGATTTCTTGTGCAACTTGATTAATAATATGGCGCTTGTGTA
GCATATTTTCTTCAATGGATGTTAACGCTTGAATGAACGGCGGAATCTCTAAATTTGTTCT
AATCATAGAATGATATGTATCAATAATTTGGTTATTGCGCACAAACGTTATACCAATTTG
AATGATATCGTCAAATCTAATTGGTTGCCTGTTGTTTCCAAATCCACAACGGCATAGGTT
GCCATACCCAT

> **birA**

Function: protein coding sequence; BirA bifunct protein (core genome, constant)

Best match: birA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1497618:1498589:r]RC

Position: 036-contig_189: 58318 ... 59290; Length: 972 bp

Sequence:

TTAAAAATCTATATCTGCACTAATTAACGGTGTGATTCACCCGCTTCATCTCTAACAATT
AGATAGCCATCGTAATCTAAATCAATTGCTTGTCTTTAACTGTTTATCATTTTCTGTAA
ATAGCAACGTTCTATTCCAAATATTAGAAGCTGCAATATATTCTTCACGAATTTTCAGAAA
AAGGTAACGTTAAAAATTGATTATATCTTTTTTCAATTTCTTGAAGTAATCTCTCTAAAAA
TTGATATCTATCTAATTTATTTTTATCATGTAATTGTATACTTGTGCTCTATGTCTAATAC

TTTCATCAAAGTCTTCTAGTTGTTGCGTCAAATTAATACCTATACCACATATTATTGCTTCT
ATACCATCATTATTAGCAACCATTTTCAGTTAAGAAACCACACACTTTACCATTATCAATAT
ATATATCATTTCGGCCATTTCACTTTGACTTCATCTTGACTAAAATGTTGAATCGCATCTCTT
ATCCCTAATGCAATAAATAAATTAATTTAGATATCATTGAGAATGCAACGTTAGGTCTT
AACACGACAGACATCCAAAGTCCTTGCCCTTTTGAAGAACTCCAATGTCTATTAATCGC
CCACGACCTTTTCGTTTGTTCATCACTCAAGATAAAAAATGAAGATTGATTTCCAACAAGT
GACTTTTTTCGCAGCAAGTTGTGTAGAATCTATTGAATCGTATACTTCACTAAAATCAAACA
AAGCAGAACTTTTTGTATATTGGTCTATTATACCTTGATACCAAATATCTGGGAGTTGTTG
TAATAAATGCCCTTTATGATTTACTGAATCAATTTTACATCCCTCTAACTTTAATTGGTCA
ATCACTTTTTTTACTGCAGTGC GCGATATATTAAGTGATTCCGCAATGCTTTGTCCAGATA
TATAATTCGGTTTATTTTTATAGAGTAATTGAAGTACATCTTGACTATATTTTGACAT

> **papS**

Function: protein coding sequence; tRNA CCA-pyrophosphorylase (core genome, constant)

Best match: papS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1498576:1499778:r]RC

Position: 036-contig_189: 59276 ... 60479; Length: 1203 bp

Sequence:

CTATATTTTGACATGATTATCCACCCATTTCAAATTTTCAGTTTCTTCGTTGCTTACTTTAC
CTGTTACAATCGCTATCTCAATTTGTCTTAGCACATCTTTTAACCACGGACCACTTTTGGC
ATTTAAATGTGCCATAAGTACACCGCCATTAACCATCATGTCTTTTCTATTATGCATAGGT
AAACGATGCAATGTTTCATCAATCGTTTGAAGGTTAACGATTAATGGTTCATGTCCTTGAA
TATCATTTGCCTTTAACACGTCTGCTGCAACCATTACATTTTTAATGAGATGCGTATCATA
ATCATAAACAAACATTTTTAATTGTTCTTTTGAATAATACTTGGAATGCATTCATAATT
TGAATATATTGATTGATATCTTTTACTTGTGCGTTACTTAGCTTTAAAGGCTTCAATGAGT
AATTAATATCAAATTTAACTGACACTATAGCAATCAACAATTCTAAATCAATTGGTTCAG
TTACATTAATTTGATTCATATCAAGTTGTTGAAATATGGCATATAATTAATGCTTTCAG
CGATTTTAAATGAATAAACTCTCTTCAACATTAATACCTCGCATTAAATTTAGTTAGTTCA
ATCACTATACGCTCAATTGATAAAAAATTAATATCTGCCATTTGTGTACGCATCGCTTCAA
ATGTTTCCGTTGCAATATCAAATGATAATTGTGACTGGAATCTTAAACATCGAATCATA
GTAAAGCATCTTCTTGGAATCGTTCCTCAGCTATACCTACAGTTCTTATTATTCGATTATT
AATATCTTGTGACCATCAAATAATCATAAATTTGTATGCTGTATCCATTGCTATCGCA
TTCATCGTGAAATCTCTTCGTTGCAAATCTTCGTATAAATCCCGAACAAATGTAACACCAC
TTGGTCTACGGTGATCGACATAATCTTCTCAGCCCGGAATGTTGTCACTTCATAATTTTC
ATTATTA AAAACTACATTTATGGTGCCATGTTCTTTACCTACAGGTATCGTATGACTAAAG
ATAGATTCTATTTTCATCCGGCGTTGCACTTGTGTTGATATCTATATCATGAATATTTCTTCC
CATGACATAATCTCTTACAGAGCCACCTACATAAATATGCTTCAAACCATTGTCTTGAATT
TGTTCTAATATAGGCCTTGCTGTTCAAATAATGATTTATCCAT

> **bshA**

Function: protein coding sequence; N-acetyl-alpha-D-glucosaminyl L-malate synthase (core genome, constant)

Best match: bshA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1499783:1500925:r]RC

Position: 036-contig_189: 60483 ... 61626; Length: 1143 bp

Sequence:

TACTCGCCTTACTTTTGTATGCTCATTTAGCATTTTTTGGATAATAATACTCATATTGAT
CTGTAATAAGTTCTGATCCAAAACGTTTCAGCAATATCTGCTAGCATGTTTTTCTGAAGTTT
GTTGTATAACACCTTATCTTCAAGTAATCGGATAGCATAGTCACTCGCTGAATCACAATC
ACCCACATCTACGACAAATCCAGTTTCACCATGTTTAATAACCTCTTTAATTCCACCGGCA
TTTGAACCAATTGGAACGACGCCTGTTTTCATAGCCTCAAGTAAAGTTAGTCCAAAGCTTT
CTTTTTCACTTAATAATAATACTAAGTCAGATAAATTGGTAAAATTCACTTACGCAATCTTG
TTCCCTAAAAATAAAACATCCTCTTCTACGTTTAACTCTTTCGTCAATTGACGCATTGGC
ACTAATTCAGGACCATCTCCAAGTAAAATTAATTTACTAGGTATCTTTTACGTACTTTTG
CAAATGTTTCTATAAATAGTATCTATGCGTTTTACTTGTCTAAAATTCGATACATGTATTAA
CACTTTTTCATCTGGTGCTATACCAAATTGTGATTTTGTGCTGTGTTATGTTTAGTTGGAA
ACTCATTTTACGTACAAAATTATAAATCGGTATAATTTCTTTGTTAGTTTCAATAATTTTC

ATGTGTTTCTTGTGCTAAAGATTTACTCACACTTGTCAACAATATCACTTTTTTCAATGCCA
AATTTAATTGCACCTTGGAGTGAATGATCATAGCCCAAACAGTAATATCAGTACCGTGT
AGCGTTGTCATAATTTTTATATCTTTACCTGACATCTCACGAGCTAAAATCCACAAATTG
CATGAGGTACAGCATAGTGCATATGCAACAAATCAAGATCATATTCTTTAATAACTTCAG
CGATTTTAGTACTTAACGTAATATCATACGGTGGATACTGAAATACTGCATATTGATTCAC
TTCAACTTGATGAAAAATCATATTCGGTAATGGTTTTCTTATTCTAAACGGGATATTTGAA
GTGATAAAATGTACTTCGTGACCTCGCTCTGCTAATTTAATTCTTAATTCTGTGGCAATAA
TTCCAGAACCACCCATGGACGGGTAACATGTTATACCTATCTTCAT

> **ypjD**

Function: protein coding sequence; MazG nucleotide pyrophosphohydrolase (core genome, constant)

Best match: ypjD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1501167:1501484:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 61867 ... 62185; Length: 318 bp

Sequence:

TCACTTTCTTTTCGAATCGATTTTTATCTCTTGTATTAACTTTTCCATAGTTTCATTAAAGC
TCTCTGTCATATCTATTCCCATTGAATTCGCTAAACATAACAACACAAATAAATTATCACC
TAATTCTGCTTTAATCGTATTTGCTTCCTCTGAATCTTTCTTCTTTTTTTCACCATAGGTATG
ATTTATTTACGTGCAAGTTCGCCCACTTCTTCAGTCAATCTAGCTAAGTTAGCTAATGGT
GAAAAATATCCTGTTTTAAATTGTCCAATATATTCATCAACTTCACGTTGCATTTCTACCA
TTGATTTTCAT

> **ypiA**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: ypiA_NCTC8325-4_L05004.11384:1735RC

Position: 036-contig_189: 65331 ... 65684; Length: 353 bp

Sequence:

TTATCAATAGCAACTTCCATCATATTAATTTGTTGATATAAATCTGCTTCTAACATCAACT
TTTCAGGTGATGGTTCAACATAACTTAAATATTCTAACGCTTCGTCAGTTTGATTTTCAGA
CATTAAACCTTCAATAAAAATAAATCAGCAATTCACCTTTCGTCTGGATATTTTTGATATAAC
ACGCGGAATACTTCCAAACCTTGTGGCATTAAATCCAAAATTGTAAAGTGTCTCTCCTAGA
ATAAATAATGCGTCATCGTTGTCAGTAGTTATTGCTTCATTAACACGAGAGTCTAAATTTT
CTAGTTTTTGTAGATTGATATCGTCTATTAATTTATAGATATCTTCCAT

> **aroA**

Function: protein coding sequence; 5-enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (core genome, variable)

Best match: aroA_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000007.1[24732:26030]RC

Position: 036-contig_189: 65690 ... 66989; Length: 1299 bp

Sequence:

TTATCCCTCATTTTCTAAAAGCTTTAGTTTTGGTAAAAATCCTGGAAATGATACATTTACA
GCATCAAATTGTTTGATTTTGACAGGCTCGCTTGAAAGTAGAGAAGCAACTGCAAGCATC
ATTCCTATTCGATGATCAGTTAAACTATCAACTGTTGCATTTGTTTTAAATTCTGACGGAT
GAATAATCAATCCATCATTAGTTGGTTGTAATTCAAACCCTAACAAGTTTAACATATCAG
CCGTTGTATCAATTCTATTTGTTTCTTTACTTTTAATTCCTCGGCATCTTTAATTGTA CTG
TGCCAACTGCTTGTGTACAAAGTAATGCTATTACAGGCAGTTCATCAATTGCTTTTGG AAC
TAATTCTCCTTCGATTGTTATTGGTTGAAGCATTGGTGTGATTGAATACGAATAGAAGCA
GTAGGTTACGACACCAGTTGTTGATTGAAAAGTTGGATATTACCGCCCATTTTTTCAACAA
TATCAATAATACCTGAACGTGTTGGATTGATTCCAACATTATGAATTGTTACATCACTTCC
TGGTGTGATAAGTGCTGCAACAATAAAGAACGCTGCAGATGAAATATCGCCAGGAACAT
GAAAATCTGCAGGTTTAATGTATCGAATTGCTTCAGGGGTTGTATTAATTGATAACCCTTC
TGCTTCAATTGGAATATTAATAATGTTTGAACATCGTCTCAGTATGATTTGACTTACATCT
AATTCTTTAATGATGGTTCGGTTCCTTAGAAAACAACTTGCAAATAAAATGGCACTTTTTA
CTTGTGCACTTGCAACTCCCATTTGATAATTTATACCTTTTATGACAGATGGCTTAATAAT
TAATGGTGTATAATTATCTTCAATACCTTCAATATTCGCATCCATAAGTTTCAATGGTCTC

AAGACACGATCCATTGGCCTTTTACCAATTGAAACATCGCCAGACAAAACACTTTCAATA
CCTAAACCACTTAACAAACCAGCTAATAATCGTGTTGTCGTACCAGAATTACCTGTATAC
AATACTTGATGTGGCGTGTTAAAAGATTGATATCCTGGGGAAGTCACAATAATTTTTCA
TCATCTTCTTTGATTTCTACACCTAACAGTCGGAAAATGTCCATCGTACGACGACAATCTT
CGCCAAGTAGTGGCTTATATATAGTAGATACACCTTCAGCTAGCGACGCCAACATGATTG
CACGGTGTGTCATTGACTTATCGCCCGGCACTTCTATTTGCCCCTTTAACGGACCTGAAAT
ATCAATGATTTGTTCAATTTACCAT

> **aroB**

Function: protein coding sequence; aroB (core genome, variable)

Best match: aroB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1580838:1581902:r]RC

Position: 036-contig_189: 66998 ... 68063; Length: 1065 bp

Sequence:

CTACTTAAAATATGTTTTAGTTGTTACACGCATGTTGCAGTGTGTTTGGATCAATGTGTT
GCACTACAATATCGCCAAAATGTTTAATCAATACCATTTGAACTCCTTGTTTGTGCTTCTT
TTTATCACTTAGCATGTATTGATATATCGTTTCGAAATCTATGTCGGTTATTGTTTCTAAAG
GATAACCTAATTTGTTAAATAATTAATATAATGTTGGATATCGTGATTAGAATTGAACA
ATATATTCGCAACAATAAATTGATATATTATGCCTATCATTACGGCATGACCATGAGGTA
TTTTATGATAGTATTCAACAGCATGCCCAAATGTATGACCTAAATTTAAAAATTTACGTAC
ACCTTGTTCTTTTTTCATCTGCAACAACAATATCCAGCTTCGTTTCAATACCTTTAGCAATAT
ATTTATCCATACCATTTAATGACTGTAATATCTCTCTATCTTTAAAGTGCTGTTGATATCT
TGCGTCGTTGATTCACCATTCAATAACGCATGCTTATAAACTTCTGCATAGCCACTTAATA
TTTGCTCAAATGGTAACGTCTTTAAAAAATCTAAATCATAAATCACAGCAGTTGGACGAT
AAAATGCACCGATAAGGTTTTTACCTTGTTTTGAGTTAATACCCACTTTACCGCCAACT
AGAATCATGCGCCAAAATCGTTGTAGGAACCTGTATAAAATGGACACCTCTTAATAGTGT
TGCTGCTACAAATCCTGCAAAATCTCCTGTGCGACCACCACCAACAGCTATAATCGCTGT
ATTACGCGTTACATGATGTGACAAAATGTATTCTAATGTTTCTTGATATTGCTCAAATGTT
TTCGTCTTTTACCAGCTGGAATAATGACTTTATGCACATTTTCATATGATAAAAATATCAT
CAAATTTATCAGCAAAATATTGATTTACATGCTCGTCAATTAATATAAACTTTGATCAAA
CTGATCAATATACGTGCTAATATGGTCAATTGCACCATGTTCAACAAATATTGGATAATT
GTTTGAAGGATAGGTTGTTTGTAAATTCAT

> **aroC**

Function: protein coding sequence; aroC (core genome, constant)

Best match: aroC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1581928:1583094:r]RC

Position: 036-contig_189: 68088 ... 69255; Length: 1167 bp

Sequence:

TTAAAACTCAACATTTAATTGTCTGCGGTCAGCAATTTGTTGTTGAAGTTGTTCAATATGG
TTTGATTGAACTCTTCAAGTAATGCTTTCGCTATTTCAAATGCAACAACGTGTTACACA
CTATACTTGCTGCAGGTACAGCACAACCTATCAGAACGTTCAATTGTTGCCTTAAAGTCTTC
TTTAGTATTTATATCAACTGAATTTAATGGTTTATATAACGTAGGAATAGGTTTTCATTACA
CCATTTACAATAATTGGCATACCATTTGACATACCACCCTCTAAACCACCTAAATGATTAG
ATCCACGATAATAACCAATTTCACTATTATATAGAATTTTCATCTTGAATCTCACTACCTGG
CTTTTCAGCTGCTTTAAATCCTTCACCAAAGCTTACACCTTTAAAAGCATTATGCTGACA
ACACCTTGTGCAATCTTACCATCTAACTTACGATCATAATGCACATAACTACCAACACCA
ACAGGCATATTTTCAACTACAACCTGAACGACACCGCCAATTGAATCTCCTTCATTTTTAG
CTTCGTCAATTTTATCTCGCATTGCTTGTGCGATACTGTCATCAATTACACGAACATCATT
ACGATCAAGATTTGCTTTAAATGTTTCTGAATCATAAAAATCTTTATCTTTAATTCACCT
ATTTCAACAACACGACTGTATATATCGATATCTAACTGTTGTAATAAACTTTACATAAGG
CACCGACTGCAACTCGAGCTGCTGTTTCTCTAGCAGATGATCGCTCTAGCACATTTTCGTAA
ATCACGATGATTATATTTACATACCTCCAACCAATCTGCATGACCAGGTCTTGGTTTTGTA
ATAGTACGTTTCATATTTTACGTTCTTCTTCACTTATTGGAGCTGCTCCCATAATTTTTCT
CCAATGCGTAAAGTCATCATTGGTTACAACCATAGTAATTGGACTACCTAATGTATAACC
ATTTCTAACGCCTGATACTATTTCTACTGTATCTTTCTCAATTTGCATGCGTCGGCCACGA
CCATAACCCCTTGACGCTTGAACATTTCTTTATTAATATCTTCAACTTTAATTTCTAAATT

TGCTGGTATACCTTCGACAATAACTGTTAATTGAGGTCCATGTGATTCTCCTGAAGTTAGATATCTCAT

> **Q2FYG8**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FYG8_CC001_MSSA476_BX571857.1[1534588:1534788:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 69641 ... 69842; Length: 201 bp

Sequence:

TTAAGCGCTTTTGTATACTTTGACTTCAAAAATATAATCAATTCTTTACTAATACATAA
AAAATATAAATGAGAGTCAGTATAAAAATAATTTTTGTTATAGGATTAAGTGGTTTATCT
AAAATATAGCACCATATAGTAATTCATTAATTTAAGAACATTA AAAATCCCCAAAATA
ATCGAAATAATATTCTTCAT

> **ndk**

Function: protein coding sequence; nucleoside diphosphate kinase (core genome, constant)

Best match: ndk_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[82476:82925]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 70050 ... 70500; Length: 450 bp

Sequence:

TTATTCATATAACCATGCATCACGTGGTGAAGCATAGCTAGTAATTTTCATTTTCATTAAC
CATAGATTAATTTACGTTTCAGCAGACTCTAATGAATCTGAACCGTGAATGATATTTCTAC
CAACAGTTAAACCTAAATCACCTCTAATTGATCCTGGTGAAGCTTCTGAAGGATTGGTGC
TGCCAATAATATGTCTAGATACATTA AACTGCATCTTCACCTTCAACTACCATTGCGAACAC
TGGTGCTGATGTAATAAATGAAATTA AATCATTATAAAACGGTTTGCCTTGGTGTTCACC
ATAATGTGTTTCAGCAAGTTCCATTGGTACTTGCATTAATTTACCACCGACAAGTTT TAGT
CCTTTTCTTTC AATTCTTGAAATTA CTTCACCAATTAGATTTCTTTGTACTGCATCTGGTTT
AATCATTA AAAAATGTACGTTCCAC

> **gerCC**

Function: protein coding sequence; heptaprenyl diphosphate syntase component II (core genome, constant)

Best match: gerCC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1509891:1510850:r]RC

Position: 036-contig_189: 70591 ... 71551; Length: 960 bp

Sequence:

CTACGTGTTTCTTGAACCCATTTTTTCGTCAAACCTAAAAGTAGTGATTTCCGGATGTCCA
TCTGGTAACTCAGAAATCAAATCCAAAGCTTTACTTAAATACTTCGAACTTACTGCTTTAG
ATTCATTAATACTGTCAGACTTTCTAATAATTTGAATACATTCTTCAAATTTCTTTTCGATCG
CTGTCACGTGTAATTGCTCAATTTCAATTTGAAGTCTGGGTTTTTACGCATTTCTAATA
AAATCGGTAACGTAATATGACCATTAAGCAAATCACTTCCGACCGGCTTACCTAATTTCTT
TTCGGTACTTGTGAAGTCTAATACATCATCAATGATTTGGAAGCTCATACCTATATAATGA
CCAATCATTTTCAATTTTCGTACAGTCTCTTTATCAGATTGAGATGTAATTGCACCAACTT
CAGTTGATAAATTGAATTAACAGTGCTGTTTTGCGATTGATACGTCGTAAATAAATTGATAAT
TGCTGTGACTGTTAAATTGGTCTTGAAATTGGAAAAGTTCCCCTCTACAAACATCAACG
ATAGATTCAGATATCAATTGATGTACACGATTATCTTTAACGGCCATTAAGTGTTCAAGTC
CTAATGCCAATAAAAAAATCCAGTTAAAATAGCCGTTGTCTGATCCCATTTCTTTGATAT
GGTAACTTGCCTCGACGCTTGTGCTTTTATCAATAACGTCATCATGAACAAGTGTTGCC
ATATGAATTA ACTCTAATGCGACTGCAACATGATACGTTTGTTCAGACGTTTGTTCATCTT
TACCAAATTGGCTACTCAGAATCACA AATGCAGGTCGTACACGTTTTCCACCAGAAGACA
ATAAATGTAAAGAAGCTTGTCTAGAACAGAATCTTTACTTTTTATTGCCTTTTCAAGTCG
TTGTTCCACTTTCTTAATTTCAATTGTTTCATGTTTAACTTTGCCAC

> **ubiE**

Function: protein coding sequence; menaquinone biosynthesis methyltransferase (core genome, constant)

Best match: ubiE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1510852:1511577:r]RC

Position: 036-contig_189: 71552 ... 72278; Length: 726 bp

Sequence:

```
TTAATCACCTTTGGTATTATCTTTTTCTTTATAGCCAAGGTGCATTGCAGCAACGCCCCCT
GTAAAACTACGTACTCTTACATTTATGAAACCCGCTTCTTCAAACATGCGCTTCAACTCTT
CTTTTCCAGGAAAATTAACGTAGATTGCTGTAACCATTCATATTCTTCTTTTGATTTTGC
AAATAATTTTCCAAAAATAGGCATAACAAATTTAAAGTATAATGCATACATTTGTTTAAA
GACTGGCAAAGTTGGTTGGCTCGTTTCAAGACATAACCACCATAACCACCTGGTTTAAAGTAC
TCTATTCATTTCTTTTAAACGCGACTAAATAGTCTGGCACATTTCTTAATCCAAACCCAATT
GTTACATAATCAAAGAATTGTCTTCAAACGGCAATTCCATTGCATCACCATGAACAAGT
TTAACATTTTCCATTGAAGCAGTTTTTTCTTTTCTACTTCTAACATATTCTCACTAAAGTC
AATACCAGTAACTTACCTGTTGGTCTTACAGCTTTGCTTAATGCGATTGTCCAATCACCA
GTACCACAACAAACATCTAATGCTTTCGTCCCTTTTCTAACACCCATGTCTTTCATGACGC
GTTTTCTCCATACTTTATGCTGCTCAAACTAATAATATTATTTAATCTATCATTTTTTTT
GAAATATTTTGAAAAACGCGATGTACTTGCTCTTTATTTGCTTTATTGTCAGCCAT
```

> gerCA

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: gerCA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1511580:1512152:r]RC

Position: 036-contig_189: 72280 ... 72853; Length: 573 bp

Sequence:

```
TTAATTACCTCTACTTTTTAAATAACTTTTTGGGATATCGTGTAAGTAATGCTTTACTTCAC
TTTGATTATATTCTTGAAGTATGATGGATAGTAATCAGACATATCTTCAAATAAATAATT
ATATATTTCCGACTCATCAATATTGATACCGAAATGAGATAACGTAATATATGGGAAAAG
TGTTTCAATTTTTACTATTGCTTGAGAAATTCATAATCATTTAAAGCTTGATGATGTAAT
GAAGATTTCAATTCATTAATTTCAACAATTGCTTTACTAATTTTCAATTTTGAATGATAAAT
CATTGATTTCTGCTAGTAGCGTATAAAAATGTGCACTAATTAATCTCCAATCAAAATGG
AATGTTTAGACAAATGATTATATGTAATGTCATCAAGGTGTCTCATTGATGTGTCAATTGT
GAGGCATGCCACTTTGGCAACATCTGGAATATCATATGAATCAAGTAACTTACCTAACCG
ATGATTAATATTAATGGATTTCATATTCTGATACGCCCTTTAATCTTTCTTCTATTGTCTTT
CCAATTTGCTAACAGTTGTTTCCAT
```

> hup

Function: protein coding sequence; DNA-binding protein HU (core genome, constant)

Best match: hup_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1512583:1512855:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 73283 ... 73556; Length: 273 bp

Sequence:

```
TTATTTTACAGCATCTTTTAAATGCTTTACCAGCTTTGAATGCTGGAACCTTTACTTGCTGGG
ATATCAATTTCTTTACCAGTTTGAGGGTTACGACCTTTACGTGCAGCACGTTACGTACCT
CAAAGTTACCGAAACCAATTAATTGTACTTTTTACCTTTAGCAAGTGAGTTTTGGATTGA
TTCGAATACAGCATCTACTGCTGAACCAGCTTCTTTTTTAGTTAAATCAGCTTGCTCTGCA
ACTGCATTGATTAATCTGTTTTGTTCAT
```

> gpdA

Function: protein coding sequence; glycerol-3-phosphate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: gpdA_CC001_MSSA476_BX571857.1[1538674:1539672:r]RC

Position: 036-contig_189: 73726 ... 74725; Length: 999 bp

Sequence:

```
TTATTCAGATTTTTTATCGCGCTCCATTAATCTTTTACGCATTCTTTTACTGAGATATTTT
CAAATAATACTCTATATAATGCATTTGTAATTGGCATATCCACATTTTTTTCTTTAGCTAA
ATGATAAACTGATTTAGTTGTATAAATACCTTCAACAACCATATTCATTTTCAGATAATGCT
TGATCCATTGATTCACCTTGCCAAGTTTATATCCTAATGTGAAATTTTCGAGAATGTGTTG
ATGTGCAAGTAACGATTAAGTCACCGATACCACCTAAACCTAGAAATGTCATAGGATCGG
CACCTAACTTTTACCTAATCTACTAATTTCCGCTAAACCACGAGTCATTAATGCAGCTTT
TGCATTATCACCGTAGCCAATTCCAGCTACGATACCCTTGCTACTGCGATGATATTTTTTC
AATGCACCACCAAGTTCAACACCAATCAAGTCATCATTTCGTGTACACACGTAATAATCA
```

TTCATAAATAAATCTTGCGTAAATTTACTTACATTTTTATCTTTTGATGAAGCAGCAACTG
TAGTTGGTTGCTTGACTIONACTTCTCCGCATGACTTGGCCCGGACAACACGCCAATACC
TGCATTATATTCAGGTGAAATAGAATCTTCAATCATTTCTGACACACGTTTAAATGTCCCA
TTTTCAATACCTTTAGCAACATGTATAAAAAGTCTTTTTAGATGTCAGCTTATCATTAATTT
GAGTAGCAACTTCTCGCATTGCTTTAGTAGGTAAAGCCATTAAGTAAATATCTGCAAATTT
GAATTGCTTTGGTCATATCTGAAGTAGCGATGATGTTAACATCTAATTTTCGCGTATTTTTAA
ATACTTTTTATTTGTATGACATGTATTTAATTCATCAACAGCATCTTGATTTTTACCCACA
TCAAAACATCATGTCCATTTTCTGCAAGAACATTGGCAAGGGCTGTCCCAAACCTTCCCA
TACCAAAAACGGTAATTTTAGTCAT

> **engA**

Function: protein coding sequence; GTP-binding protein engA (core genome, constant)

Best match: engA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1514041:1515351:r]RC

Position: 036-contig_189: 74741 ... 76052; Length: 1311 bp

Sequence:

TTAATTTCTCTTTTCGAGCTATAATATGAATTGGTGTACCTTCAAACCAAAGCGGCACG
GATTTGATTCTCTAAATAGCGTTTATAAGAAAAATGCATTAATTCTACATCATTAACAAAT
ACAACAAATGTCGGTGGTTCTATAGCAACTTGTGTTGCATAAAAGACATTCAAACGTCTA
CCTTTGTCTGTTGGTGTAGGGTTCATGGAAATTGCATCAGTAACGACTTCATTTAAAGTTG
AACTTTGAACACGTTTTTTATGGTTTTCACTTGCTTCATTAATGTAAGGGAATAATGTACG
TAATCTTGTGCGTTCTTTAGCAGACACAAAAGCAATTTGTGCATAATCTAAAAATTGGAA
TTCTTTACGTACTTCATCTTCAAATTTCTTCATCGTTTTACTATCTTTTTCCACAGTATCCCA
TTTATTTACGACAATCAGACTGCTTTACCTTGTTCATGTGCATATCCTGCAACGCGTTTA
TCTTGTTCAATGATGCCTTGTCTGCATCAATGACCACTAAAACAACATTTGAACGTTCAA
TCGCTTTTAAAGCTCTTAGTACTGAATATTTCTCAGTTGATTCATATACTTTTCCTTTTTTA
CGCATAACCAGCAGTATCGATTA AACATAATCTTGTCCATCATAACTATACTCTGTATCAA
TAGCGTCTCTCGTTGTCCCTGCAACATTAGAAACGATAACGCGATCTTCACCTAAAATAG
CATTTACTAAACTTGATTTACCTACGTTTGGTTCGTTCCAATAATGGATAGTCGAATTGTATC
TTCATCATAAGGATCTTCTTCTCTTCCCAAATGAGAAACAACACTGCATCTAACAAGTC
ACCAAGACCTAAACCATGTGATCCTGATATCGGATACGGTTCACCAAATCCTAATGAATA
GAAATCATAACCGTCTGTACGCATTTCCATATTATCTACTTTGTTAACCGCTAATACGACC
GGTTTTTTAGATTTGTATAAAAATTTGAGCGACCATTTTCATCGCTTTGTGTCAATCCTTAC
GCACGTTAACCATAAAAATAATAACATCCGCTTCATCTATGGCGATTTCTGCCTGCGCTCT
AATTTGTGTTTGAATGGTGCATACCAATTTCAATACCACCTGTATCAATAATATTGAAA
TCATGTGTTAACCATTCACCTGAAGAATAAATACGATCTCGTGTTACACCTGGCGTGTCTT
CCACAATCGAAACACGTTCTCCAATTTCTATTA AAAATTGTAGATTTACCTACATTAGG
CCTACCTACAATAGCTACTATAGGTTTAGTCAT

> **rpsA**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S1 (core genome, constant)

Best match: rpsA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1515573:1516748:r]RC

Position: 036-contig_189: 76273 ... 77449; Length: 1176 bp

Sequence:

TTATAGTTTAAAGATTTTTAAGTTTATCACCATCATATCGCCAATTGTTGGATTATCTTCTT
CTTCGTTTTCTAAGTACGCCTTAGTCGTAGAAGGATCACTTCAACAACATCTTCGTTTGG
TAATGTTGCTTTAATAGATAGTGATACTCTTTCATTCTCTTCATCAATACCTAATATTTTTAA
CATTTACTTGTGACCAGGTTCTAACACTTCACCTGGCGTACCAATGTGTTTGTGTGCAAT
TTCAGAAATATGTACAAGTCCTTGTACACCTGGTGAATTTCAACAATGCACCAAAGTT
TGCCAATCTTACTACGACACCTTCAATGACATCATTTTCGTGGAATTGACCTTTAATATTT
TCGAAAGGTGTTGGTAACGTATCTTTGATTGATAATGAAATACGTTCTGTATCTCTATCAA
TAGATTTAATTTTAACTTTAACATCTTGACCAATTGAAACTACTTCTTCTGGTGTTTGAAC
ATGTTTCGTGAGAAAGTTTCAGATACATGCACTAAACCATCAACACCACCAATGTCTATAAA
TGCACCAAATTGAGTTAAACGCGCTACTTTACCATCAATAACATCGCCTTCATTTAAAGAT
TGTAATAATTGATCTTTTTTAGCATCGTTTTCTTCTTGTTCAACTGCTTTACGGCTTAAAAT
GACTCTATTATTTTCAGGATCCAATTTCAACTTTAATACGAATTGTTTGTCCATCAAAC

ACAGAGAAATCCTCAATGAAGTCTGTTGAAATTAGTGAAGCCGGAACAAAACCTCTTTGT
CCTACATCAACAACCAAACCACCTTTAACAACCTTCTGTTACTTTTCGCTTCGATGATTCAT
TATTATCTAATTTTTCTTGTAATAACTATAAGACTTCTCAGTTTCAAGTTGTCTTCTAGAT
AAGATGTAAGCTCCAGTTTCATTTTCTTCATCAAACCTCAACTTTAGTGACATATGCTTCAA
CTTCGTCGCCCTCTTTTACAACCTTCACTTGGGCTATCAATATGATGCGTAGATAGTTGACT
AATAGGAATAATCCCATTAATAATTTACCACCGTTGATATGAACAACAACCTTGCTTGTCTTCA
ACTTGTGTACCTCGCCAGTGACTTTGTCACCTTCTTTAATATCGTTAATCATTGATTCAAT
GAATTCTTCAGTCAT

> **Q2FYF8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2FYF8_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1517005:1517102:r]RC

Position: 036-contig_189: 77705 ... 77803; Length: 98 bp

Sequence:

TCATTGTTCTCTACAAGATATATTATAGTAAAATTTTATACTTTTATAAAAACAAAAGCCA
CGTAATTGAGAACTTTTACATTTTGTAGTAAGAAG

> **cmk**

Function: protein coding sequence; cytidine monophosphate kinase (core genome, constant)

Best match: cmk_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[74170:74829]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 78146 ... 78806; Length: 660 bp

Sequence:

TTATTTAATTTGACTCACCATCGCTAAAATTTTCGTCAGTAACTTCTTCAATCGACTTGCCT
GTCGTATCTAATGTCACCTGCATCATCTGCTTTTCTTAATGGTGATATTTACGGTTCATGTC
ATATTGATCACGAGCTTCAATATCACGTTTTAAATCTTCAAATTTGATTCGATACCTCTT
AATTGATTATCTTTATATCTTCTTTCTGCTCGCTCTTCAACTGATGCAATCATATATACTTT
TAAATCTGCATCTGGTAGCACTACAGTTCCGATATCGCGACCATCCATTACGATACCTTTT
TCTGCAGCTAACTCTTTTTGTTTTTAAACGGCGAATGAACGTACTGGCTCTTTAGATGCAA
CGTATGAAACATGTTGCGTCACATCATTATTTCTTAAAAAGTCTGTTACATCTTCGTTATC
TAAAATGACACATTGACCTTTATCTGCTTTATAAGTTAAATCTAATGTTGTTTGGTCAACT
AGTTTTGCAAAGTCCCTCAGTTTTGTTTAAATTTTAAATATTTGTATGTTAATGCACGATACA
TTGCTCCTGTATCGACATAAATCATTGATAGTTCACTGGCTACACGTTTTGCAATTGTACT
TTTTCCGGCAGCAGCTGGACCATCTAATGCAATATTAATGGCTTTTCAT

> **ansA**

Function: protein coding sequence; putative L-asparaginase (core genome, constant)

Best match: ansA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1518182:1519150]

Position: 036-contig_189: 79701 ... 79851; Length: 150 bp

Sequence:

TACGCATACGATGGTGGTGGTTACCAACTCGCACAACAAGGTTTTATTTTTTCTAACGGTT
TGAATGGTCCAAAAGCAAGATTAATAATTATTAGTTGCGTTAAGCAACAATTTAGATAAAG
CTGAAATCAAATCATATTTTGAATTATAA

> **A5IT07**

Function: protein coding sequence; FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase (core genome, constant)

Best match: A5IT07_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1519265:1520251:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 79965 ... 80952; Length: 987 bp

Sequence:

TTATGATTCTAACGGCGTTTTGTTTCTTAGCTAGCATGCTTTGAGCAATAATGCCACCGTGG
AATTTACCATTTTCAATAAAAATGGTATTCGCATCATTCCCTGCAGCAATCACACCTGCAA
TGTAGCAATTTTCGATATTTGTTTCGTATGTCTTTTATTATACATAGGCGCTGTTCCAAAT
TCATTTGTATTAATTTGAATACCTACAGATTTTAAAAATTCATAATCGGGATGATAACCAA
TCATCGCAAAAACATAATCATTGTGTATCGTTTTACTTTACCATTACTTCATAAGTCAC

AGTATCTTCAGTTATTTGGGTAACATTAGCATTAAATTCCATGTCAATTTTTTTCATGATTTA
CTAATGCTGTGAAATTTGGAAGTATCCACGGTTTAATTGAAGGCGAATAATCTCCACCAC
GATATAGAACCGTCACGTTAGCACCAGCTTTTTCCAACCTCAAAGCAGCATCGATAGCCG
AATTCTTACCACCAATAATAACAACATCTTGATCAAAATACGGATGTGCCTCTTTAAAAT
AATGGAACACTTTAGGTAAATCCGCACCTTCAACCTCTAATGTATTATGCTGACCATAAT
AGCCTGTCGCGATTGTTAAAAATCGACATTCATAAACATCTTTCGTCGTAGTAATTGTAA
TTTATTATTCATTTTTTTAACAGTTAATACTTCTTCAAATGCATTTACTTTTAATTGATGAT
GTTTTACAACCTTCTCGGTAATAAACTAGCGCTTGATTACGTCTTGTTTTACTTTCTTCAAC
GATAAACGGTACGTCCCAATACTTAATTTATCACTTGATGAGAAAAATGTTTGGTGAGT
AGGATAATTATATATTGATTCAACGACATTACCTTTTCAATAATTAAGGTATCAATACCT
TTTCTTTTTTGTTCATAGCCGCACTTAATCCGCATGGCCCTCCACCAATTATGATACTTTC
AACTTTTTGCAT

> **ebpS**

Function: protein coding sequence; cell surface elastin binding protein (core genome, variable)

Best match: ebpS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1520653:1522113:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 81353 ... 82814; Length: 1461 bp

Sequence:

TTATGGAATAACGATTTGTTGACCGTTTCTAATATTGTTACCACTTAAACCATTGGCACGT
CTAATTTTTTCAACATTTTCCGGTGAACCTGAACCGTAGTATTGAATTGCGATACGGTATA
AGTTTTCTTGACCATTCACTGTATGTCTTTGGCCACCACCTTGACGTTGTTGTTGCTGTTGT
TGATTTTGATTAGCTTGTGTTGATTTTGATTATTTTGTGCTTGATTGTTGCTTGATTAGC
GTTGTTTTGATCATTATCAGATTCATCTTTAGTCGCTTTGTCTTGATCCTCTTTTGATTTATC
ACTGTCTGTAGATTTTGATTTATCTTTAGAAGCGTCTTTAGATGTGTCTTTGTCTTTACTTT
CATCAGCATTATTTTTATTTGTATTCGCGATTTTATTTCTTTTGTACCATTATTATGATTGT
TTAATGCCATGCCTCCAAATATCGCTAATGCACCGATAATTAGTACAGCTGCAATTAATG
GTAACAATACTTTGGCCATGCCACCTTTTTTACGTTCTTTATCTCTGTCATGATTGTCATGT
TCATCATGGTTTTGGCTTGCATTATTAGAGGCATGTGGTTTTGAAGCGGCAGAAGCACTTT
TACTTGCTGCGCCTCCAGCCAAACCTGCTGTTCCAGCACCGATCGCTGCACCTTTTTTGCC
ATTATGATGATCTTTAGACTTATCTTGAGACACTTTATCCTCAGTCGAGTTATTCGACTTG
TCAGAATTACTTTTGTGTTGAGCGTCATTTGAATGTTTCTTAGCTTTAGAAACACCCATTG
CACCAGCTGCACCTGCAACACCCGCTGTTCCAGCACCAATTGCTGCGCCTTTTTTACCCT
ATGATGATCTTTAGATTCATCTTTGTCTTGCTTAACAGTTACATCATCATGTTTATCTTTTG
ATGTATTTGCTTGGTTAGCACCTGTTGCAAAATATGGTTTAGGTTGCTGAGATTGTTGAGC
TTCACTCTTATCAGAACTGTTGAATGCTCAGTGTTATTTTCTGCTTCTTTAATAGTCTCGT
GTTTATCATTGTCTTCGATTGGTTCTGGATGTGATTTATCCATTGCAAAAGCATTCTTATTA
TAATATTCCTCTTCATGTTGAGGTGACTGTCTTGATGGCTAGGTTCTTGACTTTCAGTACT
GTGTGATGATTCGACTTGACGATCATCTATTGTGCCAGCCTCATTTTGAACATTGTCTTCA
GATGTTTGTGATTCATTGTGAACTTGTTTATTATGATTCGTTGCTAAATCACGGCGTCTTTT
TCTTCTTTGGGCATTTCTTGGCGGAACTGTTGCTCCGTATTCTCTATTGTATCCTGATGTT
CTAATTCTGATTGGTCTTTTTTCAACATCTTCCGTATGGTCTTGATGTGAATTTGTGTCTATC
GATTGACGATTTTTTTCAAAGTCATCTTTAAAATTATTAGACAT

> **recQ2**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent DNA helicase (core genome, variable)

Best match: recQ2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1522266:1523645:r]RC

Position: 036-contig_189: 82966 ... 84346; Length: 1380 bp

Sequence:

CTATCTGAGAAATAAATTTTGCAACTTTTCATCAAATCCAATACTTCTAATTACCTTCTTCT
TATTTAAAATTGCGATATCAGTTATATTAGAATCATTGTCACAACATCGATCTTGTGCCGG
TGGATATTCACCGAAAAATTCTAATAAATACTTCCGTCTACATTGATCCAATTTGCAATAG
CCAATCATGCGAAAGAATCCTAATTGCTTTCGTTTAAATGATTGCTTAAATATCTGTTTCA
AGGCGCCGATACTATAGAATGAATGCAACGTTGTCAAACGTCCTTGTTTATCGGGAGCTA
AAAATTCTCCTATTTGAAATTTTGTACATCTTCTTCTGTTATCATATCTGCAAATAATAAC

GTTTCTAAAATATATTTATCGTCCGGTTGGAATAAACTAATTGCCTGACTTAGTTCACCAT
CGCGACCCGCACGGCCAATTTCTTGAATGTAGTTAGAAGGACTTGTTGAAAGATGAAAGT
GAATGATTGTGCGAATATCTTTTTTATTAATTCCCATAACCAAAGCACTCGTTGCGACTAT
AATCGGAATATCATTATTTAAAAAATTGTTGTTGAACTGTGTGTCGCTCTTGATAATTCATA
TCACCATGATAAATACCTGTAAGAAAACCTGAATCATAAATAAGTTGCGCTAAATTCAGA
CACATCTTTTTTCGATGAGACATAAATAATCGTTGGTCCCAGACTGTTGTAGAAACGGCAGC
AACCATTCAATTTTATCTTCATCATCATGAAAATTAAGATGCTTAAAGCTTATGTTTGGGC
GATTCATTGTAGTTTTAATAACATTGAATTGAATCGCTAACATTTCCGTCAAATCATCTTG
TAAATGCGGTGGTGCAGTTGCTGTCAATGCTAAGACAACCGCTTCTTTAAAATGCTTTGTT
ACTTTTCCTATTAGAGCATAATGTGGTCTGAAATCATATCCCCATTAGATAGGCAATGTG
CTTCATCTAGAACAATCATGCCAAAGTCTATCATAGATATTAATTTAAAATTTGACGGTTG
CAGGAGAAATTCTGGACTTAGAAAGATGAAGCGGCTATGTCGTAAACATTTAATATTATG
CTTTTTCTCAATTTATCCATACCAGAGTGAATAGATGTTACATGTTTTTCTCCATTTATTT
TCAACTGCATAACTTGGTCATCCATTAAGATATTAACGGTGAGATAATTAATGTCCGGCT
TACCTGATAAATACGTAGGTATTTGATAACACAACTCTTCCACTTCCAGTTGGAAGAA
TACCTAGAGTGTGCTGTTGAGACATTATACTTTCTATAATTTCCCTGTTGTCCCGGTTAAA
ACTCTCGAAGCCAAATTTGTTTCGTAAAATATCATGCAACAT

> **A5IT10**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A5IT10_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1523635:1524588:r]RC

Position: 036-contig_189: 84335 ... 85289; Length: 954 bp

Sequence:

TCATGCAACATTCAGATCACCTCTTTCAAATCCAACGATTAATACTTTTAATTGAAAATAT
GATAACGTGTCAAATTGTTCTTTGTAAAATTTAATCGTTCCGCCACGATGTTGTTGATAAA
AATTCAAAAATTGCAGTTGATTTTCTTGTTCACATAATCATCGTAATTAGACATGTAACC
TTTGATTAAGATTTCAAGTACATGATCTTCGATAGTATTGATTTAACTTGTGTTGAGCC
GCTATATCTTCCATCGTGAATTGTTCAAGCAATCTTGTATAAGTAATATAAGTTTGGTTTA
ATAATGTAGGTTTCATTATTTTGTATAAAATAGTATATTCTCCACTTTCTAATTCAAAC
ATCATTATCACTAAATTATTCATTTTCGTATTCAAACAATTGCTGTTGAGATAGTTTTTCTAT
TAAACTAACTTGTGCTCGTATACATTGGTTCATCATAGCCTTGCAAATAATAATGTAAG
TAACATGGCCCTTTTAAAGTTATTGCTTTAAACAAGTTATGTAGTTCATTTTCAAATCAA
TTTGTAGCTTGTTCCTTAATGTAGTTATAGACAATCTTTACAGTTTCTTGTATCTTATTA
TTTTGAGAGATTGGTACAAAATGAAAACATGTTGTTTGGTATTAGACATGGTTTGCAC
AATAGTTGAATTGCTTCAAATGTTTGCCCCATACTTTCAAATGTATATCTAGGATGCAACA
TGATTTCCATTTACGATTAATTCAGTTATATTTTCTAAAAATAGCTCAAAGACGGATA
TTTTAATAGTGGTAAACTGTGATATAATGACAACTGTTGTTGACTACAAGCGTCAAAAAA
GGTTTGGTGAGATTTCTTACCAACTAAGATATTGTAATACTTTTATTTGTTTTATAGTTA
AATGTTTGTGTAATGCTGTTTTTATAATGTGTTGCAA

> **fer**

Function: protein coding sequence; ferredoxin (core genome, constant)

Best match: fer_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[67331:67579:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 85396 ... 85645; Length: 249 bp

Sequence:

TTGGCAAATATACAATCGTTGATATGGATACTTGTATTGCATGTGGTGCATGCGGTGCA
GCAGCACCAGATATATATGATTACGACGACGAAGGTATTGCTTTCGTAATCCTTGACGAT
AACCAAGGTACTGCAGAAGTACCTGAGGAATTATATGAAGATATGGAAGATGCAATTGA
TGGATGCCCTACAGATTCTATTAATAATTGCAGACGAATCATTGATGGGGACGCTTTAAA
ATTTGAATAA

> **A5IT12**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: A5IT12_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[66680:67225]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 85750 ... 86296; Length: 546 bp

Sequence:

```
TTAAATTCTTTTCAAGAAATTCGCAAGCCTTCTATATAGTAAAATAAATACAATAGAAAT
GACGATACCTTTAATAATATTGAATGGTATAATTCCTGAAACAATGATTACTTTAAGATTA
TTTGCGATATCAGCTAAGTTAAATATCATACCGTACAAAGGTAATAGAACGAAATAGTTC
AAGATACTCAACACGATAGTCATAACGATTGTTGCAATGATTAATCCAGTAATCAAAGAT
TTTGTTGAACGTTTATTTTTATAGATGGCGTAAGCAGTTAATAAGAACTTGCGCCTGCTA
AAAAGTTAGCAAATGGTCCAACCTGGATCGCCCATACTAAATAAGTAGTTCAATAAATTTT
TAACCAGTGCAACTACGATACCGGCAACTGGTCCAAACGTAATGTAGCTAGTAGTGACG
GTACATCACTAAAATCTAAAGTTAAGTATGGTGGCAAAAATGGTATAGGAACTTGATAA
AAGTTAACACAAACGCAATCGCGCTCAACATACTTATTGTGATAAGACGTTTATTTTGTG
CAT
```

> **fmn-L1**

Function: noncoding RNA FMN riboswitch/locus 1 (core genome, constant)

Best match: *fmn-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1525657:1525791:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 86357 ... 86492; Length: 135 bp

Sequence:

```
CTCCATCTTCTCCCATCCAGACTATACTGTCGGCTCTAGAATCTCACTAGATCAGCCACTA
ATATGATACATACTAGCAGGTCGCAGGCTTAATTTACTGCCGGTTGGGAATTACACCCGA
CCCCGAAGATGAAT
```

> **graD04**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, variable)

Best match: *graD04-MW2_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1526005:1526919:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 86705 ... 87620; Length: 915 bp

Sequence:

```
TTATTCATGATTAATAACACCTACTTCTATTACATCCTTCTTACTATAATTAGGTCTTGTTG
TATTTATATATTTATTAGAAATTTGAAGAGAAACATTCAAATCATGAGGAATATTCCTTTT
CTTTTTTAGCACTTCAGAAAAATCAATCATCTCGTCTATTGTATTATCTTTAGTAAAATTAT
CTTTAGTACTAAATAAAGTTGTAACAACATATGGACGTGATTTATCTTTAAGTTGTTTTTT
TGAGTTTCTCATACCGTCCCTAAAAGACTTATCATCCTCTTTGATTAAGGGTTGAAAATAC
TTTTTATATTCATCTAAAGTATATGGAATTGCAGTCAAATAATAACTCATTTCTAAAAC
CACTATTCTGCGTTTTTCATAATTGCATTTTCAGTATAACCAGTATATTTATATTTACTTTTA
TATTCTTTTAAAACCTTCTGTTAAATTATCCAACCTTTCCTTATGTGCTCGATATTCAAAGCC
ACTCAACACTGTACCAACTAAAGTACTCATATCATCGCCTTTATCCTCACTTCTTAATGAG
CTATCACTGTCAATAATTGATTTGTCAAATGGAATACTCGCATTAAATACGATATCGTGGT
CATCACAATGCACGTATACTTCTACGCCGTCGCCACTACCTACAACATTCGTAGCTTTAAC
TTTTAGACCGAAGTTATCCATAAAAAAATTGTTTCGCCACGTTTAGCAATTTTATCTTTATGC
TTCTTCGCAAATTC AATCGCATCTTTTTCTGCAGGTGGTTGGAAGCCTTGACCTACATATT
TTGAAGCTTCCATTTCTTCTGGTACTGATTTTGTTCCTTTATTAGATTCGTTATTGGTAGTT
GAACATCCTGATAGTATTATCGTTGCTATTAAGATTAGTTTAATTCTTTTAAACAT
```

> **graD03**

Function: protein coding sequence; (core genome, variable)

Best match: *graD03-Mu50_CC005_21172_AFEF01000006.1*[385055:385951:r]RC

Position: 036-contig_189: 87590 ... 87620; Length: 30 bp

Sequence:

```
TATTAAGATTAGTTTAATTCTTTTAAACAT
```

> **graD02**

Function: protein coding sequence; (core genome, variable)

Best match: *graD02-COL_CC008_NCTC8325_CP000253.1*[1461363:1462280:r]RC

Position: 036-contig_189: 88564 ... 88594; Length: 30 bp

Sequence:

TATTAAGATTAGTTTAGTTCTTTTAAACAT

> **A5IT17, disrupted - upstream fragment**

Function: protein coding sequence; putative protein: disrupted - upstream fragment (core genome, variable)

Best match: A5IT17-

CC1_ref_CC001_MSSA476_BX571857.1[1554595:1556757:r]RC#[2_150ANF&END]#A5IT17#[CDS:putative protein]#[cv:54.602:54.2126] MANUAL OVERRIDE

Position: 036-contig_189: 89647 ... 89782; Length: 136 bp

Sequence:

TTAGTATACAGCTAGTTTTCTAATTGTTCTTAACTTGAATTAAGTTTGACCGTATTAGA
GAGGCAGATTGATCCATCGTTTGAATTGCTTGTCTTCATTTTCGTTCAAGCCATTACAAA
CAACTTCAAACGT

> **attB_phiSa2-1**

Function: attachment site of bacteriophage (mobile element)

Best match: attB_phiSa2-1_occupied_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1529083:1529151]
(completely identical)

Position: 036-contig_189: 89783 ... 89852; Length: 69 bp

Sequence:

TGTGCCATTTGATCAAGACGCGCATGAGCTTGTGTGTTTAAATAAACATATCGTCATAA
TGTGATGGT

> **tx_lukF-PV**

Function:

Best match: tx_lukF-PV_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1529274:1529329:r]RC
(completely identical)

Position: 036-contig_189: 89974 ... 90030; Length: 56 bp

Sequence:

TTTGCCCTGAAAAATAACCACGTCAATTAAGACGTGGTTACCCTAATATAGAAAG

> **lukF-PV**

Function: protein coding sequence; Pantone-Valentine leukocidine F (mobile element)

Best match: lukF-PV_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1529381:1530358:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 90081 ... 91059; Length: 978 bp

Sequence:

TTAGCTCATAGGATTTTTTTCCTTAGATTGAGTATCTATTAATTTAACTGTATGATTTTCCC
AATCAACTTCATAAATTGATGTATGAGTTGCTCTATTTTCATCTTTATAATTATTACCTATC
CAGTGAAGTTGATTCCAAAAGTTTGTATATCTATCCATTTCTCTTTGATAAGTAACAGTAA
TTTTTGATTTTTTTGCAGCGTTTTGTTCGAGATAGGACACCAATAAATTCTGGATTGAA
GTTACCTCTGGATAAACTGGCATTGTTGTGATATCCAAGAAGTTTGTCCAGCATTTAAG
TTGCTTTGTCTTGAGCCTAAAACATTTTCATTACCATAAGTTGAATGATAACTATCTCTGC
CATATGGTCCCAACCATTATTCATAATTTTATGTGCTTCAACATCCCAACCAATTTTTTTG
AAATTAGTTCTTTTATCTAAGCTAGTTCTATAGCTTTCTTGTTTATAGTTAATTGTCTCTGA
AAAAGATTTTGAACCATTACCTCCACCTGATAAGCCGTTAGAGATATTAATATCTCCACC
ATAAGAATAACCTACCGTTTGTGTACTTGAAATTTCTCATTTTGAATTTTAGGTGCATAA
TCTACAACGTTTACTGAGTCATTAGAATCTGAATTAATTGAAATGTTGTACTTAGAACCC
AATAAAATTGAGAACTAATAGTGTCTTTTGGATTTGGCTTTGTATAGCCAGAATAAATGTT
TCCAGCAGCTTTGAGTATTAATGTATCTTTATCATAACTTTTATCTTTAATAAAATTA
GTTAAAATCTGAGAAATTTTAACTTATCGGAATCTGATGTTGCAGTTGTTTTGTACAAAG
TAATTTTATCATCAACTTTTTCTCACTTACAGGTGTGATATGTTGAGCTGCATCAACTGT
ATTGGATAGCAAAGCAATGCAATTGATGTAACAACCTGATGATTTGACTATTTTTTTCAT

> **lukS-PV**

Function: protein coding sequence; Pantone-Valentine leukocidine S (mobile element)
Best match: lukS-PV_CC001_CIGC128_AHVY01000005.1[221466:222404:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 91060 ... 91999; Length: 939 bp

Sequence:

```
TCAATTATGTCCTTTCACTTTAATTTTCATGAGTTTTCCAGTTCACCTTCATATTTAACTGTGT
AATTTCTGTTTACAAATGCGTTGTGTATTCTAGATCCTTCTAAATAACTATTGCCATAGTG
TGTGTTCTTCTAGTAGCATGAGTAACATCCATATTTCTGCCATACGTTATTTCAAATTCA
CTTGATCTCCTGAGCCTTTTTCATGAGAAACAGTTGCAATAAAATGAAGGATTGAAACCA
CTGTGTAATAATGGGGGTAATTCATTGTCTGGCACAAAATAGTCTCTCGGATTTTGACTAT
ATGGTTTATATCCAACAAATAAATTTGGATCATGTCCAGACATTTTACCTAATGATGTGAT
AAATGAATTAGCTTTTATTCCCATTGAACACTTTTTGAATTTTGTATGTTCTACTTCACTGA
TATAGTTTTGTTGATTATAACTAATTGTTTTTGAATAATTAATGAACCATTACCTCCTGTT
GATGGACCACTATTTAAATACCACCTATGTTATAACCTAATGTTTGACTAACATTTACTG
AATCTATTTTATTTTTAGGTAGATAATTTATTAATCTACATTGGGGTCATTTGTTTTGAGA
CCAATATTGTATTGGAAAGGCCACCTCATTGCTTTTATATGATCTGTGTTTTTGTAAATTGT
AATAAGTAGTCTTTGAATTGATAAAACCTTGCATTTTTTAAAATCAAAGCGTCTTTGTTATA
CTTTTTATCTTTAACAAAATCAAACCTGAATATTTTGTGTGACCCCCACTTATCGCTACTT
GTATCTTCTGTTCTTTTGACTACCTCAGCGCCATCACCAATATTCTCAATATTGTTATCAGC
TTTAGATTCATGAAACGAAGTAGCAATAGGAGTGATTATTCCTAACGACAATGTTGCAGC
TAATAGTCTTTTTTTGACCAT
```

> **O80065**

Function: protein coding sequence; putative protein directly upstream of lukS-PV - leader-peptide of lukPV (mobile element)

Best match: O80065_pseudo_CC001_CIGC128_AHVY01000005.1[222512:222644:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 92106 ... 92239; Length: 133 bp

Sequence:

```
CTATAAATGTGTTTTTTTACTATTATTTTCGAAAAAAACCCGTTTCATTACCAAACAAATTAT
AAATAATTTATATTTTGATTGATAATAAACATAAAACCACGATATAGTTGACCATAACAA
CTTTTTAATCAT
```

> **tx_amidase1-phiSLT**

Function:

Best match: tx_amidase1-phiSLT_CC008_TCH1516_CP000730.1[1562363:1562418:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 92327 ... 92383; Length: 56 bp

Sequence:

```
ATTAATTTTAAATAATAGGCAAGTACCGAAGTACCTGCCTAAGATTCATCATATAC
```

> **amidase1-phi12**

Function: protein coding sequence; bacteriophage amidase (mobile element)

Best match: amidase1-phi12_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1531688:1533142:r]RC

Position: 036-contig_189: 92388 ... 93843; Length: 1455 bp

Sequence:

```
TCAAACCTGCACTAAACTTACCAAACTGCTTATTCTATTACCTGCCTTGTCTACCTCTCCT
GTAGCAATATAACGACGTTGTCCACTATTAGCAATATAAGTAATCCATCTATACCCATTG
ATGCAATATGCGCCGTCATATTTGATTGTTGCGTTATTAGGTAATACACCTGTAATTCTTG
AATTAGTTGAATAGCCATCCCTCACGTTATTACCTTTAACATTGGCAACTGTGTAATAACC
AGTTTCTTTTTTATACGGTACATTATTTTTATCGGGTGTATAACCTGCTGGCACTGGCGGA
TTCTTTTCGTTTTTAACTGGTGTTTTAACTCACTAGATATCACACCACCGATAGGCTTACC
ATGAATCGCACCGGCTATTAATTTAGAATACAAGTCATAGTTTTTCTTAATCCAATCCATA
TCATTTTTATTAGTGATAAAACCTAATTCAGATAAGCGATAATTTATATTTATTCTGCTG
```

ATACGTTAACATTTAGTAAATCGTTACGAGGTGTTACACCTCTTATTTGTCCTAAATTATT
TTTAATAACATCTTGTATACTTTTATCAATAGTATCTGCATTGAATTGACTTGAGATAATA
ACATGCCACCACCTTGCCTTTCTCCTGCTGCGTCTAAATGTATTTCTAGAACAATGTCAT
ACCCCTGTGATTTAACCCAATATAAGCCATAATCTTTTTTATTACCTACATTAACACCGTA
TGCTGTATCTTGATACATGTCTTGTGATTGACTTGAGCCACCATATAATGCGACTTCATGA
CCGGCATGTCTTAAATACTTAGCGATATTTGGCGTTATATATTTACGTATAAAAATCGCGTT
CGTTTGTCCGTTTCCTACTGCTCCAGGATCGTTATAACCATGACCGGCTACAAGCATAAT
TTTTTTAGGTTTAATTACTGCTTGTCTTTTTGGCAGTTGCTTGCTTAATAATGCTTTTAGCTT
TATCCCCAACACTTACTTTGTCAGGGAAATTTAATCTAATAAAAATACATTGGGTCATCGTA
ATAATGAACATGTCTTGTAAACAGTTTCAGGACCCCAACCAGGTTGCACAACGCCATTTGT
CCAACCTTTACCATTCCAATTTTGGCCAAACGATGTGAAAGTGTTTAAATTTGCGCTCTCA
ATAATTTCAACGTGTCCAGCTCCGCCACCATACTTCGACGGGAAAACGACAATGTCCAAC
TTTTGCGGTAAAAGCTATCATAGTTTTTAATTATTTGCCCGTATTTTTCAATCCTTGCTTT
ATTATCAAATGGAATATTATAAGCGTATAAACCTTGTAACCTTTCGCCTGTTGCTATCATA
AAAAACATATTTGCGTAATCGTAACACTGAAATCCATAAAACAAATCAGGATTGAACTGC
TTCCCTAATGAATTATCAAACCATTTTTCTGCTTGGTTTTTTGTTATCAACAT

> **holin1-phiL54a**

Function: protein coding sequence; bacteriophage holin (mobile element)

Best match: holin1-phiL54a_CC001_MSSA476_BX571857.1[1023464:1023766]RC +MANUAL
OVERRIDE

Position: 036-contig_189: 93853 ... 94156; Length: 303 bp

Sequence:

CTACCCTAAATCATTGTGTCGTTTCATATTCGTAGGTGTCATTACTTCTTTAATTGGCGCTT
GCCCTGTTGCTTTTCTATACTTGTTCAGCTTTATATTTCTTTAGCTTTTGATTTGCCATT
TACCTTCTTGAGATGTTGGATTATCTTTATATGTAGTATATAAAGCAACAACCTGTTAAGAT
AATCGATGAAACACTTTCTTCATCTACTGGTATCGGACTTATACCTTTATTCGCTAAAAAC
TGATTGACTAACGCTAAAATTAATACTATATATCTTGTTATTACTTTTGCATTTCAT

> **sprFG**

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA F and G (mobile element)

Best match: sprFG_CC005_ED98-hen_CP001781.1892742:892952:r [4_50ANF10END]

Position: 036-contig_189: 94155 ... 94366; Length: 211 bp

Sequence:

TTTGTTTGCTCCTTTTATCCAAAATAAAAAGACGACTAATAAGCCGTCTATTTGATATTTA
TATTATGGTGTGTTAATTTATATTTAGAAAAAGGGCAACATACGCAAACATGTTACCTA
ATGAGCCCGTTAAAAGACGGTGGCTATTTAGATTAAAGATTAAATTAATAACCATTTA
ACCATCGAAACCAACCAAAGTTAGCGATGG

> **rli28**

Function: noncoding RNA Listeria sRNA rli28 homolog, locus 2 (core genome, variable)

Best match: rli28_L2-1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2051199:2051377:r]RC (completely
identical)

Position: 036-contig_189: 94395 ... 94574; Length: 179 bp

Sequence:

TTGATTACTAGACCTATCAATGCAATAAGGAATAAACCAAACCTGCAACATGGTACTAATT
GTAATCATTAGGCGTCTCCTTTCTAAAGATTTTCAGTAATGCCACCATAGGCACCACCTCCT
TATACTCAGATAGCCACCATCTATCCAACCTTGCTCAAAGCATATTATAGCACATATAC

> **txpA-phage**

Function: protein coding sequence; toxin involved in plasmid maintenance

Best match: txpA-phage_ref[BA000033]MW2-USA400_BA000033.2[2051171:2051305:r] MANUAL
OVERRIDE

Position: 036-contig_189: 94400 ... 94535; Length: 135 bp

Sequence:

TATTTTTTTTATTGCTTAATTCAATAAGCTTGATTACTAGACCTATCAATGCAATAAGGAAT
AAACCAAAGTCAACATGGTACTAATTGTAATCATTAGGCGTCTCCTTTCTAAAGATTTC
GTAATGCCACCAT

> **entA**

Function: protein coding sequence; enterotoxin A (mobile element)

Best match: entA-FRI281A_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[57550:58323]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 94652 ... 95426; Length: 774 bp

Sequence:

TTAACTTGTATATAAATATATATCAATATGCATGTTTTTCAGAGTTAATCGTTTTATTATCTC
TATATATTCTTAATAGTGTATTTGAATTCTGTCCCTTGAGCACCAAATAAATCGTAATTAAC
CGAAGGTTCTGTAGAAGTATGAAACACGATTAATCCCCTCTGAACCTTCCCATCAAAAAC
ATCAGAGTTATATAAATTATATTTTTCTGTAAATAACGTCTTGCTTGAAGATCCAACCTCC
TGAACAGTTACATTTTTCTTATTCGTTTTAACCGTTTTCCAAAGGTTACTGTATTTTGTACC
GTCTAGCCATAAATTGATTGGCACTTTTTCTCTTCGGTCAATCGATTATTATCATGTAAC
GTTACACCACCATAACATGCAAGCTGTTTTGTTGGTGTACCACCCGCACATTGATAACCAT
AATAAGCACCATAAAGTCTACTTTTTCCCTTTATATTTATCAACAATATCCTTTGAATC
AAAATCTACTAATAAATCGTTATAACCATGAATGATTTGTAAGAAAGCCTTTAAACAATAT
AGTATGCTGTAAAAATTGATCGTGACTCTCTTTATTTTCAGTTTTAGCTTTTTTCATTGTAAT
AATAGATTTGTTTAAAGATTGCCTAAAGCTGTCCCTGCAATTCAGACTTTTTTCGCAAATC
TTTTTCATTTATTTCTTCGCTTTTTCTCGCTACCATTACAAGTGGACTTGTTGTCCACGTTA
GGCAATGAATAAAAGTAGTATAAATGCTGTTTTTTTCAT

> **minor-phiNM3**

Function: protein coding sequence; bacteriophage minor structural protein (mobile element)

Best match: minor-phiNM3_CC001_TCH70-ST1_ACHH02000016.1[79909:83694]RC

Position: 036-contig_189: 96751 ... 100537; Length: 3786 bp

Sequence:

CTATCATTCATTTATTAATTCCTCCAGTTTTTCGATTTTTGATTGCTGGTTTTTAATAATAG
GTATTAATGAACCCAAAGTCTATCGTATGCGATACCTTCGATTTCTCCGTTGTCATCATA
AATAACAAATTCATTAATCCTAATTCCTCAACCTCTTCCGCTATTAAGCCAGTATGTCGA
CTAAGTTTAAAAGTATCATCAGATAACTTTTTACCCTTTCCAATTCTTTAGCCATTATTT
CGATTCATATTTGTCAAACCATGTACGAATTGGAAGCTTTAAAATCTCTTTTGAATGACTG
AACTGATCGTCTTCATTGATGTATTGGTTTTCGATTGAAATTTTATACTTTTTGGCAGAAG
TAGCACGCCCAATTGTTCCAGCAGAAGTAATGTGTAAGTTAGCAGGTGCTGAATAAGTAC
GCTTATAAATAGAATTAGAAGCGACTCTATCGCCAGCATTATCAGAACCTACCGCCAATA
AATCATAACTTTGAATGCTAACGTAACCTATTTCCATCTCTTCGTTTAACTAAGTTGAATTT
GCCATACTGATTCAATTGTAGTGTCTCCGCTGTAGCATAGTCACCATTAACGACTTGA
ACCAATCCTTTATTGCTACGTTTAGAAAATCTTAATCCAGCACCGTACTTATAGTTTTCAT
CTGAACCAAACATGATATAACCGTCAGTTTCGTATGCACTATCAGCGTTTGATAATGTGA
ATGCGAATCGGTTTAAACCAGGTTATTTTTGGTGTTCGGAGATAAATATATCGGTGCTTC
TCTACTTTCAATATTAGCTGAAGCATATGAATCGATAAATTCGGTTGTAGTCAGATGTT
AAAGCGACTACACCGCCATAAGAATTGATTGTTATGCCATTCATACCACTATCACTGTAA
GTTTTATCCCACCATTGAATAGTACCGGATGAACCTCCGTCTTCGCTTCTCCATCAATAT
ATGTTGAAATACCAAATGTGACATATAAAGTGAACCGCCTGCGGTATTATTTCTAAACC
TTAGATGTCCATCTTTAAGACGTGTGAATATATCATCGGTTGATCGTTTGCCTTTCCAAGT
TCGTTGTACGATTCCGCCAAGTTCAATAAAATCATTTTGAACCTGTACATAACGGTTAGCA
TTCCGCCTTTAATACCAATCTATTACATTGATGTCAAGACCTTCATTTGATAAGTTTA
GGCTATTAACAATGTCATTTTTACCAACTTTGTTATTAATATTATTTGCGACTACATTA
TTCTCTATTCGCTGTTATATCAACTTTATCGCCACTAATTTTACGCCATCTTTATCAATAG
TATGTGAAGTAATCGCCCCATTTTCGTCATACCTTAAATAGATGCCTTTCATAGCATTTAC
AGTGATGTCTGCTAACACTCTTGATAGTGTCTTTTAGAAGCATTAAACTCTTCTTTAGTA
GTTCTTAATTTGATTTCCCTTACCATTTTGTATAATTTGAGAACCATAGCGAGTCAATGTTTT
CCTCTGTGCATCTGTGCTTTCTTTGACCTTGTTGTCTGTATAAGCATTAGCTTTCTTTTCAG

CGTTTCTAGCCTTTAGTTCTGCGTTTTGTTTTGCCTCTTCAAGTTTAGCTTGAGCATCTTGT
ATAGCGCGTTGCTCTTCTTCCGAAATTTACCATCAGCATAACGCTTGCGATTCTTCTCTTT
AAGATCATCTTGAGCATCAATGTATGATTTTAAAGCTTCTTGCGCTTCTTGATTGCTTGT
CAATACTTGCTTTAATCTCAGGATTATTGGACAAATCACTTAACTGGTCATCAGTATATTG
TTTTTGTCTTCCAATCCGTTTTGATATTCGTTAACGTAACCTTATCTTTGATTTACCTTT
TAAAGTCGTTCTCTCAGCTTCAGCAGTATCTAAACGTTCAACAATACCGTCTTTGTCTGTT
TTATAGTCCGATGTTTTACATAGTCACGTAATTGTTCTTTTGTGGATTCTCTAGCTGCTTC
AATAGCTGTTTTAACAACATTAGGTTCTCCGACTAACTGCAAATCTTCATTACCGTTAAA
CCAAATTTTGTGCTATTATTTCCAACGCTTCTTTATATTTTTCATCAGTGTATTGTGACTG
TAATAATTTAAATCTATCTGAAATGGCGATTTTAAACATCTTCTACATCTGTATAAACATCT
TGTAATTTCTTTCTATACTCAAGAAATAAAGCTTGTGTATCTACCAACCGACCAATCGTTG
CAGTTTCGGGTGTCATAGATTCTAAATATTTTTAATTTGATTATAAACATCAATCACAGC
GTCTAAACTTGCTTGTAAGTCCGCTTTCAAATCATTATCTACTAAGTACTCGCTATTCAGT
AATTCTGTAGCTTCTGACAAAAGACTAGCGTGTGTATAGATAAATTAATAAAAAATATTG
TTAATTCACTGAATAGCGCTTTCTCTCTTGTATACCACCTAATTTTTCAACATCATTTGG
TGTGCTTCAATCCATCGACCATTCCAATATCTACGCAAGACAGCAACATCAGGGTACTT
GTATCATACCAAAGCATATCATTGACTGGATTTTCTGGCGGTGTATCACTTTTGTGTATTT
TGCGTTCAAAGTATTCTAATTCACCATCTACAACATCTTTAACTATAGTGTTGATATTGCT
AATATTATCGTTAACTTTTGATGTATTATGTTCAATCGCTTGTTAACTCTTCTCGTAATT
CTGATTCTTTGAACTCTTTAGGTTGACCGAATGTATATGTGCTATTTTCTGAAATTATGTTA
TATTCTTCGGCAATAACTTCTGCCTCTACATACAATGGCGGGTAAAATCTCTATGTTTTA
CTCTGACTGTATACCAATTGATATAATCTCGTGC GGATACGTAACCTCCAAATCAGTAG
AAGTAATCTCATATGACATAACTGCCGACTTACGTTTATTTAACTCTGTTTTGGCTAAAGA
ACGCAACCGTGTTCATTCATATTTGATCATCTGATTGAGGTTGATATTTCCCAAATA
TAACGGGTAGGTAAGTTGAATTGACTTTGTGCTTCGTCATCAGTCACAACCTAACTCTAAA
CGCTTTCTTTGTCATTTTCAGGTCCCACAGCAATTAATGCTGTTTTGATTTCTGACATATC
AATCTTCTAGTTAAACCAACCAATCTTTACCATACTCAATTTCTTTACCTTTGAATAAG
CTGTTTTTCTTTTTGAGTACCACATATCTACCTTTGACGGTATTAGAACTAAGCTCTATATA
AAAATCCAATACCATTTTATAGGTTGTACATAATTGCTTTAAACTTCATATCTAGTTGA
TAAGAAGTCCATGACGTAGTACGTAAGCCATCGTATTCGGTTTGTTTCAGAACTTCCCAA
CCTGTATCGCTCAACACATCTTTCAATGCTTCTGAAGTTGTCTTTTTCTCAAATTTGCCTGG
TGCATACGGTTTAGCTGTTGTTATATCAGCAAGATAAGACGCTATACATTCTATCTGTG
TAGCCGTCCATCGTATCTTGAACCCAGTTAATAAATAAATTCACGCCATTGTTGTTTGAAT
CCCTTATAATAACACGATGTCGTTACGGAACCTTTTCAGCTCTTTCTGATGATATGAGCAG
TTCAAGCATTTCTGAATTGTCATTAACATTACGTTTATGAATCGCTCTAACTAAGGAAGGG
TCATCAGTAGAAAGGAAATCTATAATCTTGTCGTTAAAATCTAAAACATGTATCAC

> **Q8SDK3-phiNM3**

Function: protein coding sequence; putative bacteriophage protein (mobile element)

Best match: Q8SDK3-phiNM3_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[50939:52423]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 100552 ... 102037; Length: 1485 bp

Sequence:

CTATAAATATCTATCTTGCCATTTAACCGTCGTATCAAAGACGTTTTTCAGGTTGTATGATT
AATTCAGTGTACCCAGAATCAACATTGAAATAATTACTTCCAAACGATTTCTCGCTCAAC
ATTGGTTCCTCATTGATGACAACACTTTTTGCTTGCATATCTATTTTACTAAATCACCTTT
TTGTATAATGACATCCCTTGCGCCTTTTCGGTTTTGGTAGAATCTCCGATTGAATGAACCT
AATCCATTCATCTCCATCCACTTATAACCATTATACTTCGCACTATAGATAGCTATGATAG
AAGCTGGACGCTGATAAACTTACCGCCATCTATCCACTCTTTCTCATCCATATCAATAGG
TTTACGTCTATCTGGGTCTTTAATGTGATCAAATTTCCAAGTTTTAATAGAAAATTTATTA
CCTACTCTTCTGAGCCGCATATAAACAACGATTCTGTCCAAGTTATACATTATCGGTTTAT
TCTGATAGTCGTATATCTTTTTGGGGTCTCCTTTTTGGTTATACAACGTAACAACAATATG
TCCTATTTTTCTATCATGATATTTATTTTCATAACCAATAGAAGCAAGTAACTTACCATCA
CTATCATAAATATGTTGTGCTGTTCTTCCGGCACCTTTACCTTTTTGTTCAACAATACATTT
ATAGGTAATTTGAAAATCTGTCATCGCTTTAGGGAGCCCTCGTTTCGTGCCAGCACCAAC
CCAACCTTTTGCATCAGGAAAATTAGTTGCTTTATATCTTCGCCAAGATTGGATATCACA

AAGTCACCGCCGACCTTACCACCTAAATCATTACTTGGAATATCTTCAGTAATCATCTTAG
TCCAACCTTTGAAATCACGAACTCACTATGATAAACAGGAGGCATGTAATCCTTAACCTT
CTTTGGTTACCTCATCATCACCAACCATAAAAATAATCTTCATCATTTTTAGTGATCATAAA
GTAAGTAGATGGTTAATTGCTCGGGCTTCAACAATTAAGGAGTGTGAGCAGTCCCACT
ATTTACAACCTGAACTTGGTCTGAAATCGCAGTATTTTTATTTCTGTTACTGAATATTTG
TAAGGGTCTGTTAGTACTACTTTGATAGTGAACCTAACAGGTATTGTAATTTCTTTGTGCA
GCTTTATTGGTCCTTCAAATAAGCGTTCCAGTACCAATCTTTAGATTTGAATTGTAATTT
AACTTGTTCCTCGTAGTTAAAAAAGCTTTACTAATTCATTCAAGACGTCATCATATGTTTTA
ATGCCGTTGTGAGATAAATAGTCATTACGTACCACTAAAGGTATATCAAACTATAAGAT
TCAAGCCTACGCCCTTATATATAGCCCCGAACGTCCATCTACATTTTCTGTTTTTAAAA
CATAATTAAGAGGGTATTTCAAACCTCTTTTCGACATACAACCAAGGAATTGTTTTGTT
GTTCACTTTAATAGTGTCTATCAT

> **measure1-phiNM3**

Function: protein coding sequence; bacteriophage tail length tape measure protein (mobile element)

Best match: measure1-phiNM3_CC005_04-02981_CP001844.2[2051791:2056320:r]RC

Position: 036-contig_189: 102033 ... 106578; Length: 4545 bp

Sequence:

TCATTGAATAGCAATTCCTCCTTTTCTAAACTTTACTTTTTGTTGATTCTTGCCTTTCTCGCTT
TTCTATAGACGCGTTCACCTTTTTATCAAAAGCGTATTCGTCAATAATCGGCTGATAATCT
TTATCTGCAATCACATCGTTTGATTGCGCTATTTTCAGTAATAAAGCTATTTGTTGTTGCTG
TTGTTCAATCATTTTCAATAATAAGCTTGGGTCATCAAACCCATTTACACTAGACAATTGA
CTAGGACGCTTATTTTTACTCGCTTTTCTCCCTCTTACTTCTGCTGCTGCATAATGTAACAT
CTTCATTGCTTCGTTTTTACGTGCAGGATCAGTAGGAATAACCCACTCTGGATATCCTTCT
TCTCCTAAGTGGTACAATCCGTTGTAGACTTTGCCACCAGTAGCATATGCGTAATCACCA
GCGCGTTTGAACGCAGCTCTCCATGAGCCCGTTCTTGGTACCCATTTACCCACAATATATC
TCATAGCCGATATAGCTTGATGAGTTGGGTTAAGAGGATTATTGTAACCCGACTTTGCGT
ACGCTCTAAATGAAGGATCTATCATTTGGAACATACCTCTTGAAGGTGTACCAGCTCTTG
CGTTGCTATCCCAATTATTAAGTGCATTAGCTGTATAATTGGATTACAGTCTTGCTACACG
CATCATTTTCGTGTGTAATCCAGCTAGCTTTGTATTGACCTCCAAGTATATTTGAGCTGTT
CTAATCGCTCTGCGCGCATTTTTCAGAACCACTCCCTCCAGGTGAATTCTTTCCACCAGTTT
TGTCGTTTTTCCGTAACCAAGGAATAGGGTCTGTGCAATACCTATTGGACTCTCCGCTTG
ATTGACTTGGAAATGTAAATGGCGGTAATTAGTCATAGAACCCTGTATTACCTGATTTACC
AATTAATTGACCAGCTTTAATTTGTTACCTGTCCTACGCAATTGTTTCAGATAAAGTGCATG
AACCACAAAAATGTTTCGACCTTTTTGAACAGTAATTGCTTTACCGCCACCATAGTTGTCAT
ACCAACTTCTAACACGTCCACCCATTGGCGTACGTATAGGGGTACCGGTCGGCGTATCAT
AGTCAACACCATGATGAACGCCTCCGTTAAATGGATAATTGGGGTTAGGAGGTTTTGGCG
GTGCTGAATAAGGTTGTAGTATTCTGAACTATCAAACACAGAACCATCTCCCGCTTGGC
TCTCTAATCCTTCTTTTATCCAATTAATCGCCTTACTTTTAATCTTATTCCAAGACGCTTTT
GTTATATCGCCAACAATACCCATACCTTTAGTTAGAGAGCTAAAGTCAACACCAAACGCT
TTGAGCACATAATTTAAAAGCTTACCCGGATTATCAATAAAGTCCATTACATCGCCAACCT
TTATCGCCAAGCCATTTGGTACCTTTACCTATTTGATCTTTTGTCCAGTTAAATGCCAATG
ATGCACTAGATTTAATATCTTTCCACATAGTAGTACCGAAATGAAATCTCGGAAGCGTTC
CGTTTAAACATTGAATAAGTTTGTGCACCGTTGTATACTTTTGAGCCTTTAGGTAAATAAGC
AGTAGTGTCTGTATTAGGTGTGATTACACGTTTACCGTTAGGGAATTCAATCATTTTCATTT
CTAAAACCATTTGGACCATTTCCACGTCCTTTATCCCCAACTGTAGCGAATGTATCACGTG
CAATCTTACCGTTCTTAACTAATCTTGTAGTAGTATGTGTGTGCTCTGTACCAGTGTGTA
CCTAGGTATTTTCATCCATACCTAACTTACCACCGACCCAGTTTAAAGCCTTCAATTAATTTA
TTAAGTCCTTTTTTAATAGCATCTACCATACCGCCGATATGATCTTTAATTTTACCAATGA
TAGATTTTAAACCGTACGCATGTTTCCGAAGATATTACGTACTTTATCCCACAAACGACC
AGCTATACCTACCGTGTTATCTTTAATAGAGTTCAGATGTTTGACATCCAATTTCTTAAAT
TTAGTAAATATATCTTTTCGTCGCATTCCATAAACTTGTGAATTTAGACCTTACACCCGTA
ATAACGAATGAGCCTTGGCGACGGTATTGCTTTTGTATATTATCCACGCATTAGATAACCA
GTTTTTTCATATTAGTGAATAAGATTTAACAATATTGTATAAGAAACCAAAAAATACTTTTC
GTTGCATTTCAAATTGCAGATAATGATTTTGTGAAAATACCTTTGACAACACCCAGATA
CCGGATATTAACCTTTAAGCAATCCACCAAAGTATCTAACAACACCTAGAATCTTACCT

ACAAACCACAGTTGTATTAATTCCAAATTAAGTGCACAGTGCCTTTTAGTATCATCACA
ATACCGTCCCAAACACCTCGCCAATTACCAGTGAATAAACTTGAAAAGAACTTAATAAAG
CCAAGTATGATATTTAAAGCACCTTGTATTACTCCTTTTATATTCTCCCAAGTACTGACAA
TCAAGGCTTTAACCGCCGGCCAAATAAATTGCATCACTTGCCAAATCGCAAACATGATTG
GTTAATTACAAAATTTAAGATAAATTCAAATATAGCTTTGATAAAAATTGCATATATTTTG
AAGCGCTTGAACAATAGAAATTCGGTTTTTCATTAAGAATCCATTAATTTGACTCCAAAT
ATCTTTAGCGAAATCAACGATTGCTGAAACCGCTTGTTTAAAGACGTTTTTAAACGGAATC
AATGAAAGGTTGGATAAATTGAATGAAATTATTAACGTTTGTTTAACACTGTTAATTGC
ACCATTAACAAAATTTCTGAATGTTTCAGATTTCTTATAAGCTATTGTAATGCGACTGCT
AAACCAGCCAGTACACCTAACACGATACCAATTGGACCAGTTAATGCTGTGAAGACTGTT
CCTAAAATAGGCACCTTTAGTTGATAAAAACTAATCAATCCGTCAGCCTTTGCAATACTA
GCTAATAATGGAGCTAATACAGTTACTGCGTTGCCAACTGTGCTTATGAATGCACCTAAT
CCAAAACTACAGGACCAATTGCAGCAGCAATACCACCGAATATAACAATCGACCTTTTA
GATCCATCACTTAACTTGAAAACCAATCAACTGCTACAGATAGCTTTTTGATTAATTCTT
CCATGACTGGAGCAAACGCACTTTCAATAGAAGCCATACATCAGCACCTACTAATTTAA
GTTTATTCATTGCTACTTTAAATCTTTTCGGAGCCACTTTCAGAATCTTTAAATGTCTGATTG
ACCGTTCCTTGCGAATCTTCGATAGTTTTTAAAGAACTCTTGGTAACTAAAGCGACCGCCTT
TAATAGCATCTGCTAAATCAGGACCTGCTTTTGCACCAAATGCTTCAATCGCTAAACTTGT
TGCGCTAGCTATATCCGGTGTCTTTCAATTTCTGCTAATGTCTTCTTAAATCTTCTCTTG
GGTCTTTACCCGCTTTACCCCAATTGGATATAGCTTTTTTCAAACCATTGAAGGCTATTTTC
AGTATTAACACCTGATTTCTCCCATTTGAGAGAATAAAGCGATTGATTCTTTCATCTCAAAG
CCATAGCCCTCATTGGAGCACCGTATTTAGTAATGCTATCAGCTAATGTATCAACACTTA
TACCGCTAGCCTGTGCTGCTTTTCGCTACCATATCAAGTACACTTTGATACTCATCAGCTTC
AATACCTGCATCACCCATTGCACGCGTAATTAATTGAACGGCTTGTACGCCGTCAGAACC
TGTTATGTGACTAAATTTCAAGAATGACTCTGTGGCACTCTCAAGTTCTTTGCCAGTGAAA
CCTAACCTTGTGTTAACTTCCCCTAAAACACCGCCTACAGTCTCAGCGTCTTCTGGAAAGT
TGCCATAAACATCTTTAAATGAATTCTGCAACTTCTTAAGCTCTCCGCCGGTTGCTCCTGT
TGCTTGGGTAACCTGTATCTAAACCTTTATCAACTTCTGCAAAAAGCTTTTCCTGATGCTGCT
GCAATACCTAAAACAGGTGCAGTTACACCAATCATCAAACCTTTACCAATGGATTTTAAA
CCATCACCCATTTTTGTAAATTTAGGTCCCATACTTTCAAAAACCTTTACTGGTTTTTCCCA
GCCACTTTCTGCCATTCTTTGAGCTTCAACTTGAGCTTTTTTGAACCTTCAAACCTCAGTTG
TTGTTTTTCTAGTTCTTTTCTAAAAAATTCAGCTCATTTGCTTGTGTTATATTCTTGTG
GTAATTTTTGAGCTTCCGCGCTGTTTTCGCCCTGTTCTTGAGATACCTTGCCATATTGCTTG
GCTAAATCATCAACGTTTTTCTTATAACCTGTGATAGTTCCATCAAGTTCTTTAATCCTTTG
TTTGTAACCTATGAGTTGATTTTTCGGTATATTTGAAGTTGTTACCGGTTAACTTTAAGTCA
GAATTTAAAGTTTTAAAGTTTCGTTTGATTTCTGCAAATGATCTATTTAAATTTGCTGCAT
CTAAATCCAAACCTATAGATAAACCTTTTATTCTTTCTCCCAT

> **tailL-CC5**

Function: protein coding sequence; bacteriophage major tail protein (mobile element)

Best match: tailL-CC5_CC005_N315_BA000018.3[2024201:2024845:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 107488 ... 108133; Length: 645 bp

Sequence:

TTACAAAGTTTCTTCGTTACCCTCTGTCACGTTTCCAGTATATTCTTCGCCTAAAATTTCT
TTAAGAAAGCCTCTTCGCCTTTTTACCGTCTCCATCATGATTTGTCATGTTAGCTGAATC
AAAGATATACTTACGTAAGTACTGACTTTTTATTATCAACTAAAGGGAAAAGTGCCTCACCTC
AACCTCTTCACTTGAGAAATCCCAATCTTTCTCAGCCGTTTCTCCATCGATTTTAGGATTT
GTAAACATAACTTTAGGTAATAAACTGTTCTAAATGTACCGTCTCTACGCTCTTGTCTGA
ACCATACAGCTACGTAATTGTTTTGTTTACCTTGTCTTCTTCGTAAACGCCATCTTCATCA
TAATCTTCATTAATAACAATTTTGCGAATCTCTTTAGGGAACGCATGCATTTGTAATGAGA
TTTTACCTTCTCCGTCTGTATTCCCTGATTCAATTGGACCAGCCATCAGCATAAGCTGTTTTT
AGTTCTCCACCAGTTTCAACACCAATTTTTGTAATCCTCTTGTTTTTGTAATATCACTATA
TTTTAATTCGCGCCTTCTTTTCGTTAATTTAGCGAAACCTAAACCAGTAATGTTAATATAC
GCCTTTGGCGCACTTGCATGTTTTACTGCCAT

> **A0EWZ3**

Function: protein coding sequence; bacteriophage major capsid protein (mobile element)
Best match: A0EWZ3-phiNM3_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2103511:2104656:r]RC
(completely identical)

Position: 036-contig_189: 109862 ... 111008; Length: 1146 bp

Sequence:

```
TTATAGTGTTCCTTCGGTACCTTCTAAAGCTGGCTTATGTCCTTTTAAATCTAATTTCCAAA  
CAGCAGCAACTTTATTATCTTTTCGCTTTGCCGTAAGCAAATTGTTTTGCAGTGTATAAATC  
CATATCATCTAACGCAAGTGTTCCTTTAAATTTCTGAACATTAATACCACCAGCTAAATAA  
CCATCATATAAACCTTTAACGTACGTTAAAACCTTACCTGCTTCTTGGACTGTAGACTCGA  
TAACATTCAAATTAATGGTAAAGCAGTAACATATACGCCATTTGCATTTAAATGTGTAT  
ACTGTGCTTGAACCTCAAAGCATCGGACGGATTAACAACCATTGTTACATTACCTTTAA  
CCGCTACTGATTTACCTTTCTCGTTAGTTGAGTGGTATTTAAACACTTGCGTCAATTCATT  
AACTGTAGCGCGCGGATTAGCAAATGTAAGCGTACCTTGTCTTCTTCTCTGGATAAGCA  
CCCTCAGTTACCGATACACCTTTTTGTACTTGACGGTTAAGCCGATTGGTTGGTCTTTAC  
CAGTACCTTTTAAGAACGCAGTTTCAAGCGCCACTGCAAATGCTTCTTCGATTTGAACAC  
GAACAAATCTTTCAATCCACGCAGGACCAAATCATTTAAATCTTTTGGTAAAACAACAA  
ACGCTGTCAATTTATTTGAATTGCTGTTTCTTCACTGAACGCAGCATCTAATTGACCTTT  
AATTTACCATAGATTTTACCCCAAACGGCTACGCCAGAAGTTTCAGATTTTAAGAACTTC  
AAACGCAAACCAGCGTTTTTAATACCTAAATCAGCTAATAACGGATGATTCGTCGTCAA  
TCTTCAAAAATTCTATCAATTGTTTCTTCTGGCAAAGTTTTTCTTCTTTATAGTTAACGTT  
TTTATTGATATCCATGAAGAACTTCTTTGGTTTGCACCTCAAAGATTGTGCTGATTTAGGT  
AAACTAGAACTCTTTCAGCTTCTGCTTTTGCTTGTAAATTTAGTTTCTTCAAATAGTTGGT  
AATCATGTCACCGTACAATTCATTTTGTCTTTCTTGCGGTTCACCGTTGTTTACTGCATTAA  
TAAATTCGTTTTTCGCATTTGCGAATGTTTCCGATAAATTTATAGTCAT
```

> **Q6GF91**

Function: protein coding sequence; putative protease (mobile element)
Best match: Q6GF91_CC005_A9299_ACKH01000012.1[7311:8048]RC
Position: 036-contig_189: 111031 ... 111769; Length: 738 bp

Sequence:

```
TTAAAAAAGGAATCTTGAAAATCCATTTGCTGATACTTTACTATCTGCAACATCGATTTCT  
GATTCCTTTTCTTTCATATTTATTTTTCAATTACTTTATTTGCTATTGCGTCAATATCAATG  
TTAACCTCTGGCGTTTTACTTACCAAAGCTGTTACACGATTTAATACATCTTTCGATAACA  
CTTGTGTATTGCTTGCTACAATTTGCATATTGTCGTTTTCAAACATTTTACTATCCGAAAA  
CCTTGTTCAATGGCTTCATCAGCATTAGCCACGTTCCCTAGCCATCATTCTACAAGTT  
CTTGTGTTGTTTTACCAGCTCTAACCGCATATGCCGCAGCCATTATTTGACCAACATGTT  
TAATGTTTCTGCAGCATGATTTAGATCTTTCGCTTCTCCTTGCGCAATACTTGAAGGATTG  
TGAATCATCATTCTAGCAACCGGACTCATTTGATGTGGTCACCAGCCATTGCGATAAGC  
GATGCCGCACTTGCTGCTATTGCTGTGATACGAACATTCACCTTGCCTTTATGAGCTCTTA  
AATGTGTATATATTTCACTACCAGCTACTAGGTTACCACCATTGAGTTAATTATAATATC  
AACATCTTCATCACTAAATTCTAGTTGTGTTAAAACATCTTTAGGACAAGTCGAATCCATA  
CCAAGCATTTGTAACCCATTTATCTTCGTTGGAAACGATGACGCCTTTAATCTCCGCTT  
TCAT
```

> **portal1-phiNM3**

Function: protein coding sequence; bacteriophage portal protein type 1 (mobile element)
Best match: portal1-phiNM3_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2105401:2106588:r]RC
Position: 036-contig_189: 111752 ... 112940; Length: 1188 bp

Sequence:

```
TTAATCTCCGCTTTCATCTTCATCACCACTTTCAAAGTGTTCATCTTTTTCTTTTTTCATC  
ATTTTCACCACTGTTAGCTTTTTTCGTAGTTTTTAGTAATCAGGTATTCGTCTAATTCAGGAT  
TGCTGATGATTCTTCACCTAACATAATCCGCACCTCATTCTTGTAATGAACCAGAACT  
TACAAGTTTGTCAATTGCTTCAGCATATTGAAGTGGGTCTTTTTTATTACACCGACAATT  
TCTATTCTTGATCTTTCAAATACATACTTTGTGTTATGAGTTTCGCGTTAATTCGTTCTG
```

AATCTTTTTTAATAAAGGTGTTAAACAGAACTTCTCAAATACAAGCGTGTTTTTTTCCAAA
TCAGCTGTTTCTCCGTAATCAAACCTGGAGGTATACCAATCATCAACGCAACATTTTTTA
TTGCATCTCTCATTAGCTCACTCAATTGAGAAAAAGGCATGTTACTATTCTTACCACCATT
AGATAATTCCTCATAATCAAACCTTCTATCAAAGGCGCGATTGCTAGTTGATTTTTATTA
AAAGTATTGAATAATTTATTTGTGAACGCTTGTAATTTTTCTATATTCTTTTCGTCATATGC
GCTAGAGGCAGATTTCAAATCCCTCTTATTTGATAGTTTTTTAATTGTGCACCTATCATT
CTTCCGAATATTTTCCCGTAATCTTCGAATAGACTTTCTACAAAGTGTGTCACTTTATTGTT
GTTGTACTTTAAATATATGACCTCTTGCATTGTGAAAGTACGTTGATAAGTATAATCTTTA
ACCGTTACATCTTTGAATATATCATCATACAAAGCGTACTCTTCTCTGTAAAAGCTATCTG
CGATAAGTAATTCTTTGCTGTCACTTACTACGATTAACCTCGTTATCATAAATTAGTTT
ATATATAACTTGTTGCCAAAACCTATCGCTTGATAAGTCAGTATTTGGTTTTATATTTAAC
TTGTAGTAAACATCATTCTTTTGAATTCTATTACCTTCCAATACTTTAAAATGACTTTGAG
CGACAGCTCGCGCAACAAATTCAATACAACCTATCAATCGCTAAACGTTTCACATACGCTT
GTTGTGATAGATCTTCTATCATATCTAAATCAAGCATATATGTTATATCTTTCCTAGTTTTA
AATATCTTTTCTAGAATACTCAT

> terminase-phiNM3

Function: protein coding sequence; bacteriophage terminase (mobile element)

Best match: terminase-phiNM3_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2106604:2108265:r]RC

+MANUAL OVERRIDE

Position: 036-contig_189: 112955 ... 114617; Length: 1662 bp

Sequence:

TTAGAAATCTATACTCATTAAATGCATCAAGCGCTTTAGACATGTCTTTGTCTACTATATCG
TCTGCTCTATATAATGCGTGAACAAAAGCCATGAACCCATCGGTTTTTCTTCTATTTTCAT
CTTTTTTAATATATTCTTTATTACCATCGGGTTTAACTTTACTGCAACATTATTAGTAAAC
CAACGCATCAAAGGATTGTCTCCATATATTACGTTATGTTTCGCAAACATTGTATCGATAC
GTGGTGCAAGTAATCCATGTATTGCTTTTGGATTTCTAAGTACTTCAAGTTTTATGCCAGC
ATCCTCAAACGCACGTCTTACAATATCAGTTCTATAATTATCAGCTATGACTTTTTCAAGC
CCATATTTTTCTCTAGCCTTTAAAAACCAATCAACTATATATTCAATTTCAATGACATCAT
CATCGACAATGGTCAATAATCCCATTTTTTCCCATTCTTTAATAGGAGGTTCTAATTTGAC
ATCATCCAAAACCCCTTGTCTTACAAACGAATGTCCTAACCAAATGTAATCATCGTTTTTT
CGGAATAATAGCCCTACACTTGCAAATCTCGAATGTTTGCAAAGTCTAAACCACCAATA
CACATTTGATTATCTAAATTTGGTATCTCTCTATTAGTCGCTAGTATTTCTTCCATGGTGC
TATTACTTTTTCAAGGTCAACTTCAGGCAAATTCATTCGCTTAGTCATGAATTCGGGCTTA
TTTGAACGGTTGAATGGTAAATCGTTATATTCTTCTTCAATCGTACTTAGCAGTGTTTTAG
CGTATTCTGATAACGGTTTATGTAACATTGGGTTTCGCCTTTTCCCACGTCTGTCTGTCATC
AACTTCTTTTGGATCGTCTAACTTACAATAAAAAGCAAACAATCTACTATTTTTAACCTTG
CCACTTAATACACTTGCAATTTTTGTGCTTCATTGCATCGATATAACCCTCTTAACAAAAC
CATCAGTACTTATATAAAACGTTCTTCTATTTTTCTTTTTACCTAATCCACCACGTTTGACG
TTTACCATTTCAAGGACCAAAGAAATAATGAATTCATCAAAAATAACACACCCCTCACGT
CCACCGTCTTTGGTTTTTGTGTTTGTGTTATATCGAATAACCGATTTAGTTGCACGGTT
TATTATTTTTGCTTTACTAACTTCATAAGGAGCTTTTGGCGTTTTACCGTCTTATTTGCTT
TGTTATCCATTAACCGTTCTGATTTTCATCAAACGATGTTTTTGTGCTGATCTTCACTATTA
GCAACAATGGAGATGTGATATTCTTTAACTCCGTGTAAGGGCGTAGAAAGAAAATCACTA
ATAGCACTTATTAGACCGTTTTTCCCGCCTCCACGTCCCATGAAAATAGCAAATTCGTAA
AGAAAGCTTCATCTGTATTTTTATCTATAAGAAATATATTAGCTATGATAAACCTTTGAAA
TGGTAATGTTGGAAAATACCAATTTTCAATAAATTTGATACAATCCTCGATTTTCTGTTCA
TCAAAAATATACATCATCTCGTGAATATATATGTTTTTGTAGATAATTAAGAGATCAATTC
TTTCTTTATTTAAAATTATCTTTCCTTGTTCACAAATTTATATATTCATCAACGTATTTA
TTACTTATCAT

> rinB-phiPVL

Function: protein coding sequence; bacteriophage transcript activator B (mobile element)

Best match: rinB-phiPVL_CC008_TCH1516_CP000730.1[2111630:2111779:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 116263 ... 116413; Length: 150 bp

Sequence:

```
TCACTCACTTACCTCCGCTCGAAAGACGTAATCACTCGGCGCCTCTACATCATCATTAGCC
GTCATCATAATATACTTGCTCAGTTACATACTTACCTAACTCATAACATCGCTAGTAAGA
ATAATAATCTTAGTATTTGCTTAATCAT
```

> **dut-phi**

Function: protein coding sequence; bifunct protein-dUTP pyrophosphatase and derepression of GI (mobile element)/phage

Best match: dut-phi12_CC030_MRSA252_BX571856.1[2152883:2153425:r]RC

Position: 036-contig_189: 117277 ... 117820; Length: 543 bp

Sequence:

```
TTACACTCCGCTACTTCCGAAGCCTTTTGCTCCACGTTCTGAAACACTCTCGAATTCCTCC
ACTTGCTTTAGTTCAGGTGTCCATATAGGCACGATAACCAGTTGTGCTAGTTTGTGCGCCTT
TGTTGATTTGGTAAACTCTTCTTATGCCTCTTCCATCTTGTACATAGTTACCTTTTATATCT
AAAATGCTTATTAATCCATCTTCTAATTCAGCGTCTATATCATCATATAAAAAGGGTATTC
CATCACGTTCTTCATCATTCTTAATATTAATCCCTAAATTGCCGTGATATCCGGCGTCTAT
CTTGCCTGTTTCAATCACTAAATGTGTTTTACTACTTACACCACTACGGCTAGTTAATAGC
CCGACATAGCCCTCTGGTATGCTTACAGCTACATCTGTTTTAATCACTGCCTTTTCTTGTG
GCTCAAGTACGACAGTTTCAGCTGAGAATATGTCATAACCTGCATCCGTCTTATGATTTTCG
TTCGGGCATTCTAGCATTCTGATAATAGCCTTACTTGTAATGTGTTAGTCAT
```

> **sri**

Function: protein coding sequence; staphylococcal replication inhibitor (mobile element)

Best match: sri_CC008_Newman_AP009351.1[1110173:1110331]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 120465 ... 120624; Length: 159 bp

Sequence:

```
TTAATATTCGACGATAGCGGGGCGTGTATGACGTTCTGCAAGTTTTTGGATAAATAGGTC
GTACAACCTATTTTCATCGCCCTGTGCCTCATCTATGAGTTTCTGAGCGTACATATCTGAA
CACTCAAGTTTAGTTTTTAAAAATTCTTTGGTTACCAT
```

> **istB**

Function: protein coding sequence; replicative DNA helicase (mobile element)

Best match: istB-phiPV83_phage_FJ713816.1[12631:13404]RC AND istB-phi53_CC005_04-02981_CP001844.2[886487:887266]RC:

Position: 036-contig_189: 120617 ... 121397; Length: 780 bp

Sequence:

```
TTACCATGTATCTCGCTCCCTGAAATCGTCTCCGATTACTCTTACTTTTTCTTGCATTGTGTT
TCATTCTTGAATTGATACGTTGCCAGTTCATATTTTGATTTAGTTCTTTATCACTAAAGTTA
GTTGTAAGATGTTGTTTTTACCTACTCTGTTATCAACAATGCTGAAAAGTTTATTTAAAG
TGTGCTCTGTGTTTTCTACACCATATCATCTAGTACAAGTAAATCAATATCACTTAGCAA
TCTGACTAGCTCGTCTGTAGTCTCTACTGCATTTTTGTTGTATGTCGCTTTGATACGATCCA
TCAACATTGGTATGTGCATAAAAGCAACCGTATGCCCTTTAGCTTTAACTGCTTTTGCAT
AGCGTATGCTAGGTGGCTTTTACCAGTTCGATGAACCTTGCAATATTAATGATTTTGGC
TCTTTTGTAGAGAAGCCTTGAACGTAATCTATTGCTGTTTGTAGCGTGTACTTGTTTTTTC
ATTTTGTGGCTTGTAGTTTTTACTGTTGCATCTCTTAAAGACGGATTAACGTTTGATTGA
TTGAATATGTTGTTTATCTTCCGTTGCTTGTTCGCTTATATTCCTCATAGATTTACATTT
GCAACCGTCTTTATACTCGTAACCATTCCGGGTGTTTTTTAGTAGGAGCAAATTATATAAG
TCGTATTCACTTCCACATCTCTCACATTTCAATCCTTTTTTCGACATGAGTAGGTTGATATTT
TTCAAGCTTTCGTTTATCTTTTCGCTGAATAGTGGTTTCAT
```

> **Q4ZAK4**

Function: protein coding sequence; putative bacteriophage protein I (mobile element)

Best match: Q4ZAK4-phiSLT_CC005_04-02981_CP001844.2[885707:886477]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 121406 ... 122177; Length: 771 bp

Sequence:

```
CTAATCCCAATAACTTTTCGTCGTAATTCATGCGTTCCAATTGATTCGTGCCAGTTGGTTGT
ATTTTTTGATTGAGGTACCCCTCAAATTTACTGCCAAAAGTGTCTTCTGGTCTAAGGTATT
TATCGCTATCCGTGTTAACCATTACAGCTGTTTTGATATCAATCACCTTTTTAAAATCCTCC
AACCTAAAATCTTGATTCCATCTTGCTTTAATAAAAATCTTTGTTTTAGCTGTATTATGTTT
AAAATGCTTTCCTGCTTTTTTATTTAAGTATTCGATAAATTTCTTTATAGGGAATGGAAGAC
ACCGTCGGGTTGCCCGACAATATACTTCCTTCATTATTAGTATTGTTATTATTAGTTAAAT
CATTATTAGTACTATTATTATTAGTAGTATGCGATTTACCATTAACGGTTTTTCCATTGTTG
GTTTTACCGTTAACGGTTTTTCCAACGTTGGAAAATCGAATGTGGTGCGGTTGCTCATATA
CTAAGTACTCATAACCATTTAACCTACCCTTTTATCACGTTTTCTACTACGTTGAATGTA
TCCAATTTCTCCAGTTCCTTGATTCCACTCTTTAAACCGCTAAGTCCATCAGTTGAATGTT
GCTCTAGTTCTGTTTCGTAATTTGCCAGTTATCAGGTCGACTTAACAAAATAAAGTAGAAT
ACCTTTAGCCTTCCAACCTTATATTAGAATCATGTATAAAAATCTTTGTGTACTGTGACAAAG
TTACCTGATTCTTTGTAAACTCTAAATGTTGCCAT
```

> **ssb3-phage**

Function: protein coding sequence; putative DNA binding protein (mobile element)

Best match: ssb3-phiPVL_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2065949:2066500:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 123346 ... 123898; Length: 552 bp

Sequence:

```
TTAAAACGCTAAATCTTGGTCGTCATATCCAAATTGGCCACTGCTTTCAAATGGATTGCTT
TGTTGAGACATTGATGTTTGTGTTGTGCCCGTTATTTTCTTCAGCTTTTTGCTTATCTGT
CTTCGGAATAGGTTTGTAAACAACATCATCGCCCTTTTTGTAAGGTTTAATAAATGAAAAA
TCCGTAATAACTTACCTTCATCTTCATTGAATTTCCATTTCAATACCAAGTGACAAAACCT
TACCAATAAGATCATTGGTATCAAAATCTAAGCTAGGAAGATTTAACTTAATACCTAATC
GAGTAACTAATTCAATCAATTGTTTTTCTTGAAATCATATTTATACGGCGGTACAAATTG
ATTATGTTTATATTGTTTGCCTTCATCATTTTCAAATACGATTGTGAAATATCTATTTTCTC
TATCATTGAATTCAATATTTTAACTTTCCTACTGTGAATTCCTCAGCTTGAAACCCTGCTGA
GCCGTTATAAACTTTTCTTGATTTGTTTCTTTAGTAAATTGCGCTTGTCCTGTGATTTTCA
T
```

> **DUF2483-phi80a**

Function: protein coding sequence; putative bacteriophage protein (mobile element)

Best match: DUF2483-phi80a_CC010_H19-ST10_ACSS01000056.1[6024:6245:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 124707 ... 124929; Length: 222 bp

Sequence:

```
TCAGTCATGTTCTACCTCCTCATACTCAATTGTTTCTGTCACTGTTTTCTTGATTGCTTTGT
GCTTAGACATATCAATAACAGTTTTGTCTAGTCCGTCGAATTCCTTTCGCTCTCGCATATC
AGTTGAATACTTCACTGTATCGTTCACTTCGGTTGGTTCGGTTTGTAATAAATAGATTTTCA
TCTTTATGCTTGATTAGATAAGTTACAGTCTGCTTCAT
```

> **ant-phiPV83**

Function: protein coding sequence; bacteriophage antirepressor (mobile element)

Best match: ant-phiPV83_phage_AY508486.1[26092:26889]RC

Position: 036-contig_189: 127131 ... 127929; Length: 798 bp

Sequence:

```
TTAAGATGTTTGTTTTTCTCCTAAAACTTATTAACAAAGTATTGTTGTCCTTTGCCTGTTA
CTTTTGGTGTACGTGATACTTTACTTGAACCATCTGGATTATTAATTATTCGTTTTTTGATA
TCCAAGATTTTTAGATCCATACTCTTTTGAGTTGGTAAGTTATAACTTTCTCCACTCTTTTT
AATGAGATATCCATTATTTCTTAACCATTTGAATAATCTGTTTTGTCCTATATCCACACCG
TTTTGTTTAAAGTATTTTCGCAAGCTCTCCGACGAGTATTGAATTGTCGCTACCAGCTACTG
AGTCAGCGAATAAATACTTTTGGTTTGTAACTTCTACTTGCTGTTGTA AAAAGTAAGTTTTG
```

CTCTTTTTCTTTCTTATACTCAGTCAACACTGTAATGATGTAGTCTGGATCTTTTAATGTTT
GTTCAATTACATTGTCTGTTGCGTAGATACCGTGTTTGC GAATAGCTGGTAGGACATCTGA
TGTTACCCAGCGTTTGAATTTTCTAGCGTTTTCTCTAATTTTTTCGTTTTTGGCTTTGTTTGA
AGCATCGAAGATTAGACTGTATAATCCTGATTCGTTGATAATGATCATATTTCTGTTTTGA
CCTGATGCACTAAATTGGTGCGTCAGCTTGCCTCGCTATCAACATGATTTCTGATGGCAT
TGTCTGTCCTTGCATATCCTAAAATCTCAGCAATATCTTTTCTACAAAATAAGGTTTCGTT
TTCAATTTCCACTGTTCTTACTGGTAGCTCTTTAAAATTAATGTTTGTAATGCTTGCAT

> **repressor-var3**

Function: protein coding sequence; bacteriophage repressor (mobile element)

Best match: repressor-var3_phage_AP001553.1[2342:3070:r] [4_50ANF10END]

Position: 036-contig_189: 128338 ... 129067; Length: 729 bp

Sequence:

GTGTTTCAGAAATATGAACAGTTTTTAAGGATAGATTAAAGCAAATTATGTCTGAACGGAAG
ATATCTCAATCAGAGCTATCAAGAAGGACTGGTATTGGCAGAACTCAATTAGCGATTAT
TTAAATGGAAAATATGAAGCGAAACAAGACAAAGTCTTTGAACTAGCAAAGGCTTTAAA
CGTTAACGAAGCGTGGCTTATGGGTTTTGATATTTCTAAGAATAGAAAAATTGAAAATAA
CGACATCACTTCCATATAACAACAACTCACACCTCCCCGCCAAAAAACGTACTTAACTA
TGCAAATGAACAATTGGAAGAACAGAATTCTAAAGGAGATAACGTTGTAGATATTAATTC
ATATAAACAGGAGAAAACCTCCAGTTAACGTCAATGGTTGCGTCTCTGCTGGTGTAGGAGA
ACGTTTACACGATGAAACGCTATTTACTGAAATGGTTAAAGGACCTATCCCCACACACGA
TTTAGCGTTAAAAGTAAATGGTGATTCTATGGAACCTATGTTTAAAGACGGTGAAATTAT
ATTCGTAGAGAAAACCTACAATATAAGAATGGACAAATTGGTATATTCATCATTGAAGA
AGAAGCGTACGTTAAGAAAGTCTTTGTTGAAGATGATAGATTGACTCTAGTTTCACTAAA
TAAAGAATACGATGATCTACACTTTTACAGGAACGAAAGTGTGAGGTTAATTGGAAAAGT
TATTTTATAG

> **int1-phiPVL01**

Function: protein coding sequence; bacteriophage integrase (mobile element)

Best match: int1-phiPVL01_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[20637:21842:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 131132 ... 132338; Length: 1206 bp

Sequence:

ATGTGGATTGAAAAATTTAAAAACAAAAATAACGAACTAAATACAGATACTACGAGAA
GTACAAAGATCCATACACAGATAAATGGAAACGTGTAAGTATTGTCTTGAACAAAAATA
CAAAACAATCACAAAAGAAGCTATGTTCCGTTTGAAGAATAAATAAAGAAAAACTA
AACACAAGTCGTCAAGCGAATTAAAAACCTTTGACTTTTACGCGCTATTAGATGAATGG
CTTGAATATCATATAAAAACATCAGGTTCAAAGTTGACTACTCTTAATAATATAAAAATA
AGAATTAAAAACATTAACGATACTGCTCTGAGAAGTTGCTTTTAAACAACTTGATACA
AAATATATGCAGATATTTATTAATAAATTATCAGATATCTATTCTCAAATCAAGTAACCC
GTCAACTCGGAGATATGAAAGGAGCTATTAATATGCAGTTAAATTTTACAATTATCCAA
ACGAATATTTGTTAACTAATGTCAAATACCTAAAAGAAGAAAAACAATAGAAGATATC
GAAAAAGATGAATCTAAAATGTACAACTATTTAGAAATGAACCAAGTCCTACAGATACG
TGATCATATACTAAATAATAAAGTTACACAAGCGAAATCGCATTTTAATTGCCAGTAT
CTTAGAAGTACAGGCTTTAACTGGTATGCGCATAGGAGAATTACAAGCACTTCAGGAAAA
AGATATAGATTTATTAACAAAACCTATCAATATAACAGGTACAATTCACCGCATTAAATA
TGAAGAAGGATTCGGATACAAAGATACTACAAAGACTATAAGTTCAAAAAGAAGTATCA
GCATCAATTCTAGAACCGTAGAAATTTTTAAAAAGATAATACTGGAAAACAAAATGTTGA
AAAGATGGAATTCTAGCTATGTTGACAGAGGGTTCATATTCACAACAAAAAAGGAAAT
CCTTTATGTAATAATCAAATTGCCAGTGTGCTTAAGAAAACCTACAAAAGCTTTAATATG
AATAAGAAAGTTACCACGCACACATTTAGACATACACACATAACTTTATTAGTAGAAATG
AATGTTTCTTTAAAAGCAATTATGAAAAGGGTAGGACATGTAGATGAAAAACAACAAT
TCGCATATACTCATGTAAGTAAAGAAATGGATAGAGAAGTAACTCAAAAACCTCGAAA
ACATTCCAAGTTAG

> **A5IT17, disrupted - downstream fragment**

Function: protein coding sequence; putative protein: disrupted - downstream fragment

Best match: A5IT17-

CC1_ref_CC001_MSSA476_BX571857.1[1554595:1556757:r]RC#[2_150ANF&END]#A5IT17#[CDS:putative protein]#[cv:54.602:54.2126] MANUAL OVERRIDE

Position: 036-contig_189: 132339 ... 134408; Length: 2070 bp

Sequence:

```
CTTAAATCTGCCCTTTTTTTGCCCTTATATTTTTTATAAGCTTTATAAAATGCTTGAAAACA
CTGGCATTAAAGATTTTCTTGGACTAATTATATCATCATAATGTGATGGTTCAAATATCAT
TTGTACAATCAAAGGCTTCATGTTCTTAACAATATCATCTAAATGGTTATCTAAAATTGGT
GACTGCTTTTAAATCATTAAAGAAAAGGCTCCCATTGCTTAAAGTATTATCTAATTCTT
CTAATTTAGTTTTAATATAAATTACAAGTTACATTAGGAATCAGGGACAAAATTCTTTCTT
TTTTACATTTAACATTTCAATTGCATGTCTTAAATTCTTACGTATTTTGGGAATTGTATTAA
TCAAATATTTTATTACATCGACAATTTTCGATGCATATTCATCATATATACCTTGAACATA
GTCTGCTATTTTTTTAATACCATCATCGATATGGTCTTTTAATATTTTCATTTTTCTTCCTAA
ATAATTAGAAGGTAAAGCTAGACCCTGCACCATATTTTCACCGCTATAATTAATTTGATA
ATTTCCATCTAAAATTGTTGCATCTTGTGCTTCATAAATACTTCTAATATCTGCAATTTGCC
TACCATAAATATCATTTTGATTTTTTATTTGCTGAATATTCTGTTTTACTACTTTCAAATGT
TTCATCATTTCTTCAGATACTCCATCCTTGAAGTCATGATCAATATTTTTGAAAATTTCTAA
AATTTCAATTATCTATACTATCATACTTTTTTCTATAAAAGATTTTATACTTTAAACAAC
CATTAATTTCTTTCTTTAATGCATCCAATGCAAAAATCAGGTAATAAGTGTTAACAGCACT
AATACTTTCTATTGTTTCATCTGCAACTTCTTCAAGTGCCTTTATTTTACTAATTAAGTTC
TTCCATTTCTTCTAATTGAAATAAGTTAATCTTATCCTTAAATCCTTCTGATAATTGTTTC
TTTCTATCTGCAAAATTTTTATTTTCATTTTCTGAGATGTTAAAACCTTTCATTTAAAAAGAT
TACGCATTCTGCTAACATAACACTTGTTCACCAGTAATCAGTTTACTCAACGCATCAAGA
TTTTCTAAATTAAGTTAATTAAGTTCCTTTTCCGGAACGTGCAATCGAATCTCCTGTCC
AAACATTTATTGGAATTCGCCATCCATATCTAATGTTATGTTAATAGTCTTTTTTACTTTT
TTCCATTTTAAATTTCTGTATCTTTTACCGACTTAATTTTGATTAGTGGTACAGTATCGTA
TGTGTTATCTTTTCTATTTAACTTCCTTTTATAACCTACATGGCTGTCTATTAAGCATCTA
ACCTGGGCACACCATCACTAATGTTAACGCGTTTTTCTGGCATATCTTTGATGAATGGATC
TTGTAACCATGTTAATAAATCGTTGGTACTATTAAACTAATCATATTATCAAAGCGTGGT
CTAGCAAATTTCTGCCAAGCAGCATAAGGAATCATTGCTGAGTCAGTAGCAACAACCTTTT
TCATTCGGATGTTTCGCTCCTTGATATTTTGCTCCTGCACCACCTTCCGAATTACCACCATC
CGCCACAATTGTTTTGTTTTGTAATTATAAGGTTTAGTTTTGTATTTCTTCTAAATTCAT
TTTCATCAAGAACAGAAGCATCTTTAATTTTTTGTGATAACTATTTGCGAATTCTTCTAC
TTGCTTTAAATAATCTGTGCTTTTCATTATCATTATTCATTAATTTAGCATTTTGGAGCCAAT
CATCTCCAAAACCCGATGATTTTAAATGGATTATTTGGGTAAATTGCCTCATTAGATGTTCC
TTGATAAATTAATTGTCTGTTGACCAGTTGGATTCCCCTGATCATTAAAGTAACTCGTATGTT
TTAATATCAGCAGCACCATTATCATTACTATTATCATTATAATTAATCTATTTGTTT
GAACCGTTTTCCATTTACTTTAAAATCTTTTTTTTCATTTATATCTTGATAAACCCAATAAC
TGCTCAATTCTGCTATGTCCCTATCATTTATTTATTCAC
```

> **graD01**

Function: protein coding sequence; size of CDS enlarged with respect to SACOL1533 (core genome, variable)

Best match: graD01-MW2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1577011:1577919:r]RC

Position: 036-contig_189: 134419 ... 135328; Length: 909 bp

Sequence:

```
TTACCCTTCAATTGGATTTATATCGTCATAAAATGGTTTTTTTAGTATTTATACTAGATTTTC
CTAATTGAATAGTAACTTGAGATTTTTGAGGCATATTGGGTTTTTCTTTAATTTATTACTC
AATTCAATCACATCATCTACTGTATTGTCTTTAGTAAAGTTTTTCTTAGTTGAAAAAAGTG
TAGAAACTGCATCAGTATTGGCAGTATAAATCTAACTCTTTTCTAGCTTGTGACATACCTTC
TTTAAATTTCTTTATCATTTTTTATGAATCAACGGTTCGTAATATTTACGATATTCTTTAAGT
TTCTTGATAAATATGTGATATAAAAGTATTCATTTTGATATCCAACGTTTTGTGTCTTGTTA
ATTGCCTCTTTTGTAAAGCCTGTATATTGATATTTCTTTTCATTTTCTTTGAAGAATTTATA
```

TAAGTTATCATACTTTTCTTTTTGCGCTCGATATTCAAAGCCACTCAGCACTGTACCCACC
ATCATACTCATATCATCACCATTGTCATTACTGCGCATTGATCCTTTTTGATGGATGGCAT
CTTTGTACAAAGGTAGACTTGCATTAATAACAATGCCATGATCTTCACAATGCACATAAA
CTTCTATAACCATCATCTTTACCTACAACATTGGTAGCCTTTACCTTCAGTCCAAAGTTGTCT
TTAAAGAATTGTTCCCCTACTTTTTCAAATTCTTTACGATGCTTCTTCGCAAATTCAATCGC
ATCTTTTTCTGCAGGCGGTTGGAAGCCTTGGCCTACATATTTGAAGCTTCCATTTCTTCTG
GTACAGATTTTGTCTGTGTTGTGTCTTTATTTGATTCATTTTCCATCGCGGAACATCCC
CCTAAAATTAATGTCGTGGTTAAACTGATCCAATGAACTTTTTTCAT

> **srrB**

Function: protein coding sequence; staph respiratory response protein B-sensor histidine kinase (core genome, constant)

Best match: srrB_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1511734:1513485:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 135572 ... 137324; Length: 1752 bp

Sequence:

TTATTCTGGTTTTGGTAGTTTAATAATAAATGTTGTGCCTTTCCCTAATTCGCTTTTAACAT
CTATGGAACCACCATGCTCTTCGATAATCATTTTACAAATGAACAAACCTAAACCGGTAC
CTTGTTTACCTCGCTTCTCGCTGCATCAACTTTATAAAAACGATCAAATACTTGTTGTAA
ATGTTCTGGTGAATGCCTGTACCTGTATCTTTAATGTATAAAATATCTTCGCTTTCATTTT
CATCACAAGTAATTGCAATTCATCTCCAGGTTTCGTATAACGTGATGCATTATCAATTA
GTTTCGTTAGTACTTGGTCCATGCGATCCATATCATAACTCCAAACACGCTTCTTACAATAA
TTAAAAGTCATATTTAGACCTAAATCATCAGCTTGTGGCGATACTTAATTTTCATCTTAT
CTAGTAACGCTGCAATAGGCTGAACTTCTTTATTTACGGATAACCCTTCAGCATCCATGCG
TGCGACATTTAACAATTCATTAACCTAAACGATTTAAACGTTTTCGATTCATCAAGGACAAT
GGCAAGCGATTCTTTTATTTTCATCCGGTTCTGTAACAATACCATCTACAATTGATTCAGTA
TAACCTTGAAGTAATGATATCGGTGTACGTAATTCATGTGATACATTAGCAATGAAATCT
TTCTTCATTTGATCTAGATTGTGCTCATTAGTCATATCACGAACTGTCACAACAACACCAC
TTTTACCTCCCTGTTCAATCTTGTGCGATATAGCTTGTGGTCAACAACAAGAATCGTGCATT
CATTTCTAAATCGCGCATTTCAGTTTGTGTTTTGATTTAAAAGTATCTTCTATTTGTCTTAATA
AGAAAGCTTTAGCATCTTCATCAATATTGTCCATAATATCATTCCGCATCTTATTAGATAA
GATAATTTGTCGACTCTCATTAAATACCTAGGACACCTTCTACCATAGAGTTAATTAAGCTG
TCTCTAATATTTTTAGATGTGGATAATGCGTCGACATGCTCTTCGATTTCTGTACTCATCTG
ATTAATGCCTGCGATAATTGACCAATTTTCATCTTTCGTTGTGACAGAAGGTTTATAAGAG
TAATCCCCTTCAGATACACGTGTAGCTTGGTCTCTTAAACGTCTTAAAGGTTTTGTAATTC
TTGACGATAAGAAAAACGCAAAGACTGTTGTAATTGTTAAGAAAATAACAGCCGTAATT
ATGGTGATAATCGTAATAGCATTATTTGTATCTTCGATTGATTTCAAGTCTTTATATATAA
AGACTCCACTATATTTGCTATGACTATTTCTTCTGTGCTTTTGTGGATAGCCTAACAAAAT
ATATGTTTGAGATGAGCCCTTTTCTTTAATCGTTACATTTTCGAGTAACAGATTTACCTTTAT
CAAACACATCGTCAAAAATGGTCGTTGTTGACTACTTCATTCAACATTTGCTTTTTAATATT
AGAAAGTGAAGCCGTTGATTGACGATGTTTATTATTTATAATCATCAACCCACCAGGATT
TTCAATTAATGTTTGACTATATTTTATTGCTTCTTCTTTATTATGTGATTGTTTCGACCAGTG
AACTTATACGTCTAGCATCTTCTCTTATGGCATTTCGTTTCTTGTGTGAAATAGTATTGC
ATAAAGGTAATTAAGCAATACTTAATAAAAATTAAAACTGTCGTCACTATTAAAATAATA
GTTAACCACAGTTTAATTACGACACTATTTAGCCGGCTCATCAT

> **srrA**

Function: protein coding sequence; staph respiratory response protein A-DNA-binding response regulator (core genome, constant)

Best match: srrA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1608983:1609708:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 137304 ... 138030; Length: 726 bp

Sequence:

CTATTTAGCCGGCTCATCATTAGATTTAACCTCAAATTTATACCCAACGCCCCAGACTGTT
TGAATCATATGCGCAGCTTCGCTAGACACACGATTTAACTTTTCTCTAAGTCGTTTAAACAT
GAGTATCAACTGTTCTTAAATCACCATAGAATTCATAATGCCAAACTTCTTTAATAAATTG
TTCACGGTCAAATACTTTATTTGGTGTGTTTAGCTAAATATATTAATAATTCGTACTCTTTAG

GAGTCAAATTAACCTTCTTGATTATCAGCAAGTACGCGATGTGCATCATTATCTATTTCTAA
ATGTTTAAATTCAATCACATCACGTGCGTGAGGTTTCGCTTTGTTCTACAGTTGTAGATTGC
GTTCTTCTTAGAAGTGCTTTAACTCTTAAGACTACTTCTCTTGGTGAAAATGGTTTGACGA
TATAATCATCTGCACCAGATTCAAAACCTTCAACACGGTTTGTTCCTTACCTTTAGCAGT
CAACATAATAATCGGTGTTTGTATGTTTCACGCAATTTAGTTGCCACCTGGATACCATCC
ATTTACAGGCAACATTAATCTAGTAGTATGCAAGCATAATTATTCTCCATTGCAAGTTCAT
AAGCCTCTTGGCCATTACTTGCTTCATGGATTTCAAAAGATTCTCTTTCTAAATACATTTT
AAGTAATCTTCTGATTCTATCCTCATCATCTACGATAAGTATTTTCGTTTCGACAT

> **rluB**

Function: protein coding sequence; RNA pseudouridine synthase (core genome, constant)

Best match: rluB_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1514324:1515061:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 138162 ... 138900; Length: 738 bp

Sequence:

TTATTTCCCATGTTCTGCTAAATGACGCATCACTTTTACTTCATGAGGGCGTCAATACACGT
CCTTACCAGCATTCAAACCGACAACATTTAAAGGCCATATTCAATACGAGACAGTTTC
GTCACCTTGATGACCAAAATGTTTCGAACATTTCTTCTGACTTGGCGATTACGACCTTCTGTAA
TTGTAATTTCAACCAATGTTGTGTTTTATCTTTATCTTGTTCCTTAACTTTCACCTCAGCC
GGTTGCGTCATAACCATCTTCTAATTCAATACCTTTTTCTAGCGCTTTCACCTTCTTCTCAT
TAAATAACCTTTTAATTTTCGCAACATATTTTTTCTTAATTTGATATCTTGGATGTGTCATTA
AATTAGTAAATTCACCATCATTTGTGAGTAATAACAATCCAGAAGTATCATAGTCTAAAC
GACCAACAGGATAAATACGTGCTTCTATATCTTTAAAGTAATCTGTAACCACTGTACGTC
CTCTATCATCAGATACACTTGTTATCACTTGAGTTGGTTTATGGAATAAAATGTAATTTT
GTCTTCTAGTTCTATTTAATACCTTCAACTTCAATCGTATCTGATGGCTTCACTTTTGTTC
CTAATTCAGTGACAGTCGTACCATTCACTTTCACCTTTCCTTCAGAAATTAAGTTTCTGC
CTTACGTCTTGAAGTATAACCGCTATTAGCTATACGTTTTTGTAAATCGTTCTAATTCTTTAG
TCAT

> **scpB**

Function: protein coding sequence; chromosome segregation and condensation protein B (core genome, constant)

Best match: scpB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1610571:1611113:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 138892 ... 139435; Length: 543 bp

Sequence:

TTAGTCATTATTTTCTCCTTTTTGATTGACTAGATTACTGAAAAAGCATCCATTTCTTCAT
CGTCTTCTTTCAGTTGTCGGCAAATCTTCTATATTGGAAATACCAAATACATTTAAAAATAA
ATCAGTAGTAATTAACCTGTTGGCTACGCTGTTCAATTAACCACTTTAGCCTCAACTAGTCCT
TTGGCAATCAATGTCTTAACTGCACCATCTGAATTGATACTACGAATTAATTCAATATCAC
TTCTTGATAATGGCTGGTTATAAGCAATAATTGATAGTACTTCCATTGCTGCTTGTGATAA
TTTCATTTGTGACTTTTGTTCAAATTAATTGTTCAATATACGTTGCCGCTTCTTTTTTAGTCG
TTAAACATACGTCGTTCCAAATCGTTGTATCATTAATCCATGTGATGAATAATTTTCAAT
TAATTCACGAGTTGGTCTTTCGACATATCTAATATTTCTAATAGTTGTTTTTCATCTAAAC
CTTCATCGCCAGCTGTAAATAAAAGCGACTCTAATATACCATGATTATCCAA

> **scpA**

Function: protein coding sequence; chromosome segregation and condensation protein A (core genome, constant)

Best match: scpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1582019:1582750:r]RC

Position: 036-contig_189: 139427 ... 140159; Length: 732 bp

Sequence:

TTATCCAAAATGGTAGTTCACCTCCTAATAATGTTAATATCTTCAAATTACGTTGTTGC
TCAATATTAATTATTCCTGCTTTTACATCTCTAAAATAGCTAAAAAGTGAGTGACTACTT
GTTCAATTGGCTCAGAAAACGTAACAGACTAAAGAAGTTAAAATGATCTTTATCTTTCA
ATCTCGATGTCACCTTGTCTGTAGCTTGTGAATGGTAAATGTCTTTTTTCGGATTTCAAC
AGATTTAGGTGTATTTAACTCAACTCTATTTTAACTCTTTGATAAGCTACAATTAATTCA

GTAAATCAATCGTATGATTTGGATTCCAAGATTCATCTGTTTCCAAATGAGATAAATCTG
TCGGTCTTTTTGTAATAAAAAATCTCTTTCTTTTCATGTCATTTAAAATAGCAGTATAT
TCTTTATAATTTTGATATTCTATTAACGCCAACTAAATCTTCCCGTGGGTCATCATCAA
CATCCATATCTGATGTTGATTGTGGTAATAGCATCTTACTTTTAATCATTAAGAGTTCTGA
CGCTAATACTAGGTATTCACCTTGCAATATTAATTTCAAGCTGTTTCATTGCATGAACGTAC
TGCATATACTGCTCTGTTAATGCTTGCATAGGAATATCATAAATATCTATTTCAAATTTTT
GGATAAGATGCAGTAATAAATCTAATGGTCCATTGAAAGCATCTAATTTAACTTCATACA
T

> **Q2FY75**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q2FY75_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1582842:1583348]

Position: 036-contig_189: 140250 ... 140757; Length: 507 bp

Sequence:

ATGCAACAGGCACTGATAAATTTCTATTATCAATTTCATACTAAGCAACATTATTTCCCTAT
GTCATGACATTTTAGAAGATGCATGGAAAGCTGAAAATAACTACAGTAAGCAAGATGCA
GTTGTTAGTTAATCTTGTGTTGCAACTGCTTGTACCATTATCGCCGCAATAATTTAAAAG
GCGCCTATAAGTCTTTTAATAAATCTAAAGAAATAATACAAAATGCTAAAGACAGAGATA
CGTTATACCTTAATTTAAATGATTATCAGTTGTTAATTGAGCAACAGATTGCAAATTTGAA
TGCAGCAAAGCCTTTTTTCATCTGTTATATTACCAATAACTCCAGACTTTGAACGCATCATC
AAGGCCAACTATCCAGACTATGATTATAATCAGGAAACATCAACAGATCCTTTTATTGTA
GACCATCACATGCGGCGTGATCGTTCAGAAGTGATTGCAGCAAAGAAGAAGCGATTCA
ATTAAGAAAACATAGACGTAATTAA

> **xerD**

Function: protein coding sequence; chromosomal tyrosine recombinase D (core genome, constant)

Best match: xerD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1583426:1584313:r]RC

Position: 036-contig_189: 140834 ... 141722; Length: 888 bp

Sequence:

TTATGCTCTAGGATGAAATTGGTTATACATTTTTCTAATTTGAGATTTTGAAACATGTGTA
TAGAGTTGCGTAGTAGATATGTCAGAGTGACCTAACATCTCTTGCCTGCTCTTAAATCTG
CGCCATTTTCCAATAAATGTGTGCGAAAAGAGTGGCGTAACGTATGTGGCGTTAACGTCT
TTTTAATGTTGCTTTACACCATTTTGTGTTAATCATTTTCCATATTGCTTGTGCTGATAAA
GGTTTACCATGCATATTTAAAAATAAGACTTCGGTAACAGTCTTTTTTAAAAGTTGCGGTC
TAATCGTTTCAATATAAGTAGTTAAGTACTCAATGACTGCGTCGCCTAATGGCACAATTCT
TTCTTTATCGCCTTTACCAAATACGCGTACAAACCCATTATTAAGTTCACGTTCTCTAAC
TCTAAATGTATCAATTCAGATACACGCATTTCCGTTGCGTACAGAAGTTCTAACATCGTAC
GATCACGATAACCATTAATTTTAAATCCGGCGTTTCTAATAAAGCCAACACTTCGTC
AACATTTAAAACGTCAGGCAATTTTTGTGTCATATTTGGTGAATCTAATAATACCGTTGGA
TCTTTCGCCGCATATTTTCTTATAGCAAATTGATGAAAACACTACGGATTGTTGAAATAA
ATCGCGCAATAGATTTAGCAGATTGCCCTTGGTCTATTAATGCCCAAACACTCTTGAAT
TAATTGTCGATCTATAAATCAATATGCGAGATATGATGTTTCAGTCATATAATCTTGATAC
TTTTTCAAATCACGTCTATAAGCACCAATTGTGTTAGAACTTAGTCCTTTTTCAATTTGTAT
AAAACGCAAATATTCTTCAATAATTGTTTCCAT

> **fur**

Function: protein coding sequence; ferric uptake regulator (core genome, constant)

Best match: fur_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1613449:1613898:r]RC

Position: 036-contig_189: 142070 ... 142220; Length: 150 bp

Sequence:

TTTGTCTTTTACTTTCAGATATACGTCCTCAGCACTTAGATGATCTTTTTTCATTTTCAATTA
GAACTCTAACAGTAGCTTCGCGTTGTGGCGTTAGCTTATATGATGATTGTTGTAATTGTTG
CTTAACGCGATTAAATCGTTCTTCCAA

> **nudF**

Function: protein coding sequence; NUDIX hydrolase (core genome, constant)

Best match: nudF_AF118839.1[1:169]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 142324 ... 142493; Length: 169 bp

Sequence:

```
TTATTTAGAATGATTATAATTTAATAATAGGTGTTGCAATGCAATGATAGTCTTCGCATCT
TCTATTTCTTTATTCATTAGCATCGATTTAACATTCTCAATCGGAACTTTAATGACTTCGAC
AAATTCATCTTCATCTAAGTGAAGTGTACCTTCTTCTAAATTATCC
```

> **Q5HFS2**

Function: protein coding sequence; putative oxidoreductase (core genome, constant)

Best match: Q5HFS2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.41614627:1615535 [4_50ANF10END]

Position: 036-contig_189: 142948 ... 143857; Length: 909 bp

Sequence:

```
ATGCAAAAAAATATATTTAAAAAGTGGTATTGCATTATCTGAATTAGGTCTAGGTTGCATG
AGTTTAGGTACAGATTTAAAAAAGCCGAACAAATTATAGATTGTGCTGTTGAAAATGGT
ATCACTTATTTTGATACAGCAGACATGTACGATAAAGGTATAAATGAATCAGTTGTTGGT
AAGGCACTTCTTAAATATCAACAACGCGATGATATTGTCATTGGTACAAAAGTAGGCAAT
CGTTTAAACAAAAGATGGCAGTACAACATGGGATCCGAGTAAATCCTATATTAAGAGGC
AGTTAAAGGTTCACTAAAGCGTTTAGGTATCGATCATATCGATTTATATCAACTTCATGGC
GGAACCATTGATGACCCATTAGACGAAACAATAAGCGCATTGATGAATTGAAACAAGA
AGGAATTATACGTGCTTACGGTATTTCTTCTATTCGCCCAAATGTAATTGATTATTATTTA
AAACATAGTCAAATCGAAACGATAATGTCTCAATTCAATTTGATTGATAATCGTCCAGAA
TCATTATTAGATGCAATCCACACCAATGATGTTAAAGTATTGGCAAGAGGACCTGTGTCT
AAAGGATTATTAACCTCAAACAGTGTTAATGTGCTCGACAATAAATTTAAAGATGGTATT
TTTGATTATTCTCATGATGAATTGGGTGAAACAATAGCCTCTATTAAGAAATTGAAAGT
AATTTATCTGCATTGACATTTAGTTATTTAACATCACATGACGTGCTTGGTTCATCATTG
TAGGTGCAAGTAGCGTCGACCAATTTAAAGAAAATATTGAAAATATCATACTAAAGTTA
GTTTAGATCAGATTTAAACAGCAAGAGCTCGTGTAAGGATTTGGAATATACCAACCATT
TAGTGTAG
```

> **tx_Q5HFS2**

Function: rho independent terminator of Q5HFS2

Best match: tx_Q5HFS2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1586456:1586530]

Position: 036-contig_189: 143909 ... 143939; Length: 30 bp

Sequence:

```
GCCTTACTGCTGTTGTTTATGTACAATTCG
```

> **proC**

Function: protein coding sequence; pyrroline-5-carboxylate reductase (core genome, constant)

Best match: proC_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[6926:7741:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 145233 ... 146049; Length: 816 bp

Sequence:

```
ATGAAACTCGTATTTTATGGAGCTGGTAATATGGCACAAGCTATATTTACAGGAATTATT
AACTCAAGCAACTTAGATGCCAATGATATATATTTAACAAATAAATCTAATGAACAAGCT
TTAAAAGCATTTCGCTGAAAACTAGGTGTTAACTATAGTTATGATGATGCGACATTATTA
AAAGATGCAGATTATGTTTTTTTAGGTACCAAACCGCATGACTTTGATGCTCTAGCAACA
CGCATCAAACCACATATCACAAAAGACAATTGCTTCATTTCAATTATGGCAGGTATTCCG
ATTGATTATATTAACAACAATTAGAATGCCAAAATCCAGTTGCTAGAATTATGCCAAAC
ACAAATGCGCAAGTCGGACACTCTGTTACTGGCATTAGTTTTTCAAACAACCTTTGACCCTA
AATCTAAAGATGAAATTAACGATTTAGTTAAAGCATTGTTTCTGTAATTGAAGTATCAG
AAGATCATTTACATCAAGTAACAGCTATCACCGGAAGCGGCCAGCATTTTTATATCATG
TATTCGAGCAATACGTTAAAGCTGGTACGAACTTGGTCTAGAAAAAGAACAAGTTGAA
GAATCTATACGCAACCTTATTATAGGTACAAGTAAGATGATTGAACGTTTCAGATTTGAGC
ATGGCTCAATTAAGAAAAAATATTACCTCTAAAGGTGGTACGACACAAGCTGGCCTTGAT
```

ACATTGTCACAATATGATTTAGTATCTATTTTCGAAGATTGTCTAAATGCTGCCGTCGACC
GTAGTATTGAACTTTCTAATGTAGAAGACCAATAA

> **rnz**

Function: protein coding sequence; ribonuclease Z (core genome, constant)

Best match: rnz_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1588743:1589663:r]RC

Position: 036-contig_189: 146151 ... 147072; Length: 921 bp

Sequence:

TTAGACTTTAAAACATCAAAAATCTTTTACAAAATTTAAAATTAGGTGTATCTTCATTTTGT
ATCAATGTTTGATAAATTTTCATTTATATCTTCTGTATTATAGCGATTGCTCAAATGTGTAA
TCAACGTACGTTTAAACATTGGCTTCTTTTATCAATGCAAATACGTCCTCAATATGGCTATG
ATGATAATTGTTGGCTAAATGCTTTTCACCATCTATATAGGTTCGCTTCATGTACCATCACA
TCAGCATCTCTAGAAATCACACGTTTATTAGAACATGGTTTTGTATCACCAAAAATTGCTA
CAACTGGACCCTGTTTGGACTCACCTCTAAAATCTTTTGATTGATAAACTTGACCATTATG
TTCAAATGTATCATGAGATTTTACTTCTTGATATTTAGGACCTGGTTCAAGACCAATGTTT
TTTAAACGCTTCAACATTGATTGTACCTGTAGTTTCAGGTGCCATTACTCTATATCCATATG
ATGGAATACCATGATTAAGTAAATGCGCCTCTACAGTAAAACCATCATGATGATATGTCA
GATGATCATCGATTTCAATATATGTAATTGGATAGTTTAAATGTGACTCTGATAAATTCAT
AGACATTTCCACATATGCTTTAATTCCTTTTGGTCCAACCAATGTAAGCGGCTTCTGTTCA
CCGCCCTGAAAAGAACGACTAGAAAGTAATCCTGGCAAACCAAAAATATGATCGCCATG
CATATGAGTAATAAATATATGTGTCACTTTTCCTAATTTAATTGCATGATGTAATAATTTGG
TGCTGTGTACCTTCACCAACGTCGAAAAGCCATATGGAATTGGAATATGGTTCTAAATTT
AAGGCGATTGCTTGTGTATTTCTCTCTTTTGTAGGCAAACCTGCACTCGTTCCAAAAAATG
TAACTTCCAT

> **zwf**

Function: protein coding sequence; glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: zwf_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1589976:1591460]

Position: 036-contig_189: 147384 ... 148869; Length: 1485 bp

Sequence:

TTGAGTACTAAAAACAAACACATCCCTTGTTTAAATCACAATCTTTGGTGCAACTGGTGACT
TAAGCCATCGTAAGTTGTTTCCATCAATATTCCATCTCTACCAACAAGACAATTTAGATGA
ACATATTGCCATCATCGGTATTGGACGTCGTGACATTACTAATGATGATTTCCGTAATCAA
GTAAAATCATCAATTCAAAGCACGTAAGATACAAACAAAATTGACGCGTTTATGGA
ACATGTCTTCTATCATAGACATGATGTTAGTAATGAAGAAAGCTATCAAGAATTACTAGA
TTTTAGTAATGAATTAGATAGCCAATTTGAATTAAGGTAATCGACTATTCTATTTAGCA
ATGGCACCACAATTCTTTGGCGTTATTTCTGATTATCTAAAATCTTCTGGTCTTACTGATA
CAAAGGATTTAAACGCCTTGTTATCGAAAACCATTCGGTAGTGATTTAAAATCAGCCG
AAGCATTAACAATCAAATTCGTAAATCATTAAAGAAGAAGAAATTTATCGTATTGACC
ACTATTTAGGAAAAGACATGGTTCAAATATCGAGGTATTACGTTTTGCGAATGCGATGT
TTGAACCATTATGGAATAACAAATATATTTCAAACATCCAAGTTACATCTTCTGAAATACT
AGGTGTTGAAGATCGTGGTGGTTATTATGAATCAAGTGGTGCCTAAAAGATATGGTGCA
AAACCACATGTTACAAATGGTTGCATTATTGGCTATGGAAGCACCTATTAGTTAAATAG
TGAAGATATCCGTGCCGAGAAAGTAAAAGTACTTAAATCACTGCGTCATTTCCAATCTGA
AGATGTTAAAAGAAGCTTTGTTTCGTGGTCAATATGGCGAAGGCTATATCGATGGTAAACA
AGTTAAAGCATAACCGTGATGAAGATCGCGTTGCAGATGACTCTAACACACCTACCTTTGT
TTCAGGTAAATTAACAATTGATAACTTTAGATGGGCTGGCGTACCATTCTATATTCGTA
GGTAAACGTATGAAATCTAAAACAATTCAAGTTGTCGTTGAATTTAAAGAAGTACCAATG
AACTTATACTATGAAACTGATAAACTGTTAGATTCAAACCTATTAGTAATCAATATCCAA
CCTAATGAAGGTGTATCTTTACATCTAAATGCTAAGAAAAATACACAAGGTATCGAAACA
GAACCTGTCCAATTGTCTTACTCAATGAGCGCTCAAGATAAAAATGAATACTGTAGATGCA
TATGAAAATCTATTATTCGATTGTCTTAAAGGTGATGCCACTAACTTCACGCACTGGGAA
GAATTAATAATCAACATGGAAATTTGTTGATGCAATTCAAGATGAATGGAATATGGTTGAT
CCAGAATTCCTAACTATGAATCAGGTACTAATGGTCCATTAGAAAGTGATTTACTACTT
GCTCGTGATGGTAACCATTGGTGGGACGATATTCAATAA

> **graE**

Function: protein coding sequence; putative transcription regulator/AraC/XylS family (core genome, constant)

Best match: graE_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[3010:3876:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 149098 ... 149965; Length: 867 bp

Sequence:

```
TTGGACGTTATCAAGCAAATACAACAGGCAATTGTTTATATTGAAGATCGTTTATTAGAG
CCTTTCCATTTGCAAGAATTAAGTGATTACGTTGGTCTTTCGCCATACCATCTTGATCAAT
CATTAAAATGATTGTCGGCTTATCTCCAGAAGCTTATGCACGCGCGCGTAAAATGACAC
TCGCTGCAAATGATGTGATTAATGGTGCTACACGACTTGTAGATATCGCTAAAAAATATC
ACTATGCAAATCAAATGATTTTGCAAATGATTTTAGTGATTTTCACGGCGTATCACCTAT
TCAAGCTTCTACTAAAAAAGATGAATTACAAATTCAAGAGCGATTATATATCAAATTATC
AACTACTGAGAGAGCACCCTATCCATACAGATTAGAAGAGACAGATGATATTTTCATTGGT
TGGATATGCACGATTTATAGACACTAAGTATTTGTCACATCCTTTTAATGTTCCGGATTTT
TTAGAAGACTTGCTCATTGATGGTAAAATTAAGAGTTACGACGATATAATGACGTTAGT
CCATTTGAACTATTTGTTATTAGTTGTCCTCTTGAAAATGGTTTAGAAAATATTTGTAGGTG
TACCAAGTGAACGTTATCCTGCACACTTAGAAAAGCCGATTTTTACCTGGCAAACATTGTG
CGAAATTCAATTTACAAGGTGAAATTGATTATGCAACTAATGAAGCTTGGTACTATATTG
AATCAAGTTTGCAGTTAACATTGCCATATGAACGAAATGATTTATATGTTGAAGTGTACC
CTCTCGATATTTCAATTAATGACCCATTCCTAAAATTCAGCTTTGGATTCTGTAAACA
GAGTCCTTATGACGAAGTTTAA
```

> **malA**

Function: protein coding sequence; alpha-D-1,4-glucosidase (core genome, constant)

Best match: malA_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[1279:2928]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 150046 ... 151696; Length: 1650 bp

Sequence:

```
TTAATTTAGTTTCGATAACACATGCTTCATATGGACGTAACCTGTTTTAAATTAACTTTGGCA
TCATAATTAATAGCTTTACTTCTCCATGGCTTAAATCAAATGGTACAGTTAATTCTGCTT
CGTGGTTAGTAAGATTACCTACAATAAGAAGCTTGGCTTTTCATTTAATGTTCTCGTGTACGC
AAAACTTGTGAATTTTCAGCATCTACTAAATCAAATTGACCATATACGTATACATCATTAA
GACTTTCTTAATTGAATTAATCTTTATAAAAATTGTAATACTGAATGCTCATCTTCTAATT
GTTGTGCAACATTGATAGTTTTATAATTCGGATTCACTAGGAACCACGGTTCACCATTTGT
AAATCCTCCATTTAACGTATCATCCATTGCATTGGTGTGCGAGAATTATCTCGGTTCTCA
TCTTTATATTTTCGCAAGTAAAGCGTCTACATCTCCACCTTGAGCTTTCACTATTTGATAGT
CATTTTTAACAGCAACATCGTTAAACGTTTCAATACTTTCAAATGGATAAATTCGTCATACC
AATTTCTTGACCTTGATAAATGAATGGCGTACCTTGTTGCAAGAAATAAACAGCTGCATG
ACTTGTGCTGATTACACCAATACTTGTTCATCGTCACCCACGTCGATACACGTCGTGGT
TGGTCGTGATTTCAATAAACAACGCATTCCAACCTTTATTTTCAAGTTGTTTTTGCCATCT
ATTTAATACAGATTTATACGAATTTACATCAAAGTGAGAATCACCCTATTCACAGTCC
CAAATGTTCAAATTGGAATATCATATTAATTTACCATTTTCTTCCCCGACCCAGTCATCA
GCATCATCAGGACTTACACCATTTCGCTTCACCAACAGTCATAATGTCATACTTACTTAATG
AGCGATCTTTCATCTCTTGTAAACCAAGTTTGTATACCTGGCTGATTATATCTACATCAAA
TGCTGGAGCATATGTTTTATCCTCAGGTACAGGTAAGTCACCCGCTTCAAACGCTTTTTTA
ATATGCGTAATTGCATCTACTCTAAATCCATCAATGCCTTTATCAAACCACCAGTTCATCA
TTTCAAATACAGCATCTCTAACTTCTGGATTAGCCCAATTCAAATCAGGTTGTTTTTTACT
GAATAAATGGAAATAAATATTGCTCAGTATTAGCATCATATTCCCATGTAGATCCATTTAA
GATACTTTCCAGTTGTTAGGTTTCAGAGCCATCTGGCTTTGGATCTTGCCAAATATACCAA
TCGCGCTTTGGATTGTCCTTACTAGACTTAGATTCTATAAACCAAGGATGTTTCATCAGATG
TATGATTTACAACATAAATCTAAAATAAGCTTCATGCCTCTATCATGAACACCTTTTAATAA
ACGATCAAAGTCTTCCATCGTTCCAAATTCATCCATAATCTCTTGGTAGTCACTAATATCA
TAACCATTGTCATCATTAGGTGATTTAAACATTGGACTGAGCCAAATGACATCGATACCT
AAATCTTTAAGTAGTCCAATTTATCAATCATTCCAGGTAAATCCCCAATACCATCGTGAT
```

TACTATCATTAAACTTCTTGGATATACTTGATATGCTACTGCTTCTTCCACCATTGCTTA
TTCAT

> **malR**

Function: protein coding sequence; maltose operon transcript repressor (core genome, constant)

Best match: malR_CC001-ST772_118_AJGE01000058.1[244:1263]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 151711 ... 152731; Length: 1020 bp

Sequence:

CTATCGCTGTGTTGATTTTCTTATTTTTAATTCTATATCTATAATGACGAGTTCAATAACAT
CCTGTGCTTTATTTTTTAATATATTTAAAATTGCTGCACCAGCCTGTTGACCTAACATTCG
AGGCTTGATGTCAATACTGGTTTGAGGTGGTGACGCAATTTTCGGTTAAATAAGAATCATT
GAACGTTGCTGTCATTACATCTTTCGGAATTTCAATATTAAGTTCATATAGGACACTTAAA
ATCGCTAAATGTAACACAGCATCTAACGAAATGATTGCCTGTTAATATTTGGGTCCTTCA
AACGCGTATGTAGATTTTGCATGTAATTTAAAATAACTTCTCTTTCATTACTAGTCTCAAT
AATTTGATAATTAATTTTATTTTGAGAAGCTATCGTTTCAAATCCTTGAATCCTGTCTTTTCG
AACTTCAAATCGCCTTTTTCTGTAATAAATATTAATTCATCTACACCTTGTTCAATAAC
ATGTCGTGTCAAATTTTTCAGAAGCTAATATATTATCATTATCTATATGTGTAAATTGATGA
TCTATATCCGATGTAGGCTTACCAATCACAATAAATGGCATGCTTTCATCAATTAACATTT
GTTAATCGGATCATTTTCTTTTGAATAGAGCAGTATAAACGCATCAACCATTCGTTGTTT
AATCATTTTATAAACTTCATCCATTAATCATTTCATATTATTTGAGACTGTCGTTTGTGTAC
CATAGCCATGCTGGTTACATGTTTCAGAAATCCCTAGCAATACATTGATGTAGAATGGAT
TCAGTCGAATAGGCTCCTCAGACCCTTTTAACTAAACCAATTTTATATGTTTGGTTAGT
AATTAAGTTCTAGCAGCAGTATTAGGAAAATAATTCATTCCTTCCATAACTTTCTTCACT
TTTGAATTGTCGCTTCGCTAATACGTTCAATTCCTTTTATAACTCTTGAAACTGTGGAAG
GAGAAACACCGGCTTTTAGTGCAACATCTTTAATCGTAACCAT

> **repORI-px**

Function: origin of replication of plasmids

Best match: repORI-pUB110-2_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1270028:1270090:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 152988 ... 153051; Length: 63 bp

Sequence:

AAGCGCAATTATCTCTATAATTTAAAAGTGCCTAAACAAATAACTAAAGGAGATAATGCGC
CTA

> **tnpISSha1-2**

Function: protein coding sequence; putative transposase

Best match: tnpISSha1-2_CC010_D139-ST145_ACSR01000081.1[34410:35725]

Position: 036-contig_189: 153050 ... 154366; Length: 1316 bp

Sequence:

ATGAATAATGTTATACTAAATACCTTTGATTTTAAAGATAAAAATATTATTTTTGACGGTA
AACTTGAGAAAATTGAGTATAAAGGGAGAAAGTGTTTCTTTTATTACGCAAACTAATCT
ATACACCTGAGGTGTGCCAAACTGCAATTGTAAAAACATTAATGGTAATTTAATCAAAA
ATGGATCTAAGACTTCTAGAATCACTATGCCTAAAATCTCCGAATATCCAACCTTATATCAT
GTTGCGTAAGCAACGTTTTAAATGTAAAACGTGCGAACGATACTTTACAGCCGAAACACC
TGAAGTTGATAAATACTGTTTTATATCAAAAAAACACGATCAGCTGTACTTAATAAAGCA
GCAGAAATTCGTTCTGAAAAATCTATAGCGAAATCCTGCTCTGTGTCAGCTACCACAGTT
TCTCGTATCATTGATGAGGCCGCTCAATCGCTTCATCAATCGCCGATTCTGCACTTCCTG
AACATATCATGATGGATGAATTTAAAAGTTTTAAAATGTTTCTGGGAAAATGAGTTTTA
TATACGCTGATGCACAAACGCATCATATTATTGATATTGTTGAGGATCGTAGATTAAGTG
AGTTGAAAAAGTATTTTTATCGTTTTTCACTTAAAGCTAGAAAACGTGTAAAGACTGTTT
CATTGATATGCATGAAGGCTATATGACATTGATTAAGAGATGTTTCCGAACGCTAAATT
AGTTATCGATAGATTCCATATTGTTCAATTATTAATCGTGCTTTAAATGGTATTCGAGTC
GCTGTTATGAATGAATTAAGAACGAAGAATCAACCTTTATATAATAAGTTTTAAAAGATAT
GCGAAATTACTATTAACCTGGAGAAGATTTAGAGGCATTTGAATATCGTAAAGTAGCT

TTATTTAAGGAATGGAAGACACAAAAGGGTATCGTCAAGTATTTATTAGATCAAGATGAT
TCGTTAAATGACGCCTACCAATATATCAATCAGCTACGATTCAAACCTTAAACATAATGAT
TATGAAGGCTTTATTCACGAATTAACACATATGCCATTATCCCAAACGCATTGAGTTGTCC
AACGAGCAATTAAGACACTTAACAAACATGAATACTTTATAAAAAATACATTTGATTATT
ACAATTTATCAAATGGTCCTTTAGAAGGTATAAATAACAAAATAAAATTAATTAACGTA
CATCTTTGGTTATGGAAGTTACAATCATTTGCGCAATCGAATATTATTATGTTCAAACCT
TTACGCTCCAAAAGTAAAAGGAAGTTAAGCAATGTTTAGTTGCCTAA

> **tx_sprA**

Function: rho-independent terminator of sprA

Best match: tx_sprA_ref_CC030_MRSA252_BX571856.1[1972968:1973028]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 154324 ... 154385; Length: 61 bp

Sequence:

CCAAAAGTAAAAGGAAGTTAAGCAATGTTTAGTTGCCTAACTTCCGATATTGAACGCA
T

> **gnd**

Function: protein coding sequence; 6-phosphogluconate dehydrogenase/decarboxylating (core genome, constant)

Best match: gnd_CC010_D139_ACSR01000049.1[127014:128420:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 155019 ... 156426; Length: 1407 bp

Sequence:

TTATTCTTCAATCCATTGTGTATGGAATACGCCTTCTTTATCTTTTCTTTTCGTACGTGTGAG
CACCGAAGTAGTCACGTTGTGCTTGAATTAAGTTTGCAGGTAATCAGCTGCACGGTAAC
TATCATAGTAATTAATACTTGATGAGAAACCAGGTGTTGGTACACCATTTTGAACACCAG
TTGCGACAACATCACGTAACGCATCTTGATATTCAGTAACGATGTTTTTAAAGTAAGGAT
CTAGCAATAAGTTTTGTAATCCTGGATTATTATCGTAAGCATCTTTGATCTTTTGTAAAGAA
TTGTGCACGGATAATGCAACCTTCTCTCAAATCATAGCTAAATCACCAAGTTTTAAATTC
CATTCAATATCTTCACTTGCTTTACGCATTTGCGCGAAACCTTGTGCATAAGAACAAATTT
TACTCATATATAATGCTTTACGAATTTTTTCTAAAAGTCTTTCTTGTACCATCAAATGA
TGCTTTTGGACCATTTAATTCTTTAGAAGCATTTACGCGCTCTTCTTTGATTGAAGAGATA
AAACGTGCAAATACAGATTCAGTAATGATTGTTAATGGAATACCTAATTCTAATGCGTTA
ATTGAAGTCCATTTTCCTGTACCTTTTTGACCTGCAGTATCAAGAATTTTTTCAACTAATG
CTTCTTTATTTTCATCTAATTTTCATGAAAATATCACCAGTGATTTCAATTAATAACTTTCT
AATTCACCAGCATTCCAGTCTTTGAACGTTTGTGCAATGTCTTCATGAGACATGCCTAATA
ATTCTTTTCATCATAGCATAACTTTCTGCAATTAATTGCATGTCAGCATATTCGATACCATT
GTGTACCATTTTCACATAGTGTCCAGCACCATTAGGTCCAATATAAGTAACACATGAAGC
ACCGTCTTTTGCCTTTGCAGCAATTGCATCAAGAATATCTGCAACTTTGTTATAAGCTTCT
TCTTGTCCACCCGGCATTAAATGACGGACCAGTTAACGCTCCAATTTACCACCAGAAACG
CCATACCAATAAAGTTGATTGCACCTTTGTGCTAATGCTTTATTACGTCTGATAGTATCTT
GATAGTTTGTATTACCACCATCAATTAATAATATCTCCATCATCTAATAAAGGTAACAAAC
TATCAATCGTTGCATCCGTAGCTTTACCTGCTTGAACCATTAATAAAATTTTACGTGGTTT
TTCTAAAGAATTAACAAATTCTTCCAATGAGTACGTTGGATGAATTTTTCCCTTTTGAT
TCTTCAACCATTAAATCAGTTTTTTCACTTGAGCGGTTAAATACAGATACACTATATCCGC
GTGATTCAATATTCCAAGCTAGGTTTTTACCCATAACGGCTAAACCAATAACTCCAATTTG
TTGTGTCAT

> **yqjA**

Function: protein coding sequence; YqjA like protein (core genome, constant)

Best match: yqjA_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[78435:79415]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 158195 ... 159176; Length: 981 bp

Sequence:

TTAAGCTACTTCACTATGCATTTTCAATGAACCAAATTGCGATTTGATTTGTAAATATTCT
TCTAATTCATTTAATATTTGAATAATACTTGCTCTCGAGTTAAGCGCTTTGTGTGTTGTTGG

CAATGGAAGTTCATCCAATTTCAAACGCGTCTCATACAAATTGTGTAAACGCATTGCTGT
ATAGTCATTACTATTCACATTTAGACCAATTTCTTTTCAGCAGTGACGCAACATCATTTAAA
AGTGGATCTTTATGACAGATACTTTTCGATGAGCGGTTTCATTCTCATTAAACAATTCCACTT
GCTCTTCTCGCATATCAAATAATGATAGTATGAATTTTCGTTTCTAACAAAATGATTTTT
AACATCTCGGAACGCGATAGACTTCGCCTTTTTAATATTTAAAAGTAACACTTCAAATTCA
ATCGCAATGGTATCTTCATATTTTTCACAAATATAACTATATTTACTAAAAATATCAGCAA
TTTGTGCTCAATTTTACATTTGTATTCGTCTAGTTGTTTGTCTAAACTTGGCATCATTAAA
TTCATTGTAAATGCAATGCTTAGTCCAATTAACAGTAATAATGTTTCATTAACAATTAAT
GTGCATCAATTGATTTTGCATTA AAAACATGAAGTAATAACGCAACTCGTAATGACAC
CTTCTTGTACTTTTAATACGACAGTTAATGGTATAAATAACAATACGATAATACCGAGTA
CAATTGGACTCTGACCTAATAAACTAAATATTGCTGAACCTAAAAACAATACTAAAAAAC
ATGATACTAATCTTGAAATAATCGCTTGTAGCGAATGTACTTTTGTATGTTTAATACATAA
TACGACTAATATGGCGCTTGAAGCATAATTATCTAAACCTAACAGCTTACTAATAATTAC
ACCTAAAGTCATACCCACTGCTGTTTTTATTGTTCTAAATCCAATCTTGTAAGGATTTAAC
TTTAACAT

> **bfmBB**

Function: protein coding sequence; branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase E2 (core genome, variable)

Best match: bfmBB_CC025_21193_AFEG01000018.1[25570:26844:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 159977 ... 161252; Length: 1275 bp

Sequence:

CTAATATATATTTGTATTTTCTAAAGTATACTGTTTCGATACGCTGTTAATATGATTCATA
AATTTACCTGTTTGTAAACCATCTAAAATACGATGATCAATTGAAATACATAAATTAACC
ATGTTACGAATTGCAATCATATCATTAACTACTGGCTTTTTAACGATTGATTCTACTT
GTAAAATCGCTGCTTGTGGATGATTTATAATACCCATTGATGATACTGAACCAAATGTAC
CAGTATTATTTACCGTAAATGTACCGCCCTGCATATCTTCAGCTGTCAATTGCTTATTACG
CGCTTTCATTGCTAAAGTATTAATTTCTCTAGCTATACCTTTGATTGACTTTTCGTCTGCAT
GCTTAATCACAGGTACGTATAATTTATTTTCATCAGCAACAGCAATTGAAATATTAATGTC
TTTATGTAAGACAATTTCAATTTCCCTTGCCAGCTACTATTTAATAAAGGATATGCTTTTAAA
GCATCTGCTACAGCTTTTACAAAGAAAGCAAAGAACGTTAGATTATATCCTTCTTTATTTT
TAAAGCTGTTTTTATAATGATTTCTCGTATTCACAAGATTTGTAGCATCTACTTCAATCAT
CATCCATGCATGTGGAATCTCTGTTACACTATTAACCATATTTTGCGCAATTGCTTTACGC
ACACCATTTACTGGTATTGTGCTGTTTTCACTATTGTCTTCAGATGATTGGTTACTTGATGT
ATCTACTGATGTTGATTTTGTGTTGAACCTGTTTGTGAGATTGAGCTGTGGTACCACCATTTT
CAATAACTGACATTATATCCTTCTTAGTTACACGACCTTCAAATCCACTACCTACAACCTTG
TGATAAATCAATGTCATGCTCTGAAGCGAGTTTAAATACAACAGGTGAAAAGCGACCATT
ATTACGTGGTTGATTTTGTGTTAGCAGTAGATGTCTGTTCCACTGTTGCACTAGCTTTTTTTAG
TAGATTTCTGAGTATGCTCATCCACTTTTGCTTGTATCTCTTCAGTTGTTTCATTTGTCTTTT
CATCAGCAGTTTCAATTTTACAGATAATTGTATCAATAGCTACTGTCTGCCCCGCTTCAAC
TAAAATTTCTGTAATTGTTCCCTGATATCGTGGAAGGGACTTCAGCTGTCACTTTATCTGTA
ATAACTTCACATAATGGTTCATATTCATCAATATGATCACCAACAGAACTAACCATTTGTT
CAATGGTACCTTCATGAACACTCTCACCTAACTTAGGCATTGTTATTTCCAT

> **bfmBAB**

Function: protein coding sequence; 2-oxoisovalerate dehydrogenase beta subunit (core genome, variable)

Best match: bfmBAB_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[75363:76346]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 161264 ... 162248; Length: 984 bp

Sequence:

CTAGAATTCTGCTAATTCACGCATTTTATTTAAGATTTTTTCTGGATTCATCATAATTTTCAT
TTTCTAATACAGGTGAAAATGGCATAGATGGTACATCTGGAGCAGCTAAACGCATGATTG
GTGCATCTAAATCGAACAAGCAATGCTCTGCAATAATCGCTGACACTTCTGACATAATAC
TACCTTCTAAATTATCTTCAGTTACAAGTAAAACCTTACCTGTATGTTTAGCACGATCAAT
AATTGTTTCTTTATCTAATGGATAAACAGTTCGTAAATCTACGACTTCAACATTGATACCG

TCTGCAGCTAAAATATCAGCGGCTTGTAAGCAATAATTGACCATTAATCCATAACAAAAT
ACTGTTAAATCTTCACCTTCACGTTTAACATCTGCTTTTCCTAAAGGTACAGTGTAATATT
CTTCTGGCACTTCTTCTTTAAGAAACGATAAGCTTTTTTATGCTCAAAGTACAATACTGG
GTCATTTGATTTCGATAGATGATAATAAAAGCCCTTTAGCATCATACGGTGTGGAAGGAAT
AACAAATTGTTAAACCTGGTGATGAAGCAAATATACTTTCAATACTTTGTGAATGATATAG
TCCCTCCGTGAACACCGCCACCAAATGGTGCACGAATCGTTAATGGGCATTGCCAATCATT
ATTTGAACGATAACGCATTTTCGCAGCTTCACTAATAATTTGATTTGTGCGCAGGTAAAATA
AAATCTGCAAATTGAATTTCTGCAATTGGTCTTTTACCAACCATAGCTGCGCCAATAGCTG
TTCCGACAATATTTGACTCAGCTAATGGTGTATCGATAACTCTGTCCTCACCATATTGTTG
TTGCAGTCCTTGAGTAGTACCAAATACGCCACCTTTTTTACCAACATCTTCACCAAGAATA
AATACATCTTTATTTTGTGTAATGCTAAGTCTTGTGCCTGGCGAATCGCCTCTAAATAAG
ATAATTTAGCCAT

> **bfmBAA**

Function: protein coding sequence; branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase E1 (core genome, constant)

Best match: bfmBAA_CC130_O11-CC130_AEUQ01000006.1[5327:6319:r]RC

Position: 036-contig_189: 162247 ... 163240; Length: 993 bp

Sequence:

TTAGTTAAGACTCCCTTCTTCGTACACAAATGCATAGGCTTCTTCGACACTTGGATATGGC
GCGTCTTCAGCAGCCTTTGTGCGTTTATTGATAATGCTTTTATGTTCTGCTTCTATTTCTGC
CAACCAAGCATCATCGATAATGCCAGCTGAAAGCAACTCTTTTTTGAACTTTTCATTGCAG
TCTGCTTTTTTAAAGCGCTTCACGCTCTTCTTTCGTACGATATTGATCGTCATCATCTGATGA
ATGAGCTGTCATACGACTTGTTACTGCTTCAATCAAAGTTGAACCTTGACCAGAAATAGC
TCGATCTCTTGCTTCTTTCATCGCTTTATACATTGCTAATGGATCATTACCATCTACTTGT
CACCATGTATACCGTAACCAAGTGCTCTATCCGATAATTTTTTCAGCTGCGTATTGTAATGA
ATCAGGTACTGAAATTGCATATTTATTTATAATGACACATAAAAAGGAAGTTTGTG
TACACCCGCGAAGTTTAAACCTTCATGGAAGTCACCTTGGTTTGTGACTACCTTCACCAAC
AGTTGCTGTTGCAATTTTCTTCTTACCATCCATTTTTATAGCTAAAGCAGCACCAACAGCA
TGGGGTATTTGAGTTGCTACCGGTGAACTTTGTGACAAAATATTCTTAGCTCTACTACTAA
AGTGTGATGGCATTGTGTTTCCACCAGAGTTAACATCGTCTTTCTTTCCAAACGCTGATAA
AAACGTATCATAACGCTGAGATACCCATATAAGTAACGAAAGCTAGATCTCTATAATAAGG
CGCTGTAATATCACCTTCTTCTAATGCGTATGCCATCCCAATCTGAGTTGCTTCTTGTCTT
GACCACTTACAACAAATGGAATTTTACCTGCACGGTTCAATAACCACAGTCTTTCATCTAT
TTTTCTACCTAAATCCATCCATTTATATATTACTTTTAGGTCTTCTTCGCTAAGGCCTAATG
ATTTATAATCAATCAT

> **lpdA**

Function: protein coding sequence; dihydrolipoyl dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: lpdA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000244.1[30668:32089:r]RC

Position: 036-contig_189: 163255 ... 164677; Length: 1422 bp

Sequence:

TTATACGTGAATAGCTCTACTTTCTGCTTTCAATCCTAATTCCATCAACACTTCAGAGATG
GAAGGATGTGCGTGTGTTGTTAGTCTAATTCTAATGCCGAGCCATTCATGAACTGTAAC
AGTGATGCCTCATTAATCAATTCTGTTACATGTGGACCAATCATATTAATACCCACAATTT
CTTCAGTTGATTGATCAATCACCATTTTCGCTATACCCTTCGTTTGCCTCATGGCTATCAAT
CACTGCTTTACCAATTGCTTTAAATGGTACTTTAAAACCTTTTAACTTTCATTCCTCTGCCT
TTGCTTGTTCATGTTTAAACCGATAGAAGCAATTTTCAGGTTGTGAATAAATACACTTAG
GCATCATGTTATAGTTTACTGGGATTGGGTTCCCTCAAACATATGATCAACAGCCACAA
CACCTTCTTTGATCCAACATGTGCCAATTGTAATTTTCTATAACAATCACCAGCTGCATA
AATATGTTTATCTTCAGTTTGTGAAATTCGTTTAAATATGTCCTGATGTTGAAAGT
TTTATTTTGTGTTTAAACCAATATCTGATGTGTTAGGTTTCTACCAATCGATAGCA
ACACTTATCTACTTTAATTATGTCTGAGGAAATTTCAAACGTAACACCATCTTCGTTAAC
ATTTATATCATTTTCAGAAAGTTTATTCCTCATAGAATTTAACACCACGTGCTGACAAT
GATTTTTTAAATAGTTGTGAAGCTTGTGTTACTTTTCAGTTGGTAAAATTCTTTCACCTGCTTC

TATAACTGTTACGTCAACACTTAAATCTATCATCAATGATGCAAATTCCATTCCGATAACA
CCACCACCAATAATACCAATACTTGATGGTAACGTCTTTAATGATAATATATCATCGCTA
GATAAAATTTTATCATGATCAAATGATAAGAATGGCAACTCTGCAGGCGAAGAACCAGTT
GCAATTAATACAAATTGGTTGGGTAATAAGTCTGATTCACCATCTTCATATTCGACAGAA
ATTGTGCCACTTTGAGGTGAAAATATAGATGTACCTAGAATACGTCCCGTGCCATTATAA
ATGTCAATGTGATTGTGTTGCATTAATGCTTTACACCTTGATACATTTGATTAATAATGT
CTTCTTTTCGTGCCAACATATTTTCAAATTAACATTAGCATCTTTGACATCAACGCCAAA
CATTGCTGCCTGTTTTACTGTTTGAATACTTCAGCAGATTTAAGCAGCGATTTAGTAGGA
ATACAACCTTTATGGAGACAAGTACCTCCTAATAGTTGTCGTTCTACTATTGCCACTTTTT
TACCTAATTGAGACGCACGTATCGCAGCAACATATCCTGCAGTACCTCCACCGAGAACGA
CTAAATCATATTGTTTCTCTGACAT

> **recN**

Function: protein coding sequence; DNA repair protein N (core genome, variable)

Best match: recN_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1515551:1517230:r]RC

Position: 036-contig_189: 164827 ... 166507; Length: 1680 bp

Sequence:

TTATCTACGTCTTTGATTGTGTTGTATCATTTCTCTTGCATTTTCTCGAGTTAAATCAGTAA
CACTTGCACCTGAAATCATTTCGTGCAATTTTCATCTACTTTATCATCGCCAATTAACTCTTG
AACTTGTGTTGTTGTACGATCATCTTTTGATGACTTCGAAATTAATAAATGATGGTCGCTC
ATCGATGCAACTTGTGGCAAGTGAGAAATACAAATAACTTGTATATATTCTGCTATATCT
CGCATTTTCTCTGCCATTTTTTGTGCGGCTTGTCCAGATACACCTGAGTCAACCTCATCGA
ATAAAATTGCAGTTTGACCTCTCGATTTAACAAAAATACTTTTTAACGCTAACATAATTCT
AGAAAGTTCTCCACCTGACGCAATTTTATTTAACTTTTTAATGGTTCCCCTTTATTTGGA
CTGATTAATAAATTCTACAAATTCGATTCCATCAATATTCGGTTCTTCTAATTTTTTAAATG
AAATCTCAAGATTTGCGTCTTTCAATTTGTAAGTTTGAATTTCCGATACAATGTGGTCTCTT
AACTCCCTAGCGACTATACGACGCTGCTTTGATAACGCTTGTCCAACCTCTATAACTTGAT
TATACAATGCATTTATTTCTTCTCGTAACTGCGATGACTTTGTTTCATAGTTTTCAATTTTA
TTGATTTCAATTATTAAGCTTTTCTTGATATGCGATTAATTCTGAAATATCTTTCCATATTT
ACGTTTTAAATTATTCAGCAAATTCATACGAGATTCATACTCGTTAACACTTGTTTCGTCG
AATTCTGTATTAGCCATTTTCATCATATAACTCATGTTTTGCATCTTCTAAAATGTAATAAA
ATTGATCAATATCTTCTTTTAATTTGTTCATATTTGTTTGGAACTATATCGTTTATTGTTAAC
AAATGGTTGCTTAGTTCATACAAACGATCAGTGATAGCATTTCATCCGTTAATGTCATAT
GTGCGTTATTAAGCGCTAAGCTTAATTTTTCAGAGTTTGAATGCGTTTAATATCTATTTTC
AAGTTGCTCTATTTTCGCTTCTTTTAGATGTGCTTCAGACAATTCTTCTAATTGGAATTTCA
TTAAATCTAAACGCTGCAGCAATGCTTGGTCTGCTGATTCTAAATCTTCTAACTCTTGCTT
TTTGGCTTTATAATTTTGAAGTTTGTGATGATTTTATCCAACAAATCTTGATAACGTGAT
TCTGCGTAATTATCCAATAATGTTAAATGGTATTTTTGTTTCAACAAAGACTGCGTTTCAT
GTTGGCCATGAATATCTAATAATTCTTGCATAACTTTTTCGTAAATCTTGTAAGTAAGTGT
TTGATTATTAATTTTACAAAGACTTTTACCAGAGCTGAAAATTTCCCGTTTAACTAATAAAA
AAATCTTCATCTACATCAATATCCATATTTTTCAATATATGTATAGCATCTTACTCTCGTC
AATATCAAATATACCTTCGATGACAGCCTTTTTTTCACCATGTCTTACAAAATCAGATGAA
GCTCTCATTCCAATTAATTGTCCAATTGCATCTATAATAATTGACTTACCTGAACCCGTTT
CACCCTTAAAACAGTTAAACCATCAGAAAATTGAATTTCTAACTCTTCAATAATAGCAA
ATTGCTTGATTGATAAGGTTTGTAACAT

> **ahrC**

Function: protein coding sequence; arginine repressor (core genome, constant)

Best match: ahrC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1638477:1638929:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 166522 ... 166975; Length: 453 bp

Sequence:

TTATAACAAATTGAAAATCTTGACTTGATTTTCATCACTTGCCTCTTTGCTTCGACAAATA
ATTAACAAGTATCATCACCAAAATTGTGCCTAGTACTTCTTCCAATTGATTTGGTCTA
ATATAGCTCCAATAGATTGTGCATTACCAGGTAATGTTTTTAGAACAAGTAAATTATCAG
TACCATCTATATTAACAAAGGAATCCATTAAATAACGTCCCAATTTTTCTAAAGGATGGA

ATTTTCTATCATTTGGTAAACTATAAACATATTGACCTGAAGGTATAGGTACTTTAATAAG
TTGTAGTTCTTTAATATCACGAGAAACAGTTGCTTGAGTGACATTTAAATCATAATCGTTT
AATCGTTTAACTAATTCATCTTGTGTCTCTATCTGTTCAATTTGAAATAATTTCTCTAATTTT
TATATGCCTAACCGATTTTTTTGGGCAC

> **ispA**

Function: protein coding sequence; geranyltranstransferase (core genome, constant)

Best match: *ispA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1639361:1640242:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 167406 ... 168288; Length: 882 bp

Sequence:

TTAGTGATCCCTGCTATAAAAATAAATCAACGATTTCTAATAAGTGTTTTGTATTGAATTGT
TCATCAATTTGCGTTAGTTCATCCACTGCTGCGTCTCTATGATAAGTCAATTTATCTTCTGC
GCCATCTTCCCTAATAAACTCACGTACGTACTTTTATTATTTCAAGATCGCTGCCCACTT
TTTTACCTAACTTTGCTTCATCACCATAGCAGTCTAATAAATCATCTTTAATCTGGAACAT
CATACTAAATGATAACTATAACTTTCTAAATGTTCTTTAGTTGCATCATCGACATTAGCG
ATATCTGCTGCACTCATAACCGCAAAAGTTAATAATGCTCCTGTTTTTGTGTGTATCA
TTTCCAAAGTTTCAAGATCAATTGGTTGGCCTTCGCTTGCATATCTAACATTTGACCGCC
GACCATTCCAACATGACCACTTGCTATTGACAGCCGTTGTAGAACTTTTATTTTTACTTCA
TCAGTTAATCTATCATCACTTGAAATAAGTTCAAATGCTTTAGTTAATAAAGCATCACCTG
CTAATATCGCAGTCCACTCACCATATACTTTATGATTTGTTAATTTCCCTCGTCGATAATC
ATCATTATCCATCGCTGGTAGGTCATCATGAATAAGTGAATATGTATGAATCATTCTAGT
GCAATTGCGCTCTTCACACCTAACTCATACTCGGTATTTAGTGAATCTAAAGTGAGTAATA
ACAGAAGTGGTCGGATGCGTTTACCTCCAGCATTTAATGAATACAACATGCTTCTTCTAG
CTGAGTATCCATTACTGATTTATTTATCGCAACCGATAATTCATTATTGACTTCATCTATTA
ATTTATTCATCGGTAGATTTCGTCAT

> **xseB**

Function: protein coding sequence; exodeoxyribonuclease 7 small subunit (core genome, constant)

Best match: *xseB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1609352:1609582:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 168265 ... 168496; Length: 231 bp

Sequence:

TTATTCATCGGTAGATTTCGTCATTTTTTTACATCCTCAGCTTCTTCTTTTATTAAGTCATTCA
CCTTTTTTTTCGGCATTTTTTTAAAGTTGTGTCACAAGCTGCTGATAGTTTCATACCACGTTGA
TATAAATCTAATGATTCCTCTAAAGATACTGTTTCATTATCTAATTTTTGAACAATTTGCTC
TAATTCTTGCATCATTCTTCAAACCTTTGCGTTTCTTTAGTCAT

> **xseA**

Function: protein coding sequence; exodeoxyribonuclease 7 large subunit (core genome, constant)

Best match: *xseA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1640443:1641780:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 168488 ... 169826; Length: 1338 bp

Sequence:

TTAGTCATTATTACACCTTACTTTTCGTAACTTTTGCATCTACTAAGCCATCTTTCATTGTTA
ACGTCAATTGATCATTTTTCTGTTAAATCTTTAGTACTCGTAATGACTTCGTCTTTTTTATTA
ACAATTGCATATCCACGCAACATTGTATTAGTTGGACTTAAATTGTTAAGTTTTCTACTT
TATTTTTCAAATCATTTTTATAACTTAATATCTTAGAATTCAATAATTTAACAAGTTGGTTT
GTCAATTGAAGATTATTTTGTGTTCTTGATTAACACTACTTAGTAATGCTTTTAAATTATA
ACGTTGTGCAACAGCATTAAATCGATGTCTCTGTTGTTCAAAGTTGCCTGAATTTGTTGT
TTCAGTCTCTTTTCTAAATCATCTCGACGTTGTATCTGTTGATCATAACAATAAAGTTGGTT
GTTTAAACTTGTAAATACGATGACAAATGTTCAACATGTTTACGTTGTTGTTCTAAATGTTT
CTTGATGAAACGAGTCAATGTAAACTGATATTGCTGTATTTGTTGCAGCAATTCATATTGG
TCTGGTGTGCAATAACAGCAGCTTGAGTTGGAGTCGCAGCTCTGATGTCTGCAGCAAAA
TCACTTAATGTAAAGTCTGTTTCATGACCTACTGCTGATATAATCGGTGTCTTACAATTAT
ATATTGCACGGACGACAGCTTCTTCGTTGAAATTCATAAATCTTCTATGGATCCACCACC
TCGACCTACAATAATGGTATCTACACCTAAACTATCTGCATATTCAATTTTTTCAATAATG

TCGTCTTTTGCTTTTTACCTTGAACCAAAGTACTAATTTGTATTTGTTTCAGCTAATGGAA
AACGACTATTTATCGTTGAATGGATATCTCGAATTGCGGCACCTGTACTCGCTGTAAAAC
TGCAATTTTTTTAGGAACTTAGGTATTGATTTCTTATTCGCTTTATCAAACAACCTTCTT
CAGTTAATTTTTCTTTAATGCTTCTAATTTTTGATATAAGTTCCCTATACCATCTAATTGC
ATTTTATTTACATAAATTTGATAGTTTCCACGACGTTCAAAAACAGAAACACGTGCTTCTA
ATAAGACTTCATCTCCTTCTTTAGGTTTCGAAGTTTAATTTAGAAGCACTACCTTTGAACAT
CATGGCACTTATAACGCTCTCTTTATCTTTCACATTAAGTATAAATGACCACTTGAATGC
TTTTTGAAATTTGAAAGCTCACCTTTAATCAATACAGATTGGAGATGTGGATCTTGATCAA
ATTTATATTTAATATATTTTCGTAAAGCTGAAACACTTAAATAATCTGACAT

> **nusB**

Function: protein coding sequence; N utilization substance protein B (core genome, constant)

Best match: nusB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1641797:1642186:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 169842 ... 170232; Length: 390 bp

Sequence:

TTATTTTTTTATATTACTCAATACACCATTTATAAATTTATAATGATCATCATCACTGAATT
GTTTTGTAAATTCAACTGCTTCATTCATTACGACTTTAGCAGGTGTATCACTGTGTAATATT
TCATATGTTGCCATTCTTAAAATAATACGATCCGTTTTTAATAAACGTGCAATAGTCCAAT
CTTTTAAATAAGGACTAATTGTCTCGTCTAATACAGGTTTCGTGATCTTTAACGCCAGAAAC
TAGCCAATGAATAAATTCAAAGTCTAAATCTGGATTATCGTCTTTAATAAACTTATCGCT
TCATTTATCGTTAAATCACTGTCTTCATTTCTAATTGAAATAAAGTTTGAAAAGCTTGCA
CTCGGGATTCTTTACGACTCAT

> **yqhY**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: yqhY_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1611378:1611740:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 170291 ... 170654; Length: 363 bp

Sequence:

TTACTTTTCAATAACGATTTGTGTAATGTGAATATTAATTTGCTTAGGTTCTATCGCTGTCA
TATTAGAAATTGAATTAATAAATTGACGTTTGAATTTTGTTCAGTTTTGAAATATTAAC
ACCATGTTTTAATGCACAATATACATCTATATATATGCCATCTTCTTTACTCTCGATTTTTA
AATCACGGCTTAAATTTTTACGACTAACTTTTTCTAAATTTGTTTCTTTTAATTCAGCAAAA
TGGCCAGTGATGCCTTCGACTTCCGAAGTAGCTATACTTGCAATAACAGATAGCACTTCT
GGCGCTATTTCTACTTTACCTAATTTTGAATTTGAATAATCAGTTACTTTGACCAT

> **accC**

Function: protein coding sequence; acetyl-CoA carboxylase/biotin carboxylase (core genome, constant)

Best match: accC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1611755:1613110:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 170668 ... 172024; Length: 1356 bp

Sequence:

TTAACCTTCATCATTTCATAATGCTATTTTGCTCTAAAAAGTTTGTATTAATTTACCGCTTC
TAAATATATCGTTATTCAATAATTTAATATGGAATGGAATAGTTGTATCAATACCAAGAA
CCACAAATTCACTTAATGCACGAATGCCAGCCATAATCGCTTCATCTCGTGTCCGTTTCATG
TATGATTAATTTTCGCTACCATCGAATCATAATATGGCGGTATCGTATAATTAGTATAACAT
GCTGACTCTATTCGAACACCATATCCACCTGGTGCAAGATATTGCTCAATTTTACCTGGTG
ATGGCATAAAGTTCTTGTAAGGATTTTCAGCATTAAATTCTAAATTC AATTGCGTGTCCCTGT
TAATTTAATATCTTCTTGTTTATACGGTAACACGTCACCCATAGCAACCTGTAATTGTAAT
TTAACTAAATCAATTCCTGTTACCATTTTCAGTTACAGGATGTTCTACTTGAATACGTGTAT
TCATTTCCATAAAAATAAAATTTATTATCATTTAAATCATATATAAACTCAATTGTTCCCGC
ATTTTCATAATTTACAGCTTTTCGCTGCACGCACTGCGGCATTTCCATTTACGACGTGTT
TCATCATCTAAAATTTGGGGAAGGTGCTTCTTCCACTAATTTCTGCATACGTCTTTGAATTG
TACAATCACGTTCTCCTAAATGAATTACATTACCATAGCTGTCCCAACAATTTGGATTTTC

AATATGGCGGAAGTTTTTCGATGAATTTCTCCATATAAAGTCCACCATTACCAAATGCAGT
TTGAGCTTCTTGTCTGTCATTCGGAAGCCAGTTTCAAGTTCTTTTTTCATCACGAGCAACA
CGAATACCTTTTCCGCCACCACCAGCAGTAGCTTTAATGATGACCGGATAGCCAATTTTTT
TAGCGATTTTCTTAGCTTCTGAGACGTCTTTCATTAACCATCACTACCAGGAACAACCTGG
AACATTGGCTTTGATCATTCTGCCTTAGCAACATCTTTGATAACCCATTTTTTTGGATAGATT
GATAACTTGGTCCAATGAACTTCAATTGGCATGCTTCGCATAATTCTGCAAAGTCAGCATT
TTCAGCTAAAAAGCCATAACCCGGATGAACGCCATCACAACTGTAGAAGTTGCAATAG
ATAAGATGTTCCGGAATATTTAAATATGAATCTTTAGACAAAGTGGGACCTACGCAATAG
CTTCATCAGCAATTTGAGTATGTAGCGCATCTTTATCCCCTTCAGAATAGATTGCAACAGT
TTGGATGCCTAAATCACGACAAGCGCGAATAATCCTAACTGCGATTTACCCGCGGTTTGC
AATTA AACCTTTTTTCAT

> **accB**

Function: protein coding sequence; acetyl-CoA carboxylase/biotin carboxyl carrier protein (core genome, constant)

Best match: accB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1613110:1613574:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 172023 ... 172488; Length: 465 bp

Sequence:

TTATTTACCTTAAATAACGGTTGGCCATACTCTACCATTTGTCCGTCTTCTACTAAGATTT
CAACAATTTACCTGAAATTTCTGCTTGAATTTCAATTAATAGTTTCATTGCCTCTAAAAT
ACACACTGTTGTTTCATTTGAAACAGTGTCCCAACTTGCACATATGCTTCTTCGTCTGGA
GATGGCGATTTGTAAAATGTACCTACCATAGGTGCATTAATTGTTTTGTGATTATCTGAAG
TTGGCTTTGGAGCTTCAGTTTTATTGCTATCAGTTGATTGTACTTGAGGCATAGGCATTGC
CGCAGCTTCAACTGGCATTGTGAGATTTGTGGCGTGATAATCTCAGTTTCTTTTTCTTTCT
TAAGCGTCACTTTGCCTTTAGTATCTTCAATATTGATTTCCGTTAAAGTTGATTTATCCAG
AATTTCAATTAATTCTTTGATTTCTTTAAAGTTTCAT

> **efp**

Function: protein coding sequence; translation elongation factor P (core genome, constant)

Best match: efp_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1644916:1645473:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 172961 ... 173519; Length: 558 bp

Sequence:

TTATCCTCTTGAAATGTAGCTTCCATCACCAGTGTTGATAATTA AAAACGTCACCTTCGTTT
ACAAATAAAGGTACATTTAATGTATAACCAGTTTCAACAGTTGCCGATTTAGTGGCACCA
GTTGCAGTATCACCTTAATACCAGGTTCTGTTTCAGTTACTGTTAATTCAACAGTTTTAG
GTAATTC AACACCGATAGTTTCACCTTCGTATGTTTGAATTTGTACTTCCATACCTTCTTTT
AAGTAATTC AATTCTTCTTTTAAGTAATCACTTGAAAGTTCTGTTTGTTC AAAGCTTTTCATT
ATCCATAAATACATGATTATCTCCGTCAGCATATAAATATTGCATGCGACGATTTTCAATC
ATTGCTGGTTCAACTTTTTACCAGCTCTAAACGTTTTCTCTTGAATTGCACCAGTTCTTAA
ATTACGTAATTTGAACGAACGAATGCTGAACCTTTACCAGGCTTTACATGTTGGAAGTCT
ATAACTTTCCAAATAGCGTTATCAACAGAAATTGTTAAACCTGTTTTAAATCATTAACCG
AAATCAT

> **A5IT58**

Function: protein coding sequence; proline dipeptidase (core genome, constant)

Best match: A5IT58_CC025_21193_AFEG01000018.1[39138:40199:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 173544 ... 174606; Length: 1062 bp

Sequence:

TTATGTTAAAAC TATAAGGTCTTTTTGTGCATTTAGTAAAGACTTGACAACCATTTTCTGTA
ATTA AAAATATCATCTTCTATTCTTATACCGCCCAAACCTTCTATATAAACACCAGGTTCTA
CTGTAACACAGTTGTAACTTGAAGTTTATCTTGTATCGTACGAGCCAGCATTGGCCCTTC
ATGGATTTCTAAACCAATACCATGTCCTAGTGAATGTCCAAATTCTTTCCATACCCTTTT
GACTCTAAATAGTTTCTTGAATGGCATCAGCTTCTGCACCAGTCATGCCAGGTCTAATCT
CATTAATTGCTTTCATTTGAGATTCAAGTACTATTTGATATATTTCTTTCAGTTTAGGATCT

GGTTCCTCCAATAGCAAATGTTCTAGTAATATCTGAACAATAGCCGTTATAATATGCGCCA
AAATCTAATGTAATCATGTCGCCTTTTTCAATAATTTTGTCACTTGCAACACCATGTGGTA
ATGCACCTCTATGACCAGATGCTACAATCGTATCGAATGATGGTCCATCTGCTCCTAATTC
TAGCATTTTACTTTCTAATATTGCCTTTAATTCTTTTTTCAGTCATACCTGCTTTTACAACAG
TTAAAATATATTCATATGTTTCATCAACAATATTAGCTGCTTTTTGAATTAAGCAATTTTC
GTCAGCATCTTTGACGTCTCTAATTTTATCTACAGTATTAGAAATGCTTATTAATGATATA
CGACTTTTATTTAATTCAAGGTATGTATCATAACTTACATGATGCCCTCAAACCTACAT
TTTCAAATTTTCTTGGTGTAGCAATTCTTTAATCTCACCAATAATAGTAGATTACGATT
AATAATTTCATAATTTGGCGCTTGCTTAGTTGCTTGATCAATATATCTAAAGTCTGTTATC
AAATATTGTTTATCTTTAGATATGATAAGTGCTCCACTGGTACCAGTAAAACCTGATAAAT
ATCTTCTATTGTAATCCGAAAGAATGATAATCGCATCTAAATGTTTTTGTCTAAAATACG
ATGCACTTGTGTTATTCTGCTCAT

> **gcvPB**

Function: protein coding sequence; glycine cleavage system P/subunit 2 (core genome, constant)

Best match: gcvPB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1618416:1619888:r]RC

Position: 036-contig_189: 177325 ... 178798; Length: 1473 bp

Sequence:

TTATTTTTCTGTTTAAAGATTTTCAAACCTTTAATATTGGTTTACGAGCAGCTGTAGCTTCGT
CTAATCGATCAATCACAGTTGTATGTGGTGCCTTAGCACTTTATCAGGATCATTTTTAGC
TTCTTCAGCAATACTAATTAATGTATCGATAAAAATAATCAAGTGTTTCTTTAGACTCTGTC
TCAGTCGGTTCAATCATCATACCTTCTTCAACATTTAATGGGAAGTATATTGTTGGTGGAT
GTACACCGAAATCTAATAATCGCTTAGCCATGTCTAAAGTACGTACACCAAATTCCTTTTTG
ACGCACACCACTTAACACAAACTCGTGTTTACAATATTGTTTATAAGGTATTTCAAAGTGT
TCAGATAAACGTGCTTTAATATAATTCGCATTAAGAACCCTGCTTCAGAAACCTCTTTAA
GTCCAGTTGCTCCCATAGTTCGAATATACGTATAAGCTCTTAAGTAAATACCAAAGTTAC
CATAAAATGGTTTTACACGTCCGATAGAATTTTTAATGTCATTATCATATTTAAATTTGTC
GCCATCTTTAATAACCATTGGCTTTGGTAAGTAACTTGCTAGTTCTTTTACTACACCGACT
GGACCTGAACCAGGACCGCCACCACCATGTGGACCAGTAAATGTTTTATGCAAGTTTAAA
TGAACAGCATCAAATCCCATACTCCTGGGCGAACTTTGTCCATAATAGCGTTTAAATTCG
CACCATCATAATATAATAGACCACCAGCATTATGGACGATTTACGGATTTCCATAATAT
TTTTTTTCGAAAATACCTAAAGTGTTTGGATTAGTTAACATAATAGCTGCTGTATTTTCATT
TACAACACGTTTCAAGTCATCAATATCAACTTCGCCACGTTTCGTTTGATTTTACAGTAACT
GATTTAAATCCTGCAAATGAAGCTGAGGCTGGATTTCGTACCATGCGCAGAATCTGGCACA
ATGACTTCATCACGATGACCTTCACCATTATTCTCATGGTAAGCTTTAAATATCATCAATG
CAGTCCATTACCATTGTGCGCCAGCAGCTGGTTGTAATGTCACCTCATCCATAACCAGTAAT
TTCTTTTAAATTCTTCTTGCAAACCTATAAATAATTTCTAATGAACCTTGAACCTTGATCTTCAT
CTTGTAATGGATGTGATTCACTAAATCCTGGTATTCTAGCAACCTTTTTCATTAATTTTAGG
GTTATACTTCATCGTACATGAACCCAATGGATAAAAATCCGTTGTCTACACCGAAATTTTTA
TTTGAAAGTTCAGTATAATGACGTACTAAGTCTAGTTCAGCAACTTCAGGAAACTCCGCT
TTGTTTTTACGAATAAATTTATCATCTAACAATGACTCAACAGAATTTGTTTTAATATCAC
TTTTTGGTAATGAATATGCATATCTGCCTTCACGAGATCTTTCAAAATTAATGGACTTGA
TTTACTAGTCAT

> **gcvPA**

Function: protein coding sequence; glycine cleavage system P/subunit 1 (core genome, constant)

Best match: gcvPA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1619881:1621227:r]RC

Position: 036-contig_189: 178790 ... 180137; Length: 1347 bp

Sequence:

CTAGTCATTTAACTCACCAGCCTTTTCTACAAATGTATCGATTTTCATCTTTTGTTCCTAATT
CAGTTACAGCTATTAACATGTGATTTTTAAAGTTCGTCTGAAACAACACCTAAATCAAAC
CACCGATAATATTGTACTTCACTAATTCCTCGTTAACTTGTGGAATGGTTTGTCAAATTT
GACTACAAACTCATTGAAAGATGTACCATCTAATACTTCAAACCTTTTTTAAATAAATTTG
TGTTTAGCATAGTTAGCATGTTCTATATTTTGAACCTGCAATATCATAGATACCTTGTTTAC
CAAGTGCTGACATTGCAATTGATGACGCTAAAGCATTTAATGCTTGGTTAGAACAATAT

TAGATGTCGCTTTATCGCGTCGAATATGTTGTTACGTGCTTGTAATGTTAATACAAAGCC
ACGATTACCTTCATCATCTTGTGTTTGACCGACTAATCTACCTGGCACTTTACGCATTAAC
TTTTTCGTCGTTGCAAAATATCCACAATGTGGCCACCGAATTGAGCAGGAATCCGAAT
GGCTGAGTATCACCTACAACAATATCTGCACCAAATGAACCTGGAGGTGTAAGTAATCCC
AATGCTAATGGATTTGCATATACGATAAATAATGCTTTTTTATCTTCAATAAAGCTATGAA
TCTTTTCAAGATCTTCAATTGAACCGTAAAAGTTTGGATATTGTAAGTGCAAAAGCTGCTGT
TTCATCATCCACTGCTGCTTCTAATTTTTTCAAATCTGTAACAGTGCCATCTAAATCGATTT
CCATTACTTCGAATTCCTTACGCGTCTTAGCATAAGTATGAAGTACTTGTAATGCTTGATA
ATGTAAACCTTTTGAGACTACAATTTTTATTTTTCTTTGTTTGACTAAATGCTAAGATACAT
GCTTCAGCAAAGCTAGTCATCCCATCATAACATAGAAGAATTTGCTACATCCATATCTGTTA
ATTCACAAATTAAGTTTGGAACTCAAAAATGGCTTGTAATTCACCTTGAGAAATTTCCG
GTTGATATGGCGTATATGCTGTGTAATAATTCTGATCTTGAAATCATAGCATCCACAACCTG
ATGGCGCGTAATGATCATAAACACCAGCACCCAAAAATGATGTATGCGTTTTCTTTAGTGA
TATTCTTGCTTGCAATGCGATTTAATCTTCTAAGTAACGTTGTTTCCGCTTCGCCTTCAGCA
ATATTTAAATCTCTATTTAATAAAAATGTCACTTGGTACATCACCGAATAATTCTCCTATAG
ATTTTGCACCAATTGTTTGTAAACATTTCTTGCTTGTCTTTTTTCAGTTAAAGGTATATAACGA
TGACTCAC

> **gcvT**

Function: protein coding sequence; glycine cleavage system T/protein component (core genome, constant)

Best match: gcvT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1621247:1622338:r]RC

Position: 036-contig_189: 180156 ... 181248; Length: 1092 bp

Sequence:

TTATTTATCAATTTGATTTTTCTTAACAATTTTCGCTTTTAATTGACGCTTACGAACTTGAA
CAAGTAACTCTACCCATTTCAAACCTCATCTTTTTATCATTGCAAGTGCAATTGATTTT
CCTGATGATGGAGACTGTGTTCTGAAGTACTTCTCCAATAATTTCCATCTAAATCCA
TAACTTCATAACCAGTTCTTGCAATTCCTTTTTCAAGTAATTCTAATCCCCTGTTCTTCTT
GGTGCACCATTTTCTTTTTGATCTTTTAATACAGATTTACCAATAAAAATCAGTATCAATTA
ATGGTTTACTTGCAAAAGCGATAACCACCTTCATATGGTGTAATTGATTCAGTTAAATCTTG
TCCATGTAATGGCAATCCAGCCTCTAATCTTAATGTATCACGAGCGCCTAACCCACATGG
CATAACATTATACTCTAATAAACCATCCCAAATTTTTTTCAGTATCATCGATATTACAATAA
ATTTCAAACCCATCTTCACCTGTGTAACCTGACTGAGATAAAAATGACGTTTGCTCCAATA
ATTTGAAACCCTGTTTAAATTCAAACATTTTCATTTTCAGTTACATCTTCATCAACTAATTG
ATTAATTAATCTCTAGCTTTTGGTCCTTGTATTGCTAATTGACCATATTGGTTTGATACAT
TTTGTACTTCAACATCAAATTTCTCTTTGTGTTTTAAAATCCAATTAATAATCTTTTTTCAGTA
TTAGCAGCATTAACAATAATAAATAATTGTCGTCAGCTAATTTATATATACTAAATCAT
CAATAATACCGCCTTCTTCATTACATAAAGCAGTATATAATGCTTTTTGAAGTAGTTAAATT
ATCAGTATCATTTGATAATAAATAATTGCACAACTGACTAGCATCTTTACCTGTTACTTCA
ATTTACCCATATGACTAACATCAAACAGGCCAATTTTCGTATCGAACAGCATTATGCTCCT
CTTTAATACTTGAAAATTGAACAGGCATCGCCATCCTCCGAATTCCACAATTTTTGCACC
TCTATCAACATAATTTTGATATAAAGGTGTTTGTTTTTAAATCACTTGACAT

> **aroK**

Function: protein coding sequence; shikimate kinase (core genome, constant)

Best match: aroK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1622497:1623021:r]RC

Position: 036-contig_189: 181406 ... 181931; Length: 525 bp

Sequence:

CTAATACTGATCACTCGCTTTTTATTAAATTTAGCAATTCATAATATATTTCTGAAATTGAT
AGCAAATGACTATCAAATTTCTTGAATGCGATTTTATTATATCTTAAATTCGCGAGCAAT
ACAAGTCATTTAACTGCTTGATTGTCTTATTATTTGCATTAGGTCGATGTGGGTCATCATT
GATTTCGACTATATATAATATCAATATTACAATCTAACCAAATAATGTTTTTTTGGATTTTTC
AAAAAATTAATGCCTTCTCACTTTCAATTATACCACCACCAGTAGCAATTATATCTGCAG
TGTTAATACATTCTTGCAAACATGTGAACTCTAAATTCCTGAAATATTGTTTACCATGTTT
ACTAAATATTTCTGGTATTGTTAACTTATACTTCTCTTCGATATATGAATCTATATCAATA

AATGATAAATTTTGTCTCATCTGCAACGTATTTACCAATCGTAGATTTACCGGTACCCATGA
AACCAATTAATAATTATTGGTGATTTATCATGATTCAT

> **comGF**

Function: protein coding sequence; late competence protein F (core genome, constant)

Best match: comGF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1623254:1623751:r]RC

Position: 036-contig_189: 182163 ... 182661; Length: 498 bp

Sequence:

TTATACATAAATAGTTTTAGTCTGCACATTTGTACCGACTTTAACTGTTATCGTTATTTTAA
TAATGGATTTATAGTAGATATTTGCAGTAAATGCTGTAACATTATTAATCATTGTTATATT
TCCTCTGTCATTTACAACCTTTAATAATTTTATTATTTATTAATTTGTATTTCGATCATTTCCTC
ACCTTTATGTAAAATGATACGCTGTTGCCTAATTTCAATATCGTTTCTATCTACTCCTTTAA
AATCCTCTAGAATATCTCTTGAGAAAAATTCGAAATCTACAGTTGTTAATTCCTACTTTTC
AATTAGAAAAGTTTTGCTAAGTCTAATTAAGTCTGGAACAATTAGTAAAGTTATACTTAT
AACCATCATCGCTACTAACATTTCAATGAGCGAAAAAGCTTTGACATTAATACTGTATAC
ATGTCTTTTGATAAGAAGTGGTATTTTTTGAATAGCACAAATTTGTTGGTCACTTTGCTT
AATATCAT

> **comGE**

Function: protein coding sequence; late competence protein E (core genome, variable)

Best match: comGE_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[1602358:1602657:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 182578 ... 182878; Length: 300 bp

Sequence:

TTAATACTGTATACATGTCTTTTGATAAGAAGTGGTATTTTTTGAATAGCACAAATTTGT
TGGTCACTTTGCTTAATATCATACTTCCCTATAGTTACCCCTTCTTAAGTTCTTCTTTATT
AATTTTAGATACAGTCGTCAAATTACTTTAGAAGCATCAATTGTTTGTAGTTTATGGTTT
ATACTCGCTTGCATTTGATTCATCATTGGTATCAATAGTAATGTAATCAATCCAATTAGCA
AAAATCCAGCCATACTATCTATTAAGAATGATCCTTTACACTTATAGCTTTTCAT

> **comGD**

Function: protein coding sequence; late competence protein D (core genome, constant)

Best match: comGD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1624000:1624446:r]RC

Position: 036-contig_189: 182864 ... 183311; Length: 447 bp

Sequence:

TTATAGCTTTTCATAACGAATTCTTCCTTTTCAATATGGAATATTATTCTATAAAATTGAAT
TGTTATTGTCAATTGTTATACTACCAAATTTATTGATATTCCCTTTTTTATCAAAGGCAATA
ATATCAACTTTTGCAACATTAATTTTGCCTACTTTAATTTTAGAAATCGTATTTTATT
ATTCTCTATTACTTTAATAGTGTCACTGTTTTCATAAAATCTAACATTGATATATCCTTGAT
TTGCTATAGCTTGCAGCTTAATATAATTCAATTCAGTAATAAAAGAAATGATATTTGCCTC
ATCATCTATTACTCTAAGATTGCTTAATCCTTTAGATGTCAATTGTCAAAGTAGAAATATA
CTGATTAACATCATTACCACAAGCATCTCAATCATAGTAAATGCTGACTGCTTTCTAATTT
GCAACTGCTTCTCCAT

> **comGC**

Function: protein coding sequence; late competence protein C (core genome, constant)

Best match: comGC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1655244:1655555:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 183288 ... 183600; Length: 312 bp

Sequence:

CTAATTTGCAACTGCTTCTCCATTAATAATTGTTATTGTCTCTCCTGATTTACATGTCTTTT
GTGCTTCTTTATAAAACCATCTGCAATTAAGTCTTCAATAGACGATGGATTTCTATTATG
TTCAATGCATACGCTTCAATTTGACTATTAACCATTTTACCTGTGCATTACAACCTGTTG
ATTGTATGTGAGCAGTTTGTGTTAGCAATATTTGGAATGATTAATAATAATAAACTGAT

GATTAATAACACTAATAGCATCTCTATCAATGTAAACGCTTGAGTTTTCTTAAGAAATTTA
AACAT

> **comGB**

Function: protein coding sequence; late competence protein B (core genome, variable)

Best match: comGB_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[52927:53997]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 183613 ... 184684; Length: 1071 bp

Sequence:

TTATTTTATACTTTGCATCATTTGAAACATTGGTAACATAATTAATAAAATTGCGACA
ATAAATAAACCTAAAATCAAAAATAAAATAGGCTGTAAAACTGAGTCTGTTTTATCGCT
TTATCTTCTATTTGTTTTACTAATATTTGCGAATATAACTTTAGTTCTACTTCTAGCTTCCC
TCTCTTTTCACCTTGTAGCACAACTTAATTAATTGAGGCTTAAAGCATTTTAGTTTTTCTA
AAATTTGAGGCAAACCATATCCCATTCTGAATAAGTTAATAAGTATTTACCTAGAACT
GTCTAAATGGATCACTACTATGGTTAATAAACGTCTACTATTGATTGAAGTGAATACC
ATTTTTATAAAACAACACTAATTCATTAGTTACAAAATAAGTTTTAAATAATTGGAAATA
GCCTGATATTAGCGGTAGTTTCATCACAAAGTTTATCTTATTGAGCATATTTAAATTGTTA
TAAATTAATTTCATAATAATAGCCAACATAGATACTATTATGAGCATTACTACAATTATA
GTAGGTAAGCTGGTAATGAAAAAAGACAATGTTTTTTGAAAAGAGGATAGTTGAATATTC
ATAGAAGTATATAATTGTTGAACTGTGGAATTACTGTGAGGTTTAATATAATAATCATA
GCAATAAAAATAGAACTAGTATTAAGGGGTATTGCAGTGTCTTAAACAATCGTTGTTCT
GACTTTCTATTCACTTTCATATAATTTACGGTTTCTTCTAGAACGTCTATAATATTACCAA
TCTTTCTGCCAAATATACTTGCATGACGATAGTATCGCTATAACCTATCAGTGATAATATC
TGATTGCATGGTGCACCATTGAAATTTCACTTAGAATGGTGGCACCTAATTGCTTATTTT
TATATGCCATTTGAAGATTTAAAAATTGAAAACCTTTGATACAGAGTGAAACCATATTTCA
ACAAATTACATAAATTTGAAAGTAAGTCGATTTGTTGGGCCTTACTTAATTGTCGCTTCTT
AGAATGTAGTTTAAATGTATTTATCCATTGTAGTTTCAC

> **comGA**

Function: protein coding sequence; late competence protein A (core genome, constant)

Best match: comGA_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[51981:52955]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 184655 ... 185630; Length: 975 bp

Sequence:

TTAAATGTATTTATCCATTGTAGTTTCACAAATGACACCTGCTTTTTGTCATATCATCAAGT
TTATCTTCTAAGTTCTTAAATGATGATGGTAATGAATGATTATGGGAAAAGAAATATCGG
AGTTGTTGCTGAGATAGAATTTACATACTAATTGTCGCTGTTGCTTAATAGTAGTTACAA
GTCGTTGGTTTATAATTAAGTTAGTTGCCTGTATCAATTCTTGTACAGAAATGCCCATTTT
TAATAGCCTTAAAATAGCACCTTTACAATCAGTTGCATGCAATGTAGTCAGAACAAGGTG
ACCACTTAACTAGCCTGTATAACACACTTGGCAACATCTTTATCTCTGATTTACCTATT
AAAATAACATCAGGATCACATCTTAAAATAGCTTTAAACGAATTTACATAGTTTATGCCA
GCTTTATCATTACATTAATTTGGACGATACCAGGAATTTGCATCTCTACAGGATCCTCTA
TAGAAATTACATTTAAATTCAAGGCTTTATTCGCGTATGAGACCATTTGATACATTAATGT
ACTCTTTCCTGAACCAGTTGGTCCACTAAACAATAGTAATCCTTGTTCCTTATTCATGAGG
TGTTTAAAATCATTGAATTTATAAGTTGATTTCTGTGGTTGAAAAAATTGAGGTACAATTC
TGATAACACAACCTTTCTTGGCCAAGTGACAATGGTAAAGTTGATATTCTCAAAAATATA
TTTTATTGAAAAGGTAACATATCGACCGCTCTGTGCGACTTGTGTGTAGAAACATCAA
GCCAGCTTGAACTTCATATAAACTAATAACTTTTGATAAATGCTATTCCCAATTTGTTT
ATACTGCTCCAAGTTATCATTAAATTCTAAATTTAATACTTACTTCATTTTAACTGGAATA
AAATGTACATCACTCGCTTTCATTTCTATCGCTTTATTAATTAATTTCTTGAATAGAAATCTT
CAA

> **glk**

Function: protein coding sequence; glucokinase (core genome, constant)

Best match: glk_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1627766:1628752:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 186630 ... 187617; Length: 987 bp

Sequence:

TTATTTTACCCCCTCTTTATCTAATACATAGGTCTTGATTAATCCTGCTGCTCCTGTAATAC
CTGCATCATTACCTAATTTTCGCTTGTACAATTTTCAGTTTCAAATTGAGCAGGTGCAAATGT
TAAATTATGATATTCTGTTTTAATATTTTCAATTAATAAGGTCTGCAGTAGACATTCT
CCACCTAGAACGATATATTTTCGGATTACTTGTAACACTAATAATACTACATAAATATCCA
ATATAGTTTGCACCTTTTTCAGTAATGAAAATACAGAATTGGTCACCAGCTTTTGGCCGAT
CAAAAACAGCTTTTGTGTAACCTTATTTTCTTTAATCAATTTCTAATATAGAAGATCTAAA
CGTCAACTTCGGATAGTAGAAGTTAACTAAGTTAAACAACGCCTGTGCTGAAGCAACTGT
TTCAATACATCCAGAACGACCACAATTACATTTAAATCGTTGATCGAAGTCTGCTCTAAA
ATGACCTATTTCTGCGCCAGAGCCATTATGACCATGTACGATTTACCATTGAAATAATT
CCTCCACCTAGACCTGTACCAAGTGTGATGGCAACAACATCATCGGCACCTTCACCAGCA
CCTTTGTGTTTCTCCCCTAAAGCAGCTATGTTAGCATCATTATCTACATACTGGACAAT
CAACGAATTGTTCAAAAATCTCACGTACATTAACTTTTCTGGCCAATATAAGTTTACTGC
TCCATTTACTGTACCTTTTTCAAAGTCAACAGGACCTGGTACACCAATACCTACGCCAAGT
ACATTTGAAAAATTATAATTATTTTCAATTTACTTTTTCAACAAACGAATCATAAATTCCTT
TCAAAAGTGTATATCCTGTAATATCAGATGTATCAGTGTGAATAGACCATTTATGTAATTG
TTCTAATTCAGGTGTGAAAATACCTAATTTACAAGTTCGTCGCCCTACATCAGCTGCTAAA
ATAATTTTTGTCAT

> rpmG1

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L33/locus 1 (core genome, constant)
Best match: rpmG1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1631156:1631305:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 190020 ... 190170; Length: 150 bp

Sequence:

TTATTTTGTTCACGGTGTAAAGTTTGTGTTTTCACGTGAACAGAATTTCTTCATTTCAA
CACGTTCTGGATTATTTCTTTTGTCTTAGTTGTAATGTAGTTTCTGTCACCACATTCCGTA
CAAGCTAAAGTTACGTTTACGCGCAT

> pbpC

Function: protein coding sequence; penicillin binding protein C (core genome, constant)
Best match: pbpC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1662238:1664313:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 190282 ... 192358; Length: 2076 bp

Sequence:

TTATTTGTCTTTGTCTTTATTTTTATCATCTTTACCTAAGTCTTAAAGTAGTAGTTAATTA
CATCTCTACCTAAGTCTCCACCTGTTAACCATGGTGGTGGTACAGGCTGATTTGTATATAC
AATTGAAAACGCTAATTTTGGATCATCAATTGGCGCGTATCCTATATAAGTAGAGTTAAC
TCTTGGCTCTCCGTTTTGGAACACTTCAGCGGTACCCGTTTTACCAGCAGTAGGTA
GTATCTTTAAACTAACATATCCAGTACCATCTTTATCATTAAATGCCATTTTGAATCCTT
CTTGAATTTGTTGATTTCCCTTTTCAGTATTATTAACCTTGTTCAAGACAGTGCCATTAAT
TTCTTCTGAGTGGACCAACCTCATCTTTATTAGTTGATTCATGAATCGTTAATCCAATGT
GTGGCTGTATTCTATAACCATCATTGCTATAGTTGAAACATATTGTGATAATTGTAATGG
TGTATAGGTATCATATTGACCAATTGATAAATCTAGATAATTACCTGGATTATTTGTTAAT
GGTTCGATTTGACCTCTTGTTCATTTGGTAAATCTATCCCTGTTTTACACCTAAGCCTAC
TTGATTTAATCCTCTTCTAAGCTTTTGGGCAGGTGAACCTTATATCTGAAGGTAAAGCCATA
CCAGAATAATAAGGGTCTCCCGCTAATTTAATGCTGTTTTAAACATATATACGTTTGATG
AATGCATCAAAGCTTGCTTATCATTAAATAGATACATGCCCGTTTTTATTGAAGTATGATCG
TTTTGTCAAACCACCTTGGAATGTAATGGTTCATCGACCATTGTTTCTCCAACCTTTGATA
GCTTTATTCTGATAACCAGCTAATAATGTTCCACCTTTTACAGAAGATCCAACCGCAAATT
GAGAAGTAAACGTACCAATGTCATAATCAGTCATTTTACCACTCTTATTAATCTGCTTTCC
GGCAAGCGCAAGAATGTCTCCATTTTTAGGATTTTGTACAACCATCATAGCATTATCCATA
TCTTTTGCACCTTGGCTGCGAAGCTTCTTAATTTGTTTATCTAATAATGCTTCTACTTCTTT
TTGAAGATCTATATCGATCGTTAATTTCAAATCTTGACCGCGAGCGCCAGGATTTAACT
TCTGAAGATGTAACCTTTACCAGATTTGTCCGTTGTGATTTTCAATTTCTTTCTTACCACG
CAATACATCTTCATATTGATATTCTAGGTAAAGATTTTCCAACACGATCATTGCGTGAATAT
CCTTTGGATAAGTAATGTTCTGTCAATTTCTTTTGAATACCTTCAGCAGGTGTCGATACAT

CTCCGAATATAACCTCTTAAAGTATCGCCATATGGATATTTTCTATCCCAATCCATAGACGT
GTAAACACCTGGTAATTTGGAAAGTTGCTGAGAACTGCTGCATACTCTTTTCACTGACA
TCTTCATTTTTTATCATTGTGGATCTAAACTGTTCTGCATTCATCTCTCGAAAAATAGC
TAAACTTGTAATCTTTAGAAGACAATTCATCTAATTGTGATTTTCCGATTTTCGATAAC
AGTTGTTTATCATATTGATCTTGTTTAATACTTCCATCTGCTAACATAGCTTGTCTTTTGT
CATCATTGCTTTTGTCTTTTAGGATGCAACTGAATCCAGAAATCTTTCTTATCACGTTCTG
TAATTTTCTTAGTATCCATCTTGATTAGCTTTGATAACTTTTCAGCCGTATCCAACATTTCC
GATTGTGTTGTTTTTCGACCCCTAGTATATGTAATAGCCATTTTAGAAGCATTATCAACTA
AAACTTTCCATTTCTGTCTAAAATACGACCTCTTGGCACAGACTCATTCACTGTAATGTT
TTCATCATTTTTTATAAATTGTTTATAATGTGAGCCTTGTGCGATTTGTAATAACCTAAAC
GTAGTACTAGTACTGCAAAAATAAATACAATCACACCAAATATAAAGTTAATTCTCTTGT
TAATTGTATTTTGAACGATTTTCATCATTGATTTTTCTTTTAGTCTTTTAAACA

> **sodA-L2**

Function: protein coding sequence; superoxide dismutase/locus 2 (core genome, constant)

Best match: sodA-L2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1664434:1665033:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 192478 ... 193078; Length: 600 bp

Sequence:

TTATTTTGTTCATTATATAATTCGTCAACTTTTTCCAGTTAACTACATTCCAAAATGCGC
CAATGTAGTCAGGGCGTTTGTTTGATATTTAGGTAATAAGCGTGTCCCATACGTCTAA
ACCTAAAATAGGTGTTTTACCCTCAGTTAATGGATTATCTTGGTTTGGTGTAGTCACAATT
TCTAACTGGCCATTGTTTACGACTAACCAAGCCCAACCTGAACCAAAGCGTGCAGCTGCT
TTGTCAGCAAATTCTTTTTTAAATTCTTCTAAAGAACCCCATTTGTTCTTTAATTTTTTCTAC
TACAGTACCTTTTTCTTCTGAGTTTGGTGAAAGTAACTCCCAGAATAATGAATGGTTTAAA
TGTCACCGCCATTATTACGTACAGCAGTTTGGATGTTAGCTGGTACACTGTCTAAATTAG
CAACAATTTCTTCAATAGATTTAGATTCTAAATCTGTACCTTCTACTGCAGCATTTAATTT
CGTAACATACGTGTTATGATGTCTGTGTCATGGTGAATTTCCATAGTTTCTTTGTCAAATGT
GGTTCTAATGCATCAAATGCGTATGGTAATTTGGTAATTCAAAAGCCAT

> **zur**

Function: protein coding sequence; zinc uptake regulator (core genome, constant)

Best match: zur_CC008_COL_CP000046.1[1641975:1642385:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 193353 ... 193764; Length: 411 bp

Sequence:

TTAATCTTGGCAAGACTCACATACACCATAAACTTCAAGTTTGTGTTTGTGAATATTAACA
CCAGGTAGTGATAATTTTATCTGATCTATTGGACAATAATCTATTACCTTTGTATCTCCAC
ACTTTTCACAGATAAAAATGATGATGATGATGGTTTGTACAAGCGATTCTAAACTTCATTTT
ACCATCAAGTTCTGTATTTTCAATAATTCCTAAATCTTTAAATAAGTGCAGGTTTCTATAT
ATTGTGTCGAATGAAATTCCAGGATAATTTTCATCCATAACTTGTGTATATACTTTGCGT
TTATATACTTATCTTCTTCGACAAAATATCTAACATATCTTTACGTTTATCTGTATATTT
AAACCGTTCTCTTTTAAATTTTAAATAGCATCATTGTATTTCAT

> **mreB**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/permease protein (core genome, constant)

Best match: mreB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1634886:1635719:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 193750 ... 194584; Length: 834 bp

Sequence:

TCATTTGTATTTCATTGATATTAGCTCCCTTTTTAAACTTCATTTCGCATTTTCTGATAAGCCA
TTGTAATCATAAGTAAAATAACAAGTAGAACTACAATTACACCACCCGGAGAAATGTCCA
TATAGAAAGCTAGGACTAAGCCTAATATTACTGATAATTCACCTAAAAATACACTTAGTA
ATATCAATTGCTTAAAACTTTTTGTATTTCGCATACTTATTGCAATTGGTAACGTGATTAA
CGCACTTACTAACAGTATCCCTACAACACGCATTGAGGCAGAAATAACCATCGCTACAAT
ACAATAAATAAAAATTGAATCCATTTAGGAATGCCAATGACTTTACTATATTCCTCATC

AAATGACAATATAAATAATTCTTTATAAAAACAATGTAATAAACAGAACAACACTATGATGGC
AATGACAATAATCGTTGTAAATCACTTATATTTACTGCGCTTATTGAGCCAAATAGCAAT
CCAACAATTTCTTGATTGAACCCATCAGCTAATGAAATGAAGATTGCACTCAAGGCGATA
CCAGCACTCATTATAATTGGAATAGCAATTTCTTGTTAAGCAGTGTATGACGTTCTTAATT
TTTCAATTAGAAGCGCACCTACTATTGCGAATAAGATTCCAAACCACATTGGATTAATAA
ATACTAGTGTGGCATAATAGTAAGTAAAAACATACCGAAAGATATACCACCTAAAGTTA
CATGACTTAGAGCATCAGCTATAAGTGATAGTCGTCTAACACGATAAAAAGCACCGATTA
GAGGCGCAATAAACCTATCAAGATACCACTAATTAAGAGTACCTCAT

> **mreA**

Function: protein coding sequence; zinc ABC transporter/ATP binding protein (core genome, constant)

Best match: mreA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1635791:1636576:r]RC

Position: 036-contig_189: 194655 ... 195441; Length: 786 bp

Sequence:

TTAATTACAACATTCTCGATTATGCTGATGATCGACAAAACGTACAGGATGTCCATAAAT
TTTTGAAATTTCAACTTCATCAAGTGATTTAACTCATCAGTTGTACCATGGAAATGCAAA
TGCTTATTTAAACATGCTACTTCAGTAGCAGTATCTGCTACAACACCGATATCATGAGTAA
CTATGATAATGGTGATACCTTCTTGTTTTAATTGATCTAAAGTATTATAAAAATTCACCTAC
ATGTTTTGCATCAATACCATTTCGTTGGTTCATCAAGTACTAATACTGCAGGTTCTGAAATC
AATGCTCGAGCAATCATTACACGTTGTTGTTGACCACCTGATAATTCTGCTATATTTTTAT
GAATTAATCACTTATATTCAGTCTTTCTAGTACTTTAATCACTTTTTTCATTATCTTTGCTA
TTAAATGTTTTGGAAAAGACGTTTTGTCTTTGTTAATCCGCTTAAAACAACCTTCTTTAACAC
TTGCTGGGAAACCTGAATTAAGGCATTTGCTTTTTGTGATACATAGCTTAATTTAATTGA
TGTTTTCTTATTTTTAAAATCAATACCTTCAACAAAAATCTCACCACCTTTGTAAAGGTAAT
AACCTAGAATCAACTTCAATAATGTTGATTTACCAGCACCATTTGGTCCAACAATTGCTA
AAAATTCACCTTTATTTATTTAATGTTTATATTTTCTAACACTTTTTTATGATCATAGTAG
TAATTGACATTTTTCAATTCAAAGACTGGTGTCATCGTATTCTCACCTCGCAT

> **nfo**

Function: protein coding sequence; endonuclease IV (core genome, constant)

Best match: nfo_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1570227:1571117:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 195566 ... 196457; Length: 891 bp

Sequence:

TTATTGTTGCATAACCTTATTTTTTAATTCTGGGTCAAATTGCTGTTGTTTTAACATTTCAA
TTTCAAGTTTATATGGCGGTTTTTTATTTTTCTTATCTTCACCAACATAAGGTGTTTCTAAG
ATTTTCGGAATATCTTTAAAACCTATCATGATGCACAATGTAATTTAATGCATCAAAACCA
ATGTAACCGAAGCCAATATTTTCATGTCGGTCTTTTTGAGCGCCACGGTCATTTTTAGAAT
CATTGACATGAACAACCTTTGATTCTGTGACTCCAATGATTTTTATCAAATTCATTTAATAC
GCCATCAAAGTCCTCTTTAACATTATATCCAGCATCATGCGTATGACATGTATCAAAACAT
ACTGATAAACGTTTCGTTATTATGAACTCCATCAATAATACGTGCTAACTCTTCAAATGAGC
GACCAATCTCTGTACCTTTACCTGCCATCGTTTTCAAGCGCAATACGTACATTATTGTCATT
CGTAAAACCTTCATTTAATCCTTCAATAATCTTATTAATTCCGGCATCAACACCAGCTCCA
ACATGCGCACCTGGATGTAATACAATATCTTTAGCCCCTATAGCTTGCGTTCTTTCAATTT
CTTGTTGCAAGAAATCTACACCAAGATTAAACGTTTCTGGTTTGGTTGTATTTGCAATATT
AATGATGTATGGTGCATGAACAACAATATTAGATAAACCATATTTTTCCATCACTTCATG
ACCTTTAGTTATATTTAAATCTTCAATACTTTTACGGCGCGTGTTTTGAGGTGCACCAGTA
TAAATCATAAATGTTGTTTACCATATTCATGCGCTTCTATAGCAGAACCTTCTAACATCT
TTTTACCACTCATTGAAACATGTGATCCTAATAACAT

> **cshB**

Function: protein coding sequence; DEAD-box ATP dependent RNA helicase (core genome, variable)

Best match: cshB_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[39798:41144]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 196466 ... 197813; Length: 1347 bp

Sequence:

CTAACCTTTTTTGTGGTGGCTTACGTTTTTGTCTATTTTGTGCTTACTAAATTGCTTACGCTC
TTGACGTTTCATTTTTTCAACTTCTTGTAAATTTCTTCTTATAACCTGGTTAACTTTGTT
TTTAATTTTACTTCGAACTTTGTTCTTCACTTGATTAGTTAAATGGTCATCTTTGCGCATT
TTGCTTGACGCTGATTGTGCGCTTAACTTCTTTAACTCACCATCTTAAATATCAACAGTA
TTGAATACAAAACCGCGATCTTCTATTAATGAAATATTGTGTTCTTCATCAGGACTATAAA
GCGTAATTGCTACACCTTTATAATTCCCACGACCAGTTCGTCCAACCTCTATGCGTAAAGAA
GTCAATATCATTTGGCACATCAAAATTGATGACATGACTAACACCTTCAATATCAATACC
ACGAGATGCTAAATCGCTGGCAATAACGTATTGGAATTCTAAATTACGTATACGTTTCAT
TTGTTGTTTACGTTACGTGGCGTTAAACCACCATGAATCATACCAACTTTAATACCAGCT
TCATTTAGTGAACGTGCTAAATCATTGTCATTATCTCTACTATTACAGAAAATAATACATA
AGTATGGATTTAGTATATCAATTAATTTAAAGTTTTTTCAACTTTAGCTGCACCTTTAGT
AGGTATTA AAAAGAATTCGATGTTCTTTTTATTTGTTTTTTACTGTGACAGCTACATATT
CTGGATGACTTAAATATTTATTTAAAAATGGTTGTAACGTGTTGTGGAATTGTAGCACTAAA
CACCGCAATATTTGCATTATCTTCCAATCTTGCAGCAATGTAATCTACATCTTCAATTAAT
CCTAAGTCAATCATAAGATCCGCTTCATCAATAACTAAATATGATGCTAAGTGCACATGT
AAATGTCCCGTTTTAGCTAAGTCATTAATTCTAGTAGGGGTGCCTATAATCAATTGTGGTT
GTGCATTACAACGTTGTCTATCTTTCTCTATATCTGTACCACCAATAAAAACCTTTAACTGA
AACACCAGCTTTAAATTGGCTTAAATGGTTCGCTGCATCGTATAGTTGTTGTGCAAGTTCT
CTTGTGGTGCAACTACGATTGCTTGTGGTTCTTTTATTTCACTATCAATTAACTGCATTAA
TGTAATAAAAATGCATGAGATTTCCCTGTACCCGTTTGAGATTGACCAATTAATTTGTT
CTCTTTAGTATTCTTGGAAATAATTCGATTCTGAATTTTCAGTTGGTTTTTCAAATTAAGGTC
TTTCACAGCGTCAATTAACCTAGATTCTAGATTAATTTGTTCGAATGGATGTTTTGCCAT

> sigA

Function: protein coding sequence; sigma factor A of RNA polymerase (core genome, constant)

Best match: sigA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1671793:1672899:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 199837 ... 200944; Length: 1107 bp

Sequence:

TTAATCCATAAAGTCTTTCAAACGTTTACTACGACTTGGATGTCTTAATTTTCTAAGTGCT
TTTGCTTCAATTTGTCGAATACGTTACGTGTAACACCGAAAACCTTACCAACTTCTTCAA
GTGTTCTTGTTCTGCCGTCATCAAGACCAAATCTTAATCGTAATACATTTTCTTCTCTATCA
GTTAATGTATCAAGCACATCTTCTAATTGCTCTTTTAAATAATTCATAAGCAGCATGATCTG
AAGGACTTTGTGCTTCCCTGATCCTCAATAAAGTCTCCTAAATGACTATCATCTTCTTACC
AATTGGTGTCTTCTAATGAAACAGGTTCTTGCAGCAATTTTTAAATTTTACGAACTTTTTCT
GCTGGTAAATCCATTTCTTACCAATTTCTTCTGGTGTGCTGGATCTCGACCTAAGTCTGTA
ATAATTGACGTTGAACACGAATTAATTTATTAATTGTTTTCTACCATATGCACAGGGATACG
AATCGTACGTGCTTGGTCAGCAATTGCACGAGTGATTGCTTGTCTAATCCACCATGTTGCA
TATGTTGAAAACCTTAAATCCTTTGTTAAAGTCAAATTTTTCAACAGCTTTAATAAGACCCA
TATTACCTTCTTGGATTAATCAAGGAATAACATACCACGACCTACGTATCTTTTAGCAAT
ACTTACAACCTAAACGTAAGTTCGCTTCTGCAAGTCTTGATTTTGTACTTTCATCACCTTGT
TCAATACGTTTGGCTAATTCGATTTCTTCTTGTGCACTTAATAAGTTAACACGCCCAATTT
CTTTAAGGTACATACGAACTGGGTCATTTATTTTAAACACCTGGAGGGGCACTAAGATCAC
TTGGATTACGTTTCTCGTCAGTATCTGAACTATCTTTTTTCAATTAAGTGAATATCATT
TCATTTAATTGATCAAAGAAATCATCCATTTGATCAGAGTCGATATCAAATTTCTGAAGTT
TTTCAGCAATTTCTTTCATGACTTAAATGACCCTCTTTTTTACCTTTTTCAATTAATTGCTTC
TTAACATCTTCTAATGTTAATGTGCGGATCAATTGTTTGTTTTTTAAATTTAACTGTGTTATC
AGACAT

> dnaG-var1

Function: protein coding sequence; chromosomal DNA primase/variant 1 (core genome, variable)

Best match: dnaG-var1_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[34644:36443]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 201167 ... 202967; Length: 1800 bp

Sequence:

CTACATGCGTTCCTTTATTCTTAGCAACAATTTGCTGTAAATAGTATTTTTGTAATTCTACAT
CGCCAATCCTTGTAGCTTCCCTTAATTTATGATTCAATGACTCAATTGTTTCTTGTCTTTT
TCATTAATAACATTGACATAATCATCAATTTTCATTTTCATATGGTTCGTCATTCAAATTAT
ATTGTTCTAAGCTAATTAGTGTTTCTCTCAACTCATTGGAATTAACATACTGCACAGCATC
ACTGATATTATATTGATCATTTTCCGCATAAAAATCATGTAAGACTTCGAATACATATTTA
AAATGCTGATTTGTGAAGTTATCCTTATCAACACTTTCATAATAATTTAAAAATGTATCTT
TATCTCTCATTAAATGTTTTAAAAATGCTCGCTCCGCTTTTTCTTGACGGCTCAAATTGTCA
AATTGTGCCATACCAATTGGCTCAGGTTCAATATAACCGCCATACTCATCTTCTGGATAAT
AATTGGCTGGTGTGATTGAATTGTATTTTCGTTAGCTAACTGCTCAGGACTAACATTGAA
AAATGGCGCAACATCATTATAGCCTTTTGTGCAAAAATCGATGACTTCATAAGTGAAAT
GTCATGACTCAGTTCTTTCAAATAACGTTTCATATGAAAGGTCATTATGTGCAATTTTCATCT
TTTAATACTTACTTTATAATGTGCAAATGACTTTTTGTGATTTTTTACAAAAGTAGTAA
ATGCGTTCGTTGCCATACTTACCAATGTATTCATCCGGATCCATGCCAGATGGCAATTGTAT
AACAAATACATTTAGCCCTTGCTGTAACAAAATTTGACCTGTTTTAAGTGTTGCTTCACTA
CCCGCAAAAATCCCCATCAAACATTAATGTTATATTTGATGTTAACTTTCGTATAAAAAGTAA
TATGTTTCATCTGACAACTGTGTCCCCATTGTTGCAACAACGTTTTTCAAGCCAGCAGTATC
AGATTTTATAACATCCATAAAACCTTCTAGTAATACGATTTTCATCTAATTTTCTAATTGAT
TTACGCGCTTTATCTAAGTTGTATAACAACCTTCTTTTTTGAAGATAGGTGTTTCAGGAC
TATTTAGGTATTTGGTTCTTGACCGGTATATGTTTCGACCTGAATATCCAACAATTCTTCT
TGCGCATTTTTCAAAGGAAACATAATACGATTTTCGAAATCTATCGTAATAACTGAAATTTT
CTTCGTTACGTGATAATAATCCGGCTTCATATGCTAATTCAATATCGTAACCCTTTTTTTG
AAGAAAATCATGACAAAATGTGAGCTATCGGGTGCAAAGCCAATGCCTCGCTCTTTAAT
AAGCGCATCTGTA AAAACCACGTTCTTGTAAGTATGTTAATGCTTGTTCGCTTCGACTGTC
TTTGTTAAAGCGTAATAATAAAATTCTTGATTA ACTCATGCATTTCAATCATTGTAAAT
CATCAGAAGCAATTTGAACATTTGAGTTAGATTGTGTTGCCTCAATATCTACAGCAACATT
AACTCTATCACCTAATTCTTTAACCGCTTCAACAAAATGATATGTCTTTAATTTCTTGAGTA
AATTGAAAACATTGCCACCTTTTTTACAACCAAAAACAATGACAGATTTGTTTATCTTCAG
AACTGTAAATGAAGGTGTCTTTTCATCATGAAAAGGACACAAACCTATATAATTGCGTC
CTCTCTTTTCTAGTTTACATATTCACTTACCAAGTCTAAAATGTCGGTTTTATCTTTTATT
TCATTAATGATCGATTGATCTATTCGCAA

> **ccpN**

Function: protein coding sequence; catabolite control protein N (core genome, constant)

Best match: ccpN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1645010:1645633:r]RC

Position: 036-contig_189: 203856 ... 204480; Length: 624 bp

Sequence:

CTATTCTTTATATAATGCTACTAATAACTTAGCTATTGTTGTTTTGGAAATTCTTCCAATTA
CTTCATACTTTTGATTATCTTTTTTCTTACAATTGGAATCGAATCAATTTCTTTTTCAATC
ATTCTATCTGCTGCGTATATGACTAATTCGCTTTCCTCTAAATAAGTGACATTAGGCATAC
GTGTCATATTTACTAATAGGTA CTGTATGAATATCTGCTCCAATCATTGAAGCTCTTAA
TAAATCTTTTCTTGAACACACACCAACAAAATCGTTATCTTCATTAATAATAAATAATGTA
CTTACATCTTCTAAAAAATTGTACAAATAGCGTCATAAACTGTTGTATTCTCTCTTAGCA
CAACAGTTGAGACATATAGTCCTTAACCTCAAATTGTCGAAGTTTTTCATTA AAAAATTT
ACCTTTTGATTTACCTGAATAATAATATCCAACCTCGGGGACGCGCTTCTAAAAACCTGA
CATTGTTAATATCGCTAAATCTGGTCTGAGCGTTGCTCTTGTTAAATTCAACTTATCTGCT
ATTTGTTACCAGTAATGGGTCTTGAGTTTTAACAATTTTCGATGATTGCTTCTTGTCTTTG
ACTGAGTTCTAT

> **glyS**

Function: protein coding sequence; glycyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: glyS_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[31405:32796:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 204814 ... 206206; Length: 1392 bp

Sequence:

ATGGCAAAAGATATGGATACAATTGTTTCATTAGCAAAAACACAGAGGTTTTGTGTTCCCT
GGTAGTGATATTTACGGTGGTTTATCAAACACATGGGATTATGGTCCTTTAGGTGTTGAAT

TAAAGAATAATGTTAAAAAAGCTTGGTGGCAAAAATTCATTACACAATCACCGTTTAACG
TTGGTATCGACGCTGCAATCTTAATGAATCCAAAAGTATGGGAAGCTTCAGGACACTTAA
ACAACCTCAACGACCCAATGATTGATAATAAAGATAGTAAAATTCGATATCGCGCTGATA
AATTAATTGAAGATTATATGCAAGATGTTAAAGGTGATGAAAACCTTCATTGCCGATGGTT
TAAGTTTTGAACAAATGAAAAAAATTATTGACGATGAAGGTATTGTTTGTCTGTAAAGTA
AAACTGCTAACTGGACTGAAATTCGCCAATTCAATTTAATGTTTAAAACATTCCAAGGTG
TAACTGAAGATTCTACAAATGAAATTTTCTTACGTCCTGAAACAGCACAAGGTATTTTTGT
AAACTATAAAAACGTGCAACGTTCAATGCGTAAAAAATTACCATTTGGTATCGGGTCAAAAT
TGGTAAATCATTCCGTAATGAAATCACTCCAGGTAATTTTCATTTTCAGAACAAGAGAATT
TGAACAAATGGAACCTTGAATTCTTCTGTAAACCTGGAGAAGAAATCGAATGGCAAAATTA
TTGGAAAACCTTTTGCAAGTGACTGGTTAAACAAGCTTAAATATGAGCAGTGAAAATATGCG
TTTACGTGATCATGATGAAGATGAATTATCTCATTACTCAAATGCAACAACCTGATATTGA
ATATAAATTCCATTTGGTTGGGGTGAGTTATGGGGTATCGCAAGTCGTACAGACTTCGA
CTTACGTAAACATGCTGAACACTCTGGTGAAGATTTTCAGATACCATGATCCAGAAACGAA
CGAAAAATATATTCCATATTGTATCGAGCCATCACTTGGTGCAGATCGTGTAACATTAGC
TTTCTTATGTGATGCATATGATGAAGAAGGCGTTGAAGGTAGTAAAGATGCACGTACAGT
TTTACACTTCCATCCTGCATTAGCACCATATAAAGCAGCGATTTTACCTTTAAGTAAGAAA
TTATCTGGCGAAGCGATTAAGATTTTTGAGCAATTAAGTTCTAAATTCTCAATCGATTTTCG
ATGAATCACAATCTATCGGTAAAAGATACCGTCGTCAAGATGAAATCGGTACACCTTATT
GTGTAACATTCGACTTTGATTCATTAGAAGATAATCAAGTTACAGTACGTGACAGAGATT
CAATGGAACAAGTTCGTATGCCAATCTCAGAGTTAGAAGCTTTCTTAACTGAAAAAACAA
AATTCTAA

> **tx_glyS**

Function: ter ho-independent terminator

Best match: tx_glyS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1647392:1647453] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 206238 ... 206300; Length: 62 bp

Sequence:

TATAATTTATAAAAAGAGATACTGGTTAGTAAAATTGCCAGTATCTCTTTTCTATTCGAAA
A

> **txbi_recO**

Function: ter bidirectional rho-independent terminator of recO

Best match: txbi_recO_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1647439:1647509:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 206285 ... 206356; Length: 71 bp

Sequence:

TTTTCTATTCGAAAAGGTATTCAAATAAACACATCTATGTGGCTACTTGAATACCTTTTA
TTATTTTATG

> **recO**

Function: protein coding sequence; DNA repair protein O (core genome, variable)

Best match: recO_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[30502:31254]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 206356 ... 207109; Length: 753 bp

Sequence:

TTATTGTTCCAATCTTTTTAATTGGTTGATTAGTTTCTGACTTTTAAAAAACATACCTGCAT
ATTACGATATAACATTAATAATGATATCTGACATTTTCATCAATAATTTCTTGATGGATATT
CAATGAATTCATTTTATCTATTGGTAATTTTTGTAATACATCTAATAAATATAGTGTTTTAT
TCGATAATATAACTGCATGTACATCTTTAGAAGCCTCTTGCCTTGAAATCGCACCGTCAAAA
CTTAAACTATAACCTATTAATCTGCTTGTGTGTCATTACCACTCACAGCACAGCGATTA
AATGATGCAGTAAAACCAAATCGTTTCATACACTTTAACATAACTACGACTGACATTAAC
TGTGCAGATGTACCTGATTCTATTTTTCAAGAACAAATTGTAATAATTGATAGTTATATG
GTGCAATGTCACCTTCATCCATTGAGCGCTCAATAGTTTCAGCTGCCAGAGAGGCATAAC
TGCTTACGTAAAGGTCCATTTGTAATTTATAATGTTGACTAATAACATCTACAGAATTTAA
CGTTCCCATACCTCGCCACTGATTGTAATAAACAAACCATAAACAAACAATTGCGTTTG

CGCTTGTAACCCCGTCTTAACTTTTTTAGCACGCCTTGCCATAAGTGGTACTTTTGCACCA
TGCTCATTTAAAATCGTGATAATTTTATCAGATTCACCATAATCAACTGCTTTGATGATAA
TCCTTTTTGGCGCATTAACAA

> **era**

Function: protein coding sequence; GTP-binding protein (core genome, constant)

Best match: era_CC008_TCH1516_CP000730.1[1679178:1680077:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 207130 ... 208030; Length: 900 bp

Sequence:

TTAATCTTGGTCTTCAACATAACCAATTTGGCGAATAAAGTTAACTTTGTTTTCGCCAGTCT
CTTTGAACTTTGACCCATAATTCTAAGTAACTTTAGAGCCTAGAAGCATTCTATATCAC
GTCTCGCACGTTTTCTACTTCTTTAACTTTTTACCGCCTTTCCAATGACAATTCCTTTTT
GCGAATCTCTTCAACATATATAGTTGCTTCGATATGAACACGATCTTCGCTTTCTTTAAC
CATACGGTCCACATTAACACCAATCGCATGAGGGATTCTTCACCTGTAAGATGAAGGAT
TTTTTCACGAATGATTTACCCACTACAAATTGTTTCAGGATGGTCTGAAATTTGATCATCT
GGATAATATTTAGGTCCTTCGGGTAAATACGTCTTTAAAACATCAATAAAATGATCGACA
TTTAGCCCTTCTAATGCTGAAATAGGTACAATCTCTGTAAAGTCCATATAACTTTGATATT
CTTCAATCTTTGGCATTAATTCATCTGGATGCACTAAATCTATTTTATTTAATACTAAAAA
TACTGGTGTCTTAAACATTTTTCAACATTTCTATAATATATTCATCGCCTCGTCCAATTTCT
CATTGGCATTAAACCATAAACATGATTGCATCTATCTCAGATAATGTATTTTTAGCGACTTT
CATCATATAGTCACCTAATTTGTGTTTAGGTTTATGAATACCTGGCGTATCAATGAATATA
ATTTGCGCGTCATCTCTTGCATAAACACCTTGAATTTTATTTCTAGTTGTTTGGAGCTTTATC
GGACATGATTGCTATTTTATGGCCGATCACTCTATTAACAAATGTTGACTTTTCCTACATTT
GGTCTACCTATAATTGAAACAAATCCTGATTTATGTTCTGTCAT

> **cdd**

Function: protein coding sequence; cytidine deaminase (core genome, constant)

Best match: cdd_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1582690:1583094:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 208030 ... 208435; Length: 405 bp

Sequence:

TTATTCTAAATCCTTTTCTGAAAATCCAAATGGTAGTAACTCTGCGACTGTCATCATAACC
ATATCTCCTTTATGATTTGTTCATATACACAGGCATATCATCATCACATAATTCCTTCAAAA
CTTGACGACATGCACCACAAGGTGATGACGGTTTATCTGCATCTACGGTTACAGTTATTG
ATTCAAAATCACCTGGTCTGTATCCTTGAGAAATTGCCGATACCAAAGTCTCGTTTCAG
CACATATCGATAATGGATAAGAAGCATTTTCTACATTGGTACCATAAAAAGTTCTACCGT
CTTTCGTTTTTAAATAAGCCCCTACTTTAAATTGACTGTATGGCGAATATGATTCTTGTTGT
GCTTTTCTAACTTCTTGAAAATAATGAGGTTGATAACTCAT

> **dgkA**

Function: protein coding sequence; diacylglycerol kinase (core genome, constant)

Best match: dgkA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1583105:1583449:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 208445 ... 208790; Length: 345 bp

Sequence:

CTAAAATAACGCTATAAAAATGTGGTAAAAATACTATTAACCTATAATAAATGCTAATAT
TGAAACTATAAGTACACTAAAAGCCGCAATATCTTTAGCGTATTTAGCTAAATCATGATA
TTCAACGGTCACTAAATCGACAACATATTCAATAGCAGTGTTTAAAGCTTCAACAGTGAG
AACTAATGCAATAGCAATGAGTATAAATATCCACTCAATCCGATTAATATTTAGTACGAG
ACCAAAGACAATAGCAACAATCATTGCAAACACATGTAAAAGAAATTTATAGTCTTTTTG
AATTAAGATTTTCAGCCCATCAAGTGCATATTTAAACCTTTTCAT

> **phoH**

Function: protein coding sequence; phosphate starvation-induced protein (core genome, constant)

Best match: phoH_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1681233:1682153:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 209260 ... 210181; Length: 921 bp

Sequence:

TTAATTCTCTCCTTCATAATGTTCAATGATCTTACTTACCAATGGATGTCTTACTACATCGC
TCTGATCTAATTTCAATATACTTATACCTTTAACGTTGTGTAACCTACTGACCGCTTCCTTA
AGTCCACTTTTAAACACCTTTAGGTAAATCGATTTGAGTTTGGTCACCAGTAACTACCATTT
TTGAGCCAAAACCTAGTCTTGTTAAAAACATTTTCATTTGCGCATGTGTCGATTCTGCGC
CTCATCAAGAATTACAAATGCATCTTCTAATGTTCTGTCGCGCATATATGCAAGTGGCGCT
ATTTTCGATAATGCCTCTTTCAATAAAATCGCTCTGTTTGTTCACGCCAAGAACAGTATATA
GACCATCATATAAAGGTCTTAAATATGGATCTACCTTTTCTTTCAAATCTCCTGGTAAAAA
TCCAAGTGACTCTCCTGCTTCAACAGCAGGTCTTGTTAATACAATACGTTTAAACAGCACCT
TTACGGAGTTGCTTTGCTGCATAAACTACAGCTAAGAATGTCTTACCTGTACCAGCAGGA
CCTATACCAAATACTAAATCATTATTTTTCATGGCATTAAACATATATACGTTGCCCATCG
TTTTCGCACGAATCGTCTTACCAAATGCATCTTTAGTTATCTTTCATCATATAAAATCTAA
CAGATGTTGAATTGTGTTATTATGCGCCATTTTAAATAGCTGCTTCAACATCTTTAATTGTA
ATATTATTACCTAAATCAATAACCTTCAGCAAATTGATTAATACTGATTCCGCTTTTTCTA
CGTTTTCTATTTTTGTACCTTTAACGGCAACTTCTTGCTCTTGCATGGATGACAACATCG
AAACTCTCTTCAATTGCTTTTAAATGTTTCATCATTATTTCCAATTAAGCTTGAGATTGGTT
CAT

> **rpsU**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S21 (core genome, constant)

Best match: rpsU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1654314:1654490:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 213160 ... 213337; Length: 177 bp

Sequence:

TTATTTGAATTTACGTTTACGTGCAGCTTCTGATTTCTTTTTACGTTTTACGCTTGGTTTTTC
GTAAAATTCACGTTTACGTACTTCTTGGATTGTTCCACTTTTAGAAACTGAACGTTTAAAT
CTACGTAACGCATCTTCAAGTGATTCATTTTTACGTACTACTGTTTTAGACAT

> **prmA**

Function: protein coding sequence; ribosomal protein L11 methyltransferase (core genome, constant)

Best match: prmA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1687709:1688647:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 215736 ... 216675; Length: 939 bp

Sequence:

TTATTCACTCACTTTCTGGCCAACAAGACAAACCCAACCATTGTCATGTTGTTCTGAAATA
ATTTTAAAACCTACACGCTCCATATGTGACTGTATACCTTCATACTTCTCTTTTATAATACC
AGAAGTAATAAAATAACCGCCTTCATTTAGAGTATTATAAGCATCTTCAATCATTTCATCA
ATAATATGCGCTAAAATATTTGCTATTACAATATCAAATTTTTCTGTTTTCGTCTTTCAATA
AGTTACCTGGAACAGCTTCAATTAACGTTTACAATGATTTCTTCTGAAGTTTTCTTTAGC
TACACTCACTGCCATTTTCATCAATATCCAACGCTTTAATACGTTTTACACCGATTAGATGA
CTTGCAATACTTAATATACCTGAGCCAGTACCAACATCAATTACTGAATGCTGTGGCAAT
ACATATGTTTCTATTGCCTTCAAACACATACTTGTAGTCGGATGATCGCCTGTTCCAAAAG
CCATACCTGGGTTCGAGCTCAATGCAAAGCTCTTCATCCGCTTCTTTAGCATATGTTTCCCA
ACTAGGAACTATTGTGAACTTCTTCGACGCTCGGAATGGATGGAAATAGTTTTTCCATTCA
TTTTCCCAATCCGTCTCTGCAATAATTTGCTCACTGAATTGAATGTTATGTTGATCAAGTT
CATCTAAATTTAATAACTCATCTTTAATTTGCTGTGCGCAACTTATCATCATAAGTCATTTT
ATTTAAATAGGCTTTCAATCTTACTCCCTTATCTGGATAATCCTCTTTTTTCAAAGCGTAA
ATTTACCGTATTTATCTTCTGGTTGGTTAATTAATCATCTGAATCTTCTATCACGACACC
ATTTGATCCATGATTTTCAAGTATATTGGTAGCCAATTCTACTGCTTCATGATTAATAATA
ATTGAAAGCTCTGTCCAGTTCAT

> **dnaJ**

Function: protein coding sequence; chaperone (core genome, variable)

Best match: dnaJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1657832:1658971:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 216678 ... 217818; Length: 1140 bp

Sequence:

TTATTCTCCCTTAAAGAATCTTTTTGCTCTATCTTTAAAATTTCGAAGGTTGTTCAATTAATTT
CTTCACCATTTAATTGGGCAAATCTTTTCATTAGTTCTTTTTGTCTATCTGTTAATTTAGTA
GGCGTTACTACTTTAATATCAACATATAAATCTCCGTATCCATAGCCATGAACATTTTTTA
TACCCTTTCTTTAAGCGGAATTGCTTACCTGTTTGTGTACCAGCAGGGATTGTTAACAT
AACTTCATTATTTAATGTTGGTATTTTTATTTTCATCGCCTAAAGCTGCTTGTGGGAAGCTA
ACATTTAATTTGTAATAAATATCATCACCATCACGTTTAAATGTTTCAGATGGTTTAACTC
TAAATACTACGTATAAATCACCAGCAGGTCCTCCATTCACGCCTGGAGAGCCTTCACCAG
CTAATCTAATTTGTTGTTCAATTGTGACACCTTCAGGTACTTCACTTCTAATTTAACTGTT
TTATTTTCAGTACCTTTCCGTGACATGTTGGACAAGCTTCTTCAAATTCCTTGACCACTTCC
ATTACATTTAGGACAACTTGTTCAGTACGAACTCTACCTAAAATTGTGTTTTGTTCTACA
GCTACATGACCAGCGCCATTACAGTAACTACAAGTCTTTTTACTTGTTCAGGCTTTGCAC
CATCACCATGACATGTTTCGCATGTTACATCTTTACGGATTGAAATTTCTTTTGTGTACC
AAATACCGCTTCTTCAAATGTTAATGTCATTGTATACTGAAGATCATCACCTTTTTGCGGT
GCATTTGGATCTCTTTGTCTGCCGCCACCGAAGAAAGAGCTAAAGATATCTTCAAACCG
CCGCCACCGAAGCCACTAAAACCGCCAAAGTCAGAGCCATTGAATCCTTGTCACCAAAA
CCTTGTGGACCATCATGTCCAAATTGATCATAGCTTGCAGCTTTATTATCATCACTTAAAA
CTTCATAGGCTTCAGAAATTTCTTTAACTTTTCATCTGCACCTTCTTCTTTGTTAATATCT
GGATGATATTTTTTCGAAAGCTTTCGATACGCTTTTTTGATTTTCATCTTTTGAAGCATCTTT
ACTAATGCCTAAAACCTCATAATAGTCTCTTTTGCCAC

> **dnaK**

Function: protein coding sequence; chaperone (core genome, constant)

Best match: dnaK_CC001-ST772_118_AJGE0100022.1[17825:19657]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 217953 ... 219786; Length: 1833 bp

Sequence:

TTATTTTTGTGTCGTCGTCTTTACTTCTTTAAATTCAGCATCTTCTACAGTACTATCGTTGTT
TTGACCAGCATTTGCACCTTGTGCTTGTGTTGCTGTTGAGCCGCTTGCTCATATACTTTTG
CTGATAATTCTTGAATCACTTTTTCAAGTCTTCTTTTTTAGATTTAATATCTTCTATATCTT
GACCTTCTAAAGCAGTTTTAAGAGCGTCTTTTTCTCTTCAGCAGATTTTTTATCTTCTTCA
CCAATATTTTCGCCTAAATCAGTTAAAGTTTTTTCAACTTGGAATACTAGACTGTCAGCTT
CGTTTCTTAAAGTCTACTTCTTCACGACGTTTTTATCTGCTTCAGCGTTAACTTCAGCATCT
TTTACCATACGGTCGATTTCTTCGTCTGATAATGAAGAAGTGGATTGAATTGTAATTCCTT
GTTCTTTATTTGTACCTAAGTCTTTTGCAGTTACATTTACAATACCGTTTTTATCGATATCA
AACGTTACTTCAATTTGAGGTTTACCACGTTACGCTGGTGAATATCAGTCAATTGGAATC
TACCAAGTGTTTTATTATCCGCAGCCATTGGACGTTACCTTGTAAATACGTGTACATCTAC
TGATGGTTGATTATCTACTGCTGTTGAATAGATTTGAGATTTAGATGTAGGAATCGTAGTG
TTACGTTCAATTAACGTATTCATACGTCCACCTAAAATTTCAATACCTAAAGATAGTGGTG
TTACGTCTAATAATACTACGTCTTTAACGTACCTGTGATAACGCCACCTTGGATTGCAGC
TCCCATTGCCACTACTTCGTCCGGGTTTACACCTTTGTTAGGTTCTTTACCGATTTCTTTTT
TGACAGCTTCTTGTACTGCTGGAATACGAGTTGATCCACCAACTAAGATAACTTCATCGA
TATCTGAGTTTGTTAAGCCAGCGTCTTTCATTGCTTGGCGTGTAGGTTCCATTGTTCTTCTA
ATTAATGAATCTGATAATTCTTCAAATTTAGAACGAGTTAAGTTTACTTCTAAGTGAATG
GACCGTTTTACCAGCTGAGATAAATGGTAATGAGATTTGAGTTTGTGATACACCTGATA
AGTCTTTTTTAGCTTTTTTACGACGATCTTTCAAACGTTGTAATGCCATTTTATCTTGAGAT
AAGTCTACGCCATTTCTTTTTTGAATTCTGCAACTAGGTAGTCAATAATTACTTGGTCAA
AATCATCACGCCAAGTTTGTGTCACCGGCTGTTGATAGTACTTCGAATACACCGTCACC
TAATTCTAGGATAGATACGTCAAATGTACCGCCACCTAAGTCAAAAACAAGAACTTTTTTC
ATCTTTATCAGTTTTATCTAAACCATATGCTAATGCTGCAGCTGTTGGTTCATTAATGATA
CGCTCAACTTCTAAACCAGCAATTTTACCAGCATCTTTAGTTGCTTGACGTTACGCATCGT
TAAAGTATGCAGGTAAGTAAATACAGCTTTGTCAACTTTCTCACCTAAATAGCTTTACAGC
TGTATTTTTTAAGTTTTGTAAAATCATAGCTGAGATTTCTTGTGGTGTGTATGATTTACCTT
CAATATCTACTTTATAATCAGTACCCATATGACGTTTAAATAGATTGAACAGTGTTTGGGT
TGTAATAGCTTACGTTTACGTAATTTACCAACTTGAAGTTTCTCCATTTTTGAAAGCTACA
ACAGATGGTGTGTACGTGAACCTTCAGGGTTTTGAATTACTTTTGGCTCATCGCCTTCTA
ATACTGTTACACATGAATTTGTTGTACCTAAGTCTATACCAATAATTTTACTCAT

> **grpE**

Function: protein coding sequence; DnaK cofactor (core genome, constant)

Best match: grpE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1661008:1661634:r]RC

Position: 036-contig_189: 219854 ... 220481; Length: 627 bp

Sequence:

```
TTATTGGTTTACTTTGACCATTGATGGTCTTAATACTCTATCTTTAAGCTTGTATCCTTTTT
GTAGTTCTTGAGTGATTTTCGCCAGATTCAAAATCAGGGTTATCATCTTGAACACTACAGCTTG
GTGAATATTTGGATCAAATGCTTCACCTTCAGTTTTAATAACTTCAAGACCATTATCTTTT
AGTGCGTTAATCAAACCTTTCATGCATCATTGTACACCTTTTTGAAGAGATTTAAAAGTCT
CATCATCACCTTCAATTTGAAGTGCACGTTCTATATTGTCTATTGCTGGTAAAATATCTGT
TAACACACGTTGTGCTTGATATGTTTTATTTATTTCAATTTCTTTTTGAATTCTACGCTTAT
AATTTCAAACCTCAGCGTAGAGCCTTAAATATTTCTCTTCGTTTTTCATCTGCTAATTGTTGA
AGTTCATTAATTTTTTGGATCTTTTGGATCTATTTCTTCAATAACATTCTCGTCAGACGTTTC
TTCTATTGCTTCATCTTGAAATGACCTTTACTTTCTTCAGCTTGTTCAACTGAATCATCAA
TATTTTGTGTTGACGTTTGTCTTCAACTGTTGATTGAGTGTTTTTTTCAACTGATTCGTCTT
TATTTGTCAT
```

> **hrcA**

Function: protein coding sequence; heat-inducible transcription repressor (core genome, constant)

Best match: hrcA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1661666:1662643:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 220512 ... 221490; Length: 978 bp

Sequence:

```
TTACCAAATTCTATTTAATAATTGAATGACATTTTGATAATGCATAGCTGTAGGTCCAATC
ACAGCGATTTGACCTTTTAAACGTTTCATCAAAATGATATTGACTTGTTACAATTGAAATAT
CACTTAAGCTGTCAATTTCAATTACCAATTTTTACATTAATATTTGGTGAAGATATATC
TTGTAATAATTCTGCAATTCTATTTGATTCTATATATTGTAGAATGGGCTGAATTGAAGAT
ACATTACTTTTCATTCAATGCATCAATAAGTTTAACTTTCCACCCATATAAATGCTATTAC
TTTGATTAGAAATATGATTATTCATCGTATTTAACAATTTATTGATAAATATTTCTTCCTGC
TCTGATTGAACAAAAGAGACAATATCATCTTGTAATTTCTGATTAAACTCAGTTAGTTTGT
TTGTAACAAAATTTGATATTGTATTTAGTTTGTGATTATTAACGGTATGTCTGAAGCAAG
ATGTACATGCTCAACATGACCTGATGAAAATACGATAACCATTATAACTAAATTAGGATT
AGCACGAATCAAGTGTACATTATTGATAAATCTTGTTTTATGATTAGGATGAACAACATAA
AGTTGTATATTGAGATATATTTGATAATTCATCTGCAAAATATGTCAATGCTGATGATACA
TCATATTGATTCTCAACTAACAAATTGATTTAATCGTCTTAATTTATTTGTTTTTTGATGAGA
TGTTTGTTC AAGTAAACGATTGACATAATACCTAAAACCTAATTGTGATGGCGAACGCC
TGAAGAACTATGTGTCTTTTCGATATAGTTTAAATCTTCAAGCTGTTTCATCTCATTCTAA
TTGTAGCAGGACTAACATTCAAGTTATGTCGCTCAATTAGTGTTTTAGAACCAACGGGTT
GTCCAAAATCAACATAATCCTCAACAATTGCGTTAATACTCAATTGCCTATCTGTAAT
CAT
```

> **hemN**

Function: protein coding sequence; oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase (core genome, variable)

Best match: hemN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1662744:1663901:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 221590 ... 222748; Length: 1158 bp

Sequence:

```
TTAATCATTTATTAGGAAAGCTTCAAAAACCTCATTACCTATGACTTTCCTCGCTTTGTT
AGTGCAATCGCATCGTTCTTTTCTACAATTAATTCCTTCTCTTTTAAATTATTTATTGTTG
ACCAAAGACACTTTC AATAGATTGGTCAAACCTCTTTTTGAACCTACTACTACTCACACCT
TCATTTAAACGCAAACCAAGAAACATTTCTTCTTCCATTCTCTCAGTCAAAGAAGGTTTAT
TTGATACTAAAATTGCTTTACTTTCTTTATTTATAGCTTTGATATAATGATTCACTGGATTG
ATATTCGTATAACGCACACCATCTACATAACCACTTGCACCTGCTCCAAATCCATAAATTT
CCTCATTAACCAAGTAAACCTTATTATGTTCTGATTGATCATGGCCATCTAATGCAAAATTAGA
```

TATTTTCGTATTGATGGAAAGGAGATTGTTCTATCTTAGACATCAGCAACTGATACATGTCA
GCACCTAAATCCTCATTAGGAAGTTTAAAGCAACCCTTTTCTATACATATTATAAAATTGGG
TTTTAGGTTCAAGTATTAAGCCGTAACCTCGAAATATGTTGAATATCCATATCTAAAGCTAG
ATCTAAACTTTGTTCAAAAATCTTCAATCGTCTGTTTCGGTAAATGATACATTAATCTAAA
CTGATTGATTTAATACCTGCGTTTTTAGCATTAAACACCGAAGTGTAATATCTTCAGTAT
TGTGCGTTCTACCTAAAACAGACAATAACTCCGGCTTGAATGTTTGAACGCCCATGAAA
TTCTGTTTACTCCATATTTTTCTAATAGTTGGACTTTCTCTTTAGTTAACTCATCAGGATTT
GCTTCAAATGTATACTCGCCTGTGATTGTAACCGTATCACGTATTGCTTTAAGTAATCTTT
CCAAGTATTAATAGAAAGGGCCGTTGGTGTGCCGCCACCTACATACATGGTCTTTAAGT
TCCTATATTTTGTGTAGACATTTCTGTTATTAGTGCATCTAAGTACTCATCTACAGGTTG
ATTCTGTATAAAATATTTATTGAAATCACAATATGTACATATTCTTACACAAAATGGAATA
TGTATATATGCACTTTGTACCGTCATTTAATGCCCGCTTCTCAGACTGTTTATCCAA

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC001_MSSA476_BX571857.1[1643721:1643947] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 222857 ... 223084; Length: 227 bp

Sequence:

GGGAGTGAGATAGAAATAATAAAGAACCACTAATGATTTATTATGTAGTGGCTCTTACAC
ATTAGCCAGATGTAATATGTCCATAAAAAATAAAATTACATGAGTAAACTCATGCATAAG
GGAGTGGGACAGAAATGATATTTTCGCAAAATTTATTTCGTTGTCCCACCCCACTTGCAT
TGCCTGTAGAATTTCTTTTCGAAATTCTCTATGTTGGGGCCCCACC

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1841748:1841853:r]

Position: 036-contig_189: 223047 ... 223077; Length: 30 bp

Sequence:

AATTTCTTTTCGAAATTCTCTATGTTGGGG

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]RC

Position: 036-contig_189: 223084 ... 223114; Length: 30 bp

Sequence:

CCAAGTTGCACATTATTGTAAGCTGACTTT

> **lepA**

Function: protein coding sequence; elongation factor 4 (core genome, variable)

Best match: lepA_CC001_MSSA476_BX571857.1[1644144:1645967:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 223337 ... 225161; Length: 1824 bp

Sequence:

TTATTCGTCATCCATTTTCAATACAGCCAAGAAAGCATCCTGTGGAATTTCAACATTACCA
ACTGCTTTCATCTTAGCTTTACCTGCTTTTTGTTTTTCAAGTAATTTACGTTTACGGCTTAT
GTCACCGCCATAACATTTAGCTAAAACGTTTTTACCCATTGATTTAATATTTGTACGCGCT
ACAATTTTTTGTCTATTGCAGCCTGTACAGGTAATTTCAAATTGCTGTCTTGGAAATTAACG
TTTTAAGTTTTTCAACTAATGCTTTACCACGTTTCATATGCAAAATCTCTATGAACTATGAA
GCTTAGCGCATCCACTTTATCACCGTTTAAATAAAATATCCATCTTAACTAAATTACTTTCT
TTATTTTCGATGAATTCATAATCAAATGATGCATATCCTTTAGTATTAGATTTAAGTTGAT
CGAAGAAATCAAATACAACCTCAGCTAAAGGTAATTCATAAACAATATTTACACGAATAT
CATCTAAATAGTCCATATTTATAAATTGTCCACGTTTACGTTGACATAAATCCATTACTGC
ACCTACATAGTCATTTGGAACCATCATAGTTGCACGAACATATGGCTCAAATATTTTATCA
ATTTTATCACGATCTGGCATTGTGCTGGGTTATCAACCGTCACTTCTGAACCGTCCCTTA
AAATACATTGATAAATTACAGATGGTGTGCTGTTGCAATTAATTCAATGCCAAATTCTCTTTC
AATTTCTTCTGAATTTCCATGTGTAACATACCTAAGAAACAGTTCTATAACCAAAA

CCTAATGCTTGTGACGATTCAGGCTCAAATTCTAATGATGCATCATTCAATTGTAATTTTT
CTAATGCTTCTCTTAAATCATTATAATTTTTGTTATCTATTGGGAACAGTCCGCAATATAC
CATTGGATTCATTTTCTTATAACCTTGCAATGGTTCTGATGCAGGTCTACTAGCTAATGTG
ATGGTGTACCAACCCTAGAATCATCAACATTTTAAATACTTGCAATAATATAACCAACA
TCACCAACTGTTAATTCATCAACTGGAAGCTGCTTAGGTGTATTAATCCAACTTCTGTTA
CTTCGAACTCTTTACCAGTCGCCATCATTGCAATTTTATCTCCGGCTTTAACAACACCGTC
TACAATTCTTATCGATGAAATTACCCCTCTATATGGATCATACTCAGAATCAAATATTAAC
GCTTTTAGTGGTGGTCTTCTGGGTGCGCCATCTGGAGCTGGCACAACCTTCAACTATTTTCTCTA
GTATCTCTTCAATTCCAATGTTAGATTTAGCACTTGCTAAAACAACATCGTCTTGGTCTAA
ACCTATCATATCTTCAATTTCTTGTTCACGCGTTCAGGTTCTGCAGCAGGTAAATCAATT
TTGTTAATAACAGGCAATAACTCTAACTCATTATCTAATGCTAAATAAACATTTGCTAATG
TTTGTGCTTCGATACCTTGAGCCGCATCTACTACTAAAATCGCGCCCTCACAAGCTGCCAA
AGAACGTGACACTTCATATGTAAAATCGACGTGTCCAGGCGTATCGATTAATGGAATGT
ATAAGTATTTCCATCTTTAGCTTCGTACTTTAAACGAACTGCGTTTAAATTTGATTGTAATA
CCACGTTCTCTTTCTAAATCCATTGAATCTAGTAACTGATCTTGCATATCTCTTGTTC AAC
TGATTTGGTATTTTCTAAAATCTATCAGCCAATGTAGATTTTCCGTGGTCAATATGTGCT
ATAATCGAGAAATTCCTTATATTCTCTCTTTTAAAGCGTTGCTCATTATCCAT

> **rpsT**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S20 (core genome, constant)

Best match: rpsT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1666661:1666912] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 225522 ... 225774; Length: 252 bp

Sequence:

ATGGCAAATATCAAATCTGCAATTAACGTGTAAAAACAACCTGAAAAAGCTGAAGCAGC
CAACATTTACAAAAGAGTGCAATGCGTACAGCAGTTAAAAACGCTAAAACAGCTGTTTC
AAATAACGCTGATAATAAAAATGAATTAGTAAGCTTAGCAGTTAAGTTAGTAGACAAAG
CTGCTCAAAGTAATTTAATACATTCAAACAAAGCTGACCGTATTAATCACAATTAATGA
CTGCAAATAAATAA

> **holA**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase III/delta subunit (core genome, constant)

Best match: holA_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[10818:11792]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 225818 ... 226793; Length: 975 bp

Sequence:

TTATAAAGATAGAATGAATAATTCCAGTATTAACCTGTTTATCCATATATGATGATTTAAGT
TTATAATCAGTTTCCGCACAAGCATCTATAAATTTCAATAATTCATCAAGTTGATAATGTC
TTACTTGTCCCTAACGCTAATTTTACTCTGTATGGATGTACGCCTATTGTTTTAGCAATTTGC
TGTCCTACTATATCCTTTTTGACTCAAATCTTACATTGATAAAATAATCGGTAATTAATTG
TGATTAGTGCAAGTAATTTAATAGGTTCTTCTTTCATAGTTATTAATCTTTTACTAAATG
AATTGCTTGTCTTTCTTTCTTTCTGAATGTATTCAGTCAGTAAAAATACATTTTGTCTCA
AACTTCTATTAATAATTTGGTTAACATCCTGCTTATTAATTGTTAGTCTATCGCCTAAAAA
TAAAATCAACTTTTCTATCTCTTGTGAGACAATATTAAGTTAATACTGTCAACTCAATA
AATAAATCTAATGCATCTCTTTTGATATCTTTGAAATTCTCATTTAATTTACTTTGAATCCA
TTTTTTTATTTCTTCTTCAGACATTTGCTCTATTTTTTTAAGCCTTGCAATGCTTTTTT
TTAGTTAACTTTTTTCTTTCATCAAGTTTATTTTGATATATCTCAAAGACAATCAAATTTT
CGCCATCATATTTTTCAATAAATTTCTATTAATTGATTTACATTATGAGCCATATCTTTTGGC
GCTTTTTACCTGTAAATATATATGCATTTTAAACCAAATGCTTTTTTATCTGAAAAGA
AAGGCAATGTTAATGTTTCTTCAACAATTGGTGCAATCTCTGTTTCGTATAAATTATATTT
CACAAAGTTAAAGTCATCTCTATCACTTTTCAAATTTGTGATATAAATTTCTGCACTTTGT
TTTTCAACCAATTCAGGCACATCTCCATAAATAGCTACAATATTGTGCTCAT

> **comEC**

Function: protein coding sequence; DNA internalization-related competence protein (core genome, constant)

Best match: comEC_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[8560:10761]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 226849 ... 229051; Length: 2202 bp

Sequence:

```
CTATAAACCCTTGCATTTCCATAAAGAGTTTGAATCAACTTTTAAATTATCATCTAAGTCA
ATTGTAACCTTGACCGTTTTGTTGACTATTGTAAATGCGACTGCGAATCCTTTGCAATCGTT
TAACAACCTTCTATATTAGGAAGATGATACATATTGTTCTTCCCAGAAGAAATCAAACCTTA
TTTTAGGCTTAATCATCTCTATAAATTCTTTAGAACTACTTGTCTTGCTCCCATGATGACCT
ACTTTTAAAATATCAATCTCCGGCAAGTTATATTTTTTTTAGTAGTAAAGATTCATTATTTTT
ACTAGCATCGCCCATTAATAAAAACCTTTTTTATTTTGATATGTAATCATAGTAATAATCGAA
TACTCATTTTTATCTCGGCTATTTGGAATAAAAACCTATCAAAAAATAGAAAACCTACTATCTC
CAAGTTTAAAACCTACTAACTTGTCTTACATCTATAAGTTTAATGTTGTACTIONTATGGCTTAA
TTTCGATAATAACATCAATGTATTACTACTATATCCCTTATTGTATATCACTATATGTTTAA
TTTTAATATGACTAATAATATATTCCACTTCACCAATATGGTCATTGTGTGGATGTGTTAA
AATTAGATACTCTAATTCATTTATCCCTCTTTCATTTAGCGTTGGTAAAATATGATATTTA
GAAATTGAATAACTAGGTTGTTTAGTATCATCAATCACTTTCCCACCTGTATCAATCAAGA
CATTTTGGTTCTTACCGCCTTCATATAAAAATACTGTCTCCCTGCCCCACATTTAACATTGTA
ATTTTGTGATGTGAATTTGTTGGAAACGTTATTAATAATGTCAGAATAATTATAGTCCAAA
ACGTAACCAATATATATTTACGTTTAGCCAATAACCAAAAATATGTAATAAACAGAAATTA
TAAATATTATAAATATCCAATCATTAAAATTGGGAACAGAAAAATGTGATTGCTTAATTC
TTGTGAATAGGTCTAGTAACCAGTCATGAAAATTAAAAACCTTAGGTCAACCAAGTAATTTA
GCGGCGTTAATCCCACAATAAAAATGACTTGTAAATAAAGAATAAAAATAGATAGCGGAAAC
AATATAATCGAATAGTACGGTACAAAAATCAAATTAGATAAAAAATCCCACCCATTGAAGT
TGATGAAAGTTTGAATGGCAACGATAAATGAAGCTAATTGTGCAATAAACGTAATTATG
AATAATGATTGTAACCTTTGACAATTGCTGTAAAAAAGGAAAAAGTAGCATAATAAAAAA
TGAAATGATGAATGAAAATTGAAATCCAATATCATAAACAACCTAGTGGATTTAAAATAA
ACATAATTATAAATGCAAATGCTAATAGCTGAATACCCTTTATTTTAATTTGCTTAGTAAT
AAGCAGTACAAGAGTTGTCATTATTATAGCTCTTACAGCACTAGGTGCATAATTTGTGTAT
TGAGCAAATAAAGCTAATACAATGATTGTAATTCCTTTAATGACAAATAAAGGTAAATTT
AATCGTTTTAAAGTTTGTAAATTAAGAATACAATTGCAGCTATATGCGAGCCACTAACT
GCCAGCAAATGATATATACCTATCTCTTTAACACGTTCCCTTAAATTGCTCATTAAATTTCTTT
TACGTCACCAGTAATCAATGCCATAATACGATCCGGAACTTAATACCCGAATCATAAAT
TCGATTCATTATAAACTGTTTATGTTTCTCAATTAATTAGACCGGTTTCGATTCTAGGCAG
CTTTGTACAACCTATACTTTGTAATTTAAGAGTTACAACTTATTGTCATTAACCTTTGAATT
GTCCTTTAACAAATACAATTACGACTTTCAATTTCTTTAAATCAAATTCCTTTTTATTTGTT
AAAAGAAAGGATATATTTCAATTTTTTAACTCAACCTACCTTTATATGTGTCACTACCTT
GACGTTGAATTTGGATTACTTGAGCACGCTCATTAACTGAGAATTACGTTCAATATAATT
GATATAATTAATATTGCTTGTGTAATAATGTAAATACCATGAGGAGAAAATGATTAA
AAAGAGAGAAATAGGGGCATAAACGATTTTATTTTTACGATAAGTAATATACAAAAGTA
AAATGAAAAGAAATGTAGAGAGCACTTTGCTAGAATTCCAAAGCACTCCTACAATCATTG
ATAACGCGACATACAGCAA
```

> **comEB**

Function: protein coding sequence; competence protein EB (core genome, constant)

Best match: comEB_CC001-ST772_118_AJGE0100022.1[8124:8555]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 229055 ... 229487; Length: 432 bp

Sequence:

```
TTAACCTTTAGTCAGATATTTAGCAACATATTCTGGTGAAAATGGAATTTTTTTTAAATTCA
ATACCAGATTGTTTGAAGTAATTTAGTTGCATATTCATGGTTATGATAATCTTCTGCATAGT
AGATACGCTTTATACCTGCTTGAATAATTGACTTTGTACAATTTAGGCATGGAAAATGAG
TAACATAGATTGTTGCACCTTCAGTAGATACACCTTGTTTTGCACATTGTAATAAAGCATT
CATTTCTGCATGTATCGTTCTGATACAATGTCCATCTTCAATTAACATCCTTCATCTATAC
AATGCACCTCGCCAGCTACAGAGCCATTATACCCACCAGCAATAATACGATTATCCTTAA
CAATCGTTGCACCTACAGATAATCTTTGACAAGTTGAACGTAATGCTAGCAAATGACTTT
GTGCCAT
```

> **comEA**

Function: protein coding sequence; competence protein EA (core genome, variable)
Best match: comEA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000245.1[63067:63753:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 229608 ... 230295; Length: 687 bp

Sequence:

```
TTATGTCGTGAAATAAGATTTTCAGTTTATCAAAAAGTTTTACTTCCAAAACCTTTTACTTTTT
TCAAATCGTCAATTTCTTGAAATGCACCTTGTGGTTGCGATATTCAACAATTGCATTAGC
TTTAGCTTGCCCTACTCCAGGAACAGACATCAATTCTGATACAGATGCCGTATTTAAATTT
ACTTTAGTATTATTTGTGTTCCATTTTTTACGTGCACACTGTTTACTTCAATTTGTGGTTC
AACATTCTTTTGTCCCTTATGAGGTATGAAAATCATTTTTTGTATCTGTAAATTTTTTCAGACA
AATTAATTCGACTTACATCTGCATCATCCAATAATTGTGCTTTATCAAGTAAATCAACTAC
TCTATCCTTAGATGTCATTTTATAAACATTAGGATGTTTAAACAGCACCTTTTACATCGACA
TATACAGGACCTTTATTTTTGGAATTATCTCCATCTTTGACCTGGACATCTTCTAATTTGGA
CAAATAATTTTTCACTAGTGCTTTGTTTCAGAGCAGTATCTTTATTTTCAAATTTCTTG
AAGTATAATCATCTTGTCTCCAGAATATAAAACCAATTAATACCATAATTAACAACAG
CACTTATAATATAAATTCCACTGAGTTAAAAAATCTTTATAGCGTAATAAAAAATTGAT
ACAATAAAACCAC
```

> **nadD**

Function: protein coding sequence; nicotinate-nucleotide adenylyltransferase (Deamido-NAD(+) pyrophosphorylase) (Deamido-NAD(+) diphosphorylase) (core genome, constant)

Best match: nadD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1673120:1673689:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 231981 ... 232551; Length: 570 bp

Sequence:

```
TCAATGTTTCATATAATCCTTCCCCCTTAATATAGTTTTCAACGGATTTAGGAACAAGAACT
TGGATAGATTTCCCTTCACTAACTCTTTGTGCGAATCATTGTGCGAACTTATATCTACCCTAG
GTATCTGAATTGCAATCATAGCATTTTCAACATTTTACTATTTTTGTCTCGATTTACAAC
ACAAAAGTAACCATTTCTTTTAAAGTATTCAATTTGATACCATTTCTCTAGTTGGTTACT
GATCCGTCCCAATAACAAAAGTACAACACTACTGCTTTTGTGTTGCTCCTTGAATGCCTTGAT
CGTGTCATAGGTATAACTCTGACCACCACGTTTAAATTTTCATCGTCGCAAATATCTCCAAAA
CCAAGCTCGTCGATAATCATCTGTATCATTGTTAATCTGTGCTGAACATCTATAAAATTAT
TGTGCTTTTTCAATGGAGACATAAAACTAGGTAAAAAATAAAATTCATCTGGCTGTAATT
CATGAAATACTTCGCTAGCTACTATCATATGTGCAGTATGGATAGGGTTAAACTGACCGC
CGTAAAGTACTATCTTTTTTCAT
```

> **aroE**

Function: protein coding sequence; shikimate 5-dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: aroE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1673986:1674792:r]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 232847 ... 233654; Length: 807 bp

Sequence:

```
TTATTCTCCTTTTAAATTGTTGTAACACTGCTGTTTTTCATAGAATTAATATCAGCATCTTTAT
TAGTCCAAATTTTAAAGCTTTCCGCACCTTGGTAAACAAACATATCTAAGCCATTATAAAT
ATGGTTTCCCTTGCCTCTGCTTCTCTAAAATAGGTGTTTTATACGGTATATAAACAATA
TCACTCATTAAAGTATTGGGAGAAAGATGCTTTAAATTAATAATACTTTTCGTTATTTCCAG
CCATACCCGCTGGTGTGTATTAATAACGATATCGAATTCAGCTAAATACTTTTTCAGCATC
TGCTAATGAAATTTGGTTTATATTTAAATTTCCAAGATTCAAACGAGCCATCGTTCTATTC
GCAACAGTTAATTTGGGCTTTACAAATTTTGTAAATTCATAAGCAATACCTTTACTTGCAC
CACCTGCGCCAAAATTTAAATGTATGCATTTTCTAAATCTGGATAAACGCTGTGCAATC
CTTTAACATAACCAATACCATCTGTATTATACCCTATCCACTTGTTCATCTTTTATCAAAC
AGTGTTAACTGCACCTGCATTAATCGCTTGTTCATCAACATGATCTAAATACGGTATGATA
CGTTCTTTATGAGGAATTGTGATATTAAGCCATCTAATTTCTTTTTTCGAAATAATTTCTTT
AATTAATGAAATCTTCAATTGGAATATTTAAAGCTTCATAAGTATCATCTAATCCTAA
```

AGAATTA AAAATTTGCTCTATGCATAACGGGCGACAAGGAATGTGAAATAGGATTTCGGAT
AACTGCAAATTTTCAT

> **mtnN**

Function: protein coding sequence; 5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase (core genome, variable)

Best match: mtnN_CC005_CF-Marseille_CABA01000038.1[1580:2267]RC

Position: 036-contig_189: 235315 ... 236002; Length: 687 bp

Sequence:

TTATAATTGAGACACTAATGCTTCAACAGTTTGACTTGATGATACAGCTGCTTTTTCTAAA
AATGCTTCGAAGCTCATTTCGGCTTCTCCATTTGCTAAGTCTGAAACTGCACGAACTACAA
CAAATGGTACATTA AATTGATAACATGTTTGTGCAATTGCAGTTGCTTCCATTTCAACCGC
CATCGCATTGGAAATGCTTTTTTAATTTTTTGGCGTTGTTCAACACTACCGATAAAGCTA
TCACCACTTACAATTAAGCCTACTTTAGCTGTTAATTGTTGTTGTTGTACA ACTTGAGATA
CTTTTTCTATTA AAGGTTTACTTGATTGAAATGCTACCGGCATCTGTGGTATTTGTCCATAT
TCATAACCAAATGCTGTTGCATCTGCATCATGATATTTTACATCATCACTTATAAGAACGT
CACCTACATTTAACTTTTCATCTAAAGCTCCAGCAGAACCTGTATTAATAATGACGTCCG
GTTTAACTTATTAATTAATAATGTCGTAGAAATTGCAGCATTA ACTTTTCCAATGCCACT
TTGGGTAATCACTACTTCTCTATCTTTTAAAATGCCAGTATAAAAATTTAACATGTGCAACT
GAAATTTTCGCTTAATTGTGTTAATTTATTTTTTAATATTGTTACTTCTTCTCCATGGCACC
AATTATACCAATCAT

> **entX**

Function: protein coding sequence; putative enterotoxin homolog (core genome, variable)

Best match: entX_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[120:824]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 236786 ... 237491; Length: 705 bp

Sequence:

TTATGATTTGAATAAATAGATATCTAAATGCAATTTGTCACTATTGATAGTTTTATTATCA
GCATACATTTTAAATACCTCATAACCATACTCACCATTTAAATTATAAAAATCATATTCTA
CATTTTGTTCATCATCATTATGATATTTAACATAACCTTTAACAATGTCGCCACCTTGTTCCG
TACA ACTTATACTTCTCATTCAAATAATTTCTTAATTGAACATCTAATTCTTGAATGGTAA
CAATTTTCTTTTTCGTTTTTACTGCTGTTAATTTCTATTTCTGCTTGATGTCCGTCAATCCATA
AATTACAAGGTATATTCTTATAATCATCGTATTTATTATTGTCACTTAAAGTAAACACCACC
ATAACTACATTGCGTTTTATTGGTTGCTCCCCCATGACATTCATAGCTATAGCTTCCAGCA
AATATATCGATATCCTTATTTATAAATTTCTTTGAAAGTGCCTCATTTTCAAATTCAACTTT
AAAATCCTTTTTCGAAGCAACATTTACGAACATGTCATGAAATAACAAATCATGCTTCAA
CAGTCTATCGTTTGTGTTTTTATTTTCAAGCTGAGTTGGATTGATGAATGACATCTTAGCA
TTACTTAGACGCTTTGAATCAA ACTTACTTTTATGATGTAAGTCTGAATATTCGATTGCAC
TCGCTGAATTTGTAAAAATTCCTTCTAACAA

> **srtA**

Function: protein coding sequence; sortase A/LPXTG specific (core genome, constant)

Best match: srtA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2611952:2612572:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 238737 ... 239358; Length: 621 bp

Sequence:

ATGAAAAAATGGACAAATCGATTAATGACAATCGCTGGTGTGGTACTTATCCTAGTGGCA
GCATATTTGTTTGCTAAACCACATATCGATAATTATCTTCACGATAAAGATAAAGATGAA
AAGATTGAACAATATGATAAAAATGTAAAAGAACAGGCGAGTAAAGATAAAAAGCAGC
AAGCTAAACCTCAAATTCGGAAAGATAAATCGAAAGTGGCAGGCTATATTGAAATTCCA
GATGCTGATATTAAGAACCAGTATATCCAGGACCAGCAACACCTGAACAATTAATAG
AGGTGTAAGCTTTGCAGAAGAAAATGAATCACTAGATGATCAAAATATTTCAATTGCAGG
ACACACTTTCATTGACCGTCCGAACTATCAATTTACAAATCTTAAAGCAGCCAAAAAAGG
TAGTATGGTGTACTTTAAAGTTGGTAATGAAACACGTAAGTATAAAAATGACAAGTATAAG
AGATGTTAAGCCTACAGATGTAGGAGTTCTAGATGAACAAAAAGGTAAAGATAAACAAT

TAACATTAATTACTTGTGATGATTACAATGAAAAGACAGGCGTTTGGGAAAAACGTAAAA
TCTTTGTAGCTACAGAAGTCAAATAA

> **ldhD**

Function: protein coding sequence; D-lactate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: ldhD_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[24720:25712]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 242259 ... 243252; Length: 993 bp

Sequence:

TTAATTTAAACGTGTTTCACATGTACCAGTGTTAATGACAGATAATGCTGCGTTTAAACCA
CCTTCAACAAGGTTTTGTACTGCTTCATCAGAGAAGAAAGCAATATGTGGCGTTACTAAA
ATTCTTTCATGTTTCGATTAACTCTAATAATGTTTTATCGTCAATGTCTTTATTAGTCCAGTC
ATTTGTGAAGTATGCAGCTTCATTTTCATAAGTATCAATCGCAGCACCTAACAAAGTACC
ATCGTTCACTGCAGCGATTAATCAGGTGTATTGATGACTGCACCACGTGCTGCGTTAAC
TAAGATTGCACCTTTTTTTCACATGATCAAACATTGCTTTATCGAATAAATGATAGCTTTCT
TTGTTTCGCTGGAACATGTAAAGAAATAATATCGGCATCTTTAATAGCTTCTTTAACACTAT
CTTTATAAGTTAAAAAGTCTAAATCTTTATTAGGATAAGCGTCATAAGCTGTAATTGTAGC
ACCAAATCCTGCATATATTTTAGCTGTAGCAGCACCGATACGACCCGTACCGATAATTGC
AACAGTCATATTTTTAACTGGTTTAGACATGATTTCTGCTTGCCAAGTAAAATCATGTGCT
TGTACACGGCGTTCAATATCTGGGAAGCGACGCACTAATTGTAGGGCGATAGAAACAGA
ATACTCTGCAATTGTTTCAGGTGAATAACTAGGAACGTTAGATATCACAATATTGTGTTTT
TTAGCTAAATCTAAATCATAATCAAATCCAGCAGTACGTTGTGCAATTTGTTTAATAC
CGTAAGATTCTAATTTAGGATAAACGTCATTTTCTAACTTACCAAATTGCATTGTAGTTAC
GCCATCGTAATCTTTAATTGATCGACTGTAGCACTTGATAATAGCTCTTTAGAAGTAGTT
ACTTCGACATTATTCTTTTTCCCCCAATTTAATGCCATCTCTTTCTCATAATCACGCGTACC
AAAGAACATAATTTTTTGTCAT

> **frp**

Function: protein coding sequence; NAD(P)H nitroreductase (core genome, constant)

Best match: frp_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2605185:2605856:r]

Position: 036-contig_189: 243521 ... 244193; Length: 672 bp

Sequence:

ATGAGCAATATGAATCAAACAATTATGGATGCATTTTCATTTTCAGACATGCGACTAAGCAA
TTCGATCCACAAAAGAAAGTTTCGAAAGAAGATTTTGAAACAATATTAGAGTCAGGTAG
ATTGTCTCCAAGTTCTCTTGGGTTAGAACCCTTGGAAGTTTGTCTGATTCAGATCAAGCG
TTACGTGATGAATTAAGCGCACAGTTGGGGCGCAGCAAAAACAATTAGATACAGCGAG
CCATTTTGTGCTAATTTTTGCGCGTAAAAATGTAACGTCAAAATCACCGTATGTACAACAT
ATGTTAAGAGATATTAATAAATATGAGGCACAAACGATTCCAGCTGTTGAACAAAAATTC
GATGCATTCCAAGCAGATTTCCATATTTCTGATAATGATCAAGCCTTGTATGACTGGTCAA
GTAAACAACGTATATCGCATTAGGCAATATGATGACGACAGCCGCATTGTTAGGTATTG
ATTCATGTCCGATGGAAGGTTTTAGTCTGGATACAGTGACAGACATTTTAGCAAATAAAG
GTATCTTAGATACTGAGCAATTTGGTTTATCAGTGATGGTTGCATTTGGCTACAGACAACA
AGATCCACCGAAAAATAAAACACGCCAAGCATATGAAGATGTTATTGAATGGGTTGGAC
CAAAGAATAA

> **Q5HD32**

Function: protein coding sequence; acetyl-CoA binding protein (core genome, variable)

Best match: Q5HD32_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2665096:2665380]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 245290 ... 245575; Length: 285 bp

Sequence:

TTAACCAAGATATACATCTTGATATGAATCTTCTTTTTCTAACATATGTTTGGCAAATGAA
CATGAGGCAATAATTTTTAAATGATTTTCTCGAGCGTGTTCAACAACCTGTTTAACTAGTT
TTTTGCCAACACCTTGACCACCAAGTTCATCAGATACGCCTGTATGATCAATGTTAATTTT
ATTATTATCCACAAAACGGTATGTGATTTTCAGCTAAAGCATTATTTTCATCATCACCATA
TAGAATTTGTTCTCGCCTTGTTTGATTTCAAGGTTACTCAT

> Q1Y5K1

Function: protein coding sequence; putative phospholipase/carboxylesterase (core genome, variable)

Best match: Q1Y5K1_CC001-ST772_118_AJGE0100055.1[20076:20669:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 247302 ... 247896; Length: 594 bp

Sequence:

```
ATGGAACATATTTTTAGAGAAGGACAAAATGGTGCGCCAATACTAATATTATTGCATGGT
ACAGGTGGTGATGAGTTCGATTTATTACCGTTAGGCCGAAGCATTGAATGAAAATTATCAC
TTGTTAAGTATTAGAGGACAAGTTTCAGAAAATGGGATGAACCGTTATTTCAAACGTCTT
GGTGAAGGTGTTTATGATGAAGAAGATTTGGCATTTCGTGGACAAGAATTGTAAACGTTC
ATTAAGAAGCTGCTGAACGTTATGATTTTGATATTGAAAAGCAGTACTTGTGGATTTT
CAAATGGATCAAATATAGCGATTAACCTTAATGTTGCGTTCAGAAGCACCATTTAAAAAAG
CATTGTTATATGCACCGTTATACCCAGTTGAAGTAACGTCAACAAAGGATTTATCAGATG
TCAGTGTGTTGCTTTCTATGGGGAAACATGATCCAATTGTGCCATTAGCTGCAAGTGAAC
AAGTCATTAACCTTGTTAATACACGTGGGGCACAAGTCGAAGAAGTTTGGGTGAAGGGCC
ATGAAATTACAGAACTGGATTAACGGCTGGTCAACAAATACTTGGGAAATAA
```

> Q1Y5K2

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q1Y5K2_CC001-ST772_118_AJGE0100055.1[18892:19971]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 248000 ... 249080; Length: 1080 bp

Sequence:

```
TTAATCGATATGAGATTTGCCGGTAATACGCTTAATTAACCTTTATAGAGTACAGGTAT
GAGTAAGATGAAACCGAACCAATCCATAATAGGGAATACTTTTCCAATTAATGAAATGA
AACCGATAAATGTACTAATAAAGTGATGACAGCCATTGTAATAATAATGATGAAGTAAC
GTCTGCTGAATGGAACGCTGAAACGTGACGCAAATGCATACATTAATCCAACAACAGTAT
TGTAGATGACAAGTATCATAATGACAGACATAATAATACCAATTGACGGAGACATTTGTG
TCGCTAATTTTAATGTAGGTAGATCTACGTGTTTAATTTTATCGAATTGAGAAATTAACC
TAGATTAATCATCATGAGTAAAAATGTAATGATTAACCAGCAATCAAGCCCCGTATAA
CGTTGAGTCACGATATTTAACTTTACTACCCATCACTGATAAGAAGCTGAAGGCAGCAGC
AATTTGCAAGCTTGCATAGTTAATCGCATCAAACCACCATCCAGGTGATAATGATTTCTG
CTTATGAATCTGAGCATCATTATTAGCGGCAGTAAAATCAAGATGACTTGTGTGAAATA
GTAGACCGCAATCATAATGACAATCGCAATTAATAAATGGGGTAACACCGCCAAGCACAG
CAATTAACGATCGAATTTTAGATACAGTGTGCTAAAATAAAGGCGACTAATATGAGTG
CGCTCAGCCAATACGGTAAGTTGAACTTTGATGAATGGTTGACGCACCACCTGCAGTCA
TAATAATAGCTAAAGACAACATAAACATTGTTAAAATAATATCAAACCTCTTGCAATAG
AGGGGTATAAGAAATAGTTAATTGAATCAGAATGATTTCTGGACTTTAGATGATGACCTG
TATGCATGACAACCATTCCACCTAAAGTAATCAATAGTCCTGTTACAATAATGCCTGAAA
TGCTATATGCGCCATGACTTGTGAAAACTGGAAAATTTCTTGACCAGTAGCAAAGCCGG
CACCAACGACAACCAACAAAGGCAAATGCCACAATAATGGACTCTTTAAGATACGC
AT
```

> sprA-L5

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA A/Locus 5 (core genome, variable)

Best match: sprA-L5_CC008_COL_CP000046.1[2589877:2590091]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 249274 ... 249489; Length: 215 bp

Sequence:

```
ATAGATACACCAATCCCCTCACTACTCGCAATAGTGAGGGGATTTTTTTTCGGTGTAGCTA
GGTCGCCTATTTATCATCGTGTGTTGCGTAGCCAATGCGTAAACACAGTACCACTAAATAA
GTGCACGATACATGCATCAAATGTCGTCTTTAGTCTAAGTAACGATCATGCATTAACATTT
TCAAATATCTATTTGAGCTTGAAGATCTTTACC
```

> DR

Function: direct repeat

Best match: DR_rsaJ_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2600053:2600100:r]

Position: 036-contig_189: 249275 ... 249323; Length: 48 bp

Sequence:

TAGATACACCAATCCCCTCACTACTCGCAATAGTGAGGGGATTTTTTT

> **fstAT**

Function: Fst antitoxin sRNA, locus 3

Best match: fstAT_L3_CC008_COL_CP000046.1[2589989:2590065:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 249300 ... 249377; Length: 77 bp

Sequence:

CGCAATAGTGAGGGGATTTTTTTTCGGTGTAGCTAGGTCGCCTATTTATCATCGTGTTTGCG
TAGCCAATGCGTAAAC

> **fbp**

Function: protein coding sequence; fructose-bisphosphatase (core genome, variable)

Best match: fbp_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[16584:18548]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 249423 ... 251388; Length: 1965 bp

Sequence:

TTAGTCTAAGTAACGATCATGCATTAACATTTTCAAATATCTATTTGAGCTTGAAGATCT
TTACCAATATTGGTATCACGAATCTTCTTACGTTGTAATTCTTTATCTACGACGCGCTTTAT
AGAAAGTTCATCGATACCTTCGAAAGTATTTTTCTTTAGCGTTAAATTGTTGGTGTGCA
ACGAGTTGCATACCGAATGAATTATACAATAGTGTATAGCCTGCAATGCCAGTTGTTGAC
TGATAAGCTTTTGAAGCCACCATCAATGACAAGCATCTTCCATCAGCCTTGATAGGA
TCTTCGCCATTGATTTCTTCACTGGTGTGTGACCATTAATAATGCGTCCTTCATCTGGATT
TAATCCGAAATCACTGAGCATTTTACGAACCATATTCACATCTTCACGAAGATGATAGTA
CGGATTTCTTTCTTTATGAGAAGCTTTATCTGCAATAAAGTATCGCTCAAACGTAGTC
ATGGCACGTTTACCAAATAGTGACGAATATTTCCAGTCCATAAATACCAAATAAATCC
GTCGATAAGTCATCAGTATTTCTTTTCATCAAATGATTTACGGACATGATACTCAAACA
CATCTAATAAATTCTTGGCCGCTGTAAGTATGACCATCAATTTCAAATGATTCATCTCACC
ATTTTCATCAACTGGAATACAACCATGAATGAGTAAATTACCATTATATGGTAAGTAAAG
CGAACCTTTACGCATCAAGAAAGACATATGACGACGTAATTTTTTCAGATTGTTGGAATGA
CAATAATAGTTTATTCATGACTTCTTCTTTCAGGTAGTAATTCTGCTGGATTATTACGAT
TGATAGTTTGGAAACATGTGTCTTTCAACGGGTATGTATTACCATAAACTGTAATTTTCATT
TGTATCATAATTAACCTTTTCAAGCACAAGACGTTCTTCCATTTTCGAAATTTGGACGACGT
TTAATAAATTGGTATTTCTAACTTGAATTGAATCATCGCAATAGCTTGATGAATTTAGTAA
TTTGACTTTCTTACGTTGAGTTAAACGTTTCGTGTTTGTGAGGTCTTTTTTTAGGCTTAAAA
GCAGGATTATCTGCGTCATAGTATTTTTCAGCTAAAGTAAGCAGTGGTCTTAAATTAATGC
CATAAGCGTCTTCGATAAATATCTAAATTATCATAGCGTGCACAAATTCGAAGTAAGTTTG
CTAAGCATACTTTTGACCCAGCATAGGCTCCAACCCAAAGCACATCATGATTACCCATT
GAATATCTAGGGAATGATAATTAATCAGTGTATCCATAATTTTATCTGGTTGTGGTCCACG
ATCATAAATATCACCGACAACGTGTAATGATCGACGACTAAGCGTTGTACGGAATAAGC
GAGTCCAATAATTAATCATCTGCCTGTTAAGTTCAATTAAGTTGTTAACAAGTGTTCG
TAATATGATTTTTTATTTTGATATTCATTACTTTTATACAGTAGTTCCTCAATAATATAAAC
GTATTGTTTTGGCAATGCTTTACGCAGTTTTGAACGCGTATATTTTGAAGAACAATATTTA
ATCAACTCAATTAATGTTTCGATTGTTGTGATATACCAGACATTAAGTTGACCGCAACTTT
GGAAATCACTTTTAATCAATTTTAATTTGTCTTCTGGATAGTAGACAAGAGCAGTTAAATC
ATTAAGCTCCTTAGTTGAAAGTCTCTCTTTGAAAATATCATTGATTTTCGCTCGCACATTC
CCAGAACCGTTGCGTAATACGTGTTGGAAAGCTTCGTATTCACCATGTAAATCGCTGACG
AAATGTTCCGTACCTTTAGGTAATTCTAAAATTGATTCTAAATTGATAATTTTCAGTTGCAA
GTTTTTCTGGAGTATCAAATTTTGGGATAGTAAATCTAAATACTTCTTTTTTAATCTTTT
TCAGTAATTTGAGTCAT

> **smp**

Function: protein coding sequence; putative membrane spanning protein (core genome, variable)

Best match: smp_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2658142:2658912]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 251760 ... 252531; Length: 771 bp

Sequence:

CTAAATATTTTTCTTCTTGAAAATAAATACTACAAGTATTAAGAAAATAGAAATATAAGC
AATATTACCAATAAACAATTCATGAAGTTCTAATTTTCGTCGACTTACTAAAGCCTTTTTCA
ACTGTTTGAAGCATAATATTCATCATATTAATAGGATTCCACTTTAGCCAGTCTATTTTTT
CTAAAAGTGCCGTTTGAATAACTGCTAAAATAGAAGTTGCAAAAATAAAAAACAATACCTA
CAGCAATGGCTACACCCGTTGAATTAGTTGCAGATGATAATAGCAACGTTAAGCTTAAAA
CTAACCAAACGCCAACAAATGTACCTAACTAACTAATAATAATTGATTCAATAAAGATA
ATTGATTACCGCTACTTTCAAATATATTTAAATCATTAAAGAATAAAGACCCAATAACAA
TTGAAGCAATAATTGTAATAACAAAATAAATTAAGAAATAATAAATAATGTGATGATT
TGCTAACAAATCATAGTTGTTCTTGAATATTCACGATAGAGTAAATTTTTAATCGTACCGTA
ATGAAATTCATTGAAATGATTGTACTTGCTTGAATAATTAATAAAAATGCAAACCATGA
AAAACCATTATAAGCAGATGTGAAAGATTCTGTGGCGTAAAAATTTCAATTGTATTTTGT
AGCGATATAACCTTGAGCAACCATTAGTAGAATGAAGACAATAGGTGCGATAAAAAGTTG
ATTTCTTTTTAAATAATTTGAAACATTCTTGTTAATTAAGTTCCCAT

> **stp**

Function: protein coding sequence; putative ABC transporter (core genome, variable)

Best match: stp_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2657445:2658140]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 252532 ... 253228; Length: 696 bp

Sequence:

TTATGCTTGGTCCTCCCTTTCTATGATTTCTAGTAATACATTTTCTAAATCATTATCTTTAA
ATTGTTTAAAGTTCTTCTTCCGATGTTTCTGTAACAATTTTACCTTTGTTAATAATAAGGATA
GAGTTTGTGATTTTAACTAACTCACTTAAAATATGACTCGAAATTAAGAAAGTAACACCT
TCTTGCAGCTTTTGGACAATCAATTCACGTACATCTCGCACAGCTTTTGGATCTAAGCCGT
TCATTGGTTCATCTAAGATAATGAATTGAGGTTCAATTTAAAAATGCTATAGCAATTCCTAA
TTTTTGTTCATACCAAGAGAATACGTTTTAGCTTTTTTATGAATGTATTCATCCATATGAA
GTTGTGAGACAATTTATCGATATCTTGAGTGTTTTTTGATTCATTCAATAACTTCAAGTTT
TCATATCCAGACATAAAAGGATATATTCCTGGATTTTCAATCAATGCACCGATATTGCTTT
TGCTGTCTTTGCTGTTAATAACATTAATAATTTCCGCTTTGGAACTAGAGTAACCTAATAT
AACTTTCATTAAGTTGTTTTACCTGCACCATTGCTCCAACGAGACCAACTATTTGTCCG
CGTTTCAGCTTAAATGATACATCTTCGAGAATCGTTTTGTTGCCTATCTTCTTTGTTAAATG
TTCTATTGTTAAACACCCAT

> **yvmA**

Function: protein coding sequence; putative transporter (genomic island)

Best match: yvmA_CC009_21334_AGTW01000007.1[14685:15848:r]

Position: 036-contig_189: 253618 ... 253648; Length: 30 bp

Sequence:

GGTGACTTTCAGCTAAAGTATGCCAAATAA

> **dedA**

Function: protein coding sequence; DedA family protein (core genome, variable)

Best match: dedA_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[13615:14226]RC (completely identical)

Position: 036-contig_189: 253745 ... 254357; Length: 612 bp

Sequence:

TTATTTTACTCTCTTACGTTTGCCAATGTAACGTATAGCAAAGTAAATGACTGCGATAATG
ATGACAACATACATAATACGTGAATATGTATGAAGACCAGTCATCAACATACCAAAGCTA
TCGCTCAACGTGCGTCCTAGTAAAATTAACCGAAATTCCAAATTGTTGTACCTATTAATG
AAATAACGGTAAATGTCACAACATTCATGCGGTTTACACCGGCTGGAATGGTAATCAATA
CACGTAATACAGGTATGAAACGACAGATAAATACAGCCATACGCCATACTTTTTAAACC
AATCATTTGCTCGCTTTAAATCCTTACTTTTCAATTTAATCCACTTACCGTGTGCGATCAATA
AAACGATATAGACGTTCTTCTGAAATCAAACGGCAGATATAATATAAAAATTAACAGCCCT
ATAAACGATGCGATGGTTGCAATAATAAATAAGGTTAAAATTGATAAATGTGATTTAACA
GACATAAGGCCAGCAAATGTCAGAATAATTTCCGATGGTACGATAGGTAAAACATTTTCT

AATAAAATTAATATAAAAAATGGCTGCATACCCAAAACGACTAATAAATTCAGTGATAATT
TGTTCCAT

> **ywaC**

Function: protein coding sequence; GTP-pyrophosphokinase (core genome, variable)

Best match: ywaC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2650714:2651406:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 259266 ... 259959; Length: 693 bp

Sequence:

ATGTATGTAGATCGAAAACCATCACTATATTTAGAGGATTTGCGACATGATTTTAAAAAT
AGTTTAAAGTAAATTTGAAAATGGTGATGAAGCATTGATACGTTATTAGGTTTCGTAGAG
TTAGATCATATTTATTCGTCAGCACTAAAGGAAATAAGCACTAAACTGAGTATTTAGAT
GACAATTTCAATCACATTTATAAACACAATCCTATACATCATATGGAGCGACGTGTGAAA
GAAATGCGTAGTTTAATAGAAAAGCTTAATCGTAAAGGATTACAGATTAGTGCAGAACT
GCCAAGAACACATACTGGATATTGCGGGAATTCGCGTAGTATGTAATTACTTAGATGAT
ATTTATTTGATTGAAGAGATGTTGCTTAAACAAGAAGACGTACAATTGATAAAACGTAAA
GATTATATTCAGCACCTAAAGAAAATGGTTACCGCAGTTTACATATCGTTGTATCCATTC
CAGTCTTTTTAGCAGAACGCGTTGAGGTATTGCCTGTTGAAATTCAAATTAGAACGATAG
GTATGGATATGTGGGCAAGTTTAGAACATAAAAATACGTTATAAAAACAATGCAGAGACG
GAAAAGTATCGAGATTTACTGAAAGAATGTGCGACAGAGATTACTGAAGTTGAAGATAA
ATTACAACAAATTCATTCTGAAATAACAGAGTAG

> **gntR**

Function: protein coding sequence; gluconate operon transcript repressor (core genome, constant)

Best match: gntR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2648952:2649632:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 261040 ... 261721; Length: 681 bp

Sequence:

ATGATGTATGGATATCCAGAGAAATGGTTGGAAGGTATGACAACCTGGAGAAGGTATCGC
GGCAGAATTACGCTTAGGTATTGTGAATGGTCACATAGCTGAAGGTACGTTACTCACTGA
AAATCAAATGGCAAAGCAATTTAATGTGAGTCGTTCCGAATTCGAGATGCATTTAAATT
ATTGCAACAAAATCAACTCATCCAATTAGAAAGAATGGGTGCACATGTGTTGCCGTTTGG
GGAACAAGAAAAGAAAGAAATGTACGATTTGCGACTGATGCTAGAGTCATTTGCATTTTC
AAGAGTTAAAAATCAAGAGAGACTACCTATCGTAAAAGAAATGAAGAAACAACCTGAAA
TGATGAAAGTGGCAGTAAAATTTGAAGATGCAGAATCATTTACGAAGCATGACTTTGAAT
TTCATGAAACATTAATCAAAGCATCTAACCACCAATATTTAAACTCATTTTGGAGTCATTT
AAAACCAGTAATGATGGCACTCGTTTTAACATCCATGCGACAACGTATGCAACAGAACCC
GCAAGATTTTGAACGCATACATCATAATCATCAAGTGTATTGATGCAGTGGAAACAATA
CGACAGTCAAATTTTGAAGGAAGCGTTTCATTTAAATTTGACGATGTTGGTAAAGATAT
TGAAGGATTTTGGTTGAATTAA

> **gntK**

Function: protein coding sequence; gluconate kinase (core genome, variable)

Best match: gntK_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2647375:2648928:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 261744 ... 263298; Length: 1554 bp

Sequence:

ATGAAATATATGATTGGTGTGACATTGGAACGACGAGTACCAAGTCAGTCTTATATGAT
GAAAATGGAGCTTTTATCATGAAACATCAAATCGGCTATGATTTACACACACCAAACGTT
GATGTCTCAGAAGAAAACCCAGATGAATTTTATGATGCGGTATTAATGACAATTAATAAC
ATAATGAGGGAATCGAAAGTTAATCAAGATGATATTAATTTGTGTCATTTAGTGCGCAA
ATGCATAGCTTGATTGCGATGGATCAGCAACATCAAAGATTAACAAATAATATTACTTGG
GCAGATAACCGCGCTGCAAAATATGCAACAGTAATAAATGAAGTGCATGATGGCAATGC
GATTTATCAGCGAACAGGTACGCCTATTATCCTATGTCGCCTTTAGTGAATAATTTTTGG
ATGAAACATGAATGGCAAGATGTATTTCAACGTAAGTTTGCAGATATTAACA
TACATTTTCTATCATTTATTTGATACATATCATTGATTATTCAATGGCTTCCGCAACAG
GGATGTTTAATTTAGAAACATTAGATTGGGATGTTGGGGCATTAGAATTGCTTGGTATTT
CAAGGAAATGTTCCCGGAATTAGTGCCAACAACGTACGTAATGAAAGGCATGAAAGAAC

GTTATGCAACATTAATGGGGCTTAATGAAGATACACCGTTTGTATTGGTGCAGTGATG
GGGTCTTTCTAATTTGGGTGTCAATAGTGTGGTAAAGGAGAAGTTGCTGTCACAATCG
GTACATCTGGCGCGATTTCGTAAGTGTGATAGATAAAACCACGTAAGTACAAAGGTAGAA
TATTTTGTATTGTCTTAACAGAGGACCACTACGTCATCGGAGGTCCTGTAAATAATGGTG
GTGTCGATTGAGATGGTTGCGCGACGAGTTGCTAGCGAGTGAAGTCGAAACTGCGAAAC
GTCTCGGTGTTGATCCTTATGATGTCTTAACTCAAATTGCAAAGCGTGTAAACCAGGTGC
AGATGGTTTAAATATTCCATCCCTATTTAGCTGGAGAACGTCGCGCCGCTTTGGAACGCAA
TGCAAGAGGTTCAATTCTTCGGTTTAACTTTATCTCATAAAAAAGAACATATGATTCGCGCT
GCATTAGAAGGTGTTCTTTACAATTTGTATACCGTCTACCTTGCACCTATTGAAGTAATGA
ATGAAACGCCTAATATGATAAAAGCAACAGGTGGTTTTGCGAAAAGTGAAGTATGGCGT
CAAATGATGTCAGATATATTTGACACAGAGTTAGTGGTTCCTGAAAGTTATGAAAGTTCA
TGCTTAGGTGCCTGCGTGCTTGGACTTAAAGCTGTAGGTGACATTGAAGATTTTCAATCG
TTTCATCGATGGTCGGTGCTACAAATAATCATAACCGCTTTGAAGAAAATGTCGCTGTTA
CCAAGAGCTCGTATCCATTTTATCAATTTAAGTCGTTCTTTAACAGAGAATTATGAACAA
ATTGCAGATTTTCAACGCCAACATATGGCTGAAAATAAAACACAATAA

> **gntP**

Function: protein coding sequence; gluconate permease (core genome, variable)

Best match: gntP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2584171:2585529:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 263414 ... 264773; Length: 1359 bp

Sequence:

ATGTTTAAACGAAATATGGCCGTTAATCAGTGTTGTTTTAGGTATCGTTATTTTATTAGTAT
TAATTATTGGGTTTAAATTAATACATTTATTTCAATTAATTATCACATCGATGATTACAGC
GTTAATGCTAGGTATACCATTGACTAAAATTATGGAGACGATTGAGAAAGGGATGGGCA
GTACGCTCGGCCACATTGCACTAATATTCGGTTTAGGTGCCATACTTGGGAAATTAATTG
TGATGGTGGTGGTGCAACTCGAATTGCAGACACGTTGATTCAAAAATTTGGTCAAAAACA
TGTACAATGGGCAATGCTTGTTCAGCATTATCGTTCGGTATTGCATTGTTCTTTGAAGTA
GGTTTAGTCTTACTGATTCCATTAGTATTTACAGTAGCAAAACGCGCAAATGTTTCAGTGT
TAAAACCTAGGACTACCTATGGTAACAGCTTTATCTGTGACACATGGCTTTTTACCACCACA
TCCAGGACCGGTAGTCATCGCAAAAGAATTAAGGCAAATGTTGGAGATGTATTACTGTA
CGGTATGATTATTGCCATTCCAGTTACACTCATTGCAGGACCTATATTTAACAAAGTTGCA
CAAAAATGATTCCGCTCTGCGTATACACGAGAAGGCGATATTTACGCGTTAGGTGCACAA
AAAGAATTTACGGATCAAGAGATGCCAGGATTTGGTATGAGTTTATTAAGTCAACATTA
CCAGTCATATTAATGTTAGTGTCTACGATAACGCAACTTGTAACTGGGCACGACAAACCT
ACAAATCTATTTGAATCTATCATTTATATGATAGGAACAGCAGGGACAGCCATGCTAATA
GCAGTATTATTTGCAATCGTTACGATGGGATTAATGAGAAAACGTAAGATGAATCATATT
ATGGAATCAGTGACGAATGCGATTTATCCAATCGGAATGATGTTATTGATTATTGGCGGT
GGCGGTACATTTAAACAAGTATTAATTGACGGTGGTGTTCGGAAATACAATTGCTAAAATG
TTTGAAGGTACAGAGATGTCTCCAATTTTACTAGCATGGATTGTTGCAGCTGTGCTACGTA
TCGCATTAGGTTTCGGCTACAGTAGCTGCGATTTCAACTACAGGTATTGTCTTACCATTATT
ACAATCATCAGATGTAATGTTGCATTAGTTGTACTTTCGATAGGTGCAGGTAGTGTGAT
TTTGTCTCATGTAATGACGCAGGATTTTGGATGTTTAAAGAATATTTTGGTTTAACTGTA
AAAGAAACATTCTTAACATGGTCATTATTAGAAACGATTATTTCCGTTTCAGGTATCATCT
TCATTCTATTCATCAGCTTATTTGTTTAA

> **Q2G207**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2G207_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2583837:2584037:r] (completely identical)

Position: 036-contig_189: 264906 ... 265107; Length: 201 bp

Sequence:

ATGAAAGGCGTTTCAAGACATGTTTTTGTGCGTATTGTACAGGCGATAATTATGAAACAC
TTAGTATATTGTTTTAAATTAGATAATGATGAATTTAATTTGAAAAATAAGTATAAAAAA
TACAAGCCTTGTGTGACAAGGGTTTATGATGACTTGAATACAATTTATAGGTATATTTCAA
ATAATAAAATTATCAATTA

> **fnbA**

Function: protein coding sequence; fibronectin-binding protein A

Best match: fnbA-COL_CC008_D30-ST8_ABF01000035.150:2835:r [4_50ANF10END]

Position: 036-contig_189: 265241 ... 268087; Length: 2846 bp

Sequence:

```
GTGAAAAACAATCTTAGGTACGGCATTAGAAAACATAAATTGGGAGCAGCATCAGTATT
CTTAGGAACAATGATCGTTGTTGGGATGGGACAAGATAAAGAAGCTGCAGCATCAGAAC
AAAAGACAACACTACAGTAGAAGAAAATGGGAATTCAGCTACTGATAATAAACAAGTGAA
ACACAAACAACCTGCTACTAACGTTAATCATATAGAAGAACTCAATCATATAACGCAACA
GTAACAGAACAACCGTCAAACGCAACACAAGTAACAACCTGAAGAAGCACCAAAAAGCAGT
ACAAGCACCAAACTGCACAACCAGCAAATGTAGAAACAGTTAAAGAAGAAGAGAAA
CCTCAAGTTAAGGAAACGACACAACCTCAAGACAATAGCGGAAATCAAAGACAAGTAGA
TTTAACACCTAAAAGGTTACACAAAATCAAGGGACAGAAACACAAGTTGAAGTGGCAC
AGCCAAGAACGGCATCAGAAAGTAAGCCACGTGTGACAAGATCAGCAGATGTAGCGGAA
GCTAAGGAAGCTAGTGACGTTTCAGAAGTTAAAGGCACAGATGTTACAAGTAAAGTTAC
AGTAGAAAGTGGTCTATTGAGGCACCTCAAGGAAATAAAGTAGAGCCACATGCTGGTC
AACGTGTCGTATTGAAATACAAATTGAAATTCGCAGATGGATTA AAAAGAGGAGATTATT
TTGATTTTACATTATCAAATAATGTAAATACTTATGGGGTTTCAACAGCTAGAAAGGTAC
CAGAGATTA AAAATGGCTCAGTTGTAATGGCTACAGGTGAGATCTTAGGGAATGGTAAC
ATAAGATATACATTTACTAACGAAATTGAACACAAGGTAGAGGTAACAGCTAATTTAGA
AATCAACTTATTTATTGACCCTAAAACCTGTACAAAGCAATGGAGAACAAAAGATTACTTC
TAAATTAATGGTGAAGAAACAGAAAAACAATACCAGTTGTTTATAATCCAGGTGTTAG
CAATAGTTATACAAATGTAAATGGATCAATTGAAACATTTAATAAAGAATCTAATAAATT
TACACATATAGCTTATATTAAGCCAATGAATGGAAACCAGTCAAACACTGTATCAGTAAC
AGGGACGTTGACTGAAGGTAGTAATTTAGCTGGTGGACAACCTACTGTTAAAGTATATGA
ATATCTAGGGAAAAAGATGAATTGCCACAAAGTGTATGCAAATACATCAGATACTAA
CAAATTCAAAGATGTAACAAAGGAAATGAATGGAAAATTGAGTGTGCAAGACAATGGTA
GTTACTCATTGAATTTAGATAAGTTGGATAAAAACGTATGTCATTATACAGGTGAAT
ATTTGCAAGGGTCAGATCAGGTTAATTTTAGAACTGAATTATATGGGTATCCAGAACGAG
CATATAAATCTTACTATGTTTATGGGGGATATCGTTTAACTTGGGATAATGGTTTAGTTTT
ATATAGCAATAAAGCTGACGGCAATGGTAAAAATGGACAAATTATTCAAGATAATGATTT
TGAATATAAAGAAGATACTGCAAAAGGAACTATGAGCGGGCAGTACGATGCCAAGCAAA
TTATTGAAACAGAAGAAAATCAAGACAATACACCGCTTGACATTGATTACCACACAGCTA
TAGATGGTGAAGGTGGTTATGTTGATGGGTATATTGAAACAATAGAAGAAACGGATTCAT
CAGCTATTGATATCGATTACCATACTGCTGTGGATAGTGAAGCGGGTCACGTTGGAGGAT
ACACTGAGTCCTCTGAGGAATCAAATCCAATTGACTTTGAAGAATCGACACATGAAAATT
CAAACATCACGCTGATGTTGTTGAATATGAAGAGGATACAAATCCAGGTGGTGGCCAA
GTAACAACCTGAGTCTAACTTAGTTGAATTTGACGAAGAGTCTACAAAAGGTATTGTAAC
GGCGCAGTGAGCGACCATAACAATTGAAGATACGAAAGAATATACGACTGAAAGTAA
TCTGATTGAACTAGTAGATGAACTACCTGAAGAACATGGTCAAGTACAAGGACCAATCG
AGGAAATTACTGAAAACAATCATCATATTTCTCATTCTGGTTTAGGAACTGAAAATGGTC
ACGGTAATTATGGCGTGATTGAAGAAATCGAAGAAAATAGCCACGTTGATATTAAGAGT
GAATTAGGTTACGAAGGTGGCCAAAATAGCGGTAACCAGTCATTCGAGGAAGACACAGA
AGAAGACAAACCTAAATATGAACAAGGTGGCAATATCGTAGATATCGATTTTCGACAGTG
TACCTCAAATTCATGGTCAAATAAAGGTGACCAGTCATTCGAAGAAGATACAGAGAAA
GACAAGCCTAAATATGAACATGGCGGTAATATCATTGATATCGACTTCGACAGTGTGCCA
CAAATTCATGGATTCAATAAGCATAATGAAATTATTGAAGAAGATACAAACAAAGATAA
ACCTAATTATCAATTCGGTGGACACAATAGTGTGACTTTGAAGAAGATACACTTCCAAA
AGTAAGCGGCCAAAATGAAGGTCAACAAACGATTGAAGAAGATACAACGCCGCCAACCGC
CACCGACACCAGAAGTACCGAGTGAGCCGGAAACACCAATGCCACCGACACCAGAAGTA
CCGAGTGAGCCGGAAACACCAACGCCACCAACACCAGAGGTACCAAGTGAGCCGGAAAC
ACCAACACCACCGACTCCGGAAGTACCAAGTGAGCCGGAAACACCAACACCACCGACAC
CAGAAGTGCCGAGTGAGCCAGAAACACCAACACCGCCAACACCAGAGGTACC
```

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC130_O46-CC130_AEUR01000011.1[50936:51159:r]RC

Position: 037-contig_188_RC: 40 ... 70; Length: 30 bp

Sequence:

AGTGGCTCTTTATCATTCTGTCCCACTCC

> **greA**

Function: protein coding sequence; transcription elongation factor (core genome, constant)

Best match: greA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1686770:1687246:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 7798 ... 8275; Length: 477 bp

Sequence:

TTATTGGATATTAACAATTTTTACGTTCAATTCGCCACCATTAGGTAGTGGAACACGAACT
TCATCATCTAAACCTTTACCAATTAACGCTTTAGCCATTGGTGATTCATTTGAAATCTTAC
CATTAAATGCATCTGATTCAGCTGAACCAACGATTTGATAACTTTCCTCTTCATCACCTGG
TAATTCTACAAACGTTACTGTTTTACCAATTTTAACAACGTTGTTATCTCCAGTATCTTCA
ATGATTAATGCATTTCTTAACATATGCTCAATTCTTTGAATATCTTGTTTCGATGAATCCTTG
TTCATCTTTTGTGTCATCATACTCAGAGTTCTCTGATAAGTCACCAAATGAACGTGCAACT
TTAATTTTCTCTACAACCTTCAGGACGCTTAACTGTTTTAATTCTTCAAGTTCACGCTCTAA
TTTTTCAAACCTTCTTGAGTCATTGGATATTGCTTTTGATTTTCCAT

> **udk**

Function: protein coding sequence; uridine and cytidine kinase (core genome, constant)

Best match: udk_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1687274:1687897:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 8302 ... 8926; Length: 624 bp

Sequence:

CTATTGCTTGCTAACTAAAGACTGAATTTTTGTTGTCATAAATATCTATTGCAACTTTATTGCT
TCCCACCTTCAGGAATAATTATATCAGCATATTTCTTAGTCGGTTCAATAAATTGGTCATG
CATAGGTCTAACAACACTTAAATATTGATTGATAACAGAGTCCATTGAACGCCACGCTC
TTAGTATCTCGTGTTAAACGGCGTAATATTCTCAAGTCTGCATCTGTATCAACATATATT
TTAACATCCATCATATCACGTAATACCTTATTTTCTAAAGCGAAAATACCTTCTACGATAA
TAACATCTTTAGGTTTAAAATCAATGGTAATGTCACTTCTTGTATGACTAGCATAATCATA
TGTCGGTACTTCTACTGCTTTACCATTTTTCAAGTCTTTAAGATTTTCAATTAATAAATCAT
TATCGAATGCAAATGGATGGTCATAATTGGTTTCTAGGCGCTCGTCGAAAGTCAAGTGCT
TTTGATCTTTATAATAGTAATCTTGAGCAAGTAAAGCGACACTATGACCTTCTAAGTTTTT
CATAATTTTCGTTAGTTACAGTTGTTTTTCTGAGCCAGATCCACCAGCTATGCCAATGATT
GTAGTAGCTTTCAT

> **alaS**

Function: protein coding sequence; alanyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: alaS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1722925:1725555:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 13132 ... 15763; Length: 2631 bp

Sequence:

TTATAGATTTTTAATGTAATCTTTAATAAAGCTTAATGATTTTGAGATATTTTCAGGTTGT
GTACCGCCACCTTGAGCCATATCTGGACGACCGCCACCTTTACCACCAACGATTGGTGCC
ATTTGTTTGATAAGATCACCGGCTTTAACGTTATTTGTTAAAGATTTAGGGACAGTTGCAA
CCATCGATACTTTATCATCAACATTACTTGCAAGAATGATAATTGTATCTTGTAGTTTAGA
TTTAAAATCATCCATTGTGCGAGCGAATTGCTTTCGCATTTGGTACATCCACTTCAGTAACC
AATACTTTATAGCCATTGATTTCTTCAACTTGATCTTCAATATTACCCATTTTAAGTGATGT
GATTTCTTTGTACGTTGCTCTAATTGTTTTAATAATGCTTTTTTCTTCATCTTGTAAATTGTGT
TAACTTTTCGACTACTTGATCATCAGATTTCACTTTCATCTGTGATTTTCATCGTATTAATTT
TCTCTTGAATATCTTCTAAATATAAGAAAGCTGCTTTACCTGTTAATGCTTCAATACGACG
CACACCAGCTCCTGTACCTGACTCACTTACTATTTTGAATAAGCCAATTCAGAAGTATTG
CGGACATGAATACCACCACATAATTCAATTGAAAATGGTGCCATATTTACTACACGCACA

ACATCACCATATTTTTACCGAATAATGCCATTGCGCCCATTTCTTTAGCTGAAGCAATAT
CCATTTCTTGAATGTTAACGTCAATACCTTTCCAAATTTCTTCATTTACTAAGCGTTCAACT
TGATCAATTTTCATCATTAGTCATTGGACCAAAATGAGAGAAATCAAACGTAAACGATCT
GCTTCTACTAGTGAACCAGCTTGGTTAACATGATCACCCAGTACTGATTTCAACGCTGCAT
GTAATAAATGTGTTGCACTATGGTTCTTTTGAATGTCACGTCGATCATTTTGGTTCACTTC
AGCAGACACTGTAGCGCCAACATTTACTTGGCCAAATTGTACTACTCCTTTATGCAAGTTT
TGACCATTTGGTGCTTTGGTTACTTCACTAACAGCAATTTCAAATTTGTCATTATAAACAA
TACCTGTATCCGCAACTTGTCCACCCTGACTGCATAAAATGGTGTTCCTGTTAACATGAA
GTATACTGTTTCACCCGCTTCAACTTGTGAACTTCTTCACCATTATATATCAAGTGTGTT
AGTGGTTGTTTGAGCTGTCGCAGTATCATAACCAACAAAAGTACTTGCAGATGTAATATTTT
TCAATACTTCACTTTGAACTTGCATTGATTGAGAATTTTGACGTGCTTGACGTGCACGATC
ACGTTGTTGTTGCATTTCTGACTCAAATGTTGTCATATCAACTTTCAATCCTGCTTGCACGT
CTATTTCTTCAGTTAATTCAATTGGGAACCCGTACGTATCATAACAATTTAAATGCATCTTT
CCCATTAATTTCAATTTGTTGTCGCTTTAGCTTTTTTAATTAATTCATTTAAAATCGCTAAAC
CATCTTCTAATGTTTCATGGAATCGTTCTTCTTCAGACTTTATAACACGCTTAATGAAATC
TGCTTTTTCTTAACATTTGGATAATATGGTTCCATAATGTCTGCAACAATATCAACAAGT
TTGTACATAAATGGCTCATTGATTCCTAACGTTTACTAAAACGAACGGCAGGACGTAAC
AATCGACGTAATACATATCCTCTACCTTCAATGGCAGGTAATGCACCATCAGAAATTGCA
AATGCAATCGTACGAATGTGGTCAGCAATTACTTTAAATGCCACATCTTGTTCGTTGTTTA
CTAAATATTGTTTACCTGATACTTTTTCGATTTCAATCATTATAGGCATAAATAAATCTGTT
TCATAGTTAGTACGTACATTTTGAGAACTGAGGCCATACGCTCAAGCCCCATGCCGGTA
TCAATATTTTTATTAGGTAATGGTGTGTAACATGATCTTTATTATGATTGAATTCACTAA
ATACTAAGTTCCATACTTCAAGATAGCGTTCATTTTCTCCACCTGGATACATTTCTTCTGC
CGGATCGTCTTGTCCATATGCTTCTCCGCGATCATAGAAAATCTCAGTGTTCCGGTCTGAA
GGCCCTTCACCAATATCCAGAAAGTTACCTTCAATGCGAATAATACGACTTTCTTCAAGCC
CAATATCTTTATGCCAAATGTTATATGCTTCCATATCTTCCGGATGAATCGTAACGTACAA
TTTATCTGGCTCCATACCCATCCATTTATCACTCGTTAAAAAATCCCAAGCAAATTCATC
GCTTCTTGTTTAAAATAATCACCAATTGAGAAGTTACCTAACATTTCAAAGAATGTATGGT
GACGCGCTGTGAAACCAACATTTTCAATATCATTGTACGAATAGCTTTTTGAGAGTTTAC
AATCTTGGCTTTTTAGGTGTTTCACGTCCATCAAATATTTCTTTAATGTTGCTACACCTG
AATTAATCCATAAATAATGTATCATCATCAATTGGCACTAATGGTGCAGAAGGTTCAACCA
TATGTCCTTTTTCAACAAAGAAATCTAGATATTTTTGTCTAATTTCACTCGCTTTTAACTTT
TTCAT

> **tbx07**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: *tbx07_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1694866:1695043:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 15894 ... 16072; Length: 178 bp

Sequence:

AAAAGGGACGAACGTTATCGCGGTACCACCCTAGTTATAAATGCAATTCAACACATTTAT
CACTTTAAATCGACTATACAGTTGTGCATAAAGTAGCGTTCACTAATGTTTGTGACTTT
TCACCAACCAGTACATCTCTGATAAACAATCATTAACTACTCATCTTTATACGAAT

> **recD**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent DNA helicase/RecD/TraA family (core genome, variable)

Best match: *recD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1725898:1728375:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 16105 ... 18583; Length: 2478 bp

Sequence:

TCAACGTTCTATAAAGTCATACGGCGTGATTTCTCCCATATTAATCATTGGGTCAATTTTA
AACATTGTAGCTTCCGTTAATACATTTATATCTGTTTTTGTGGAATCAGACGTAACCTTCTCC
ACTATCATTTCGATGACATTGGCGCTTCTACTTGATCATCTATTGTCGTTTGTGAAGCTCCT
GTATCATTAGTTGCTGTGTTTTCCAGCATTCTTCATCTTCTGAATTTAAAATAATTTTTCAA
CAATGTACATAATTGTGTTAAACGCGCTTGACCATTTGTTTTTAATCCAATATCAAATGCT

TCTGGATCACCAAGTAGAACTAAACTCGTTTTTCGCTCTAGTTAAACCAGTATATAATATCG
GTCTTTGTAACATTCTAAAATACTGTTTAAACAATAGGCATGATAACAATAGGAAATTCTG
AACCTTGTGATTTATGGATTGATGTACAATAAGCATGTGTTAATTCCATCATATCTTGTTT
CGTAAATGTAATTTTCATTACCTTCAAAAATCCACAACAAGTACATCTTTATTAAGGGCATT
TCTTTCGCCCAAAAAATACCAACAATAACTCCTATGTCACCATTGAATATGTTATCATTG
GCCTATTAACAAGTTGTAATACTTTGTCACCTTTTCTAAAGACTACATCACCAAACCTCAAT
TTCTCGTGTGCTTTCTTTTTAGGGTTTAAAATATCTTGTA AAAACTTGATTTAAACGTTTAA
TACCGGCATTTCCCTTTATACATTGGTGCAAGCACTTGAATATCAGCCATAGTATACCCTTT
ATTAACAGCACTAGTAACTACCTTCTCAACAACCTGTTGGTATTTGGTTTGCCTGACAGTTA
ATAAACTTCTATCATGAAAACGCTGTGTAATATCAATTTTCTGACCCAATTTTCATTTCGAT
GTGCTAATTCTATAATGCTTGAACCATCTTGTGACGATATACTTCAGTCAGATTAACCTCG
TGGTATAGCTTTTCGATTCAATTAATCTTTAAATACTTGACCAGGACCTACAGAAGGCAA
TTGGTCCTCATCACCTACAAATATCAATTGTGCATCTAAAGGAAGTGCACCTAAAAATTG
GTGAAACAACCAAGTATCTACCATAGACATCTCATCAATGATTATGAGTCGTGCGTTTAT
TTCATTTTCTAATATATCCTCTGGCTTTGTGTCTTGATTCCAACCTATTAACGATGAATCG
TCATTGCTTCTAATCCAGTTGACTCTTGTAGTCTCTTAGACGCTCTTCCCTGTTGGCGCTGCT
AATACAACCTGGATAATCATCATTGACATAATCATCATAATCTAATGATAAGCCATGAATC
TCAGCATATAATTCTACAATACCTTTAATTACTGTCGTCTTTCCTGTTCCCGGTCCACCGGT
TAATAGCATCACCTTAGAATTGATAGCCGTTTGCAAAGCTTCTTTTTGTGAAGCTGCATAG
TTCATTGATTTCGCATCTTCTATTTACCAATATGCATTTGTAAATCTGACTGTTCAATTTT
CGTAAGTTTATTTGTATGCGTCTTTATTCTGAATAAGTTTTGAACACTTTTGATTTCAGAAT
AATACAACCTTGAATTGCAACTTGTTCAATTGTCAATAATTAGTCGTTTTTCTCATTAA
GTATTGCAACATTTTCGTCTAATTTTTTCAGGTTTCGATGACCTCTTCATCTTGATAATTTAATA
CATCAACCGTTAAATCTATAACAACATTGATAGGCAAATATGTATGTCCCTGTTAATAC
ATTCTTCTTCTAACGTATAGAGCAACGCAGCTTTTAAATCGTTCATTATCGTTATAAGCGAT
ACCAATATTTCTAGCAAGTTGATCTGCTTTATTA AAAACCAATACCTTTAATATCATAAATC
AATTGATATGGATTTTCGATCTAAAATAGTCAGTGTATCGCCGAGATAAAACTGATAAATT
GCCATTGAAAGTTTAGGACCAAACCCTAAATCATGTA AACGAATCATTATTTTTTTCAGATT
CTTGATTTGCTGAAATTTGTTCTGCAATTTGTTTCTGTTTCTTTTTAGATAATCCCGAAACT
TTTTCTAGCACTGAATGGTCATCTAATATATCATTATCGCATTGTCACCTAATGTATTAA
CAATATTTGAGCTGTCTTTTACCTACACCTTTAAACAAATCACTAGATAAATAACTTAT
AATTGCTTCTTTCGTTTGTGGCATTTCTTTTTCAAAGTCTCTGCTTTTAAATTGTTTACCAT
AACGTGGATGATCAACAACCTTGCCCTTTAAATGTGTAGACATCGCCTTCAACAATATTCG
GAAGAAACCCTACAACAGTTGGCATTGTATCAAAGTCTTCATTTGTTTCAATAGTATCTAC
TTTAAGCACTGTATAAAAATTATCACTGTTTTGAAACAATATCGCTTCAACAGTACCTTTG
ATCATTGAATAATCAAATAGTGTAGGGTCTGACAT

> **mmmA**

Function: protein coding sequence; tRNA-specific 2-thiouridylase (core genome, constant)

Best match: mmmA_CC005_N315_BA000018.3[1653329:1654447:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 19833 ... 20952; Length: 1119 bp

Sequence:

TTATACAACATAAATTTAATTGACCTTCATTTTTGAACACATCGTCAATTGTTGCACCACCA
AGACACACATCACCTTGATAAAAAACAACCTGCTTGTCCAGGTGTGATTGCTCTTACTGGC
TCAGCAAAAGTAACACGTAGTGCATGGTCGTTTTACGTTTTACAAAAACTTTCGTATCTT
TTTGGCGATATCTAAATTTAGCTGTACATTCAAACCTTGATCTAAGTCATTATCTTCTGG
ATTTACAAATGAATAGTCTGAAGCAATTAAGTAATCACTGTATAATGCATCGTGATGGAA
TCCTTGTCTACATATAAAACATTATCTTTTAGGTTTTTACCGACAACAAACCAAGGATCG
CCATCTCCACCTATACCTAATCCATGTCTTTGTCCCTATTGTGTAATACATCAAACCACTAT
GTTTACCCATTTTCTTACCATCAAGTGTATCATATCACCCGGTTGTGCAGGTAATATTG
TGATAAAAATGTTTTAAAGTTTTTTTCGCCGATAAAACAAATGCCTGTAGAATCTTTTTTC
TTAGCAGTAACAAGTCCTTGTCTTTCAGCAATTCGACGCACCTTCACTCTTTTCGATGTCGC
CAATTGGGAACATCACTTTTGAAGTTGTTGTTGAGATAATTGATTCAAGAAGTATGTTTG
ATCTTTATTATTATCTACACCACGTAACATTTCAACATGACCATCTTCATGACGATGTATG
CGTGCGTAATGTCCTGTTGCTACATAATCTGCACCTAAATTCATCGCATGATCTAAAAAG
GCTTTAAACTTAATTTCTTTATTACACATAACGTCTGGATTTGGAGTACGACCTTTTTTTGTA

TTCATCTAAGAAATACGTAAAGACTTTATCCCAATATTCTTTTTCAAATTAACAGCGTAA
TATGGAATGCCAATTTGATTACACACTTCAATAACATCGTTGTAATCTTCAGTTGCAGTAC
ATACGCCATTTTCGTCAGTGTCCATCCAGTTTTTCATAAATATGCCAATGACATCATAACC
TTGTTCTTTAAGACGTGGGCTGTTACAGAACTATCTACACCGCCTGACATACCAACGAC
AACACGTATATCTTTATTTGACAA

> **csd1**

Function: protein coding sequence; cysteine desulfurase (core genome, constant)

Best match: csd1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1730859:1732001:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 20952 ... 22095; Length: 1143 bp

Sequence:

TTATGACTCCTCCTTAAATTTAAAATATATTTTATGAATTCAGCTACAATTGCATTAATTT
CATTTTCAGTAGTCAATTCGTTAAAACATAAATCGAATCGAATGATTTGATCGCTCCTCATC
TTCGAACATTGCATCTAAAACATGCGACGGTTGTGTAGAGCCTGCTGTACATGCAGATCC
AGACGACACATAGATTTGTGCCATATCCAACAATGTTAACATCATTTCAACTTCAACAAA
CGGAAAATATAGATTTACAATATGGCCTGTAGCATCCGTCATTGAACCATTTAATTCAAA
TGGAATCGCTCTTTCTTGTAATTTAACTAAAAATTGTTCTTTTAAATTCATTAATGAATA
TTGTTATCGTCTCGATTCTTTTCTGCTAATTGTAATGCTTTAGCCATCCCGACAATTTGTGC
AAGATTTTCAGTACCTGCACGGCGTTTCAATCTTGTTCACCGCCAAGTTGAGGATAATCT
AATGTGACATGGTCTTTAACTAATAATGCACCGACACCTTTTGGTCCGCCAACTTATGTG
CAGTAATACTCATTGCGTCGATCTCAAATTCGTCAAACCTTAACATCAAGATGTCCAATTGC
TTGAACCGCATCAACATGGAAATATGCATTTGTCTCAGCAATAATATCTTGAATATCATA
AATTTGTTGCACTGTGCCAACTTCATTATTTACAAACATAATAGATACTAAAATCGTCTTA
TCTGTAATTGTTTCTTCAAGTTGATCTAAATCAATAGCACCTGTATCATCAACATCTAGAT
ATGTTACATCAAACCTTCTCGCTCTAATTGTTCAAAAACATGTAACACAGAATGATGTTT
AATCTTCGATGTGATAATGTGATTACCCAATTGTTTCATTTGCTTTTACTATGCCTTTAATTG
CCGATATTTCGATTCTGTTGCACCACTCGTAAATATAATTTTCATGTGTATCTGCACCAAG
TAATTGTGCAATTTGACGTCTTGACTCATCTAAATATTTACGCGCATCTCTTCCCTTAGCA
TGTATTGATGATGGATTACCATAATGCGAATTGTAAATCATCATCATCGCATCTACTACTT
CAGGTTTTACTGGTGTGGTGCAGCATAATCTGCATAAATTTCCAT

> **csbD-L2**

Function: protein coding sequence; stress response protein/locus 2 (core genome, constant)

Best match: csbD-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1702814:1702996:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 23842 ... 24025; Length: 183 bp

Sequence:

TTATTTTTTAAGTTTATCAATTGCATCAGTTATTTTGTTTTTAGCATTTTCAACAACCTTCTTT
TGCTTTACCAGTCGCTTTATCTTGCTGACCTTCTTTTTCTAATTCTTTGTTATCAGTAACGT
TACCTACTGTTTCTTTAACATTTCTTTAAATTGATCGAACTTACTTTTCGTCTGCCAT

> **cymR**

Function: protein coding sequence; HTH-type transcript regulator (core genome, constant)

Best match: cymR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1734032:1734454:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 24124 ... 24547; Length: 423 bp

Sequence:

TTAAATATAAAACATGTATCCGTCTAAATCTTCACTTGTATCTACATATTCGGCTAAATAT
TTCAATGTTGTATTATCTAAAACATCTCTCACTGCATCTCTCATGCGAATCCATAGTTGTTT
TTGCGCAGGTGGTTCTGATTCAATACTTTCAACAAATGTAATTGGACCTTCTAACAGTCTT
ATAATATCCCCTGCTGAGATTTCTTCCGCTGGTACTCTTAATTGGTATCCACCTTTAGCAC
CGCGTACACTTCGAATTAACCCCGCATTCTTAAAGGACCTACAAGCTGTTCTAAATATA
AATCACTCAAATTTCTTCTCAGCAATTGACTTTAATGATATACATCCTTGCCCCTCTTTT
TTAGCAAGAGAAATCATCAATGTAAGTCCATATCTCCCTTTAGTAGAAATTTTCAT

> **ssrS**

Function: noncoding RNA 6S-RNA (core genome, constant)

Best match: *ssrS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[1705971:1706202:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 26999 ... 27231; Length: 232 bp

Sequence:

```
ATAAAAATACGCAAGACAAAGTCTTGCGTATCGATAGAGTCCGTATTGCCGTAGTTATAA
TAGCTTGATCATTCCGGCCTGTTATATACAGGTGGGTGCCCTGTTTCTTGTTTTGTACGTCCT
TCATATAAGGCGTGTACGCTGCAAGAAAACCCATTGGGCTCCCTTGATCAAAGAGTGTTA
GGCCCAAATTA AAAAGCAAACCTTACGAACA ACTCAGATGACTATCTTATG
```

> **aspS**

Function: protein coding sequence; aspartyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: *aspS_CC005_N315_BA000018.3*[1660796:1662562:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 27300 ... 29067; Length: 1767 bp

Sequence:

```
TTAGTGACGAATTCGCAAAGAAAGTTCTTCTAATTGTTTATCAGAACTTCACCAGGCGC
ATTCGTTAATAAACATGTAGCAGATGCTGTTTTAGGGAATGCGATTGTATCTCTCAAGTTT
GTTCTATTAGTCAATAACATGACTAATCGGTCTAATCCTAATGCAATACCGCCATGTGGTG
GTGCACCATATTTAAATGCATCTAGTAAGAAGCCGAACTGTTCTTGTGCTTGTCTTTAGT
AAATCCAAGA ACTTCGAACATTTTTCTTGTA ACTCACCATCATGAATTCTGATTGAACCG
CCACCTAATTCATAACCATTTAATACTATGTCATAAAGCATTTCCTCAGCTTCTTCTGGCG
CAGTGCCAAGCTTAGCAATATCAGCTTCTTTGGAGATGTA AATGGATGATGTGCTGCAA
CGTAACGTTTCGCATCTTCATCATATTCTAATAATGGCCAATCTGTCACCCATAAGAAGTT
TAATTTTGTTCATCGATTAAACCTAATTCCTTAGCTAATTTGACACGTAATGCACCTAAA
CTTTGTGCAACGACATTTGGTTTGTCTGCAACAAACATTACTAAGTCACCAGCTTCAGCAC
CAGTTAATGTAAGTAATGTTTCAACATTTCTGTTTCAAAGAAACGTCCAATTGGACCTGT
CAAACCATCTTCCACA ACTTTAACCCACGCTAATCCTTAGCACCATAGATGTTTACAAAT
TCTGTTAAAGCATCCATATCTTACGAGTATATTGTTTCAGCTGCACCTTAGCGACAATTG
CTTTAATTTACCATCATTTC AACAGTATCTTTAAATACTTTAAAGTCCATATCACGTCCT
AATTGAGAAACGTCAATTAATTCATTTCAAACGTTGATCTGGTTTATCAGA ACCATAG
CGACGCATCGCTTCTTTATATGTCATGCGTGGGAAAGCGCCATTAATTTCAACGCCTTTAA
CTTCTTTAACAACTTTTTTAAGCATTCTTCACCCATTTGCATCACATCTTCTTGATCTACA
AAACTCATTTC AATATCGACTTGTGTGAATTCAGGTTGACGATCTGCACGTA AATCTTCGT
CACGGAAGCATTTCAGATTTGGTAGTATTTGTCAAATCCACTAATCATCAATAATTGCTT
AAATAATTGTGGTGATTGTGGTAATGCATAAAATTCACCATCATGAACACGAGATGGTAC
TAAATAGTCACGTGCACCCTCAGGTGTTGACTTCGTTAGTACTGGTGTTCGATGTCAAAG
AACCCCTCATCATCAAATATTGACGAATAGAACGTGTAATTTGATGTCTCATTTTAAATG
TTTGCCTAACTCTTGACGACGTA AATCTAAATAACGGTATTTTAAATCGAATATTTTCATC
AACGTTAACATTTTCTTCATTTATAGAAAATGGTGGTGTCTCAGATTTATTAATCACTTTA
ATATTTGTA ACTTGTACTTCAACTTGCCAGTTTTAATTTTAGGATTA ACTGTTTCAGGGT
CACGCTTCGTA ACTGTACCTTGA ACTTCTACAACATATTCAGAACGTA CTGTTTCAGCAAT
TTTCAATGCCTCTTCTGAAAATGCAGGATTA AACACGACTTGTACAATTCCTTCTCTATCT
CTTAAATCAACGAAAATCAATCCACCTAGGTCACGACGATTGTTA ACCCATCCTTTTAAAT
GTAATTTCTTGTCTTAAAATGCTTCAGTAACTAATCCACAATAAGTTGTTCTCTTACTCA
T
```

> **hisS**

Function: protein coding sequence; histidyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: *hisS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[1738990:1740252:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 29082 ... 30345; Length: 1263 bp

Sequence:

```
CTACTTCTTAAAATATTCGACTAATGCGTCTAATTCAATTGTTTCAGATTCACCAGTTGTC
ATATTTTTAACATCGATTTTATTATTTCTAATTCTTGATCACCAATAACGATTGTAAACTT
GGCACCTAACGGTCTGCTTGTTCATTTGTCCTTTAATTTTACGCTGTAAGTAGTCTTTAT
CTGCTTTAATACCATTATGTCTCAAATGATTTAATAACTTCACAGCATATCGATCTGCTTG
```

ATCACCCATTGTAACAATGAATAAATCTAAGTTTTCTTCAATATCTAATTCGATACCTTCT
TCTTCAAGTGCAAGCAATAATCGTTCTATACTTAGCGCAAAACCAATACCTGTTTCACTTG
GACCATCTAGCAATTCTAATAAACCATTATAACGGCCACCACCACAAAGCGTTGTAATGG
CACCATCATAGTTAGGATTATCCATCATTAAATTCAAATGCTGTATGTGTATAATAATCCAA
TCCACGAACTAAGTTAGGATCTTCAATATATGGAATACCTAAATCATCTAAATAAGCTTTT
ACTTGTTCAATAATGCCTTAGATTCCTCATTAAAGAAATCAGTGATTCTAGGTGCAGTCT
TAATCGCTTCTTTATCACGGTCAACTTTACAATCCAAAATTCGCATCGGATTTGTATGCAA
ACGTGATTGACAATCTGAACAAAATTCATGAATTACTGGTTCAAAGTGTTTCACTAACGC
TTCGTTATATTCTTTTCGAGACGCCATATCCCCTACACTATTAATAACAAGCTTTAAATGT
TTTAATCCAAATGATTGATAAATATGCATAACCATAGCTAATACTTCTGCATCTACGCTAG
GATTTTCAGCACCAATAGCTTCTACACCAAATTGATTAAATTGACGATAGCGCCCTTTTGG
CTTACGTTTCATATCTAAACATCGGTCCATTGTAATAAAGTTTAAATTGGTTGGTTGGATTA
CCTTGCATTTTATGTTCAATATATGAACGCACAACCTGCAGCTGTTCCCTCAGGTCTTAATG
TAATACTTCTATCGCCTTTATCTTTAAATGTATACATTTCTTTTTGTACGACATCGGTTGAA
TCACCAACACCTCTTGCAAAAAGATCTGTACTTTCAAAAATTTGGTGTTCTTATTTCTTTAT
AATTATAAAATGTCATTAATTCATCTAATTGATTTTCAATGTAACGCCATTTCTTTGAATC
TTCAGGTAAAATATCCTGCGTCCCTCTAGGTATTTTAATCAT

> **lytH**

Function: protein coding sequence; N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (core genome, variable)

Best match: lytH_CC005_04-02981_CP001844.2[1698852:1699727:r]RC

Position: 037-contig_188_RC: 30805 ... 31681; Length: 876 bp

Sequence:

CTACGCAGAAAAATAAATTTTAAAGTCCATCAACAATTGCTTGTTCTAAAATTTGTCTATGT
AATTGATCTTTAATCATCGTTTCATCAGTTGGGTTACTAATATAACCTAATTCTAATAAAA
CAGCAGGAACTTTTGTGTTGCTTAACTTGATAATTTCTTGTCTTGAACCGCGATTAGA
AAGTAAACCTTTCTTCTGAATCGTAGCGTCTAACGTATCTGCTAAAGCTCTTTGATTATCA
TGATACCAATAAACTGTCATTCCATTTGCATTAGATGATTCTAATGCATCATTATGTATAC
TCAAATAGGCATCGCCTTTGATATCACGATTTTCTAGTGAAACATATGTATCGTCTGTTCT
TGTCATCTAACAGTTGCGCCTTCTTTTTCTAAAGTACGCTGCAATTTCTTTGCTGTTTTCA
ACGTATAGTCTTTTTCTAACTTTTATATTTAGTATTGCTTGAAGCACCTGGTCACTACCT
CCATGACCAGGATCAAGCACTATTGTTTTACCTTGCAAAGGATTTTTCTCCTTCGTATTAT
CCGCGACAATATCTAAATTTGTGTGCCATCCAGCTATCCAACCTTTTTCTTACTGGATGT
ATCTTCAACTTCAATCCATTTACCTACTTTACCAATCTTTTTAAAATGGTCACCTTTCTCAA
CTTTATATATGACTGGATACGCAGCGTTTGGACCTGTACGTAATTCAGTATTTTCAAGTTAT
CGTGATGTTCCACTATCTTCACTATTGCTATTCAGCAATAAAAATAAAAAGATGATAAA
TAAGACAAAGGCAATCACTACTATTAGAGTACGTTTATTTTTAAGACCCTTTTTAGATAAC
CATGCCTCTATTTTTTTCAT

> **dtd**

Function: protein coding sequence; D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase (core genome, constant)

Best match: dtd_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1710649:1711101:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 31677 ... 32130; Length: 453 bp

Sequence:

TCATTGAATTTTGCCGTCCTGACTTTCATAAATAATAGTGACTGGACCATCATTATTTATG
CTAACATTCATGTGTGTTCCAAATTCACCTGTTTTACAGTAAGACCATACGCTCGTAGCG
CATCATTAATAACTCATAAATTTTACCGCTTGATCAGGATTTTAGAATTTGAGAAACC
TGGACGTTACCTTTTTTACATCTGCATAGAGAGTAAATTGTGAAACTGATAGTATTTCA
CCATTCATTTGTTGGATATTAAGTTTAAATTTATTATTGTCATCTTCAAATAATCTTGCATT
AGCAATTTTCTTTGCAATTACATCTGCATCTTGCTCTGTAGAGTTCTGACCGATACCGACT
AATAACAATATCCTTTTTTGTATTTGATTATTTAATGTATCATTCGTCACCGATGCTTCTTT
AACTCTTTGTACAACACTTTTCAT

> **relA2**

Function: protein coding sequence; GTP pyrophosphokinase (core genome, variable)

Best match: relA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1711113:1713302:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 32141 ... 34331; Length: 2190 bp

Sequence:

```
CTAGTTCCAAACTCTTGTTACTGTATAAACATCACCAAGTTGTTTGATCTTTTCTACCACA
CGATAAACATCATTACGTTTTTCACCATGACACTAATATTTATTATTGCATTTTTATCAAT
ATCTGAACGTCCTGAAACTTTAATTAATGCCGGCTGTCGAGCTAACAGCTTGTAGTACT
TCATTCAACAAGCCATTTCCGGTCATACGCAGTTACCTCTAAATCAACCTGATATTTTTGAG
TTGCGTCTTTTGATTTTACCCATTCAACATTAATTAGTCGTTTCAGTTTCGTTCTTAATATTT
GGGCAATCAGTGCATGTACTTTAATACCGTGACCTTTGGTGATATAACCTACAATATCA
TCACCTGGTATAGGATTACAACATTTTGACAACCTTGATAAGTACATTTTCTAAACCTTCTA
CATAGACACCACTATCAGTAATGATGTTGTCTTTAATAGGCAATGATTTTCGTAACCTTCTG
TGCTTCATTTAAAGCACGTTGTTTATCTAAAATACGTTGTCTTTCAGTTAATTTATTAACA
ATCTGTAAGGATGTCACGCCGCAAATCCTACAGCTGCGAATAAATCATCTTCATTTGCA
AAGTTATATTTTTCATTAACAACCTGAATATTTTTCTCTGTCAAAATATCTTCGACTCTAA
ATCCTTGCTCTTTTATTTCAACTTCAACCATCATTCCGGCCTTTTTCAATATTAGATGAACGA
TCTTGTTTTTTGAAGAACTTTTAATTTACCTTTGGCACTAGACGATTTAAACAATTTTCAA
CCAATCACGACTTGGTCCATATGAATGTTTACTAGTACGTATTTCAACAATATCGCCTGTT
TGTAATAATATAGTCAATTGGTACAATTTTGCATTACCTTGGCACCAATCATCTTATTAC
CTACTTCACTGTGAATCGCATAAGCAAAATCAATCGGCACAGCACCATATGGCAACTCAA
TAACATCACTCGCTGGGGTAAATGCGTATACTTTGTCACTCTGTAAGTCATATTTAAGGT
TTCCATAAATTTCTTGAGCGTCAGACGATGTATGATCCGCTTCAGCTAATTTCTTTAAACAA
TTTAACTTATTTTGATAAGTTTGATCTTTTTTCACTTACTTTTTTACCTTCTTTGTAAGCCAG
TGTGCTGCAACACCATGCTCAGCAATTTTCGTGCATATCAAACGTTTCGTATTTGGATTTGCA
GCGGGTCTCCATTTGGACCTACTACTGTAGTATGCAATGACTGATACAAATTTTGTTTAGG
CATTGCAATATAATCTTTAAAACGTCCTGGCATCGGTTTCCATAACGTATGCACCAACCCA
AGTATCGCATAACAATCATTAAATAGAATTGACAATAACACGTATCGCCAACAAATCAAAA
ATTTGATCAAATTGTTTTTTCTGCTTCATCATTTTCCGATAAATACTGTAATATGTTTAGG
TCTACCATTATATCGCCTTCGATATTCATTCCGGTCCATTTTCAGTACGTATTCTATCAATAG
CCGTTTCGATATACGCTTCACGTTCACTACGTTTCTTCTTCATTAATGACTATTCTAAAA
TATTGCACATTATCAATATAACGAAGAGCCGTATCTTCTAGTTCCCATTTAATTGTATTAA
TACCAAGACGATGTGCTAAAGGTGCATAAATTTCTAATGTTTCTCGAGAAATTCTAATTTG
TTTTTCACGCGGCATGGCTTTCAAGGTACGCATATTATGTAATCTGTCTGCTAATTTACC
AAAATTACGCGTACATCTTTGGCAATCGCAATAAATAACTTGCGATGATTTTCAGCTTGTT
GTTCTTCTTTTGAGCGGTATTTTACTTTTTTAAAGCTTCGTCACACCATCAACAATTCGAGCA
ACTTCTTCATTGAACATTTCTTTTACATCTTCAAATGTATACGGTGTATCTTCAATTACATC
ATGCAAAAAACCTGCGACAATCGTCCGGTCCGTCTAATCGCATTTCTGTTAAAATACCTGC
AACTTGTATAGGATGCATAATGTATGGTAATCCGTTTTTTTCGGAACCTGACCTTTATGTGCT
TCATAAGCAATATGATAGCTTTTTAAAACATACTCATATTCATCTGCTGACAAATATGATT
TTGCTTTGTGAAGAACTTCATCTGCACTATATGGATATTCGTTGTTTCAAT
```

> apt

Function: protein coding sequence; adenine phosphoribosyltransferase (core genome, constant)

Best match: apt_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1713730:1714248:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 34758 ... 35277; Length: 519 bp

Sequence:

```
TTATTCGTCGTATGAGATTAAACTCATAACATCGTAATCTTTAATTTTTTTCAATACCATTTA
AATATTTCAATTCAATTATAAATGCAATACCTACTACGATACCGCCTAATTTTTCAACTAA
TTTTATTGCTGCTTCAATCGTACCACCAGTAGCTAATAAATCATCTGTAATTAACACACGT
TGACCTGGTTAATTGCATCTTTGTGCATTGTTAAACATTTGTACCATATTCTAGGTCAT
ACTCATAACGAATGACTTCACGAGGTAATTTCCCTTCTTTTCTAACAGGTGCAAAGCCAAT
CCCATTGAATAAGCTACAGGACAGCCAATGATAAAGCCACGCGCTTCAGGTCTACAAC
GATATCAACATCTCTGTCTTTTGCATATTCTACAATTTTATCTGTTGCATAGCCATATGCTT
CACCATTATCCATAAATTGTAGTAATATCCTTGAAACTAACACCTGGTTTCGGCCAATCTTG
AACTTCTGATACGTATTGCTTTAAATCCAT
```


> **recJ**

Function: protein coding sequence; single stranded DNA-specific exonuclease (core genome, variable)

Best match: recJ_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1745207:1747480:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 35298 ... 37572; Length: 2274 bp

Sequence:

```
TCACGACAATTGTGACTTTATCCAATTTTTATTTCTGAAAAATCTTGATATAATAATTGC
TTTTCAACATCCATACGTTGTTGTCTTAATTGATATACTTTGCTGGAATCAATCGATCTTT
ATCAGGTTGTTGATTGATTTCGAATTAACCATCTTCTTGTGTTACAAATTTTAAGTCTAAG
AAAACTTTCAACATGAATTTAAGTGTATCTGGTTTCACACTTAAATGTTGACACAATAAC
ATACCTCTTTCTGGATATTTGTTTCTTGTGTTAGTTATTAATGCTTTATAACACTTTTTAAA
AATATCCATATTAGGTATACCATCGAAGTAAATCGAATGATTATGTTGCAAAACTATATA
AAGTTGAGAAAATTGCAGTTGTTGCAAGGAATTAGACAAGTCTTCCATTGACGTTGGTAA
ATCTCTTAATACTACTTTATCAGTTTGTGTTAATTTCTTCACCATAATAATATTCATTTCG
CATTACTTTATCACTTTTAGGATGAATAAGCACGACAATATTTTCATCATTTTTCTGTAAA
AGGTAAACTTTTTCGCTTACTTCTATAATCTAATATTTGCTGTTCAATTCATCGCAATATCTT
GAATAATTAATTGCGGTGATTGATTACCATTCCATTCGTTGATTGTAACAGATCCTAATAT
ATTAATTGGCTGTTTCATCTTGTAACCTAGGTTCTAAGTGTCCATTTTGCCAAAATAGCGCG
GCGATATTACTTTACCAAGTGTCAATTTTAGATGATTTTTTTGTTGACCGATCGCCTTAA
CTGAAGAACTGATAAATCATCCATTTCAAAAATAGGTCTAGAAAAATCTGTTCCGAAGG
GTCTTAAACGATTCATATCACGAATATTTTTAATCGTTATATCATTTTTCTGTTAATAATAC
GTCTACTGGCTTTACGGGATCTAACGAAGTTGTTTTAGATAAATCTTTCATCCATTTATTTA
AACCTTCAGCTAACGATTCTATATTTCAATATCCATCGTCATACCTGCAGCCATATGATG
GCCGCCAAATTTAGCGATTAACCTTTGATGTGCTGATAGTATTTCAAACATCGACACTTGA
TCAATTGATCTGGCGGAACCTTTTGCATGATTTTGCTCCCTATCAATATTTAAAATTAATG
TTGGCAAAGCAAATGTTTCGACAATTTTCGAAGCAACAATACCTAAGACACCTTCATGCC
AATTTTCTTTTGCTAAAAGTAAAATAAATCTCCCTTTTTAACTTTCTGTTTCTGCCATAGCC
ATTGCTTCTTCTGTGATAGTTGCTACAATATCTTTTCTTTCACGGTTAAAATGTTCAACTTG
TTCTGCTAAAATGCAGCTTCTTCTTCGTCGTCAGTCATCAACAATTCGCAAGCTAATGAT
GCGTCATCTAAACGACCTACAGCATTAAGTCTAGGTCCAATAATAAAACCAATTGTTTCT
TCATCAATATTGTCATTGTATCCCGCTTCTTTTAGCAATGCTTTAACAGAGGTCGGACATT
GATCATTTAAGACTTTTAATCCTTGTTTCACTAATGATCGATTTTCATCAGTTAAGGATAC
TAAATCCGCAATGGTACCTATCGCAACTAATGCTTTAAAATAATCAGGTACATTTTCAATC
AATGCTTGTGCTAATTTGTATGCAACACCTGCACCACACAATTGTTGGAACGGATAATTA
AACGATGGATGCATTGGATGTACGATTGCATATGCTTCTGGTAATGTACTACCAATTTTCA
TATGATCAGTTACAATGACATCAACTCCTAAATCTTGAACCATTTTAATTTTCAATTATGACC
TTGTATGCCATTATCAACAGTTATGATTAATGTTATGCCTTCATCATGAGCATTTCTAAAT
GCTAGTTCGTTTGGTCCATATCCTTCGGTAAAGCGGTTAGGAATATGCCATCCTACTTGTG
CACCTAAAAGTTGTAATGTTGTCACTAAAATTGTAGTTGAGGTAACACCGTCGGCATCGT
AATCACCATAAACTAGGATTTTCTCATCATTCGCTATCGCTCTTTTAATTTCTTTCAATAGCC
TTAGTCATATCGCTCAATTGCAATGCATCATGATTGACATCTGTGTCTGAAATGATGGATT
CAATTGCTTGTTCATCAATAATCGATTTACTTTCTAATATTTTTTTTTACGATTGGCGTTAAC
TTTAATTTTGATGTTAATTCATCACTTATGTATTTCAGCTGGTTTAGTTAATTTCCACTTATA
CTTCGGTTTAATCAT
```

> **secF**

Function: protein coding sequence; protein translocase subunit D and F (core genome, variable)

Best match: secF_CC001-ST772_118_AJGE01000020.1[37615:39894:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 37774 ... 40054; Length: 2280 bp

Sequence:

```
TTAAACTAAAATCTTTTCATCGTTTCGATTTCTTTTCTTTATATACAATAATTTGTGTTTCG
GCGATTTTTTCAACTGACGTTTTTTTCAATTATCCCCATAGCGGAACGGCAATGAAGATTGA
AGAGAATACACCAGAAATCAATCCGATAAATAACGCTAAAGTAAAGTTGAATATCGTAG
GAGCACCGAAGAATAGTATAGCAACTACTACTACAATAACTGTTAATACTGTATTAATTG
AACGTGTCATTGTCTGTCTAATTGATCTATTAACGATATCATCAATTTGTTCTGTTGTCGTA
ATCACTTTAACCTTTTGTAAAGTTTTTCACGTACACGGTCAAACGTTACGATTGTATCATTA
```

TTGAATAACCGACAATTGTTAATACAGCGGCGATAAATGTTAAATCTACTTCAATTCTAA
ATAAACTGAAAATCGCTACTATAATGAATACATCATGTAATAATGCCAATACAGATGAAA
GACCCATGCGCCATTCAAATCGTAATGATACATAGATGATGATACCTATCGATGCATAGA
TTAATGCAAGCATTGCATTTTTTGCTAATTCCTGTCCAATAATTGGTGATACAGTATTAAT
TTGAGGTGTGTCACCGAATTCGATTTAATCTTATCACTCAATTTATTATCTTGAGCACGC
GTTAAATCGTCTTTAAATTGAACAGTTGCTACTTTATTATCTTTACCATTGATTTGAATTTG
ATCCGCTTTAAGTCCACTATCTTTTACAACCTTGCTCAACCTTTTGTTGAGTAATTGCTTGT
TAGATTGGAAATCTACACGTGTACCACTTGAGAAATCAATTCCTAAGTTTAACTTGAAGA
TATAAAGAATAACTAAACCGACAACCTACAATTAATAACTTACTCCAATTAATGGCTTAG
CTAATTTAACAAAATTCCATTTCTCGAATGAAGTTTAAAGGTCATGAACATCTACACCTTC
ATTAATATCATGTGCTTTATTCTTTTTAACACCAAATAACCAAATTTGATTTTTGAATATA
TTTGATGAAACAAGTAATGATAATAAGAATCTTGATAAGAACACGGCTGTAACAAAGAT
CATTAGAATACCTAATAATAACATTGTCGCGAAACCTTTAACTGAACTTTCACCGAAGAA
GAATAATACTGCTGCGGCGATAACTGTTGTTAAGTTAGAATCAAAAATTGTTAGGAATGA
ACTTTTGTGTTGCTTTAGAAAAGGCTTGCTTTATCGTTCTACCTATTCGAAGTTCATCCTTAA
TACGCTCATAACATGATAAATTTGGCATCTACAGCCATAACCTACACCTAATACCAACGCCG
CTAATCCTGGTAAAGTTAGAACCCCGGAAATGAAATTAATGCTACTAACGTTAGATAGA
TATAAGTTGTCAATGCAATAATCGCTACTAAACCAGGTAATCGGTAGAATCCAAGCATGA
ATAAATAAATTAATGCTACACCAATAAACGATGCAAACACAGTTTTATCTAATGCATCTT
GACCAAATTTGGCACCTACTGAGTTTGAATAAATTTCTTTCAAGTCAACTGGTAAAGAAC
CTGCATTTAACAAATTCGGCGATTTGTTTTGCTTTTTTAACGCCTTCTTGTCCTTTAAATCCA
CCGAGATTTCTACGCTATCAGAATTGATTGGTTGATCAACACTTGCTGCAGAAATAAAT
TTAGGGTTTTTCTTTTGTGCTTCTTTTTTATAGCTGTCACCTTTTTTGAATCTAACCAAAC
AACCATGACATTATCACGTTTCTTAGAGATTTCTTCCGTTACTTTTTTAAATTTGTTTTTGT
CTTTTACTTTAAAAGTAACTGTAGGCTGGTTTGTTCCTGTTTAAATTTCTGTTTGGCAGAT
CCCTGTTTAAATATCAGAACCGCTTAATTTTACTTTATCTTCTGCATCGCGAATTGTTAAATT
AGCTTGAGAAGATAAAAATTTTACGTGCTTCATTCTGGTCTGTTACACCAGCAAGTTGAACT
CTAATTTCTATTAGGTTCTTCAACTTGAATTTTAGGTTCCGAAACACCTAAAACGTTAACAC
GATTTTCTAATGTTTGCCTGTTGATTGTAAGGCTTTTTTATCTATTTTGTGCGCTTTATTT
AAAGGATCGACTTGATAAAGCACCTCAAATCCACCTTGCAAATCAAGTCCTAAATTGACA
TTCTTTATAACACTTTTATAAGTTGCAGCCATTCCGGCAAACAACAATACGACTAAAAGC
AAGAACGCAATTATTCTACTACTTTTCTTAC

> **yajC**

Function: protein coding sequence; protein translocase subunit yajC (core genome, constant)
Best match: yajC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1719300:1719560:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 40328 ... 40589; Length: 261 bp

Sequence:

TTATGAAGGGTCAACTTGTTTAATAGCAGGTTTTTCGAAAGTTAATTCAGTACCATGACCA
TAACTGTAATAACAACAGTTGTTTCATCTACTGCTTTAACAGTACCTTTAATACCACCAA
TAGTTGTAATTTCTTTGACCAGATTGAATGTTATTAATCAACTCACGATGCTGTTTCGCACG
TTTTTGTGTTGGTCTGATCATCAAGAAATACATAACCGCAAAAATTACGACTATATATATT
AGTAATGAAAATTGCAT

> **tgt**

Function: protein coding sequence; queuine tRNA-ribosyltransferase (core genome, constant)
Best match: tgt_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1719579:1720718:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 40607 ... 41747; Length: 1140 bp

Sequence:

TTAAAAGTTTTTTGGGTTCTCAACATTTAATCCATATTGCTCGAAGAATTCTTCTTTGAAA
TCTAAAAGACGATCTTCTCGAATGGCTTGCTTATATCTTCCATTAATTTTAGCAGAAAAT
GTAAATTATGAATAGTAGTAAGACGAATACCAAAGTTTCCTCTGCCTTGATTAATGAC
GTATATACGCTCTTGAATAGTTTTGACATGTATAACAGTCACAATTCTCATCTAACGGTCT
TAAATCATCTGCAAATTTTGCATTTTTAATAACTAAACGACCTTGCGATGTCATACAAGTA

CCATTTCTGGCAATACGTGTCGGTAAGACACAATCAAACATATCCATGCCGCGAATACTA
CATTTCGATTAACGCATCTGGAGATCCTACACCCATTAATATCTTGGTTTATCTTTAGGCA
TAAACTGCTCTGTATGTTCAACCATTTTATACATAACCGGTTTAGGTTACCAACTGACAA
ACCGCCGATTGCATAACCAGGAAAATCTAATTCTACTAAATCCTTTGCACTTTGTTCTCTT
AAATCTTCATATTCGCCACCTTGTATAATGCCGAACAATGCTTGATCTTCAGGTCTTTGGT
GTGCATCTAGACATCTTTTCGCCAACGTGTTGTACGTTCAATAGATTTTTTTTACATAATC
ATATTCAGCAGGCATCGGTGGACATTCATCAAATGCCATCATAATATCAGATCCTAAATC
ATTTTGAATTTGCATTGATTTCTCAGGACTCAAAAATAATTTAGACCCATTAGTATGATGT
CTAAATTCCACGCCTTCTTCTGTAATTTTACGTAAATTACTTAAACTAAACACTTGGAAAC
CGCCTGAATCTGTAAGAATCGGACCATCCAATTCATGAATTTATGTAATCCCCCAGCGT
GTTTGATAATATCATTTCGGGTTGTAACCACAAATGATATGTGTTGCCCAAATGATTTT
TGCTTCAATTTGTCTTAACTCTTCTGGACTCATTGTTTTAACGGTTGCTTTAGTACCAACTG
GCATAAACATAGGTGTTTCAAATGAACCGTGTGGTGTGTGCACGATACCTAAACGCGCAC
CTGATTGTTTACAAGTTTTAATGTGTTTCGTATGTTACTGCAGGCAT

> **queA**

Function: protein coding sequence; S-adenosylmethionine-tRNA ribosyltransferase-isomerase (core genome, variable)

Best match: queA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1720741:1721766:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 41769 ... 42795; Length: 1026 bp

Sequence:

TTATATAATTAACATTGCATCGCCAAAACCTAAAGAATCTATATTCTAAATTTACTGCTGTT
TTATAAGCATTTCAGAACATTTTCACGAGTACTAAACGCTGATACTAGCATAACTAATGTT
GATTTTGGTAAATGAAAATTAGTAATCTGGCCATCAATTGCTTTAAAATCAAATCCTGGA
TAAATAAATATATTAGTCCAGCCACTCGTTTCAACAAATTTATCATGATCGCGTCGAATTG
TTTCAAGTGTACGTGTTGAAGTTGTACCAACTGATATAATGCGATGTCCTTTGGACTTAGT
ATCATTTAATAAATCAGCTGTTTCTTGTGTCATTTGATAAATTTCACTATGCATTTCTGTTG
CATTACATCATCGACGCTCACCGGTCTAAACGTACCTAACCCAACATGTAATGTAACAA
ATGCGATATTAACGCCTTTATTTTTAATTTTCAGTTAATAACTCATCAGTAAAATGTAATCC
TGCTGTTGGTGTGCTGCCGCTGAACCACTTTCTTTAGCGTAAACTGTTTGATAACGATCTGGA
TCATCTAAACGTTCTTTGATGTATGGTGGCAGTGGCATTTCCTTAATTCATCTAATCTTTC
TTGTAATAACCTTCATAATGTAACGCATGATGCGTCCACCTTGATCCATTTCTTTTATG
CACTCAGCTATAATTTTGCCATTACCAAAAATTCATTTATTACCAACTTTAATACGCTTAG
CTGGTTTCAGTAAGACTTCCCAATCATTACCTTCAATTTGAGTTAACATTAACATTTCAAC
TTTTGCACCAGTTTCTTCTTTTAAACCAAAAAGTCTAGCTGGCATTACTCGCGTATCGTTA
AGCACTAATGTATCACCAGGTCTAAAATACTCAATGATATCTTTGAAATGTAATGTTTC
ATTTACCAGTTTCTCTATCCATGACTAATAAACGACTATGATCACGATCTTTTAAAGGCG
TTTGAGCAATTAATGATTCTGGTAAGTCATAGTCAAATTCCTTCAATATTCAC

> **ruvB**

Function: protein coding sequence; Holliday junction ATP-dependent DNA helicase subunit B (core genome, constant)

Best match: ruvB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1721768:1722772:r]RC

Position: 037-contig_188_RC: 42796 ... 43801; Length: 1005 bp

Sequence:

TTATCCTCTCTCCTCATTTCGACTTTGCAAATGTTTCATAAAGCTAATGGTGTGCTTTTCTGC
CACGTGGCGTACGTTCTAAAAAGCCTTTCTGAATAAGAAATGGCTCATAAACGTCCTCAA
TTGTAATACGTTCTTCACCAATTGTTACGGCAATCGTATCTAAACCAACAGGTCCGCCATT
ATACTGCTTAATAATACAGTTTCATCATTTTATGATCAATGTAATCTAGTCCGTGTTGATCA
ACTTGAAGTAAACCTAATGCGTGCTTCGTTGTTTCAATGTATATTTGTTTCATCTTCATTCAC
TTGCTGGAAGTCTCTTACCCGCTTCAATAGTCGATTTGCTACTCTTGGAGTCCCTCTAGAA
CGTTTAGCAAGTTCAATGGCACTTTCTTCATCAATACCTGTGCCTAAAACCTCAGCTGTTT
TAATAATGATTTCTTTTAAATCTGATTCATTATAATATTCTAATCTTAAAGTGCACACCAAA
TCGATCCCTTAGTGGACCTGTTAAGCTGCCAGCTCGCGTTGTTGCACCTACCAAAGTGAAT

GGAGGTAAGTCGATACGGATACTTCTAGCCTCATCGCCTTTACCAATGATAATATCTAAA
AAGAAATCTTCCATTGCAGGGTATAACACTTCTTCAACAACACTACTCAGTCTGTGTATTT
CATCAATAAAACAAAACATCTCCAGGTTGAAGTCCTGATAAAAATTGCAGCCAAATCACCAG
GTCTTTCTAATGAAGGCCCTGATACTGTACGTATATTAACCTTCCATTTTCATTGGCAATGAT
ATTAGATAATGTTGTCTTACCTAATCCAGGGGGGCCAAAAAGCAATACATGATCTAATGG
TTCATGACGAAGTTTAGCCGCTTTAATAAATACTTCTAAATTACTTTTTATTGAATTTTGA
CCAATATATTGTCGTAATCTCGTAGGTCTAAGCGACAATTCGAAATCAGTTTCTTCACTAT
GCATTGATTGATCAACCATACGCTCATTTCAT

> **ruvA**

Function: protein coding sequence; Holliday junction ATP-dependent DNA helicase subunit A (core genome, constant)

Best match: ruvA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1655840:1656442:r]RC

Position: 037-contig_188_RC: 43832 ... 44435; Length: 603 bp

Sequence:

TTAAGATAACAATAATTGAAGACCTGCCTTAACAGCTTCATCAACTGAGTCATATTTATTT
TTATTTAACGTTTTCTCAACTTTTGCAAGCTCTCGTTTAGAATAACCTAATGCTTCTAACGC
TAACATTGCTTCTTGCACGAATTGATCTTGCACCGTCGAAGTAGCGTCTACTTGTAAATAAT
GAATCGCTATCTTCTTCAGTGATTTTCACTTTACCTTTTAAATCTAAGACAATCTGTCTTGC
CGTTTTCTTACCAATTCCTGGGAATTTAGTTAAATACGTATCATTTTCAATTTCAATGGCAC
GTTTTACTTCATTAGGCGTACTTGTGCGCTAAAATAGCTAAAGCTGATTTTCGGACCAATACC
AGTAACTTTAATTAACACTCAAGAACATATCTTTCTTCTTCACTACTAAATCCATACAAT
AATTGTGCATCTTCACGAACAATTAAGATGTATGAATTAACACTTCATGATCTAGATGC
TTTTGAAAACGATAAGAATTTGGTGTGTTGAATTTTATAACCAACACCAGCAGTTTCAACA
ACTACGTGTGAGGATATAAATGTGTTAACTTACCTTTGACATACGCGTACAT

> **pheB**

Function: protein coding sequence; ACT domain-containing protein (core genome, constant)

Best match: pheB_CC030_MRSA252_BX571856.1[1788403:1788861:r]RC (completely identical)

Position: 037-contig_188_RC: 44448 ... 44907; Length: 459 bp

Sequence:

TTACATACTCATACTAATTAATTCTACTTTTGATACATAATCTAAATTTCTCAAAGCGCCA
ATAACATCTTCTACTGAAGTTTCTTTAGATTTAGCATTTCAGTGATAATGTTATTGTTGCTTT
TTCTTCCATTGGAATACTTTGATGAATCGTTAATACAGATAGTTCTAACTTTGATATAACA
TCTAGTACACGTGCCAACATACCCACAATATCAGTTACATATAAAATTAATGTAAATTCT
CGATGGTCAAGCATTATATCGTCTACTGGAAATATCGTTTCTTATATTTATAAAAAGCAC
TTCTAGATAGATCAAACACTGTTAACGGCATCATAAATGGACAATGTCGGATCACTTTTATA
AGGCATCTTTAATCTTCAATGTTTTAACCACGGATTCAGGCAAGACATCTTCTTAATTA
ATAAACTTTTTATAATCTTTATTGTCCATCAT

> **obgE**

Function: protein coding sequence; GTPase obg (core genome, variable)

Best match: obgE_CC010_D139_ACSR01000051.1[25341:26633:r]RC

Position: 037-contig_188_RC: 44916 ... 46209; Length: 1293 bp

Sequence:

CTATTCAACGAATTCAAATTCTCCTCCAAGAATTCTAACGATATCACCATTTTTACAACCA
CGTTCTCTAAGCGCATCATCAATACCCATCGAACGCATTTGACGAGCAAATCGACGTA
GCTGGATCACTGTTAAAGTCAGTCATTTTAAACATTTCTTCAATAGCATTACCACTTACCA
CATAAGCACCATCATCATCTCTTGAAATTGTAAATTTATCTTGTGACGGTGTATGTTTATA
TAATACTCGGTTAATGCCAACCGACTCCTCTTCTTCAACTGTGAAGTCAACATCTTTATAT
TCTTCTAATTTATCTGCTATTGCATATAATAATTGATCAATATTATCACGCGTTATTGTTGA
AACTGGAATAACTGGCACATCTTCGCCAATTTCTTCTTTAAACAAGATTAAATTATCTTGT
GATTCAGGTAATCCATCTTGTAGCTACTACGATTTGAGGTCTATCTTCTAAACGTTGCT
CGTACGCGGCTAATTCTTGATTAATGACTTTATAATCTTCAATAGGTTCTCTACCTTCAGA
ACCACTCATATCAATCATGTGAACAATAACTTTTGTCTCTCTACATGTCTTAAAAATTGA

TGTCCTAATCCAACGCCATCAGATGCACCTTCAATTAACCTGGTAAATCTGCCATAACA
AAACTTCGTTGATCAGGTGTTGAAACAACACCTAGATTTGGTTAATCGTTGTAAAATGA
TATGCCCAATTTTAGGCTTAGCTTTTGAAACGATAGATAATAAAGTCGATTTACCCACAC
TAGGGAAACCTACTAATCCTACATCAGCTAATAATTTCAATTCTAAAGATACATCTAATTC
CTCACCTGGTTCACCTTTTTTCACTGAAGTCAGGTGCAGGGTTTCTAGGTGTTGCAAAACGT
GAATTACCTCGGCCACCTCGACCGCCCTTCGCTACTACAGCTCTTTGACCATCTTCAACAA
GATCTGCTAACACTTCGTCTGTTTCAACATTTTTAATAATTGTACCAGGTGGAACCTTTTAA
TACTAAATCTTCCGCATTTTTACCATGCATATTGCTACTTTGGCCATTTTACCTTTGCTTG
CTTTAAAATGACGTTGATATCTAAAATCTAATAACGTTCTTAAACCTTCATCCACTTCAAA
TACGACTGAAGCACCTTTACCACCGTCACCGCCAGCTGGTCCACCAAATGGTACATATTT
TTCTCTTCTGTATGCGGTAATACCATTACCACCATCACCGGCTTTAAGAGATATTTTGACT
TGATCGACAAACAT

> rpmA

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L27 (core genome, constant)

Best match: rpmA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1725665:1725949:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 311 ... 596; Length: 285 bp

Sequence:

TTATTCAGCTACTGCATATACAGAACTTGTTTTTTGTTCGCGACCTTTACGTTTCGAATTTA
ACAACGCCGTCGATTTTAGCGAATAATGTATCATCGCCACCACGACCTACATTTTACCA
GGTAAATTTTAGTACCACGTTGGCGATATAAAATTGAACCACCTGTTACGAATTGACCG
TCAGCACGTTTAGCACCTAAGCGTTTTGATTCAGAGTCACGTCCGTTTTTTGTAGAACTTA
CCCTTTTTTAGATGCGAAGAATTGTAAGTTTAATTTAACAT

> DUF464

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: DUF464_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1725961:1726281:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 607 ... 928; Length: 321 bp

Sequence:

TCACTTATAATTTAATCTAATATTCTCATTATATTCTTCTTCAATAGTTTGTAAAGACACAA
GCATTGTTTGAAGAATTAGTTGCGCTTCATCGTTATTTGTATCAACGCTTCTTATATGAAA
ATGACCACCATTGTCGTCATAATTGATATCTGGTCTCTCAGATGTCAATCCTATAATCGCA
TTAACTACTACCAAACAATACAGCTGAAGCTCCAGCACAAACGATATCATGACCATATTCA
CCATGGTCAGCATGGCCATCCATAATAACGTCTGTTACTTTGCCTTCATCATTAACTGTAA
TATCAACAGTAATCAT

> rplU

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L21 (core genome, constant)

Best match: rplU_AF349567.1[184:492]RC

Position: 038-contig_319_RC: 933 ... 1242; Length: 309 bp

Sequence:

TTACGCGTTGATTTTATCGATTGTTAATTTAGTGTATGGTTGACGATGGCCTTTTTTACGTT
TTGAATTTTTACGACGTTTGTATGTGAATACAGTAATTTTTTTACC GCGACCTTGTTTATTA
ACAGTAGCAGTAACTGTTGCACCTTCAACTGTTGGCGCTCCAACCTTAACTGAATCTCCAC
CTACAAATAATACTTTATCAAATGTAAAAGTATCTCCTTCGTTTACGTCTAATTTTTCAAC
GAAGATTTCTTGACCTTCTTCTACTTTGATTTGTTTTCCACCTGTTTCAATAATAGCAAACA
T

> L21

Function: noncoding RNA ribosomal protein L leader RNA (core genome, constant)

Best match: L21_leader-var2_CC025_21193_AFEG0100006.1[87810:88063:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 1254 ... 1508; Length: 254 bp

Sequence:

```
CTGTATAATAAGTCACGCCATACATAGGTGACATTTTCGTTATTGAGTCAAGCGTTTGCCT  
CTACGTTGTTTCGGTCGCAACTCGAGTCATTTATAAACATAAACTCTTCTCGTTTCTTCCTT  
CAACGCCTTGATTGACAATCGCTTTCTTTCAATAACTTCTGCAAATGAGTCAAGCGTTTGC  
ACTCTGTGGGAAAATCGCTTTCTTCATTAATAAATGTTCTTGAACCTATATTTGAGCGGTTG  
TATGTAGCT
```

> **mreD**

Function: protein coding sequence; cell shape determinant D (core genome, constant)

Best match: mreD_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1659668:1660198:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 1534 ... 2065; Length: 531 bp

Sequence:

```
TTACCATTGACGACGTTTCATGTCAATGTCATTGTTTGTTTTTTAAGGAACTTTATAATCA  
ACGGATAAAGCATAATCAACAGTACAAAATTCATAATTAATGTTGGCAATAATCTAAAGA  
CTACAAAATGAATAATATCAAATTGAATGAATCCTAACATACCGTATATTAATGCCACAT  
AGACTTCTAATAATAAGGTGCTGGCTAATATAATAATGAATAACATCGAATGATCTTTGT  
AAAAAATTTTAAAGAATCGATCTATAAGTGCTAAAAACAATATATAGCCAAATAAGTAC  
ACTCCATAAATACTACCAAAGTATACATCAGTCATTACGCCTAAAAATATGCTGAGCAAT  
AATGATACGCCAAAGCCACGATACACTACCATCATTAATAATATACATAAATGTAAGGTGT  
GGTACAAATACAAGTTCAAACCTTACCTATGTGCATTGGAATAAGAAGCCCAATTGCAGTA  
TCTATATAAAATAGTAAAATACCTATCAAAAAATAATACAGTGTACGCAT
```

> **mreC**

Function: protein coding sequence; similar to rod shape-determining protein (core genome, constant)

Best match: mreC_CC188_21340_AGT01000037.1[31211:32053]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 2064 ... 2907; Length: 843 bp

Sequence:

```
TTATTTATCCCTGCTTTTCATCATCAGGAATTGTTTTAGGATCTCTTTTTGCAACATAAACAT  
GACTCAAATCTGTTAAGTCTGCACCAGTCTTAACCCTAACTTCTTTAGCTAAGCCGATTG  
ATCATTTTGAACCTTAGTCACTTCTCCTATATATAAATTACTTGGTAGTTGATCAGCTAAT  
CCACTTGTAACGACTTTATCACCTTTTGAGATATTATCTCTATTATTAATGTCACTAATTAC  
AAGTTCTGAGTTCTTTTCATCATAACGATCAATTAACCAAATATATTTTTAGAACCGTGT  
TGTATATTTACAGATAATTTACCCGCACGTGTATTAGTTGAGATTAATCAACTTGTGAAG  
AAAATTTATTAACCTTTAGTAACTCTTCCAACAAAACCTTGTGATGTCATCACAGCCATATT  
TGAAGTTATACCTGATTTAGATCCCTTATCAATTACAATTGTATTCATCCACTGATCCGGA  
TTTCTTGCCAAAACCGTAGTAGAAATAGGATCAAATTTTGAAATATCTTTTAAATCAAGCT  
CTTTTTTTAATTTTTCATTTTCCGCTTCTAATTGTTGGTTCTTAGATTCTAACTGGCTAATCT  
TATTTTTAGATTCTTTAGAATCTCCTTTTTTAAAAAAGTCCCAATCGTACCAGCAACAAA  
ATTAACCTGGATAACTCACAACCTCGTTGTCCAAAAGACACAGAATCACCTATATATTGTTT  
AGGAGGTGATTGAGATTGTGAACGTATGGACAGCCCAATTAATGCAATAAAAACGATAA  
TTGCACATAAAACAACAATTAATTTGTTATTTTTAAAAAATTAAGCAC
```

> **Q5HFB3**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HFB3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1728721:1729194:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 3298 ... 3772; Length: 474 bp

Sequence:

```
CTATTGATAAGCATTTCGGGTTTTAGTTGTAAATTTTGCCCTAATTCATTAAAGTCTTGTT  
GCATTTCAAATTCAGTATTGTAACACGCATTGACTCATCTCAAATTTATAAAGAATAA  
ATTCGTCTCCTCTTTGACCTATAATATATTGATCATTATAAGCCATGCGATTCAATCCAGA  
CACAGCCATAAACTCTTGTTTATCTATCATTTTTAAATACATTTTTAATTTGGCTTAATGGTA  
CATTCTTTATTAATCATTTTTCTTTAATGAATATTTCTCACCCTTACATAAACATGTTGG  
GCATCATTAGTGGGTTGCGTAACTTGATTCATTTGATCATTATCGTGATTTACAGGATTCC
```

AATCTTGTTCCTTTTAAAAAAGGTGCGTATTTCAAGGCGATATAAACAATTATCACAATTGC
TATTACTGCTATAATGTTTTTAATCATACTAAATATCAATCTCAT

> **Q5HFB2**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HFB2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1729668:1729952:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 4245 ... 4530; Length: 285 bp

Sequence:

TTACTTACGCCCAAATGCGTTAGATAAAAATCGTATCAGCGCGTAGCTACCACTTAGTAA
AAGGCCCAAACGATTCCAGTAAAAATTGAGCCAATTGCTACACTTAATAAAGGAAAAG
CTTGTTTCGTAACGATCACACCTGCTAACGCTGTTACTAAAATACCTAACGTAGATAAAG
CTAATGTTATTAATAGATTGCGCTTTGTTACAGTTTCATTTTTAATATTTAACTGCATGGTA
TAAACCATTGGCACGAGAACCCCGATAATAATAAATAGAGTCAC

> **radC**

Function: protein coding sequence; DNA repair protein radC homolog (core genome, constant)

Best match: radC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1730020:1730706:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 4597 ... 5284; Length: 687 bp

Sequence:

TCAATCATTTTTATCAAAGTAACCCGCTTCTACAAGACTGGTAAATCTATTATCACCGATT
ATAATATGATCCAACAAATCTATCCCTAAAATCAAACCACACTCCTTCAACCTCATTGTTG
TTATGATATCTTCTTGAGGGCGTTACATCACCGGATGGATGATTATGAACTGCGATAAT
TGCATTGGCATTCTCTCACCGCAATACTAAAAATTTACGTGGATGTACAATCGAACTA
TTAATGTACCTTTAAAAACACAGGTTTCTTTAATCACTACATTTTTTTGAATTTAACAATA
AAATGACAAAATGTTCTTGTGTTAAATCTTTCATTGTTGGAATCATATAATCAGCAACATC
ACTTGGTTGCGTTATTTTTATACGATTATTTTCAGCTCTTCTCCCCATCCTTTCCCTAGCT
CAAATGCTGCTTTTAAAGTAATTGCTTTTTGTAATCCAATCCCTTAACTTGTATCAAATC
GTTAATTGAAGATTTTTCAATTCATTGAGATTGCAAGCAGATTTAAGCAGTTCATTACTA
ATGTCTATGCTCGAGAATCCTTTTCTCCGGTGTTAATTAATATAGCTAATAATTCTGTATT
CGAAAGACTTTTTGCACCATGGCTTAACAAACGTTCTCTTGGCATTCTGAAGTTACCATT
TCTTTAATTTTCAA

> **Q5HFB0**

Function:

Best match: Q5HFB0_BM3327_AF186237.2[9:715]RC

Position: 038-contig_319_RC: 5280 ... 5988; Length: 708 bp

Sequence:

TCAAAAATATACGCCTCCTAAAAATTGATGGATATCATTATAAAAAAGTGAATTGATAAA
AAAGGAAATAAATAAATGGAACAAGGGGTAATAGTTTAAATCGGCTTAAATATCATGG
TAATTAAGCAACTAAACCAGCAATGACAAATGTAATAAAAATGACATAAATAGTGAAT
TGGAGAGGGAAAAACAAGAAAGTGACAGATATTAGTAAAACGTCACCATAACCAATATA
TGCCCGAAATAAAAAGTAGAATATATGCGTGGTCATACTAATAATGAGAAAAGCTACTG
GATAAATCATACTTAACGAGAGAGAAACGATACAATAAATTATAATTAACGACAATCT
AACATTAAGAAGTGATATCGGTCATAGTAAAAATAAGCAGAAAAACATATGTAGTTAT
AAATAGCGTAGCATTACGTATGTGAAATCATACTTAATAAAGACGATAGGTATTAAGC
AAAGGTTTCCCCTAAGAAATGTGTTAGGGAAATACGTTTTGACAGTTTCGACATCGCCC
TTTTAATAATAAAAAACTAATAATCGGCATTAATTCATACCATTAAAGTGACGAATTACA
ATAATCACATTTTCGATCTTCTATGTAAATAATCAAATGACGTTTCTTCTATAGATATAAAT
TGATATAGAAAACCTAAAAATACAACCTGCAACTATAAGATAACAATACTACCAA

> **folC**

Function: protein coding sequence; folylpolyglutamate synthase/dihydrofolate synthase (core genome, constant)

Best match: folC_CC001_MSSA476_BX571857.1[1711332:1712603:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 6257 ... 7529; Length: 1272 bp

Sequence:

```
TTATAATGCTTCAAAGTCTAATTTTGATTTAACTTCACTTATGAAATACAGACTACCGGTA
ATTACTAATGTATCACCTTGATAATTTTTTATAAATTCAACGTAGTCATCTACTAATTGTA
TTTCATCATTTTTCAATACTACCTACAATTTCTTCTTTGCGTAACGCTTTCGGAAAATCAAAT
TCAGTTGCATAAAACGTATGCGCAATTAACCTTAAATGTTTGACCATCTCGTTAATCGGTT
TTCCGTTTATTGCTGAGAACAAAATATCTACTTTTTCTTTATCATGGTACTGTTAATTGTA
TCAATTAGAGCATCTATACTCTCTGAATTATGTGCGCCATCCAAAATGATTAAGGTTTGT
CATGCACCTGCTCAATACGTCCAGTCCAACGAACCTGATTCAATACCGTCTATCATCTTATT
GAAATCTAATTCAATTAATCCTTGTTCAATTAATTCAATAAGAGCTGTTATGGCTAATGCA
GCATTTTGTCTGATGTTACCTAGCATACTTAAAATGATTGTTTCTAATTCATAATCTTT
ATAACGGTAAGTAAATTCATCATTTTTCGATACAACAACAATTTCTCTATCTAATTCAATT
GGCTTCGCATGTTGTTCAATTGCGCGTTCACGAACATATTTAATGCATCTTCATTTTTAA
CAGCATATATCACTGGAACGTTAGGCTTTATAATCGCGCCTTTATCCCTAGCAATATCTAG
ATAAGTACCACCTAAAATATCTGTATGGTCTAGACCGATACTAGTTAAGATTGATAAAAC
CGGTGTAAGACATTTGTCGAATCGTTCCTTTATACCCAATCCAGCCTCAACAATGACAAA
ATCAACAGGATGATTTACCAAAAATATAAAAACATCATCGCTGTGATTATTTGCAATTC
AGTTGCAACACCTAAATCTGTTTCACGTTCCATCATTTCACTTACTGGTTTAATACGTGAT
ACTAATTCACAATAGCGTCATTTGATATTGGCACACCATTTAGACTAATTCGTTTCATTA
ATGTTTCAATAAACGGCGACGTAATGTACCTACTTCATAACCATTTCAACTAAAGCTGT
TCTAAGGTAAGCAACTGTAGAGCCTTTACCATTTGTGCCACCTACATGAATACCCTTAATG
TTATTTTGAGGATTATTAATTTGTGCTAGCATCCATTCATACGTTTAACACCTGGTTTGA
TGCCAAATTTAGTTCTTTCGTGTATCCAATACAAGCTCTCTAGGTAATTCAT
```

> **valS**

Function: protein coding sequence; valyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: valS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1732964:1735594:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 7541 ... 10172; Length: 2631 bp

Sequence:

```
CTATGCTTTTAATTGTTCAATTCCTTGCCTTCACACCATCATATTTTTCTTGATAATCTTGTTT
TTTACGTTTTTCTTCATTTATAACCTTTTCAGGTGCTTTACTTACAAAGTTTTTCATTAGAGA
GCTTTTTATCTACTCTATCTAATTCGCTTTGAAGTTTAGCTAATTCTTTTCCAAACGGCTG
ATTTCCCTTATCCATATCAATTAGCCCTTCTAATGGTAATACCACTTTACCTGCAATTACAA
CTGATGTCATTGCTTTCTCAGGAATTTCCACGTCAGTGCTAATATTTAAGGTAAGGATT
ACAGAATTTGATTAAATAATCTTTGTTTTGTGATAAAGTTGTTTCAATTTCTTTATCTTTAG
CTTGAATTAATAAGGTATTTCTTTAGACAATGGCGTATTTACTTCTACACGTGATTGTCT
TACAGATTTAATGATTTCAACAAGTTGTTGCATTGTTGTTTACTTTCTTCAAAAATCAAT
GATTCACGCACTTCTGGCCATGAAGCTTTAACAATTGTGTCACCTTCATGTGGTAAACTTT
GCCATATTTTCTCTGTTACAAATGGCATGAATGGATGTAGCATTCTCATAATATTGTCTAA
AGTATAACTCAATACTGAACGTGTAACCTGTTTTTGTCTTCATCATTACCATTCATTGGA
ATTTTACTCATTTCATGTACCAATCACAGAAATCATCCCAAATGAAATTATATAATGCAC
GTCCAACCTTCGCCAAATTCATATTTGTCACTTAGATCAGTAACTGTTGCAATCGTTTCATT
TAAACGTGTTAGAATCCATTTATCTGCTAATGATAAGTTACCACTTAAATCGATATCTTCA
ACTTTAAAGTCTTCACCGATATTCATTAACCTGAAACGTGCCCATTCAGATTTTATTGA
TAAAGTTCCACACTGACTCAACTTTTTTCAGTTGAGTATCTTAAATCATGTCCTGGAGATGA
ACCTGTTGCTAAGAAGTAACGCAAGCTATCAGCACCGTATTCGTCAATAACATCCATTGG
ATCCACACCATTACCTAATGATTTACTCATCTTACGCCCGTCTTCAGCACGAACATAACCG
TGTAATAATACATCATTAAATGGACGACGATCTGTAAATTCTAAGCCTTGGAATATCATG
CGTGCTACCCAGAAAAAGATAATATCGTAACTGTAACCTGTAACCTAAGGCATTTGTTGGGTAGTAT
CGTTTAAAGTCTTCACTTTCTAAATCAGGCCAACCTAACGTAGAGAAAGGCCATAAAGCA
CTTGAGAACCACGTATCTAATACATCTTCATCTTGTGCCAATTTTCAATATCAGTTGGCG
CTTCTTCTCCAACATATATTTTCGCTGTTTCTTTATGATACCAAGCCGGAATTTGATGACC
CCACCATAATTGTCTTGAAATCGTCCAATCTCTAATATTTTCCATCCATTGGTTAAATGTA
TGTTTCGAAACGTTGCGGATAAAAATCAATACGATCATCTGTTTTTTGGTTATCTAATGAAC
GTTTCGCTAAGTCTTCCATGCGCACAAACCATTGTGTTGATAAATATGGTTCAACAACAG
CGCCAGATCGTTCTGAATGACCTACAGAATGAACATGATCTTCAATCTTGATAACTAAAT
CTTGTTCTTTTAAATCTTTAACTAGCTGTTTACGACAATCAAAAACGGTCCATACCTTCGTA
```


TTTACCCGCTTTGTCGTTCAATTTACCATTTTCATCCATAACGATAATATTTTCTAATTGAT
GTCTTTGACCAATTTCAAAATCATTAGGGTTCATGTGCTGGTGTCACTTTCATAGCACCAGA
ACCGAAGTCTATATCAACATACTCATCTGCTAAAATAGGCAGTTCGCGTCCTACGATTGG
TAATATAACAGTTTTACCGATTACATCTTTGTATCGTTCGTCATTAGGGTTAACAACAATC
GCTGTATCACCTAACATCGTTTCTGGTCTTGTGTTGCAATTTCAATAAAAACCTTCACCAT
CAGCGTAAGGATATTTAAAATGATAAAACGCACCTTGAACATCTTCATGTATTACTTCAA
TATCAGATAAAGCTGTACGTGCTTTAGGATCCCAATTTATAAATACGTTCCGCCACGATAAA
TAATTCCTTTATTGTATAAATCAACAAAACTTTTTTAAGTCTTTACTTAAACCTTCATCT
AAAGTAAAACGTTCTCTACTATAATCTAAACCTAGACCTAATTTAGCCATTGCGCACGA
ATAAATGACGCATACTCTTCTTTCCAATCCCATGCCTGTTCTAAAACTTTTCACGACCAA
GATCATATCTAGTTATTCCTTGTTCAATTTAATTTAGCTTCTACCTTTGCCTGTGTGCAATA
CCAGCATGATCCATACCTGGTAAGTATAACGTATCGTATCCTTGCATACGTTTCATACGTG
TAATGATATCTTGTAAAGTCGTATCCCATGCATGTCCTAAATGTAATTTACCAGTTACATT
TGGTGGCGGGATAACAATTGTATATGTTTTCTTTTGATTTATCTTCTGACGGTTTAAAATAA
CCATTCTTTACCCATTCTTCATAACGTCCCGCTTCAACTTCACGAGGATCATATTTTGGTTT
CATTTCCAT

> **tbox08**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox08_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1668350:1668651:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 10215 ... 10517; Length: 302 bp

Sequence:

AAATAGGACGGATATTCCGTGGTACCACCTATATTCAAGAAGGATGATTAATATCAAATT
CACTCTTTTAAACATAATTGGAATAATCATACCAATACTATCATCGTGAAATTTGAAATGCT
TCATCTCTTCAAGCACTCTAGATTATGATTAACGCTCAAACACGTCTTAGCCTACTATTAA
TCACGTTCAAGATACTCTGTGGGCTACCTTCAGTAAAAATCATTTACATACTCACAC
CAAATCATATGCTCTCTTTAAAATAATTTGAACTTACTCTTCCCAAATCCTATATTTAA

> **tag**

Function: protein coding sequence; DNA-3-methyladenine glycosidase (core genome, constant)

Best match: tag_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1735997:1736557]

Position: 038-contig_319_RC: 10574 ... 11135; Length: 561 bp

Sequence:

ATGAATGAATGCGCATTGTTGGTACTAAAGATCCAGTCTACTTAGACTATCATGATCATGTA
TGGGGACAACCGCTCTATGATAGCAAGGCATTGTTTAACTTTTAGCATTAGAATCACAA
CATGCTGGGCTATCTTGGTTAACTATTTTAAAAAAGAAAGAAGCCTATGAAGAAGCATT
TATGATTTGAAACAGAAAAGGTAGCACAAATGACCGCTCAAGATATCGACCGCTTAATG
ACTTTTCCAAATATCGTTCATCATCGTAAAAAATTAGAAGCAATTGTTAATCAAGCTCAA
GGGTATTTAAAATTGAACAAGCATATGGTAGTTTTAGTAAATTTTATGGTCATATGTAA
ATGGTAAGCCTAAAGATTTGCAGTATGAACATGCTTCTGATCGTATCACAGTTGATGATA
CTGCAACACAATCTAAAGATTTAAAACAATACGGGTTTAAATTTTLAGGTCCAGTAA
CAGTATTTTCGTTTTTAGAAGCAGCCGTTTATATGATGCACATTTAAAAGATTGTCCATC
AAAGCCTAAACACAATTA

> **abrB**

Function: protein coding sequence; putative ammonia monooxygenase (core genome, variable)

Best match: abrB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1774152:1775225:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 11357 ... 12431; Length: 1074 bp

Sequence:

CTAATCTTACGCTTATTCGAACGATATTTTAAAAGTAATTAATTCCTGGTGAATAATA
AATAGGATGAAAAGATTTCGAAAATATGATAACTCGTAATCATAGCAACATCGGCACC
AGTAGCTAATGCAACTAAAATCTGATTAACCCCTCCTGGTGTGTCACCAAGAAACAA
TTCATTAATAGGATTATTATCAAAGAAATGTATGACATAAACCATGATTAGCGCACCAAT
TATCAACATAATATTTGAATTGTAATTGCGATTGCTAGTCTACCTTTTAAATCTGACAAT
AAATGCGCAATTTGAACTCCAATTCTAATCATATATATTAGTTGTGCCATGTTCAACAACC

AATGATCTAGTGTAATGTTAAACCTGTAGAAAAATTCCAAACAATTAATACAATGAGTG
GTGCTAATAATTGAAATGTTGGAACTTTATTTTAGACATAATTAGATAAACTATAAAGA
TAGCTATCGCTAAAATAACTATTTGCCTTATGTTAATACTTGTGATAAAGGCAAGACTTT
TGTTAACTTTCCATTCGCATGCATGTTACCATCATGAAAAAATATGAAATGAACGGTAC
TAAAACAACAACAATATAATTCGTGATGTTTTCGTTAAGCTAACAATAACAATTAGC
ACGTTTGTCTTGTTCAGCCATGACCAGCATTTGTGTTAGTGCTCCTGGTATAACACTTAAA
ATAGCTGTTTCCGTATTAATACGTGCAATTTTTTTAAAAATAAATGCCATTACTATTGCAA
TTAATAATATCGAAATAGATACAACAATAATCGAAAGCCAATTGTCTTTAATATCCATAA
CGACATTTTTTCGTAACCGTTGATCCGATTTGCACCCCTAATAGTACAATCCCTAATTCCT
AAGTAAGAATGGCCATTTAATATCAAGTTTGAACACTTTCACACAAATGATTGATGCGAT
AATAGGACCAACATAAATGGGAGTAATACGTGCGATGAATACAATATAATACTAATAA
AAAATGATAAAACGAACACAATGAAATTATTTCTATATATCATTGTCAT

> **tx_hemL1**

Function: rho-independent terminator

Best match: tx_hemL1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1737994:1738046:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 12568 ... 12621; Length: 53 bp

Sequence:

ATATACATTTAAAAAGAGCCTGAACAAAGTTCAGGCTCTCAATTTGTCCGTAT

> **hemL1**

Function: protein coding sequence; glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase/locus 1

Best match: hemL1_CC001_MSSA476_BX571857.1[1717701:1718987:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 12623 ... 13910; Length: 1287 bp

Sequence:

TTATTTTACAATACGACTTAAAGCCGTATCAAATGCTTGAATCGTTTTTTCAATATCTTCTT
TCGTGTGTGCCGTAGATAGGAATGTACCTTCAAATTGAGATGGTGGTAAAAACACACCTT
CTTTTGCCATTTCTCGATACATTTCTGCAAATAATTTCAAATCACTTTTATTTCGCTTGTTCA
AAATTAGTTACAGGTCCTTCATTTAAGAAATAACCAATCATTGAACCTGCTCTATTTACAG
TTATTGGTACATTGTGTTTAGCAAATACACGCTTTAAACCGTCTTCAAGTATATCGCCTAA
CATATTTAAAATACTCATATGTCTCTGGCGTTAATTGGCTTAACGTTTCATAACCACTTGTC
ATTGCAAGAGGATTTCTGATAACGTACCCGCTTGATAAATATTTCCCTAATGGTGCTATAT
GATCCATGATTTCTTTTTTACCACCAAAGCACCTACAGGTAGTCCTCCACCGATAACTTT
TCCTAAGCAAGTTAAATCTGGTGTCACACCAAAGTAACCTTGTGCACAATGATAACCGAC
TCTGAAACCAGTCATTACTTCATCGAAAATTAGCAATGCGCCGTATTTCAGTCGTAATATTT
CTTAATCCCTGTAAAAAACCTTCAATCGGCGGTACGACACCCATATTACCAGCAACAGGT
TCTACGATTACACCAGCAATATCGTCTCAAATTTTTTCGAAAGCGATTTTAAGTGCATCTA
AATCATTGTATGGAACCTGTAATTGTATTTTTAGCAATACCTTCAGGCACACCAGGAGAAT
CCGGCAATCCTAATGTTGCCACCCCAAGAACAGCTTTGATTAATAACGAATCACTATGAC
CATGATAGCAACCTTCAAATTTACAATTTTTATTTCTTCCAGTATAACCACGTGCTAATCT
TAAAGTATCCAATGTAGCTTCTGTACCAGATGACACCATACGCACTTTTTCTATTGAAGGT
ACTCGGTCAATAACGAGCTGCGCCAATTTATTTTCAAGTAATGTTGATGCACCAAACTT
GTACCTTTATCAATTGCTTCATGTAATGACTAATAACTTGAGGGTCTCTATGTCCTAAAA
TAAGTGGCCCCCACTTAGTACATAGTCGATATACTCGTTACCATCGATATCATAAATTTT
TGAACCTTTACCGTGATCCATAAAAATTGCTGGTGTATCTACTGATTTAAATGCGCGTACT
GGACTATTTACACCACCAGGCATTAAGTTTCAGCAACCTTCATTGCTTCTTCTGATTTCC
TATATCTCAT

> **hemB**

Function: protein coding sequence; porphobilinogen synthase

Best match: hemB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1739383:1740357:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 13957 ... 14932; Length: 975 bp

Sequence:

TTATTTATCTAAATAGCGACAAATGTCCTTTGCAAATACGTAATAATCATATCAGCACCT
GCACGTTTCATTGAAACCATTTGTTCCATAACGACACGTTCTTCATCTATCCAACCATTTT
GTGCCGCTGCTTTAGTCATACTATATTCTCCACTCACATTATATGCAACAACCTGGAACATT
CGTATGATTTTTAACATCTCGAACTATGTCTAAATAACTTAGAGCAGGTTTAAACAATCATC
ATGTGCGACCCTTCTTTAAGATCACTTTCTAATTCACGAAGTGCTTCCAAACGGTTAGCAG
GGTCCATCTGATACGTTTTTCTATCCCCAAATGATGGCGCTGAATCTGCTGCATCTCTAAA
AGGTCCAAAGAACTTGATGCATACTTGACACCATAACTCATTATAGGAATATTGTAATA
GCCGGCTTCATCTAATCCACGACGAATTCAGCAACAAAACCATCCATCATATTACTTGG
CGCAATAATATCAGCACCAGCTTCCACTTGAGAAATTGCTGTTTTAACAGTAGTGGCAA
TGATTTATCATTGTCAACGTCATGTGTATGGTCATCAATCACACCACAATGACCATGATCA
GTATATTCACATAAACAAGTGTCTGCAACAATTAATAAGTCATCATACATTTTTTTAGCAA
TACGTGTTGCCTGTTGAATAACACCATCGTGAATGTATGCACCAGTACCTATATCATCTTT
TGAGTTTGGAAACACCGAAAAACATAATGGCACGTATGCCTAAGTCATAAGCTTCTTTTAA
TTCACCTTCAAGTAAATTCAAACCTGATTTGGTATACACCTGGCAATGACTTAATTTCTTTT
TTCACATCGTCTTTTTCAACTACAAAATTGGATATATTAATCTTCTTTTCTTACATGATT
CTCTCTAACCATATCTCTCATTGTGCGCTGATGATCTCAATCTTCTATGTCTATCAAATTTCA
T

> hemD

Function: protein coding sequence; uroporphyrinogen III synthase

Best match: hemD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1740360:1741028:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 14934 ... 15603; Length: 669 bp

Sequence:

TTAGCCCCTACTTTCTAAAATCTTTTCAATTAGTGATTTCGAGTGTTTGAATTTCTGCAATTG
TACTGGTTGTTGATATGATTTAATGGTCCGTGCTGTTTGTCTCCAATAGCAAAATACGA
CTTGAATTTTGGTACAAATCCTTCATTAATAATAACGTAAGTCCGACGAACTTGAAAA
TGTTAATGCATCGATTTGTTGATGTTCTATCATTCTTTAACATCTTGTATATTTGTTTGT
AGGCACTGAAGTATATAAATCTATTTTAAACAACCTCATTATCTTTAGATAACGCTGCTAAT
ACAATGGTCTCGCCAATTCACCTCGAAGGCAAAAGTATTTTTGGTTAGTTTGATTAATG
ATTTTAAAAATCCTTCTTGAGAAAAGTCGTTTGGCATAAAAATCAACTCGAATGCCAAGTG
ATTCACAATATTGCGCTGTCTTACTTCCATCACAGCAATGTTATCAACATTAATTCCTTTT
AGATATTTATAAAGAATTTACAGCATTTTLAGATGAAAAAATAAGCCAGTCATAGCGT
TGATTTAACAAATGAATATCAAAATTTAGTGGCTTTATATCAATAAAGGGTTTGTGAATA
ATTGATACTAAATCACTTTGCATGTCATTTGTTTGTGTCATAACTACAACCTGGCTTCAT

> hemC

Function: protein coding sequence; porphobilinogen deaminase

Best match: hemC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1741050:1741976:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 15624 ... 16551; Length: 927 bp

Sequence:

TTAATGTTGTTTCATTTAAGCGTTTTATAATTTTCATAAGCACCTTGCTCTTTTAAATTTGTTAC
TCACTGTTTTGCCTAACTCAACCGGATCTGTTCCGTTTCATTGTATATTCAAATCGTTCTTTA
CCATCTGGGGTCATAATTAACCTGTAAATTCGATTTTCGTTTTGATCTGAGATTGTAGCAT
ATCCTGCGATTGGCACCTGACAACCTACCATCCATTTCTGCTAAAAACGTTTCGTTTCAGCAGT
CACACATTTTGAACCTCATCATTATGTACTTTGCTTAATAATGTTAATAGTTCTTCATCGT
CACTACGACATTCTATCCCTAAAGCACCTTGTCCGATTGCAGGTAACAATGTATCTCTATC
AAGATAAGATGTTACAATATCATCTGACCAGCCCATTCTTCTTAAACCAGCTGCAGCTAA
AATAATCGCATCATAATCTTCAGTTTGTAACTTTTCTAATCGTGTATCTATATTACCTCTAA
TCCATTTAATCTCTAAATTAGGATACTTAGATAATATTTGTGCACCACGACGTAATGAACT
AGTACCAATAATACTGCCTTCTGGCAATTGGGATAGTGGTGTATGTGTTTTAGAAATATA
CGCATCAAAAGGTAATTTCTCTATCAGGGATACAACCTAATGTTAAACCTTCCGGAATTAC
ACTTGGTACGCTTTTAAAGCGAGTGTATTGCCATATCGATATTTTTTTTCAAAAAGTTCATGT
TGATTTCTTTAACAAATAAGCCTTTGCCTCCGACTTTAGACAATTGCTTATCTACTATAC
GATCGCCTTTCGTGACAATTTCTTTAATTTCAATTTCTAGATTTGGCTCGACAGCTTTTAAAT

TTATCAATAAATTGCTGGCTTTGTGTTAAAGCTAATTTACTTCTTCTGGAGCCAACGACTA
ATTTACGCAT

> **hemX**

Function: protein coding sequence; membrane uroporphyrinogen III methylase

Best match: hemX_CC001_MSSA476_BX571857.1[1721670:1722485:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 16592 ... 17408; Length: 816 bp

Sequence:

TCAATTCACAAAATGTGTTGCAAAAAATAAATTAATCATATTTAAGCAAAAATAAAATAAT
GTTATAGTATATTAATAACCTTGAATTCAACCATTTGTTGATTCTAAGCAATATATAACTT
CCATATAATATTGTAATAATTGAAGAGAGTATTACCTTCGGGTCAATGAATATACGTTCA
CCAAGTAAATTACACCCCACTGTGTACCTAAAATAATACTAAATATGAGAATTATCCAC
CCACTTAACGTTGAGTAAACACAATTGATTCAAGTGTAGCAACGCTACCTATTCTAAAG
TATTTTTGATCAAAACGTTTTTCCTTCAAATTACGGTATTGCATGATATACAGTAATGCAT
TGACAAAAGCTAAGGCAAAGAAGACATAACTTAACACAGCTAGACCGATATGGACTAAC
AGTAAGTCTGCTACAACAGCAATTTTCTGAACCTTATTAGTATAATGTGTGCGGTTGAAATG
TATTCATCCCTAAAAGTGTAAACCCTATTAATCAAGAAAAACACAGAGAAATTCAATA
CTTTGATAAGGTTAAGAATTAAGAGATTGAAATAATCAGCCAACCTTAAAGTATAGAATA
CATCTGAAATAGACCCTAATGGAATATGTCTAGTTTGTATAATAAAAAATAGATAAAGAGA
TTGTTTGTAACCCAAACAATCCCAATAAATATATGCCTAACTTCTAATCTTATGACT
TTTTTGGACAAAATCATAAAAAATAGCAAATGATACTGATTAAGTATATTAATAATATAAT
TTCATTGAATCGAATAAACAGGTTTTCTTGCAT

> **hemA1**

Function: protein coding sequence; glutamyl-tRNA reductase (core genome, variable)

Best match: hemA1_CC001-ST772_118_AJGE01000003.1[45337:46683]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 17429 ... 18776; Length: 1347 bp

Sequence:

TTATTCAAAACACTAAAGATACGTCGCGCTGAAATTTCTTGACCTTGCTTTCTTTTTGTTGCT
TCGCTTGCTCATGAGGACATTCAGCTTCGATATCAAATATATTTTGAAATAGCTCTAATTT
TTCATTACTTTTTCTTATCACTACTTAATTCTTTGGCCTGTTAATAGGATCTTCAACATTT
GATTGATGATACTTTTTGTATGTTTAGATATAATTTTACGTTCTCTTTTCGCTTAACCCTGGC
AATTTACGATCAATACTGTCCATCGTTTTCTGCTTGAATTGTCATAGCTTTTTTCACGTAAAG
CTCTAATCACTGGAACAACCCCAACATACTAATCCACTCATTGTGTGCATGTATTTCTGC
AGGAATTTGTTCCGAAATTGTTGCAGCCGCTAATTGTCGCTCACGTAAGTTTGCATCAACT
AAACCTTTTAAAGTCATCAACATCATAATTAAGATGTTTGTGATGGCACTAATACCAGGT
TCAATATCTCGAGGAAGTCAATATCAATCAATACTAGTGAATCTTGCTTTCTATTTTCTG
CAATTTCTTCTATCATTTCATTTGTAATGATATAAGATTGTGCACTCGTTGAACTAATCAC
AATATCTGCACCTTCAAGTAAATTTGGTAATGATGATAGTTCATCATATTTCACTTGATGC
TTTGCTGCTAATTTCATAGCATTTCATTTGTTCTATTTACTACTGTAATATCAGTAATTCC
AGAACCAAGAAGATTTAATAGTGATAATTCATCTATTTCCCTGCACCAATAATGATAGC
TTGCTTACTTTTTCAATTTGCCAAATACTTTTTTCGCCAACTCGACCGCAGCATAAGACACA
CTTACAGCATTATCAGCTATATCTGTTTCATTATGTGCTCTTTTTTGCAAAAAGTAATTGCCTG
TTTAAATAGATGATTAATAAATTGTTCCCTGTCGTACCTGTGCTTTTGCCTAAGAAAAATGCA
TCTCTTATTTGACCTAAAATTTGAGTTTCTCCAAGTACGATTGAATCTAAACCAGAAGTGA
CACGCAATAAATGTTCTACTGCTTCGTCCTCCCACTTTTACTTCTGACATTGCTTTAATATCA
TCTACTTCAAATCCAAATGCACGAGCTAGAAATCGTTGAATATAGTAACGACCTGTGTGA
ATTTGATCAACAACAGCATATACTTCAGTTCGATTACATGTTGATAAATATGACATTTTCTA
AAATAGATTTAGTTTCATATAAATCTTCATGGGCAATTCGTAAGGCATCATCTCTAAAAG
CAACTTGCTCTTAGTGCAACATCAGCTGTGCGATGATTTATACTAATTGCAATAAAATG
CAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 18076 ... 18085; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **engB**

Function: protein coding sequence; GTP-binding protein

Best match: engB_CC001_MSSA476_BX571857.1[1724070:1724660:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 18992 ... 19583; Length: 591 bp

Sequence:

CTATGAAATATACGGTTCAATTAATTCATATTTGTTGTTGTTTATTATTTTGAATTGATG
ATAACTTACAATTGTATCGTCTGGGTCATATCTAATTGTGTCTTAATATTTTAAATATG
CTTTTGAACTTTACCTTTTGGAAATTTTGTCTTCTTTAGTGCATATAACTAAAGTAGGAATAT
CAAATGTTTCAAATAATTGTACATTAAGATATCATCTTGTGTTGGATCATGTCTTAAATC
AACTAATTGAATAACTAATTGCAAATCTCTCTCTTAGTTATATATTCCTCAATCATTTTCC
CAAATTTTTCACGTTGTGTTTTACTTACTTTAGCATATCCATACCCTGGAACATCCACAAA
AATAAGTTGTTTCATCTATATTATAAAAATTTAACGTTTGCCTTTTGGCGGGTTGCTGTGAT
GTACGTGCCATATTTTCTGCCAATCATACTATTGATAAATGTAGACTTACCTACATTAG
ATCGACCGCTCAGTGCAACTTCAGACAATTCTGTTTCTGGATATTGTTCTTCTTTTACTGC
ACTAATGATTAATTCTATATTATTAGGATTAACTTTCAT

> **txbi_clpX**

Function: bidirectional rho-independent terminator of clpX

Best match: txbi_clpX_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1745075:1745150:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 19649 ... 19725; Length: 76 bp

Sequence:

ATACATTATAAAAAAGCTCCGATCAAAGTTAAACTATTTGAGCGTCAACTTTGATTGGAG
CTTTTCACTTTTATAA

> **clpX**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent chaperone protease/ATP-binding subunit

Best match: clpX_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1745162:1746424:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 19736 ... 20999; Length: 1263 bp

Sequence:

TTAAGCTGATGTTTTACTATTATTAATTAATTAATGCCTTCTGCGTCGTATAGTTCTGGTTCAG
TTTCTTCATTAATTGTTTGTGCTGTAATAACTACCTTCGTTACATTTTCGTTAGAAGGCACA
TCAAACATAATATCGATTAACGATTCTTCTATGATTGAACGTAAACCACGCGCACCTGTTT
TTCTTTCAATTGCTTTTTCACTAATTGCTGATAAAGCTTCTTCAGTGAACCTCTAAATCCACA
TCATCTAATTCCAGCATTTTAGTATATTGTTTCAAGTGCATTTTTAGGTTGCGTTAAGA
TGTTTTTCAACGCAGTTACATCTAATGTTTCTAAATTAGCTACAATTGGCACACGTCCGAT
AAATTCAGGAATCAAACCATAGGCTTGCAAATCTTCTGGGCGAATTTGTGCTAATAATGC
TTGTTTCGTCATATTTATCAGCTTCATTGCTTGAAGAAACCAATAACTTTTTACCAAGACGG
CGCTTAATCACTTCTTCAATACCATCAAAGGCACCACCAAGAATAAATAAGATATTTGTT
GTATCAATTTGAATCATTTCTTGGTTTGGATGTTTGCCTCCCTTGTGGCGGAACACTTG
CAGTCGTACCTTCTAAGATTTTAAGCAATGCTTGTGTAACACCTTCACCTGAAACGTCACG
TGTTATAGATGTGTTTTAGATTTACGTGCAATTTTATCAATTTTCATCTACATAAATAATA
CCTTTTTCGGCTTTATCAATGTCAAAGTCAGCTGCTTGAATTAATCTCAACAAGATATTTT
CAACATCATCGCTACATAACCAGCTTCAGTTAAACTTGTTCGCATCTGCAATTGCAAATG
GTACATTCAACGTCTTGGCTAATGTTTGGCTAATAATGTTTTACCACTACCTGTTGGCCC
AATTAATGCAATGTTACTTTTTTGAATTC AACATCATCTTCTTTTGGTCTAATTGTTGAA
TACGCTTATAGTGGTTATAAACAGCTACAGCTAAAGATTTTTTAGCTTTTTCTTGACCAAT
AACATATTCGTTTAAATGATCCATAATTTCTTTAGGAGTAGGTAATTCTGTCATCGCTTCA
GAAGTGTTTTGAGCTAATTCTTCTTCGACGATTTCTGAGCATAATTCAATACACTCATTAC
AAATATATACACCACTTCTGCTACAAGTTTTTTTACTTGATCTTGGTCTTTTCCGCAGAA
AGAGCATTTCAAATTTTCTTCATCTTCATTGAATTTAAACAT

> **tig**

Function: protein coding sequence; trigger factor (core genome, constant)

Best match: tig_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1746575:1747876:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 21149 ... 22451; Length: 1302 bp

Sequence:

```
TTAATCTTCTTTAGTTCCTTCAACGAACTTTGCGTTATCTCTTAATAAAATCGATAACTTTTT
GGATACGAACATCATTTTTAATGATATCAGTATTACCTAAAGTATTTTTGATATCTTCAAC
TGAGATATTAATTTGTTTACTCATTTTTTCTAATTCCTTATCGATATCTTCATCAGTAGCTT
CGATTTTTTTCAGCTTCAGCGATCGCAGTTAAAGTTAAGTTAGTTTTAACACGTTGTTCTGC
ATCGTCTTTCATTTGCTCTCTTAATTGAGTTTCATCTTGACCTGAGATTTGGAAGTACGTTT
GTAAATCTAAACCTTGTTGTTGAATTCCTTGTGCAAATTCAGACACCATAACGATCTAATTC
AGTATTAACCATTGCTTCAGGAATATCGATTGTTGTATTATCAGTAGCTTTTGTAAATCGCT
TCTTCTTTTTCAACATTTTCAGCATCTGTAGCTTTTTGTTTCAGCTAAACGTTTACGTAAGTT
TTCTTTGTAAGTCTACTGTATTTGCTTCTGCATCTAATTCATTAGCAATTTTCATCTGTTA
ATTCTGGAACCTCTTTAAATTTAATTTTCGTTAACTTTTTGTTTTGAAAGTTGCTTCTTTACCA
GCTAATTCCTTCAGCATGGTATTCTTCTGGGAATGTTACGACAACATCTTTTTCTTCGTCAA
CTTTCATACCTTCTAATTGCTCTTCGAAACCAGGTATGAATGAACCTGAACCGATTTCTAA
ATCGTAAACCTTCAGCTTGTCACCTTCGAATTCCTTCCGTCAACTGAACCACTAAAGTTCG
ATGTTAACTGTGTCGCCATTTTCAACAACACCATCTTCTTAACTACCATTTCAGCTAAAT
GTCCTAAGCTGTGGTCAATCGCTTCTCGTAACTCATCATCAGATAATTCAGTTTCTTGTTTT
TCAATTTCAAGACCTTTATAGTCTCCTAATTTAACTTCTGGCTCAACTATAACTGTTGCTTC
AAAATGAAATCTTTACCTTTTTCAATTTGAGTAACACTTACTTCTGGTTGTGCAACTGGT
TTAATATCAGTTTCGTCAATTGCTTCACCATAAGCATCTGGTAATAAAAATGTCGATAGCAT
CTTGATATAATGCTTCTACACCAAAGCGTTGTTCAAAAATTGGACGTGGCACTTTACCTTT
ACGGAATCCAGGTACGTTAATTTGTTTAAACACTTTTTTGAATGCTTGATCTAACGCTTTG
TTTACTTTTTCTGCAGGAACAGTAAACAGTTAATAAACCTTCGTTACCTTCCTTTTTTTCCCA
AGTTGCTGTTCAT
```

> **rplT**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L20 (core genome, constant)

Best match: rplT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1749737:1750093:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 24311 ... 24668; Length: 357 bp

Sequence:

```
TTATTTTAAAGCATCTTTAGCTTTAGTTACTAATTGAGCAAATGCTTTTTTCGTCAGAAATT
GCGATTTCTGATAACATTTTACGGTTAATGTCGATACCAGCTTTTTTCAAACCGTTCATTA
AACGTGAGTAGCTCATTTTCATGTTGACGAGCTGCTGCGTTGATACGTGTAATCCATAATTT
ACGGAAGTCACGTTTACGTTGACGACGGTCACGGAAGCATATTGACCTGATTTTCATTAC
TTGTTGCTTAGCTACTTTGTATAATGTATGTTTTGAACCGAAGTAACTTTAGCTAATTTA
ATCGTTTTTTTTACGACGCGCTCTTGTTACTGTTCCACCTTTAACTCGTGGCAT
```

> **rpmI**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L35 (core genome, constant)

Best match: rpmI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1750140:1750340:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 24714 ... 24915; Length: 201 bp

Sequence:

```
TTATTTTTTGTATGCTAATAATTGTTTTACACGTTTCATATCGCTCTTAGACACTAATCTAG
CTTTACGTAATTGACGTTTTTGTGTTAGTGCTCTTGTGTTGCGAATAAGTGAGATGTGAAAGC
TCTTGAACGTTTTAATTGACCTGAAGCAGTTCTTTTAAACACGTTTAGCTGCTCCGCGGTGA
GTTTTCATTTTTGGCAT
```

> **infC**

Function: protein coding sequence; translation initiation factor IF-3 (core genome, constant)

Best match: infC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1750369:1750896:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 24943 ... 25471; Length: 528 bp

Sequence:

```
TTATTTTTTCAGCTGTTGGCGCTAACATGATAAACATTTGACGCCCGTCCATTTTAGGTTTTT
GTTCAACTGTTGCTATATCTTTGCATTTCATCTGCATATTTTTCTAGCACACGTTGACCAATT
TCCTTATGCGTAATGGCACGCCCTCTGAAACGAATAGATACTTTACATTTATCGCCTTTAG
TTAAGAATTTACGTCCGTTTTTCAACTTAGTTTTGAAATCATGTTCCCTCAATTGTTGGACTT
AAACGAATTTCTTTAACATTGATAATTTTTTGTTCCTTTTTCATTTCTTTTTCTTTTTCTGT
TGTTCGAATTTGAATTTACCGTAATCCATAATTCTTGCAACTGGTGGTTTCGCATTTCGGTG
CAACGACCACTAAGTCTAAATCTACACGTTTCAGCCATTTCTAAAGCTTCACGCTTTGATTT
AACACCAATTTGTTCCACCATCTTGACCGATTAACGTAATTCTTTTGCACGAATTTTGTCAT
TTGATTTGAGTTTGATCTTTTGCTATGGTTGACAC
```

> L20

Function: noncoding RNA ribosomal protein L leader RNA (core genome, constant)

Best match: L20_leader_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1750925:1751050:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 25499 ... 25625; Length: 126 bp

Sequence:

```
AGCAAAAAGGAAGAGCAGGTATAAAATACCCGCTCTTCCTTATACACAGTTATGTGTAAT
GTGATTAACCTGCCAACTGCTTTATGCGTCGCTACAGGTGAGAAGCGGGTGCTTCTACTT
GGTTCCG
```

> lysP

Function: protein coding sequence; lysine specific permease (core genome, constant)

Best match: lysP_AC078832.7[17642:19135:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 25699 ... 27193; Length: 1494 bp

Sequence:

```
TTAACCTTTTATTTTCATCCATTGACACGTCTTGACGTAAATCTACTTGTTCTAATGGAATTT
TTTTCGTTTTATATCGAAGCTTATGATAAATAAAGAATGCTAAAAATACTGGGATTCCCAT
ATACGTAATTAAGAATCGACTAAAATTAATAATCTCCTGTTTTAATAAAGTCAACATCTTG
ACCAATAATTACTACAATACATAAAAAGCCAGCAAATAATGGTCCGAATGGGAATAATTT
AGCAGTATATTTAATTTAGATTTGTCATAATTTTGTTTATCAAATGCTCTTCTAAATCGAT
AATGACTTACTGCTATACCTACCCAAGCAATAAAACCAGTTAAACCACTTGCTGCAACGA
TATATTCGTATGCACCTTTTTGTAAGGCTTTGTAATACGAAAATTATCACTACAATGATTGC
TGTAACGAGTAACGACATATATGGCACACCGTTTTTATTTGTTTTACCAAATGCTTCAAAC
GCTAATTTATCTTTACTCATTGAATATAGCATTTCGAGTTGAAGCATAACATACCTGAGTTAC
CTGCTGATAACACAGACGTTAAAATGACTGCATTTCATAAATGATGCTGCAAACGCAAATC
CAGCATTTTTAAACACTAATGTGAATGGAGACGTTGCTACATTATCACTACCACCCATTA
ATGCACTACTATCATAAGGAATTAACATACCGATAACAAAATGGCTAAAATGTAAAAT
AATAAAATTTCCAGAATACTTGTTTAATTGCTTTTCGGCACAGCACGTTTCAGGATTTTCTG
ATTCACCAGCCGTAATACCAATTAACCTCAGTACCTTGGAATGAGAAACCAGCGATTAAGA
ATACACCTAGAATTGATAATAAACTTCCTCCTAAGTTGCCACCAAGAATAGGACCTTCAC
CTTTATTAAATATTTGGAATCCTACAACATGACCACCCATGATTCCGACAATCGTTAATAA
ACCAATTGCAATGAAAACAATAACTGTAACCACTTTTATCAATGCCAACCAAGTATTCCT
TTCACCATAGACGCGAACTGATAACGAATTCAGACTAAAATTATAACTAAGAACAACG
CACTCCATGCCAAGCGGGTATGCCTTGCAATGGTGTCCAATATTGAATGACTTGTGCTG
CAATCGTAATATCTGCTGCTACAGTTACTACCCAGTTAAACCAATAGTTCCAACCAAGCG
CAAACCCTAAAGATGGATCAACAAATCTTGTAGCATATGTACTAAATGAACCTGATACTG
GCAAATACGTAGCCATTTTCGCCAAGTGACGTCATTAAGAAAAATAACCATTATTCGATAA
TTGCGTATCCTATTAATGCACCCAAAGCACCTGCATCATGAATTGCTCCACCAGAAGTTA
CAAATAAACCTGTACCAATACAACCCCAATCGCAATCATAGAAATATGACGATCTTTAA
GTCCCCTTTTGACAACATTGTTACTTTTCATTTTGAACCTTTTGACAT
```

> **Lys_riboswitch**

Function: noncoding RNA lysine riboswitch (core genome, constant)

Best match: Lys_riboswitch_CC001-ST772_118_AJGE01000003.1[36600:36775]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 27337 ... 27513; Length: 176 bp

Sequence:

```
ATATAAGGTAGCACATCACATTCTGTGACAGTACAGTTCCTATTTCGAAAACGTCCCAAT
AGATATAATTTATGGTTTATATCTATTTTCGGCATCTTTACCTTTCACCTGTTCAACTTAGGT
ACCATAAATACTTCTGACAAGTTACTAATTAACATGCAACCTCTAACTCAATT
```

> **thrS**

Function: protein coding sequence; threonine--tRNA ligase (core genome, variable)

Best match: thrS_CC005_JH1_CP000736.1[1838653:1840590:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 27618 ... 29556; Length: 1938 bp

Sequence:

```
CTATCTATGTTTTTTTCAAACGAATTTTCATCAACTAGATTCCAGATAAATTCATCTTTTTTCAA
CTGTTTCTTGGTCTTGCATCCATATTGACGCACATTCACCTGATTATTTTCAACTTCCTTA
TCCCCAACTACGATTTGATAAGGTATTTTTTGCATTTGAGCTTCTCTAATTTTATAACCCAT
TTTTTCATTACGGTCATCAATACTTACACGAACACCTTGAGATTTCAATTCATCTTGCAAT
TGGCGCGCATAATCATAATGTAAATCAACGTTAACTGGAATGATTTGAACTTGTTTTGGC
GCTAACCAAGTTGGGAATGCACCTTTAGTTTCTTCAGTTAAAAATGCTACAAATCGTTCCA
TTGTTGATAACAACACCACGATGAATCACAACCTGGACGATGATGTTACCATCTTGACCAA
TATAAGTTAAATCAAACGTTCTGGTAATAAGAAATCAAGTTGTGCTGTTGATAATGTCT
CTTCTTTACCCATCGCTGTTTTAACTTGAACATCTAGTTTTCGGACCATAGAATGCCGCTTC
ACCAATCGCTTCTTCGTACGATAAGCCAAGCTCATCCGCTGCCTCTTTAAGCATATTTTCA
GCTTTATTCCACATGTCATCATCAAAAGTACTTTTCTTTATCTTCAGGGTCTCTATAACT
TAATCTAAAGCTATAATCCTCGAAACCAAAGTCTTTATACACATCAATAATCATGTTTACA
ACGCGTTTGAATTCTTCTTTAATTTGATCAGGTCGAACAAAGATATGTGAATCATTTAAAG
TCATACCACGAACACGTTGTAATCCTGATACAGCACCACCTTGCTTCATATCTATGCATCGT
TCCTAGCTCAGCGATACGGATAGGTAATTCACGATATGAATGTGGTTTTATTCGCATAAAT
CATCATATGATGTGGACAGTTCATTGGACGTAATACCATAGATTTCAGTTTCATCTAACTGC
ATTGGTGGGAACATATCTTCTTGATAGTGATCCCAGTGACCAGATGTTTTGTATAAATCAA
CATTAGCAAGTACTGGTGTATAAACGTTGGTCATATCCCATGCTAACTTCTTTATCAACAAT
GTAACGTTCAATTTACGTTCTAATTGTTGCACCGTTAGGTAACCATAATGGCAAACCCAGC
ACCAACTAATTGGCTATTTGTGAATAGTTCTAACTCTTTACCAATTTTACGATGATCACGT
TCTTTACGCTCTTCTAACATTTGTAAATGTGCTTTCAATTCTTTTTTATCAAAGAAAGCAGT
ACCGTATATACGTTGTAACATTTTGTGTTACTATCTCCACGCCAGTATGCACCTGCTGTA
GATAATAGTTTAACTCTTTAATTTAGCTGTTGATGGAACGTGAACTCCACGACATAAAT
CAGTAAAATCACCTTGACTATATAATGTTACATTTTCATCTTCAGGAATCGCGTCGATTAA
TTCTAATTTGTATTCATCATTGCTGAATAACTCTTTCGCTTCATCTCGTGAAACCACTTTTC
GTTTCGATTTTCATATTTTCGTTAACGATTTGTTTCATTGTTTTTTCAATTTGTTCAAAGTCA
TCAGATGAGATGTTTTGGTCAATGTTCGAAGTCATAGTAGAATCCACCTTCTATTACAGGA
CCTACACCAAATTTAACATTACCATATAACCTTTTAAATCGCGTGTGCCATTAAATGTGCAG
TAGAATGACGTAATACCTCTAACGCTTCTTCACTACCTGGTGTCCAAATTTCAATTGATCC
ATCAGTTTCAAGCGGTTTAGTTAAATCTACAAGTTGCCCGTTAAATTTGCCGGCAACAGCT
TTTTTACGTAATCCAGGACTAATTGATTGTGCTATATCTTCAGTAGTAGTACCTTTATCAA
ACGCTTTTTTATTACCATCTGGAATTGAATATTAATTTGTTCCAT
```

> **tbox09**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox09_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1687854:1688065:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 29716 ... 29928; Length: 212 bp

Sequence:

```
ACAAGGGACGAGATCGTCGTGGTACCACCCTAGTTATCTAATACAATTTATGTATTAAT
ATCTCTGCTTAAGATAACGGTCTTGATCCGGGTATTCATTACAAATACCATAAATGAAGT
```


AGTAATCATCTAATTTATTAACCATATTCTCATCAAACAATGGCTTTCTGTGTAATATTGA
TTAGATCATCTTGTCTTCAATCATTAAACG

> **dnaI**

Function: protein coding sequence; primosomal protein (core genome, constant)

Best match: dnaI_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1688106:1689026:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 29968 ... 30889; Length: 921 bp

Sequence:

TCAATTGTTTCTGAAATTTTCTCCTGATAAAAAGTATGGTGTTGACAAAGATTTGACACGT
TCAATAATACGTGCTGCTTTAGTCTTCTCTTACCATCACGAGTCATCGCTAAATGATGTT
CCAATTCACTATAGTCAAAATTAGAACTAAAGAATGTTGGTAATTCATGAACCATTCGAT
AATGTAGCAAAGGTCCAATTACCTCATCTCTACCCATGGAGTCACTTCTTCAGCCCCAAT
ATCATCAAGCATTAAAATGTTTGCTTCTCTTACGCGATGTAATTTCTTTTCAAAGAACCA
TCTTTAAAGCCACCTTTTAATGTTCTAATAAATCCGGTAAATAAATAATTGTCGAACGTA
CCTTCTTAGATTTGAGCTGATTTCGAATTGCACCTAGAATAAAAGATTTACCTGTCCCAA
TGGACCATAAAGGTAAAGGCCTTTCCTTGTTCCTTACCTAGTTATTGCTGTACAAATATCA
TCTGCTGCCATAGCTACATCAAGACGGTCTCGATGATTCATATAAATATCTTTCAATTTGG
CATTAAAGTATCTCGTTGCATATGATGAGATGTAATTAGCTCAGCTTCAAAGCGTTCTTC
GTCGTACTTGATTTTACATGGGCATTGTAATAGCGTATTTTAATTCGGTTATTATCAACA
TATAACTCAGGCACATGCCCTTTACGAAATTTGGACAATCAGCAAATTTATGACCGTCA
TAATGTTTTTGTGATCTTTATACTCTTGTAACACATTTAAGTCTTCATCAATCATAGCATT
CGTTAATTCAGCTCGATGCGCTTCCAAAAATTGCTTAACATCTGGGTCATTGATTACTTCT
TTTTTATCTTTTCTATTCTTTTTTCAAAGTCCTGCGACGTGTTAATTATACTTTTAAATTGC
TTCAT

> **dnaB**

Function: protein coding sequence; chromosomal replication initiation and membrane attachment
protein (core genome, variable)

Best match: dnaB_CC001-ST772_118_AJGE0100003.1[31824:33224]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 30888 ... 32289; Length: 1401 bp

Sequence:

TTATTGACTGTCCTCCTCCCATTTTTTAGATAATTTATCTAGAAATGCTTGTGCGATCTTGCT
CTAATTGTTGATCATCTACGCTATTATCTTTAGCCGAATCTTCTTCACTAGGTTTATCTCTA
TTTTCTAACCATTTAGGTGTTTTTTCTTTTGAATACGATTACGCTGCCCATAGTATGAACC
ACGCTTTTGGTAATTTCCGCTAGAACCCTCATTTTTAGATTGATTAACCTTTTTTAGCGTAAT
TATATGCTTCTTTAGCTGTCTTAATACCTTTTTTCTTCCAATTTGATGCTATTTCCAAAATA
TACGCTTTAGGAAGTTTCATATCTTCTTTAACATGACAAATTGCAACAAAATATTAATGA
CGCCAAAAGACATATTTTACGTTCAATTAATTCTTCAACCATTGTCTTTTGCATATAGT
TGGTCTGATTTAGACCAAGAAGCTAACATATCAATTGGACTCGTTTGTTCGAAGTAACTCA
AACCATTCACTTTGTGGCTTTGGATTCACTTCTGAAGATTTACCCGTCGAAGATGATG
TAGCAGGAGATTTACCTGTAATTTAGGCATTTGATTTTCGTGTTCCATTAAGTAATACGA
GCGTGCTTGTTTACGCATTTCTTCAAAGGATAACTGTTGTCCACTTGTAATTGAATTTAAA
ATAACATGCTTCATGCCATCTGCTGTTAAACCATATAAAGTCGCGAGTTGTGTAATTTAAA
CGCTTTGCATCTTTGGTAACAATGTCTTGACTAATAAAATGTTTACCTAACATTTGTCTCA
ACATTTCAAAGTCAAAGATTCATTTGATAAATCGATACCTTGGTACGGTTCATTAATCG
GAATATCACTTGTATCGATATCTATTTTTGTAGACGGCACTTTAAAACATCAGTAAATTG
TCTTGTTACCTGTTTAAATTCCTCAAATCAATTTGTTGATACTCAAAGTATTTCTTCAACT
CATGAAATCGACGATGCTCGACTTCACTATATAAAAAGATTGACAACATTGGATCATTAA
AAAATAAATGTGCTGAAGGCGGTTGAATTAATTGGTAAACAAATTGTGTTTCTTGTTTCAT
CATGTTTGACAAACGCCTTTAACAATCCAATCGCTTCAAGTAAGTCCATTTGTTGTCTAAA
CTCTAGTAAATTAATTTAAGTTCATTCATAAAAATATAATGAGAAAGAATCAATGTTTC
ATTATGACTTTCTTTAACGAATTGAGTCATAAAAATGATATAAACCCACTGCTTGCGTTCCA
ATTAGCGGTGTATACAGTCGATTCAATACCTCTAAATGATTTCGATTTAAATCAAAGTGTT
GCATAACTTTGAATTGATCCTTTGGTCTTAAGCCGAATTCGAAGGCTTGTGCTCCCAT

> **nrdR**

Function: protein coding sequence; transcript repressor of nrdD/nrdG operon (core genome, constant)

Best match: nrdR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1795087:1795557:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 32289 ... 32760; Length: 471 bp

Sequence:

```
TTAAGCATCACTCCGTTTGTTCGCTTAAAATCCCTTGCATCGATGCTAACAATTGATCA
ACATCTTTAAATTCCTTATAGACTGATGCAAATCTAACATATGAACTTGATCAACATGCA
TTAACAAGTTCATAACGTGTTACCTATATCTCGTGAAGACACTTCCGTATGACCTTCATC
TCGTAATTGCCATTCAACCTTGTTCGTTATGTCTTCAAGTTGTTGATATCTAACTGGTCGTT
TCTCACAAGAACGCACAAGTCCATTAAGTATTTTTTCTCTTGAAAAGTCTCTCTTGTGCC
ATCTTTTTTCACAACTATAAGCTGACTAACTTCGATATGTTCAAATGTAGTGAAACGTGTT
CCACAATTTTCACATTCTCTTCGTCTTTCGAATGGCATTTAATTCATCGGCATGCCTTGAAT
CTACAACCTTAGATTGTGTAGAATTACATTTCTGGGCATTTTCAT
```

> **gapB**

Function: protein coding sequence; extracellular glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase/locus 2 (core genome, constant)

Best match: gapB_CC001-ST772_118_AJGE0100003.1[16775:17800]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 32970 ... 33996; Length: 1026 bp

Sequence:

```
TTAACTTGCACCTACAGTTTCTTTTGATGTCAAAGTGCTCCAATTTGCTCAGCAACATCT
ACAACCTATTTGAATAACCCCATTCATTATCATACCAAGCAATAACTTTTACTTTATTCC
CTGACATGACCATTGTTGATTTTGCATCAATAATAGCTGAATTTGGATTAGTATTAATC
AACAGACACTAGTGGTTGATGTTGACTTCTATGATACCTTCTAAACCTGCATTTTCAAAA
GCTTGGTTTACTTCTTCTGCAGTTACTTCTTTTCTAAATCAACAATAAATCAACGAGCG
ATACATTCTTTGTTGGTACACGTAATGCCATGCCGTGTAATTTACCTTCTAATTCTGGTAA
TACTTCTTTTAAAGCTTTCGCCGCACCAGTAGAAGTAGGAATAATGCTTTCATTACATGAG
CGTGCACGTCTTAAATCTTTATGTGGATTATCAATATTTTTTTGGTCATTTGTAATAGCGTG
AACAGTAGTCATTAACCATTAATACTATTCCAACTGATTATTTAAAACCTTTTGCAACTGGA
CCAATGCAATTAGTAGTACATGAAGCATTACTAAAAATGTCAAATGCTTCTATATCTAAT
TGGTTATCATTTACGCCTTTAACTACCATTTGAACATGTCCACCTTTTGAAGGACCAGTTA
ACAATACTTTTTTGGCACCTGCTTTAATATGTGCGATGGCTTTATCACCATGATTAAATTT
ACCAGTTGCATCTATAGCAATATCGATATCTAATTCCTTCCATGGCAAGTTTTTCAGGATTG
CGATCAGCAACCAATTTAATTTTATGATCACCAACTTGCAATCCATTTTCAATCGGTTCAA
CTTTTAGATTATATTTTCCATGTGTTGTATCGTAATTGATTAAATGTGCAATTGTTTCGGGT
GGATAACTAGCATTATCGCTACTACATTTAAATTTTTATTTTGTAAATGCAATACGTAATA
CCATTCTTCCAATTCTACCCATACCATTAATTGCAATATTCGTTGACAT
```

> **coaE**

Function: protein coding sequence; dephospho-CoA kinase (core genome, variable)

Best match: coaE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1759590:1760213:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 34639 ... 34789; Length: 150 bp

Sequence:

```
TACTTGAGCTAAACCTTTACTCCCCTTTTTAACAGCTTCCCTGGCTGCTTTATCAGCATCTA
CTACTTTAAAACCGAATACGGATAAGAGTTCTGATACTGTTGATTTTCCTGAGGCGATTCC
ACCTGTTAGACCAATAACTTTCTGGCAT
```

> **mutM**

Function: protein coding sequence; DNA glycosylase (core genome, constant)

Best match: mutM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1760229:1761101:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 34804 ... 35677; Length: 873 bp

Sequence:

```
TTATTTTTGACATACTGGACAATAATGACTATTTCTTGTTCGCGATGATTTTTGTTTCAATTT
GACTTCCACACACTTTGCATACCGGCTGCTTATATACATTAAGATGCAATTGCATCTCACC
AGTTTTTCCATCAGCATGACGATAATCTGAAATACTTGTACCGCCATATTTAATACCTTCT
```

TCTAGTACTTCTCTAACATAATAAAAAACCATTTCTTGTGTTGGTGTGTTAAGTCTTTTAC
TTTTTTATCTGGTAAAACACCTGCACGAAACAACGCTTCACATGCGTAAATATTTCCACAA
CCTGCGATTACTTTATGATCCAAAATCACTTGTGTTGATTGGTTTATTCTTATTAGACTGTTG
ATGAATTCGATTTAAATAATACATCAATGCTTCATTTGAAAAAGGTTTCAGGCGCTATTTCT
AAAAATGAAGGATAAGATGCTACAGACGCAACATTTCTAATTTCTCCAAAACGACGTATA
TCTGAATAAATTAACTTTTTGTCAATTTGACAACTCAAAAATAACATGCCAATGCTTACGAT
AATTAGGTATCATAATATCTTCAAGTTCATCTACAATGAAAAAACCCCGCCATACCTA
AATGACTAATTAATGTACGTTGTTCTCGTTTATTATCTAGCTGAAAAACGATATATTTACT
TCTTCGTTCTACATTAGTAATGGTATAGCCTTCGATAAAGTTTTAAAGTATCTAATTCA
ATTCCTTTTATAATTGTTTCCTTGCCTTGAGCTTTACCTTCGATTACTTTATCCGAAAATTT
AACGTGTTCAATTTTTTGATTTATAACGTAGGGTTCAATTCCTCTTTTTACATGTTCTACTT
CTGGTAATTCGGGCAT

> **polA**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase I (core genome, variable)

Best match: polA_CC009_21334_AGTW01000036.1[30951:33581:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 35692 ... 38323; Length: 2631 bp

Sequence:

TTATTTTGCATCATAACCAAGTTGCACCATAACTTGAGTCTACTTTTAATGGAACATCTAAT
TGCAATGCATTTTCCATTATTTCTTCTACAAATTCACTAAATGAATCTACTTCTGACTTAG
GTACTTCAAAAATTAATTCATCGTGTACTTGTAATAATAGTTTAGCTTGATATGTTGTCTC
TTTCATTTTTTTGTGCAAATTTAACCATTGCCAGTTAATGATATCTGCAGCACTGCCTTGTA
TTGGCGTATTCATAGCAGTACGTTTCAGCAAAGCCGCGTAAATTAAGTTACGACTCGTAA
TATCAGGAATATAGCGTCGACGATGTAGCAATGTTTCCACATAACCTAAAGCTTTGGCAT
CTTTTACAATATCAGACATATATTGTTTTACACCTGGGAAACTAGCTAAATAATCATCAAT
GAATGCTTTTTGCTTTTTTACGAGTAATACCTAAACTTTGACTTAAACCATAATCACTTATC
CCATAACAATTCCAAAGTTAACCGCTTTTGCTTGACGACGCATTAAACTATCGACTTGAT
CAGCTTCTACACCAAATACTTTCATAGCAGTTGCTGTATGAATATCATCGCCGTTGATAAA
TGCTTCTTTCATACTCTCATCTTGTGTAATGTGTGCTAATACACGCAATTCAATTTGAGAA
TAATCTGCTGATAATATAACGCTATCTTTTGAAGTTGGTTTAAAGGCTTTTCTTATTTTACG
CCCTTCTTCAAGTCTAACCAGGAATATTTTGTAAATTAGGATCTACACTTGATAAACGTCCA
GTTTGCAGTAAAGTTTGGTTAAAACGTGTATGGATACGTTGATCATCACTAATTACCTTTT
GCAATCCTTCAACATAAGTAGACTGTAAGTTAGATAAATTGACGATATTCTAAAATATAAT
CAATGATAGGATGTTACCTTGCAATTGCTCTAAGACATCTACAGCAGTAGAATATCCTG
TTTTCGTCTTTTTAATAACAGGTAATTGTAATGTCTCAAACAATACAACACCTAATTGCTT
AGGAGAATTTATATTAATAATCTTACCAGCTGCATCATGGATATTTTGAATCAAGACGTC
TAATTTTTCTTGAATTTCTTTTTCCATTTCTTCTAAATCATGAACATCTGTAATATAACAA
TTTCTTCCATTTCACTTAAAATCTTAGCTAGCGGTAGCTCTAAATCAGCTAAGAGTTCTAC
CTGATTGTATTCTTCTAATTGTTTATCCATATTTGGTTTCGCAAAGTAAATTGCATCAGTA
ATAGAAGCAACATATGGATTTAAAACATCATCTTTCAGGTACCTTAAATTTCTTACCTTTTC
CATATATACTCACATCGTCTTTCACAAAACCTTTGACCGTACAATGAAACAACCTGATTGAA
CATCACTAATCGTACGAGATGGATCAATTATATAACTGGCCAACATAATATCGAAAGAAA
TATTTTGAATATCAATTCCCAATCTATGTGATGCTACATATGTTTTTTTAGCATCATATACG
ACTTTTTTCGTATTCGGATTTTCTAACCATGAAACTAGTTTCGGCATAATTATTTATGTCATC
CGCATTAAATTACAATATGTTTCTCACCTGTAAATAAAGAGAATTTCAAAAATATTATTTTCG
AAATAGTTACCACCGTCTAATTCGAAATGGATGGCCGCTTCTTTCAATAAAGTAAAATCA
ATATTATCAAAGACGTTTCAATTTCAAATGTCTTTTCTATTGCATCTTCAACGCTTGCTG
ATTGATCAATGTCAGCCAACAATTGTTTGAATTCTAACTTCTTAAACAATTTCGATTTTTTC
TTGTTGTTTCATCTTGATGAGTCATTAACGTATCTTCAAGTTTTACTTCAATCGGACTATCTA
CATTAATCGTTGCTAATTCTTTACTCATTAAATGCATCTTCTTTGCTATTTTGAAGTTTTTCTT
TTAACTTTTTACCTGAAATTTTCATCTAAATGTTTCATAGACACCTTCTACTGTGTCAAATTG
GTTTAGCAATTTTATTGCTGTTTTCTCTCCAACACCTGCAACACCTGGTATATTATCAGAA
GTATCTCCCATTAATCCTTTTCATATCAATAATTTGATTAGGTGTTAACCCGTTGTATTTTTC
CGCAATAAAGTCAGGTGTATAATGATCAACATCAGTAACACCTTTTTTAGTGTAATAAAT
GGTTACATTATCCGTTGCAAGTTGTGTTAAATCTCGGTCTCCCGTAATAATAATTGTCTGA
AAGCCCGCTTTATCTGCTTCTTTACTTAAAGTTCCGATAATATCATCTGCCTCATAGTTATC

TAATTCATAACGTTTAATATGATAAGCATCTAATAATTGGCGAATATAAGGAAATTGCTC
ACTTAGTTCAGGCGGCGTTTTCTGGCGTCCACCTTTATATTCATATATTTTTCATGTCTGA
AAGTCGTTTTACCTGCATCAAACGCTACTAAAAAATGATTTGGCTTTTCTTCTTTAAAAT
CTTCTCTAGTAACATTGCAAAACCATATACTGCATTGGTATGAATGCCTGCTTTGTTTGGAT
AACAAAGGTAATGCATAAAAAGCTCTAAAACCTTAAGCTATTACCATCGATTAATACTAAT
TTATTCAC

> **Q2YTE9**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q2YTE9_CC001_MSSA476_BX571857.1[1743693:1745180:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 38616 ... 40104; Length: 1488 bp

Sequence:

TTATGAATCGTCTGAACCAAATGGAATATATTTAACTTTGGTCATTTTCGGTAATTCTTCA
TAATTATTAACCCTCTTGGTAATTTTTATTGATTGGTGACGGATGATGCATATAATGTT
CAAACGGCAATGATTCCACTGTATAAACCTCTTGTCTGGATGATCTTTAATTTGTTGTTT
TAATAACTGAACTCTTTTTTTCATGTTTATAATGAACATAAATAAATGCACTAAGATATATC
ACAGCTAAAAGTGTGATGCACCTTTAATAAAAATTAACATTGATTGACTTATATTTCCGA
AATTCTTTAATAAAAATAATTAATAATGATTACATGTATCGTATAACAATCAAAAAATTA
CCTGGTCTATTGGAGTAACAATGACTAGTGTGACGCGCCGAAACACATATTGCAATAAGT
AAGGAATATAAAGTGATTTGTGTTTTACGATCATTAAATAGACAAATAAATACCTACAAAT
ATCGAAAACGCAAAGTAATCACATACAATTACGTTACAAAACCAACCAATCCAATATCT
GTATTTTTATTTAATAAAAAGTATTGTAATAAATAGTAAATAATAAAGCGGTAAAGTGATA
AATCCTATCATAATGATACGACGCTTTAATATTGTTAAATGTACATACCGATCACTTCTAA
GCAGTAGATAAATAATAAGCGCTGCAATCATACTTAAAATTATAATCTGACTGAAAATGA
CACCATATGGAAGTGACGTTGATATCATTCTGCAAATTTTGAAAAGATACCTTGATTATT
TGAAACTTGTGATATTCTGATCCTTCAAATAAAAATTTTGCGATAATTTGGATTGGAAAAC
ATAATGATTGTACCTATAGTAGCAATCATAAATGAAAACAATAATTTATAATTAAGTGTT
CGATTTGCAGTAAATTCATATAGAAAAGCTAAAATTTAAAATGATACAGTGGAAATAATGTC
ACATTTCCATAAATAATTGACCGAAGAAGCATAAAACATAGAATAGTACAGTAACACTT
ACCGGCTGCTTTTCTTTATATATAATTGCATTAATAACAATAATAAATAAAGAGTGAA
ATTAGTGTTGATGTCGCATAATTATAAAAATCCTGCAAACCAGCCATATGTATCTGCATAA
ATAGCACTTGGTAAAATTAACATTAAGAAAATGCTAACAAATAATAGCTTGTCCACGCT
TTACAACGTGTAATGTGCATAATCATCAAATGATGCCATACTAATGAGACCATATGAA
AGCCAACGTAACCAGCTTACATGTACAGCTATAATTTCAAAGATATTTCCGATATAGCGA
CCATTAAGTGATGCAAATCCTACTTTTAAAATATCAGTATTATAATTGCTAAACCATTGTA
AATCATCGTGCATGAGTGGTAGTAAGATACCCATAAAAGTATAAAAACAATAATATCGCA
ATTAATATCAAAGTTGTCTTGTGTAATTGAATTGTTTTAC

> **phoR**

Function: protein coding sequence; multi-sensor signal transduction histidine kinase precursor (core genome, constant)

Best match: phoR_CC001_MSSA476_BX571857.1[1745679:1747340:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 40602 ... 42264; Length: 1662 bp

Sequence:

TTATTCTTTATAATCTTTTAGAATAACTTTGAACGTTGAGCCTTTGCCAACTTGACTATTCA
CTTCAATATTGCCTTGGTGGGCTCTACTATATGCTTTGTAATTGATAATCCAAGACCTGT
CCCACCAGAATCTCTACTTTCGTGCTTTATCTACTCTATAAAAATCTTTCAAAAATACGTTGT
TGGTCTTCTAATTTAATACCTATACCAAAAATCTTGTACTTCGAAAATGACACGAAAGTCAT
CTCGATACACACGAACGTTAATATCTCCATCTTCATAAGAATAGTTAATTGCATTCGTTAA
CAAATTCGTGATAACTTGAGCAATTTTACTTTCTTGTGCTTTAACAATGACATCTTTTTCA
ATATCAGTATGAATGGAAATATTTTTTTGATTGGCTTGAGTCATCATATTATCAATAATAC
GCCGCGTTAAATCTGATAAATTCATATAGTCTGTATCTAACTCTGTATGTTGCTCAATATG
CGATAAATCTAACAAATCTGTTACTAAAGATTCTATTCGATTTGATTCTTTTAAAATTATG
TTTAAAACATGTCTAATGATTCCGCATCATTTTTTGCACCATCAATAAGCGTTTCAGCAA
ATCCCTTAATTGAAGTAATAGGTGTTTTTAATTCATGTGAAACATTTGCTACAAACTCACG

TCTTAGATTTTCAAGTTGTTTCAGATTTGTTATGTCATGCATCACAACCTAAAATCCCTTGC
AAACTTTTTTGAGACCTAGTTAAAATCGGAACGCATGAAATATCAAAGTACTTGGCATGG
ACTTGGTTTATTGCAACTTCCAATTGTTTATAAATAGGTTTTTCAACTTTAAAACCTTTCTAA
AATTAATTGCTCAATTTTCAAGTATTAACATAGCCGTGATAGCCTACTTGTTCATATTATGC
GAGATGTTGAACTGTTTATAAATACGCTTTATTTGCAACAACGATTTTTCCATTTTCGATCTA
TCATTAATAATAGCACTTGGAAATATTTTCAATCGTTGTTTTTAAACGGTTGGATTGAATTTT
TTGCTCATTATTAAGCTTTTGAAGGCGTCGTGCTAAATCATTGGTAGACACAAAAAGCGC
TTTAGTTTCTACAACATTACTTTCAGGTACACGTATGTGATAATAACCATTTGCCAACAAAT
TGTGTTGCATAAGTAACTTCTTGAATGGGACGGATTAATGTACGCTTAAAACCTACGGCTT
GCAAATACAGACAAAGGAGTACAACCTAAACATGTCAAATAAGATATTTCCACAACGT
CCAATGCATTTCTGTAATATCGTTATTGTAACCTTTAATCCATACATGATAACCGTTAACC
TTCTTATTAATAAATAAAAACGTCCCTTTTTTGAATATAGCTATCACTATTTGGGATAGCTT
TCAGTTTGGCACTACTAAACACCTTTTTATCATGTTTAGTTATCAATAAATCTATATTTTGC
TGTTTTACAATTTCTTAACTTTATCAATCTCATTATCTTGGACTAAATAAATATATGATCT
TGCATCTGTTGCTAGAGCTTGTTCGTGTTTTTCTGATAAAAACATATGTGATGGAAGCGTGA
ATAATAATGCCTAATGTAACAAAACCTGATAATTAATACTGCTTATCAATAACATTAAG
CGGTGGTGAAACTTCAT

> **phoP**

Function: protein coding sequence; alkaline phosphatase synthesis transcript regulatory protein (core genome, constant)

Best match: phoP_CC008_COL_CP000046.1[1774360:1775064:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 42263 ... 42968; Length: 705 bp

Sequence:

TCATTGTTCTTTAGGTCTTTCCAATTTATAGCCTAAGCCACGCACAGTTTTAATAAGTTGT
GGCTTCTTAGGATTATCTTCTAATTTATCTCTTAAATGACTGATATGTACATCAACAATTC
TTGAGTCTCCTGCAAATTCATAATCCATACCGTATTTAACATATGCTCTCTCGTAATGAC
TCTGCCTTGTCTTTCTATCAAATAAAGCAAGAGTTCAAATTTCTTTCGGTGTAGCTCCAAT
AACTCATTATGCTTATATACTTCAAATAAATCGGGTCTAATACGTATCGATCCGATGGTAA
TATCATCGTCAATCTCTTCTACTTCTTTTACAATGAGAACGTCTTAAAATGGCTTTCAC
ACGGGCAACAACCTTCTTAGGTGAAAAAGGCTTAGTCATATAGTCATCGGCACCTAATTC
TAAACCTAATACCCGATCAAATTCATATTTTTCGCCGTTAACATTAATATAGGGACTAAA
TTTTTATTTGTTCTTACAGTCTTACATACGTCAATGCCATCTTTTTTAGGTAGCATAACATC
TAAAATAATTAATCTGGCTGTTCACTTTCTACCTTTTCTAAAGCCTCATCACCATCAAAT
GCGACAACAACCTTATAACCAGCTGTTTCTAAGTTATATTTAAGTAATGTTACGATTGAAT
GTTTCGTCATCTACTACCAACACTTTTTGCGACAT

> **citC**

Function: protein coding sequence; Isocitrate dehydrogenase NADP (core genome, variable)

Best match: citC_CC080_11819-97_CP003194.1[1798190:1799458:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 43357 ... 44626; Length: 1269 bp

Sequence:

TTATTTTAAATTTTTAATCAATTCATCTGCAAATGCTGATGTAGAACTTCTTCAGCACCA
TCCATTAAACGGGCAAAGTCATAAGTAACAACTTTTGAAGCAATTGTATCTTCAATTGAA
TCTGTAATCTTATCTGCCGCTTCTTGCCATCCTAAATGTTCTAACATTAATACAGAACTTA
AAATTACTGAAGATGGATTCACTTTATTTAAACCTGCATATTTTGGAGCTGTACCATGTGT
TGCTTCAAAAATAGCATGACCTGTTTCATAATTAATGTTTGCACCTGGCGCAATACCAATA
CCACCAACTTGTGCAGCTAAAGCATCTGAAATATAGTCACCATTCAAGTTCATAGTTGCT
ACAACATCATGCTCAGCTGGACGAGTTAAAATTTGTTGTAAGAAAATGTCAGCAATAGAA
TCTTTAATGATAATCTTGCCTTCTTTTTTCAAGCTTTTTTCTTGAGCAGCATTAGCAGCATCTCT
GCCTTCTTTTTCAACAATTTCTGCATATTGTTGCCAAGTGAATACTTGATCACCAAATTCA
GATAATGCTAAATCGTAACCCCACTGCTTAAATGAGCCTTCTGTAAATTTTATAAATATTAC
CTTTATGAACTAAAGTAACTGATTTACGGTTATTATCGATAGCATATTGTATAGCTGCTCT
AACTAATCGCTCAGTTCCTTCTTTAGAACTGGTTTAAATACCAATACCTGAAGTTTCTGGG
AATCGAATGTTTGTGCGACCCATTTCTGTTTTGTAAGAAGTCAATTACCTTTTTAACTTCTGT

TGTACCTTCTTTAAATTCAATACCAGCATAAATGTCTTCAGTATTTTCACGGAAAATAACC
ATATCAACATCTTGTGGACGTTTAAACAGGTGATGGTACTCCTTTAAACCAACGTACCGGT
CTTAAACAAGTAAATAAATCTAATTCCTGGCGTAAAGCCACATTTAATGATCTAATACCA
CCACCAATTGGTGTGTAAAGGTCCTTTAACAGCAATTAATATTCTTTAATTGTATCAA
GTGTTTCTTGAGGTAACCATTACCAGTTGTATCAAATGCTTTTTGGCCAGCTAGCACTTC
TTCCATTCAATGCGTTTTTCGCCATTATAGGCTTTCTCAACAGCAGCATCTATAACTCGG
CTTGCTGCCTTCAAATATCCGGTCCAATTCCATCACCGATAATAAATGGGATAATTGGTT
CATTAGGTACGTTTAATCCTTCAGTTCCTTGAGTAATTTTTCTGCAGTCAT

> **citZ**

Function: protein coding sequence; 2-methylcitrate synthase (core genome, constant)

Best match: citZ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1770098:1771219:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 44674 ... 45796; Length: 1122 bp

Sequence:

TTATTTTCTTTCTTCAAGCGGGATATACTTACGATTCGTTTCGCCAATATATTTTCGCTCTAG
GACGCATAATTCTATTATCTTTATATTGTTCTAAAATATGAGCAATCCATCCTGCAGAACG
ACTTACAGCAAAGATTGGCGTGAATAAGTCATGAGGTATTTCCATACAGTGATAAACACT
CGCACTATAAAAATCAACATTAGGAATTAATCCTTTTTCTTCTGCCATACGTTTTTCCATTT
TCACTGACATTTCAAATAATTCTTCACGACCAGCGTCTTTCGTAATTTGACGGCTCATTTC
TCTTAAATATTTTCGCTCTAGGATCACCATCTTTATATACACGATGACCGAAGCCCATTACT
TTATCTTTATTAGCAAATTTTTCATCTAAGTAAGCATCAACATTTTCAATTGACCCAATCT
CAGATAACATCGTCATAACTTGTTCGTTTGCACCACCATGTAATGGCCCTTTCAGAGAACC
TACAGCTGCTACAATACCTGAGTACATATCTGACAATGATGATACCGCACAAACGTGCTGT
AAATGCAGATGCGTTCAACTCATGATCAGCGTGTAATAAAGTGCTTTATTGAAGGCTTC
TACTTCTATATCTGTTGGTAATCCCCACGTAACATATATAGGAAGTTTGCCGCATAACTT
AAGTCAGGATTAGGCTTAAGTGGTTCTTTATCTTGTCTTACTCGAGCAAACGCTGTAACTA
ATGATGCTACTTTAGCCTGTATACGCATTGCTCTTTCATAACGATTTTCATCTGATTCATTT
TCAGCATCAGGATCGAAATGTGCAATATATGATAATGACGTACGTAATGCTGTCAATTGGA
TGCACGTGATCTGTAACATACTCCTCAAATGTGTATACACACGAGGATTTAATGTCATG
TATTGATTTAATTTCCCTTTTAGATGAGCAAGCTCTTCTTCGTTTGGCAATCTATAGTTCCA
TAATAGGAAAATAACTTCTTCAAATTGCGCATTTCAGCTAGATCATCAATATCATAGCC
GGCATAAGTCAATTGACTTTCAATAATTGAACTTATTTTAGTCTCCGCTGCGATAACCCCT
TCTAAACCTCTTTGTAATTCTGCCAT

> **aapA**

Function: protein coding sequence; amino acid permease-associated region (core genome, variable)

Best match: aapA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1771567:1772928] (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 46143 ... 47505; Length: 1362 bp

Sequence:

ATGGCTGAAAATTACAAAGGGAAGTGAAGCAATCGCCACATACAATTAATTGCAATTGG
CGGTGCAATTGGTACAGGCTTATTCTTAGGTGCTGGTCAAACGATTGCATTAACCGGCC
TTCAATTCTATTAACATACATCATTATAGGATTTATGTTATTTATGTTTATGCGAGGTTTAG
GAGAAATCATTATACAGAATACTGAATTTAAATCTTTCGCAGATGTAACCAATACATATA
TTGGGCCTTTTGCAGGATTTGTTACCGGATGGACATACTGGTTCTGTTGGATTATTACAGG
TATGGCTGAAGTAACGGCTGTGGCAAATATGTTAGCTTTTGGTTCCAGAAATTCCAAA
CTGGATAAGTGCCTATTTTGTGTACTGTTATTAATGTCATTCAACCTACTTAGCGCAAGA
CTTTTCGGAGAATTAGAATTTTGGTTCTCTATCATTAAAATAGCGACAATTATTGGTTTAA
TAGTAGTTGGTTTCGTCATGATTCTATTTGCATTTAAAACCTCAATTCGGGCATGCCAGTTT
CACAAATTTATATGAACACGGCATATTCGCTAAAGGTGCTTCTGGATTCTTTATGTCTTTC
CAAATGGCACTATTCTCATTGTAGGAATTGAAATGATTGGTGTACAGCTGGGGAAACA
AAAGATCCAGTTAAAACAATTCCAAAAGCAATTAACAGTGTACCCATTAGAATTTTAATA
TTTTACGTTGGGGCGTTAGCGGTTATCATGTCTATTATCCCTTGGCAGCAAGTTGATCCTG
ATAACAGTCCATTCGTAAAATTTTCGCATTGATCGGTATTCCGTTTGTCTGCGGGCTTGAT
TAATTTTGTAGTATTAACCGCTGCTGCTTCATCATGTAATAGTGGTATATTCTCAAATAGC
CGTATGCTTTTCGGTTTATCAAGTCAACAACAAGCACCTCCGAACCTTTCTAAGACGAATA

AATATGGCGTTCCACATGTTGCAATCTTTGCTTCATCAGCATTATTACTTGTGGCAGCATT
ACTAAACTATATTTTCCCAGATGCGACAAAAGTATTTACGTATGTGACTACCATCTCTACA
GTGTTATTTTTAGTTGTATGGGGTCTGATTATCATTGCATATATCAATTATAGTCGTAAAA
ACCCAGATCTACATAAAAATGCTACGTACAACTATTAGGTGGTAAATATATGGGCTACT
TAATATTTGTATTCTTCATTTTTGTGTTTCGGGTTATTATTTATTAATGTTGATACAAGACGT
GCAATTTATTTTATTCCGATTTGGTTTATACTTTTAGCATTTATGTACTTAAGATATAAACG
TATCGCTGCTAAATCAAATAAATAA

> **pfkA**

Function: protein coding sequence; 6-phosphofructokinase (core genome, constant)

Best match: pfkA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1775055:1776023:r]RC (completely identical)

Position: 038-contig_319_RC: 49631 ... 50600; Length: 969 bp

Sequence:

TTATATAGATAACTTGTTAGCAAGTTCATATAGACTATAATCAAATTTATGATCTTTACCA
TCAAAAATTTTCATCAAAGATGTTGCTACAATTTTATTGTTCTTAATTCCAACACCCTTAG
CTGTTTCACCTTGCATTAATAAGTCTACCGCATATCCACCTAAACGTGATGCTAAAACCTCT
ATCCGCACCTGTTGGGCTACCACCACGTTGAACGTGACCTAACACAGACACTCTATTATC
AACATTGATGTATTGTGATAATTCTTTTTGACAATCTTGCGCAGTCATACAACCTTCTGCT
ACAAGAACGATTGAGTGTCTTACCACGTTTAATACCTTGTTCAATTTTATCAGCTATTT
CTTTAATATCTGTTTTCACTTCTGGAACTACAATTGTCTCAGCACCAACTGATAATCCAGC
CCATAATGCTAGATCTCCACAATCACGGCCCATTGCTTCAATGATAAATGTTTCGTGCGTG
ACTTGACGCAGTGTCTCTAATTTTGTGCGACTAAGCCAATAATCGTATTTAATGCTGTGTCA
AATCCAATTGTAATAATCAGTACCATTGATATCATTGTCAATCGTACCAGGAATACCGATA
GTTTGAATTTCTTTCATTCTCCTACTGATGCGTTGTGCACCGCGATAACTACCGTCACCAC
CAATAACTACAAGGCCCTCAATCCCTCTTTTACGTAAGTTTTTCGATTGCAACTTTACGTAC
TTCTTGCTCCTTAAACTCTGGACATCTTGCTGAATACAAGAATGTACCTCCACGCTGAATC
GTATCCCCAACTGATCCTAATTCAAGTTTATGAATATCATCATTTAACAATCCTTGGTAAC
CATGATACACACCATAAACTTCAATTTCAATTGTAAATTGCTGTACGAACAACCTGCTCTTAC
GGCAGCATTCAATCCAGGTGAATCTCCACCAGTAAACTGCAATTTTCTTCAT

> **pykA**

Function: protein coding sequence; pyruvate kinase (core genome, constant)

Best match: pykA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1773276:1775033:r]RC

Position: 038-contig_319_RC: 47852 ... 49610; Length: 1758 bp

Sequence:

TTATAGTACGTTTGCATATCCTTCAAAGATTTTACCTTGAGCAGCATCAATCGTAACTAAC
ATGTTATTGCTTATGTTTTAACAGCTTTTTCTACACCTACAACCTGTTGGAATACCTTTTTTC
TAAACCAACAATTGCACCTGGTGATGTAATACCATTTTCTTCTGTAATTAAGCCTAAAGCT
TTTTCTACATAAGGTACAAACGTTTCATCGATTGAGTTAGTAACGATAACTTTGTGAGATA
AATCTTTACCTTCTAAATCTTTAACAGTTTCAGCAACTAACGTAGTACCAACAACCTGATCC
ACGTCCAATACCTTGACCATTAGCAATTCGTCACCAACTAGGTGGATTTTCATCATATTA
GTAGTTCCAGTTTCAACAGCTGTTGCAACTGCATTGTTTAAACAATGCATCTGTACTCTTAC
GTCCTTTTTTAACTACAGGTTGAACTCCCCAAACAATTGAACATTGACGTGCAGTTTCTTC
ACTTGGAGTCACCGCAATAATGTCTGAATGTGGACGATATTTAGAGATAGTACGTGCCGT
TGAACCACTTTCAGTAGCAGCTACAATTGCTTTAACATTTAAGTTTAAAGCTGTATGTGCA
ACCGAAATACCGATAGCATTCACTAATGAAGTTTCAACTAATTTAGTACGATCTGACAAT
AACTTTTTGTAATCTTGGGCTGCTTCAGCTGATACAGCAATATTTCTCATTGTTTTAACAG
CTTCTTCAGGATATAAACCAGCAGCAGTTTACCAGATAACATTACTGCATCTGTACCATC
ATAGATTGCGTTGGCAACGTCCTAGCTTCTGCACGTGTAGCACGTGGGTTACGTTGCAT
AGAATCTAACATTTGTGTAGCTGTAATAACTGGTTTACCTAATTTGTTACATTGTCTGATT
AAATCTTTTTGAACCATTGGTACTTTTTTCAGGTGGAATTTCAACACCCATGTCACCACGTG
CAACCATTAAACCATCAGACACTTCAAGAATTTCCGCAATATTATCAATACCTTCTTGATT
TTCAATTTTAGGGAATACTGAAATGTTAGCTTTTTGTTCTTCTAAAATTTACGAATTTCTA

AAACATCACTAGGACGACGTACGAACTTGCTGCAATGAAGTCAACATTTTCTTTAATAC
CGAAACGGATATCTTCAGCATCTTTTTCTGTAATACCAGGTAACTTACTCTTACGCCAGG
TAAGTTAACACCTTTTTTGTTTTTAAGCTCACCAGAGTTTAAAATATCACATTTAACTTCTT
TTTTAGCATGGTCAATATCTTTAACTTGTAATTCAATTAAGCCATCATCAAGTAAAATGTA
TGAACCTACTTGAACATCGTTAATTAAGTTTTTCATATGTTACTGAGAACTTTTCAGGCGTT
CCTTCAACTTCATTCATGCTAACAATAACTTCGTTACCACGTTCAAGTTCAATGATACCGT
CTTTCATATTATGCGTACGAATTTCTGGACCTTTTGTATCTAATAAAAATTGCTACAATTTTG
TCTAATCTTTTAGCTACTTTACGAATTGTATCAATTCTACCTTTATGCTCTTCATGACTACC
ATGTGAAAAGTTTAAATCGTGCAACGTTTCATACCAGCATTGATTAATTTCTCAATCATTCT
TCTGATTCTGAAGCTGGTCCAATTGTACATAACAATTTTAGTTTTTCTCAT

> **accA**

Function: protein coding sequence; acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha (core genome, constant)

Best match: accA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1815186:1816130:r]RC

Position: 039-contig_321: 160 ... 1105; Length: 945 bp

Sequence:

TTATTCTATATAAGAACCGATATTTCTGAATTTTTCAAAGCGATCATTAGCAATTTTCATCA
CGTGATAATGACTCAAGTGAATCTAACTGTGCAACAAACGCTGATTTAATAGCTAAAGCT
TGCTGTTCAACATCTTTATGTGCACCGCCAAGTGGTTCAGAAATGACATCATCTATAATAC
CTAATTGCTTAATATCATGGGCAGTAATTTTCATTGTTTCAGCTGCAATTTTAGCCAAATT
ACTGTCTTTCCATAATAATGCCGCTGCACCTTCAGGAGATATAACAGAGTAAGTACTATT
CTCTAACATCAATACTTTATTGGCAATACCAATACCTAGAGCACCTCCACTGCCACCTTCA
CCAATGACAATCGCAATAACTGGTACTTTTAGTGAAGCCATCTCAATCAAATTTGTTGCG
ATAGATTCACTTTGTCCACGTTCTTCCGCAGCTTTACCAGGATATGCACCTTTTGTATCTAT
AAATGTAAAGATAGGACGATTGAATTTTTCAGCTTGTTTCATTAAACGTAATGCTTTTCGA
TAACCTTCTGGATGCGCCATACCAAAAATTTTCGATAAATATTATCTTTTGTATCTTTTCCAC
GTTGTTGTCCAATAACTGTAACAGCACGACCATTTAAAAAGCCAATACCACCAATCATTG
CTGGATCATCTCTAAAATTACGATCACCATGTAGTTCATAAACGAATCAAAGATATATG
GAATATAATCTAGGGTCGTAGGTCTTTCTTGCAAACGCGCAATTTGCACACGATCCCATG
GTTTTAGATTTGTATATATTTTTTTAGTTTCTCGTTCCAATGACGCTTCAAGCATGTCAATT
TCTTCTTGTAATCCACATCATTTTTATCTTGAGATTCTTTTAAAGATTCAATTTTATTTCG
AATTTCAAAAAGTGTTTTTTCAAATCTAACAT

> **accD**

Function: protein coding sequence; acetyl-CoA carboxylase/carboxyl transferase/beta subunit (core genome, constant)

Best match: accD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1816130:1816987:r]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 1104 ... 1962; Length: 858 bp

Sequence:

TTATTTAGTCACCTCTTGATGGATTTTTAGAAATTCAGACAATGTTTGACGCATATCATT
CGATGTACAACCTTTATCCAATTGTCCATGCTCTAATAAAAATTCTGCAGTTTGGAAATCAT
CTGGCAATTTTCGTTTATTGTCTGTTCAATAACTCGACGACCTGCAAAACCTATCAACGC
TTTTGGCTCACTTAAATTTATATCACCAACTGATGCAAACTTGCAGATACACCACCAGTA
GTTGGATGTGTTAAATATGATATATATAATAGTCCAGCGTCAGAATGACGTTTTAAAGAT
ACACTGGTTTTACCCATTTGCATCAAGGAAATAATACCTTCTTGCATACGTGCACCACCAC
TTGCAGAGAAAAGAATAAATGGTAAACGGTTCTCAGTGCAGTAATCAATGATGCGACAT
ATCTTTTCACCGATAACCGATCCATACTTCCCATTCTAAAACGTGAATCCATGACAGCAA
CGCCAAATTTTCATACCATCTAGTTGCGCTGTACCAGTCACAACCTGCTTCTTTAAGACCTGT
CTTTTGTGGTCTTTTCAATTTTTTCTAAATAACTTGGAAAATCTAATGGATTTCGACAGAG
GTCATTCCCTTATCGAATTCTGTAAATGATCCTTCATCAGAAATTGCTTCTATAAGTTTAT
ACGCAGTTAAAGCAATATGATGATCACAATTAAGCACACATTTAAATTTTCAGCTAATT
CTTTTGTGTACATAATTTTCTTACACTTTGGACACTTAGTCATAATACCTGCAGGCACATC
ATTATTTTAGAGTCTTGTACTGTAAGATATTTCTTTTTCTTTGTTTCGATTAAAAAATCTT
TAAACAT

> **maeB**

Function: protein coding sequence; malate dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: maeB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1778288:1779517:r]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 2156 ... 3386; Length: 1230 bp

Sequence:

```
TTATTGTAATCTGTAAGTTTCATTGTTTTATCATACACATCTTGCGGATCAACTTCAATCC
TAGCTACTCCAGATTCCATTGCCGCTTTAGCAACATTACGAGCAACTGATGGCGCTACAC
GTTTATCAAACGGTCCTGGGATACAGTAGTCTTCATTTAATTCAGAACTATCGATTAATC
AGCAATCGCTTCTACAGCTGCCTTTTTTCATTTCTTCATTTATATGTGTAGCTTCAACCTCTA
ATGCACCTCTAAAAATACCAGGGAAAGCTAATACATTATTAATTTGGTTAGGATAGTCTG
AACGTCCTGTACCAACAACCTCGTGCACCTGCCGCTTTGGCATCATCAGGTATTATTTTCAGG
ATTTGGATTAGCCATTGCAAATATAAATTGGATTATCTGCCATACTCTTAACCATATCTTGT
GACAGCGCATTAGCTACAGAACTCCGATAAATACATCTGCGTCTTTTACGACTTCTTCTA
AAGACCCTTCAATCTTATCTTTATTTGTCCATTTAGCTACAACATCTTTCGTAGGATTCATA
CCATATGAACGTCCTTCAAAAATTGCGCCTCTTGAGTCACACATAACCATATTTCTTACAC
CATACGCGTATAGTAATTTAACAATGGCTATTCCTGCTGCACCAGCACCATTTAGTACAA
CTTTTATTTTAGCAATATCTTTGTTAACAACCTCTCAATGCATTTACCAAACCTGCCATTGTT
ACAATTGCTGTACCATGTTGATCGTCAATGGAATACCGGAATATTAGTTTCTTTTTTCAATC
GTTCTTCAATTTCAAAACAACGTGGTGCCGAAATATCCTCTAAATTAATACCACCATAATT
AGGTTCTAACAACCTTAACTGTTTTAATGATTTCTTCGGTATCAGTTGTATTAAACGCAATA
GGCACCCCATGATACCAGCGAAGCTTTTGAATAATACTGCTTTACCTTCCATTACAGGA
ATACTTGCTTCAGGTCCAATGTTACCTAAACCTAATACCGCTGTTCCATCAGTAATAACTG
CAACTGTATTTCTTTAATTGTGTAATCATATACTTTTCTTTTATCTTCATAAATATCTTTA
CACGGTTCAGCAACGCCAGGTGAGTATGCTAAACTTAATTCCTCTTTATTAGTAACTTTTA
CATTTGGTTAACTTCTAATTTACCTTGATTACGTTTGTGCATTTCCAATGCTTCATCTCTT
AATGACAT
```

> **dnaE**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase III subunit alpha (core genome, variable)

Best match: dnaE_CC007_TCH959-USA300_AASB02000248.1[20452:23649:r]RC

Position: 039-contig_321: 3835 ... 7033; Length: 3198 bp

Sequence:

```
TTATATAAGCCTAATATCACTAGGGTTAAAGGATTGTATAAAAATTATTA AACATACTATCT
TTTTGATTAATATAGCCTATAGTAGTCATTTGTTTAATCGTTTCATCATAAAAGGATAACA
TAACATCATTAGCATTCTCTTTTCGTAGCTTTAATCATCTCTTCAAACATATCTATTTGTGAT
TTATTTCTAATTATAAATTTGTTTGGCAAATGCTAATTTTTGTTCTTCAAAGTGGCTAATGT
TTGAATCTCATTATAAATTAGTTGCCGTTGTTGCTTTCTATGGTCAAATTTCCCGCTAACTA
TAAACAAGTCATTATGTGATAACAACCTCTTCGTACTTTTTAACTGATTAGGGAAAATCA
CACCATCTAAAGTTTCAATGCCATCATTTAATATGACGAATGCCATATTTTGACCATTTTT
AGTTCGAATTTGTTTAACTTTATCAAACCTGTACTAATATAGGTTTATTATTCTGCGCGTTA
CTCAATTTAAATATCGTTAAATATTGTTTGGCAACAACTTTTTATCTACTGGGTGTTGCG
AAACATAAAATCCTAAATATTCTTTTTTCGTACTGACTAATAAGTGCATCAGGCAATTCTTC
TTTATCTTCATACATCTGTTTTGGCGTTAAAATATCAAATAAAAAACCATCTTGTTCAATG
TTTAAATCGCCATCCAACACTTGATCAATAGCTTGCAACAACGTTGAACGTGTTTTACCAA
AAGCATCAAACGCTCCCACTAAAATCAGTGCTTCAAGTAACTTTCTCGTTTTGACTCTCTT
CGGTATACGTCTAGCAAAATCAAAGAAATCTTTATATTTGCCGTTCTGATAACGTTTCATCA
ACAATCACTTTCACACTTTGATAACCAACACCTTTAATTGTACCAATTGATAAATAAATGC
CTTCTTGGGAAGGTTTATAAAACCAATGACTTTTCGTTAATGTTTCGGTGGCAATATAGTGAT
ACCTTGTTTTTTTTGCTTCTTCTATCATTTGAGCAGTTTTCTTCTCACTTCCAATAACATTACT
TAAAATATTTGCGTAAAATAAATTTGGATAATGGACTTTTAAAAGCTCATAATGTATGC
AATTTTAGAATAGCTGACAGCATGTGCTCTAGGAAAACCATAATCAGCAAATTTTCAGAAT
CAAATCAAATATTTGCTTACTAATGTCTTCGTGATAACCATTTTGCTTTGCACCTTCTATA
AAATGTTGACGCTCACTTCAAGAACAGCTCTATTTTTTTTACTCATTGCTCTTCTTAAAAT
```

ATCCGCTTCACCATAACTGAAGTTTGCAAATGTGCTCGCTATTTGCATAATTTGCTCTTGA
TAAATAATAACACCGTAAGTATTTTTTAATATCGGTTCTAAATGCGGATGTAATATTGA
ACTTTGCTTGGATCATGTCTTCTTGTAAATGTAAGTTGGAATTTCTTCCATTGGACCTGGTCT
ATACAAAGAAGTTACAGCCACAATATCTTCAAAGTGTTCCGGCTTTAATTTTTTTAATACA
CTTCTTACACCGTCAGACTCTAATTGGAATATGCCAGTCGTATCTCCTTGCAGACAACAATT
CAAACACTTTTTGATCATCGAACGGAATCTTTTCGATATCAATATTAATACCTAAATCTTT
TTTGACTTGTGTTAAGATTTGATGAATAATCGATAAGTTTCTCAAACCTAGAAAATCTATT
TTTTAATAACCCAATACGTTCCGGCTTCAGTCATTGTCCATTGCGTTAATAATCCTGTATCCC
CTTTCGTTAAAGGGGCATATTCATATAATGGATGGTCATTAATAATAATTCCTGCCGCATG
TGTAGATGTATGTCTTGGTAAACCTTCTAACTTTTTACAAATACTGAACCAGCGTTCATGT
CGATGGTTTCGATGTACAACTTTTTAAAATCGTCAATTTGATATGCTTCATCAAGTGTAA
TTCCTAATTTATGTGGGATTAACCTTGAATTTTCAATTAATGTAACCTCATCAAACCCCAT
AATTCTTCCAACATCTCTAGCAACTGCTCTTGAAGCAGATGACCGAAAGTCACAATTCC
AGATACATGTAGCTCGCCATATTTTTCTTGGACGTAATGACCCCTTCTCGGCGTGTA
TCTTCAAAGTCAATATCAATATCAGGCATTGTTACACGTTCTGGGTTTAAAAACGTTCAA
ATAATAGATTGAATTTAATAGGATCAATCGTTGTAATCCCAATAAATAACTGACCAGTG
AGCCAGCTGAAGAACCACGACCAGGACCTACCATCACATCATTGTTTTCGCATAATGGA
TTAAATCACTTACTATTAAGAAATAATCTTCAAACCCATATTAGTAATAACTTTTACTC
ATATTTCAATCGCTCTAAATAGACGTCATAATTAAGTTCTAATTTTTTCAATTGTGTA
AAGACACGCCACAAATATTTTTTAGCTGATTCATCATTAGGTGTCTCATATTGAGGAAGT
AGAGATTGATGATATTTAATTCTGCATCACACTTTTGAAGCTATAACATCAACCTGCGTTA
AATATTCTTGGTTAATATCTAATTGATTAATTTCTTTTTTCAAGTTAAAAAATGTGCACCAA
ATCTTCTTGATCATGAATTAAGTCTAATTTTGTATTGTCTCTAATAGCTGCTAATGCAGAA
ATCGTATCGGCATCTTGAAGTGTGGTAAACAAACATTTTGAATCCAAACATGTTTTCTAC
CTTGAATCGAAATACTAAGGTGGTCCATATATGTGTCAATTATGGGTTTCAAACACTTGTAT
AATATCACGATGTTGATCACCGACTTTTTTAAAAATGATAATCATATTGTTAGAAAATCGT
TTTTAATAATTCAAACGACACATGTTCTAATGCATTCATTTTTATTTCGATGATAGTTGAT
ACAAATCTTTAATCCATCATTATTTTTAGCTAGAACAACGTTTTCGACTGTATTTAATCC
ATTTGTCACATATATTGTCATACCAAAAATCGGTTTAAATGTTATTTGCTATACATGCATCA
TAAAATTTAGGAAAACCATAACAATACATTGGTGTGAGTTATGGCAAGTGCATCAACATTT
TCAGACACAGCAAGTCTTACGGCATCTTCTATTTTTAAGCTTGAATTTAACAAATCATAAG
CCGTATGAATATTTAAATATGCCACCAT

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1041811:1041923]RC

Position: 039-contig_321: 8227 ... 8257; Length: 30 bp

Sequence:

GGGGCCCCAACACAGAGAATTTGAAAAGA

> **uspA**

Function: protein coding sequence; universal stress regulator (core genome, constant)

Best match: uspA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1786083:1786496] (completely identical)

Position: 039-contig_321: 10008 ... 10422; Length: 414 bp

Sequence:

ATGTATAAAAATATATTACTTGGTGTAGACTCAGTTAAAAAATGAAAAAGCACTAAAA
GAAGTGTCTAAATTAGCTGGCGAAGGTACAGTCGTAACAGTTTTAAACGCAATCAGCGAA
CAAGATGCTCAAGCATCAATTAAGCAGGTGTTCAATTAACAAACTTACTGAAGAACGA
AGCAAGCGATTGGAACAAACACGCAAAGCTTTAGAAGATTATGGTATTGATTATGACCA
AATAATTGTTGTTGTAATGCAAAAAGAAGAACTATTAACAACTGCTAATAGCGGTAATA
CGAAATTGTTGTTTTAAGTAACCGTAAAGCAGAAGACAAAAGAAATTTGTACTTGGAA
TGTCAGCCACAAAGTAGCAAAACGTGCGACTATCCCTGTATTAATCGTTAAATAA

> **pepQ**

Function: protein coding sequence; Xaa-Pro dipeptidase (core genome, variable)

Best match: pepQ_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1826417:1827472]

Position: 039-contig_321: 11590 ... 12646; Length: 1056 bp

Sequence:

```
ATGACAAAAATATCAAAAATAATAGACGAACTGAACAATCAACAAGCTGATGCAGCATG
GATTACAACACCGTTGAATGTATATTATTTTACTGGATACCGTAGCGAACCCCATGAAAG
ATTATTTGCATTATTGATTAAGAAAGATGGTAAACAAGTACTATTTTGTCCAAAAATGGA
AGTCGAAGAAGTCAAAGCATCACCTTTCACAGGTGAAATCGTTGGATATTTAGACACTGA
AAACCCTTCTCACTTTATCCTCAAACAATCAATAAATTACTAATTGAAAGCGGAGCACTTA
ACAGTAGCACGCCAAAAACAATTAACCTCTGGTTTCAATGTCAATTCATTTCGGAGATGTT
GATTTAACAAATCAAACAATTGAGAAATATTAATCCGAAGATGAAATTAGCAAAATACG
TAAAGCTGCTGAGTTAGCAGATAAGTGTATCGAAATAGGTGTTTCTTATTTAAAAGAAGG
TGTGACTGAACGTGAAGTAGTCAACCATATTGAGCAAATCAACAATATGGCGTCAA
TGAAATGAGTTTTGATACGATGGTTTTATTTGGAGATCATGCCGCATCACCTCATGGCACA
CCAGGAGATCGCAGATTA AAAAGCAATGAATATGTACTATTTGATTTAGGTGTAATTTAT
GAGCATTATTGTAGCGATATGACACGTACCATTAATTTGGTGAACCTAGCAAAGAAGCA
CAAGAAATTTATAATATTGTATTAGAAGCAGAAACATCTGCAATCCAAGCAATTAACCT
GGAATACCTTTAAAAGATATCGATCATATCGCTAGAAATATTATTTTAGAAAAAGGTTAT
GGTGAATATTTCCCTCATCGCTTAGGTCATGGTTTAGGATTACAAGAACATGAATATCAA
GATGTTTCAAGTACTAATTCTAATTTGTTAGAAGCTGGCATGGTTATTACAATCGAACCAG
GTATTTATGTACCAGGTGTTGCAGGTGTAAGAATTGAAGATGACATACTTGTCACTAATG
AAGGATATGAAGTATTAACACATTACGAAAAATAA
```

> **ald2**

Function: protein coding sequence; alanine dehydrogenase 2 (core genome, constant)

Best match: ald2_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000037.1[70695:71813]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 12961 ... 14080; Length: 1119 bp

Sequence:

```
TTATAATTGTAATGCTTCTTCTACAGATTTATATTCCATTTCAAATGCCTCTGCAACGCCTT
TATTGGTTACATGACCTTTGTAAGTATTTAAACCTAATGATAATGGTTGATTTGATTTAAA
TGCTTCTCTATACCCTTTATTAGCTAGCATGAGCGCATAAGGTAGCGTAGCATTATTTAAA
GCTAACGTGGAAGTACGCGGTACTGCACCTGGCATATTTGCAACTGCATAATGAACCACA
CCATGCTTAATATATGTAGGATCATCATGTGTCGTAATTTTATCAGTTGTTTCAAAAATAC
CGCCTTGATCAATAGCAATGTCAATAATAACTGACCCATTTTTTCATTTGTTTAATCATGTC
TTCTGTTACAAGTCTTGGCGCTTTAGCACCTGGAATTA AAAACTGCACCTATTACTAAATCA
CTTTGTTTAAACATACAACTCAATATTCAACGGATTTGACATAATTGTATGTACACGTCCAC
CGAATAAATCATCTAATTGTTGTAACGCTTTGGATTAACATCTAAAATCGTAACATCTGC
ACCTAGTCCTAGTGCAATTTTAGCTGCATTTGTTCCCTGCTTGACCACCACCGATAATAGTT
ACTTTACCTTTAGGTACTCCTGGAACACCACCTAGTAGAATTCCCATACCACCATTGAGTT
TTTGTAGGAACTCTGCACCAACTTGAGCTGACATTCTTCCCTGCTACCTCACTCATTGGTGA
TAACAATGGTAAAGATCGGTCTGGTAACTGCACAGTCTCATATGCAATACTAATTACTTTT
CTATCTATCAAAGCTTGTGTTAATTTTTCTTCATTTGCTAAATGAAGATAAGTGAATAATA
CAAGCCCTTCTTTAAAATATGGATATTCAGATTCAAGTGGTTCTTTAACTTTAATAACCAT
ATCCACATCCCAAACCTTTTGCTTGTTCAGCAACAATCTCAGCACCTGCTTCTTTGTAATCT
ACATCTTCAAAGAACGATCCTGAACCCGCATTTGTTTCCACTAAAACAGTATGCCCACTTT
CTACTAAAGCGTGCACACCACCTGGTGATAAACCAACACGATTTTCATTATTTTAAATCTC
CCTTGGTATACCAATTTTCAT
```

> **ackA**

Function: protein coding sequence; acetate kinase (core genome, variable)

Best match: ackA_CC005_JH1_CP000736.1[1876510:1877712:r]RC

Position: 039-contig_321: 14966 ... 16169; Length: 1203 bp

Sequence:

```
TTATTTTAAACCACCGAATGTCATAACATCACGGGCAATCATACTTTCTTCATCTGTTGGA
ATAACGACAACCTTAACTGGTGAATGAGGATAGTTAATAAATCCTTCTTTACCACGTAGT
AAGTTTTCATTTTTCTTAGGATCCCAGTAAACACCATAAATTCTAAGCCTTCAAGAACTT
```

TCGCACGAATTTCTACTGAGTTTTACCGATACCTGCTGTAATACGATAACATCAACACC
ATGCATTCTCGCAGCATATGATCCAATATATTTGTGAATTTTAGAAGCAAATACATCTAA
AGCCATTTGTGAACGTGCTTTACCTGATTCAGCTTCTTCTGATAAGTCACGTAAATCACTA
GATGTACCTGATAATCCTAATAAACCTGATTCTTTGTTTAAAGATTTCCAATACTTGTTTCAG
CAGTTTTACCTGTTTTTTCCATAATAAATGGAATTAAGCAGGGTCAATATTACCAGAAC
GAGTACCCATTGTTACACCAGCAAGTGGTGTGAAGCCCATTGATGTATCAATAGATTTAC
CGCCATCGATAGCTGCAATTGATGCTCCATTACCAATGTGACATGAAATAATACGTAAAT
CTTCAATTGGCTTATCTAACATTTCTGCCGCTCTTTGTGATACAAATTTATGGCTTGTACCA
TGGAACCATACTTACGAATGCCATAATCTTTATAATAATGATATGGCAAGCTGTATAGA
TATGCTTTTTTCAGGCATTGTTTGATGGAATGCTGTATCAAAAATTGCCACATGAGGGATAT
TTGGTAATAATTTACGAAAGCACGAATACCCATCAAGTTAGCTGGGTTGTGAAGCGGTG
CTAATTCGCTTAATTTCTTCAATTTCTTTTCAACCTCATCAGTAATAGCTACTGATTCAGG
GAATTTTTACCACCATGTACAACACGGTGACCTGTTCCATCGATATCGTTAATATCATT
ATAATATTGTGCGCTTTAAAAGCATCCAACATGATATCAACTGCCTCAACGTGATCCTTG
ATATCTTGTACTGTTTTAACTTTTTCCCGTTGACTTCAATTGTAAAAATTGAATCCTTCAA
TCCGATTCTTTCTATTAACCTTTTGTACTAATTCCTCTTCAGGCATTCTAATTAATTGAA
ATTTAATGATGAACTACCAGCATTGATAGCCAAGATTAATTTTGACAT

> **tpx**

Function: protein coding sequence; thiol peroxidase (core genome, constant)

Best match: tpx_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1793401:1793895:r]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 17326 ... 17821; Length: 495 bp

Sequence:

TTAAATATTTTTGTATGCAGCTAAAGCAGCATCAAAATCTGGGAAATCAGTACCTTCACT
AACGATTTCTTTATAAACAACCTTTATTATCTGCATCTAATACAAATACTGCACGAGCTAAT
AAGCGAAGTTCTTCCATAACAACGCCATAGTTTTACCAAATGATAAGTCACGGTGGTCA
CTTAATGTAATGACATTGTCTAAACCTGCTGAAGCGCACCATCTTTTTTGTGCGAATGGTA
AGTCTGCTGAAATTGTAAGCACAATCCCCTCTTCTTTAGAAGCATCAGAGTTGAATTTGCG
AGTCTGCTGATCACAACACCTGTATCAATTGATGGTACCACACTAATTAATTTCTTTTTA
CCAGCATAATCTGCTAATGTTACTTGATTTAAGTCATTATCTAACACTGTAAAATCAGGTG
CAAATCACCTTCATTAATTTGTTGACCTTTAAGTGGATTGGTCCACCTTTGAATGTTAT
TTCAGTCAT

> **thiI**

Function: protein coding sequence; thiamine biosynthesis protein (core genome, variable)

Best match: thiI_CC001_MSSA476_BX571857.1[1774460:1775683:r]RC

Position: 039-contig_321: 18732 ... 19956; Length: 1224 bp

Sequence:

TTATAAAAAGTCATTTATTAATTGGTTTGTGTTGCTGTTCTTTAATAGTTTTATAATCACTAG
TTATTTCAAGTGTTTCAATATTTTCAACAGCACGATTAATCATCTCTTCAAATCAAAGAC
GCTTTCATATTGAACTACCTTATCAAAGTTTGGTTTCGGTTACTGGATTTTTAGGGGTGAAA
ATTGTACAACAATCTTCAAATGGTTGAATAGATGTTTCAAATGTACCAATTTCTTTCGATT
TAATAATAATTTCTTCTTTATCGTAAGTTAATAAAGGACGTAATACAGGAGTAGAAGTTA
CATTATTAATTGCATACATGCTATGAAGTGTGTTGACTGGCTACCTGCCCTAGGTTTTACC
ATTTACAATAGCTAAAGCCCCTATTTGATGTAATAATTTATCAGCAACACGCATCATCATA
CGTCTCGTTGAAGTCATTGTATATCTTGGATGTACAACCTTATTTACCTGTTTTTGAATTC
TGTAATGGTACAATATGCAATTTAATTGGTCCAACACGTTTCAGCTAAAATACGTGTCAA
TTCAATAACTTTTTCTTTTGCTTGATCACTTGTAATGGTGGACTATGGAAATGAATCGCT
TCAATTGTTACGCCACGTCTCATCACTTCCATCCCAGCAACTGGTGAGTCTATACCGCCTG
AAAGCATTAGTAACGTCTTACCACCAGTACCAACTGGTAATCCACCTGAACCCGGAACAA
CTTCTTCATACATATAAATTGCATCTAATCTAACTTCCACTCGAATTTTCATGATCTGGACG
TTTGACATTCAGTAAATATTGTCGAAGTGCTTCAATACTGCACCACCCAATTCACGCTGT
AATTCATACGTATCCATTGGGAAATTTTTATCGGCACGCTTCACATCAATTTAAATGTGC
TGTTTTCTTCAAATGCTGCGCAAATTTAATTGCCGCTGCACTCATTGCCTCTATTGTTTTT
TCTACTTTTAATACTGGACTAATAGATTTAATACCGAAAATTTTTGATAATCGATATGTTA

TTTCATTTATATCTGCATGGTCTTCAAGTTCAATATACATACGATCTCGTTTGCCTTTAACG
ACAAACCCATCAAGTCCTTTTAAATGACTTATTTACATTATTTCTTAATTGATTTACAAATTT
TTTTCTATTTGAACCCTTTAATGTTAACTCCCCGTATCTAACAAGCAAGTGATCATACTTC
AT

> **csd2**

Function: protein coding sequence; cysteine desulfurase 2 (core genome, variable)

Best match: csd2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1796030:1797169:r]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 19955 ... 21095; Length: 1140 bp

Sequence:

TTATTTTAGCAACTCCTTAATTTCCATATAAATGATGATAAATATTTCTTTAAACCTTGCTA
TATCTTCTTAGTTGTAGTAGCCCCAAATGATAATCTTATACTACCTTCAATAGATTTGTCT
GATAATCCCATTGCAGCCAATACTTCATTTAATTTATTACGTTTAGATGAACAAGCACTCG
TCGTAGATATCATAATGTCATATTTTAAAAAGCATTAACTAATACTTCACCTTTTACGCC
AGGAAAATAATATTTAAAACGAATGGTGAACCAGAAGTTGAAGAATTAATATAAACTC
CATGATATTTATTTAAAAATTGACGGACGTCATTATTTAACACAGTAACAAATGCATTCA
ATGCTTCAAAGTTTTCATTAGCTATCTTCATCGCTTTAACCAATTGCAATATCATTGGCAA
ATTAAGTGTCCACTTCTAACGCCATATCTTGACCACCACCATGGACAGTTGGTTCAACA
TTTTGAATGTGATTTACAAGTAAGACGCCTTGGCCTTTTAAACCATTAACTTGTGTCCAC
TTAAACTAATACTATCTATGTTATTGAGATCCATTGAAATTTGCCGAATGCTTGAACCGC
ATCTACATGAAAATGTGCCTTAGGATAATTTTTTATAACTTTAGCCATTTGTGGAATAGGC
TGTATTTGTCCAGTTACATTATTTACATACATACATGTTACTAAACCGACTTTGTCTGACA
TTAATTTCTTGAAGTGTCTAAGTTAATACTGCCATCTTTCTTTACATCAACATATTTAACT
TTAAATCCTTCGTGTGCTTCCAAATATCTTACAACCTCTAATACGGACGGATGCTCTAACA
CGGATGTAATATTTCTTCGCTGTATCAAATTTACGATAGGCAATACCTTTTAAAGCAAG
ATTATTGGATTCAGTTGCACCACTAGTGAATACAACATCATAATTTGTTTTGAATTAATC
ATTGCATTAATTTGGGCTTTTGTGTTGTAGTAATTGATTTGCCTGCAAACCAGCTTTAT
GCGGACTATTCGGATTATAATACATTGATTGATTTACTTTTAAATAAGTATCTAACACTTC
TTCAAATGCTTTCGTCGTTGCCGCATTATCTAGATATATCAA

> **ezaA**

Function: protein coding sequence; septation ring formation regulator (core genome, constant)

Best match: ezaA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1797541:1799235:r]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 21466 ... 23161; Length: 1695 bp

Sequence:

CTATTGCTTAATAACTTCTTCTTCAATATGTTTAGTAACACCTGGCTCAACACTTTCAAGA
GCTTGCTCTGCAATTTCAATCGCACGCTTATAGCGATTATTTTTAAATAATCGTTCAGCTT
CATTTAAGCTCTTATCAACATTGCTATAGTCCTTACGATATCTATTTCCATATTGAATTAAT
TTCTCTGCATAAACAGCATTAAACAAGAACATCATTTGCTTCATCTTCAAATGTATTCATTT
GAATCACAATTTTAGACACTTTATCTTTAACTGTTTAAACGTGTATTGGACGTTCACTAAA
TTGTTTCGTTAACATCACGAACCTTCATGATCAATTTCAATTTTTCATGATGATAAACCTTTCA
GGAACGCTTGTTAAGTTAGAAGCAAGTAATCGACGATACACTTCTTCTTTCTTCGATTGGA
CTCGTAGCAGATTGTCTTCTGCTTCTGCTTCATCTTCACGCAATTGAATCAGATGATTTTGT
AGCTTTTCTTGTGTTGTCATTAATAACTGTGACATGATCTTCTAAATATTGTAAATTATCCTG
AACCTCGCTATATCGCACAGCAGATTTAGACATTTCTTTTAAATATCATCATATACAGAA
ATTAACCTTTGAATTTCAATTTCAAATTGACGAACACTTTGAGCATCAGATTCATTTATAT
AGTAGTTTTACGTACATATTTCAATTTCTGTTTGAATGTATAATTCATGTCTTTAGCTTTG
AATAAGTTATCCGTAATGATATCTTTTGTTCCTTCGACATCATTTTTAGCTTTAACTTCATG
TTCAATTAATCATAACATGTCATCTAACTTATCATTGATATTAGCTAGTTTATCATTAGCTT
CTTCTAATTCTAAGCGGCTAATTAATGGTTCAACGAACTAAGCTCTGTTTTTAAAGCTTTG
TAATGTAAGTACTACTTTTACGTGATCCAGATCATAACCCTTCAACTTTAAGATCACGGCAA
CCATATTTTAAATCTTGGAAATTGACCAGGTAATTTCTTTTTGAGTTTCTCTAATTAATTCTGG
TATTTCTTCCATATAAGATCTTAGCTGTTTCATTTGTTTCATTCAAGGCAGCTATATGGTTGT

GCGCTTGTACATAATTACCATCAGCTTTTAGTACTTCATATTGCTCTAACCTTGGCTCAAA
CTTTTCAATTTTCAGTTTCAAGTAGACTTGCTGCCTCACCAAATTGATGACGATTTGCTAAA
ACATCACGTTTCATTTACGATAATCAACCTTACATTTGTCATATAATTCATCATTATCTTT
GTATAACGCAATAATTTTCAATTTACATCTTCTAATTGTTGCTGATAGCTTTGTTTCGTAACAT
CCATCAACTCATTTCGATCATCAATTTCACTTTGAGATGCGTTGAAACTAAATTTATCTAA
TAAAGCCTCAGCATTATGGATTTTTTCTTCCACAGGAGCTAGATACTTATTTGTACTTTCT
ACGTTGTCCTTTTTTTCATTGCATCGTATTTTCGTTTTTGTTCACCTTTTAAATTCAACTTAGA
TAATTGTGCAAGGTTTTGATCAAAAGGTAACGTCTCAATTTTACGTTTCGATTGCT
TTTTCAATAATTTGTCGTTTATTTGAACGTAAATAGAATAATACACCTACAGCAATCAATA
TAATCACAATTATTGCCAAAATGATATATAACACCAT

> **rpsD**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S4 (core genome, constant)

Best match: rpsD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[180080:180682] (completely identical)

Position: 039-contig_321: 24005 ... 24608; Length: 603 bp

Sequence:

ATGGCTCGATTTCAGAGGTTCAAACCTGGAAAAAATCTCGTCGTTTAGGTATCTCTTTAAGC
GGTACTGGTAAAGAATTAGAAAAACGTCCTTACGCACCAGGACAACATGGTCCAAACCA
ACGTAAAAAATTATCAGAATATGGTTTACAATTACGTGAAAAACAAAAATTACGTTACTT
ATATGGAATGACTGAAAGACAATTCCGTAACACATTTGACATCGCTGGTAAAAAATTCGG
TGTACACGGTAAAACTTCATGATCTTATTAGCAAGTCGTTTACGCTGTTGTTTATTCA
TTAGGTTTAGCTCGTACTCGTCGTCGTAAGCACGTCAATTAGTTAACACGGTCATATCTTAG
TAGATGGTAAACGTGTTGATATTCCATCTTATTCTGTTAAACCTGGTCAAACAATTTCACT
TCGTGAAAAATCTCAAAAATTAACATCATCGTTGAATCAGTTGAAATCAACAATTTTCGT
ACCTGAGTACTTAACTTTGATGCTGACAGCTTAACTGGTACTTTCGTACGTTTACCAGAA
CGTAGCGAATTACCTGCTGAAATTAACGAACAATTAATCGTTGAGTACTACTCAAGATAA

> **ugpQ2**

Function: protein coding sequence; chromosomal glycerophosphodiester phosphodiesterase (core genome, constant)

Best match: ugpQ2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1735395:1736138:r]RC (completely identical)

Position: 039-contig_321: 24823 ... 25567; Length: 744 bp

Sequence:

TCACTTAATAAATAATTTCCGATTATCTGTAATTAATCCATCTACACCCATTTGTCTTAATT
TTTCTCCAGTTTTCAATTTATTAAGTGTGATGGCATAACCTGTAATTGATGATGATGTGC
TTTATCAACAAATTTTCTGGTCACTAATGCATAAATTAGGATTAACATAACTAGCAATTTGA
GCAATTCCTTGAAAAGTTTGGCTTTTTATACCAATAAATTACGTTTACTACAAAGCACACCTA
ATTCATATATACTGCCAATGTGTTTAACTTTTCGATGCATTCGATATCAAAAGATTGTAT
AACTACTTGTGTCGCATCGACTTTCTTTTCTTCCAAAAATGCCAGCAATTTACATTCTATTT
CTGGATATAAATTCGGACTTTTCAATTCATCAATAGCTTTTTATCATACTTTAAGCATAA
TGAAAGTACTTCATCTAACGTGGGTATTCGTTCTCCCTTAAAAGCAACATCTTTATAACTA
CCAAAATCAAATGATTTTAATTGCGATAATGTGTAATCAGCAATACGCCCTTACCATCC
GATGTTCTATCAATTGTTTCATCATGTATCACAACAAAATGTTGGTCTTTGGTCAAATGAA
CATCTATTTCTAACATAGCAACATTGAGCCCCATTACCTCTCGATAACCGACCATTGTATT
TTCAGGAAAATCACTCGGCAATCCACGGTGCAGAAACAATTTGTAATTCATCTTTCAGTTTA
TTCAGAGTCAT

> **serA**

Function: protein coding sequence; D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: serA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1843700:1845304] (completely identical)

Position: 039-contig_321: 27353 ... 28958; Length: 1605 bp

Sequence:

ATGAAGCAATTTAATGTACTCGTTGCAGATCCCATATCAAAAGATGGTATCAAAGCATT
TTAGATCACGAACAATTCAATGTAGATATCAAACCTGGCTTGCCGAAGAAGCATTAAATC
AAAATTATACCTTCATACCATGCTTTAATCGTTCGTAGTCAAACCTACGGTTACTGAAAATA

TCATAAATGCTGCTGATTCTTTAAAAGTAATCGCACGCGCCGGTGTGGTGTAGATAATA
TTAATATTAATGCTGCAACATTAAGGTTATTTAGTTATTAATGCCCCAGATGGTAATAC
GATTTGAGCTACTGAACATTCAGTGGCAATGTTATTATCAATGGCTCGAAATATTCCGCAA
GCACACCAATCACTTACAAATAAAGAATGGAATCGAAATGCATTTAAAGGTTACTGAGCTT
TATCATAAAACATTAGGTGTCATTGGTGCTGGTAGAATTGGTTTAGGTGTTGCTAAACGT
GCGCAAAGTTTCGGAATGAAAATACTAGCTTTTGACCCTTACTTAACGGATGAAAAAGCA
AAATCTTTAAGTATTACGAAGGCAACAGTTGATGAGATTGCCCAACATTCTGATTTGCTT
ACATTACATACACCACTAACACCTAAAACAAAAGGCTTAATTAATGCTGACTTTTTTTGCC
AAAGCAAACCTAGTTTGCAAATAATCAATGTGGCACGTGGTGGTATTATTGATGAAAAG
GCGCTAATAAAAGCATTAGACGAAGGACAAATTAGTCGGGCAGCTATCGATGTGTTTGA
ACATGAACCTGCAACTGATTCGCCTCTTGTTCACATGATAAAATTATTGTTACACCTCAT
TTGGGTGCATCAACAGTCGAAGCTCAAGAAAAAGTGGCAATTTCTGTTCAAATGAAATC
ATCGAAATTTAATTGATGGTACTGTAACGCATGCAGTGAATGCACCTAAAATGGACTTA
AGCAATATAGATGATACTGTAATAATCATTCATCAATTTAAGCCAAACAGTTGGTGAATTA
GCTATTCAATTAATGTACAATGCACCAAGCTCTATTAATAATTACGTACGGTGGCGACTTA
GCCTCTATTGATAGTAGTTTATTAACACGTACAATTACTCATATTTAAAAGATGATC
TTGGTCTGAAGTCAATATTATCAATGCTCTAATGTTGTTAAATCAACAACAAGTGACATT
AAATATTGAAAATAATAAAGCAGAGACAGGTTTTAGTAACTACTTAGAGGTAGAACTATC
AAACGATAGCGATCCGTTAAAGTTGGCGCTTCTGTCTTTACAGGTTTCGGTCCAAGAATT
GTTAGAATTAATAATTTTTCTGTAGACTTAAAGCCAAATCAATATCAAATTGTGTCATATC
ATAATGATACTCCAGGTATGGTAGGAAAAACTGGCGCATTGTTAGGTAAATACAATATCA
ACATTGCATCTATGACTTTAGGTAGAACTGAAGCGGGCGGAGATGCGCTAATGATTTTAT
CCGTTGATCAACCTGTTTCAAACAATATAATTGATGAACTTAAACAAGTTGGTGAATACA
ATCAAATTTTCACAACCTGAATTGACGGTACAGTCATAA

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_15653_EU272084.1[3547:5193]RC

Position: 039-contig_321: 29013 ... 29043; Length: 30 bp

Sequence:

TTAGGCAATGTAAAAAAGCTGATTTCTATT

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397772:1397835:r]

Position: 039-contig_321: 29015 ... 29045; Length: 30 bp

Sequence:

AGGCAATGTAAAAAAGCTGATTTCTATTAA

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397234:1397306:r] (completely identical)

Position: 040-contig_241_RC: 10 ... 83; Length: 73 bp

Sequence:

TGTATAAATAGAGAACAGCAGTAAGATATTTTCTAATTGAAAATTATCTTACTGCTGTTTT
TTTAGGGATTTA

> **nagE**

Function: protein coding sequence; PTS system/N-acetylglucosamine-specific IIBC subunit precursor

Best match: nagE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1806419:1807885:r]RC

Position: 040-contig_241_RC: 1433 ... 2900; Length: 1467 bp

Sequence:

TTATAAATGTTTTTCAATTTTCATCAGCAACCTGCTGTACGTGTGTACCGACAATAACTTGA
GTTGAATGTTTACCATTAACAGTAACACCAACTGCACCGGCGTTTTTAATCTTCTGTGAT

CAATAATAGATGTGTCTTTTAACTCTAGACGCAACCTTGTGTCACAATTGGTTAAATTAAC
AATATTCTCTTGACCGCCTAAACCTTCTAATATTTGTATAGCATGTTGATGATATTTACTTT
GTTTAATATCATTTTTACCAGGAGCAATATTATCTTTTACAACCTGTTGGATCAACTAATTC
ATTTTCACCTCTACCAATCGTATTCAAGTTAAATACTTGGATTACTACACGGAAAATCACA
TAGTATAAGATGAAAAATACAACACCTTGAACAAGCAACATCAATGGATGATTTGATACT
GGATTAATTAGTGATAACACATAATCTATCAAACCTGCACTAAATGAAAATCCAGCTGTC
CAATGGAATGTAGCTGCGATAAATAAAGATAATCCTGTTAATAACGCATGAACAACATAT
AAGATTGGCGCAACAAACATAAATGCAAACCTCAATCGGCTCTGTAACACCAACGAAAAA
TGCTGCAACTGAACTCGCTAGGAACCAACCGTAAACTTGTTTTTCTGAGTCGTTTTAGCT
GTATGATACATTGCTAACGCAGCCGCTGGAATACCGAACATCATGATTGGGAAGAATCCC
GCTTGATAGCGTCCTGTAATACCTTTTATAGCATCTTTGCCACTTTGGAATTTACCAATAT
CATTAAATACCAATCGTATCAAACCAGAACACACTATTCAGTGCATGATGTAATCCTGTAG
GAATTAATAATCTATTGGCAACACCATATATGAAAGCTCCAAACGATCCTAAACCGACTA
TAGATTCACCAAATTTTACAATCCATGAATAAAGTAGTGGCCATAAGAATAACAATATGA
CAACTAAAAATGTACAGTAAAATGCAGTCATAATTGGAACCTAGACGTTTACCACTAAAAA
ATGATAATGCTAATGGTAATTCTGTTTCACTAAACTTATTGTATGCATAGGCTGCTATTAA
ACCTATTACAATACCAACAAAGACATTGCCATTATTCATCTTTTCAAAGCTGAATTTATT
TCCGAAGCTTTCATTCCCTAATAAAGGCGCTAATTTTCATTGGTGATAATACAACCTGTAAC
AAAAATATCCTAACGTAGCTGCAAGCGCGACTGCACCATCATTTTTCTTTGCCATTCCCTAT
AGCTACACCAATTGCAAATAAAATACCTAATTGCTCTAAAATCGTAGTACCTACCGTAGT
AAAGAACATTGCGATTTTCGGCGTCGCATGAAGTGCATTTAACGTATTACCAATTCCGGC
AATAATTGCTGCAGCCGGTAAAATGGCAACTGGTAACATTAACGAACGCCCTAAATTTTG
GAAAAATTTATACAT

> **tyrS**

Function: protein coding sequence; tyrosyl-tRNA synthetase (core genome, constant)

Best match: tyrS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1810170:1811432:r]RC

Position: 040-contig_241_RC: 5184 ... 6447; Length: 1263 bp

Sequence:

TTATTGATAGTTAACCATGAAGTATTTTTTCTTACCGCGACGAATAATCGTAAATTCGCCA
TCAATTTTATCTTCTGGTGCTAAAGCATAATTAACATCTTGTTGTCTCTCACCATTAATATA
AATCGCACCATTGTTAACATCTTCACGTGCTTGTGCTTTAGAAGGAGAAATGCCTGTTTCA
ATAAGGACTTCAACGATATTTGTTGTGTCATTTGATAATGTCACCTGAGGCACATCTTTAA
ATCCATCTTTAATTCTTTTCGCTGATAATGATTTTAAATCACCCTAAATAATGCTTGTGA
AATACGGATTGCATCATTTAATGCATCTTCACCATGAATAAATTTAGTTACTTCTTCAGCT
AATGTTTTTTGAGCTTCACGTAAATGCGGTGCTTCATTTTTAGATTGTTCTAAGCGATCAA
TTTCTTCTTTTCTAAGAAAGTAAAGTATTTTAAAGAATTTAATTACATCTTCGTCTGATTGA
TTAATCCAGAATTGATAAAATTCATAAGGACTTGTTTTTTTCAGCATCTAACCAAACAGCA
CCTGACTCAGACTTACCAAATTTCTTACCATCTGATTTAGTTACAAGCGGAATAGTTAAAC
CGTATGCGTCTGTTTGACCATAACATACGACGCATTAATTCAATACCACTTGTGATATTACC
CCATTGATCTGATCCACCTACTTGAATCTTACAATTCATTTCTCTATTCAAATGACCGAAA
TCAATAGCTTGTAATAATCGTGTATGTGAATTCTGTATATGAAATACCATGTTCTAAACGAC
TTTGGATTGAATCTTTACCTAACATGTAATTAACGCCGACGTGTTTACCATAGTCACGTAA
AAAGCTAATTAATGAAATTTGTCCTAACCAGTCTCTATTATTAACAAGCACTGCACCATG
GTCTGTTCCAAATTCAAAAATATTGTGCATTTGTTTACTAATAACCTTCGATATTTTTATCTA
CTTGTTCTTCTGTTTGTAGCACACGTTCTTCTGATTTACCTGATGGATACCAATCATACT
GTACCACCACCAATTAACGATAGGACGATGTCCATGTTCTTGAAAACGTCTTAATGTT
AAGAATGGTAGTAAGTGACCAATATGTAAACTATCTGCCGTTGGATCGGCACCGCAGTAT
AACGTCACCTGTTCTTTATTTAATAAATCTTCAATACCTTGTTCATCAGTTTGTGATAAAT
AAGACCTCTCCATTTTAAATCTTCAATTAATACATTCGTCAT

> **tbox10**

Function: noncoding RNA T-box leader element (core genome, constant)

Best match: tbox10_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1811524:1811725:r]RC (completely identical)

Position: 040-contig_241_RC: 6537 ... 6739; Length: 202 bp

Sequence:

```
TGTAAGGGCGCGATTGCACGTTACCACCAAACCTTAAACATAATCATAAAGATAATGTTCCAC
TCTATTAATGATACGTTTCATTAATAAACGTAGGACATGTTAGTTATAAAGGTGATTTCATA
TTATTA AAAACACTAGTTCACAGCGACCACTAGCTCTCTGATGATTTCAAATAATATTACT
TGTCCTTTTATCCTATTCTT
```

> **sgtA**

Function: protein coding sequence; monofunctional transglycosylase A (core genome, constant)

Best match: sgtA_CC001-ST772_118_AJGE01000048.1[6764:7669] (completely identical)

Position: 040-contig_241_RC: 6827 ... 7733; Length: 906 bp

Sequence:

```
ATGACGAATCAAGACAACAATCATCAATTGAATCATCGTATATATCATTTTGAAAAGATA
TATAAAGCTATCAAACATGTCATTGTTTTTATATTTATGATTTTCATTGCCATCGTTGCTAT
CGCTGTGATTGCGATGTCTTTATATTTTCATCATTTAACTAAAACGTCCGACTCATTATCA
GATGATGCTTTAATAAAAAAAGTTTCGACAAATACCTGGCGATGAATTATTAGATCATAAT
AACAAAAATTTATTATATGAGTATAACCATTCTCAAACTCACTCATTATAGGCCCTAAA
ACATCAAGTCCAAATGTCATTAAGCATTAACGTCATCTGAAGACACTTTATTTTATAAAA
CATGATGGCATCTTACCAAAGGCGATTTTAAGAGCAATGATACAAGATATTTTAAATACT
GATCAAAGTTCAGGTGGTAGCACAATTACACAACAACCTTGTTAAAAAATCAAGTTCTTACC
AACGAAAAACATATAGTAGAAAAGCAAATGAACTTCGCCTAGCAATTAGATTAGAACA
CCTACTCTCAAAAGATGAAATTATATATACATATTTAAATATAGTTCCCTTCGGTAGAGAT
TATAATGGCGCTAATATTTCCGGAATTGCATCCGCTTCATATAGTTTGTGTTGGTAATTCAC
CAAAAGATTTATCAATTGCACAATCTGCATACCTTATCGGTTTGTGCAAAGCCCTTATGG
CTATACACCCTACGAAAAAGATGGAACGTTAAAATCGGATAAAGATTTGAAATATAGTAT
TCAAAGACAACATTATGTATTA AACGTATGTTAATCGAAGATCAAATCACTGAAAAAGA
ATACAACGACGCATTA AAAATATGATATTAATCACATTTGTAAATCGAAAAAAGCGTTA
A
```

> **isdH**

Function: protein coding sequence; haptoglobin-binding surface anchored protein (core genome, variable)

Best match: isdH_CC007_TCH959-USA300_AASB02000248.1[53213:55894:r]RC

Position: 040-contig_241_RC: 7938 ... 10620; Length: 2682 bp

Sequence:

```
TTATTTAGATTCTTTTCTGAATTTAGGAATGAGTAAAGCTAACATACCTAATAACGCATAT
AAGCCCCACCATGATTGGCTTGAAGTTGTTTCTCCAGTTTTTGGTAGCATTTTAGATTGAC
TAAGTTTGTGTTTCTTTTCGATGGTGTGCCGCTTTTCTTTTGTGTTTCACTGTTTTGTCCACA
GTTTTATGAATATCACTCGGCAGATGTTCAAGTTGCTTTTTTGTGAGTAACTTTGATAGTAC
TGATAGGATGATATTTTCATTGTATCAATGTTTGTTCAGTTCCAGTATTATTAACCTTTATTT
TTATCGGCAATATGAGCAAGCTGTATGACTTTGTCTTTATTTTTATTAGAGTCTTTATCAGT
ATCGACATTCGATGACATACCAACGCTATTATCAACACCCTTATCAGTGTCTTTAGCAATT
TGAGTATCCATTTCTTTTAAATCATACTTATCGAAGTGATTGTTATCCAACATATCGGATA
AATGATCAACATCATGTTGCACATCTTTGTCAACACTACTATCAGTATCTTTAACCATGTC
AGACTCTGGTTCTATCACATCTGCTTTATCAGACGCATCTTTAGGATTTGTTGCAGTGCTG
CTATTTTCAGCTACATCTGTATCAGCAACCTTATCTTCTGTCCCTGTTTGTACATTTAGCGG
TTCACTCGTGTTATTTTGTGATATATCATCATCTTTTGTATTGATATCCTGATTTATAATTC
TGACATGATATTGACCTTCATAACCAATGTTTGCCACAACGACTTTAACAATCGCATTGTA
AACTGCTTTGTGAGGTATATATGGGAAAATCAGCGTTCTAGAATTATTTTTAGGATCTTTA
GAAACAGTAGTGACACGTTTACCTTCTACAATTAATCTTTCCAGTAACTGTCATCCTTTG
TTTTCATCACTACATATTTTTGACCATTTAAAGTTGCTGTATAGAATGGATGTTCAACAAA
GCCGTCCATAACTGACTCACTATTTTCTTCACTTTCAAAAACAACAAAATGCGCTTCTTGT
AAATCTGTTAATTGATCATTGTTAGGTGTAACATTTTCAAATTCGTCAGTCTGATTTAA
CTTGATCAGCTAACTCTACTCTAGTTTGTATCTAATTTCTTTTTATATTCCGCCTTATATTTTT
CTGGCAATTTCTCTTGTAAATTTTCTAATTCATAAACTTGTCTTTCTAACGTTTTAGCTTTG
```

TGATACGGAGCTAATAATTTTTGTAAATTGTATGTTTCTTCATCCACATAGTCGTCTGGGT
TATTAGTAATAGGCTGTGCAAAGACCATTAGCGTATAATCATAGTCTTCATGGATGTTCTC
ACCATATTCAATAGATGACACAATTTAACTTCTCTCGTACCATTAGATACTGGGAAACG
AATATAGGCATAATCTTTATCAGAATCATATGATACTAATTTCGACTGGTAACTTTTTGTCA
CCTTCATAAACTTCAAATTTCTTCCATGTTGAAGCTGTCTTTAAACCTAATTCAATTATTG
GTCCTGTTTTTGTAAAAATGACAGTTGCTGGTTCAACAGTACTAGCATAATGATAGAACT
GTCTTTCACCTTTATCATTTTTTCATTTGAAAATCAATTGGTCGCCAATTATCAGCTGTATGT
TCTTTATCGATGATAGCCGGGTTTTTAATTGCATCTTGTAGTGATTCATCTGCTGGTGGAT
ACTGTTGATTAACATCCGACTGATTACTTGACTCATTTCGTTTTATCGTTAGTATTACCATTA
GAATTTGTTTCATGAGCTGGTTGGCTTGACGCTTGATCTGCATTTCGTTGACGATTTTGTT
GTGCAGGTTGACTCATATTGGTCGTTGCCTGCGGTTGATTATTAGCATTGTTGATCATTGA
TGTATTTTATTAGATGATTCGTTGTTTGTGATTACTTGCGACTGAACTTGATTGATCAT
TCGTTACTACTGCATCATTGTATCTGATTTTACAAGTGAAGGATCGTTATAAATAGGTTT
AGCAAATACTAATTTAGTATAATCATAATTTGTTTCTTCTCCATCATCAATTTGAGTCGAA
GAAACAATTTCAATTCTTGTGTGCCATCTGAAACTGGGAATCGAATATAGGCATGGTCT
TCTGGTACAGGACTATATGATACAAGTCTCACTGGCAGTTTTTGATTGTTTTTCATAGACTT
CAAACCTTCTCCATGTTGAAGCAGTATTGATGTCTAATTCAACTTCTGCTTTCTTTTTAGTG
TAATACACATCTGCTGGATCTTTGATGCTGAAAAAGTGATAGTACTGCGTTTTATTGTTTT
TATCTAATAACTGGAAATTGACTTGTCTCTTGGACCTATATCATGTTCTTTATTTTCTAAT
GCAGGATCTTTAATTGCATCTTTAAGTGATTCATCCGCTGCAGGATAGTTTTTTCGCAGTGT
TTGCTGGTTGCGTAGCAGGTTGTGTTTGTATTCCTTAGGTGGCTGAGTTGTAGTTGC
ATTATTATTTGATTTTCCGAGATTTTATCTGAAGTATTTGTATTTTCTGCTGCTTGTGCTT
GATGTTGAGAAGTAATTAATAAATAGTGTACTGACAATGACCGATGCAACGCCTAGAGTTG
ATTTTCTAATAGAATAGAAAGACCTTAATTTGGGTGATGTTTGTTCAT

> **furbox-isdH**

Function: binding site of ferric uptake regulator next to isdH

Best match: furbox-isdH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1815633:1815668] (completely identical)

Position: 040-contig_241_RC: 10643 ... 10679; Length: 36 bp

Sequence:

TATATTTAATTGATAATAATTATCAATATCAATTAT

> **rsaB**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus B (core genome, variable)

Best match: rsaB_CC008_COL_CP000046.1[1824119:1824178] (completely identical)

Position: 040-contig_241_RC: 10673 ... 10733; Length: 60 bp

Sequence:

AATTATTAGTGTTAATTGTAGCGCATCCCAATTAATATTGCAACCTATTTTATTAATTT

> **fhs**

Function: protein coding sequence; formyltetrahydrofolate synthetase

Best match: fhs_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1815943:1817610:r]RC

Position: 040-contig_241_RC: 10952 ... 12620; Length: 1668 bp

Sequence:

TTAGAATAACCCAATTGCATGACCATCATCAGTAACATCCATGTTTAATGCTGCTGGTTTTT
TTAGGTAAACCAGGCATAGTCATGATTGCACCTGTCAACGCTACGATAAATCCTGCACCT
GTTTTCGCTTCTAATTCACGAATTGTAATTTCAAATCCTGATGGTGCACCTAACAACGTTT
GATCATCTGAGAATGAATATTGTGTTTTCGCCATACATACTGGGTAATTATCCCAACCATT
TTCTTTAAATTGTTTTAATTGTTTTTTCGCTTTACTGCTAAACGTTACTTTTGAACCGCCAT
AGATTTTCAGTCACAATCTTTTCAATCTTTTGTCTCTAATGGTAATTCTAATTCATATAAAGG
TTTAAATGAATTAGGTTGATCAATGACTTCTAATACTTCATTTGCTAAGTCAACGCCACCT
TTACCACCTTTTTCCCAAACCTCAGTTAAGGCAATTCGTACGTTATTTTCTTTAGCCCAAG
ATTTTACATATTCTACTTCTGCATCGGTATCATGTATAAATGCATTAATTGCAACAACCGG
TTCTACACCGAATTTTTTAATATTATTAACATGACGCTCTAAATTAACAATTCCTGCTTTTA

CTGCTTCTACATTTTCTTCTTTTAAATTATCTTTCGCTACACCACCATGCATTTTAAACGCA
CGAATTGTCGCAACAACAACGACAGCTGCCGGATCAAATCCTGCTTCACGCGCTTTAATA
TCCATGAATTTTTCAGCGCCTAAGTCTGAACCAAATCCAGCTTCCGTTACAACGATATCAG
CTAAATCACGTGCTGTTTCAGTTGCTAAAATTGAGTTACAACCGTGTGCGATATTCGCAA
ATGGTCCACCATGAACTAATGCAGGTGTCCCTTCAATTGATTGTACTAAGTTTGGTTTTAT
TGCATCTTTTAAAATCATTGCAAGTGCACCTTCCACTTTTAAAATCTGCAACTGTAACCTGGC
TTGCGATCTCTAGTGTAACCAATAGTAATACGACTAATTTTATCTTTTAAAGTCTTTAATAC
TTCTACTTAAACATAAAAATCGCCATAATTTTCAGACGCTACTGTAATATTAAGCCATCTTC
ACGTGGTACACCATTGTAGGTCCACCTAACCCAACGTTTACATGTCTAAGTGCACGATC
ATTCATATCTAATACACGTTTCCACTCAATACGTCTTTGATCGATTCCCTAATTCGTTACCTT
GGTGAATATGATTATCGATAAACGCAGACAATGCATTATTTGCAGTTGTAATCGCATGGA
AATCTCCGTTGAAATGTAAGTTGATATCTTCCATAGGTAAGACTTGCGCATAACCACCAC
CAGTCGCACCACCTTTGATACCAATGTTGGTCTAAAGCAGGCTCTCTTAATGCAACCA
TAACGTTTTTATTTAACTCATGGAATGCATCAGCTAAACCAACTGTAACCGTTGATTTACC
TTCACCAGCTGGTGTGGGCTCATCGCAGTACTAAAACAACCTTCCCTTTGTTTTCTTTG
GCGTAATTTTATTAATGTCGATTTTAGCTTTGTAATGACCATAAGGTTCTAATGCATCCTC
TGAAATACCTACTGATGCAGCAATATCCTTAATTGGTTGTAGTGTTGATTGATTTCGCAATA
TCTAAATCTGATAAATGAGTCAA

> **acsA1**

Function: protein coding sequence; acetyl-coenzyme A synthetase

Best match: acsA1_CC005_JH1_CP000736.1[1903505:1905211:r]RC

Position: 040-contig_241_RC: 13059 ... 14766; Length: 1707 bp

Sequence:

TTATTCATTGTACTTAAATCCCCAGCATCTAAATTTAATTCCCAAGCTTTTAATACACGT
CTCATAAATTTACCTGACCGTGTTTTAGGTAATTTATCTTTAAATTCGATTTACGTTGGTGC
TGCATGTGCCGACAAACCTTCTTTAACAATATACGAATGTCTTCTTTAATTCGTCTGTT
GGTTCATATCCTTTTCTCAGTGCAACAAACGCCTTAATTTTACCAGCGAACCGGATCTG
GTTACCAATAATTCCCTGCTTCGGCAACTGCTTCGTGTTCAACCAATTTAGACTCAACCTC
AAATGGTCCAACCTCGTTCACCAGCTGTCATAATTACATCATCAACACGTCCTTGGAAACCA
GAAGTAACCATCTTCATCTTTATATGCCGAATCACCAGATACATACCAGTCTCCAATAAA
ATATGATTTATATTTTTCTGGATTCTTCCAGATACGATACATCATTGATGGCCAGCCTTTTT
TTATAGCAAGGTTGCCCATTCGATTTGGTGGTAATTCATTACCTGCATCATCGATAATTGC
AGCTTGAATACCAGGTAATGGTTTGGCCATTGAGCCAAGCTTGACGTCCATCGTTGGATA
GTTAACAATCATATGTCCACCTGTTTCTGTTCATCCACCAAGTATCTAACACCGTTAAACCG
TATACTTTTTTCGCCATTTTATAACTTCAGGATTTAAAGGCTCACCTACTGATAGAATCG
AACGTAACGATGACAAGTCATATTTCTCAACAATATCGTCACCAGCACTCATTAACATTC
TTAAAGCTGTTGGTGCCGTATACCAAAATCGTCACTTTAAAATCTTCAATCATACTATACCA
CTGTTCTGGTGAAAAGCGACCACCAGCTATACAATTTGTAGCGCCATTTAACCATGGTGC
AAAAATACCATAAGATGTTCCCTGTAACCCAACCTGGATCTGCTGTACACCAATAAACATC
ATCTTCTTGTAATCTAATACATATTTTCCAGAAATATAGTGCCTAACATTGCTTGTGTA
ACATGCAATACACCTTTAGGTTGCCAGTAGAACCTGATGTATAATGTAAAATCAAACCA
TCATCCGACTTTAACCAATCAATGTCAAATTCATCGCTAGCAGTTTCCATCAAACCTAATGA
AGTCTATGTAATTGTCTTCTACATCCTCATCTACGACAACAATTTTTTTCAAGTTCGGTAA
TTTATCTACAGGTAAGTTCGAGGTAACAATGCCTTATTAGTAATTAACACTTTAGCTTCACTG
TTCTCTAATCTATCCGCAACTGCCTTTTCCATAAATGCTTCAAATAACGGCCCAACAATTG
CACCAATTTTTAAAACACCTAACCAACGCAAAATATAGTTTCAAGGTGACGCGACATAAATA
TAAATACTCTGTACCTTTGTCAACTTCTGCATGTTGAGACAAAACATTCGCTGCTTTATT
AGATAATCGTTGCATATCTTTATAAGTATACGATTTCTTTTCTGTACTCATCTTTGTAATTTA
ACGCTATTTTATCCCCTAATCCTTGATCTACATGGCGATCTATACATTCATATGCCATGTT
CATTTTTCCAGTTTCACTCCAAGAAAATGCTTGTCTACGTCTTTCCAATCAAAGTATTA
TATGTTTCTTCATAATCTTTAAGGTTATGTTTACCTTGCCTCTTTATAAACTTCGACTTT
CAT

> **acuA**

Function: protein coding sequence; acetoin utilization protein A
Best match: acuA_CC001_MSSA476_BX571857.1[1799578:1800210]
Position: 040-contig_241_RC: 14934 ... 15567; Length: 633 bp
Sequence:

```
ATGAATCATTAAAGACGTATCAATCCGAAGATTATTACATTCATGACAAGCAATTTGTT
ATTGAAGGTCCTTTAACATACGAATATTTGAAAGCGCTTACTTTTCGATGCGCATTTAACCG
CATTTAGAGATGCTGAAGATCAGTATGAAGCTTTGTTAGAAATTACAACATTACCAGAAG
GTAGAATTTATGTTGCTCGCCAAGATCAACTCATTGTGGGTTATGTCACCTTCCACTATCC
TGATGAAATTGAGCGCTGGTCTACAGGTAACCTTCCATATTTAATCGAATTGGGGGCAAT
TGAAGTCAGCATCAATTTTAGGCAATTACATCTTGCAGAAAAGCTAATAACAACCTTAGCCT
TTCTACACCAGAATTCGAGGATTATATCGTTATAACTACTGAATATTACTGGCATTGGGAT
TTAAAAAATTCAAAGTTAGATGTATTTGACTATAAAAAATTAATGCAGCGGTTAATGGCA
ACTGGTGGACTTGAAATATTCGCTACAGATGATCCAGAAATAACAAGTCATCCAGCTAAT
TGTTAATGGCAAGAATTGGCAAAAATATTACATTAGAACAGCAACAAGCGTTTGATGAT
ATTCGTTATATGAATCGGTTTTTCTTTAA
```

> **acuC**

Function: protein coding sequence; acetoin utilization protein C
Best match: acuC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1820582:1821751]
Position: 040-contig_241_RC: 15591 ... 16761; Length: 1170 bp
Sequence:

```
ATGCAACAACATTCATCAAAAACCTGCATATGTTTATTCAGATAAGTTATTACAATATCGA
TTTCATGACCAACATCCCTTCAATCAAAATGCGTTTAAAATTAACAACAGAGCTACTTTTGA
ATGCAAATTTATTGTCTCCAGAACAAATAGTACAACCTAGAATTGCAACAGATGACGAAT
TAATGTTAATTCATAAATATGATTACGTCTGAAGCAATTAAGCATGCTTCACATGGCATTAT
CAGTGAAGATGAGGCTAAGAAATATGGATTAATGATGAAGAGAATGGTCAATTTAAGC
ATATGCACCGCCATAGTGCCACAATTGTTGGAGGCGCTTTAACTTTAGCAGATCTTATTAT
GTCAGGCAAAGTATTAATGGTTGTCACTTAGGTGGTGGATTGCATCACGCTCAACCTGG
TCGAGCTAGTGGTTTTTGTATATACAATGATATTGCAATTACCGCACAACTTAGCTAAA
GAATACAATCAACGCGTTTTAATCATAGATACCGATGCACATCATGGAGATGGTACACAA
TGGAGTTTCTATGCCGATAACCATGTTACTACTTATTCTATCCATGAAACCGGAAAATTC
TTTTCCCAGGCTCTGGTCACTATACTGAGCGCGGTGAAGATATCGGCTATGGACACACTG
TAAATGTCCCCTTGAACCGTATACAGAAGATGCATCATTTTTGGAGTGTTTTAAATTAAC
AGTTGAGCCTGTCGTAAGAGTTTTAAACCTGATATTATTCTAAGCGTAAATGGTGTCTGA
TATACATTATCGTGATCCACTAACTCATCTAAATTGTACGTTACATTCATTATATGAAATT
CCATATTTTGTAAAATATTTAGCTGATTCTTATACGAATGGAAAGGTAATTATGTTTGGTG
GCGGAGGCTACAATATTTGGAGAGTCGTACCACGTGCATGGAGTCATGTATTCTTAAGTT
TAATTGATCAACCAATTCAAAGTGGTTATTTACCGTTAGAATGGATTAATAAATGGAAAC
ATTATTCATCTGAATTATTACCTAAAAGATGGGAAGATCGTTTTAAATGATTATACCTATGT
CCCCCGCACAAAAGAAATTAGTGAAAAAATAAAAAATTAGCTTTACATATAGCGAGTT
GGTACGAATCTACTCGTCAATAA
```

> **ccpA**

Function: protein coding sequence; catabolite control protein A
Best match: ccpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1821849:1822838:r]RC
Position: 040-contig_241_RC: 16858 ... 17848; Length: 990 bp
Sequence:

```
TTATTTTGTAGTTCCTCGGTATTC AATTCTGTGAGGTAAAACCTACATTTGGTTCTTCTATCT
TTTCATCGTTCATATATTTTGTTAATAAGCGCATCCCTACTGCACCGATATCATATAATGG
TTGAATAACACTAGAAAGTTGTGGTCTAACCATCTCAACTAAACGTGTATTATTGAAACT
AATAATTTGTAATTCCTCTGGAAC TTTAATACCAGCATCCATTGCACTATGCATAATACCA
ATAGCTTCTTCGTCACTGATACATAATATAGCATCTGGAAGATTACCTTTTCATTTTGGCAA
AAGCTTTTACGCCTTCTTTATAACT TTCAGCACCAGAACAATTCAATGTATCACCTAATTG
AAGACCATTTTTATTTAACACTTCAGTTAAACCTTCTAAAACATCTTCTTGAGCTTTTTTGG
AATGTTCTCCACCTACTAAAGCAAATGATTTAGCGCCTTTTTCAATTAATTCTCCCGTAAT
```

TTCTTTCGCAGCTTCAGTAAAATCAATATTAACCTGATGCTATATGTGCATCCTTACCATT
GTTCCCTGATACTACTACAGGTACAGATGATTGATTTATCAATTCTTTCATTCTTCAGTAA
TTGTACCACCAAGGAAAATAATACCATCAACTTGTTTACTTAATAAGTTATTAATAAATTT
TTTTTCTTTTTCAGGATCGTTATCTGAATTTGAAATAATTGAGTGATATTTATACATTGTTG
CAATATCTTCAAGTCCACGAGCAAGTTGTGAATAATAGATATTAGATATATCTGGAATGA
TCACACCTACTGTTGTTGTTCTTTTTACTAGCTAAACCTCTAGCAACAGCATTGGACGATA
ATTCAAACGCTTAATGACTTCGTAACTTTATTTTTAGTTTCTGCTTTAACATTTTGGTTCC
CATTAACAACACGCGACACTGTGGCCATAGAGACACGCGCTTCTCTTGCTACATCATATA
TAGTAACTGTCAT

> **aroA2**

Function: protein coding sequence; bifunct chorismate mutase/phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase (core genome, variable)

Best match: aroA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1823378:1824469:r]RC

Position: 040-contig_241_RC: 18387 ... 19479; Length: 1092 bp

Sequence:

TTATTTTAACTTTTTAGCGTTATATAAATCAGCTAAAGGCTTTAATTCATCATAAAAATGCT
TGGAATTCATCTAAATCCATTTGTTGACCCGCATCACTAAGTGCAACAGATGGATCTGGA
TGCACCTCAGCCATAACACCATCAGCACCTACTGCTAATGCTGCTTTCGCAGTTGGTAAC
ATGATATCTTTACGACCTGTACTATGCGTAAACATCTACCATGACTGGTAAGTGTGTACCTT
GTTTTAAAATTGGTACTGCTGAAATATCTAAAGTGTTACGTGTCGCCTTTTCATAAGTTCCG
GATCCGCGTTCACATAAAATAATGTTTTGATTACCTTGTGAAGCAATGTATTCAGCTGCA
TAAACAAACTCTTCGATTGTAGCAGATAAACCACGTTTTAATAGAATAGGCTTTTTTCGTAC
GCCAGCTTCTTTAATAACTCAAAGTTTTGCATATTACGTGCACCAATTTGGAATACATC
TAAATATTCATCGGCTACTTCAAATCATTAGGATTTACAATTTCACTAACTACATTTAAA
TCGTATTTATCTTTAATCTGTTAAGTATTTAAGTCCTTCAACACCTAGGCCTTGGAAGTC
ATAAGGCGATGTACGTGGTTTTAAAGCACCGCCACGAATAAACTTTTCACCTTTGGCATG
TAAATTTTTAGCTACCGCTTCTACTTGTTCAAATGATTCAACAGAGCATGGTCCAAATACA
AATGATTTGTTGCCATCTCCAATAATACCCCATTTTCAAATGTTACAATCGTATCCTCAG
GTTTCAACTTACGAGATACGTATAAATGTTTTTTCATTTTCAGATTTTGTAAATCTGTAGA
GGCTTTGAAAATTTCTTTAAATAATTGTTAATAGTATTATCGTTGAATGGTCCCTTTGTTAC
TATCGATTAAGTCGTTAAGCATTCTTTTTTACGTTGTGGATCATAGATACGTGTACCTTG
TTTTAATTTTTCTTCCCAATTTTTTGTGCTAGTTCACCACGTTTAGATAATAAGTCTAAAA
TTTGATGATTCAGTGATACAATCTCACTTCTGTATGATTCTAATTTATTACTCAT

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397772:1397835:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 19 ... 49; Length: 30 bp

Sequence:

TTAATAGAAATCAGCTTTTTTACATTGCCT

> **Q99TC6**

Function: protein coding sequence; putative protein

Best match: Q99TC6-CC1_CC001_MSSA476_BX571857.1[1804822:1805868:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 149 ... 1355; Length: 1206 bp

Sequence:

TTAGTCATTGAATGTACGTTTCTCTATTTTACTATTAGCTTTTTCAACTTTAGCATTGGCG
TTTTTGATGCATTGGATGATTTAGCATTGTTGTTTTGAAATCTTATTACTAGTTTGATTA
TTCTTTTGAGTTGACTTACTTGAACACTTTGTTTCTTGCACCTTGTGATGATTTCTTATT
ATGTTGCTTTTTCTGACCTGAAGTTTTATTTGTAGATGCTTTTGTGATGCATTTTCGTTTATTG
AAGGTGTTGTTTTTTAGATTGTTTACCTGATTTCTTGTCAACAGCTGTATTATTAGTTGTT
TTTTCATCAGCTTACGTGTAATAACACCATTTTCAAATTTAGCTTCTTTTTGTTTAAACAGT
GTCTTTATTATCTATATTAACCTGTCTCTGTCTCTGATACATCATTCTTTTTAGTAACTAATT
GAGGAATTTCTTTCAAGTCATTTTTAGCAACTGGTTTTTCTGCAAATAACGCTTCAGTTAA

TTGACTCTCTTTTGAACCTGGTGTAAATTTAGCTTGCTTCTGTTTTGCAGCGTTTGCTAATC
TTTCAGCTTGTGACTCTTCTTTTCGATACCTTTAATGCCACTGCTTTTGATTCTTTATTTGAT
ACTTCTGCACCTTTTATCTGTTTCTGCTTGTGCTTCTTTTTTAGCTTCTTGAATCTCTTGTGCC
TCTTGTGATGTATCACTCAAATTTATTTGCACTTGCTTCTTCTTTTATTGCTGCTTGTGTGC
TTTTAATGCCACTGGTTTTGATTCTTTATTTGATACTTCCGCACCTTTTATCTGTTTCTGCTTG
TGCTTTTTTCTTCGCTTCTTGAATCTCTTGTGCCCTTGTGATGTATCACTTAAATTTTGC
ACTTGCTTCTTCTTTTATCGCTGCTTGTGTGCTTTTAAATGCCGCTTGCTCATTTTTAGATTT
GTTTAAAAATCCTTCAACACGTTCTTTGTAAAGGCAACCGTTTCTTCAAGTTGCGTTTTT
CTTTCTTCAAACCTTTGCGACAGTTCTTGTCTTTGACTTTTAAATCATCTGCTTTTTGATA
AACTTTATTTTTAAAATACAAACCTAAAGCTGAACCAACAAGCGCGCCAGTTATAAAACT
AACAACAAAATCTTTACGGTTGGGTAATGGTTCATTTTGATAAGTGTGTTTATTTTTTAAAT
GTTCTTTTATTATTTTGTGTTGCGTTCAT

> **yoxC**

Function: protein coding sequence; general stress protein (core genome, constant)

Best match: yoxC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1826607:1827098:r]RC (completely identical)

Position: 041-contig_187_RC: 1428 ... 1920; Length: 492 bp

Sequence:

TTATTTATCTACTCGAGAAGTATAGCTATGATTTGCATCAGTTGCTACATTATTAGCTTTG
TAATTTGCACTTCCACGACGGTAGTGTCTATTTTGCCATTTGTCTGCAATTTCCATTGCAA
CATTGACCATTGAACAACCTTGTGAGATTTTATCTTCATTTTGAGAAATATTATGTGTAAT
TGAATTTGTTACACGATCTACAGAGCTGTTTAAACGTTTGTACTGAGTCACCGATACCTTTA
ACAGCATCTACAACCTGAGTTTAAACGATCTACTTTACCTTGGATATCCTCAGTTAAACGGT
TTACTTTATGAAGTAAATCTGTTGTTTACGAGTAATACTTGAACCTTGACCTTCTACACC
GTCAAGTGTTTTTGCAACATAATCTAAGTTTTTCTTAAACAGAATTTAATACAGCTACGATA
CCGATACATAAAATTAAGAATGCAATCGCAGCGATAATTCCAGCAATTGGTAAAATCCAA
TCCAT

> **murC**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylmuramate--L-alanine ligase (core genome, constant)

Best match: murC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1827172:1828485:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 1993 ... 3307; Length: 1314 bp

Sequence:

TTAAAACGCATTTTTTCATGCCTAATTTATCTAAATATGCATTTTGTAAATTTTTGAATATCAC
CTGCACCCATAAAATAAAACAACAGCATTATCAAATTTGTTCTAATACATTAATAGAATCTT
CATTAATTAACGATGCACCTTCAATTTTATCAATTAATCTTGTATCGTTAATGCGCCAGT
ATTTTCTCTAATTGATCCAAAAATTTACATAAGAATACACGATCTGCTTTACTTAAACTT
TCTGCAAATTCATTTAAAAATGCTTGTGTTCTAGAGAAAGTGTGTGGTTGAAATACTGCA
ACAACCTCTTTATGTGGATATTTCTTTTCGTGCTGTTTCAATTGTAGCACTAATTTCTCTTG
ATGGTGTGCATAATCATCTACAATAACTTGATTTGCAATTGTAGTTTCATTGAAACGACGT
TTAACACCACCGAACGTTTCTAATGCTTCTTTAATATTTGTAACATCTAGCTTCTCTAAAT
AACTAATCGCAATTACAGCTAATGCATTTAAACTGTATGGTCACCATATTGTGGAGACA
GGAAGTGATCATAAAACTCACCATCCACATACACATCAAAAAGCAGTACCTTTATCCGTAA
TTTGAATATTTTGAGCATAAATGTCATCCGAATCTTTAAATCCATAGTAATAAATTGGAAC
ATCTGCTTCAATTTTACGTAGATGTTTCATCATCACCCCAAGCAATAATACCTTTTTTAAACA
TTATGTGCCATTTCTTGGAAATGCATCAAAAACATCATTAAATATCTTTAAAATAATCAGGAT
GATCGAAATCAATATTTGTCATAATTGCGTAATCAGGTTTATAACTTAAAAAGTGACGTC
TATATTCACATGCCTCAAAAAGCGAAATAATCACTTTCAGGCAATCCCATACTGTGCCAT
CACCAATTAAAAATGAAGTTTTTTTTATCACCATTCAATAACATGTGATAATAAACCTGTTGT
AGAAGTTTTACCATGTGCACCAGTTACAGCTACTGAAGTATATTGATCAATAATCTGTCCT
AAAAAATCATTATAACTTACAACATCTAATTTCAATTGATGTGCACGTAATTTCTTCAT
GGCTACTCGCGAATGCATTACCTTGTATAACTACCATATCTTCTTTTATGTTATTAGCATC
AAATGGTAATATTTTTATCCCCTTATTTCTAAGAGCAACTTCTGTAATAACGTAGTTCTCA

ATATCCGATCCTTGAACCTTCATGTCCTAAATCATGCATGATTTGTGCTAATGAACTCATGC
CAGAACCTTTAATTCCGACAAAATGATAGTGTGTCAT

> **Q5HF33**

Function: protein coding sequence; cell division protein (core genome, variable)

Best match: Q5HF33_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1828509:1832333:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 3330 ... 7155; Length: 3825 bp

Sequence:

TTATTCTTTATTTAAATCTGCTTCCGTAACATAAACATCCCTTGGTTTTGAACCATTAGCAC
TCGAAACATAACCGAGTTGCTCTAATTGATCGATAATTCTTGCTGCTCTATTATAGCCAAT
TTGGAAATGTCTTTGGATTAATGATGTTGAAATATGTCCTTCATTAACCATAAATGCACAA
ACATCATCAAATAATTCATCTTGTGATTGTGTTTGTGTTTTTTCAACAATTCCTTTTTCTTC
AAATAGATAGTCCGGTCTCTTTGTTGTTTGATAAAATCAACAACATCATCAATTTTCGTC
TCAGAAACAAATGTACCTTGAACCTAATCGGTTTATTCATACCGCTACCAAGATATAAC
ATATCGCCATATCCTAACAAAGCGTTCTGCTCCACCCTGTCTAATATCGTTCTCGAATCTA
CACTTGATGATACCATAAATGCAATTCTTGTGGTATGTTGGCTTTAATTAACCTGTAAT
TACATTGACAGATGGTCTTTGCGTAGCTACTAACATATGAATACCACATGCTCTCGCTTTT
TGAGCAATTCTAGCAATAGACTGCTCAACTTCTTGCGGAGCCATCATCATTAATCAGCC
AACTCATCAATTACAATGACAATTTTTGGCATTCTTTCATCATATGGTGCTTTTTTGTAA
TGCTGTTATATTACGTACATGGTAATGTGCAAATAACTTATAACGTCGTTCCATTTCTTCT
ACGGCCCATTTTTAAACTCTGTGTAGCTGCTTTGACATCTGTAATTACCGGTGCAACTAAAT
GTGGCAAACCATTATAAGGAGCTAATTC AACCATTTTTGGATCGATAAGTAATAATCTTA
ATTCCTCAGGGTGATTTTTATATAGTAAAGACATCAAATACTATTGATACAAACTGATTT
CCCTGATCCAGTTGCACCTGCAATTAGTGCGTGTGGCGTTTTAGCAATATCCATAAGTAAT
GGTTCATTATTAATTCTATACCCCATCGCAACTGTTAATTTAGATTCAGCATTTTTTAAAC
TTGGAGATTCAATAATAGAACGTAAGTTGACTGTCGTTGGATTTTTGGTTCGGAACCTCAAT
ACCAACACGACTAGTTCCTGGAATAGGCGCTTCTATACGAATATCTTTCGCTGCCAATGC
CATTTTAATGTCATCTTGTAAATGCCGTAATCTTGAAACTTTAACACCTTTTTCAACTGATA
ATTCAAATCTTGTAACACTTGGACCTTCAGTTACATCTTGTACTTCTGCAGGTACATTTAA
GTAAAATAATGCGTCATTCAGTTCTTTCTTTTTATCTGTAATCCAGTCCTCGTCCGACTCA
ATAACTTGTGGTTCTTCTAGTAATGAAACACTTGGCAATTTAATATTTGGGCCTTTACGAA
TCATCGGCTTAGATGTTTGTACAGCTTGATTTGTTGCAACATCTTGTTGGTTCGTCCGAGG
TCTATTTTCATTAGCTGTATCTTCATTTTGATTTGAAAATGAAGGCTGTAAATCTTTTTGTT
GATCATCATTATCTTGTGTCCACTAGTATTGTTTGGATGTGTTGTTTCTTCGCTTTCTTCA
GTTATGTCGCTTACTTCTGAAACTGAAGACGAAGTTGATTGATCAACTTGCTCATTTTCCA
ATTGATTATCATCTTGGCTTTCTTCAAATATTTCCGTTTGAGTTGAATCAGCAGAAGGTTT
CTGCTCTGAATATTGTTGTGCATTTTGATAATCATTTTCTGTTTCTGCATGACCAATAAGTT
GATTGTTCTCAACATTATTTGATGTCATATTATTTATTTTATATGCATTTGTATTTGACTCT
TGTAATAAGTGCTTGATGATGGTGTGGCTTGACTCGCAGTCTTGCTTTCACTCACAGCTT
GCTTACTTTGTACAGGCTTCAATTCAGGCACATTGACTTTTGAATGCTTTTTACGATCCAT
CATACGCTTTTTATCAGATGGCGTCATGACAACATTAAATGGTCTTTTACTTAAAGTTGAA
ACCTTTTCAGTCTGTTTCTTTGGATTTACGTTTTCAATAGTTTTCTCTTCGACATTTTGTTC
CTTTCAGCTGTTTCGTTTTGCACATTTTCTGTAATTTCTGCGTTATGCTTTTCTATTTCAATC
ATGCTTGAATCTTCCACAACATGACCATCATTCACAATATTCGTTTTCAATGAGTTGACAC
TTAAGTTTGGTTCATCTTTTTATGACGCGGTGCTAATTC AATTCATTATCAACCGTT
TTATCGATATTATTTACTTGAGATTCAGTTACTGCGTGCTCTTGCGTTTTAGGAGCGTCTA
CATGTATTTAGACGCGTTTTTATTGGTATTATCTTCGATATTTGAAGTAGTATCCTCATCT
ACTTCTGTATCATTTAATTCATAAAATTCTGCATCATCGATTTGACTTCTCTGAATATTCTTC
TTTATTCGTTGCTCCATCTTCTTCTGAATCAGCAATTAATCTGGATTGATTTTTTAGTTCAT
CTTATCATTTACTTCAACGTTATGTTGTAGTGCTGATTGATGTTGAGACGTTACATTTCGA
AACCGTAACTTCATCATCTGACAATTGTTTTGTTGTCGATACTTGATTCAAACCTAACTTCC
TCATAATTGTATGGACTTTCATCTACATGAGAGTCATTAGTGTCTTCATTTTGTATTGACG
CTTGTTTATTTTCATCATTTGATACAGTTTCATTCTCTATGCCATTTGTATGAAGCTGACTA
GCATCTGTACTATTATCTGTTAAGTCACTATCATCATTTAATGAACATACCAACATAGC
GTTCCGCTTGTTTAGCATAACATTTTCATCAATTGCACGTTGTATTGCATCTTGCTCTTCGTTT
TTATGTTCTTCACGCTTTTTGTTGCAACGCTTTTTTAAATCGACGCTTTTGAAGCACTTTACG

TTCTCGTTCACGTCTAATTTCTTCAACAATTTGTGAAGCATAAATATTTTCAATTTTGATAG
TATTATCAACTTTTGAATAATTAGGCATTGATTTTGTGTTGATGATACATTTTCATCAGAT
GATTTAGATGCAGTTCCTTGTGTTGACAACACTATCATTTTGTGTTTTCTTGTCTAATTGTTT
ATTTTGAGACGTTTGCCTTAGCTACATATTTATCATATTTTGTGTTTATCTGACTCAACTT
TTTCTGAAGGTTTACTTACAGGGATACGACCATTTTCTAACTTTTAGGTTTCATTGTGCC
AAAAATAGCTGACGGTACCTCTGAAGTCTTGAAACTTTCTTTGTGATAATCTGGAGTTGA
ATCTTTAGCACGATGATTTGTATTATTAGAATACATATTATGTGTTTTGACTTGTGCGTTT
CCTTCTCAATACCATTAATTGCAGAAACATATGTACCTGGCTTATTCGTATGGTAATGTGA
GTGATCTTTATATTTTATACTTTGCTGTGATATTTAGAATTCCCACGTTGTTCACTATAAT
TTTGTCTTCAGTTGTTTGATTTCTTCTACGGCGATGTCGTTTTTGTGAACGAGAATCGTGG
CTTTGTTTGCATAGTCTCGATGGTATTGTTCTTTTTCATCTGAAATAATATCTGCAGATTG
TTCAACATTTTCATTTTCATAAGCTACGCTCATAGGAAAACGGAATTTTCCCCTCGGACGA
CTATAAATATCATTATTTGAGGCAGTAATGAGTCATGATCGTTATCTATATTTTGTGATT
CTTGACGTCTTTTTTTCTTCTATGAATCAAGTCATCATTGAATCATTATCTTCGCCGAAT
AATTTATCAAACCAGCTCAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 041-contig_187_RC: 6128 ... 6137; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **pheT2**

Function: protein coding sequence; tRNA-binding domain protein (core genome, variable)

Best match: pheT2_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000037.1[27922:28518]RC (completely identical)

Position: 041-contig_187_RC: 7175 ... 7772; Length: 597 bp

Sequence:

TTATTCAAAAAATGCTTGTCCAATTTTCATAGCTGTCATTTAATACCATAATACCTTTTTCTT
CAGGTGCATTAGGTAAATTCAATTCTTTCATTGAACAAATCATACCGCTTGAGGCAACAC
CACGTAATTCAGCATCTTTAATTACCATACCGCTAGGCATCACTGCACCTACTTTAGCAAC
AACAACTTTCTGTCCAGCTTCAACGTTAGGCGCGCCACATAACAATTTGTAATGTGTCATTT
CCAACGTTTACATTTAGTACACTTAATTTATCTGCATCAGGATGTTTGTCTTTAGTTTCAAC
GTAGCCAACTACAAATTTCCGGTGATAGATCAGCATTTAATTTATAATCAAACCAGCTTC
TGAAATACGCTTTTGAATACATTTACAAGTTCATCAGTTAATTTAATATGACCTTTTTCT
TCAATTGTTATATCTTTTGAAGTTTCAAAAATATTATAACCTACAACATTACCTTCATTAG
TAATTTCAACAACATTACCTTTTTTATTGTAGTTTAATTCACCTTCAACTGGTTCAATTTGT
AAAAATGCGACATCTCCTACATATTTAGGATTGTAAAATAAATTCAT

> **Q5HF31**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HF31_CC001_MSSA476_BX571857.1[1812314:1813171:r]RC (completely identical)

Position: 041-contig_187_RC: 7800 ... 8658; Length: 858 bp

Sequence:

CTATTTATCTTTATTAATTTACGACGATTTGCTTCTAAACGCTGAATCACGTTTGGATCTC
TTTTTTGTTTATTATTTTACCTAAAATAAATATCGGTTCAAGATGACCCTGTTTATATCCA
AAGGATAATGATGTAATTGGAAGTACCTTTAGTGAAAAATTCCATTGTTAAATGTGCC
ATCACATCATATCCTGTTTTATTGCGTATATCTGCAATAATTAACACATCTTGGTGTGGCA
CTGCTACGACATTTGCCTTGACATTGTGCCTCAATTTCAATTTAAAATGCAGTATTTAG
TATCCTACTTGCATCATACCCGTCATTTGAGTTAATAAAAATAAAAAATATTACCTTTACT
TCATCAGTCGTATATGAATTTGACAATTTTCTAACATTAACAGAGACATTTCTTATTT
GTTGTTCAAGTTAACTTCAAATCCTCTAACATGCTTTTCGTCATTTAGACGATATGATTTCC
TAAATCGACTGCATAATAAACTGCTGTTTCTGCAGTATGCTCATCATAGATAAAAGGAAC
ACCTTGTTTAGTTTTTTTATCAAAGCTAGTCGCTCTAATGACAGGCATAATTTGACTAGAT

GATATACTCTCAAGGGTTTTATCTGCCATTTGTGCAATAGCTTCATCAACGTAATAAACAA
TTTCATCTACAATTTTTCTTTTTATCTTCATATTTTGGCGACTATAGCGTTAAGTTTAATC
GTGATACCTTTGTTATTATCTGTTTCGATAAATACGCAAAGTTTCTTCTTCACGATTAATTT
AAAATCAACGTCTAAATGGCTTAAACGTTCTTTAATTTATCTCTCATTGAAAGGTATTC
AT

> pepA1

Function: protein coding sequence; glutamyl aminopeptidase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: pepA1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1834312:1835388:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 9133 ... 10210; Length: 1077 bp

Sequence:

TTATTTATATTGTAATGTTTCTATTTGATTATTATCTAAATTACAAATGGCTTCTGAAAGTA
AAGATCTAGCTGCAAATAGTCTCTTATATCAAATACTGAGTCTGTACTATGAATATATC
GTGCACATACACCAATAACTGCAGTCGGAATACCAATATTAGCTTTATGAATTTCTCCAC
CATCTGTTCCACCTGGTGACATATAGTATTGATGTTCAATGTCATGTGCTTCTACTAECTT
TAATAAATAGTCTCTAAATACAGGCTTTAAAATCATTGTACCGTCTTTTATGCGAATTAAC
GTCCCTTTACCAAGTTCACCAGATAATGGTTGGTTTCCTTTAACGTCATTGGCAGGTGAAC
AATCAACTACAAATGCAACGTCTGGGTCTATCATCTCTGCAGATGCTTTCGCACCTCGTAA
TCCAACCTCTTCTGAACATTTGCGCCAACATACAAGTCTACATCTAATTCTATATCTTTT
AATAATTCTAGTATTTCAATTGCCAAGACACAACCATAACGATTATCCCATGCTTTAGCAC
TATATCGATGTTTCAATAACTGTGTGAATGGCGTGTGAGGTACAATTGTATCTCCTATATC
TATCCGCGCTCACGCACCTCATCTTCATTTTGTGACCTATATCTAATGTTAAATCTTTA
ATTTCCGGTGCACCTTCACTACCAGTACGAAAATGTTTAGGTATATTAGAAACAACACCG
ATAATTTTATCGCCATTTCTATTTTTAATTACTAAGCGTTGTCCTTGCCAAATATCATTTC
AACACCACCTAAATTTGTGAATTGAATCATTCCATTTTTAGTGATATTTGTAATCATAAAT
CCGATTTTATCCATATGTGCTGCAATCATTACACGTTTTGCATTTGGATTTTTAGATTTTT
CACACCAAAAAATCCACCCATACGATTTTCAATAAATTCATCTACGTACAGCGCCATTTG
CTGAGTCATATAATTTTTTACTTCTTCTTCAAACCTGGTGCCCATGAAGCTCAGTTAAA
GTTTGAATTTCGTTGTAATGTTACTTTTTTATTTATGTTTCAT

> Q6G8I0

Function: protein coding sequence; Metallo-beta-lactamase superfamily protein (core genome, constant)

Best match: Q6G8I0_CC008_COL_CP000046.1[1844520:1845362:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 10732 ... 11575; Length: 843 bp

Sequence:

TTAGTTATTATCAACTAATGTTTTCACGTAAAATATATGCATCTATGTTTTTACCATCATCG
CTGTATTTTACAGCAAAGTAGTTTTTCATCATGATAAAACAAGAACCAATATTGTTGCTGA
ATAAAATATGGTATCATGCGTTCTTTTTCACGAATCGATTGCATAGGATAATCATCATATG
CCGTTACCCATAGAGGATTTTTATGTGCAGTAGTTGGGAATATATCACCCATATGAACTG
CTTTATCTCCTTGACTTTCAATCGTAATAATCGTGTGGCCAAAGCTATGACCTCCACTATG
TTGCATCTTGATACCCGGAACCGGTTCAAATGTTTTTTCGAATAAAATCAACTTGTTACTA
TAATCGCCTTTATTCTTATCCCAGTAAGTTGATTTACTTCTTATATTAGGTGCAATAAACTC
ATGCCACTCATCTTGTTGCACAACATGAATCGCATTTTTCAAAAATTGCATGTCCCCTGTA
TCAGTCAAACCGGCAGCATGATCAAATGCATATGTGTCATTAGCACATAATCAATATCC
TTTGGCGTTAAATTATAATTTGCCAAATCAGCAATAATATGACTTTCTTCATCTACTCCAA
AATTACGTAATTGCTTTTCAGATAATTTACCATTACCAATACCCGCATCTATAATCAAATT
ATATTGAGCCGTTTGAATCAAATTTGGATGTGTGCGTAAATTGATTTGATTTGTTTCATTT
GCATTGTATTGCTTTGACCACAACGGCTTCGGAACAACACCAACATTGCACCGCCATCC
ATTTTTGTATTGCCACCATTTAGATAATGAATAGATATATCCCCGATTTTCAT

> tnpISSha1-2

Function: protein coding sequence; putative transposase

Best match: tnpISSha1-2_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1268707:1270028:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 11804 ... 11834; Length: 30 bp

Sequence:
ATCAAAGGTATTTAGTATAACATTGTTTCAT

> **repORI-px**

Function: origin of replication of plasmids
Best match: repORI-pUB110-2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1877259:1877321:r]RC (completely identical)
Position: 041-contig_187_RC: 11833 ... 11896; Length: 63 bp
Sequence:
TAGGCGCATTATCTCCTTTAGTTATTTGTTTACTTCTTTAATTATAGAGATAATTGCGCT
T

> **txbi_trmB**

Function: bidirectional rho-independent terminator of trmB
Best match: txbi_trmB_CC008_COL_CP000046.1[1845779:1845844:r]RC (completely identical)
Position: 041-contig_187_RC: 12001 ... 12067; Length: 66 bp
Sequence:
TATAGTACGAAAAACACTTATGATTGTATGTGTACATACCCTCATAAGTGCTCTATTTTT
GTGAA

> **trmB**

Function: protein coding sequence; tRNA (guanine-N(7)-)-methyltransferase (core genome, variable)
Best match: trmB_CC008_930918-3_ABFA01000009.1[4364:5008]RC
Position: 041-contig_187_RC: 12054 ... 12699; Length: 645 bp
Sequence:
CTATTTTTGTGAATGGAATTTTCGCTTCCATACGATAAATACGTGACCCTTTATCCGAAAAT
TTCTTTTCATATTCTGTTAAAATATTACTGCCATCGTCTTCTTGATGTAAATTTAGATTTAT
TTTTGTAAAATACATTCCAAATTGAGACATACTTTCTAAACTGTAGGCAAATAGTCCTCTG
TTATCAGTTTTAAAATGTAAATCTCCTTCATCATTAAAGATTTGTTGATACAACGCTAAAA
ACGTATGATACGTTAAACGTCGTTTTGCGATGACGATTTTTTGGCCATGGATCTGAAAAGTT
CAAATAAATACGCGAAACTTCGCCGCTTTTAAAATATTCATTAAATTCAATGGCGTCATTA
CAAATAATCTTTAAATTTGTTAAACCCATCTCTTTAACTTTATCCAATACTTTATAAACGA
TACTTTTCTCACGTTCCATTGAAATATAGTTAATATGAGGATTTTGAGCAGCTAATGTTGT
AATAAACTGCCCCATACCCGAACCAATTTCAATGTGTATCGGTTGCGTTTTATCAAACCAT
TCAGTCATTTTCCCTGCATGTTGACCGTCCATGTCAACCAATTCAGGATGACCTTTTAAAT
AATCTTCAGCCCATGGTTTGTATCGAACTCTCAT

> **daaA**

Function: protein coding sequence; D-alanine aminotransferase (core genome, constant)
Best match: daaA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1773873:1774721:r]RC (completely identical)
Position: 041-contig_187_RC: 14054 ... 14903; Length: 849 bp
Sequence:
TTAAATACTGTGTGACTCTATATACTTTTCAAATCCTTCTTGTAGTTGACGTGTAATTGGG
CCAACCTTACCATCATTAACCTGGTTCACCATCTAATTTAATAACAGGTGTAACCTCAGCTG
AAGTACTTGAAACAATAACTTCATCTGCGTTTTTCAAGAAATCTACAGTAAACGTTTCTTC
TTTAAATGGGATGTTATAGTCTTCGGCAATTTTTTTAATTACAATTCGTGTAATACCATTA
AGAATATAGTTGTTAATCGGATGTGTATAAATCACACCGTCTTTAATTGCATAAGCATTAC
TTGAAGATCCTTCAGTTACAGTTTACCTCGATGTTGAATTGCTTCAACTGCATTATATTT
CACAGCATATCTTTTGTAAATACATTTCTTAATAAGTTCAAGCTTTTAAATGTGCAACGT
AACCATCGGATATCTTCAACGGTAACACCATTCACACCATTTTCTAAATGATCATAAGGA
CGATCATAACTCTTTGTATAAGCAACAATTGCTGGTTCTACTTCAGGTGTCGGGAAGCTAT
GATTCCTTTCAGCTACACCACGCGTTGCTTGAATATAAATTGCCCCAGTTTCAATTTGATT
CATATCAACTAATTTACGAGATAGTTCAATTAATTTCTTCTACAGAATAATTTAAATCTAAA
CCAATCTCATTGGCACTACGTAAAATCTTTCATAATGTTCTGTTACTGTAATAACTTAC

CATTATATACTCGAATGTATTCATAAATACCATCGCCAAATACGTATCCTCTGTCGTTGTA
TGAAACCTTTGCTTCACTTGGACTTACAAACTCACCATTTAAAAAAATTTTTTCCAT

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC008_COL_CP000046.11850350:1850460:rRC
[4_50ANF10END]

Position: 041-contig_187_RC: 16572 ... 16798; Length: 226 bp

Sequence:

CGGGGCCCCAACATAGAGAATTTGAAAAGAAATTCTACAGACAATGCAAGTTGGCGGG
GCCCCAACATAGAAGCTGGCCAATAGTCAGCTTTCAATAATGTGAAAGTTGGGGTAAGG
GCCCCAACACAGAAGCTGGCCAATAGTCAGCTTTCAATAATGTGCAAGTTGGCGGGGCC
CAACACAGAAGCTGGCCAATAGTCAGCTTTCAATAATGTGCAAGTTGG

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1842046:1842086] (completely
identical)

Position: 041-contig_187_RC: 16990 ... 17031; Length: 41 bp

Sequence:

CTGAATGAAAATACGCTTGTAACAAGCTTTTTTCAATTCTA

> **rsuA**

Function: protein coding sequence; pseudouridine synthase (core genome, constant)

Best match: rsuA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1842616:1843311:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 17560 ... 18256; Length: 696 bp

Sequence:

TTATTTATAATTTAATTTGTCAAATCATTTTTAGTTAATAAACGATATTCTCCTGAATCTA
GATTGCTGTCCAATTCTAAATCAGCAATTTTGATACGTCTTAAATGTAATACCTCATTTTG
AATGCTATGAAACATTCGTTTAACTTGATGATTTTTCCCTTCATAAATTGTTACGTGTGAC
GTTTGATTATCAATATAAGTTAAAATTGCAGGCTTAACCTTGCCATCAGACAGTGTTACAC
CCTCTTTAAAAGCTTGAATGTCGTCTTCAGTGATAGGATTTGCTGAAATAACTTCATATTT
TTTAGAAACATGTTTGTGGACTCATTAAATTCATGATTAATAATCACCATCATTCGTTATC
AATAAAAGCCCTTCTGTATCTTTATCAAGACGACCAACCGGAAAAATATTTAGATGTTGG
TATTCAGGTATTAATCAATAACGGTTTTTGAATGATGATCTTCAGTTGCCGATATATAAC
CTTTGGCTTATTTAACATAATATAGACATTTTCAACGTATTCTATTAATTCTCCACGAACT
GTTATCTTATCGTTTTCTGGTTCTATATGTGTTTTTGGTGATTTAATTACTTGTTCGTTGAC
ATTTACAAGGCCTTTTTTAAGTAAGTGTGACCTCATTACGTGTACCGACGCCCATATTT
GCTAAAAATTTATCTATTCTCAT

> **Q1Y9Y5**

Function: protein coding sequence; NAD(FAD)-utilizing dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: Q1Y9Y5_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1845376:1846644] (completely
identical)

Position: 041-contig_187_RC: 20320 ... 21589; Length: 1269 bp

Sequence:

ATGTATCAAACAATTATTATCGGAGGCGGACCTAGCGGCTTAATGGCGGCAGTAGCTGCA
AGCGAACAAAGTAGCAGTGTGTTACTCATTGAAAAAAGAAAGGTCTAGGTCGTAAACT
CAAATATCTGGTGGCGGTAGATGTAACGTAACATAATCGATTACCATATGCTGAAATTAT
TAAGAACATTCCTGGAAATGGGAAATTTTTATATAGTCCCTTTTCAATTTTTGATAATGAA
TCCATCATAGATTTTTTTGAGTCTAGGGGTGTTAAATTAAGAAGAAGATCACGGGCGT
ATGTTTCCAGTTTCCAACAAAGCACAAAGACGTGGTTGATACATTAGTGACAACTATCGAA
CGCCAACATGTAACGATTAAGAAGAAGAAGCTGTTAGTAGAATCGAAGTTAATACAGA
CCAACTTTCACTGTACATACTCAAATAATAGTTATGAAAGCCATTTCGCTAGTGATTGCT
ACAGGTGGTACAAGTGTCCCTCAAACCTGGTTCAACTGGTGATGGTTATAAGTTCGCACAA

GATTTAGGTCATAACCATTACTGAGTTATTCCCGACCGAAGTTCCAATTACATCAGCTGAAC
CTTTCATCAAATCCAATCGTCTAAAAGGTTTAAAGTTTAAAAGATGTTGAATTGTCAGTACT
TAAGAAAAATGGTAAAAAACGCATCAGTCATCAAATGGATATGTTATTTACTCATTTTGG
TATCAGTGGTCCAGCTGCATTAAGATGTAGTCAGTTTGTTTATAAAGAACAAAAAATCA
AAAGACACAGCACATTTCTATGGCAATCGATGCATTTCTGAATTAACCATGAACAATT
AAAACAACACATCACATCATTATTATCGGACACACCAGATAAAATCATTAAAAACAGTTT
GCATGGTCTAATTGAAGAGCGCTACTTACTGTTTCATGCTGGAACAAGCAGGAATCGATGA
AAATACCACATCACATCACTTATCAAATCAACAATTGAACGACTTAGTAAATATGTTTAA
AGGTTTGTATTTAAGGTGAACGGGACATTACCTATAGATAAGGCATTTGTACAGGTGG
TGGTGTGTCACTTAAAGAAATTCAACCTAAAACAATGATGTCTAAATTAGTTCCGGGATT
ATTTTTATGTGGTGAAGTATTAGATATACATGGTTATACTGGTGGTTATAATATTACAAGT
GCACTCGTAACAGGACATGTCGCTGGATTATATGCCGGACATTACTCACATGCATCAATG
GAATAA

> **sasC**

Function: protein coding sequence; LPXTG-sorted surface protein C (core genome, variable)

Best match: sasC-COL_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1781582:1788142:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 21705 ... 28266; Length: 6561 bp

Sequence:

TTATGATTCTTTTTCGTTTTTTAGTACGTCCTTAGCTAACAAAGCCGCACCTGTAATCAGT
GCAAATCTTTCAATGGTAAATCCATTCCTTCAGAACCTGTATTTGGAAGTTCTTTTTCAA
CTTTGCGCGATTTCATGTGTCTCTCTTTTTTAAATAGGCGTACAAACTTTTGGAGCTGGCTG
AATTTCTTTTGGTGATACTTTCGTGCTTCAGCTGGTAATTTAATTGCTAAAATTTTCATCAA
CAATGAATTGCGTGTGTTGTTTGTATGTCATTTAATGTCGCATCTTCATCAATCATTCTATTG
CCATCTGCAACATATTGATCAATTAATACTTTTACTTTAGCTAATTGTTCTGGTGTGCGA
TCGCTTTGAATTTTCGCATATGTTTGTGAGCAATGTTATCAATTCGCAGTAAGCTATTTTCT
TTTTAGTAATTAAGTCTTCTATATCGCTTAATGCAACATTAATCGTTTTAAACTGCAT
CAACATCAGCATTAGTGCCTGCTGTTTTAATTCCTTCATCCATTTGTAATTTTAAAGCAGT
TATAGCTTTTAAATGCATCAGCCTTATTACGATTACTTACTTTTCGATAATTTTGCATAAAA
GCAGTGACGCGTGCAAGATCATCATAATCGTTTTTTTCAGCATCTGGCTTTTTAATAGGAT
GTACATCTAAATCATGTATTGTTTGTAGATTTAATGATGCTGTTTTATCAACTTGTGCATT
GCTACGATCTTGATCAATTTGTCCAATAGCAGTGTGCATAAATATTTTGTAACTGTGCTAAT
ATACTATTTCTTTCTTCTACCGTTGCTTGAATATTCGCTTCAATTGCTTGTTTTTTATCGTTG
AATAATGTTGTCAATTGTTCTCGAGCAGACGCCTTTCTGTTAATAACAGGTTTCGATTTTAC
GAATTTTCGTTTTTCTCATCATGCAATAAATATGCCACATCAGCATTAGTCACTGCACTAGC
AATTTGTTGTTTAGCTTTAATTAATCTTTTTCAACTTGTGCTATTGCAATATTTTGTCTTC
ATCTGTGCTTCGTTATTTGCTTTAATTAATTAATTTTATTTGTAGCGATATTTTGAATTT
GTTGTAATGCTGTTGCTTTAACTGTTGTCGCTGGTTTAAATTTTTGAAATAAATTTTGTAGCA
TTTATACTATCTTGATTAATCTTGGGCAGTCTTATCTGCATGATTGATCTGATCAATAGCCT
GATTAAGTGCTTGTCTACTAAATGTTTAGCAGCTAGTCTTTCTTCTCAGTTGATAAATC
GCTTTGATCGATTAGTGCATTTTGTAGCTTCGGCTTTTACACCAACAGATTGACGCGCTGCT
GGTTTAACTTGAATTTAGGTAAAATCACTTTGATGTTGTCGTTGCCATCAGTCTCAGTTC
GATCCACTTCTGCATTCGTTTTGTTTTGTGCAATGTCATTTTTAATTGTATTTACAATTTTA
TTTAAAGTATCAATAGCAACATCTCTTCATCTTGAGTAGTATCCAACGTATTTTCGGATTG
CATCGAGTTGATTTTTATTATTTTCTTCAATGCTATCAAGCGCAGCTCGTTACGTCTTACT
TTAGGTTTTATTTGCTCTATTGCCTTGATTGTTTGTATTTCTAACATCAGTAACAGCAGCATC
TTGATTTGTATTTTCTATTTCTTGTGCGCTTGTGTTGAGTGTGTCGCTAATTAATTGATTTCG
CTTCATCTAATTCATCAACTGTTGCATGTGGTGTATCTTTTATTGATTCTACTTGATTTTCT
GCACTTGCTTTTATTGCTTGTGCTTCAGGCTTAAATACAATATGAGGTTGTACACCTTT
TAGTGTAGCAATGCCATTTGTTTTCAACACGTTTCACATCATTATTTCGCTATTGCTTGATCG
ATGTTTTGTAATGCACGTTTTTTCATTATTTCGCTAATTGATTTAAAGCAACTTGTTTTTCTTC
ATCAGTCGCATGTTCCGCTTGTCTCAATTTTCGCGCTTTTTAGCTTCATATTGTTGCTTAACTG
CATCTCTAGCAGCTGCTCTAACAATATGGTCAGGCGTCACTAAAGCAATGCTATCAAGCG
CTTGACTTGTGTATCATCAACTTGTGATTTGTTCTATTATTCGTAATATCTGTCATGGCT
TGATTTACAATTCATTGATTTTATCTAGTGCTACTTGTCTTTCTTCTGCTGTTGCTTCTTTA
TCCTGATTAATCTTAGCACGTAATTCATTCGCTTTTTGATTGATTTTTTTCAGTGCAGCTGG

TTAACTTTTGTTCAGGTTGAATAATTTTAATCGCTGATACACCATTTGTTGCTGCTTGAT
TCACCTGACTATTCGTTTGAGCTTGGTCAATAGCTGCAAGTGCTTTTTCTTTTCTTTTGCT
AATGCTTGTGAAGCAACTTCTTCTCATTATCTGTTGAATCAAGACTATTATCAATTTGCT
GTTGCTTTTCTTTAACAGCTTTTCAATATCTGCAATTGCCTTTGGTTAATTACTACTTCA
GCTTCAACATTATCTATAGCATTACCGCTTGATTTGTAGTTGCGTCTACCTGATCATTGTT
TTGGTTTTGATTAATTTGATTAATGCTTGATCTTTAAGTTGATTGATTGATTAACAGCA
GCCTGCTTTTCTTCGTCAGTTGCATTAGGTGTTGTTAACCAGCTTCAATACGCTTCGCCAC
TTCAGCAGTGATTTTATCTCGCGCTGCTTGTTTTTTTACTACGTCAACTGAACAGCATCG
ATATTATTCTCTGCTACTGTGCGAGCTTGGTCTACTTCTGCATTTGTGTTAGCTTGTTAAT
ACTTTCAATAGCTTGTGTCTGTCTTGATTTAAAGTATTGATCGCAGCATTTTTCTCATCAT
TCGTTGCATCTGGTGTAGCATTGATTTAGCTAATTTAGCATTATAATGCTGATTGATTG
TGCTAATGCTGCAGGTTTTTAAACAATTTGGCTGAATCGCATTAAATTGCTTTTGTACCT
AATTGTTGCGCTTGATCTACTTCCGCATTTGTATCAGCTTGATTTATATTAAATTGCCGT
TGCTAACTCTTGATCCACTTGATTTAAAGCCACTTGCTTTTCTTCAGTTGTTGCATTTGTGT
TTTGATTAATTTCTTGCTTTTTAGCAGTTGCTAAATCATTTAATACACCTGTAGCAGTTTGT
TTCTTCGTTACATGCGGTTGAACTGCGCCGATTTGATTGACTGCATCATCTCTAATACTAT
TGACCATCGCAGTAGTAGACGTCACACCAATATCAGTTAATGCTCTATTTTTAAGTGTATT
GACACGATTTATCGCTTCTTGTTTCTTCTCGAGTCGCGCCAGGTGTTGCATTGATATTTG
TTATCGCCTCTCGCGCTTATCATTTACAACATTGCGAGCATCCGTTTTAACTTGTGTTGCC
GGTTGAATCACAACATATTTTTGTGTGCCCTGATCTTTTGCTTGTGCAACTTCTTGATTCGT
ATCTGCTGCATTAATATTTTGCTTCGCTGTGGCTACAGCTTGATCAAGTAATTGTTGTGCT
GCTTGTGTTCTTCGAGCGTCGCATCATTATTATAAATATCGTATTATGTTGCGTTTCCGC
ACTTTTATCAATGGCATTTTTTGCATCTGTTTTACTTTTGTAGCTGGTGTAAATTGCTTGTA
TTCTTGTATCGCATTGTCTTCACTTGTTCACCTCAGCATTGGTATTAGCGTTTAAAATG
TTTTGTGTTGCTGCAGTTACAGCAGCATTCACTTTGTCAATTGCTGCTTGTCTTTCTTCTTG
AGTCGCATCAGGATTAGCATTGATCTCTGCGATATGTTGTTGTGCATCATGTGATACAGCA
TCCCTTGCAGCTTGCTTAAACAACAGTTACAGGAGCAATTGGATTAATGGCATTAGACCA
TCTCCTTTGGCGTTATCAACATCAGCATTGTTGTTGCTTGATTGATTGTTCTAAAGCATG
GTTGGTTGCTTGAGTTAATTCGTTCAATGCTGCATTTTTCTCTCCTGAGTTGCTTCTCTAT
TACTATTTATTTGTTGTCTTTTCGTTGCTGTTGCTTGGTTAATTGCATCTCTTGACGCTTTT
TATGAGTTACTTGAGGAACAACCTGCTCCAATAGTATTGATGCCATTATTTTAGCTGTTTC
AACGTCAGCATTGTAGTAGCATTGTAACATTATCAATAGCATCTGTTTCATCCGTAGCT
AATTGATTTATGCATCTTGAATCTCGTCTCAGTAGCATCTGGTGTGCAATTGATAATTC
CCTTTGTTTCGTTGCTTTATCACGTATTGCTTTTTTAGCATTGGTTAACAACCGGTGTTG
CAGTATCCCCACTTAAGGTCTGTATACCTTGATCTTTGATTCTAGTAACGCCATCATCAGT
CGTTTGATCACCAATATCACCAATAATATTGCCTTTATGTTCCCTCGATAACTTGTATTGCT
GCTTGTTTTTCTTCATCTGTGAGTTTCATCATTGTTGATTAACTAAATCTTCCATTTGATCAGC
TTTTGATTTACTGCATTTTCAGCATCAACACTTCGAATTAAGTATGTTGCATCTGATTA
GTTAATGTATCAATATCTGCTTGAGATACTCTTTTATTTAATGGTACATTGTTACGATTTTC
AGCTAAAATTGTTTGTGCACGTTTTTAAAGATCATTAAAGATATCTAATGATGCAAATGTA
TAATCAGCTTGTGAATACGTCTGTCAACTTCGGCTTGAATGCATCTTTATTCATGATGA
TATCGATAGTATATGGATTTGTACTTACAGTATGACTTTCTGCAGCTGAATTAATGAAATC
TTGTGTATATGTTTTATACGTTAATGTATCATTAAATGTTACTGTTCTTGGTGTGCGGTACAT
TATTAACACGCAACTTATACTTTAAATCCAATTTTTATCAGGCATTAGTCGTGCAGGTGA
ATTCGTTGTGCCACCACCAGTGCTTTTTAATTGTTATCACTCGATTCCGCCGCATCATATGTA
ACATTCATATCATTAACATCAACGCCTGAATTGTTACTTGGAAAATCTTTAGTCAATGAAT
TGTTACATATTCTACCCCTCAGGTAATTGAATTTTATAAACAATTCATCTGTGTCTAA
AGAAGCACCAGAATTACCATTATTTTTTAGTGATGTTGTAACGTGAAATCTTTATTATTC
GTTGCTGTGGGTTCCATTGTTTCGCTTTCAACATAAACATGTGACCCAGAATGAAGTCCGA
TAGAGTCAACAAAGCTATAGTATTTGTAACCATCTTTTAGTTGATAAATGCCACGCGCAT
CTGTTATTGCGTCATTTTTAGGTACAAATTGAATTTGAGATTTCTCACATTATCAGGTAC
TTTAAATAAACGCAAAGTTGGACCGCCTTCAACAGTCTTTTTCAGCAATCGTATCATTAGTA
TCAGCATTTTTGTATAAACATTTGTTGCGCCTTGACCATTTTTAGTTGGCATTGTATTAA
ATTCAAAGATTAATTCAGAATTTGGATTTACTGTTAAAGATTTTTCAATACCATTAAAATC
TCCATGATTACTAGCGTCCGTCCCGCTTATACGTCTAATGCAAGTACATTGCCTTGTGCC
TGATAGGTTCTGTTGCTCCCAGCCTCAAACATACTTGTCTAACCATCGCATGACTTAGCA

CACCTACTTTACCACCATTGATAAGTGTAAGCCTGGTAAATTATCAACAACCTGTTACTG
ATGGTACAGAACGGTTGGTACTTGGTCTAATACTATTGTCATCAAATGACAGCACTTCGTT
AGGTGCATTTTGTCTGCATTATTGGCATTAGGATCAGTTGTAGGCGTGTATGGCGCTGTA
ATTGCAACTGGTGCACCACCGTTTCCTGCCGCTGCAGCCCCTGGATCTGCTGGAGTTGCAT
TAGGATCTGCCGGTGCCGCACGTCTACTTCTCTTTTTTCGGTCTATTAGATGCTGGTTCAGC
AATTGCAACTAGCTCTGGTTTATCTGAAGAATGACGAACATCTTCTTGAATTTCCTTTAAA
GTTAGATGTCCTCCTGAACCATTTTCATTTGTTTTATTTGGTACATTTAATGTGGTATTATT
CGACGCTACATCATTATTATTAGCGTTTGACACTGTCTCAGTTGCTGTTGTATTGCCATCT
GTATGATTATTGTTTTGTGCTGAAGGCGTACTTGATTGCACTGATGTTGGCGTAGCTTGAT
TACTATACTACCATTATTATGATTAACCAATGCTTGATTTCGTTGCTTGATTGGTTGTTGCA
GATTGATTAGGTGATTCTGCGCACTATTTGCTAAACCTCTATTATTAGCAACATCTTTAT
CTTGTGAATTTACAGGTGTTGCTTGATTAGTATCGCTTTGTACATTATTATCCGTAGTTAA
GGCTTGTGCACCATTTGGGTTTGAAAGTAATAAAACTGTTCCGATTAAGTAGAGAATAT
GCCTACTTTATACTTCTAATACTATATTTATTTTTCTTTAACAAATTCAT

> leuS

Function: protein coding sequence; leucyl-tRNA synthetase (core genome, variable)

Best match: leuS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1853980:1856400:r]RC (completely identical)

Position: 041-contig_187_RC: 28924 ... 31345; Length: 2421 bp

Sequence:

TTATTTAGCTACAATATTGACTAATTTTTGAGGAACAGCGATGACTTTCATGATGCTTTTA
CCTTCAATACTCGCTTTAACATTGTCATTAGATAAGGCAATTTCTTGCATTTCTTCTTTTGA
TGTATCTTTAGCAATTTTAATTTTAGCTCTCAATTTACCATTTACTTGAACAACGATTTCTA
CTTCATCATCTACAAGTAGTGCTTCGTCATAAGTTGGCCAAGGTTGGTACGTAATAGACTC
TTCATGTCCTAATTTTGACCATAATTTCCACCGATATGTGGTGCATAGGTGCTAACATT
TTAACGAAGCCTTCAATGTAAGGTTTATAAACTTCATCAACTTTATAACACTCATTAAATA
ATACCATTAATTGACTAATAGCAGTATTAATCCTAATGTTTCAAAGTCTTCTGTTACCTT
TTTAACAGTTTGGTTATAAACTTTATCTAAAGATTTATTATTTGTAGTTACAATTTTTGAAC
TCAATGTTCCATCTTCATTTACCATTAACGCCATACGCGATCTAAGAATCGACGAGACC
CATCTAATCCTTTTTCACTCCATGCAATTGCAGCATCTAAAGGTCCCATAAACATTTGCTA
AAGACGTAAAGTATCTGCACCATGAGACTGTACTATATCATCAGGATTGATTACATTTCC
TTTAGATTTACTCATCTTCTCATTACCTTCTCCTAAAATCATACTTGGTTAAATAATTTTT
GGAAAGGTTCTTTAGTAGGTACGATACCCAAATCATAAAGGACTTTATGCCAAAATCTTG
CATATAATAAGTGAAGAACCGCATGTTCTACTCCACCGATATATAAATCAACAGGTAACC
AATGTTTTTAATTTTTCAGGATCTGCTAACATATTTTCATTTTTAGGATCGATGTAACGTAA
ATAATACCAACAACACTACCTGCCATTGTGGCATTGTATTTGTTTCACGACGTCCTTTTATA
CCTGTTTTTTTCATCTACAACATTTACAAATGAATCAATATTAGCTAGTGGAGACTCACCAG
TCCCTGATGGCTTGATTTTCATCTGTTTCAGGTAACAACAATGGTAGCTCTTCTTCAGGAAC
AGTTGTCATTGTTCCATCTTCCCAATGAATGACAGGAATTGGTTCGCCCAATAACGCTGA
CGACTGAATAACCAATCTCTTAATTTGTAATTAACTTTCTTTTCGCCAGCACCTTTTTGCTC
TAATAATTGAATAGCTTTAGTAATTGCCGCTTCATTTTCTAAACCATCAAGTTCACCAGAA
TTAATATGTTTACCTTCACCAGTGTATGCTGCTTCTTCAACATTTCCACCTTCGATGACTTC
AATGATTGGCAAATCAAACCTTTTTAGCAAATTCATAATCTCTGTCATCATGCGCTGGTACT
GCCATAATTGCTCCAGTACCATATGTTGATAATACATAATCAGCAATCCAAATTTGTACTT
TTTACCAGATAAAGGATTAATTGCATATGCACCAGTAAACACACCTGATTTATCTTTTGC
TAAATCTGTACGTTCTAAATCTGACTTTTTAGAAAGCTTCTGTTTGATAAGCTTTTACTTTTT
CTTTATATTCATCAGTTGTAATTGAATTAACATAATGCATGTTTCAGGACTTAAGACTAAGAA
TGATGCACCATAGATTGTATCTGGTCTAGTCGTAATAACTTCTACTTTTCCCTCCGCTTCCG
TATTATCTACATCAAATGAAACTTTGGCCCCCTCAGAACGTCCAATCCAATTGCGCTGCAT
ATCTTTTAAAGATTCAGGCCAATCTAAATCATCTAAATCTGCTAATAATTGATCTGCATAT
TCTGTGATTTTAAAGTACCCATTGTTTCATCGGCTTACGATAAACTGGATGTCCACCACGTT
CAGAGACACCATCAATCACTTCTTCGTTAGATAAAACAGTGCCTAATGCTGGACACCAGT
TAACTGCAACTTCATCAACGTATGCTAAACCTTTGTTATATAACTGTATGAAAATCCACTG
TGTCATTTTATAGTATTCTGGATCTGTTGTATTAACCTTCACGATCCAATCATAACTGAAC
CCTAATTCCTTAATTTGTCGTTTAAAAGTTTGGATATTTTTCTTTGTAAATTCACGTGGGTC

GTTGCCAGTGTCTAAAGCATATTGCTCTGCTGGTAATCCGAATGCATCCCACCCCATCGG
ATGTAATACATTATATCCTTGCATTCTTTTATATCTTGAAATGATATCTGTTGCTGTATAGC
CCTCAGGATGTCCAACATGTAAACCAGCACCTGATGGATATGGAAACATGTCTAAAGCAT
AAAATTTCTTTTGACCTAAGTTATCATTTGTTTTAAATGTTTTATTTTCGTCCCAATAGTCT
TGCCATTTCTTTTCAATTTGATTGTGGTTGTAATTCAA

> **rot**

Function: protein coding sequence; repressor of toxins (core genome, variable)

Best match: rot_CC001-ST772_118_AJGE01000022.1[107171:107671:r]RC (completely identical)

Position: 041-contig_187_RC: 34559 ... 35060; Length: 501 bp

Sequence:

TTACACAGCAATAATTGCGTTTAAACTATTTTGCATTGCTGTTGCTCTACTTGCAATCGCA
TCACTGATGAAATTCAACAACCTACTTTCTCTTGTGTAACCTTTTCATTGAAATGAATAA
TAACTGTTCTTTTCATCGTCAACAGGACGCTCTTTGTAAATCCATTCTAATTCAACTAAATT
ATTATACGTTCTCGTACGCTTATACGGTTTAACTTCAACAAATCTGTCCATTTCTTTAAGC
GTCATAGAACCTTTTTGCCATAAAGTTAGTAAAATTAATAATTTCTTCTCTAGACATTTTGT
ATTGCTTTCAATCTCGCTGAAAATTGAGTTAATGTCACCCAAAAGTGTTTCTAATTGCAA
AATCCCAAATACAGTGTGCTTATTTACTTTTTTCATGCTAAACATCTCCCAATTAATAATC
ACATATTTAGCTACCATAACAAGTATTAACAAACATCCCAACAATCCCAAAAACCTTGATGT
GCTAACTTATGCAT

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase for IS1272 variation TCH (mobile element)

Best match: tnpIS1272-COL_trunc_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1795407:1796080:r]RC

Position: 041-contig_187_RC: 35518 ... 35548; Length: 30 bp

Sequence:

ATCTTTCAGTTCTTTTTTACGGGTCTGTTT

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1175005:1175076:r] (completely identical)

Position: 042-contig_273_RC: 6 ... 78; Length: 72 bp

Sequence:

TGTATAAATAGAGAACAGCAGTAAGATATTTTCTAATTGAAAATTATCTTACTGCTGTTTT
TTAGGGATTTA

> **pldb**

Function: protein coding sequence; lysophospholipase (core genome, constant)

Best match: pldB_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1796427:1797254:r]RC (completely identical)

Position: 042-contig_273_RC: 99 ... 927; Length: 828 bp

Sequence:

TTAAATTTCTACAATTTTCGTCATCTTCAACAATAAAGCCCATTGTATTGACGCTGTTATTT
AAGAAAGTCAGAATATAACGCATTACTTCATCACGTTCTGGCTCATTGTGAACCTCGTGG
TAAAAACCTTGCCAAGCTTTAAAATATAAATCAGGTGTTTGATATTTTCTTTAAACTCAT
CAATTGCCCTAGTATCAACAATTAATCCTTCGTTCCATACATTAATAGCGTTGGCATTGG
TTGAATGTCATGAATATGAGCCATCGTATCTTTCATCGTCTCATTAAATTGTATTATACCAA
TGATACGTTGCTTTTTTTAACATTAACCATCGTTAACTGTTTCTTCAACAATTTCTAAATT
ACGTGTAAATCTTTTGGTTCTACACCAACATTAACCGTGTGTCTTTTGAATTTTACCT
ATATTTGAAACAAGTTTATCTTTACGATTTTTTCCATTCTTTTGAAGTTCTAGCATAGGAG
AAATTAACATCATCCCCTCGATTGGCAATTCTACTTTTTCAAGTAAATTTAATAAAAATCAA
ACCGCCAAGTCCTACCCCTAATACATAAGTAGGAATTTTATATTCATTAGCTATCTTTAAC
CAGTCTAGCAAACCTTCGTGATACGTTTGAAGTTTTCAATTTGTCCTTTATTAGCTCTTG
AAGTTTGACCTTGACCAGGCAAATCTCCATAATCACATGATAGCCATTTCTTCTTAACAT

CGTAATAACATATGCATATCTTCCCGTATGTTCTAATATATTATGAGCAATAACAACGAC
GCCTTTCGCATCATTTTCAGCTTCCCACTTCCACAT

> **putA**

Function: protein coding sequence; proline dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: putA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1797488:1798489] (completely identical)

Position: 042-contig_273_RC: 1160 ... 2162; Length: 1002 bp

Sequence:

ATGGCACTATTAAGAATTTTTTATCGGATTATCTAATAATAGTTTTTTAAACAACGCAG
CAAAAAAGTGGGCCCACGTTTGGGCGCCAATAAAGTCGTTGCCGAAATACAATTCCA
GAGTTAATTAACAATCGAATACTTAAATGACAAGAATATCGCTGTTACGGTAGACAAT
TTAGGGGAATTTGTCGGTACAGTTGAAGAAAGTAATCATGCTAAAGAACAAATTTAACA
ATTATGGACGCGCTTCATCAACATGGCGTAAAGGCACATATGTCTGTTAAATTGAGTCAG
TTAGGTGCAGAATTCGACTTAGAATTAGCTTACCAAATTTAAGAGAGATTTTACTTAA
GCAAATACTTACAACAATATGCATATAAATATTGATACTGAAAAATATGCTAGCCTGCAA
CAAATTGTTCAAGTTTTAGATCGCTTAAAAGGCGAATTTAGAAATGTTGGTACTGTAATTC
AAGCATATTTATACGATAGCCACGAATTAGTTGATAAGTACCAAGATTTACGATTACGTT
TGGTTAAAGGTGCATATAAAGAAAACGAATCAATTGCATTTCAATCTAAGGAAGACGTA
GATGCAAATTACATCAAATAATTGAACAACGTTTGTAAACGCACGCAATTTCACTTCA
ATTGCAACACATGACCATCGCATCATTAATCATGTAAAACAATTTATGAAAGAAAATCAC
ATTGAAAAGATCGTATGGAATTCCAAATGCTCTATGGTTTTAGATCAGAGTTAGCAGAA
GAAATCGCAAATGAAGGCTATAATTTCACTATTTATGTACCTTATGGCGATGATTGGTTTG
CGTATTTTATGAGAAGATTAGCAGAACGCCACAAAACCTATCTCTTGCTGTAAAAGAAT
TTGTGAAACCTGCTGGCTTAAAACGTGTTGGCATAATTGCAGCTTTAGGAGCTACAGTTA
TGTTAGGTTTAAGTACAATTAATAAATTATGCCGTAATAG

> **ribH**

Function: protein coding sequence; 6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (core genome, constant)

Best match: ribH_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1798611:1799075:r]RC (completely identical)

Position: 042-contig_273_RC: 2283 ... 2748; Length: 465 bp

Sequence:

CTATGCTTTTATAGATTTTAAATAAATTAGCCATTTCAATTGCACTTACTGCTGCTTCAGCA
CCTTTATTGCCAGCTTTCGTACCTGCTCTTTCCACAGCTTGTTCAATACTTTCAGTCGTTAA
AATACCAAATATGACTGGTACATTAGTTTGATCATTCACTTTAGAAACACCTTTCGCGACT
TCATTACAAACATAATCATAATGAGACGTAGCACCGCGAATTACGCATCCTAATGTAATT
ACTGCATCATAATTTCTGATGAGGCTAATTTTTTAGCTACTAAAGGAATTTCAAACGCAC
CTGGCACAAATGCTACATCAATATTGTCTTCATTAACATCATGTGCGAATCAAAGTATCTTT
TGCACCTTCAAGTAATCTTCCAGTGATAAAATCATTAAATCGACTAACTACGATTGCAAC
TTTCAAATCTTTCCAATTAATTTACCTTCAAATTCAT

> **ribA**

Function: protein coding sequence; bifunct 3,4-dihydroxy-2-butanone-4-phosphate synthase/GTP
cyclohydrolase II (core genome, variable)

Best match: ribA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1863251:1864432:r]RC

Position: 042-contig_273_RC: 2760 ... 3942; Length: 1182 bp

Sequence:

CTATATTAATGACCCATTTTTATTTTTTCGTTTCCATATAATCATGATTATGTACCGTTT
CTGGTACGATAACTTCAATTCTTTCTGCAATATCAATGCCATATTGTTTTAATCCCTCAA
TTTACTTGGATTATTACTTAATAAATTGATATGTTTCGATGTTAAAATATTTTAAAATCTGT
GCAGCAATATGATAATCTCGTAAATCTTCATCAAACCTAATGCTAAATTTGCAGTTACT
GTATCATATCCTTGCTCAATTAATTCATATGCGCGTAATTTGTTTAAACAATCCTATGCCAC
GACCTTCTTGAGGTAGATAAATAATCATGCCACCATGTTTCATTGATATACTTCATAGACG
ATTCAAGTTGAGCACCACAATCACAACGTTGACTATGGAAAATATCGCCTGTAAGGCACG
CAGAATGTAAGCGTACATTTTCATGTTGTGCGAATTGCACCTTTTGTGAGTACAACCTATCTC
TTCATCTGTGTATGTCGCTTTAAAACCATACATATCAAATGTTCCGAAATCTGTAGGCATT

TTCAC TTTTGCCTTAAATTCAATTTCTGGTTCTAATTTTTTACGATATTCAATTAATCATC
AATCGTAATCATCTTTAATTGATGTTTTTCTTTAAACTTTTGTAAATCTTGTCTTTTCGCCA
TCGTGCCGTCATCATTATAATCTCACAAATGACACCAGCGGGCTTGGCACCAGTAAGTT
TAGCTAAATCAACAGCCGCTTCTGTGTGTCCATTTCTAGCTAATACGCCTTTATCTTGTGC
TACTAATGGAAATAAATGACCAGGACGATTAATAATCTTTAGCTTCACTACTAGGATCAAT
GAGCTTTTTTGGCAGTCAATGTACGTTTATAAGCACTAATTCCTGTTGTTGTATCTACATGA
TCAATACTCACTGTAAATTGCGTACCAAAGATGTCGGAGTTATCATCAACCATTTGTACC
AAATCCAAACGTTGTGCAATATCTTTAGACACTGGTGCGCATATTAATCCCCTTGCTTCTT
TCGCCATAAAATTAATGGTATTATCGTTCATCCATTCAGTGACCGCTACTAAATCACCTTC
ATTTTCACGATTCTCATCATCTACTACAATAATTGTTTCTCCATTTTTTAAAGCCATTAAG
CACTGTCAATATTATCGAATTGCAT

> **ribB**

Function: protein coding sequence; riboflavin synthase subunit alpha (core genome, constant)

Best match: ribB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1864443:1865075:r]RC

Position: 042-contig_273_RC: 3952 ... 4585; Length: 633 bp

Sequence:

CTAAAAACCAAATGCTCTTAATTTATCTACAGATAATTGGTCTTTATCTTTATTTAAAATA
TTTTCAACATATTTAAACAAAACGTCTGTTTCTAAATGTACTTTATCTCCTAATTTTTTGG
TGATAAAATCGTTGAACGCCTCGTTTCTGGAATAAGATGAATGTCAAAACTGTTATCATG
CTTATCAAATACCGTTAGACTTACACCATCCACAGTAATAGACCCTTGCTTAACTAACTGA
TTATTAATATGTTGGCTACATTGAATCGTAATAATTTTGGCATTGGCTGTTTCATTTATTT
TGAAACTGTTTCTAGTTCATCTACATGACCGAGGACAAAATGTCCACCAAACCTACCGTT
ACCACCCATGGCAGCTCTAAATTTACTTCTGATTGTCGCTTAACATCTGCTAAATAGGTT
TTATTTTCAGTGCCTTTAATTACTTGAACAGTAAAAGATGTCTGATTAATAATCAATCACTG
TTAAACATGCACCATTAACACTGATGGAATCACCAATATGCATATCTGCCGTAATCTTAT
GTGCTTCGATTTCAATCGTCCTGACTGATTGACGAATTTGAACACTTTTAACGACACCTAT
TTCTTCAACGATGCCAGTAAACAT

> **ribD**

Function: protein coding sequence; riboflavin specific deaminase (core genome, constant)

Best match: ribD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1865082:1866125:r]RC

Position: 042-contig_273_RC: 4591 ... 5635; Length: 1044 bp

Sequence:

TCACTTCTTTCGTAAAGTTAATTTAACATTTTGATTTAATAACTCGGAATGAACAATTTCA
AATTGGTTCGCATCTGGTATCTCAATCACATCATTTGTTTGATAAAATTGATAATTTCCAG
ATCCGCCAATTAATTTCCGGGCATAATAGAGAATAAATTCATCTATATAATTAGATTGGA
GAAATTCTGAAGTAGTGGTTGGACCTGCCTCGACTAGCAAAGTTCCAACCTCCTTTTTATA
TAAATTGTGAAGAATTGTTGTTAAATCGCAAGACTTCAAGTAAATAATTTCAATATGTGTT
TGATTGGTTGTTAAATTTGGATTTTCAGTATATATCCAAATTGGTGTTGATTCATCTTGAT
AAATTTGCTGATTAATAATGAATATTTCCAGACTTAGACAATATTACTTTTATAGGGTTTTT
TCCATCTTGAATACGTGTAGTATATTGTGGATCATCTAATTCAACTGTACGTCTTCCAGTT
AACACTGCGTCGTGTCGATTTCTTAACTTATAGACATCTTGTTTAACTCCTTTGTTAGTAAT
CCATTGACTTTGTCCATTATCATTTCGCTTGTTTACCATCTAACTTGCAGATACTTTCACTG
TAATTTGTGGCAGTTGCTTTGCTTTTAAAAAAGGCTTGGTATAAATTGTGATGCCCG
TTCATCATCAACGCATTCAACCTCAATACCGTGAGCCCGTAACGTCTCATCACCATGTGTG
TCTAACGAATTGTCTTTTGTGCGTATACTACTTTTGTCTATCTTACAATCAATTATTTGTT
AACACAGGGTGGTGTGTAACCAAAAATGACTACATGGCTCTAACGTAATATAAATCGTCCG
ACCTTCAGCATTTTGTGTTGTCATATCAAGTGCTTGAACCTCCGCATGCTTGTACCTTTTC
TCAAGTGTGCACCAATACCAACAATCCTACCTTCTTAACTACAACAGCGCCAACGGGTG
GATTAACACCTGTTTGACCTTGTACCATATTTGCAAGTTGAATCGCATAATCCATAAATTG
ACTCAA

> **fmn-L2**

Function: noncoding RNA FMN riboswitch/locus 2 (core genome, constant)

Best match: fmn-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1866254:1866385:r]RC (completely identical)

Position: 042-contig_273_RC: 5763 ... 5895; Length: 132 bp

Sequence:

```
ATTCTTTCTCCCATCCAGACTTTAACTGTCGGCTCTAGAATCTCACTAGATCAGCCACTAA
TATGAAACATATTAGCAGGTCGCAGGCTTTATTTACTGCCGGTTGGGAATTTACCCTGCC
CCGAAAGAAT
```

> **Q5HF04**

Function: protein coding sequence; pyridine nucleotide-disulfide oxidoreductase (core genome, constant)

Best match: Q5HF04_CC009_21334_AGTW01000033.1[40471:41973:r]RC

Position: 042-contig_273_RC: 6115 ... 7618; Length: 1503 bp

Sequence:

```
TTATTGATTGTCACTGCGCTGTTGTTGCTCATTTCGATTCTAAAGCATCATATAAATTGAGAT
ACTGTATGCGCAACTTGTCTACTATCATTTTTACACCATTTTCGTAGTTTATTAACACCGTT
TGTCATTTGACCTATCGCAATCATATTTGTTAATGTTCCAAACCTTGGACTAATAACTTGA
TTGGTTTTCCGGTATGATTTGTATGCCTCCCATTGGGTGTGCTTGTACAATTTGTCTATTTTC
AAGATTTTTAATTAATTGATCATCTTGATCCAATTCATTTAAATGACTTTTTGCACCTGTGCG
CGTTAATGACAACATTATATATGTCTACTGATTCTTGGTTTTTTGTATGAAAAATAATACAA
CTTGCCATCATGTTTCACATCTTCTAAATCTTTTTTCAAATTAAGACTTATTTTCGATTA
ATCAATAATTAGTTCAGCAGTCTTGGAGGCATTGGATTGAATTTAATTGAATCATCTT
TGAGTATTTTTGATTAAATTGATGTTGGTCTTCAATACTTAAGCTATTCCATATCCAATTTA
AATTCTCTTCAAATGTTCAATCATACTTTGGAAAATGCCCATTTCTGTTGGACGCGCTAA
ATCATACTTCAAATCTGCAATATGATTTCTGTACGTCTATGTACTAATTTTTTAAAATCA
ATGTCATATTCAGCACATTCTTTTAAAAATAAAGAACTAAAGTATCAAGCGGTGCATTG
CCGAAATGATGTTTTTTAATGTCATTTAATTTGTCTTTAGTTAAGTACTTGAATGTCACGTC
TATCATTGTACCTCTTACACTTGGTAAATGAGCAGAACGACTCGTCATAGTAATTGGTAAT
TTCGGATGATGAGCAGCAACATAACGGACAACATCTAAACTGGCAAGGCCTGTACCAAT
AATCGCAATATCGTCCAGTTCATTTACTTCGTCTAACGTATTATATGTTGGATAAGGCGTA
GCGATATATCCTTTTTTACCCTTTAAGTTATATGGATCATGGTAGGCAAATGTACCACATG
TTAAAATAACATAATCGTACGCTTGCCATGATTGTTCTGAATTTGTAGTACATATGTAATA
AGTTAAATTCGTTTCATCGATATTAGAATTTGTATAAATCTCTTGAACCTTTATTATAATTA
GTTGATATATTTGGATATTTTTTCGTGAACATAGATAAATAAGATTTTCATATAATGTCCGA
ATACAAATCTAGGTAATATGCAGGTTTCATCAAATTAATAATCAGTTTGTGTTTATACC
ACTTCCAAAATTCAGTCTCATCATCTAAATTTAAACTCATCTTTTTTCGAAGGCATATTAAT
TAGCAGCTCAGAACTATCATTTTGAATGGTACGCCCTGTCCCATATTTACTTTATCATCG
TATAAATCTATATCTAATTGATTAAACTTCGGGTGCTTAACTAACTCTCTCAATACACTTA
CACCAGCAGTTCCCATGCCTATTATTGCTACACGCAT
```

> **arsR**

Function: protein coding sequence; repressor of arsenic resistance operon

Best match: arsR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1868631:1868945]

Position: 042-contig_273_RC: 8140 ... 8455; Length: 315 bp

Sequence:

```
ATGACGTATAAAGAACTAGCAACATTTTTAAAAGTTTTATCAGATTCAAGCAGATTAGAA
ATACTAGATTTACTTTCTTGTGGAGAGTTATGCGCTTGTGATTTGTTAGCACATTTTCAATT
CTCTCAACCTACACTTAGCTATCATATGAAAGCATTAGTAAAATCCAACCTTAGTTACGAC
ACGAAAAATCGGAAATAAACATTTATACCAGCTCAATCATAATATTTTTGAGTCCGTAAT
TAATAACTTGTCTAAGGTTTCATACCTCTAATCAACGATGTATTTGTCATAACCTTAAGACT
GGTGAATGCTAA
```

> **arsB**

Function: protein coding sequence; arsenical pump membrane protein (core genome, variable)

Best match: arsB_AF422190.1[3069:4361:r]

Position: 042-contig_273_RC: 8454 ... 9747; Length: 1293 bp

Sequence:

```
ATGATGACAAC TTTAGCGACACTCATTTTTCTAGTAAC TTTATTATTTGTATTATGGCAAC
CTAAAGGCCTAGATATTGGCATTACCGCATTAACTGGTGCCTTTATTGCTGTTACTTGG
TGTGTAAAGTTTTTCCGATGTTTTAGAAGTAACAGGTATTGTTTGGAAATGCTACTTTGACT
TTTGTCTCAGTCATTCTTATTTTCATTAATATTAGATAAAGTTGGATTATTTCGAATGGTCAG
CTATTCACATGCTTCATGCTTCAAAAAGGCAATGGTTTAAAAATGTTTCGTTTATATCATATT
ATTGGGTGCCCTTGTGCTGCATTTTTTCGCAAATGATGGCGCAGCGTTAATCTTAACGCCT
ATTGTATTAGCAATGGTTAAAAATATTGGATTTAATAAGCGCGCAATATTACCATTTATTA
TTGCAAGTGGTTTTATAGCTGACACAACCTTCTTTACCTTTAATCGTGAGCAATCTAGTGAA
TATTATATCTGCTGATTATTTTCATGTAGGATTCGTTTCGATATTTTAGTAGAATGATTATAC
CTAATTTATTCTCACTTTTAGCAAGTATTATAGTATTGTGGTTATATTTTAGAAAAGCGAT
ACCTAAAACGTTTGATGATAATAATAAAGCATCCTAAAGATGCCATTAATGATTTAAA
GCTATTTAAAATTTTCATGGATTGTTCTAGTTATATTACTTTTTCGGCTATCTAATCAGTGAAT
TTACTAAAATTCGGTATCAATTTTCACTGGAATCATTGCTTTTATTTTTCTAATGTTGGCT
CGTAAATCAAATGCTGTAAATATTAAGCAAGTCATTAAGGGCGCACCTTGGAAATATAGTA
TTATTTTCAATTGGTATGTATATCGTTCGATTCCGGCTTAAGAAATGCTGGCATTACTTTAA
TATTGGCTAAAATATTAGAATATATTTCCAATTACGGTCTATTTAGCACTATTTTGGGAAT
GGGCTTCATTTTCAGCGTTTTTATCATCAATAATGAATAATATGCCTACAGTTTTAATAGAT
GCGATTGCTATTGGTCAATCAAATGTCCATGGCATGTTAAAAGAAGGCCTAATTTATGCG
AATGTTATCGGTTCTGATTTAGGTCCAAAAATTACACCGATAGGCTCTTTAGCTACATTAC
TGTGGTTACACGTCTTAACACAAAAAGATGTTAAGATTTCTTGGGGCACATACTTTAAAA
CTGGTATCATCATTACAATTCCAGTACTATTTATAACCCTCATAGGGTTGTATCTAACACT
TATCATATTTTAA
```

> **arsC**

Function: protein coding sequence; arsenate reductase

Best match: [arsC_CC007_TCH959-USA300_AASB02000250.1\[22664:23059\]](#)

Position: 042-contig_273_RC: 9764 ... 10160; Length: 396 bp

Sequence:

```
ATGACTAAAAAACAATTTATTTTATATGTACAGGCAACTCATGTGCGAAGTCAAATGGCT
GAAGGTTGGGCTAAACAAATCTTAGCAGATGATTGGAATGTATATTCTGCTGGTATCGAA
ACACACGGTGTTAATCCCAAAGCGATAGAAGCTATGAAAGAAGTAGGCATTGATATATC
AAATCATAACATCAGATTTAATCGATAATAATATTATTAATAAATTCAAATTTAGTTGTTACA
TTATGTAGTGATGCAGACGTAAATTGCCCTTCTTTACCAACAAATGTTAAGAAAGAACAT
TGGGGATTTGATGATCCTGCAGGCAAGCCTTGGTCAGAATTCCAACGTGTAAGAGATGAA
ATTAATAATCGCAATTGAAAATTTCAAATCACGATGA
```

> **gad**

Function: protein coding sequence; mannosyl-glycoprotein endo-beta-N-acetylglucosaminidase (core genome, constant)

Best match: [gad_CC008_NCTC8325_CP000253.1\[1806782:1807636:r\]RC](#)

Position: 043-contig_278: 64 ... 919; Length: 855 bp

Sequence:

```
TTACTTATTCAAATGTTTACTGTTCATCTTTATACACAAAGTATTTGAAGTATTTTCCTTCAG
TCTTCATGTTCTTATAAAAAGTCAGCGATAATTGTTGCATTACTTTCTGCCCACTTAATATCT
GTAGCATATTGATGTTCTCCTGGATTTTTTGGATTCCATCTCATACTATAACAATGTATTTTG
ATCTGTGCTTGATAAGAAGTGCTTATGAATGAAATCAGCACCGCCTGAAATAGCTTTTTTC
AGGTGTATCCCAACCATGCTTTTTAGCATATTCTGCACCTGTTTTAATTGGGTCTTTATCA
AGGGCTCCTACTCCATAGAAATTGTAGTATTTTTTGGCATCAATTCGACTCCATTAGCTA
ATTCATTTTAACTGCGCCAGTTTCTAATAATGCATGTGAAATTAATAAACTTCGTTAAC
GTGCTTATCTTTAGCAGCTTTTAAGAAATCATCCGTATGTTTCAATAACGTTGGTCTATCT
ACTAACATACGTTTAATTCTATTTTTATCAATCCCTTGATACTTTGATAAATCTAAAAATT
GATATTTTTGCTTTTCATTATCGATAAAAGTACCGCTATCCATTGCACTTTTAATTTTCAGTT
GCAGATGCATCTCTCCATGCATCATTCTTTTTATTTGATACCTGTTGACTCGTATAATTATT
```

TATTTGTTTCTTTGCTGCATCGTTTAATGTAACATTTAACTTTTCAATCTTAATGTCGGATT
TAACATGTTTGA AAAAATATCTGATCGGATATCATTGAGAAAAATAAAAATGAGACAACA
GCAAAATATGACAACAAGTCCTATTATTCCAAAAATAGAACCTTTCTTGTGTTTATTCAT

> sigS

Function: protein coding sequence; RNA polymerase sigma factor S (core genome, variable)

Best match: sigS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1911863:1912333]

Position: 043-contig_278: 1617 ... 2088; Length: 471 bp

Sequence:

TTGAAATTTAATGACGTATACAACAAACACCACAAAATCATAACACCATCTTTTAAAAAAA
TATAATATTAGCTATAATTATGATGAGTATTATCAACTACTCTTGATAAAAAATGTGGCAAT
TGAGTCAGATATATAAACCCCTCAAGCAAGCAATCTTTATCCTCTTTTTTATTCACTCGATT
ACATTATTACCTTATCGATTTATTTCAGACAACAAAATCAATTAAGATGTCATTTTATGT
GAGAATAATTCACCAACATTA ACTGAACAACCAACTACTTTAATGAACATGACCTTCGA
TTACAAGATATCTTCAAGCTTTTAAATCATAGAGAAAGACTATGGCTCAA ACTATACCTT
GAAGGATACAAGCAATTTGAAATTGCTGAAATCATGTCATTATCGCTTTCAACGATTA
TTAATTAAGATGTCCGTTAAGCGTAAATGCCAACATAATTTTAATTAG

> tal

Function: protein coding sequence; transaldolase (core genome, constant)

Best match: tal_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1874704:1875417:r]RC (completely identical)

Position: 043-contig_278: 4443 ... 5157; Length: 714 bp

Sequence:

TTATAGAATAGAAAGACCTGAAGATTGAATATCTTTCGCAAAGCCTTTAACTGTATCTAC
TGATAATTCGTTAATATCGCGACCTAAGTTTGTATTCACTTTTTTCAACATCTGCAGGG
CATGTAATAATATCTGCACCAATTTTCATCAGCTTGAATCACATTGAATAATTCGCGGCAA
CTTGCCCATAATAATTTAACGCCGTCTTACTATGCGTAACTTTTACAGCCTCTTTCATTAA
TGGTAATGGATCTACGCTGTATCTGCAATACGTCCTGCAAATACTGAAACATATGTTGG
CACACCTTCAGTTACTGCTTCAGTTATTTCTTTAACTTGTTC AATTGTGTAAACAGCCGTA
ACGTTTAATCTCACATTGTCAGCTGAAAGCTTTTTAATTAAGGAATCGTTGATTCACCTT
TTGTATTTACAATAGGAATTTTAAACAAATACATTTTCGCCATATTGTTTTAGAATTGCTGC
TTCTTTTTCCATAGTTTCTAAATCGTCTGCAAATACTTCAAATGAAATTGAAGCATCTGGA
ATTTCTTTCACAGCTTCTTCAGCAAAGCTTTGTAATCTGTTACGCCCGCTTTCGCCATTA
AACTAGGATTTGTTGTAAAACCATCCACTTGTGTTTATAAGCTGCTTTCATTTCTTCA
ATATCTGCACCGTCCGCAAATACTTCTACATTTAGTTTAGCCAT

> crcB1

Function: protein coding sequence; protein CrcB homolog 1 (core genome, constant)

Best match: crcB1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1916143:1916586]

Position: 043-contig_278: 5896 ... 6340; Length: 444 bp

Sequence:

ATGCATCGACAATTTTTGTCGTCGTGTTGCCAAAACCTCTTTTTTAAATTCAA ACTACTTCT
TTTCGAGGTGAACCAAATGCAATATGTATATATTTTTATCGGTGGTGCTTTAGGCGCTTTA
TTACGTTACCTCATTTCTTTTCTGAATACTGACGGAGGTTTTCCAATCGGAACACTGATAG
CCAATTTGACTGGTGCCTTTGTAATGGGATTGCTAACAGCCTTAACAATTGCATTTTTTTC
AAACCATCCGACCCTAAAAAAGCTATTACGACTGGTTTTCTTGGTGCTTTAACGACTTTT
TCAACATTTCAATTAGAATTAATACATATGTTTGATCATCAACAATTTATAACTTTACTAC
TATATACTGTAACAAGTTATGTCCTTGGTATTTTGTATGTTACGTCGGTATAAAACTAGG
TGGTGGTTTATCATGA

> crcB2

Function: protein coding sequence; protein CrcB homolog 2 (core genome, variable)

Best match: crcB2_CC001-ST772_118_AJGE01000029.1[22014:22367:r] (completely identical)

Position: 043-contig_278: 6336 ... 6690; Length: 354 bp

Sequence:

ATGATATCAATCATTTTTAGTCATGATTGGCGGCGGTTTCGGCGCAATTGCTAGAAAGTGCC
ATTACTGATTATTTTAATCATAAATTTACTTCAAAGTTACCTATCGCAACATTGATAGTAA
ATCTAGTTGGTAGTTTTTTAATTGGATTA ACTATAGGCTTATCAATTTCAATCTCATGGTTC
CCTGCGTCTTTGTTACCGGTTTTTTAGGTGGCTTAACAACCTTTCTCAACGTTAGCTAAAG
AACTTACACTAATGATGACGCCAAAATTTAATATTAACCTTTTTCTCAATTATCACTTTT
ACAATTCATCATTGGATTTATAGCTTGTATATTGGCTATCATATTTAA

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000023.1[4549:4580:r]RC

(completely identical)

Position: 044-contig_322_RC: 0 ... 32; Length: 32 bp

Sequence:

AAAAGCTTGTTACAAGCGCATTTTTCGTTCAG

> **metK**

Function: protein coding sequence; S-adenosylmethionine synthetase (core genome, constant)

Best match: metK_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1879411:1880604:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 2210 ... 3404; Length: 1194 bp

Sequence:

TTATTTTACTGCGTCTTTTAATTCTTCCACTTTGTCTAATTTTTCCCATGGGAATAAGACAT
CTGTACGTCCAAAATGACCATAAGCAGCAGTTTGTGTTGTAATTGGTTGTTTCAAATCAA
GCATTTTAATAATACCAGCAGGTCTTAGGTCAAAGTGTCTTCTAACTGCTTCAACAAGTTG
CCCTTCAGAACTTTACCTGTTCCAAATGTATCAATTGCAATTGACACTGGTCTGCAACA
CCAATCGCATATGCCAATTGTACTTCACATTGATCTGCTAAACCTGCTGCAACAATATTTT
TAGCCACATAACGTGCAGCGTATGCAGCTGAACGGTCTACTTTTGTAGGATCCTTACCAC
TGAAGCATCCGCCACCATGACGTGCATAGCCACCGTACGTATCAACAATGATTTTACGTC
CTGTTAATCCTGCATCACCTTGAGGTCCACCGATTACAAAGCGTCCTGTAGGATTGATGTA
GAATTTAGTTTGTTCATTAATCAAGTTTTCTGGAACAGTTGGATAAATGACATGTGCTTTA
ATGTCTTCTTGAATTTGTTCAAGTGTACATCCTCAGCATGTTGTGTTGATACGACAATCG
TATCAATACGTACTGGGTTATCATTTTTCATCATATTCAACAGTGACCTGAACCTTACCGTC
TGGTCGTAATAATTTAACGTACCATCTTTACGCACATCTGATAAACGTTTTGCCAATTGA
TGTGATAAATAAATTGCTAGAGGCATATACGTCTCTGTTTCATTCGTTGCGTAACCAAACA
TTAAACCTTGGTCACCTGCACCTGTTGCTTCAATTTCTTCTTCGCTATCTTTATCACGATAC
TCTAATGCATTATCCACGCCTTGTGCAATGTCAGGTGATTGTTTCATCAATCGCAGTTAAAA
TTGCCATTGTTTCATAATCATAACCATATTTTGTCTTGTGTATCCAATTTCTTTAATTGTT
TCTCTAACAACTTTTCGGAATATCAACATATGTTGTTGTAGAAATTTTCGCCGGCGATCAATG
CCATACCTGTTGTAACAGTTGTTTACAAGCTACACGTGCATTTGGGTTCGCTTTTTAAAAT
AGCATCTAATATTGCATCTGACACTTGGTCAGCGATTTTATCTGGGTGTCCTTCTGTAACA
GACTCTGAAGTAAATAATCGTTTGTATTAAACAT

> **sam-L3**

Function: noncoding RNA SAM riboswitch locus 3 (core genome, constant)

Best match: sam-L3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1880710:1880821:r]RC (completely identical)

Position: 044-contig_322_RC: 3509 ... 3621; Length: 112 bp

Sequence:

CTCTTATCGTTCAGACCTATTTGTCTGCAAACGGTTTGGCACCTTTCTTTTATAAAAAAAG
AGGTTGCTGGGTTTCATTGGGTCCATGTCCCTCCACCACTCAGGATAAGAG

> **pckA**

Function: protein coding sequence; phosphoenolpyruvate carboxykinase ATP (core genome, constant)

Best match: pckA_CC001_MW2-USA400_BA000033.21880976:1882568

Position: 044-contig_322_RC: 3775 ... 5368; Length: 1593 bp

Sequence:

ATGTCAGTAGACACATAACAATGAAACAACCTAAAATTGACAAATTACTGAAAAACCAAC
GTCACATTTTCAACTTTCGACGACACAACCTTTATAATAAAAATCTTAGACAATAACGAAGG
GGTATTAACAGAACTTGGTGCTGTTAATGCAAGTACTGGAAAATATACTGGTCGTTCCGCC
TAAAGACAAATTTTTGTCTCTGAACCTTCATATAGAGATAACATTGATTGGGGAGAAAT
TAATCAACCTATCGATGAAGAACTTTCTTGAAGTTATACCATAAAGTACTAGACTATTT
AGATAAAAAAGATGAACTATACGTATTTAAAGGCTACGCTGGTAGCGATAAAGATACAA
TGTTAAAACCTTACAGTCATCAATGAATTAGCATGGCATAATTTATTTGCTAAAAATATGTT
TATTAGACCTGAATCAAAAAGAAGAAGCTACAAAGATTAACCTAACTTCACTATCGTTTC
TGCACCACATTTTAAAGCAGATCCAGAAGTTGATGGTACTAAATCTGAAACCTTTGTCAT
TATTTCAATTTAAACACAAAGTCATTTTAATCGGCGGTACTGAATACGCTGGTGAAATGAA
AAAAGGTATCTTCTCTGTAATGAATTATCTCTTACCGATGCAAGATATTATGAGCATGCAT
TGCTCAGCAAACGTTGGTGAAAAGGCGATGTTGCATTATTCTTTGGTCTATCTGGCACTG
GTAAAACAACCTTATCGGCTGACCCACACCGTAAACTAATCGGTGATGATGAACACGGAT
GGAATAAAAACGGGGTCTTTAATATCGAAGGTGGCTGCTATGCAAAAAGCAATTAATCTTT
CCAAAGAAAAAGAACCACAGATTTTTGACGCAATCAAATATGGTGCAATTTTAGAGAAC
ACTGTAGTTGCAGAAGATGGTTCAGTGGACTTTGAAGACAATCGTTATACAGAAAACACG
CGTGCCGCTTATCCAATTAATCACATTGACAATATTGTAGTACCATCAAAAAGCAGCACAT
CCAAATACAATTATTTTCTTAACTGCGGATGCATTTGGTGTTATTCCACCGATTTCAAAGT
TAAATAAAGACCAAGCAATGTATCATTTCTTGAGTGGTTTCACTTCTAAATTAGCTGGTAC
AGAGCGTGGTGTGACAGAACCCTGAACCATCATTCTCAACATGTTTCGGTGCACCGTTCTT
CCCGTTACACCCTACTGTTTACGCTGATTTATTAGGTGAACCTTATCGATTTACATGATGTT
GATGTTTATCTTGTTAATACTGGATGGACTGGCGGAAAATATGGTGTAGGACGTAGAATC
AGCTTACATTACACACGTCAAATGGTAAACCAAGCGATTTCTGGCAAATTGAAAAATGCA
GAATATACAAAAGATAGTACGTTTGGTTTAAAGCATTCTGTAGAAATTGAAGATGTACCG
AAAACAATTTTAAATCCAATTAATGCTTGGAGCGACAAAGAGAAATATAAAGCACAAAGC
AGAAGATTTAATTCAACGTTTTGAAAAGAAGCTTCGAAAAATTTGGTGAAAAGTTGAACA
TATTGCTGAAAAGGTAGCTTCAACAAATAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 044-contig_322_RC: 4085 ... 4094; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **menC**

Function: protein coding sequence; O-succinylbenzoic acid synthetase (core genome, constant)

Best match: menC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1884490:1885491:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 7164 ... 8166; Length: 1002 bp

Sequence:

TTAATATGGTTGTAATTGAGTTATATCCACTAAAGGGGGGCGAAATTCGAGTCGCCCTC
TTTTAATATGCCTGAATGCGCCACCACATCTTGTTCAAATAATAACCTGCTGGTGTAAACA
TCTCCTGGATAATCACCTTACGAGCAAGCATCGCTGTAAAATAGCGGCTTAAACCATAT
TCGTACATGCCGCCAATAACCACTTTTGCACCATGACTTTTCAAAGTATCAATTGCCGTTT
GCACTTTATCAATGCCACCTAGACGAAATGGTTTTAATACAACAACCTTTCACATTGTATAA
TTCTATCAAATTAATTATGTCCGACAATGATGTGCGCTTTTCATCTAGAGCAATCGGAGGT
ATTGTTCCATCCACTACTTCATCAAGCATGGAGATATCTTTAAATGGCTCTTCGATATAAA
GAACCTGTTACGCGCTAATAACTGTAAGTGTGTGAAATCTTGACGATTCAAGGACTCAT
TTGCATCTATAACCAATTGAAAGTGAAAGTCTAATTCTCGTAACACTCTAATTTGATCCAT
GATTTGAGGTGTCCATTTAATTTAATTCTAGTCGGCTTTGTTGCTTTCAATGACTCTAGTT
GTTTATTTGATAAGCCGCTCGCTGTCGCTCCATATGCTACTGAAAATGAAGGCAGTACAT
GAAACATTTGATACAATGCCATGACAATAGTTGCCCTTGCAAGGCGTATTTTCCAATG
AATCTACTAATTTTAGTGCTGCTTCATACGTTTCAAATGATTTATTTCTATTATCTTCGAAC
CATTGCTCAATTACATGTTTCACTGAAGCAATTGTTTCATGATCATAACCAATCTGTTTGAA
AAGCGTTACACTCCCCGAAATATGCATTTCCCTTATCATCAATCAATTCGATAAACAAC

AATCACGATGCATTAATGTGACTTTCGGTGTACAATTTGTGCCTTAAATGGCTCACTATA
TTTATAAAAATGCAAAGCTGTCAACTTCAT

> **menE**

Function: protein coding sequence; O-succinylbenzoic acid CoA ligase (core genome, constant)

Best match: menE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1927096:1928574:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 8170 ... 9649; Length: 1479 bp

Sequence:

TCATCCTCTATACAACCTTATTTCTCTGTAATTTACCCGTTGATGTATAAGGTAAAGTATCA
ACCTTTTCAAAGTGTTCGGTACTTTATATTTTCGCTAAATGTTTTGATAAATATGCAATCA
ATTGTGCCTTTGAAATGTCACCTTCACTGACAAAATATAATTTAGGCACTTGGCCCCAAGT
ATCATCAGGATGCCCTACACATACTGCGTCACTGATACCTGGAAATTGCTTCGCTACCGTT
TCAATTTGATATGGATAAATATTTTCACCGCCACTAATAATTAATCTTTACGTCGGTCAT
AAATCATGACATAACCTTCATAATCTATTTTCAGCAATGTCACCCGTATTAATAAACCATT
TTCAAACGTATCCGTTAAATCTGTTGGATACAAATATCCATTCATCACATTGGCGCCTTTA
ATCATTAAATTCTCCATGACCTTCTTTATTAGGATTTTTAACTTTTACATCAACATTGGCACT
TGGCATAACCAACAGTGTGAGGACGTGCATGCAACATTTCCGGTGTGCTGTTAAAAATTG
CGAACATGTCTCAGTCATACCAAATGAATTATAAATTGGCAGGTTATATTGTAATGCCGA
CTCTATCATAGTGGCAGATAATTTAGCACCAGCGAGTAATATTTTTTTGTAATTATAAGGT
TCATGTAAACCTTGTGTCATAAGCCAATTTAAAGTTTGTGGCACAAGCGAAATGTGCGTG
ATTCGTTCATTTTTAATCATCGTTAAAATTTGTTTCGGCATTGAATTTATCAACAATGCGCA
CAGTAAAACCTTCAATAACAGCTCTTAAAAGTACACTGAGACCCGAAATATGATAAATCG
GCAAGACAGATAGCCAATTAGTGTACGATCAAATCCCAAGCTCTCTTTACATCCGATTG
CACTGGCATAATGATTACGAAACGTTTGTGGCACCGCTTTTTTGAGGGCCCGTTGTCCCTGA
TGTAACATAATTGATGCAATGTCATCTAAATTAATGATGTATTTAATATGTTGGACGG
CGACTCTTTCGGCACCACAGTTTCATTTCGATGTATCATATTGGATACCCATTGTGTTGTCC
AACAAACCGTTCGTTGTAATATCCCTTCAGCGAATTCAATATCATCCAGCGATACAATTT
GAAACCCTCGCAATTCCAGTGGCAAGGTACAAAAAATCAATTGTACATCGATTGACCTCA
TCTGATTCGTATCTCATTAGGTGTCAACCTTGTATTAATCATCGCAATTTCAATATTTGCC
AACCAACATGCATGTATTAATGATCGATTGAATCGAATTATCTATGTATAGCCCGACA
CGAGATTGTTGATAAGCCTTGAATCTTTTAGCCAATAGACTCGCTTACAGTATAAATTTT
GATAAGTATAAGATTCTTGACCGTCTGTTATCGCAATATGATGTCCATTTTGTGCTTG
TTTATATAACCAAAGTCCAT

> **Q5HEY1**

Function: protein coding sequence; lipoprotein (core genome, variable)

Best match: Q5HEY1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1928733:1929215:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 9807 ... 10290; Length: 483 bp

Sequence:

TCAGTTATTTTTATTTAATTTTAGTGTCAATTCTGTCAATTTGATGTGGTGATTTACCCATTG
TTGCCACATCATCTGCAATGTCAATTGGTATACGATTCATGTCTTGTAATGCACTTAAATG
GAATACTTCATCATCTAAATTTTCAATGAGATATACATAATATGTTACCTTGTCCCTTTTAT
ATTTTAACGTTTTTCCAAAAGTCCGGCTTGCAATTCAATACATTATCCGGAATATATTCAAT
AAATAAGTAACGTTTGTGCTGCTACTTTGTCTACGAAATATTTTACAGTGCCTTTTTCTATA
CCTCTTATATGTGCATAGTCTGCTGAAAAGTAAATACTACCTATTGTTTCATTATGTTGTT
GTATTTCAAATCGTTGGCCTACTATTTTATTATTTGTGCCACAACACTTAAAAAATCAG
TAGATATAGCATTAAACATATTTTCATCCCCTTGAATTTTAAAAACTTTTTCAA

> **Q5HEX8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HEX8_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1799182:1799806]

Position: 044-contig_322_RC: 12366 ... 12991; Length: 625 bp

Sequence:

ATGAAATTCAAAGCTATCGTTGCAATCACATTATCATTTTCACTATTAAGTGCCTGCGGTG
CTAATCAACATAAAGAAAATAATAGTAAATCAAATGACACTACTAAAAAGACGCAAGAA

ACTGACAACACTACACAGTCAAATACAGAAAAGCAAATGACACCACAAGAAGCCGAAGA
TATCGTTCGAAACGATTACAAAGCAAGAGGTGCTAACGAAAATCAAACATTAATTATA
AAACAAATCTTGAACGGAGTAATGAACATGAATATTATGTTGAACATCTAGTCCGCGATG
CAGTTGGCACACCTTTAAACGTTGCGCTATTGTTAATCGACACAATGGTACGATTATTA
ATATTTTTGATGATATGTCAGAAAAAGATAAAGAAGAATTTGAAGCATTAAAAAAGAGA
AGCCCTAAATACAACCCAGGTATGAGTGATCATGATAAAACAGATGGTGAGTCAGAAGA
CATTCAACATCATGACAATGATAATAACAAAGCCATTCAAATGATACACCAGATCAAA
AAGCCGTTGATAAAAACGATAAAAATGCTGTTAATAAAGAAGAAAAACACGATAACCGT
GTAAATAAATCAGCAGAACTAAAGTTAAAT

> **DUF955-L1**

Function: protein coding sequence; putative bacteriophage protein (genomic island)

Best match: DUF955-L1_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1830347:1830916:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 14673 ... 15231; Length: 558 bp

Sequence:

TCAAATATGTATTCCTAAATTATACAGCCTTAATCCAGCAGCTACTTTCGAAACTTCCAAC
TTAATTGATATAAGATTTAATAGTTTGTTCGTTCTTTTTTCAGATAAACCAGAATTTAAAT
TGATATTATTGACTTCATAAAAATTATAGACTAATGCCTCTATTTGCTTTTTAGGCATAAG
TAAGTCGACTGAAAACGATTTACGTCGCTTTCATAAATCATTTTCATGTAAATTCTTTAGA
CTATTATCGTTGTTATCTTTATATTTGTATAAATAACGACCCGAGTTCACGAGCTATTGCAA
ATCTTGATTATTAATCGAGTGATTATTATTGATATAAATCGTTCTTCCACTTAAATAACC
CGAAAAATTACCTCTATTTTAATATATTTAACTTTTAAATTAAGTTGAAATAATAGCTTG
TCTATGTCAATAGCAAAATGTTTCAGAAGTAATAAAAAGTTGATCCATTTTGTCTTTATAA
ATGGCTGAAATAATCGAACTATTTTTGGTTCTAAAATATCTTCATAATGAACTTTCTCAAT
AACTTTCAA

> **DUF1433**

Function: protein coding sequence; DUF1433 family protein (genomic island)

Best match: DUF1433-var1_CC007_TCH959-USA300_AASB02000250.1[47620:48063:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 15831 ... 15861; Length: 30 bp

Sequence:

AACTACCACAAATACATATCTCTTTTTTCAT

> **sprA-L1**

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA A/Locus 1

Best match: sprA-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1893970:1894188] (completely identical)

Position: 044-contig_322_RC: 16261 ... 16480; Length: 219 bp

Sequence:

AGTCGCCTATCTCTCAGGCGTCAATTTAGACGCAGAGAGGAGGTGTATAAGGTGATGCTT
ATTTTCGTTACATCATAGCACCAGTCATCAGTGGCTGTGCCATTGCGTTTTTTTCTTATTG
GCTAAGTAGACGCAATACAAAATAGGTGACATATAGCCGCACCAATAAAAATCCCCTCA
CTACCGCAAATAGTGAGGGGATTGGTGTATAAGTAAAT

> **ldr_fst-L1**

Function: hemolytic peptide

Best match: ldr_fst-L1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1894021:1894116] (completely identical)

Position: 044-contig_322_RC: 16312 ... 16408; Length: 96 bp

Sequence:

GTGATGCTTATTTTCGTTACATCATAGCACCAGTCATCAGTGGCTGTGCCATTGCGTTTT
TTTCTTATTGGCTAAGTAGACGCAATACAAAATAG

> **fstAT**

Function: Fst antitoxin sRNA, locus 1

Best match: fstAT_L1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1934451:1934510:r]RC (completely identical)

Position: 044-contig_322_RC: 16435 ... 16495; Length: 60 bp

Sequence:

CCCCTCACTACCGCAAATAGTGAGGGGATTGGTGTATAAGTAAATACTTATTTTCGTTAT

> **tx_sprA**

Function: rho-independent terminator of sprA

Best match: tx_sprA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1934606:1934666]

Position: 044-contig_322_RC: 16590 ... 16620; Length: 30 bp

Sequence:

ATGAGTTCAATATCGGAAGTTAGGCAACTA

> **hsdS-L1**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system site-specificity determinate-locus unknown

Best match: hsdS-CC25_ref_DQ309452.1[1:1224]RC

Position: 044-contig_322_RC: 20862 ... 20892; Length: 30 bp

Sequence:

TGGCAAATTTTCTTTTGTGTATTACTCAT

> **hsdM-Lx**

Function: protein coding sequence; type I restriction-modification system DNA methylase unknown locus (genomic island)

Best match: hsdM_CC009_21334_AGTW01000033.1[72697:74253:r]RC

Position: 044-contig_322_RC: 20884 ... 21034; Length: 150 bp

Sequence:

TTACTCATCTTTCAACACCCCAAGTTCTTTCAGGTATGCATTGATTTCTTGTTCAACTTGTG
CGATTTCTTTGTCGATATTTTCAAATCTTGTGGACTTGATCTAAATCAATTGGCGCTTCT
TCTTCGAATGTATCGACATACCTCGG

> **ear2**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: ear2-118_ref_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[12657:13238:r] (completely identical)

Position: 045-contig_58: 319 ... 901; Length: 582 bp

Sequence:

ATGAATACAAAATTTTTAGGTAAAACATTAGTAGCAAGTGCTTTAGTATTAACAACATTG
GGAACAGGATTACATTCTTCATATTTAGGATTAGATACAAACAAAGTTGTTAAAACAGCA
AAAGCAGAAGAAAATATGACAGATGGTCAGTTGTGGAAAAAAGTTAAAGATTCATTAAT
TGATTCAGATATTATTAGTGGTAACCGAGATGAAGAAATAAAAGTAACTTATTCATTAA
AGATGGTAATTCGCCTAGTGTGACTGCACCTGGAAATGATAGCGGCGATAATTTTAATCA
AAAAATTGATTTTGGTAGTTTAAAACAAGTTGATATAAGTAAACAAAATATTGGTGAAGA
AGATTTTAAACAAAAGATTAGATGCGAATAAACTTGGAACACTTTTACTCAAAAATTA
GGATGCTGGTTTATTGAAAAATGGTCAAAAAGTAACCATTCAAACACTACTAATCCAACAAC
ATCTTCGACAAACAGTATTACCGGCACAGTAGGTGAAACATTGAATGATAAAAATGCTGA
TCCATTAGAAAAACGCTTAATCAACAAAATCACAATTGAATAA

> **sprB**

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA B (genomic island)

Best match: sprB_CC010_D139_ACSR01000053.1[6042:6510:r]RC

Position: 045-contig_58: 905 ... 935; Length: 30 bp

Sequence:

TAAACTCAAATTTCTTAATTCATAAAACC

> **A5ITY2**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A5ITY2_CC005_N315_BA000018.3[1867608:1868081]

Position: 045-contig_58: 1746 ... 2220; Length: 474 bp

Sequence:

```
ATGCATTTGAAACTGAACGATGAAGATTTAAATTATTTAGTAAATATAAGTAAAGAAATA
CTTGAACAATACAATATTAATTTAGACGAACTTGTAAAGGGAGATATTAACATAACATCA
TGTAATTCTGAATACTTTTTCACTTTAAGCTATTTTTTAAAGCCTGGAAAAGCAACTATAA
ATTTTCAGAGAATGCCGTTACAACATAGCTTGTACGTTTAAATCTTAATGACGGTTTTCA
TAAAAACTCTAATAATGAGAAAATAAGGGGAAATAGAATTAATATATTTTCTGAAAATG
AATTTATACAAAAAGCTGATGGCGCAACCCATATGAAAGCATATCCTTTACCTTATAATA
TATTTGACGATAGCTCTGATTTTGTAAAACAATTATTTACTTTGCTTGAATATACAAAAAC
TAATCATAATGATAATATTAATTTGAAACTAATCTATTCATGAGTTGGTGA
```

> **A5ITY3**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A5ITY3_CC005_N315_BA000018.3[1868086:1868877]

Position: 045-contig_58: 2224 ... 3016; Length: 792 bp

Sequence:

```
ATGCATGACAACACAATTAATCTATTAGCAAAGACTATTTTGATTACTTACAAACAGAA
TCAAAGTTTATCCCATTAGAAAATGAAACTATAGAATTTTATTCACCTATCGTCGATTATT
TTGGTGATTCTATTTCTGTAAATATATCTTTTTTCAGGGGATCGATATAAACTAACTGATCA
TGGTGAAACTTTGTGGAACATGGAACAATTTGGTTTAGATCTAACTAATCATAAAAAACA
AAAAAAGTATCAACTTCTCAATAATATTATACAAAATTACGGTCTAGTCATTGAAAATAA
GCACATAAACTTTTATACAAATAGAATAGACTTATCTCAAGCCATTCATGATTATGTTTTG
GCTATTTCCGAGATTAGTTATTTGGGAATATTAAGAAAGAAAATATTAAGTCATTATTT
AAAGACGAAGTGATGCAATATTTTCTATCAAACAGAAAGATTTATCCTAATATATTTCCC
GAATTTAAGGTAGAGGGGAAATCTAAGTTAATTCATAGTTTCGAAGCAGTATTTCCAGGA
GAAGCTACAGAGTATGTTAAAACAATTAACGAATCGATAAAAACAATGCAAAAAATGT
CCTTTTCGATTGGAATGATGTTGAAGTACATAGAAATAAAAATTTTGATTCTAATGCTAG
ACTTAATATCATTACAGAACAACAAGGCGATATTAACGAAGCAGTATCAACAATGTTGTC
TCAATATAATGTAGAGGTATTTTCATTTGAAAACA AAAAACA ACTTGAAGAAAAGTTTAG
TAACGTATAA
```

> **sprC1**

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA C (genomic island)

Best match: sprC1_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[9842:10244]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 3313 ... 3716; Length: 403 bp

Sequence:

```
AAAAAATTAATGCTATGATTTAGCCGAATTA AAAACATATATACTTATTTACTATGAAC
TAAAAGTTTATCCTAAAAATAAAAACCATGATTTCGAAGTCTTCATAAACTGAAGCTTC
TACTCTCATGGCAATTTATACTATGATATTCAATTATAATGCCTAGTCTCATAGTAAACGG
CTACTACATTCGCATGTACTTCGTTTTACTGTCCACGCATGTTTCGTTGACTTATTTATATTA
TAATATAAATATTTTGTTTTTCAATACTTAATTTTAAAAATCCCCTATGAAAATGTTGATG
AGCTGCATCTTTAAATCTTATTATACATTGTATGAAATTATATTGCGAGGTAATAATTGA
TAATATACACTTTTGGTTGTGTATGCATCTCACCTATC
```

> **Q2FXA9**

Function: protein coding sequence; putative bacteriophage protein (mobile element)

Best match: Q2FXA9_CC001_MW2-USA400_BA000033.21921296:1921751

Position: 045-contig_58: 3786 ... 4242; Length: 456 bp

Sequence:

```
ATGGCTAAACTCGATTTAAATAGTCTTGACGACGAGCACGTAAAATTATTAATAAATGAA
TTAAAATATCCAGAACTCATATCGATGTAAATGAATTA AAAACAATAGTTGCTAGTCGA
ATAAATGAAAGGCAAGAAATAATAAGTTTAAAGTTAGGAATAAAGTACTTATTAACAAT
```

AAAAAGAGGGAACATAGAAAAAGATAGGTTTTCAATTTCAATCATTTTTAAAGATACCTA
TCACACCCTAGTTAGAATAGATATTAACGGTGGTACTCACGATAATCCAGATGGAACATT
CGCTCCGAAAAGTCATATTCACATATATAATGATAAGTATGATAAAAAGGATAGGTTTGC
TTATGAAATTAAGTTGAAAGATTTCCCCGACATCTATAACTTGTATAATGTGTATATGTCTG
TTTTTAGAGTATAATAATATAAAAAGACCTTGAATAA

> **Q2FXA8**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q2FXA8_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[8515:9303:r] (completely identical)

Position: 045-contig_58: 4254 ... 5043; Length: 789 bp

Sequence:

ATGACTACATTTGATGCTAAAAAATTAATAAAAAGAATATCTTGATTGGTATAATCAGACC
TTAGAGTTTTCTAATTTATCAAACAATGTAGTAAGAATAGATACTCCTTTTAAAGATAATT
CTTTAGATAATTTAATAATTTACGCTTTATACGATCAGTCCAGAGACATGATTACACTGAC
AGATGACGGCTATACTATATTTGATTTAGAAAATAATGGTATTTTTTTTAAATAAATCAAA
AAAACATAAAAAGATTTTTGAAGAGCACCTTTCAGCTTACGGTATTAATATAACGATAA
AACTCACGAAATTTTTGTTCAAACCTTAAATAAATTTAATAAATCGAAACATAATTTA
TTACAGTGCCTTATATTTGTTAATGATATGTACTTACTTTCTAATCCTAAGTCACAGAACA
TATTTACAGAAGATGTTGCAAACAAATTGGATGAACATAACATTTATTACGGAAGAGATT
TACCTATTATAGGAAGCAGTGGTGTGTTTCATAATTCGACTTTTTTTATTAGCGCTAAGAA
AAATCAAAAAGAAAATTTATCAATGCTATTTCTAACCCTAATAATTCTATGATTATTAA
GTCGAAAATAACGGATGCTATGCAAGCAAAAAAATAAAAAGACACAGGCCAAAATGAG
TTTATTTTTATTTTAAATGACTCAAAAAAAGAAATAAATGAACATAATAAAAACCTTCTTC
ATGAAAATATATTAGTACTATAGATTATAGCGAATTAGACGAAAAGATAGGTTTATTGA
TTTAA

> **Q99T51**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q99T51_CC005_N315_BA000018.3[1874153:1874647]

Position: 045-contig_58: 5876 ... 6371; Length: 495 bp

Sequence:

ATGAGGAGATTACTCAGTCTATTACTAGCTAGTACAATGATTTTTAGTCGCATGTGGGAAT
GCTAACAATGAAAATAAGAAAAAGGAAGACGAAAAAATCAGAAGTAAAAAAGAAG
CTAAGAAAAATAATGATAAACCAAAGAACGAAAAGAAGTCAAGATATAAATAAAAA
CAATAATGAGCAAGTTCAAATGTCAATAATAACAACCAGTCTTAAATAATAATAGTAA
TCATAACAATCAACAACAAGCAATAAAAAACAATTACACAGTTATAGAAAACGGGAATA
CAGTTACAGAAATTTATAATGGACAATCACACACAACCTACAAATAACCCTATTAGAGAAG
AATATGTAGAGGGAGAAACAGACACGATATATAAAGAGAGTATAAGCATTTTTATACA
CCTGAAGAAGCTCAAAGAGCACAAGAAAATAGCGACCAAATTTTAAAGAGAAATGGGTCT
CGAACCAGAAAGATATGAATAA

> **A6U2S7**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A6U2S7_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.41952518:1952754 [4_50ANF10END]

Position: 045-contig_58: 6448 ... 6685; Length: 237 bp

Sequence:

ATGATTAGGTTTCGATGTTAATGGTAGTGATCATGCAAATCCACCAAATAATGAAAGAATA
CCTACGCCACATATACACATATATACTGAAGAATATAATAATGGTGGTATTGCGATTCCA
TTAAAAGATATTGAAGATTTAGAATTAACAGATGAAATTATAGAATCATTAGACTTCTTT
ATGAAGTATACTAATATAAACACGATAATGTTATAATAGAACAAAGATTACTGTAA

> **Q7A4X2**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q7A4X2_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[6076:6852:r] (completely identical)

Position: 045-contig_58: 6705 ... 7482; Length: 777 bp

Sequence:

```
GTGAAGACAATCGAAGAAAGAATGAACGAATATTTCAACTGGTTAAAGCAAATTATAT
CTTCAAAGAATTAGATAGTTCTACAGAAATTACTACTCCCTTTAAGAACCATTTGAATGAT
TTTATTAGAATATATGCTGATACACTACCTAATAATGAAATTTGTCTATCAGATGACGGAT
TGACGATTAATGAATTAGAAATGTTGGGTATTGATATAAACACAAAAACGAGAACTAAA
CTTATACAAAATATTTTAAATCAATTTAATTTAAAATTAGTTGATAAAGAAATTACAGCG
GATGTTAAAAATGAGAGTTTTGCTCAGTCTAAACATAATTTAATTCAAGGCATATTGAAA
ATTTATGACCTTACTTTAACTACTAAATCTAACGTTACAAACATATTCTATGAAGAAGTAT
TTGAATTCCTTATATGACCAAGAAATAAGAGGTTTAGCACAAAGTTTCTGTTTCTGGAGAAT
CAGGTTTAAAATATTCTATTGATTATATTGTTTCTGAAACAAAATCACACCAGAAAAAC
TAGTTAACTTTACAAACAACCTTAGATTTCAACAAAATAACTAATGAAGCTTATATTTACC
GTGATATCAAACCAAACAGACCATCCAGAAACAAATTAGAACCCTATCATGTTGATAATTG
TAAATGATGTAGATCATCCGATAAATGAAAGAGCACAAACTGTAGCAGAACATGAAAAC
CTTGAGATATTTAAATGGTCTAATAAATCAAAAATCATTGAAACTTTAACCTCATAA
```

> entG

Function: protein coding sequence; enterotoxin G (genomic island)

Best match: entG_CC001-ST772_118_AJGE0100001.1[4748:5524]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 8033 ... 8810; Length: 777 bp

Sequence:

```
TCAGTGAGTATTAAGAAATACTTCCATTTAATACTCTTAGAATCAACAACCTTTATTATCT
CCGTAAATATTTAAAAACTTATATGGAACAAAAGGTACTAGTTCTTTTTTAGGAAATAAG
TCAAACCAAAAACCTGTATTGTTCTTTTCAGTAAATTTTATATATCCAGATTCAAATGCAG
AACCATCAAACCTCGTATAGCTTTTTTTCTTTAGTGAGCTAGTGTCTTGCTTTGTAATCTAGT
TCCTGAATAGTAACCATATTCTTATTTGTAGTTATTGTAAATCCAAGTGATTGTCTATTGT
CGATTGTTACCTGTACAGTAATTAATTTATCTCTTTTCATTTTCTGAACTATTAATGTAAG
ACCACCATACATAACAACCTCCAAAATTTTGGTTTATATCCGGTTCAGATTTAGGTATT
ATACATGTATAAAAATATGGAACGCCAAAAATGTCTACTTTTTTATCTTTATAATTGTTAG
CTAATTCTGTATTTTCTAATTCAGTTTTAACCTCATTATAACTCTTATACTCAATTGGAAAA
ATTAATCATGAGATAAAAACCTGTCTAGAATTAATAACTCCTCTTCCCTCAACAGGTGGA
GACGTATAAAGATTCATTACATTACCCATAGTTCCCTTATTATTTTTATAATCACTTACTTT
ATTTAGTTCGTCTAATTTAGGATCGGGTTGAGCATTACATAATTCATATTATGAAAAACT
ATTTCTAGAATCAAATAATAATTACAGTAGATAATTTCTTCAT
```

> entN

Function: protein coding sequence; enterotoxin N (genomic island)

Best match: entN_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1955162:1955917:r]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 9092 ... 9848; Length: 756 bp

Sequence:

```
TTAATCTTTATATAAAAATACATCAATATGATAATTAGATGAGCTAACTGTTCTATTATCA
CTATAAAATTGAAAAAATCTGTCTCCACTGAACCTTTTACGTTATATAAATCATAATAA
AATGATTGATCTTGATGATTATGAGAATGAAAGAAAATGCATCCTTTTTGTATGTTACCG
GTATCTTTATTGTATATTTTATATAAATTTTCTAATTTAAATCGAACTTTAGTGTCTAATTC
TTGTACTGTTACTTTAGCCTTTTTGGTTTTTATAACAAAACCTTCTTGTTGGACACCATCTT
TAAATACATTAACGCCTATAACTTTCTCTTCATCTAATTGATTCCATCATGTATCGTAACT
CCTCCGTATAAGCATGATGTTTTTTCTTCAGTTAAGCCTACACATTTATTTCCAAAATACA
GTCCATAAATATCTATATTTTTTCTTTAAATTGATTTGCTAAATCTGATGAGTTAAACTC
AACTTTCAAACCTAGAAGTTTTAAGTACGGATATATCAATATTTTTTAAATATTATAGTATTA
TTCAGTAGTTGATCTGTACTAATTTTATTTGACTCGTCTAATTGCCACGTTATATCAGTATA
ATAGCTTGTTAAATTAATAACTTACTACTATCTAGATCAGATTTTTTCTTTAAATCTTTTT
TGCTACTTCAGCATTAACATAAATTATTATTAATAAGACATAATAAAGTTATTATAATTGC
AGCTATGTAGAACAATCTCAT
```

> entU

Function: protein coding sequence; enterotoxin U/enterotoxin Y (genomic island)

Best match: entU_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[2901:3671]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 9886 ... 10657; Length: 771 bp

Sequence:

```
TTATTTTTTGGTTAAATGAACTTCTACATTAATAGATTTACTCTCAACTGTTTTATTATCAT
TATAAATTAGTAAATATTTAGTCGGATAAAAATTTTTTACCAGATTCAGGCATCAAATCATA
CCAAAAAGAATGACCACTTCCTTCGATAAACTTTATATAGCCAGTCTCATAAAGCGAACT
GTAAATTCATATAAAATTTTTATGCTTAAGTAAATAGTTTCTAACTTTATAATCTATTTCTT
GTGCTGTTATGTTTTTCTTATTAGTAGGTATATCAAAGATAATGAATTTCTCTCGTTTTCA
TAACTTTAATTAAGATATTATGAGAGTTATCAGTTGAATTATTTTTATCTATTTGATTTCC
ATCATGCTCGGTCACACCGCCATACATACACGTTTTTTCAATTAATCTACCATCATTTAAT
TCCATATTATCCGATGAAAAATAGCATTGATTATAATAGTTTGTCCCAAACAAATCTACGT
TTTTATTTTTATTTATCCGAAAGGCTTTTATTATTAATTTCTGTTTTTAAAATTTTAGAA
CCATTTATTTAAATAATAAATCATGTTGTAAAACTTTTCTTGGGATTTAATGTTTGTTC
TGATACGTGTTTATCATACATAAAATACCTCATATTATCCATTAGACCAGTGAATTCACCTC
GCTTTATTC AATTGTTCTGGTTTAGGATTGCCATTTAACATAAAATAGTAAGCTGCAAGACT
TAACACATATGAAGATAAAAGCAAATAACTTCAT
```

> entI

Function: protein coding sequence; enterotoxin I (genomic island)

Best match: entI_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[2019:2747]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 10810 ... 11539; Length: 729 bp

Sequence:

```
TTAGTTACTATCTACATATGATATTTTCGACATCAAGATGAAATTTTTTCAGATTCTATTATTT
TATTATCTTCATAAAATTTTCAAAAACTTACAGGCAGTCCATCTCCTGTATAAAAACAAATC
ATATGAAAATGATTTTTTATTATTAAATGAAATAAACTTTCCCATTTATAAAACCTGAA
TAAAATTTAGATTTATATCCATATTTCTTTGCCTTTACCAGTGTTATTATGACCATATATATT
GTATTTCTTCTGAAGATATCTCCTTAATTTAACATCAATTTCTTGAGCTGTTACTAGTTTTT
TATTAGTTGCTATTTTGTTCAGTAGAAATTGTTTTATGTTTGCATTAAACCAAAGATTAAT
AGGGATTTTTCTAGCAGAATTTAAGTATTGTCCTGATAAAGTGGCCCCTCCAAACATGTAT
TTAGATTTACAAGGACCATTATAATCAATGCCAAAAATATCCAGTTTCTTTCTTTAAATT
TACTTATTTTCGTCCTCAATTATTAGATTCTGAGATCAAATCATTGGTACCTGTTGAAAATTC
GAGTTGATTTGCAATAGGTAGATTTTTATCTGTGACGCCTTTTAAATCTATATAATCATGT
TTTGTATAGAAATTTCTTAAGTTACCTACACCAATATCACCTTGAGCATACGTAAGATCTT
TAATGTTAAAAAGTAATATAAAAACTAATATAAAACTATATTTAAATTTTTTCAT
```

> entM

Function: protein coding sequence; enterotoxin M (genomic island)

Best match: entM_CC001-ST772_118_AJGE01000001.1[1265:1984]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 11573 ... 12293; Length: 720 bp

Sequence:

```
TCAACTTTCGTCCTTATAAGATATTTCTACATCTAAATGGAATTTTTTCAGTTTCGACAGTTT
TGTTGTCATTATATATTTTTAAGAACTTTTCAGCTTGTCCTGTTCCAGTATCAAATAAGTC
ATAAGAAAATGATGAACCATCATTCAAATGAAATAATATTTTTCTGCATTAAATCCAGA
ACTAAATTTTGACTTATTACCATAATTTCTTCCTTTATTTGTATCATTAAAGCCATAAATAT
TATATTCTTCTTGTAGATATCTTCTTAATTTAGTATCAATTTCTTGAGCTGTTACTAACTTT
TTATTAGTTGATACTTTGTTCAGTAGATATAGTTTGATGTTCTCCATTAACCAAAGATTA
TAGGAATACGTCTAGATTTCTCTAAATAATCACCTGCTAATGTAACTCCACCGTATATATA
TTTGTTTTTTCAAACAATATCCACTATAACTTAGACCATATACATCTACAGCATGATTTTTG
AATTTCTTTACATCATCAACGTTCTTAAATTCAGCTGTTATTGTGCAATTATCCATAGAAA
AAACTAATTGATGCGAAAGATGATTATTTTCAGGATTAATACTTTGGTGGTCTTCAATTGG
ATAGCTACCATAATAGTTCTTAAGATTCAAACTCCGACATCAGCGGTTGCGATATGATT
TTGCGAATAGCAAACAATAAAACAACAATGATAAGTATTCTTTTCAT
```

> entO

Function: protein coding sequence; enterotoxin O (genomic island)

Best match: entO_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1958644:1959408:r]RC (completely identical)
Position: 045-contig_58: 12573 ... 13338; Length: 765 bp

Sequence:

```
TTATGTAAATAAATAAACATCAATATGATAGTCTGATGAATCTATTGTTTTATTATCATTAA  
TAAATTTGCAAATATTGATCTGGTAAATTTCTTTAATATAAAAATAAATCATAATAAAATG  
ATTCTTTATGCTCCGAATGAGAATGAAATTTAATATAACCTTTTTGTACATCACTAGTCAT  
TCTGTCATAACAATTTATATGCATTATTTAATTTTGTCTTACTTTAATATCAAGTTCTTGTG  
CAGTAACTTTCTTTTTATCTGTAGTAACGATAAATGTATTAACATTTACATTATCCTTATAC  
ACAGCTACTCCTATATTTTTAGGCTCGCTTAATTTATTATTTTCATGAGGTGTTACCCACC  
ATATGTACAGGCAGTATCCACTTGATGCTCACCATGACAATGTGCTTTATAGTAAACACC  
ATAAATATCAACAGTCTTTCCTAGAAATTCCTTAGAAATCGCTGATGAGCTAAATCCACT  
TTTAAATCTTTAAATTCAGCAGATATCCATCTAACCAATTAATACTTTTAAATAATAAAT  
CGAAGTCTAAGAATTTTTCTGTAGTTGATACAATTGATTTTACTGTCGTAAATCGATTATT  
TATATAATCATCATTAAATATTATGTAAAGCAATAGGGTCTACACTTGACTTCTTACACAAA  
CTCTCTATTTTAGGATCTTCTTCATTTGCATATGCATTGTTTACACTACATATTGCAATTA  
ATTTAAAATTAATAATAACATTTAACAT
```

> tx_tRNAser3

Function: rho independent terminator

Best match: tx_tRNAser3_1_CC010_H19-ST10_ACSS01000051.1[11343:11405:r]RC

Position: 045-contig_58: 13516 ... 13546; Length: 30 bp

Sequence:

```
AAAACCTTAAAATAGCGCTTAAAATGGG
```

> tRNAser3

Function: tRNA serine

Best match: tRNAser3-Mu50_CC005_N315_BA000018.3[1881844:1881935:r]RC (completely identical)

Position: 045-contig_58: 13566 ... 13658; Length: 92 bp

Sequence:

```
TAACGGAGAGTGAGGGATTCGAACCCTCGAGACGCTTGTGGCGCCTACACACTTCCAGG  
CGTGCTCCTTCGGCCAACTCGGACAACCTCTCC
```

> tRNAhis

Function: tRNA histidine

Best match: tRNAhis_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924191:1924266:r]RC

Position: 046-contig_53_RC: 44 ... 74; Length: 30 bp

Sequence:

```
CCGATGTGTTAACCACTTCACCACAACCGC
```

> tRNAphe

Function: tRNA phenylalanin

Best match: tRNAphe_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924277:1924352:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 84 ... 160; Length: 76 bp

Sequence:

```
GAATGGTTCAGGACAGAGTCGAACTGCCGACACATGGAGCTTCAATCCATTGCTCTACCA  
ACTGAGCTACTGAACC
```

> tRNAasp

Function: tRNA asparagine

Best match: tRNAasp_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924369:1924444:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 176 ... 252; Length: 76 bp

Sequence:

TGGCGGTCTCGACGGGAATCGAACCCGCGATCTCCTGCGTGACAGGCAGGCGTGTTAACC
GCTACACTACGAGACC

> **tRNAmet_ini**

Function: tRNA methionine initiator

Best match: tRNAmet_ini_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924466:1924539:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 273 ... 347; Length: 74 bp

Sequence:

TTGCGGGAGGCGGATTTGAACCACCGACCTTCGGGTTATGAGCCCGACGAGCTACCGAAC
TGCTCCATCCCGCG

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924855:1924893:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 662 ... 701; Length: 39 bp

Sequence:

AGAAATTATAAAAGCTTGTTACACCGCATATTCTTTCAG

> **A6QI12**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A6QI12_CC001-ST772_118_AJGE01000032.1[31477:32031]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 818 ... 1373; Length: 555 bp

Sequence:

CTATCGTGTTCATGTAATCTTGCATCCGATCTTGCAACGCTGTAAATGTTTCGAAGCCATCC
TCTTCTAAGAAGTGCCCTCCATCTTCCACGATTCGCAAGTCCCCTCTAATGCATTCATTA
AACGCTGGGTTTCTTTATAAGAAACGTATTTGTCAATTTTTAGAACTCAATCCGTAAAAAATT
GTCAACTTTCTTTTTAATATTATCGTAATCAATGGTTACACTTAAATCAATATCTAAA
TCTATATTTTCTGCATCTTCTTTAAAGCCCGCTATACTAAAAAAGCCTTCAATCGGCTGAT
CAATCATTTCAATATATTTTTAAAGCTGTGATTGAACCTAAACCATGTGTTACAAAATATGT
ATCCTTTTTGCGTACATTAATTTGTTTCGTCATAGCTTCAATCCACTGATCCACTGTCTTCG
CTTCAGGGGATTCAAATTAATAATGTTACGTCATATCCTTCTAAAGTTAAGTTATGCTC
CAACCACTGATACCAATGATTTCTACTATTTCCATGCATAGAATGTACAATAATTACATCT
GTCAT

> **hemY**

Function: protein coding sequence; protoporphyrinogen oxidase (core genome, variable)

Best match: hemY_CC001-ST772_118_AJGE01000032.1[29756:31156]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 1693 ... 3094; Length: 1401 bp

Sequence:

TTACAACCTCTGCGATTACTTCTTCAGCAGCAACTTTACCTTGCCTAATACAATCAGGTAGT
CCAACCGCTTCAAAGATGCACCAGTTACTCTAAGTCGTGGATATGTTTGTAAATATGTG
CTTGAATCTGTCTAATTTGTTGAATATGACCGACATGGTACTGTGGCATACTTTTCGGCAA
ACGATTGACAATTGTAAATTCAGGATCACCTTTAAATGTCATCATTTGACTTAAATCTCTA
CGTACAATCGATACTAATTCATTATCTGTATGATCATCAACCACAGTATCACCTGGTTTAC
CTACATACGCACGAATCAAACCTTACCTTCTGGTGTAGTAAATGGCCATTTTTTCGATGT
CCAAGTACATGCGGTAATGTCTGTATCACTTGTCTCGCAATCACGAAGCCAGTACCATC
ATAAGTATTTCAATGTCTTTTTTCATCAAATGCCAATACAACAGTTGCAACAGTCGTA
TCCATCGTTTTAAAGTAATCAAATGCTGGATCTTGCCCGAACCAATTCAAAGACTTGA
TGTGGTGTGTCATAATATCCATCGAATACATCTTCTTGTGATTACTGTAGACAATTTT
ATATTGCTTTTGTAGATGTAATAATATCATCCACTGACGTATTGTAGCGTATTGTACACCT
TTATTTTTAACATCTTGTCTAATGCTTCAATAAATGAGCTTAAACCATGCTTAAATTTGTT
GAATTGTCCTTTTGGTGCGCCAGGATATAATTGCTTTTGTTCAGACGCTTATTTTTCTCAT
CCTTCATACCTTTTATCAGACTTCCGAATGCCTCTTCTTTTCTTTAAATTAGGAAACGTA

CTCATCAAACCTTAATTTATCAATATCGGTACCATAAATACCACCCATTAAGGCTCTATTA
AATTCTCAAGTACCTCATTACCTAATCTTGCTCTGAAAAATGCACCAACAGAAATGTCAC
CATTCTGCATTTGAGTAGGTTTTTTAATAAATCAAACCCTGCTCTTAACTTTCCAAATGG
TGAAATTAATTTAGTTGTCACAAACGGTTTGATATCTGTGCGGAATTCCCATAATTGATCCA
CCTGGAATAGGATACAATTTGTTTTTCGCAAAAATATAAGATTGTCCAGTCGTATTTGTAA
AAATATCTTGTCTAATCCAATATCTTTGCTAATTCTGTGCATGATTGTTTTTCTACCTAAA
TAAGATTCAAGGCCCTAGTTCAATCATATAACCATCTTACGATACGATTGAATCTTTCCCC
CCGGACGATTTCGATGCTTCAAAGATTGTTATGTCAATATTAGGATCCTGCTGTTTTAAAAA
ATATGCACTTGATAAACCTGTGATCCCCGCTCCTATTATAGCCACTGATTTAGTCAC

> **hemH**

Function: protein coding sequence; ferrochelatase (core genome, constant)

Best match: hemH_CC001-ST772_118_AJGE01000032.1[28809:29732]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 3117 ... 4041; Length: 924 bp

Sequence:

TTAAAATATGGACTTTATTTTCATCAACAATTGCACCGATAAATAATGGATGTGTATTCCGGC
ATTTCCGGTCGATAAATAATTCGCACCAATATCATCGCAAACAACCTTACATTCATAATCAT
TGTCATAAAGCACCTCTAAATGCTCACATACAAACCTACTGGTGTATATATAAAGTTTTT
ATACTGATGTTTTTCATATAAATCACGTGTTAAATCTTGTACATCTGGCCCTAACCAAGGT
GTACCTGTATTACCTTCAGATTGCCAACCAATCGCGATATGTTCAATATTAGATTGTTCTT
TAATTAAGAAGTGCAGTATGTTCTAGTTCTTGTGGATATGGATCATTATTCTTTTCGATTAA
ACCTTTTGCAAACCTATGTGCCGAAACAATAACCGTGTCTTTATGTTCTCTTCCGGT
ATTTGAGCTAATGTTTCGTTGACTTTATTCGTCCAATATTCAATAAATTTAGGTTGTTTCATA
ATAATGTTTCACATGTGTAAGTTGAATACCATATTTTGCAGCTTCTTCATCAGCACGTTTG
TCATATGATCCTACTGAAAATGAAGAATAATGTGGTGCTAGTACTACAGTAATTGCTTCA
GTAATGCCATCATTGTGCATTTGTTCAACCGCATCTTCGATAAATGGTGAAATGTGTTTTA
ATCCTAAGTATAGTTTAAATTC AACATCTGCATATGCTTTATTTAATGCTGAAACTAGCGC
ATCAGCTTGGTCATCTGTTGTACCTGCTAATGGTGATAAACCCACTATAAATTCATATCTA
TCTTTCAAATCTTGAAGTTCTTCTTCAGATGGACGTTTACCATGTCTAATATCTGTATAAT
ATGGCTCTATGTCACTTTCTTTATAAGGTGTGCCATAAGCCATAACTAATAATCCCATTTT
TTTAGTCAT

> **hemE**

Function: protein coding sequence; uroporphyrinogen decarboxylase (core genome, constant)

Best match: hemE_CC001-ST772_118_AJGE01000032.1[27714:28751]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 4098 ... 5136; Length: 1038 bp

Sequence:

TTATCTTTGTGTATATGTGTGTACGAATTCGCTTACTTTACGTAACGTCTCTGGTTGCACTT
CTGGGAAAACACCGTGTCTAAATTAAGATGTGTTTACCGTTCTCCATACCTTGATCTAA
TATTGGTTTCAATCTCTCTTCAATGACATTCCATGGTGCTAATAAAAATTGATGGATCTAAA
TTCCCTTGTAATGTTTTAGTAACGCCTAATTGTTGAGCCTGATTAATAGACGTTCTCCAAT
CTAGGCCTAATACATCAATCGGTAAATCATTCCATTGATTAAATGACTGGCACCTAC
ACCGAATAAAAATTACCGGCACATCATGTTTTTCTTTAACCTCACTGATTAATCGAATCATA
TGTGGTTTAAATGTAACGTCTGTAATCCTCGACATTTAATGCACCTACCCATGAATCGAAAA
TTTGAATCAATTCGGCGCCTGCTTCGACTTGAGCTGTTACATATTTAACAGATACATCAAC
TAAATGATTCATTAAAGCAAACCATGTTGCTTCATCTCTATACATCATCGCTTTTGTA
TTGTAATTTTTCGATGGTCCGCTTCAATCATATATGACGCTAATGTAATGGTGCCCCAG
TAAATCCTATTAGCGGCACATTTAACTTTTCTTCTGTTAAAAGTTTAAATTGTATCTAATAC
ATATGGTACATCTCGTTCCGGGTCTATTTGAGAAAGTTTCTCAACATCTTGAATTGTTTTG
ATTGGATTATGAATCACTGGACCAATACCCGATTTAATTTCTACATCGACACCAATTGGCT
TTAATGGTGTACATAAATATCTTTGTATAAAAATTGCTGCATCTGTATGATAATTATCAACTGG
TAAATGTGTTACATAAGCGCACAACTCCGGCTGATGTGTAATATCGAATAGTGAATATTT
TTCTTTCAATTTTCGATATTCTGGTTGCGAACGGCCAGCTTGTGCGATAAACCAACAGGT
GTATGTGATGTTTCTTCACCTTTGATCATTTTTAAAATTGTATTGTTTTTATTATGCACCTT

> **traP**

Function: protein coding sequence; signal transduction protein (core genome, variable)

Best match: traP_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1870108:1870611] (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 5398 ... 5902; Length: 504 bp

Sequence:

```
ATGAAGAACTATATACATCTTATGGCACTTATGGATTTTACATCAGATAAAAATCAAT
AACCCGACCCATCAACTATTCCAATTTTCAGCATCAGATACTTCAGTTATTTTTGAAGAAA
CTGATGGTGAGACTGTTTTAAAATCACCTTCAATATATGAAGTTATTAAGAAATTGGTG
AATTCAGTGAACATCATTCTATTGTGCAATCTTCATTCCATCAACAGAAGATCATGCATA
TCAACTTGAAAAGAACTGATTAGTGTAGACGATAATTTTCAGAACTTTGGTGGCTTTAA
AAGCTATCGTTTGTAAAGACCTGCTAAAGGTACAACATACAAATTTATTTTCGGATTTGCT
GATCGACATGCATACGAAGACTTTAAGCAATCTGATGCCTTTAATGACCATTTTCAAAA
GACGCATTAAGTCATTACTTTGGTTCAAGCGGACAACATTCAAGTTATTTGAAAGATAT
CTATACCAATAAAAAGAATAG
```

> **hit**

Function: protein coding sequence; histidine triad cell-cycle regulator (core genome, constant)

Best match: hit_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1932307:1932729] (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 8115 ... 8538; Length: 423 bp

Sequence:

```
ATGTCAGAAACAATTTTCGGCAAATTTTAACTGGAGAAATTCCTAGCTTTAAAGTATAT
GAAGACGATTATGTCTATGCCTTTTTAGATATATCACAAGTTACTAAAGGACATACGTTAT
TAATTCCTAAAAAAGCTTCTGCTAATATCTTTGAAACTGATGAAGAAACAATGAAACATA
TCGGTGCAGCATTACCTAAAGTAGCAAATGCTATTAAGCGTGCATTTAATCCTGATGGTTT
AAACATTATTCAAATAATGGTGAGTTTGCAGATCAATCTGTATTTTCATATTCATTTCCAC
TTAATTCCTCGATATGAAAATGATATTGATGGATTTGGTTATAAGTGGGAAACACATGAA
GACATTTTAGATAACGATGCAAACAACAATGCTGAACAAATTCAAGCACAAATTTTAA
```

> **gvpP**

Function: protein coding sequence; gas vesicle protein-like protein (core genome, constant)

Best match: gvpP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1932871:1933236] (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 8679 ... 9045; Length: 366 bp

Sequence:

```
ATGAAAGCATCACGCATTCTATTCGGTATCGGTGTTGGCGTAGCAGCTGGTTTTGTAGTTG
CACTTCAAGGACGAGACGACAAAAGTGTCAAGAACAACACGATCGATCGTACTGCCCT
ACTGGTTCAAATCAGAACTACAACGTGAATTTGAAACGATTAAACAAAGTTTTAATGAC
ATTTTAAACTATGGTGTTCAAATTA AAAACGAAAGTGCGGAATTTGGTAGTTCAATTGGT
GGTGA AATTAAGTCATTACTTGGAACTTCAAATCTGACATTAATCCTAATATTGAACGTT
TACAGTCACACATCGAAAATTTACAAAATCGTGGCGAGGATATTGGAAACGAAATTTCTA
AGTAG
```

> **prsA2**

Function: protein coding sequence; peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (core genome, constant)

Best match: prsA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1934731:1935693]

Position: 046-contig_53_RC: 10539 ... 11502; Length: 963 bp

Sequence:

```
ATGAAGATGATAAACAAATTAATCGTTCGGTAAACAGCTAGTGCTTTATTATTAGGCGCT
TGTGGCGCTAGTGCCACAGACTCTAAAGAAAATACATTAATTTCTTCTAAAGCTGGAGAC
GTAACAGTTGCAGATACAATGAAAAAATCGGTAAAGATCAAATTGCAAATGCATCATT
ACTGAAATGTTAAATAAAATTTTAGCTGATAAATATAAAAATAAAGTTAATGATAAGAAG
ATTGACGAACAAATTGAAAAAATGCAAAAAGCAATACGGCGGTAAAGATAAATTTGAAAA
GGCCCTTCAACAGCAAGGTTTAAACAGCCGATAAATATAAAGAAAATTTACGTACTGCTGC
TTATCATAAAGAATTACTATCAGATAAAATTA AAAATCTCTGATTCTGAAATTAAGAAGA
CAGCAAGAAAGCTTCACATATTTTAATTAAGTTAAATCTAAGAAAAGCGACAAAGAAG
GCTTAGATGATAAAGAAGCGAAACA AAAAGCTGAAGAAATTCAAAAAGAAGTTTCAAAA
```

GATCCAAGTAAATTTGGTGAATCGCTAAAAAGAATCAATGGATACTGGTTCAGCTAAA
AAAGATGGCGAATTAGGTTATGTTCTTAAAGGACAACTGATAAAGATTTTGAAAAAGC
ACTATTTAAGCTTAAAGATGGTGAAGTATCAGAGGTTGTTAAATCAAGCTTTGGATATCA
TATTATTAAGCTGATAAACCAACAGACTTTAACAGTGAAAAACAAAGCCTGAAAGAAA
AATTAGTCGATCAGAAAGTACAAAAAATCCAAAATTATTAAGTGCATACAAAGAT
CTATTAAGAATAACGATGTTGACTTTAAAGATCGTGATTTAAATCAGTTGTGCAAGAT
AAAATCTTAAACCCTGAAAACTTAAACAAGGTGGCGCACAAGGCGGACAATCCGGCAT
GAGCCAATAA

> **cbf**

Function: protein coding sequence; replication enhancer (core genome, constant)

Best match: cbf_CC001-ST772_118_AJGE01000032.1[20286:21227]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 11622 ... 12564; Length: 942 bp

Sequence:

TTAATCGAGTGATTCAGGATTGTAGAATCTACGATTTTCAAGACCAAATATTTTATCTGTA
AACTGACCCTTGTGAGTTTTTTTATATGCCTTTTCAAACATATTCATTCTAGCATCGATATT
ATCGATATAGCATAAAATTTCTGCTTCTTTTAAAGTATGGCAGTTTGGCGAACCATACTCT
AACTTACCATGATGAGATAAAATCATATGTCCTTAAACAACATGATTTCTTCTCCTTCAATGT
TCAATTCACGAGCTGCTTCAACTACTTCATCACTCGCAATCGAGATGTGTCCTAATAAGTT
ACCTTCGACTGTATACGACGTCGCAACAGGACCACTCAATTCTCTAACTTTACCAATATCA
TGCAAAATAATACCACTATATAACAACTTTTGTTTAACAATGGATAAATGTCACAAATT
GATTTTGCAATACGTAACATCGTTAATACATGATAGCTTAAGCCACTCGCAAAGTTATGA
TGATGAGAACTAGCAGCTGGATATGTGTAATAATCGTTCTTGATATTTTTTCAATAAATGAC
GTGTGATACGTTGTAAATTAGCATTTCATATCTAGCAAATAATGAGAAATCTCTTCTTG
TATTTCTGCCGGTGATAAAGGTGCACCATCTACAAATTGTTCTGTTTTTAATTGATCTTCA
GTTGTGCTAGTCTAATTTGGTTGACTTTCATCTGTTTATTTCCGCGATAGTTTATGATGTC
ACCTTTAACATGTACAATTTCTTCAGGCTTGATTGTTGCCATATCATTTTTTGTAGCCGTC
AAAATTTGCTTCAATTTCACTTTTATCTTGCAAATGTAATGTCATATAATCTTTACCT
TGTGCTGTTACACCCTGTGTAGCTTTATGCACTAAGAAAAAGTGATCAACTGAATCTCCG
GGATTTAGATTCTCTATATTTCTCAT

> **Q5HET2**

Function: protein coding sequence; DNA double-strand break repair rad50 ATPase (core genome, constant)

Best match: Q5HET2_CC005_04-02981_CP001844.2[1927769:1930705:r]RC

Position: 046-contig_53_RC: 12560 ... 15497; Length: 2937 bp

Sequence:

TCATCGTTTCCCGCCTTCTCTATTTTTGTTAATGTAATCACTTCTTTTGATGGAACAATAT
TATCTTTTACACATGTAAAGTATAGTACTTGATAGTGTCTGATAATGATCGTAAATAATT
CAACATTTTTTTCAGTACGCTTTTTATCAAATGAACAAATGCATCATCAACAATTAATGGG
AACGGATAATATGGTCTTAGTACCTTAATTAAGTACGTAAGCTACATAAAGTAAT
TCTTTTGTAGATTGACTTAGTTCAACAGGATCATATAATTGACCATTAACATGTTAACCG
TAATTGAATCTTCATTATAGTTAATCATCGTATATCTGCCATCTGTAAATGCTTCAATATT
TCTACCGCTTCATTAATAACTTGAGGCAAACGTTTATCTTTAATTTGTTAATGTGTTTCATC
AACTAACTTTGTAAATAACTTAACTTGCCCAATCTTTTGCGATATCATTAAAGTTGATTT
TTAAGACTGTGATATTCATGTCTTAAATTAGCAAGCGTTGTATCAGTTTCCATGTGATTGA
TTTGTGCACTTAAATCACTGACTTGTGCTTGCATTTCAAGATATTGCTCATTATATTCGTCA
ACTTGAGTAGCCAATAAATGATCTTCTTCTTCAAGTTGTGTCAGTTGTTTTTCACTTAAAC
TAGAACTTAATTCATAAGAATAGTTTTGGTTCTCAAGATATTTAGTTAAATCATTAAAACG
ACTCAAATTAAGTATAAGTTTGGTAATCTTCATGATGTTGGTAAAAATCTTCTTCAGTA
CCAACATTGATAAAATCGAATAGTGCTGTAATTTCTTTATTATTTTCTTCAATTGAGCAT
TTAAATGATTTAATTCATTTGTAACAAGTTTGGTATTTTCAGCATTAAATACGCCATTTTTCA
TTCGTGTCTTCAGCTGATTTCAACCATTGTTGCACATCGTGGAATAAAGATAATTTGTTGA
AATAAACAAATTGTGATTTTGTAAACAGCTTCAGCATGATTGTAGAATGTATCTAATCTTG
AACCAATTGCTGGCGTTGTTGATTTAATCACTGATATGTTGATCTAATGCTTTAATATTC

GCCATTGTAGAAATACTATCAACAATTAATCATTGAAATTTTAGATGATAAGTATAAT
TCATCCTTAACGTTTTCAACTGTCGATTGTAATTCATCATGACGCCCTTTCGCATCATTTAA
ACGACCTTCAATATACTGACGTTTCTCTTCTAAAATATCTTTATTTTTCAATGCCTGTTGCC
AGTGATCACGAATGCGATATTGCTCATCAAGATCAAAATCTAAGTCATAGTTTTTCATCTA
AAATGGCTAGTTGTGCTTTAATTTCTTCGATTTTCATCTGTGATGGCCTCGCTATAATCTACT
TCTTTTGATTTAGACATGATGATACCGATAACAAATACTAAAGTTAATACTGCGAAAATA
ATACCAAACAGCATGTTGTTTGAATAAATGAGAAGGCAGTTAAACCAATACCTACTAAT
GTTAAAAGAATAAACGTTGTTTCGTAACAATTTTTGACGTTTTTGTCTTGTGCTCAAT
TTCGAAACGTTCTTTCAATTTGCTATAACAAGTTCTCTTTTTCGTTTAATTCAATGACTTGTT
GTGAGTATTCTTTTTCTTTTCAAAGTCTCTTCAGGAAGTATTTTTCTTCAACAGAATCT
AGTTCGCTATGAACCGCATTATCTTCGATTTTATTTTCTTCTAAACTACGTTCTAATTGTTT
AATGTATGCAGCTTGTCTTGTGTTATTCTTGATTTGCTCACTGACATAACTTTTCATTGCCT
CTGAACATCTACGTCATGATGCGTTTCAGACCAACCAATATTTGCTTGCAATTCATCTTT
ATCACGTTGTTTATTCGCAATATCCTTTTCGATTGCAGTAAGTTCAAATTTCTTATTTTTAA
TTTCATTTTCTTGTGATTCAAATAAAGGGCGTCAATATCAGATTGCTTAACTGGCTC
TAATTGAGTCGCTTCTTCTTAAAGTTGAGCTAAACGCTCATTTCTTAAACCAATATCTCTTT
CTAACGATTGCTTATGCGCTCGTGCTTTTTTCGTAACGATCCACACCTTTTTCTGGGAATGT
GATTGGCTCAATATTTAACTGTTGTTCTAGAGACTTCCATTCTTGTGAATGATCATGTA
AA
GCAACCTCTTTTTGTTTTTCTTCATGCATTTTTGATAATTGATTTAAATTATGCTTTAAATT
CTCTAATCGACGTGATGATTTATCACGATCATCTACTAAGCGATGATATGTTTCTAGTTTA
GCTTCTTCTTCACGAATTTGACTTTCTAGTTGTTTTAATTGCTCAATTTGTTGATTAATGAT
CGGATTTTTACCTGATTTTTTATATAATTCATCTTTTTTACGATTAATCACTTCGCGCATTG
ACGTGAATTCAGTTGATCCTAAAGCCCCTGCTTGAATAAATAATCTTGCAATTTGTTTTTC
ATTTAGATTTCTATGAATGTCTTGAAGCCCTAGTACATCAAATGAAAAGATACCTTGATAT
GCTTTTTTAGAAATATAATTAAGTTTCTTTTGTAAACCAAGCATCATCACGCACAGCACCAT
TAGGTAAATATACTTTCACATCACCTTGAGCACTGCCTTTAATTCGTTCAACTTCAATCTC
TAAGCCATCATCAAGAATAAGTACTAATTTACCACCGTATTGGTTACCTAGACGTGGTTCT
AGTCTTGGCTCTTTAGACTTTTTAGTTGGAAAACCAATAATATCGAATGGATGAATGCTT
GAATCGTCGATTTACCCGCTTCATTTTACCACAAAATTTCAAGTGAAGTTTTTATTAATTC
AATTTTACGTTGAACAAATTGACCGTAACCATAAATTTCAAGTGATTTAATTATCAT

> Q5HET1

Function: protein coding sequence; DNA repair exonuclease (core genome, constant)

Best match: Q5HET1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1939678:1940874:r]RC

Position: 046-contig_53_RC: 15486 ... 16683; Length: 1197 bp

Sequence:

TTAATTATCATTTTGTTCACCTCTCATTTTCAGCTTTTAATATTTCTTCAGCACGATTA
ACTA
ATGCTGTATGGTCGAATGTTCCATAATCGTCTAGGAAGTTCGATGCCCTTGGATTTAAATA
TAAATCTGACATCGCTTTATCAAAAACAGTTTGATCGACTAATAATTCCGCTGAAAATTC
ATTAACTAAAGGTGACTCATCATTTTGTGCATATTGTATTTTTAACTCATCAATATATACA
AATTGATTTTCGTTTTCTTCATAATCTGTAATCATTTCTTCAACTTGTAATAAATCTTGAGG
TGAAATTAATGTCTCACTATTAATAACAAGCGTTAAACGATAAAAGGCTTTTCTTCTTCT
CTCACTTGTCTTTAAAGTTTTGAATGACCTCGTATAAACCTTGCTTAGATGTCTTATCCGT
TTCAATAGTTGCTTCTTCAAATCTAATATACTGTGTAGGATAAAATTTAGTCTTTAATTTT
AAGTGGTCACCCTCGATTAATAAGCAACCTTTTTCACCTTGCTCATTAAATGTCTACCTT
GAATATTACCTGAATAGTTAATTACAGGCATATCACTTAATTGTTGACGTTTCATGTATATG
ACCTAAAGCCCAATAATGATACAATTTACTGTTTAAATCTTCTAAAATGAACTCGGTATAT
CTTTCGTTAACTGAAGATTTACTATACGTACCATGCAAGACACCAATATGTATGCCTTTTT
GGCCTTGACTTGATGGATATTCATCAATCTTGTCTCATAACTTGCTCTATTTTCATAACTA
AATCCGTGAATATAAATTGTTTACCAGATTTAGTAATTGCTTCATACGTCTCAACTTTAT
TTGAAAATACAGAAACATTATCTGGCCAGTTTGTGAAATCTTTGATGATAATGGGTCGT
GATTACCATGACAAACATAAACAAGATTTGTTCAATTTGTAAACGTTCAAATTGCTGTTT
TAAGAAAATTTACGACAGTAATGTTCTGTTTTCACTATCAAATAAATCACCCGCGATAATT
ACAAAATCAACATCTTGTGTAATGCAATATCTACAATATTTTTAAAACCTTTCATAAGCAC
TTTTTTGAACATCCTCAAAAATTTTAGGGCTTATATGACTCTTAGATTTGAAAGGACTATC
TAAATGTAAATCCGAACAATGAATAAATTTAACCAT

> **tx_SACOL1902_1**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_SACOL1902_1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1941460:1941522:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 17268 ... 17331; Length: 63 bp

Sequence:

TTCAAAATGCAAAAAGGAAGTTAGGACACGTTTACTAGCCTAACTTCCGTTATCAAGCTC
ATC

> **tx_SACOL1902_2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_SACOL1902_2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1941668:1941728:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 17632 ... 17693; Length: 61 bp

Sequence:

TCAAAACTAAAAAACTACCCACAAAGTCTCGGACTCTGTCCGCGCAGTCTATTCCTCTATTT

> **xdrA**

Function: protein coding sequence; DNA binding helix-turn-helix protein (core genome, constant)

Best match: xdrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1943472:1943936:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 19436 ... 19901; Length: 465 bp

Sequence:

CTAGATATGTACTAATTCTTCTTTAGCATTCTGTAAAGTATGTTTCAGCTTCTCTCATTT
TAGAAGTACCGAAAATTGGTTGGTTATCTGGATTAAATACACGATAAATATTGCTTACTTT
GTTACTTTGTAAAATGTACCCATTACGAGTCTCAATGTTATTCCAATAAATATCACTTGTT
GGTGCATGGTTTGGATATGCACAGTGATTTCTTGAAATTGTTTGAACGATTTCTAATGGAT
CACAGCCAAATGTACTGTTAATACTTCAGAGTCTCTGAATAATGCACAAATTGAAATAC
AAGTTGTCCAGTTTGGTAATACTCTCTTTTTTCGATTTGTACTAAAGTCTTTTTAGAAAGT
CCAATTGTTTGCGCCATAGTATCTTGCGTATAACCAGCCTCTATACGAACCATTTTAAATT
TTGTTTGAATTAATCTGTAAAACCTCTGTCTATCCAT

> **yhcR**

Function: protein coding sequence; DNA-binding response regulator (core genome, constant)

Best match: yhcR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1944292:1944915:r]RC

Position: 046-contig_53_RC: 20256 ... 20880; Length: 624 bp

Sequence:

CTAAATCAACTTATTTTCCATTGCATAAATTGCTGCTTGTGTACGATCGCTAACTTGTAAT
TTACTAAATATATGACTGACATGTGTTTTAATTGTTTTTTCAGATACAAATAAAGTTTCTG
CAATCTCTTTATTTGTTTTACCTTTAACCATTTACGTAACACTTCAATTTCTCTTTGAC
AACTTATTCGTGTAGTGTGGTTTTTGGCTAACTGTTTTCGAATACATCTTGTGCCTTAGGAT
GTATCATTTTTTACCAGTTCATAACTCGTCTAATAGTTTCAATTAATTGCTGAGGCTCAAC
GTCTTTCATTTTCATAACCATCAGCACCTTTATTAATTGCTGAAATTACATGTTTCATCATCA
ACATAACTTGTTAATACCAAACCTTTAATATCCGGATAATGTGCCTTAATATATTCCGTAA
TTTCAATACCATTATGATGCCAGGCATCACTAAATCTAATAGCACAATATCAGGGTGCTCAT
GCTCTTTTAAATATTCTAAAAATGTTTCTCCATCTGCAAAGTCTTGTAACACTTCTATGTTT
TCAATCGTGGATAATAAAAATCGCAATCCTTGTGCGACAATATAATGGTCATCTACTAAT
ATTACTTTGTTTCAT

> **yhcS**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase (core genome, variable)

Best match: yhcS_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1885345:1886457:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 20901 ... 22014; Length: 1113 bp

Sequence:

CTATTTTATAGGAATTGTGAATTGTATTTGTGTACCCTTTGTTGGCTGAGAATGAAAGGTC
ACTTTACCTCTTAATAATTTAACTCTTTGTTTTATGTTATTAATACCGTGTGATGAAGCTAT
CTGAACATTATCGATCTCAAATCCTTGACCATAATCAATCACGTCAATATATAGTATATCG
TTCATTTGTTTTAATGTAAGATCCATTTTATTCGTATCAGCATGTTTCTAACATTATTAAT
ACACTCTTGTAATGCTCTGTATATGTTTTCTTCGATTTTCATTAGATAAAATCGATTAAACCTT
CTACATTTACATTTAATTGTATATGCATTAATTTACTATATGCTGTCAAAGCATGAATTA
ACCTTGCTCAAGTCCAACCTGGCTTAAGTTGCCAAATCAATGCACGCATTTTCATTAACGGC
ATTTTGACTCGTTTCCTCAATCGTCTTGAATGCTTGTTTAGCGATGGATTTCGTTTGACATGC
CATACGCAGCATGTGCTGTTAGTTTTACAGAAAATAACATTTGATTTACTGAATCATGTAA
ATCTCTAGCTAAACGATTACGTTTCATTAATTTTTGCCGCTTCTTTTTACGGTCTGTAAAT
AAATACGTTTGATGGCTGACCCTAATTGAAATGCGACAGACTCTAGCAACTCTAAATCTT
CATCGCTATATATTTTCAGTATTTGGAGACGCTACATTTAAAATGCCGAATTGTTCTTGACC
CGATTTAAGTGGTACCGTTGCATGATGTGTAATATTGTCATTTTGGCTAGGAAATGCTTTA
GAGGCTAAGTTAATACGAGAACAATTGACGATATTCGACGCTTTCATTAGCCTACGTTGA
TTAAATGCTTTCACACACCAACAAGACCCATCTTTAATATAGTGACAGTGGTCTGCTGTCA
AAGATTGTGGTAGAGCCACATGTGATACAAGTTCATGTTACCTACGCTATTGATGAAAA
ATATCCAGCCTGTCGTGAAATTAAGTCCCTCAATTAATATTTTAAACGCACCTTGGGTCAT
GCTATACATTTTCAGTTTCTTCGTTTTAAAATTCGGCAATCTCTTTTAAATAAAGCTAGTCGC
GTCCTTTGTTCCAT

> **rluA2**

Function: protein coding sequence; RNA pseudouridylylase synthase (core genome, constant)

Best match: rluA2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1982040:1982861] (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 22176 ... 22998; Length: 822 bp

Sequence:

ATGAAATTTAAAATACCAGAAAACCTTTAATGACTTAAGTTTACGAGATATTTTCCAACAA
CTTAAGGTACCTAAAAAAGATTTACATCATTTAAATATGTCTAAAGATATTACTATTAATG
ATAAACCTGCGCGATTAATGGATAAAGTGCATACTGGCGACGATGTATTTGTTCCAACCA
TCGATGAAAAAAGTAATTATGTTCCAAGTTATCGTTATGCACAAATTAATACGAAGACG
ATGATATGGCAATCGTAATGAAACCTAAAGGTGTTAAGACTCACCTAATGATTTAAAAG
AAAGCAATACTTTAATGAATCATGTGATTTACACTATTGATAGTGACTATGTGCAACCAA
TTCATCGACTGGACCAGGAAACAGTAGGATTATTAATTGTTGCTAAAAATCCTTTAATGA
AAAAAATTCTTGATCGCATGTTAGAAGACAATGATATTACGCGGATATACAAAGCAAATG
TTAAGGCACTTTTACCTTTAAAACCACAAACGATTGATATGCCAATTGGTAAAGATAAAT
TCCATTTCGAATAAACGACGTGTGTCTCCTACTGGACAGCGTGCAATTACACACATTTTAA
CTTCAAAAATGATAAAGAAGCTGTGTGCCAACTTGAAATCAAGTTGGATACTGGACGTA
CTCATCAAATTCGTGTGCATTTAGCTGAAATTGGTCACCCTGTTATTGGTGATCCTTTATA
TGGTGATTCAACGTTAAGACAATTAGAACTTGAAAGTTACAAAATAGAGTTTGTGCATCC
CTTGACTAAGGAAGTCATTTCCGTTTCTTTGGATGACTAA

> **fumC**

Function: protein coding sequence; fumarate hydratase class II (core genome, variable)

Best match: fumC_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1887904:1889289:r]RC

Position: 046-contig_53_RC: 23456 ... 24842; Length: 1386 bp

Sequence:

TTAATGAGGATCTACCATATCTTCTGGTTTAAATCCATGCTTCAAATTGTTCTTCTGTAACAT
ATCCAGTTTGAATTGCAGATTCTTTTAAAGTTAAACCTTCTTTATGGGCTTTCTTAGCAATT
TGAGCTGCTTTTTTCATAACCAATATGTGGATTTAATGCAGTAACTAACATTAATGATTGAT
TTAAATAATTATCAATATTCTCTTCGATTGGTTCAATGCCCACTGCACAATTGTTATTTAA
TGTTTCCATACCATCAGCTAAAAGGTAAATTGATTGTAGTGTATTATGCATAATAACTGGT
TTATAAACATTCAATTCAAAGTTACCTTGTGAACTTGCGAAGCCAACAACCTGTATCATTAC
CCATTACTTGGACTGCAACCATTGTTAACATTTACATTGTGTAGGATTAACCTTTACCAGG
CATAATTGATGAACCTGGTTCAATTTTCAGGGATGGAAATTTCTGCCAAACCAGCTCGTGG
CCCTGAAGCCAACCATCTCACATCATTAGCAATTTTCATTAAGTCTCCTGCTAGCGCCTTC
AATGTTCCATGTAGTTGTACTACTTCATCATGTGCTGTTAATGCATGGAATTTATTTTCAG

AAGATACAAATGGATAACCCGTATTTTCTGAAATATAATGTGCCACTTTATCACCAAATT
CAGGATGCGCATTAAATACCAGTACCAACAGCCGTACCACCGATGGCAAGATTTAAAATGT
GCTTCTTAGATTACAGATAACATTATTTTCGCAACGGTCAAGCATATAACGCCAGCCACTAA
TCTCTTGTCTAGTTTGATCGGCGTTGCATCTTGTAATGTGTACGACCAATTTAATAAT
TGAATCAAATTTGTCTTCTTTTTCTTTCAAAGTATTTCTTAAAAGTTTTAATGCAGGTTCTA
ATTTTGTTCACCTCTTGATATAATGCAACGTGCATAGCAGTTGGGAATGTATCATTTCGA
ACTTTGTGATTTATTTACATCATCATTTGGGTGGATACTTTCATCAATTTGATGATCTTTTA
AATACATATTAGCAACATAACTTACTACTTCGTTTACATTCATATTACTTTGTGTACCGCT
TCCTGTTTGCCATAACAAGTAGTGGGAAGTGTTCATCTAATTCACCTGATAAAAATTTGATCA
CATGCGTATACAATGGCATCTTTCTTTGCCTCGCTTAATTTTCCTAAATCAAATTAGCTA
ATGCTGCTGCACGCTTTAGTTGTGCAAAACCATAAACTACTTCGATTGGCATAACGCTCTTT
ACCAACTGGGAAATTACGTTTACTTCTTTCTGTTTGAGCACCCCAATATTTATCTGCAGGT
ACTTCTATTTCTCCAAAAGTATCATGTTCAATTCTTACTGACAT

> **glnQ**

Function: protein coding sequence; glutamine transport ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: glnQ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1952764:1953492:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 29011 ... 29740; Length: 729 bp

Sequence:

TTATAATACTCTTGCTAAGAAATTTTGTGTTCTTTCATGTTGCGGTTGTTCAAATATTTTCGA
CTGGTGTGCCTGACTCTACGACAACGCCATCTGCCATAAATATGACTTTGTCACCTTACATC
TTTGGCAAATCCCATTTTCATGTGTCACAACCACCATGGTCATACCTTCTTTGGCTAGGTCT
TTCATTACTTTTAATACATCACCAACTACCTCAGGATCTAATGCTGAAGTTGGTTCATCGA
ATAAAATAACATCTGGATGCATTGCTAAAGCTCTTGCAATTGCTACCCTTTGCTTTTGACC
ACCTGATAATTGATTCGGATATACATCTGCTTTTTCTTTAATCCCACTTTATCTAATAACG
ACAATGCTTCCTTATGTAATTCATCGTTATTATCTTTCTTTAATAATTTAGGAGCTAAAAT
AATATTATCGACAACTTTTTATGTGGAAATAGGTTGAAGTTTTGAAATACCATAACCCATT
TTTTGACGTAGTTTATCTACTTGTGTCCCTTTTTCCGTTAAGTCATTGCCTTCAAAAATCAC
TTGACCTTTAGTGGGTACTTCTAATAAATTCATACATCTTAACAATGFACTTTTACCACTA
CCAGATGGACCTATTATTGCTACTACTTCCCCTTGATTGATTTCAAGATTGATATCTTTTA
AACTTCATTATCTCCAAAACCTTTATTAAGATTGTTTATTTTAATCACTGGCAT

> **Q1Y9N4**

Function: protein coding sequence; phosphotransferase system (PTS)/EIIIC domain protein (core genome, constant)

Best match: Q1Y9N4_CC001-ST772_118_AJGE01000032.1[502:1563]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 31442 ... 32504; Length: 1062 bp

Sequence:

TTATTGTTTTGGAACCTCAAATTTATAAATATCATTAGAATATATAGGAATGAATTTTTTA
CACAATTCATGAACAATAAATGCCGATACAAATGGTATGACAAAATAACCAAGTGATAA
TAAAATAATATTCATTGTTGGATCACCTGACATTCGGTTAAATGCATTTATTGGGCCAACT
AATCCTGTATATCCAAATCCAGCAGACAATGGTGTTCCTTTAACTGAAGAACGTAAGCA
ATGATTCCAGTAATTATTCCATTTATAGTCAATGGTATCGAAATAATTAATTTTTCAAGT
AACTGGGATCATCATTTTTGCTGCTCCTATGAGTAAACTGCATTTACACCAATAGAATT
GACACGCAATGAGCCAAATAAGAAAGTAACACAGGCAGCCACTATACCTAGGTTTGCTG
CTCCACTTCCTAGTCCGTTTTAACTAATCGCAGTTGCAATCGCTACTAACGATATTGGTGT
TACCATTAATAATGAAAATGCCACACTAATAAGTATAGACATTAACAACGGATTTAAGTC
TGTAAGAAGAAATGAATTACATTTCCAATTGCTTGAGTAATTTTTCGAATGTAAGGTAATGTG
ATTAGACCGATACCCCACTAACGATAGGTACTAAAACCTGGTAATATAATTAATTTCAAAA
GATCCAAGTTTGTTTGTAATAACCATATATATAAGACATGCAATAATAACAACCAAACTC
GTATTTATAATGTCACCTATACCTTTTTAACATAAACTATTATTGCTATATACAACAGCAC
CTGAACCAATCATAGCTGATGTACCTACTATAGCAGCACCTGCGCCATTAATTTAAATT
GATGAGCAGCTAAAACCCCAATAAATAAATGCCATAAATGATTGAATTAGTATCACTAACT
GATACGTTAATTCTAAAATTTCAATACCCTTTTAAATATTTTAAATACTTCACCTAATAA

AGCATTTCGGAACAAGTGCAATAACAACACCAGCACCAATAGAATTTAAAATCTTACTGA
AAAACGTGTTTATTATCAGCATTCTTTGCGTTACTCAT

> **tx_tRNAleu1**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_tRNAleu1_1_CC030_MRSA252_BX571856.1[2033795:2033847:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 32987 ... 33040; Length: 53 bp

Sequence:

AGAGAGAAATAAAAAGAAACCTTGTTTTACAAGGTTTCTAGTACGTTATGTTA

> **tRNAleu1**

Function: tRNA tRNA leucine

Best match: tRNAleu1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1956800:1956886:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 33056 ... 33143; Length: 87 bp

Sequence:

TTATACCGGTGGTCGGGGTCGAACCGACACTCCACAAGTGGAACGGGATTTGAGTCCCCG
CGCGTCTGCCAATTCCGCCACACCGGC

> **tRNAgly2**

Function: tRNA tRNA glycin

Best match: tRNAgly2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1956925:1956999:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 33181 ... 33256; Length: 75 bp

Sequence:

TGGAGCGGAAGATAGGATTTACACCTATACCTCGTTCCGGGAAGGAACGTGTTCTAAAAG
TTGAACTACTCCCCG

> **tRNAcys**

Function: tRNA tRNA cysteine

Best match: tRNAcys_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1957185:1957258:r]RC (completely identical)

Position: 046-contig_53_RC: 33441 ... 33515; Length: 74 bp

Sequence:

TGGAGGCGCAACCGGATTTGAACCGGTGATAAAGGTTTGCAGACCTCTGCCTTACCAC
TTGGCTATGCCGCC

> **tRNAtrp**

Function: tRNA tRNA tryptophan

Best match: tRNAtrp_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1957422:1957495:r]RC

Position: 047-contig_203: 50 ... 80; Length: 30 bp

Sequence:

ACCTCTATTCTACCGTTGAACTATGCCCT

> **tRNAtyr**

Function: tRNA tRNA tyrosine

Best match: tRNAtyr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1957508:1957591:r]RC (completely identical)

Position: 047-contig_203: 92 ... 176; Length: 84 bp

Sequence:

AAATGGAGGGGGGCAGATTCGAACTGCCGAACCCGAAGGAGCGGATTTACAGTCCGCCG
CGTTTAGCCACTTCGCTACCCCTCC

> **tRNA^{thr}**

Function: tRNA tRNA tryptophan

Best match: tRNA^{thr}_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1957597:1957672:r]RC (completely identical)

Position: 047-contig_203: 181 ... 257; Length: 76 bp

Sequence:

TGGTGCCGCGCCAGAGGACTTGAACCCCAACCTACTGATTACAAGTCAGTTGCTCTACCA
ATTGAGCTAGGCCGCGC

> **tRNA^{phe}**

Function: tRNA tRNA phenylalanin

Best match: tRNA^{phe}_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1957677:1957752:r]RC (completely identical)

Position: 047-contig_203: 261 ... 337; Length: 76 bp

Sequence:

AAATGGTTCAGGACAGAGTCGAACTGCCGACACATGGAGCTTCAATCCATTGCTCTACCA
ACTGAGCTACTGAACC

> **tRNA^{asp}**

Function: tRNA tRNA asparagine

Best match: tRNA^{asp}_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924369:1924444:r]RC (completely identical)

Position: 047-contig_203: 355 ... 431; Length: 76 bp

Sequence:

TGGCGGTCTCGACGGGAATCGAACCCGCGATCTCCTGCGTGACAGGCAGGCGTGTTAACC
GCTACACTACGAGACC

> **tRNA^{met}_ini**

Function: tRNA tRNA methionine initiator

Best match: tRNA^{met}_ini_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924466:1924539:r]RC (completely identical)

Position: 047-contig_203: 440 ... 514; Length: 74 bp

Sequence:

TTGCGGGAGGCGGATTTGAACCACCGACCTTCGGGTTATGAGCCCGACGAGCTACCGAAC
TGCTCCATCCCGCG

> **tRNA^{ser}1**

Function: tRNA tRNA serine

Best match: tRNA^{ser}1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1957944:1958036:r]RC

Position: 047-contig_203: 528 ... 558; Length: 30 bp

Sequence:

TGGCGGAGGAAGAGGGATTCGAACCCCGC

> **tRNA^{ile}**

Function: tRNA tRNA isoleucin

Best match: tRNA^{ile}_k2CAT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958257:1958333:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 14 ... 91; Length: 77 bp

Sequence:

ATATGGACCTTGCAGGACTCGAACCTGCGACCGAACGGTTATGAGCCGTTAGCTCTAACC
AACTGAGCTAAAGGTCC

> **tRNA^{met}_elo**

Function: tRNA tRNA methionine

Best match: tRNAmet_elo_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958359:1958435:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 116 ... 193; Length: 77 bp

Sequence:

TAGTGGCGGTGGAGGGGATCGAACCCCGACCTCACGGGTATGAACCGTACGCTCTAGCC
AGCTGAGCTACACCGCC

> **tRNAala**

Function: tRNA tRNA-Ala

Best match: tRNAala_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958457:1958532:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 214 ... 290; Length: 76 bp

Sequence:

TGGTGGAGACTAGCGGGATCGAACCGCTGACCTCCTGCGTGCAAAGCAGGCGCTCTCCCA
GCTGAGCTAAGCCCC

> **tRNApro**

Function: tRNA tRNA prolin

Best match: tRNApro_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958547:1958623:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 304 ... 381; Length: 77 bp

Sequence:

ATATCGGGAAGACAGGATTCGAACCTGCGACCCCTTGGTCCCAAACCAAGTGCTCTACCA
AGCTGAGCTACTTCCCG

> **tRNAarg**

Function: tRNA tRNA-Arg (core genome, constant)

Best match: tRNAarg_ICG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958630:1958706:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 387 ... 464; Length: 77 bp

Sequence:

TAACGCGCCCGATAGGAGTCGAACCCATAACCTCTTGATCCGTAGTCAAACGCTCTATCC
AATTGAGCTACGGGCGC

> **tRNAleu2**

Function: tRNA tRNA leucine

Best match: tRNAleu2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958725:1958813:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 482 ... 571; Length: 89 bp

Sequence:

TGGTGCCGAGGACCGGAATCGAACCGGTACGGTGATCACTCACCGCAGGATTTTAAGTCC
TGTGCGTCTGCCAGTTCGCCACCCCGGC

> **tRNAgly3**

Function: tRNA tRNA glycin

Best match: tRNAgly3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958824:1958898:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 581 ... 656; Length: 75 bp

Sequence:

TGGAGCAGAAGACGGGATTCGAACCCGCGACCCCAACCTTGGCAAGGTTGTATTCTACCG
CTGAACTACTTCTGC

> **tRNAleu3**

Function: tRNA tRNA leucine

Best match: tRNA_{leu3}_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1958899:1958983:r]RC (completely identical)

Position: 048-contig_124_RC: 656 ... 741; Length: 85 bp

Sequence:

ATATGCGGGTGAAGGGAGTCGAACCCCCACGCCGTAAGGCGCTAGATCCTAAGTCTAGT
GCGTCTGCCAATTCCGCCACACCCGC

> **tRNA_{lys}**

Function: tRNA tRNA lysine

Best match: tRNA_{lys}_CC001_MW2-USA400_BA000033.21958987:1959062:rRC

Position: 048-contig_124_RC: 744 ... 820; Length: 76 bp

Sequence:

TGGTGAGCCATAGAGGATTTGAACCTCTGACCCTCTGATTAAGTCAGATGCTCTACCA
ACTGAGCTAATGGCTC

> **tx_perR**

Function: rho independent terminator of perR

Best match: tx_perR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2002305:2002361:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 623 ... 680; Length: 57 bp

Sequence:

TAAGCATAAAAAAGAAGTTAAACAACCTTTCATGTCGTTAACTTCTTAAATATTACA

> **perR**

Function: protein coding sequence; repressor of peroxide operon

Best match: perR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1965203:1965649:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 737 ... 1184; Length: 447 bp

Sequence:

TTATTTATCTTGGCATTCTTTACAACTCCATAAATTTCCATTCGATGATGTGTTACGTCAA
AGTCAGTCATATGCTGAGCTAATCTTTC AATTTCAATTTA ACTGTGGATATTGAAAATCAAC
AATCTTACCACATTGTTACATATAATATGATAATGATTATGTGTATTAAGTCGAATCGA
CTTGATGAGTCTCCATATGTTAATTCTTTTACAATTCCAATATCTTTAAACACTCTTAAGTT
ATTATATATTGTCGCAACACTTATATTTGGAAAATCAGGTGAAAGTGCTTGATAAATTTCA
TCAGCTGTTGGATGAGTATGTGAAGAAATTAATAACGTAATATTGCTTGTCTTTGAGGT
GTAATTCTTACGCCTGCTTGTGCAATGATGCAATTGATTCTTCTAGTTCATGTTCAATTG
ATTCTATTTCAACACTCAT

> **bcp**

Function: protein coding sequence; bacterioferritin comigratory protein (core genome, constant)

Best match: bcp_CC001-ST772_118_AJGE0100047.1[2167:2622:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 2236 ... 2692; Length: 456 bp

Sequence:

TCACCCCAAATGTTTTTAAGTTCTTCTATTTGTGTTTTAACCTTAACCTTCTCGATAACAT
CTAATACTTTACCTTGTTTCATCTATTATAAAAAGTCGTTCTTACAATGCCATACTTCTTTG
CCAAATGATTTTTTCAACTGATATACGCCAGTTTCTTTAGCTAATTTAAAATCTTCATCTA
CTAATAAATCGAAATTCAATCCGTGTTTCTCAATAAAAATTTTGGTGTTTTTTCTTTGAATC
ACCGCTTATACCATATACTGCAACATCTAAATCATTGAACATTTCTAAATTGTCTCTAAAG
TCACAAGCTTCTGTGGTACAAGTAGGTGTATTATCTCTAGGATAAAAATATATAATCGCC
TTTTTACCTTTTAATGTATCATTGTGAATGACAGTCCGCTTGTGATTTTCTAATTTAAATAT
TGGAATTGTTCTCCTTTTTTGAACAT

> **hemL2**

Function: protein coding sequence; glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase/locus 2

Best match: hemL2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1967238:1968527]

Position: 049-contig_251_RC: 2772 ... 4062; Length: 1290 bp

Sequence:

```
ATGAATTTTAGTGAAAGTGAACGTTTACAACAACTTTCAAACGAATATATTCTAGGCGGT
GTCAATTCCCCTTCTCGTTCTTATAAAGCTGTAGGAGGCGGTGCACCTGTTGTTATGAAAG
AAGGACACGGTGCATATTTATATGATGTTCGATGGCAATAAATTTATTGATTACCTTCAAG
CATACGGTCCAATTATTACGGGGCATGCACATCCTCATATTACTAAAGCAATTCAAGAAC
AAGCAGCCAAAGGTGTTTTATTTGGTACACCGACTGAACTAGAAATTGAATTCAGCAAAA
AATTACGTGATGCAATTCCATCTCTTGAGAAAATTCGCTTTGTAAATTCGGAACAGAAG
CAGTCATGACAACAATTCGTGTTGCACGTGCATATACTAAAAGAAATAAAATTATAAAAT
TTGCTGGATCTTATCATGGCCATTCTGATTTAGTATTGGTTGCAGCAGGTAGTGGCCCATC
TCAGCTCGGTTCTCCAGACTCAGCTGGTGTTCAGAAAGCGTCGCACGTGAAGTCATTAC
TGTACCTTTCAATGATATTAACGCATATAAAGAAGCAATTGAATTTTGGGGTGATGAAAT
TGCCGCAGTATTAATAGAACCAATTGTTGGTAACTTTGGAATGGTAATGCCTCAACCTGG
ATTTTTAGAAGAGGTTAATGAAATTCGCATAACAATGGGACACTAGTGATTTATGATGA
AGTAATTACTGCATTCCGTTTCCATTACGGTGCCGCTCAAGATTTATTAGGTGTTATCCCT
GATTTAACTGCATTTGGTAAAATGTTGGCGGTGGTTTACCAATTGGAGGCTATGGTGGA
CGTCAAGATATTATGGAACAAGTAGCACCTCTAGGACCTGCATATCAAGCTGGTACAATG
GCTGGTAAACCGTTATCTATGAAAGCAGGTATTGCATTACTCGAAGTACTAGAACAAGAC
GGTGTATGAAAAATTAGACAGCTTAGGCCAACAACCTAGAAGAAGGTTTACTTAAATTA
ATCGAAAAACATAATATCACAGCTACAATTAATCGTATTTATGGATCTTTAACATTGTACT
TTACAGATGAAAAAGTCACACATTATGATCAAGTTGAACATTCTGACGGCGAAGCGTTTCG
GTAAATTTTTCAAATTAATGTTAAATCAAGGTATCAATTTAGCACCTTCTAAGTTTGAAGC
TTGGTTCTTAACAACCTGAACATACAGAAGAAGATATTCAACAACCTTTAAAAGCTGCAGA
CTATGCTTTTAGTCAAATGAAATAA
```

> Q7A4T3

Function: protein coding sequence; putative ABC transporter ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: Q7A4T3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1970106:1971842:r]RC

Position: 049-contig_251_RC: 5639 ... 7376; Length: 1737 bp

Sequence:

```
TTATAAGTTTTGAATGCTATATAAATGCTCGTAAGCACCTTGTTTTGCAATCAATTCACGA
TGCGTACCTGTTTCAACAATATGTCCATTTTCAATTACGACAATTTTGTGACGATGTGTAA
TAGTGGACAAGCGATGCGCTACGATAAGTGTTCGTTTCGATCTTTACTCAACACATCTAATG
CTTCTTGAATAATGGATTCACCTTCTAAATCAAGTGCACCTTGTTGCTTCATCCAAGATAAG
AATTGGCGGATTATTTAAAAATATTCTAGCAATCGATAATCTTTGTTTTTGACCACCTGAT
AATTTAACACCTCGTTCACCTACTTCAGTGTATATCCCTGTGGCAAGTTCATAATAAAGT
CATGTGCATTAGCCATTTTCGCCGTTCAACTACTTCTTCATCTGTTGCTGTTGGACGACC
AAGTAAAATATTTTCCCTTAACTGTATCAGAGAATAAAAATATTATCCTGTTGCACCAATCCT
ATTTGATTTCTTAAACTTCCCGTTAAAAAATCTTTAATATTGTGACCATCTATTAAAATTT
GCCGAGAAGTTACATCGTAAAATCTCGGTATTAAGTTAATTAATGTTGATTTACCACCACC
ACTCATACCTACGAAAGCAACTGTTTCTCCTTTTTCAATACTCAAATTAATATCTTTTAAA
ATTGGATCTTCGTTATCGTTATATTGAAAACCTAACATGATCAATATCAATACGACCTTGTT
TAATTTCAATAGGTTGAGCACCAACACCATTTTTAATGTCATAATCTTCGTCAATTAATTG
GAATACACGGTCCATTGAAGCAAACTTTGCGTTAAAGTTGTAAATGATGCGACTAAACG
ACGTAAAGGCCCGAACAATAACTCTAAGTATCCAACAATGCTGCAAGTGTACCTACTGT
GATTGATCCAGAAATAGCAAGATATGCACCAACACCGATGACAATAATTGGTCCAATATC
TGTAACCTGTATTAATTGCGGCAAAGGAATAGGCATTCCATCTTGATGTTTCAACGCACGT
GTTAAGAAATTAGTATTCTTTTTATCAAAGTTTTTCGCTTCATTGTCTTCAATCGCAAACT
TTAACGACTGAAATACCTTGAACACGTTTCATGCAAGAATCCTTGAACCTCAGCTAATGC
TTGAGATCTTTCACGTGTCAATTTTCTTAATCTTCCAAAGAAAACGTACACCGTTAAAATG
TAAAATGGGAAGATAAACAGTGCTGCTAAAGTCAATTTACATCTAAAAAGAACATTATG
GATAGTGCAATAATAATTGTTATACAATCTAACCAATATTCAATTAACCCGGTTAAAATG
AAATCTTTTGTGTTTCAACATCATTAACTACTCTAGATATTACTTGACCTACTTGATTATT
AGCATAAAATCTCGCACTTAAAGCTTGTAATGGTTATATAACTTTTTACGTATATCATAC
AATATTTTATTACTTGTCCATTGCGCCAAATATTGACGTATAAATTCAAATGGTGGTCTCA
```

CTATTACAAAAATAAATAATGCGATACCAATGGCAATAGTTAAATGATGAACTTTTTTCAT
CAGTCGTTAATGCGTGGTTATTAATCACGCCATCTATTGCATATTTAATTA AAAAGTGGTAT
AAGCATTGGTATACCAA ACTTAATTATTCCAACAATAATCGTTGCAAAAATACGATATTT
GTATGGCTTAACAAATTGCAAATATCGTTTAATCAT

> **mutY**

Function: protein coding sequence; A/G-specific adenine glycosylase (core genome, variable)

Best match: mutY_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1972977:1974014:r]RC

Position: 049-contig_251_RC: 8511 ... 9549; Length: 1038 bp

Sequence:

TTACCCATTTATAAATTGATAAATCTTTGACATAGGTACAGGGAATGTATATTGGTCTCGA
TCACTTAAATTAACCAAATCATGTCATCTGGTAATGTTTCAATGTTAATTGCTCCTGAAA
CGGCGTATACTTTAATCTTCCATGTTAAATGAGTAAATTGATGCTTCAACTCAAAAATAG
GTGTTTCTACTGGTTGAATGTCATGACCGATTTTTTCAGTCATTTTACGTCTAGCATGCTCA
CTTTCAAACATAGGAAATTGCCACATACCATGCAATAATTTTTTCGCTACGCTTTTGCAACA
GATATTGACCTTGATTATTTCTAATTA AAAAAGACGGATTGCTCAATTACTTTTTACTTAC
ATTTTTAGATTTAACAGGTA ACTTTTTCAAATGTACCTTTATCAAATGCCTCACAGTTTTCTT
GAACTGGACAAAATAAGCATAATGGATTTTTTGGTGTACAAATTAACGCCCTAATTCCA
TCATAGCTTGATTAACGTTCCAGCTTCTGTAGTAACATACGGTAATAATTCTTGTTTCGTA
CGATTTCCCTCGTCGATTGTAATTTAATATCTCGATAGTCATCATTCAATCTAGACCATACT
CGAAAACATTTCCGTCTACAGTTGCTAGTGGTACATTATATGCAATGCTCATTACTGCAG
CTTGTGTGTATGGGCCAACACCTTTTAAACGCTTTAAATTGATCAGGATCTTTGGGAACTAA
GCCTTCATATTTATCATGAACTTCTTTAATCGCCGTATGAAAATTTTCGAGCTCTACTATAA
TATCCTAAGCCTTCCCAATACTTTAACACTTCATCTTCCGAAGCTTGACTCAAAACTTCCA
CAGTTGGAAATCGTTCAACAAAACGATGATAATAGTCAATAACTGTTTTAACTTGTGTCT
GTTGTAACATGACCTCACTTAACCAAATATAGTACGGATTGGTCGTTTGTGCGCCATGGCAT
TTCTCTTTGATTTTCATCAAACCAGTGTATCAAATTTTCTTTAAA ACTAGACTGCTGATAC
AT

> **recX**

Function: protein coding sequence; regulator of recombination (core genome, constant)

Best match: recX_CC007_USA300_TCH959_AASB02000001.1[13505:14323:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 13607 ... 14426; Length: 819 bp

Sequence:

TCACTCAATTTCTTCTGTTCATCGGCAATACCACTTTCTTCTAATTTAGCTTTAATTTTAT
CATATTTATATCCTTTTCTCATAAGGCCTTCGATAGTTTTTGAAATTAATTTCTGTTGCGTG
TACTTCTTTCGATTTTTATTATAAATTTTTCTAAATCTCGTTGTAATAAATCGTCTAAAAC
CGCTTCATCTTGTGTA AAATCCATTTCAATACAGCATGAATGGTTCCATTTCAAAC
CCTTTTTGAATTAAGATTGCATTACTTTTTCTTAACTTATTTTGTGGCCCTTTTTTTGTT
TTAGATATTTTTTCAGCAATTTGGATAATATCATCAAGTTCCTGTTGTTCTCTATAAAGTTC
TGTA AACATTTCAATGATATTTGGTTCTATACCAAGTTGATATAGTTTTTTGTTGATAAATT
TTAGGTCCTTATCTGTCGTGCGAATCATTGATTTTTTAACTTTCCGCATAATCTTGATG
GTCGATTA ACTTTTCGCGATAACAATATCAATCACTTCAGAAATCGCTTGCTCTGATATC
TCTTCTTTTTGTAAATATTGTATAACTTCTTTTTTCAGTTCTTTTTATATGATAAATATTGG
ATTGCTTTGTTTAAACCTATGCGATAATGATCATACTTTTGAATCTCTGCCATGTCAGCAG
CTTCAAGTTGTTGCCCTTTTTTAAATTA AATTTGACTAATGTATCGATATCTATACCCATT
TCAAATTTGTTCTGCTA AAAAAAGATTA AAACGTTCTTTGTTTTTCTTTTGA ACTTCTATTTT
AGTAATCTTCGGCAC

> **sgtB**

Function: protein coding sequence; monofunctional glycosyltransferase B (core genome, constant)

Best match: sgtB_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[14617:15426:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 14686 ... 15496; Length: 810 bp

Sequence:

TTAACGATTTAATTGTGACATAGCCTGTTGATATTGTGTTTCATTGATATAATTTTGTGCT
TCATTTTTTCTAAGTTCGTGCTTACACGTTGCGTAAAATTCTCTGACATATTATTGATATTA
TATACGCTAGGTGCATTGACTTTACTAGCTAAAATAGCGCTTTGTAAAAGTGTATGTGAG
ACATTGTTGACTATTTTTATTACGGTTGTTCCAAAGTAATGGTTTGCTGCGCCCTCAAG
CGTATATTGATTATCCCCAAAGTAAATATTATTTAAATAAAAAGCTTAAAATTCGTTCTTA
TTATATTGTTTTCAACTCGATGAGCTACAAATAATTTCTTTACTTTTCTAGTAAATGAAC
GATCATTATCATAAAAATAATTTTTGACAACTTGTGTGTAATGGTACTACCACCTTGAC
ATCTCTGTCGCTAATCGTTGAAAATAAAGCTCTAGTTGTACCTTCAAATCGAATCCATGA
TGATTGTAGAATCGTTCATCTTCCATTGAAATAAAGGCACCTTAAACATACTCTGGCATGT
TATCAGCTGACACAAAAGTACTTTTATTTCAATTTTTCTTAGTTCATCCACATTATCGCGT
GTAGATAAAAAATACATGATACCAATAACAATGCGATAATGATTAGAATGGTTAATAA
TATTTTTAATAGTATTCGTTTACTTTTTTCTTTTCGGCGGTTTGCCAAGTGGTTGATAAT
ACGTATTATAGTGAGGTTTCGTGTTTCATATGCTCAAAATGTTCAATTTGAGTTTGAGTACTT
ATCGCTTCTTTTCAT

> **pfpI**

Function: protein coding sequence; intracellular protease (core genome, variable)

Best match: pfpI_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[15767:16282:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 15836 ... 16352; Length: 516 bp

Sequence:

CTATTGTAATTGTTTAAACGATTTCTCGATTAATAATCATCTAAATCGTCTGGTACTCGACTT
GTTACAATATTGTTGTCTACAAGTACTGACTCATCAACTACATGTGCGCCTGCATTTGATA
AATCTTTGCGCACATTTAATACTGCTGTTAACGTACGACCTTTTAAATCGTCTGTATCTAT
TAGTATTTGTGGCCCATGACAAATGGCAAATGTTGGTACATCATTTTTAGTAAAGTATTTA
GCAAATGTGCCATATCGACCTTCTGTATCTCCACGTAAATGATCTGGTGAAAATCCTCCA
GGAATTAATAATGCATCATAATCTTCTGGTTAGCTTCTGCAATGCCTACATCGACAGTAA
CTTTTTACCGTGTTTACCAACAAGTCACTATTTGCAGTATCTCCAATCACTACAGTATT
AAAGCCTGCATTCTCTAATGCCTCTTTAGGGCTTGAATATTCTATATCTTCAAATTCGTTT
GCTAGAATAATTGCTACTTTTTTAGTCAT

> **Q5HEP8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HEP8_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1980946:1981107:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 16482 ... 16644; Length: 162 bp

Sequence:

TTACTTAGATACTAATTTAACCTTTTCTTCAAGCTGATCTAACAATCCAATCCATTCATCT
ATATCTTCAACACGTACTTCATCAGGATTTACATGATCGATATCCTCAATAAACTTATTTA
AACGCGCTTTTATCTGTTTCGATTGTTTGCTGTTCAATTCAT

> **attB_phiSa6**

Function: attachment site for int6-phi11 (mobile element)

Best match: attB_phiSa6_empty_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1981330:1981425]
(completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 16866 ... 16962; Length: 96 bp

Sequence:

GATGAATAGCGTCAAATTGAAGCAACCTGTTAGCATTTACAATGATCCATGGGAATCATA
TAACGATGTTAAAGAACATGGCCAATTAAGTAAAG

> **A5IU43**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A5IU43_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1981331:1982482] (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 16867 ... 18019; Length: 1152 bp

Sequence:

ATGAATAGCGTCAAATTGAAGCAACCTGTTAGCATTTACAATGATCCATGGGAATCATAT
AACGATGTTAAAGAACATGGCCAATTAACTTTAAAGTAACATCGAATTTACAACACTACAAAT
CTTTGTAATATGCGTTGTAGCCACTGTGCAGTTGGTTATACTTTACAAACTGTCGACCCCG
AGCCTTTAGATATGGACTTAATTTATCGTAGACTTGATGAAATTCCAAATCTGCGAACGA
TGCAATTACAGGTGGCGAACCAATGTTTTCTAAAAAGTCTATTAGAAATGTTGTTAAAC
CTCTATTAAGTATGCACATCATCGAGGTATATATACACAAATGAATTCAAACCTAACAT
TGCCTCAAGATCGTTATTTAGATATTGCTGAATATATCGATGTTATGCATATCTCACATAA
CTGGGGAACAACACTGATGAATTCGCAAATGTTGGCTTTGGCGCAATGAAGAAGCAACCAC
CGTAAAAGCTAAGTTAAAATTATATGAACAAATGATTTCGAATGCACGTACATTATCAG
ACAAGGAATGTTTGTATCTGCGGAAACAATGCTCAATCAAAGTACGCTACCACATTTAC
GAAAATACATCAAGAAGTCGTTTCATGATATGAAATGTAGCAGACACGAGATTCACCCT
ATGTATCCAGCTGACTTTGCAAGTCAATTAATGTGTTAACTCTAGCGGAAATGAAAAAG
ACAATTCATGATATATTGGATTTTCAGAGATGAAGATATTTGGATGTTATTTGGTACTTTGC
CTGTGTTTCCATGCTTAAAAGATGATGAAGATCAAAGTTACTATCACGTTTAAAGAACTG
CTAAAAATGTAACGACTAGAAATGACCCGGATGGCCGTAGTCGTTTAAATGTCAATGTAT
TTACAGGTAATGTAATCGTAACTGATTTCCGAGATGAAACAGGTACAATTTCGAATATAC
AAAAAGATAAATTAACAGATGTATTTGATAAATGGTTATCCTCTGATCTTGCTAAATCATT
AAATTGTCATTGTTCCGAGTTTAGTTGTTTAGGACCAAATGTTCTTGTTAAAAATATGTAC
TATCCGAATATGGATTTTAAAGATAATGAGCGTCATATGCACAAACAACCACAAATTATA
CAATTTTAA

> **A5IU44**

Function: protein coding sequence; acyl-CoA thioester hydrolase (core genome, constant)

Best match: A5IU44_CC005_N315_BA000018.3[1942162:1942692:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 18279 ... 18810; Length: 531 bp

Sequence:

TTAGTCTCTAATATGTTGCACTTGAGCTAAATATTCAATTGTTTGTACTTTCAATGCGAC
GTGCTTTTCTTCGTTCAACACGTTGTGGTGCTGTATCATAAAACCATTTTCAACATCATCT
TCTGGATATACACCAGGTACATGTTTAGGTTGCCTTCATCATCTAACGCAACAAATGTTA
AGTAACTTAATGCAGCTAAATCATGCTTGTTATTAATACATCGTCAATTCTAATTTGAAC
GACCACTTCCATTGAACTAGTCCCAGCGTATGAAACCATCGCTACGTATTGTAATATGTCC
CCTGTTTTAATCGGCTTTAAGAAATCTACTGAGTCTGTAGATGCGGTAACACTTTGCGCAC
CAGCATGTTTCATAGCTGTGATTGCTGCAATTTTCATCAATATTAGCCATCAATGTACCACC
AAACATTGTATGATGGTGATTCTGATCTTGAGGGAAAACCTTGTCTATTTTTATAACATTTT
GATTCTGACATAGATTTTCATTGGTCTGTCCTGATTTGTCAT

> **pepS**

Function: protein coding sequence; aminopeptidase (core genome, variable)

Best match: pepS_CC008_NCTC8325_CP000253.1[1968999:1970246:r]RC

Position: 049-contig_251_RC: 18899 ... 20147; Length: 1248 bp

Sequence:

TTAAAATGTTGATGCCCAATTTCCATTTTCAAATACTAGTTCTTTTGAACCATCTTCGAAT
ATGCCATAAATAGTCAAATCACTACTACCAATCATGAAATCGACATGTACATTTGAATCA
TTAATCCGCTTGCAATCTTTTCCTCAACAGTCATTTCCGTTCCACCTTGAATATTAAGG
CGTAAGCAGATCCAATCGCTAAATGACATGCTGCATTTTCATCAAATAAAGTATTGTA
AAATGGTATTACGATTTGATATCGGTGAATCATCAGGTACTAATGCTACTTCACCTAATCT
TCTTGAACCTTCATCAGTATTGATTAATCTTTCAATACCGTTTCACCTTTTTCAGCTGAAA
AATCAATAATCTCTCCATCTTTAAACATCAATTTAAATTGATCGATAATTGTGCCATTATA
ACTTAAAGGCAATTTATTAGTAACATATCCATCTACTCTATTTTCGATCTGGTGCTGTA
ACTTCTTCAGTTGGTATATTAGCAATAAAAGCTTGTTCCTTGCCGTTAACATAACTTGTAG
CATCTTCCCAGATATGATTTTTTCGCTAAACCTACCGTTAAATCAGTACCTTCAGATACATA
ATGCAACGCATGGTAATTTTTTTGTTGTAACCTTTTGAGCGTAAACACTTAAATTAGCGATG
TGTTGACGCCAATTTTCAACTGGATCGTTACCATCAATTCGCACAATATCGAATACCTCGT
CAATAAACTTAATATATGCTTCTTCTACAGATAGTTCAGGATACACTCTCTTCGCCCAAGC
TTTAGATGGAAAAGCAGCTACGACCCATGGAAATTGATTTTTTTGTACACTTTCCATATAT

CCTTTAAATGCGCGTGCGTTTTGTTGTTGAAATGCTTGTAAATTTTTGGCTATCGATAACCAT
CCATTAAATCAGGATCTTCACTAATAAGTGCTAAATTAGCAGCGCCACGTTTAAACGTAAT
CCATTCTCGCTTCAACATCATATGATTTTAACTCATGATTAGCAAAATGTTCCACAGATTC
ATTTTCAAATTTTAAAGCGTTTTAAGGTTGGATCGCTATATAACAACACGTACATCTGAAGCG
CCACAATGATATGCTTCTTCTACAATTAATGCGTTAATTCTAATGTTTCTACTGATGATC
TAATAAATACTGGCTGTTTTGGTTGAACATTCATACCAACCTTAACTAATAGTTCAGCGTA
TTGTTGTAACTTTTCTTTGTAATTAGTCAA

> **rbn**

Function: protein coding sequence; ribonuclease BN (core genome, variable)

Best match: rbn_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1985991:1987202]

Position: 049-contig_251_RC: 21529 ... 22747; Length: 1218 bp

Sequence:

ATGTCGAAAAGGATCACTCTTCTTCAAATACCTTAATTCTGTAAAGGAAGCGCAAGAG
GAGTCAAAAAGAAAAATAAAAGTAATCCCAAATTGATGTTGATCGTACATATATTGA
ACCTCAACAATTCCAATCTAAGAAACCTAAAAAAGATGATCAGGTTTTCTTCTTATCAAG
ATTAATAAACCTGCAAAATATAAGAAAGACTCTAATTTCTTATCATATCTCATCTATCGC
ATAGGAAAAGATGATGCCTCAGGACTAGCAGCACAAATGACTTACCATTTTCGTAATTGCT
ATGTTCCCTATGTTGCTTTTCTATTAACATTATTACCATTTTTCAATATTAAGCAGAGTCA
AATTAATAATGTTAAGCAATGCACCCGCTGAAACATCTACTCTAATTAAGAGTGTAAT
TGGTGATATAACTCAAACTCCAGTGGTGGCTTATTATCTATCGGTTTGATTTTAGCAATT
TGGTCAGCTTCAAATGGAATGACTGCAATTATGAATTTCTTCAATGTTGCTTACGATGTAG
AAGATAGCCGTAATGGAATCGTATTAAACTACTAAGTGTGTCTTCACTGTAGTTATGG
GCGTTGTGTTTGTAGTTGCTCTAGCATTACCAACGCTTGGTTCTGTAATTAGTCATTTCTA
TTCGGTCCACTTGGATTTGACGAACAAGTGAATGGATTTTAACTTATTAGAATTGTGT
TACCAATCATTATTATTTATCGTATTTATCGTGTTATATTTCGGTTGCACCTAACGTTAAA
ACGAAGCTTAAGTCAGTATTACCAGGTGCAGTATTTACTTCAATTATTTGGTTAGCTGGTT
CATTTGGTTTTGGTTGGTATATTTCAAATTTTGGTAACTATTCTAAAACATATGGCAGTAT
CGCGGGTATCATCATTTTGTACTATGGTTATATATCACAAGTTTTATTATAATTGTCGGT
GCTGAAATCAATGCAATCATTATCAGCGTAGTGTAATTAAGGTAAAACACCTGAAGAA
GCAGCATTAGAACATGATGACAATAATAAAAATCATTATAATGAGAACACTAGGTACGA
ATATGATGAGGATAATAATGCAACACATCAACGTACGTATCATGTTGATGAACATCCTAG
TGATACCTATCCAGAAGATGATAAAAATATAAAAGACAAAATCGTTGATAAGCTTAAAA
AAGACTAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 22853 ... 22862; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **vraR**

Function: protein coding sequence; response regulator protein (core genome, constant)

Best match: vraR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2024537:2025166:r]RC

Position: 049-contig_251_RC: 22858 ... 23488; Length: 630 bp

Sequence:

CTATTGAATTAAATTATGTTGGAATGCATAGATGACAGCTTGTGTTCTATCTTGCCTTCT
AACTTACTTAAAATGTTACTCACATGTGTCTTAAACGTTTTAATAGTAATATGCGATGCAC
TAGCAATTTCTTGATTTGAGTAACCTTTCGCAATCAATAATAATATTTCCATTTCTCGTTCT
GTAAGCATTTCATATAACTCTGCGCGCTTTTTTCATACGGTTACGCATTTTCACTAAAACCT
CCGGTTCAAAAACAGATTCTCCTCTAGAAGTTTTACGAACTGCATCGGCGATATCTTTTGC
ACTTGTGTTTTTAAAATGTAACCTATCGACACCTGCATCTAATGCACGATATACCTCTTTA
TCTTCAATAAAAACCTAGTTAATATTAATACTTTAATTTGCGGTAATCTTTTTTAATCTGAG
TCGTCGCTTCTACACCATCCATGTCATCCATAAGTAAATCCATTAATAATTAATCTGGCTT

CAACTCATGGGCTTTGGCAATTGCTTCTTTACCAGAAGCGCCTTCACCAACTACTTCAATA
TCACCTTTCGCGTTGATAGATAAATTGAAATTCCTATACGTACCATTTTCATGATCATCCACAA
ACAATACTTTAATCGTCAT

> **vraS**

Function: protein coding sequence; sensor protein (core genome, constant)

Best match: vraS_CC008-ST72_21259_AFTS01000001.1[23550:24593:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 23477 ... 24521; Length: 1044 bp

Sequence:

TTAATCGTCATACGAATCCTCCTTATTTAAAGGTGCTTTCACCTCGATACGTGTACCTGAA
TCTGGCAATGATACAATATGGAACGTTGCACCAATTTCCAAAGCTCTTTCACGCATATTTT
TAAGTCCATAACTTTGTTCTAATTTTTCATCAACATTAACCTTTACCATTATCTTGAATT
CTCAACAATAAATAATCGTCTTTATTAACAATTCTACTGTCACTTTTGTACCGTTTGAAT
GACGCAATGTATTCGAAATTGCTTCCTGTGTAATTCTGAACAAATGATCTTCAATACCTTT
AGGCACTTTAAAATCTTGTATTTTCATGCACAACCTTTCATTGGCACTTTTTTTTGTAAATCA
ATAACTAAATCTTTAATACCCTCACCTAAAGATTTGTCTTTTAAACCAAGCGGTCTTAAAT
GTAACAGCAAAGCACGCATTTCTAACTGCGAATCTTGAACCATTTTCTCTAAAATAGGAA
TTTGTGGTCTAATGGTGGTTCTAACTTCGTTTCTTTGATAGCAGATAGCATCATACTTGC
CGCAAAAAGTTGCTGACTAACAGAATCGTGAAGTTCTCGTGCTAGTCTTTGACGTTTCATCT
TCAATAATCTTTTTAACTTTCACATCATTAAATATTATAATTTTTCATTGGTTAAGTTTTGAGT
TTTAAAGTCGCAACTTATGCAATTCTTGATTTAAAGGTACGAGTGTATGGTATAAATCTAAC
GTTTCACTATATATTTCTATATTTTGATCATTAAATGCCAACTGTTTCGCCTTCCATTGAACG
CTCAATTTGCGTCTTAATCCAATCATTGCTGATTGATTTTGTAAAGCGAGTACCGAACCA
ACAATAATACACAATAATATGATGATGAGATTTAAAAATAAAAAGACTGGTATTCCGAAT
ATTTGTGTATAAAACATACCTTGAAAATAGATGATATTTACAAAACTTTATCGATGAAC
AGAAATGCAGCTAGCATGCTATATACTAAGATGAGCATTGAACCAATTGTTCTAATGTAG
TGGTTCAT

> **ampM**

Function: protein coding sequence; methionine aminopeptidase type I (core genome, constant)

Best match: ampM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1990292:1991050:r]RC

Position: 049-contig_251_RC: 25836 ... 26595; Length: 759 bp

Sequence:

CTATTCTTCTTCAATTTTTGTGCTTAAAATCGGACCATCCTTAGTCACGATAACCGTATGC
TCAATTTGAGCAACAAAACCTTTTATCGCTCGTTTCAAAGCCATTCATTTTTACCTTCTG
TAACAAATGATGCATTTGATGAGATAAACGGTTCAATAGCTAATACCATACCTTCAGTTA
ATAATGTTTTGTCTTTTGGATCAAAGTAATTAAGTACATGTGCTGGTGCCTTCATGTAATGA
TAAACCAACACCATGACCTGTTAAGTTTTTAATGACTTTCAAATCATTTTGTCTAGCTGTA
TTATGCACCGCTTTACCAATGTTACTTAACTTAGTACCCGGTTTTACTTTTGAATTGCATT
CTCAAATGCCATCGTTGCTACGTCACATACTTTTTGTTTCATTGGATCATCTGATTCTCCAA
CGACAAATGAAATACCTGTATCTGCATAATAGCCATTCCTTCAAAGCCGATACATCAATAT
TTACTAAATCTCCTTCACGAATGACACGCTTACTTGGAAATCCCATGTGCCACCTCTTCATT
GACACTAATACACGTTTGACCAGGAAAATTTTCATCATGAATTGGCGCAGAAATAGCACC
GTATTCTTCAAATAACTCTTTCGCAATATTATCAAGCTCTTTCGTAGTGATACCTGGTTG
GTTGCAGCTTGCATTGTATTGCGCACTTTAGCGCATATGTATCCAATTTCTTTTAAACGCTT
GTAATTCTTCTTCTGTTTTTACAATCAT

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC030_MRSA252_BX571856.1[2068297:2068469:r]RC

Position: 049-contig_251_RC: 26731 ... 26761; Length: 30 bp

Sequence:

ACCCCAACTTGCATTGCCTGTAGAAATTGT

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1991364:1991404:r]RC (completely identical)

Position: 049-contig_251_RC: 26849 ... 26890; Length: 41 bp

Sequence:

TATAATTGAAAAATGCTTGTTACAAGTGCATTTTATTTTCAG

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1067981:1068021:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 9 ... 50; Length: 41 bp

Sequence:

TAGAATTGAAAAAAGCTTGTTACAAGCGCATTTTCGTTTCAG

> **furbox-ftnA**

Function: binding site of ferric uptake regulator next to ftnA

Best match: furbox-ftnA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1995858:1995894:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 3042 ... 3079; Length: 37 bp

Sequence:

ATAATTA AAAAATGATATTTATTCTCAATTA AATATCG

> **ftnA**

Function: protein coding sequence; ferritin (core genome, constant)

Best match: ftnA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1996034:1996534] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 3218 ... 3719; Length: 501 bp

Sequence:

ATGTTAAGTAAAAATTTATTAGAAGCATTAAATGATCAAATGAACCATGAGTACTTTGCA
GCACACGCATATATGGCAATGGCAGCATACTGTGATAAAGAATCGTACGAAGGATTTGC
AAACTTCTTCATTCAACAAGCTAAAGAAGAACGTTTCCATGGACAAAAGATTTATAACTA
TATTAACGACAGAGGTGCACATGCAGAATTCAGAGCAGTTTCAGCACCAAAAATTGACTT
TTCAAGCATACTAGAACTTTCAAAGACAGCTTATCTCAAGAACAAGAAGTAACAAGAC
GTTTCTATAACTTATCTGAAATCGCTCGTCAAGATAAAGATTATGCAACTATCTCATTCTT
AAACTGGTTCTTAGATGAACAAGTCGAAGAAGAATCAATGTTTGAACTCACATCAATTA
TTAACTCGTATCGGCGATGACAGCAATGCATTATATCTTTACGAAAAAGAAGTTGGCGC
TCGTACATTTCGACGAAGAATAA

> **dinB**

Function: protein coding sequence; DNA polymerase IV (core genome, variable)

Best match: dinB_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[32901:33971:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 4729 ... 5800; Length: 1071 bp

Sequence:

TTATATAAAGTCATATATCGTCATATTTTATAAGTTGATTGTTCTAAATTACCTACAGTG
ACACCAATAAAGTCGAATTGGTACATCAGGGTCTTTTAAATCGTTATAAAGTAAATATGCA
ATATTATAAATATCTTCTTCAGAACTAACCGAATCTCTTAAACTCATCTGTTTAGATAGCG
TTTCAAATTGATAAGTTTTAATTTTAAACCGTTACAGTTTTAGCTGACTTCTGTAATTTATTT
AGACGTTACAGCTGTTTTACCTGACAATTCCCATACTTTTCTTAAAATCTCTTCATCATCATT
CACGTCTGTTGCAAATGTGCGTTCAGTCCCTACTGATTTTCTTACTCTTGATGATTTCACTT
CACTATGGTCAATACCGCGTGCCTTGTTATATAAACCCCGACCTCTTTTTCCAAACAAACG
TATTAATTCAAATTCCGTTTTCTCATATAAATCTCTACCGTTAAAATACCATTATCATGC
ATTACTTTTTTGGAAAGCTTTACCTACGCCTGGAAAATCTCCAATATCCAATGTCATCAAAA
TATCATGGACATTTTGATAATCAATCACAGTCATACCATCAGGTTTATTCATACCACTCGC
TAATTTAGCTAAAATTTGTTATAAGAAACACCTGCAGATGCTGTTAAATGTGTCTGCTCT
AGAATATCTTTTCTAATATACTGAGCAATTTTCGAAGCAGGAAGGTCTGGTCTCACTAATT

CTGTAATATCTAAATACGCTTCATCCAATGACATCGGTTCTACCTTATCTGTATAACTTCG
GAAAATAGACATAATCTGCGCAGATGTTTCTCGGTAAGCACCAAATTACTTGTGACAAA
GTATCCATTTGGACATAATTTATGCGCTTGTGACATAGGCATTGCTGAATGGACGCCGTAT
TTTCGTGCTTCATAAGATGCCGTAGAGACAACACCCCTACTGCTTGCTTTACCACCAACAA
TGACTGGTTTTCCCTTTCAATTTGGGGTTATCTCTCATTTCGACTTGTGCAAAAAAATAGTC
CATATCTATATGAATAATTCGTCTCTCAGTCAA

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[1965427:1965599:r]RC

Position: 050-contig_246_RC: 9236 ... 9266; Length: 30 bp

Sequence:

CTACCCCAACTTGCATTGTCTGTAGAATT

> **repeat_nySAgamma**

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC030_MRSA252_BX571856.1[2078922:2079031]

Position: 050-contig_246_RC: 9299 ... 9329; Length: 30 bp

Sequence:

CCAACCTTGCACATTATTGTAAGCTGACAGA

> **gatB**

Function: protein coding sequence; aspartyl/glutamyl-tRNA amidotransferase/subunit B (core genome, variable)

Best match: gatB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2002605:2004032:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 9847 ... 11275; Length: 1428 bp

Sequence:

TTATCTTTTATCTAATTCTTGTTTTAATAGTTGATTTACTAATTGTGGATTAGCTTGACCTT
TAGACGCTTTCATAATTTGACCAACTAAGAAGCCCATAGCTTTGCCTTTACCATTTTTGTA
ATCTTCAACTGATTGTTTCGTTATTGTCTAATGCTTCATTTACAAATTTTAGAAGTGTGCTT
CATCAGAAATTTGAACTAAGCCATTATCTTCCATAATCTGTTTAGCATTACCACCTTTAGC
TGCTAACTCTGGGAAGACTTTCTTCGCAATTTACTGCTCATTGTTCCGCTTTCGATAAGTT
TAATCATACCTGCTAAATTTCTGGTGTTAATTTAGTATCTAATAATTCTACTTGATTTTTA
TTTTAAATATTCGTTTACGCCACCCATTAACCAGTTAGATGTTAATTTAACATCTGCACCGT
GTTCAATTGTTGATTCAAAGAAATCTGACATTTCTTTAGTCAATGTTAATACGTGTGCATC
GTATGCAGGTAAACCTAATTCATTTACATACTTAGCTTTACGTTTCATCTGGTAATTCAGGA
ATTGTCTGACGAACACGCTCTTTCCAAGCATCATCAATATATAAAGGTACAATGTCAGGC
TCTGGGAAGTAACGGTAATCATCAGAACCCTTCTTTAACACGCATTAAAATTGTTTTACCTG
TAGATTCATCAAATCGACGTGTTTCTTGTCCGATTTCTCCACCATTTAACAATTCTTCTTCT
TGGCGTTTTTCTTCATATTCTAAACCTTTACGTACATAGTTAAATGAGTTTAAGTTTTTCAA
TTCGGCTTTAGTACCAAATTTTTCTTGACCATATGGACGTAAAGAGATGTTAGCATCACAA
CGTAAAGATCCCTCTTCCATCTTAACGTCTGATACACCAGTGTATTGAATAATTGAACGCA
ATTTTTCTAAATATGCATATGCTTCTTTAGGTGAACGAATATCTGGTTCAGATACGATTTT
AATTAGCGGTGTACCTTGACGGTCAAGTCAACTAATGAATACTCACCTTTATGTGTTGAC
TTACCAGCATCTTCTTCCATGTGAAGACGAGTAATACCGATTCGTTTTGTTTCACCGTCGA
CTTCGATATCGATATATCCATTTTACCAATTGGTTGATCAAATTGAGAAATTTGATATGC
TTTTGGATTATCTGGATAGAAATAGTTCTTACGGTCAAACCTTAGATTCTGTTGCGATTTCC
ATATTTAGTGCCATTGCAGCACGCATTGCCCAGTCTACTGCACGCTTATTAACAACCTGGTA
AGACACCTGGATATGCTAAGTCGATAACATTTGTATTTGAGTTAGGTTCTGCTCCAAAAT
GCGCTGGTGATGGAGAAAACATTTTTGAGTCCGTTTTTAACTCTACGTGAACTTCAAGTCC
TATAACTGTTTTCAAATGCAT

> **gatA**

Function: protein coding sequence; aspartyl/glutamyl-tRNA amidotransferase/subunit A (core genome, variable)

Best match: gatA_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[39459:40916:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 11287 ... 12745; Length: 1458 bp

Sequence:

```
TTATAATTTTTTCATAAACGTCATGTAAATTGTATTGTGTTTCATATTGATAAGCGACACGA
TATAACGTTTTTTCATCGAATGGTTTACCAATGAACTGTAAACCGATTGGTCGGCCATTTG
ATTGTCCACAAGGAACAGAAATACCAGGTAATCCAGCTAAGTTTACTGGTGTGTTAATA
AATCATTGGCATAACATTGTTAATGGATCATCAATTTCTTCACCTAAATTAACGCAGTTGT
AGGCGCTGTTGGACCACTACTACATCATAATTTTCGAATACTTTATCAAAGTCATTTTTTA
ATCAATGTTCTAACTTTTTGAGATTTTTTATAGTAAGCATCATAGTAACCTGAACTTAATG
CAAATGTACCTAAGAAAATACGACGTTTTACTTCTTTACCGAAACCTTCAGATCTTGACAT
TTTATATAATTCTTCTAATGAATGAGCTTCTTTAGAATGATAACCATAACGAATTCGGTCA
AAACGAGAAAGGTTTGACGAAGCTTCTGATGATGCAATCACGTAATATGATGGAATACC
AAATTTAGTATTTGGCAATGATACTTCTCAACGACAGCACCTAAAGATTTTAAAGTTTCT
ACAGCGTTTTGAACTGCTTCTTTACGTCATCAGCTACACCTTCACCTAAGTATTCTTTAG
GTAATGCAACTTTAATCCTTTAATATCTTTACCAATTTTCAGATGTAAAGTCTACATCATC
AACTGGTGCACCTTGTAGAGTCATTAACATCTGCACCAGAAATAGCTTCTAATACGATTGC
ATTATCTTTTACATTTTCGAGTCAATGGACCAATTTGGTCTAATGAAGATGCAAAAGCAAC
TAATCCAAATCGAGATACACGACCGTATGTTGGTTTCATACCGACAACGCCACAATATGC
AGCCGGTTGTCTAATTGAACCACCTGTGTCTGAACCTAAGCTAAATGGTACTAAGCCAGC
TGCAACTGCTGCTGCAGATCCACCTGATGAACCACCTGGTACTGCTTTATGGTCAAATGG
GTTAACTGTTTTTTTTGAAATAAGATGTTTCTGTTGAACCACCCATTGCAAACCTCATCCATG
TTTAATTTACCGATTAACAAACGGCATTCTCTTTATGTAGTTTTTCCATTACAGTAGATTTCGTA
AATTGGCACAAAACCTTCTAACATTTTACTTGCACATGTTGTTTCTAATCCGTTTGTAAATA
ATGTTATCTTTTATACCCATTGGAATACCAAATAATTTGCCATCCATTTGATCTTTTGCTTG
TAATTCATCCAATTCTTGCGCTTTTTTGATTGCATTTTCTTTATCCAGCGCTAGAAAAGACT
TAATTGTTGGATCAGTCTCTTCAATTGCATCATATATATCTTTAACAACATCAGATGGTTT
GATTTTTTTGTCTTTTATTAAGTTAATAAATTCTCAACCGATTTCGTAGCGAATGCTCAT
```

> gatC2

Function: protein coding sequence; aspartyl/glutamyl-tRNA amidotransferase/subunit C (core genome, constant)

Best match: gatC2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2005504:2005806:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 12746 ... 13049; Length: 303 bp

Sequence:

```
TTACGCGTCCTCCTCATTTCATGATTGTAGGCACTTTAAATTGTCCATCTTCTGTTTCTTTGG
CATTTTTCAAAGCTAATTCTTGCAGGAATACCTTTAATTGCTTTATCTTCACGTAAAACGTTT
TGTAATCTAAAACGTGATATGTAGGTTCAACGCCTTCTGTATCAGCGCTATCATTTTGT
TTGCAAAATCTAAAATGCTTTCTAATGTGTTGGCCATTTCTTCCGTTTCTTCAGGAGAAAT
TTGAAGTCTTGCAAGATTCGCGATATGCTCAACTTCTTCACGTGTTACTTTTGTTCAT
```

> putP

Function: protein coding sequence; proline permease (core genome, constant)

Best match: putP_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2043451:2044989] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 13415 ... 14954; Length: 1539 bp

Sequence:

```
ATGCTTACAATGGGGACAGCATTAAAGTCAACAAGTAGATGCCAATTGGCAAACCTTATATT
ATGATTGCCGTCTACTTCTTGATACTAATCGTTATTGGCTTTTACGGTTACAAGCAAGCAA
CTGGTAACCTAAGCGAGTACATGTTAGGTGGACGTAGTATTGGACCGTATATTACTGCAT
TATCAGCTGGAGCTTCAGATATGAGTGGATGGATGATTATGGGGCTACCTGGTTCTGTCT
ATAGCACTGGTCTATCAGCTATGTGGATTACAATCGGTTTAAACATTAGGTGCTTATATAAA
TTACTTTGTTGTTGCTCCTAGACTTCGTGTTTATACCGAATTAGCTGGAGATGCAATTACA
TTACCAGATTTCTTTAAAATCGTTTAAACGATAAAAATAATGTGTTAAAGATTATTTCTG
```

GATTGATTATCGTAGTATTCTTTACATTATATACACATTCTGGTTTCGTATCTGGTGGTAA
ATTATTTGAAAGTGCTTTTGGATTAGATTATCATTTTCGGTTAATATTAGTTGCTTTCATTG
TCATTTTCTATACTTTCTTTGGTGGATATTTAGCTGTATCAATTACAGATTTCTTCCAAGGT
GTCATTATGTTAATTGCGATGGTTATGGTCCCTATTGTTGCTATGATGAATTTAAACGGCT
GGGGAACGTTTCATGATGTAGCAGCTATGAAACCTACAAATTTAAATTTATTTAAAGGGT
TATCATTTATAGGAATTATCTCTCTATTTTCATGGGGATTAGGTTATTTTCGGTCAACCTCAT
ATCATTGTAAGGTTTATGTCTATTAATCACACAAGATGCTACCTAAAGCTAGACGTTTA
GGTATTAGCTGGATGGCTGTTGGTTTATTAGGCGCTGTGGCTGTTGGTTTAACAGGTATTG
CATTCGTACCTGCTTATCATATTAACACTAGAAGATCCTGAGACATTATTCATCGTGATGAG
TCAAGTACTCTTCCATCCTCTTGTAGGTGGTTTCTTACTTGCTGCGATTCTAGCTGCAATTA
TGAGCACGATTTCTTCACAATTACTTGTAAACATCTAGTTCACTAACGGAAGACTTTTATAA
ATTAATTCGTGGTGAAGAAAAAGCTAAAACGCACCAAAAAGAATTTGTTATGATTGGAA
GATTATCTGTATTAGTTGTAGCAATTGTTGCCATCGCGATTGCATGGAATCCAAACGACA
CAATTCTAACTTAGTAGGTAACGCTTGGGCCGGATTTGGTGCATCGTTCAGTCCACTTGT
GCTATTTGCACTTACTGGAAAGGTTTGACACGTGCCGGTGCTGTAAGTGGAATGGTTTC
AGGTGCCTTAGTCGTTATCGTTTGGATTGCGTGGATTAACCATTGGCACATATCAACGA
AATATTCGGCTTATATGAAATTATCCTGGATTTATTGTAAGTGTAATCGTTACATATGTT
GTAAGTAACTTACTAAAAACCTGGTGCATTTGTTGAAACTGACTTAAACAAAGTTCGT
GACATCGTTAGAGAAAAATAA

> **camS**

Function: protein coding sequence; bacterial pheromone cAM373 (core genome, constant)

Best match: camS_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[43214:44419:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 15042 ... 16248; Length: 1206 bp

Sequence:

TTAATTACTGTAAATATGAACTTGCGGTCTTTGTTCATCTTTTGTCTTACTAATTAAGCAC
GTGGTTGGTTACCATCTTTAATACGAATTTTCATAGTTATCGATTTTATCGAAATATTTATTC
GCTTGTTACGTAACGTAAGTGTGTAATACCAATTGTTTCAGCTTGTCCATAGTAATCGATTG
GTAAATCTACTACTAATCGTTGTGGCTTTTTATCAACAAATTTAACTTTCCCTACTGCTTGT
GTGAAATTAGAAAAATATGATTGCAAATATCATTAAATTGCTTGAAATTATTATTTAAAT
TTTCATCATAATCTGCTGCTGTTGAAGAAGGTAATAAAGCTGTTTTTTCATTGATATTATG
CCATTCATTAAGCTTTGTTTGACTCTTTTCTGCAGTCGCTTGAGTGATAAATTCACCTGGT
GTGATTGAATCTTCACTTGATTGCTTATAAATTGCAAAATGAATTGGTATATCTTTTAAAT
CATCATTTTCACGTAACCTTGATAATATCTCACTAGCCATTTGTTTACCTTGCTTTTAACT
TCGCTATCATCTAGTTTTTTACTAAAAGTCGGTCCATCTTTTTCTTTTTTATAGTAATAAAC
ACTATTCATAGCTAAACCAATCGTCATACCTTTAATATTCTTACCTTTTGTATCTCCACCAC
CATAAAAATCTTGCTCTAAAATGTTAGATAAATAGGCTGGTGATTTTTCTGCAATCTTTTC
AGGATTTGTTTCACCTTCGTGTGATGGATTAAGTCCTAAATTTTCATTTCGCTTTCTTGTCTT
TTTTATCTTTTTTCAGACATCTTATCGATTTACGTTTTGTATACTTAGGATTTAAATAGGCA
TTAATTGTTTTCTTGTCCAAAAATTGACCATCTTGATACAAATATTTATCTGTTGGAAATA
CTTCTTTACTTAAGTTCAATAAACCATCTTCAAAGTCGCCGCCATTATAACTATTTGCCAT
GTTATCTTGTAAGTCCCTCTTGCCTGGCTTTCTTTAAATGGTAACAATGTACGATAGTTA
TCACCTTGACATTTTTATCCGTAGCAATTTCTTTTACTTGATTTGAACTATTGTTATGTTT
TTGATTATCTTTTCCAGCCTGGTCATCCTTATGGTTACCACAAGCAGCGAGTATAAAGATA
GCTGTAATCAATAATACTAATGTACGCTTCATCGACAT

> **ligA**

Function: protein coding sequence; NAD-dependent DNA ligase (core genome, constant)

Best match: ligA_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[44426:46429:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 16254 ... 18258; Length: 2004 bp

Sequence:

CTAACTATTTAATTCATTTTGTCTTATCTACAAATTGTTGCTCTGTCCAAATTTCAATACCTA
AACTTTGTGCTTTTGTAAATTTGAACCTGCATCTTACCAGCAATAACGACATCTGTATT
TTTAGTAACGCTACTTGTAACTTTAGCACCTTGTGATGCAAGCCATTTAGATGCTTCATTG
CGTGTCAATTTGATGTAGCTTACCAGTCAGTACTATCGTTTTACCACTAAATTCAGGATGTC

CTTCAATATCTGATGTTTTGATACCTTTATAAATCATATTAACATGTTTATCTTTTAATTTT
TGAATTAAGCACGAATATCTTCATTTTCTAAATAAGTAACTACAGATTGTGCTACTTTAT
CACCTATATCATGAATTTCTACTAATTCCGCTTCAGTTACCGTTAGTAATCGATCTATCGT
TTCATATTTTTCTGCTAACACTGGCTCGCTTAAACACCTAAATGCCTAATACCTAGACCA
AATAATAAATTTTCTAAAGAGTTGTCTTAGCTTGTGAATGGCAGCTAATAAATTATCAA
CTTTTTTCTGCCCATTTCTATCTAAAGGTAATAAATCTTCTTCTGTTAAATAGAAAATATC
AGCAACATCTTTAATTAATTCGCTTTGATAAAGCTGTTGAATAATTTTAGTGCCTAAACCA
TCAATATTCATGGCTTGTCTTGATACAAAGTGAATTAATCCTTCAACAAGTTGTGCTTGGC
ATTTTGGATTAATGCAACGAAGTGCTACTTCGCCTTCAATACGTACTAATTCATGTCCACA
ACTTGGACAATGGGTTGGCATATGATATGTGACAGCATCCTCAGGTCTACGTTCTGGAAT
ACTACGTACAACCTCAGGTATGATGTCACCTGCTTTTTTCACTACAACACTATCACCAATT
CGAATATCTCTGTATGAATTAATCCTCATTGTGCAAAGATGCTCTTGATACAGTTGTAC
CAGCTACTTTTACTGGTTCTAAAATAGCAGTAGGTGTGACTACACCTGTTCTGTTCAACT
TAATTCATATCTAATAATTTAGTTACTACTTCTCAGCTGGAAATTTATAAGCAATGGCC
CATCTAGGAGATTTTTGTGTGAATCCCATCTCATCTGTTGATCTAAATCATTAACTTAA
TAACAATCCCATCAATATCATAAGGTAATGACTCTCTTTGGCTTGTCCATTTTTCAATATA
CTCTAAAACACCATCGATATTATTTACACGCGCTCTATTTTTATTTCGTTGTAAAACCTAAT
TTATCTAACTCATCTAATGCTTCACTTTGCGAACGCGCATTGAAATCAGTGAAATCATTGA
CACTATATATAAATACGCTTAGCTTTTCGTTTTGCCGTTAATTTAGAATCTAACTGTCTTAA
TGATCCCGCAGCAGCGTTTCTTGGATTTGCAAATAACTGCTCATATTTTTTTCTTTTTCTT
CATTTAATCGTAAAATGAACGTCTCGGCATATATGCTTACCACGAACCTTCTACATTTAA
TGGTTCTTTCATTTTCAAAGGTATCGCATGAATGTTTTTAAATTTTCGTTAATATCTTAC
CTGTTGTTCCATCACCACGTGTTAAACCTTGAACGAAGTATCCATCAACATATTTCAATGA
TACTGCTAAGCCATCAATTTTTAATTCGCACATATATTCAACGTTGCCAATTTGTTACGTT
ATGCGTTGGTCGAATTTTCTCAAATCATCTTCAATTAATGCATTCCCTAAACTTAACTTG
GCGTGTTCATGGTTGACTTTATTGAAAGAGGCTTGGGCTTACCAGCAACTCTAACTGTTGG
AGAATCTACAGTCTTATACTCAGGATGCTCCTCTTCTATTTTAAATCAGTTCATGAAGTAAT
TTGTCATATTCATCTGTTACAGATGGATTATCCTCTACATAGTATTCATAACTGTATT
GATTAATAAATCATGTAACCTCGTTCACACGAGACGATAAATCAGCCAT

> **pcrA**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent DNA helicase (core genome, constant)
Best match: pcrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2011019:2013211:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 18261 ... 20454; Length: 2193 bp

Sequence:

TTAATCCTCCTTTTTTTTCAATTGGTGCAAATTGCGCTAACAAACGTTTTGGCCCTTGTGATT
TAAAGATAATATCTAGTTCGATTGAGCCATTTTTCTCGTTTACATTACTCACCATGCCTTCT
CCCCAGGCTTTATGCATCACTTTGTACCTACATTCCAATCAGATGACAATACTTGTTTTT
TCGTTGACGTTGTTTCGTTGACTAAATCCGCGTTTAGCAAAGGTTTTGCCTTAGGTTGTAT
CGTTTGTGCTTTGCCACTTGAATGATTTTCTAATAGTGATTCTGGAATTTCTTTAAAAATC
TGGATGGCATATTTGACTGAGGGCGACCAAATAACATTCTTGATGTCGCATGAGTGATAT
ATAACACCTCTTCAGCCCTTGTAATTGCTACATAACAAATACGACGTTCTTCTTGCATTTT
ATGATCATCTTCACTCTTAATCGCTCTAATATGTGGGAATAAAGATTCTTCCATCCCCATT
ATAAAGACAATTGGAAATTCAGGCTTACGCGAGTGCATCGTCATTAGTGTTACGCCA
TTTTCAGTATCTGCCTCATCAATATCAGCTACTAACGATAAATCCGTTAAAAAGTTAATTA
ATGACTGTTCTTCTAATGGGGTATTTTCTCATAGTCTTTTGGTACTGACATAAATTCATC
GATGTTTTCTAATCTACTTCGAGATTCTAATGTATTTTACGTTCAAGCATTTCTCGATAGC
CAGACTTTTGTAACTTCATCAACTATTTTATGAATTTCTAAAAATTTCTGTTCTTTTATC
AAGCTTTGGATTAACCTCGTAAAAATTAAGACACTCTTGTGTCACCTTTTTTGGACAATCCGA
TAAAATCAGCTTCTCCAAGTGCATCAAACATACTGATATTGTTTTGAAGTGCATAGTTTTG
AACTTTTTCAACAGATGAAGGACCTACACCTCTTTTTGGAACATTAATAATACGTTGCAA
ACTAATGTCATCATTACTATTGGCAATTATACGCAAATAACTTAATAAATCTTTGATTTCT
TTACGGTCATAGAACTTTTGGCCACCAACCATTGTGTATGGCATATTAGATTTTCATGAATG
TTTCTCAAGTACACGTGATTGTGCATTCGTTCTATATAAATTTGCCATATCTTGATATTTT
TTACCATTACGTTGATGCTTCATAATTTCTCGTATTACAAATTCGCTTCATCACGTTCCGT

CATTGCTTCATAGTAATGAATTTTCTCACCATTTCGTATTTGCAGTCCACAGTCCTTTTGGCT
TACGTTTCAGAATTATTTTTAATCACTTCGTTAGCCGCATTTAAAATCGTTTTTCGTCGAACG
ATAATTTTGTCTAAAAAGATTGTATTTCGCTTCTGGATAGTCTTTTTCAAATGATAAGATA
TTTTGAATATCAGCACCACGCCAACCATAAATTGACTGATCTGAGTCACCTACAACACAT
AAGTTTTTAACTTACTTGCTAATAATTTAACTAATGTGTATTGTGCTTTATTAGTATCTTG
ATACTCATCTACATGAATATAATTGGAATTTGTTCTGATAAATTCTAGAACTTCTGGTACA
CGCTCAAATAAGTTAATCGTTGTCATAATAAGGTCATCAAAATCTAACGCTTCATTACGT
GACAATTGGCGTTGATATCCACTATAAACCCTGTTGCTACCATTGCGAGTGATAATCTGTG
GCTTCTTTTTGAGCATCTGCAGGTGTTTTAAGTTCATTTTTCAAATTACTGATCGCACCGAT
AAACATACGAGGTTCAAACCTTTTACTATCAATATTTTCATTTTTTAAGACGCTTTTAATA
ACAGATTTTTGGTCTGTAGGATCAATTATCGTAAAATTGCGTTCTATACCAATTCGATCTG
CATCACGACGTAATAACGAACACACATTGAGTGGAATGTTGACATCCAAATAACTTCTG
CTTGATCACCTACTAATTTTTGAACACGTTCTTTCATTTCTCTTGCAGCTTTATTTGTA
GTAATAGCCAAAACATTGTATGGTGAGACATCTTTTTCGTCTAATAAATAAGCAATTCTAT
GTGTTAAAACACGTGTCTTCCCTGAACCAGCACCTGCCATAATTAACAATGGTCCTTCTGT
TGTCTTACAGCTTCACTTTGCTCTGTATTCATATGATTTAATAACGCATTCAT

> **pcrB**

Function: protein coding sequence; heptaprenylglyceryl phosphate synthase (core genome, constant)

Best match: pcrB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2013208:2013900:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 20450 ... 21143; Length: 693 bp

Sequence:

TCATTTACTAGACTCCTTTATTTTTACTGTTTTTAAAGCTTTTTTAATATCTTTATAAATAA
TATCACCGACGATAATTGTATCTGCAATAGCTGCCATCTCTGTGCTTGTGTTCTGAGGA
AATACCGCCACCATAAAAAAGTTGCGTTTTCTGTTAGATGTTCTGAGACAGCTTGAACCTTT
GATACGTCGCCATAAATGCCACTATACTCTATATACATAACCGGTAATCGATACATATGA
TTGACCATTTGGGCATATGCTTCTAAATCTTCTGTTGTTAAATCTGTATTTGCTTTGGTATG
TTTTGCCACTTTGCTATCAGCATTGCACACGACATACCCTTCAAATATTACTTCCCTCAAAA
TCTATACTATGTCCATATGTTTTAAGCGCTTCTAATAATGTACCATTGTGAAATACAACAT
CTGTACTGTTCACTACTGTAGGTACAAAATAAAAATCAAACCAGGCATTACACTTTCGA
TGTTTGATATTTCAAGTACTAAAGGCAATGGGTATCTTCTTACTCTGCTCATTAAATGAAT
GACATTATCTTCAGTAACGTCATCAGTCCACCAATCATAATTGCATCTGTTGAGACATA
CAAATCGCATCTAAATCATCATCTGAAATATGTTTAGCTGGGTCTAATTTAAAATATGG
CGCCATTTTTTAATGTCATACAT

> **purB**

Function: protein coding sequence; adenylosuccinate lyase (core genome, constant)

Best match: purB_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[49897:51192:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 21725 ... 23021; Length: 1296 bp

Sequence:

TTATGCTAATCCAGCGCGTTCGAAAATAGTGTCAACTTGATTCAAATGATGTTTAGGATC
GAAACATTCATCCAATTCTTCTTTTGTAAAACACTTGTAATAGACTCATCTTGTTCGATT
AATTCACGGAACGGTGTTCGTTTCCCAAGATATCATCGCTTTGGTTGAACTTTGTCGT
ATGCTTCTTACGAACCATACCTTTATTAATTAATGCTAATAAGACACGTTGTGAGAAAAT
CAGACCAAATGTTTTATCTATGTTATTACGCATATTATCTTCAAATACAGTTAAACGGTCC
ACAATATTTGTGAAACGATTCAATGCATAATCTAGTGCTATTGTAACATCTGGTAACATA
ATACGCTCAGCAGAAGAATGAGAAATATCTCTTTCATGCCATAATGGCACATTCTCATAA
GCTGTAGTAATATAACCACGAATGACTCTTGAAATACCTGTGATATTTTCAAGAACCAATT
GGATTTTCGTTTATGAGGCATTGCAGATGAACCTTTTTGGCCTTTTGCAAATGCTTCTTCAA
CTTCTCTCGTTTTCGGTTTTTTGAAGGTTACGTATTTCAACGGCAAATTTTTCTAGTGATGTC
GCGATTAATGCTAATGTGCAATATAGTATGCATGTGATCGCGTTGCAATGTTTGCAGTTG
ATACAGGCGCTGTGCCAATACCTAAATGTTTACACACATAACTTTCTATTTTCAAGGAGGAA
TGTTAGCAAAGTACCTACTGCACCACTCATTTTCCCTACTTCAATTTCTTCTTACTTGT
TTGAAACGTTGTAAGTTACGTTGCATTTCCGTGTACCACAATGCCATTTTGACACCAAATG

TAGTTGGTTCTGCATGCACTCCATGTGTACGTCCCATCATCAATGTATATTTATAATTTTT
GCTTTTTTCAGCTAAAACGTCGATAAATCTTTCTAAATCTTTTTCAATAATGTCATTTGCTTG
TTTAATAACGAACTTAAAGCTGTATCTACAACATCAGTAGAAGTTAAACCATAATGTAC
CCACTTACGTTCTTCACCTAGCGTTTCAGAACTTGTCTAGTAAAGGCTACAACATCATGG
CGCGTTTCTTGTTCAATTTCTTGTGCACGTTTCGACATTTACCTTTGCGTTTTGACGAATTT
TTGTACGTCAGCTTTGCGTATATGTCCTAATTCCTCCATGCTTCACATGCTAAAATTTCC
ACTTCTAACCATGCTTCATAGCGATTTTGATCAGTCCAAATATTAGACATTTCTTCTCTAG
AATAGCGTTCAATCAT

> **sspP**

Function: protein coding sequence; staphopain A (genomic island)

Best match: sspP_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[52053:53219] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 23881 ... 25048; Length: 1167 bp

Sequence:

ATGAAAAGAACTTTCCAAAATTAATAGCTTTAAGTTAATATTTTCTTTAAGTGTTACCC
CTATTGCAAACGCTGAGAGCAATTCAAATATCAAAGCAAAGATAAGAAGCATGTGCAA
GTTAATGTCGAGGACAAGAGTGTTCTACTGACGTACGTAATTTAGCGCAAAAAGACTAT
CTTTCTTATGTTACTTCACTTGATAAAATCTATAATAAAGAGAAAGCCTCGTATACACTTG
GTGAACCTTTTAAAATTTATAAATTCAACAAAAAGAGTGATGGTAATTATTATTTCCAGT
TTTGAACACTGAAGGTAATATCGATTATATAGTTACAATTTACCAAAAATCACTAAGTA
TTCTAGTTCATCTTCTAAATACACAATCAATGTTTCTCCATTTTTATCTAAAGTCTTAAATC
AATATAAAGATCAACAAATTACTATTTTGACAACTCAAAGGTTACTATGTGGTTACTC
AAAATCATAAAGCTAACTAGTACTAAAAACACCACGTCTAGAAGATAAAAAGTTAAAA
AAGACTGAGAGTATACCTACTGGCAATAATGTAACGCAACTAAAGCAAAAAGCTTCTGTC
ACTATGCCAACTAGTCAATTTAAAAGTAATAATTATACTTACAACGAGCAATATATAAAT
AACTTGAGAATTTCAAGATAAGAGAACTCAAGGTAACAATGGTTGGTGTGCAGGCTA
TACGATGTCTGAATTACTAAATGCGACTTATAATACTAACAAATATCATGCAGAAGCTGT
GATGAGATTTTACACCCAACTTACAAGGACAACGATTCCAATTTACTGGTTAACGCC
AAGAGAGATGATTTATTTGGACAACTCAGGGAAGAAGTCCACAACCTTCTTAATAGAAT
GACTACATATAATGAAGTTGACAATCTTACTAAAAATAATAAAGGAATTGCTGTTTTAGG
TAGTAGAGTAGAATCAAGAAATGGTATGCACGCAGGGCATGCCATGGCAGTTGTTGGGA
ACGCTAAATTAGATAATGGACAAGAGGTTATAATTATATGGAATCCATGGGATAATGGTT
TTATGACTCAAGATGCTAAAACAATGTTATTCCAGTATCCAATGGCGACCATTATCAAT
GGTATTCATCTATTTATGGTTATTAA

> **sspS**

Function: protein coding sequence; staphostatin A (genomic island)

Best match: sspS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2017836:2018162] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 25078 ... 25405; Length: 327 bp

Sequence:

ATGGAACAATTTGAATTATTTAGTATTGATAAATTCAAATGTAATTCAGAGGCTAAGTAT
TATCTTAATATTATTGAGGGAGAATGGCATCCTCAAGATTTAAATGATAGTCCTTTAAAAT
TTATTCTCAGTACCTCAGACGATTCTGATTACATTTGCAAATATATAAATACAGAACACA
AACAACTCACATTATATAATAAAAATAATAGCTCAATTGTTATTGAAATATTTATACCAA
ATGATAATAAATACTACTAACAAATTATGAACACAGAAGCTTTGGGAACTTCTCCTAGAA
TGACTTTCATTAAGCAAAGTCATAA

> **Q5HEL1**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HEL1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2018454:2018627:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 25696 ... 25870; Length: 174 bp

Sequence:

TTATTGGATTTTCTTACCTACAAAAATGATTTCTTGATGTGATACTTCAACCGTGCCATCTT
TTTGCTCTTGAAACACGGGTTTTTCAATACGTTTTACCGGCATATACCCTTGCATTTTCATT
CGTGACAAACAATCAGCAATTGTTTCATTCTCATTACTTTGAATTTTCAT

> **UPF0316**

Function: protein coding sequence; uncharacterised protein family 0316 (core genome, constant)
Best match: UPF0316_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2018608:2019210:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 25850 ... 26453; Length: 603 bp

Sequence:

TCATTTACTTTGAATTTTCATGTTCTACTACACTTTCCAGTTCTTCTGGTTCATAATCTTTAA
GCTTTCTACGACGAATGCCTTTAGTCCAGAATCCACCATGTATGTTTTCGAGGTTTCATACGC
AATGATAAATGCTTTCCGGATCTAAATTTTTTATCGTATCCATCAATTTACGTTTCATATTTTC
TTGGTGTAAAATTTGCATCACCATACGACTACCATCTCTACCAAACGCAGCATAGTGCG
TAACGCCATATCCTAAATTTTCGAAGTTCATTTCGGTAAATCTAACTCATATTCTGCTGAAGT
TACATTTACAACGTATAACCTAATGCCAGTTTTTCTTCTATTTTCATACCAACAATGATA
CCTATTGAAAAACCAAATGCGTAGGCAATAATTTTTGAATATGGTCTAAATTAGACATA
ACCAAACCTAAACCAACGATATAAACTAATACTTCTAAAAAACTAACTGATGCAGCAATA
TAACGATAACCTTTCAACGTTAAAATTGTTTCGCATCGTTAAAAACGTTACATAACAAACG
TTAATGATAAATATAGTTAGTACCATTAACCATGGATTTTCTGTTACGAATGACAT

> **nadE**

Function: protein coding sequence; NH(3)-dependent NAD(+) synthetase (core genome, variable)
Best match: nadE_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[54895:55716:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 26723 ... 27545; Length: 822 bp

Sequence:

TTAGGATTTTGGCCACGTGTATCTTGTATATGCAAGTTCACGTTTGTGTGCATTTTCGTATA
TAATGATTTTCAATTACTTTTTGTTCTTCTGGCGTAACTGGCTTACCTTCTAAATAATTATC
AATCGCCTCATAAGTTACACCTAATGCATCTTCATCTGGAAGCTGTGGTTTATCATCTTCT
AAATCAGCAGTTGGCGTTTTTTCATATAATTCCTTTGGCGCACCAAGATACGCTAATAATT
GACGACCTTGTCGTTTATTCAAACCAATATAGGTGCGATATCTGCAGCACCATCACCGT
ACTTCGTATAAAAACCAGTTATATTTTCAGCTGAATGATCTGTTCTACTACAATACCTTG
TCGGTTTGAAGCAATTGAAAATTGTACTTTCATACGTTTCACGCGCTTTTTTCATTTCCTTTT
GGAAATCTGTAAGAACAATACCGGCTTCTTTTAATGATTGTACACTTTGATCAACTGCAG
GCTTAATATTGACTGTTACTATTTTCATCTGGTTCAATGAATCGCAAAGCTTGGTCAACTTC
ATCAGCATCTTTTTGAACTCCATAAGGTAATTTAACTGCAATAAACGTACAATCAATGCCT
TCTTCACGTAATTCGTTAACAGACATTTGTACTAATTTTCCAACCTAATGTAGAATCTTGTC
CTCCTGAAATACCTAACACTAAAGATTTTATAAATGAATGTGATTGTACATAATTTTTTAT
AAATTGCTTTAATTCCATAATTTCTTCAGCACTATCGATACGCTTTTTACTTTTCATTTCTT
GTACAATAACGTCTTGTAAATTTACTCAT

> **nadC**

Function: protein coding sequence; putative nicotinate phosphoribosyltransferase (core genome, variable)

Best match: nadC_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[55709:57178:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 27537 ... 29007; Length: 1470 bp

Sequence:

TTACTCATTATCTTCTTCCATCTCCTTAACGTGTTCCGCAACTTCAAAAATACGTTTATGTT
TATTATCCCAACATGCCTTGCTTAAATCGACTGGATATTCTTGTGGATTAAGGAAACGCTT
ATTTTCATCCCAAATAGATTGTAATCCTTGTGCTAAATATTCACGTGATTCATCTTCTGTTG
GCATTTGATATACTAATTTACCATTTTCATAAATATTATGATGCAAATCAATGGCTTCGAA
AGATTTTATAAATTTCAATTTTATAAGTATGCACTGGATGGAATAATTTTAAAGGTTGTTCA
TCGTATGGATTTTCATTTTCCAAAGTAATAATCGCCTTCTGCCTTACCTGTTTTCTTGT
TATAATGCGATATACATTTTCTTACCTGGCGTCGTAACCTTTTCAGCGTTATTTGATAATT
TAATACGATCACTATATGAACCATCTTCATTTTCAATAGCTACAAGTTTATATACTGCACC

TAATGCTGGTTGATCGTATCCTGTAATCAGCTTTGTACCAACGCCCAAGAATCTACTTTT
GCACCTTGTGCTTTCAAACCTCGTAATCGTTTCTTCATCCAAATCATTAGACGCGATAATTT
TAGTTTCAGTAAATCCTGCTTCATCAAGCATAACGCTTGCCTCTTTAGATAAATAAGCGAT
ATCTCCAGAATCTAATCGAATACCTACAAAGTTAATTTTGTACCTAATTCTTTTGCAACT
TTTATTGCATTTGGCAGCCAGATTTTAAAGTATGGAATGTATCTACTAGGAACACACAA
TTTTTATGTCTTTCAGCATATTTTTTTGAAGGCAACATATTCGTCTCCATAAGTTTGGACAA
ATGCATGTGCATGTGTACCAGACACAGGTATACCAAATAAATTTCCCCGCCCTAACATTAC
TTGTAGAATCAAAGCCCCCGATGTAAGCAGCTCTAGCGCCCCACAATGCTGCATCAATTT
CTTGCGCACGACGTGTACCAAACCTCCATTAATTTATCATTTGATGCAATTTGACGAATTCT
GCTAGCCTTTGTTGTAATTAGTGTATGGAAATTTACAATGTTAATAAAAATTGTTTCTATT
AATTGCGCTTGAATCAATGGTGCTTCTACGCGTAACAATGGTTCGTTACCAAAGCATAAT
TCGCCTTCTTGCATCGAACGGATGCTGCCTGTGAATTTTAAATCTTTTAAATATGATAAGA
AATCATCCTTGTAGCCAATAGACTTTAAATATTCCAAATCAGATTCTGAAAATCCAAAAT
GTTCTATAAAAATCAATGACGCGTTTTAAACCATTAAAAACAGCATAGCCACTATTAATG
GCATTTTTCTAAAATACAAATCAAATACAGCCATTTTTTCATGAATATTATCATTCCAATA
ACTTTCAGCCATATTTATTTGATATAAGTCATTATGTAACATTAAACTGTCGCTTCTAATT
GGTACAC

> **nos**

Function: protein coding sequence; nitric oxide synthase oxygenase (core genome, variable)

Best match: nos_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[57362:58438] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 29190 ... 30267; Length: 1077 bp

Sequence:

ATGTTATTTAAAGAGGCTCAAGCTTTCATAGAAAACATGTATAAAGAGTGTCAATTATGAA
ACGCAAATTATCAATAAACGTTTACATGACATTGAACTAGAAATAAAAAGAAACTGGGAC
ATATACACATACAGAAGAAGAAGCTTATTTATGGTGCTAAAATGGCTTGGCGTAATTCAA
TCGTTGCATTGGTCGTTTATTTGGGATTCGTTAAATGTCATTGATGCAAGAGATGTTACT
GACGAAGCATCGTTCCTATCATCAATTAATCATATTACACAGGCTACAAATGAAGGT
AAATTAAGCCGTATATACTATATATGCTCCAAAGGATGGACCTAAAATTTTCAACAAT
CAATTAATTCGCTATGCTGGCTATGACAATTGTGGTGATCCTGCTGAAAAGAAAGTTACA
CGCTTAGCAAATCACTTAGGTTGGAAAGGAAAAGGTAATAATTTGACGTGTTACCACTG
ATTTACCAATTACCTAATGAGTCAGTTAAATTTTACGAATATCCTACTTCATTAATTAAG
AAGTACCTATTGAACATAATCATTATCCAAAATTAAGAAAATTGAACTTAAAATGGTATG
CAGTCCCTATCATTTCGAATATGGACTTAAAAATCGGTGGCATTGTATATCCAACCTGCACC
CTTTAACGTTGGTATATGGTAACTGAAATTGGCGTACGTAACCTTTATTGATGATTACCGT
TACAATTTACTAGAAAAGTTGCAGATGCGTTTGAATTTGATACACTTAAAAATAATTCA
TTTAATAAAGATCGAGCACTTGTGAAATTGAACTATGCTGTGTATCATTCTTTAAAAAAG
AAGGCGTATCAATTGTCGATCATTGACCGCTGCAAAGCAATTCGAACTATTGCAACGTA
ACGAAGCACAACAAGGTCGTCAAGTTACCGGAAAATGGTCTTGGCTAGCACCGCCATTAT
CTCCAACATTGACGTCAAATTATCATCACGGATATGACAATACAGTAAAAGATCCAAACT
TTTTCTATAAAAAGAAAGAATCAAATGCTAACCAGTGCCCTTCCATCATTAA

> **pheA**

Function: protein coding sequence; prephenate dehydratase (core genome, variable)

Best match: pheA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2060321:2061115] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 30286 ... 31081; Length: 795 bp

Sequence:

ATGCAATTATATTATTTAGGCCCTAAAGGTACATTTTCATATTTGGCTTGTTCGTCAGTATT
TTTCTGAAAATGAAGCAACTTTTCAACCAAAGTCAAATTTATTTGAAGTCATCAAGGCAG
TTGCAGATGATGACACATCGATTGGTGTGTTGCCCTATTGAAAATTCTATAGAAGGAACAA
TCAACATTGTGGCAGATGCACTTGCACAGCAAGATGTCTTTGCACACGGTGAAATACGTT
TAGATATTAACCTTTGCATTATATGGTAAATGGAACAGATTCCATTTCTGATATTAATAAAGT
GTATTCTATTGCACCAGCAATCAGTCAAACAACAATTACATACATCAACATCAATTTGA
CTATGATTATGTCGACAGTACAATTCAAAGTTTACTAAAATTGAAAATGGCGTTGCAGC
AATTGCACCTTAGGTAGTGGCGAAGCTTATGGTTTTACACCTATTGATACACATATTGAA

GACTATCCACATAACGTGACACGTTTTTTAGTTATAAAAAATCAGCAGCAATTTGATCAA
AATGCGACATCATTGATGTTTTTAATTACACCAATGCATGATAAACCTGGGCTGTTAGCA
AGTGTGCTTAATACATTTGCTTTGTTAATATTAATTTATCCTGGATTGAGTCTCGTCCTTT
AAAAACACAATTAGGTATGTATCGATTTTTTCGTTCAAGGCTGATTCTGCAATTACAACCGAT
ATAAAGAAAGTCATTGCTATTTTAGAAACCTTAGATTTCAAAGTAGAAATGATTGGTGCT
TTTAATTAA

> **sdcS**

Function: protein coding sequence; sodium-dependent dicarboxylate transporter (core genome, variable)

Best match: sdcS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2061305:2062867:r]RC (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 31270 ... 32833; Length: 1563 bp

Sequence:

CTATTTCAATGGCAGTGGTTGATTTATATCAATACCTAAAACCTATAGGCATTACATAATAC
ACGACTAAAATAATAATTATTGCACTGATTAAGTTTACCCAGAATCCTACTGATGCCATTT
GTTTGATAGATATTTTACCTGAACCAAAGATAATTGCATTCGGTGGTGTCCCTACTGGTAA
CATGTATGCACAGTTAGCCGCCATAGCTGCAGGTGCCATAAGTAGTAATGGATGCACTCC
AACAGCAACAGACAACGTTGCTAAAATCGGTAATAATCATCGTTGCAGTTGCAGTATTAGA
TGTCACTTCAGTTAAAAATAAGACAAAGATTGTTATGACAATTACAATAAGAATCGGACT
AACACCATTTAATGATTTCAACTGTTTCGCCTAACCATTTTGCTAAACCACTTTCAGAAATA
CCTTTCGCTAATGCTAAACCGCCACCAAATAAAATTAATACACCCCAAGGGAGCTCTTTT
GCAACTTCCCAGTCAATGATACGGCGATGTTTTTTCAGTATTTTTAGCTGGAATAATAAATA
ATAATATTGATATAAAAAATAGCAATCGTACCATCTGCAACAGATGACGTAACCTTCCCATT
TTTTCAGAAGAACTCTCTTGTAAATCCATAATAAGCTGGCAAGTACAAAGATAGTTTGTA
CTACCTTTTCTTCATACTTCATTTTGCCAAGCTCGTCTAACTTTTGTAAATTAACGTCTGA
CCACCAGGTAATATTTCAAATCATGTCTAAACGCAACATATCTTAAATAGAGCCAAGTA
ATACCTAACAAAACAATGACCGTTGGAATCCCTACAATCATCCATTTAGCAAACTAATT
TCATGTCCAAAATGTTGCATGTATTGTCCTTTTAAATAATTAATGGCGGGGTTCCGATTA
ATGTACCCAAGCCACCAATCGTACCTGCATAGCCAATTGCTAAAACCTAGAGATTTTTCAA
ACTTTTGAATACTTGTTGATTCGTATTGGCTTCTTGTAATCATGTGCTTCCCTAATAATT
GCTAAACCAATCGGAATCATAATCATTACAGCTGCAGTGTTCGATACAAACATAGATAAG
AATCCTGTTGCCACCATGAATCCAAGTAATATTTTTGAAGTGCTTGCACCAATTAATTA
TAATAGTCAAAGCTACTCTCGTATGTAAATTCCATCTTCCATTGCAATTGCCAAAATAAA
TCCACCTAAAAACAAAAGATAATATCATTGCCATATTCGGATGATACTTGTCTGGTGT
AAGTATGTGACCTAATGGTAATAACACAATTGGTAATAAGCTCGTTGCTGCAATAGGAAT
TGCTTCAGTAATCCACCAAGTCGCAATCCATAAAGTAATCGCTAAGACATATACGCCTTT
CCAAGGTAAGTCTTGTGGATGAAAGAACAATAATGTTAATAGGAAAAGTAATGGACCTA
ATATTAGTCCAATAAGTTGTCCCGCACTAAACGGTTTCTTTTTCTTTGATTTTGAAAAGAA
TGTTAAATACCTTTTCGATATCATTGATTGATGTTGATTGAAATAAGCCAT

> **ppaC**

Function: protein coding sequence; manganese-dependent inorganic pyrophosphatase (core genome, variable)

Best match: ppaC_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[63291:64220] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 35119 ... 36049; Length: 930 bp

Sequence:

ATGGCTAAAACATATATTTTCGGACATAAGAATCCAGACACTGATGCAATTTTCATCTGCG
ATTATTATGGCAGAATTTGAACAACCTTCGAGGTAATTCAGGAGCCAAAGCATACCGTTTA
GGTATGTGAGTGCAGAACTCAATTCGCGTTAGATACATTTAATGTACCTGCTCCGGAA
TTATTAACAGATGATTTAGATGGTCAAGATGTTATCTTAGTTGATCATAACGAATCCAAC
AAAGTTCTGATACGATTGCCTCTGCTACGATTAAGCATGTAATTGATCATCACAGAATTG
CAAATTTCGAAACTGCTGGTCTTTATGTTATCGTGCTGAACCAGTTGGTTGTACAGCTAC
AATTTTATACAAAATGTTTAGAGAACGTGGCTTTGAAATTAACCTGAAATTGCCGGTTT
AATGTTATCAGCAATTATCTCAGATAGCTTACTTTTCAAATCACCAACATGTACACAACA
AGATGTTAAAGCAGCTGAAGAATTAAGATATTGCTAAAGTTGATATTCAAAGTACG

GCTTAGATATGTTAAAAGCAGGTGCTTCAACAACCTGATAAATCAGTTGAATTCTTATTAA
ACATGGATGCTAAATCATTTACTATGGGTGACTATGTGACTCGTATTGCACAAGTTAATG
CTGTTGACCTTGACGAAGTGTTAAATCGTAAAGAAGATTTAGAAAAAGAAATGTTAGCTG
TAAGTGCACAAGAAAAATATGACTTATTTGTACTTGTGTTACTGACATCATTAAATAGTGA
TTCTAAAATTTTAGTTGTAGGTGCTGAAAAAGATAAAGTCCGGCGAAGCATTCAATGTTCA
ATTAGAAGATGACATGGCCTTCTTATCTGGTGTGTTTCTCGAAAAAAACAAATCGTACCT
CAAATCACTGAAGCATTAGCAAAAATAA

> **aldH**

Function: protein coding sequence; carotinoid aldehyde dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: aldH_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[64638:66017] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 36466 ... 37846; Length: 1380 bp

Sequence:

ATGAATATCATTGAGCAAAAATTTTATGACAGTAAAGCTTTTTTCAATACACAACAAACT
AAAGATATTAGTTTTAGAAAAGAGCAATTAAGAAGTTAAGCAAAGCTATTAATCATA
CGAGAGCGATATTTTAGAAGCACTATATACAGATTTAGGAAAAAATAAAGTCGAAGCTT
ATGCTACTGAAATTGGCATAACTTTGAAAAGTATCAAAAATGCCCGTAAGGAACTTAAAA
ACTGGACTAAAACAAAAAATGTAGACACACCTTTATATTTATTTCCAACAAAAAGCTATA
TCAAAAAAGAACCCTTATGGAACAGTTTTGATCATTGCACCATTTAACTATCCTTTTCAACT
AGTATTCGAACCTTTAATCGGTGCTATTGCAGCAGGTAATACGGCAATTATTAACCATC
TGAGTTGACACCAAATGTTGCACGAGTGATTAACGATTAATCAATGAAACATTTGATGC
AAATTACATTGAAGTTATTGAGGGAGGAATTGAAGAAACGCAAACGTTAATTCACTTACC
TTTTGACTATGTCTTCTTTACAGGAAGTGAAAATGTAGGCAAATCGTTTTATCAAGCTGCC
AGCGAGAATTTAGTTCCTGTGACATTAGAAATGGGCGGTAAATCTCCAGTCATCGTTGAT
GAAACAGCGAATATTAAGTTGCTAGTGAGCGCATTGTGTTTGGGAAATTCACTAATGCC
GGCCAAACATGTGTTGCACCAGATTACATTTTAGTACACGAATCTGTAAAAGATGATTTA
ATCACAGCCCTATCAAAAACGTTGCGTGAATTTTATGGTCAAAAATATACAACAAAGTCCA
GATTATGGCCGCATTGTAAACCTTAAACATTATCATCGTCTGACTTCATTACTTAACAGTG
CACAAATGAATATTGTATTTGGTGGTCATAGTGATGAGGATGAACGTTATATAGAACCAA
CATTGTTAGATCACGTTACAAGTGATTCAGCAATTATGCAAGAAGAAATTTTGGTCCCTAT
CTTACCGATTTTAAACGTATCAGTCATTGGATGAAGCAATAGCCTTTATTCACCAAAGACC
AAAACCTTTGAGTTTATATTTATTTAGCGAAGATGAAAATGCTACACAACGTGTAATAAA
CGAGCTATCATTGGCGGCGGCGCTATTAATGATACATTGATGCACCTAGCGAATCCTAA
ATTACCATTTGGTGGTGTGGCGCCTCAGGTATGGGACGCTATCATGGTAAATATTCATTC
GACTTTTTACACATGAAAAAAGCTACATTTTCAAATCTACACGATTAGAATCAGGTGTC
CATTTACCACCATATAAAGGTAAATTTAAATACATCAAAGCTTTCTTTAAAAATTA

> **tnpA**

Function: protein coding sequence; transposase A (mobile element)

Best match: tnpA_CC398_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[67721:68833] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 39549 ... 40662; Length: 1113 bp

Sequence:

ATGAAAATAGTAGAAGTAAAATCTAAGAATGGTATCAATTTTATGATTTTATAGATGGTAAT
AATGAACCTATAGTAGATGCAGTAAGATATTTGAAGTATCTGGATAGTGTTAATAAAAGT
TTAAATACCAAGAAAACCTATGCCTATGCACTAAAAAATTTTTGTTTACTTAGAAAGT
AAAAGATATGCTATAAAGAAGTTAGTTTTGATAACTTTGTTGATTTTATAAGATGGATG
AAAACACCTTTTGAATATGAGAATGTCCTCTCTTATCACCGAAAAGGAAAAAGCATTAGT
CCTAAGACAATTAATCTGACTATTACTGTAGTATCTAATTTTTATGATTATCTCTATAGGA
GCAAAAAATTAGATGTTAATTTCTATGATTTTATACATACGGAAAGTAAATACTCTAAAA
AATATAAAAGTTTCATGCATCACGTAAACAAGGACTATGGAATGTTGAAAAATATTTTGA
AAGTAAAAGAACCAAAGAAAAAAGTAAAGTGTAAACCAATGTTGAGGTTAAGAAATTA
TTAGGAGCAGCTAATAATATTAGAGATAAATTTCTTAATACAATTATTATATGAAACAGGA
TTACGTATAGGTGAGGTATTATCATTACGCATTGATGATATCAAATTTGATTTTATAGAAAAG
GTCACCAAATAGTTTTGAAAAATAGATTTAATAGCAATGGTACTTATTTAAAAACTGGTG

AAAGAAAATATTTATTTCTCAATCGTTAATTGATTTATATGACGATTATGTGTACGAAAT
AATTGACGAACTTTCCATATGTTCTGATTATCTTTTTGTAAAAATAAAGGGTAGAAATGTA
GGAGAAGCTATGCATTATAGTGATATATATTCATTATTTAAAAGGCTAAAACATAAAACA
TCTATAAATGTTCAACCCCATTTATTTTCGCCATACACATGCAACTGTTTTTTATAATGAAA
CTAAGGATATTAACAAGTTCAAGAAAGACTCGGTCATAGTAATATACAAACGACTATTA
ATTTATATGTTTCATCCCCTGAAGAAGATATACGTGAAGATTGGAATAAAGTTAAGCATC
AATTTCAAGTTTTTAATAAAGGGGAATAA

> **tnpB_CC398**

Function: protein coding sequence; site-specific recombinase/phage integrase family (mobile element)
Best match: tnpB_CC398_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[68836:70899] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 40664 ... 42728; Length: 2064 bp

Sequence:

ATGTCAATACCAATTAATTTGCCTACAAACAGTACTATGATTAATGAATTATGTACATTAC
AAAGTAGAACTATAAACATAAAAGGAGAAGTGCTAATAACTGAAATATATGATGATTAC
TTTTTAAAAAATGATGAATGGCACATTTTCAGCTTTTAACAAGTTTCGAGCAATTTCAAGAT
AGTATCAAGAACTATAAAGACAAAAGAAAAAATATTTTCTTTAGGATTAAGAGTAAAAA
TTTGAATTTAGAATTTAAATACCTTTTTTTGAACTTATAGTTAAAGAGGATTGGTCTTTA
TCTAATGTATTTAATACTGGAGCAGTGAACTTAACAAGATTGCTGAGTTCTTTAATGAA
GTTTATCCAAATTTAAATTCTTTACTAGATTGTGATATTAATATGTTAGAAAAGTACTGGT
TTAGTTGGTTGACTAAAAATAATATACCTATAAAAAGAAAATCATCAACAATAGTTTTTG
GTGATTATGAACATAAAAGTGGACTAGCTTCTTTTTTAAAGAATATGTATATTAATCTAAA
TAAATTTATTGATAAGCGAGAAGAATGGGAAAAAGATAAATGGGATATTAGAAATTTAG
AAAAATATGGATTGAGTTATAATAAAACACTAACTGGTAATTATTTGAACTTTGAAAAAA
TTGAGTCAATTTAAATGCGAGAATTAGCAAAAAAATATTTAAAAAATCGTTTGATAACTG
GTGATATAGCATTTGCTACAGCAAGATTTTATATAAGAGTTTTGACTAGGTTTTTTCAAAA
TATATCTAAAAATAAAGAAACAAGGAATAGTTTAAATGAACTAGATAGATGTCATATCG
AAGCATATATAGAATTTTTATTTGAATATGCTAATAGTAAAAATGTGCAAAGTTCTAGGA
ACTTCGTTAGAGAAGAATTAAGCAATTAGAAGGTTCTTAAATGATATTGCTAGTCAAA
ATTATGATATAGCCCCCTCTGAAGATATACGTTTTTTAATTTATCCTCAAGACTTTCCTAA
GCGCGAAAAGAAAAATAGTAGCCAAATTGATTATATCCCAGATTTTGTATTGGAACAGCT
TTTTGAGCATATAAATGATTTGCACAAAGATTTAATACCTGTAGTTTGGATAGCTTTTAAA
ACAGGACTAAGAATTTCTGATGTATTAACATTAATAAATAAATTGTCTTGCAAAGTTAAT
GGAAAGTTTTCAATAATTACTGATATTGCTAAAACCTTTTGTTAAAGGACATAGGATACCA
ATCGATAATGAATTAGCTGATATAGTAGCAGTTTTAATAGCCAATTCTAAAATTTAAAGT
ACAAAAGATAACAACCCTAATAATTATTTTTGCTATTCATAAAGGAAAAAGAAAAGG
AATGCCCTTTACACAGCATATGGTCAGAGCACACTTAAATCATTTAGCAAAAAACAAAAA
TATTTCTTGATGAACAAGGTGAAGTCTTCCATTTCAAACTCATCAGTTTAGACATACTTAT
GCAGTGAAATTGTTAAATGGTGGAGCAGATATATTAACCATAACAAGAATTATTAGCACAT
TCCTCACCAGAAATGACACTCAGATATGCTAAGTTACTTGATGATACAAAAAGAAAGGCT
TTTGAATCAGTTATTGATCAAGGGGCTTTTGTGTTGATGTTGACGGTAAATTTAAAAATA
TACAGCATAGTAGTGAATTATCAGAAAAAGCATTGAATTCTTTATGGCAAGAACATAAAT
TAAACGCAATGGACAATCCTTATGGTACTTGTGCTAGATTGAGCGGTGATTGTCCAT
ATATGGAAGCTCCGCCATGCTTAACTTGAATTCTGGGAAACCATGTAAGGATCTAGCTA
TTGGATTTTCTGATTTAGATGTTGAAAAATATGAATTACATATCAAATCAACGGTCAAATC
CATAGAATTAGCTAAAAATAATAATAGACAAGATATAGTTGAAAAACATACTAATATATT
AAATAAATATGAAGAAATATTAGGTAATATAAAGATGGAAACATTATATTCCGGGAGAA
GTAATAGAATAAAAGTATAG

> **tnpC_CC398**

Function: protein coding sequence; transposase C (mobile element)

Best match: tnpC_CC398_CC001-ST772_118_AJGE01000047.1[70908:71273] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 42736 ... 43102; Length: 366 bp

Sequence:

```
ATGGGAAAATTTAATAGACAAGAACAATTAACAATTACATGCAGAACGAAAAGTTAA
AACCGAGCAAAAAGTTTCTAAAGCAATAAATGAATTGGTTCGAAAAAATGAAGAAATTA
ACTTTAATATTGTTGCTAAGCATTCAAATGTATCTAAAGCTACTTTATATAATAATAGTAA
AATTTCGAAAGAGAATCGAAGAGTTACGTGAACAAAGTAAAGACATATTTGTACATAAAA
ATAACAGTGACGGTAAAGACGCATTAATTTCTTCATTAATAAAGGAGAGTAAAATCTTTAG
AAAATGAGAAAAAGAGGCTCAAAGATGAAATAAACACATTATATAATAAAATATATGAA
GATATTTAA
```

> **blaZ**

Function: protein coding sequence; beta-lactamase (mobile element)

Best match: blaZ-3_CC001-ST772_118_AJGE01000047.172026:72871:rRC [4_50ANF10END]

Position: 050-contig_246_RC: 43854 ... 44700; Length: 846 bp

Sequence:

```
TTAAAATTTGTTTATTACATTCTTGGCGGTTTCACTTATCAATTTATCATTAGGTTTATCAC
TTTTATTGTCTTTATTCGTAAAAATGACTAAAATAATAGGTTTCAGATTGGTTCCTTAGGATA
AATAAAAGCTACATCATTCTAGAACATATGTTATTGCTTGACCACTTTTATCAGCAACC
TTATAGTCTTTTGGAACACCATCTTTAATTAAGTGTCTCCGTTTTTATTATTTAACATTA
ATCAAGTAAGAAATTTTTATTTTTTTTGTCTTAATTTTCCATTTGCGATAAGTTTATTTAAAG
TCTTGCCGAAAGCAGCAGGCGTTGAAGTATCTTTTTTGTCTTTTGGTGAATAGTAATTTAA
TTCTATTTTCATATCTAACTGGATTTGTTACTTTATCTCCCAATTTTTTTAAACGTTTTTTAAT
TTTTTTGATTCCACCGATTTGTTTATAATTTTATTGTTTGTCTGTATTATCACTATACTTCAT
TGAAGCTTCAATAAGTTCTTTTAAAGTGATATCTTTTCTACATATTTTTCTAAAATAGGA
GAATAAGCAACTATATCATCTTTGTTAATATGTACTTTTTTTATTTAACTTATTATAAGGTA
CTTGTTCTAACAAAATAGCACTATTTATCGCTTTTGAAGTTGAAGCATAGGCAAATCTCTT
ATCGGCATTAATTTTACTTCCTTACCACCTTTTAGTATCTAAAGCATAAACACCAATATGA
GCATTATATTTTTTTCTAAATCATTTAACTCTTTGGCATGTGAACTGTTTGAATTACATGC
ACTTAAACTAAAGCAATTGCAATTAATAAATACTTTTCAA
```

> **blaR-pUB101**

Function: protein coding sequence; beta lactamase regulatory protein (mobile element)

Best match: blaR-pUB101_part_S-xylosus_DQ016060.1[1:241:r]

Position: 050-contig_246_RC: 44806 ... 45047; Length: 241 bp

Sequence:

```
ATGGCTAAATTACTAATAATGAGCGTAGTAAGCTTTTTGTTTTATATTTCTATTGTTAGTAT
TTTTTAGGTATATATTAACACGCTATTTAATTATAGTTTAAATTATAAAGTTTGGTATCT
AACTGTGCTTGCTGGATTAATTCCTTTTATCCCAATTAATTTCTCTTTTATAAAAATTTAATA
ATGTGAATAATCAATCGCCACAGTTGAAAGTAGGTCACACGACTTGAACCATAACA
```

> **blaI**

Function: protein coding sequence; beta lactamase repressor inhibitor (mobile element)

Best match: blaI_CC008-ST72_TCH130-ST72_ACHD01000263.1[102996:103376] (completely identical)

Position: 050-contig_246_RC: 46553 ... 46934; Length: 381 bp

Sequence:

```
ATGGCCAATAAGCAAGTTGAAATATCTATGGCTGAATGGGATGTTATGAATATAATATGG
AATAAAAAATCAGTATCAGCTAATGAAATTGTAGTTGAGATTCAAAAAAATAAAGAAGT
TAGCGATAAGACGATTAGAACATTAATTACAAGACTATATAAAAAAGAGATTATAAAAC
GATATAAATATAATAATATTTATTTTTACTCATCAATTATTAAGAAGATGATATTAAT
GAAACTGCTAAAACCTTTCTTAATAAATTGTATGGAGGGGATATGAAAAGTTTAGTGCT
TAATTTTGCGAAAAATGAAGAATTAATAACAAAGAAATTGAAGAATTGCGAGACATTTT
AAATGATATTAGTAAAAAATAA
```

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_trunc_CC398_SO385-pig_AM990992.1[2480969:2481165:r]RC
Position: 050-contig_246_RC: 47356 ... 47386; Length: 30

TATGCATATAAGATGATTTTTTAACATCATT

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator
Best match: txbi_universal1_CC022_HE681097.1[2006687:2006756:r]
Position: 051-contig_201: 35 ... 65; Length: 30 bp
Sequence:
AAATTATCTTACTGCTGTTTTTTAGGGATT

> **A6U330**

Function: protein coding sequence; acyl-coenzyme A 6-aminopenicillanic acid acyl-transferase (core genome, constant)
Best match: A6U330_CC001-ST772_118_AJGE01000011.1[593:1705] (completely identical)
Position: 051-contig_201: 640 ... 1753; Length: 1113 bp
Sequence:
ATGACATTCAATATACATACGATTACTATTTATTTACAATATATTACAACCTAAAAAGAAA
GGGGCCGATGATATGCAACAAGTGACATCAGATATCATGACTTTTAGAGGTTACATTTTC
GAGTTAGGTGTTAAAACCTGGTAAATGGCTTCAACAAACACCTCTTCTAAAAAATCGAGAA
AAAGAATGGAAAAAACGTGTCCACGTTTCGATATAGATGTAAATGAACTTATCAAATA
TTCCAAACATACGCACCTCAAATATGGGAAGAATTAATGGGACTACAAAGTATACTCAA
ATGCCAACACGCCAAATTTTAACTTTGGACATTATCGTTTTACCGATTTAAAAGAAA
GTGGTTGCACGGTCTTTCAAGGCAAAGACTTCATGGTTAGAAATTATGATTACCACCCTG
CAACTTATGATGGTCGCTACTTTATCAACCTACAGATAGCGGTTTAGCTCAAATTGG
TCCTGTATCAAGGGTAACTGGAAGAATGGATGGTATGAATGAGTCAGGATTAACCTATGGG
CTATAACTTTATGCACCGGAAGAAACCAGCAAATGGTTTTGTATGTTATATGATTGGTCGT
CTAATTCTTGAAAATTGCCGAAATGTAACAGAAGCAATCCAATTATTGAAAGAAATACCA
CACAGAAGCTCATTTAGCTACATACTGATGGACAAATCATTGAACCATGCAATTGTTGAA
GTGACGCCGAGATCAATAGATGTTCTGTTATGATAATATATGTACAAATCATTTTGAAATA
TTAACACATGAAAATCGCAATTATACAAAAGAATCTAAAGAAAGACTGGCGCGTACCAT
TTCACAACTAATGATAATTTAGATATGACTACAGCATTTAAGTTATTCAATAATCCTCAG
TATGAAATTTACAGTAACTATTCAAAGCTGGTCTGGCACCATCCATACATCAATGTAT
CACCTGAAACATTAACCTGCATATTTACATTGGGAGAAAATGCGCCACCAGAAATAATA
GATTTCAAATCATGGTTAGATGGTCAAGACCTTAATATCACTCACTTTACTGGCAATATAG
ATACCGACTTAACTTTTGCCAACAAATAA

> **Q5HEJ0**

Function: protein coding sequence; ABC-2 type transport system permease (core genome, variable)
Best match: Q5HEJ0_CC001-ST772_118_AJGE01000011.1[4492:5232:r]RC (completely identical)
Position: 051-contig_201: 4539 ... 5280; Length: 741 bp
Sequence:
TTAAATGTCTTTTTTAGCGACATATAAGATATTCAAATGAAGAATATCACTATAGAACC
TAATGAAATTACCCATTGCCAATTGCTAAAATCAAAGTTAGAGCTAATCATTTTATCAGTT
AAGTAAGCAAAGGGATATAATCAAAGCATCTAAAACTTTTTCACCGTATCTTGGGATA
AATGTAATAAAAGGTTAATAAACGGTACAATGAGTACTAAAAATACACCTAATGAAAA
TATCATTGCTGTTTTTTGTGATGCAAGTGTGATTAAGAATAAAAACAAGCCAAAGAATAA
TAAAAAGATTAGGAAGAACCATAAATTATCTACATATTTAGAAAACGCCAAATTTTTTCC
ATTACTAGATGCCTGCACAACAATCAAATCACATAATGAATTAATGCAATAATATTGA
AATAAAATAAATTGAAATTGTTTTCGAAATAATGTATCCAACGCGTGTTTTAACTTTACTC
ATATATAGTTGAATTGTACCTTGTGAAAAATCACGCGTAATTGTCTTAACAACAACATT
AATCCAATTATTAACAATAACCATTTTGTGCTGCAGCAAATACAGATCCATAGACAATAATA
TGTTTCGGGTTATCCATCGAATTTGCCATAAGTATACTTTGAGTTGCAATCAAACCTAGATA

CGACTAGTATCGCTAAATATGTTAAAGGACTTTTAAATATACTATAAAAATCATACTTAA
CTAAATTTAAAATTCTCAT

> **nodI2**

Function: protein coding sequence; nodulation ABC transporter ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: nodI2_CC001-ST772_118_AJGE01000011.1[5232:6104:r]RC (completely identical)

Position: 051-contig_201: 5279 ... 6152; Length: 873

TTATTTATCACCTCTTTGATTTATATTGAAGTACGTATCACGCAATGAACTTTTACGTGTTT
CAATATATTTTCGGATAAATATCTAATTCAGATAATGCTTTTAGTATAACTTGATAATTTTT
TTGTGCATTAATCATTAAATGTCCGTCTGCTTTGTGCGACATTTTGTAAATTGGAATGCTCT
GCAAGATATTTTTCAGTTCTATCAAAGTCTTTATGATCAACAGTAACTATCGTTGTGTCAG
ATGCAACACCTTCCTCCATGTTTACATCTTGAACAAAATGTCCGTCTCTTAAAAATACAGC
TCTATCACAAATTAATTCAATATCTTCTAACTTATGACTTGATATTAGAATTCTCATATCA
AGTTCATTTACTAAAGACTTAATTGTAGTCAGCACATCAATTGAGCCATCTGGATCCATAC
CATTTGTAGGCTCATCCAAGATTAATAATTTAGGTTTATTCATTAAGATACTGCAATTGC
TAACTTTTGCTTCATCCCATGAAATTTCTTAACTTTCTTTTTAATAAAGGTCTCATAAC
CAAATGCATCTATAATTTTGTCTGTGTATGCTTTATCAAACCCTTACCTAATACTTGTGC
AAATAATTTCAAGTTATACAATCCTGATTTATTATCATATAATTTAGGATGCTCAATTA
AAACCGATATTATCTGCATTATCAATGTCTACTTTTCCATCAAATTTAATAATATTACCAT
TCATCACTTTCATAACGGTTGTTTTACCAACACCGTTTTTTTCTATTAATCCGACAATTCTA
CTATCGCCAAAGTCAAATCAATATCATTAAAACGACATTTGAGCCGATTTTTTTGTAA
TATGTTCTAATTTTCAT

> **nodI1**

Function: protein coding sequence; nodulation ABC transporter ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: nodI1_CC001-ST772_118_AJGE01000011.1[6782:7678:r]RC (completely identical)

Position: 051-contig_201: 6829 ... 7726; Length: 897 bp

Sequence:

TTAAAAACCTTCTTCCATCAATTTGATGTTTTTCATGATATTTAGGTTTTCTCTTTTCAAGAT
AAACCATTAAGTTCTCAATAGAAGGTGTAGTGATATTCACTTTATGACCTAAAATTTCTTT
AAATACTTGCGCATGTTCTGTTAATCCTATAAATCCCGTACGCTTATGTTCTTCATAAATA
AGTAGAGATGCTAATTCATCATCAAGGTCCTCAATAGCACCCTCACAACCTTGATATCTTT
GTAACAGTTGTTCTTTTGAACCATTAAAGATAACTTCACCGTCACTTAAGTGAATGATATA
ATCAGCTATTTTTTCTAAATCTGAGATAATGTGTGTCGACATGAATATTGTTTTATTTTCAT
CAATTAATTCTTGCTGAATTATCTCCAATAGCTCATTCTAGCTAAGGGATCAAGACCTGA
AGTAGGCTCATAAAAATATACAATTCAGCATGATGTGAAAATGCAACTGCTAGTGATAA
TTTCATTTTCATGCCAGTCGAAAATGTTTTTATTGATTTATTGATTGGTAAATCGAACTTTT
CAAGATAAAATTCAAATACTTGATGGTCCCATTTACGATAAAAAGGGGTAATCATTTTTT
CAAGTTGCTTCGTAGTCCATCTCTCATTAAATAATTTTCAGAGTAAACAAACCAATTCT
ATTCTTTAACTCTATCGGATTGAGAGCCATATCCTCTTCTAATACTCTAATAACACCAGTT
TGTGGTTGATACAAATCCATAATTAACCTTATTATTGTGGTTTTACCAGCGCCATTTCTAC
CAATAAAACCAGTGACGAATCCTTGAGGAACTTTGAAAGAGATATTCTTTAAATTAACCT
GATCACTTGAATAATTAACACTTAATTCTATGGCATTTCAT

> **Q5HEI3**

Function: protein coding sequence; aspartate transaminase (core genome, constant)

Best match: Q5HEI3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2041987:2043273] (completely identical)

Position: 051-contig_201: 9078 ... 10365; Length: 1287 bp

Sequence:

ATGAATCCTTTAGCCCAAAGCTTAAATGAACAACTTCAACAGTCAAATGCAACTGCCTTT
GCAATGTTATCTGACTTAGGTCAAATATGTTTTATCCAAAAGGCATTTTATCTCAATCTG
CTGAAGCAAAGAGTACAACATATAATGCAACTATAGGTATGGCGACAAACAAAGACGGA

AAAATGTTTGCATCATCTTTAGATGCAATGTTTAATGATTTAACTCCAGATGAAATATTCC
CTTATGCGCCACCACAAGGCATCGAAGAATTACGTGATTTATGGCAACAAAAAATGTTGC
GTGACAATCCAGAGCTATCAATCGACAACATGTCACTACCAATTGTTACGAATGCATTAA
CACATGGTTTATCTTTAGTTGGCGATTTATTTGTAATCAAGGTGACACTATCTTGTTACC
AGATCATAATTGGGGTAATTACAACTTGTTTTCAATACGAGAAATGGTGCAAACCTTCA
AACATATCCTATCTTTGATAAAGACGGGCATTATACTACTGATTCACCTGTAGAAGCTTTA
CAATCATAACAATAAAGATAAAGTCATTATGATTTTAAATTATCCTAATAATCCGACAGGT
TACACACCTACGCATAAAGAAGTGACTACCATCGTCGATGCAATTAAGCATTAGCTGAT
AAAGGTACAAAAGTTATAGCTGTTGTGGATGACGCATACTATGGTTTATTCTATGAAGAT
GTGTATACTCAATCATTATTTACTGCATTATCTAATTTAAATTCAAATGCAATATTACCTG
TTCGTTTAGATGGTGCAACAAAAGAATTTTCGCATGGGGATCCCGTGTGGGTTTATGAC
ATTTGGAACGTCTGATCAAACAATAAAGAAGTATTAGAAGCCAAAGTAAAAGGTCTTAT
ACGAAGTAACATTTCTAGTGGACCTCTTCCAACACAAAGCGCTGTTAAGCATGTATTTAA
AAATAATAACAATTCGATAAAGAAATCGAACAAAATATTCAAACATTTAAAAGAACGCT
ATGAAGTCACTAAGGAAGTTGTCTATGCTGATCAATATCATTACATTGGCAAGCCTATG
ACTTTAACTCTGGATACTTTATGGCAATAAAAGTTCATGATGTTGACCCTGAAGAACCTCG
TAAACATTTAATTGAAAAATATTCAATTGGTGTATTGCACTTAATGCAACAGATATTCGT
ATTGCGTTTAGCTGTGTAGAAAAAGAAGATATCCCACATGTATTTGATTCAATTGCTAAA
GCGATTGATGACTTAAGATAA

> **tx_map**

Function: rho-independent terminator of map

Best match: tx_map_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2043540:2043593:r]RC (completely identical)

Position: 051-contig_201: 10631 ... 10685; Length: 54 bp

Sequence:

TCTACAAATGTAAAAGGCACCCACGATTGTGAGATGCCTTATTATAAAATTA

> **map**

Function: protein coding sequence; major histocompatibility complex class II analog protein (core genome, variable)

Best match: map-MW2_part_CC007_TCH959-USA300_AASB02000005.1[6846:7192:r]RC

Position: 051-contig_201: 10688 ... 11035; Length: 347 bp

Sequence:

TTAGAATTTAAGTTCAATATCTACCTTTTTAATGTCAGTTGCTTTAAATACTCTTTCATCTT
TATACTCAGTTTTTAAGTCTACATATTTTGACGAACCATTTTTAAAATACACTTTATACAC
TGCGCGTTCAGCAAGTCCTATGTCATGTTAGTTATCCCTTGATCATTGCGCATTGCTGATT
TAAGTTTTATACTTAAATCATTAAATTGTAATTTGCTTGCATTATAGAACACAAATTCATT
TGAAACTATGTTTTCAAATTTATTTATTGTTACTGGGAATTTACATTATTAGATTTATTTA
TTTTTTTTTTGATTTAGTGTATTGTTTTACATCAATATC

> **map**

Function: protein coding sequence; major histocompatibility complex class II analog protein (core genome, variable)

Best match: map-MW2_part_Z262_LCL_10042.1[45974:47138]RC

Position: 052-contig_193_RC: 0 ... 1165; Length: 1165 bp

Sequence:

ATAAAATTGGTGTGATGTGCCATTTACTGCAATTGTGTATGGTACATATCTGTCCGCTTT
CGCTTTTGACCCTGTTTTAACAGTAATTTCAATTCTCTTAACATCTTTCGCATGAACTAAGT
TTGCTGTGTAATTTTTGAATTTAACTGTAAGATTCTTTTACCACCATTTTTAAAATAAACA
GTATAATAAGCTTTCTTAGCATATTTAAATCTTGTTCACTAATACCTCTATCATGCTTCAG
TACTGATTTTATTTGACTAGTTAAATTTTTGTAATTTGTCCAAGGTTTATTTGAAAATGAA
AGATTCGATAAAATGTTTGTAGATGTACCATTTAAATTAATTGAATATGGAACCTTGATAG
TTTCTTTTAGCTTTATTTTCGATATGTTTTTTGTATCTACGTTAATATTGATACTTTTAATA
TCACTTGAATTGATTAAATTCGCTGTGTAAATACCTGATTTCAAATCTATAACTTTCTTCG

TTCCATTTTTAAAATTAACCTGTATATTTTCGCTTGCTTCGAAAGTCTTAAATCAACATCAGT
AATACCTCTATTTGATTCTAAAACCTGATTTAACTTTACCCTCTAAATCTTTGTAACATAATAT
TTTGATTTTTATTAAATGTTAGGTTTGATAAAATGTTTTGGCTTGTGCCGTTCACTGTGATT
GTATATGGCACTTGAACATTTGCTTTAGCTTTATCTTTAGGTTGCTTTTTAGTATCTACGTT
AACACTGATAGCTTTAATGTCACCTGTATTGATTAAGTCAGCTGTGTAGATACCTGATTTCC
AAATCGATAACTCTTTTTGTTCCATTTTTAAAATGAACCGTATATTCCGCTTGCTTTGAAA
GTCTTAAATCGATATCACTAATACCTCTATTAAAGTATAAAAACCTGATTTAACTTTATTCTC
TATATCTTTATAACTAATATTTTGATTCTTATTAATGTTAAGCTTGATAAAATGTTTTGGC
TTGTGCCGTTACAGTAATTGTATATGGAATCTGGATGTTAGAATGTCCATGGTGTAATGT
ACTTGATGATTTATCTAATGGCTTAGCTGCGGCAGATGCTTCGTTAGTATTAAGTTTGCT
CCTGTTGATGCTATAACGCCTAATGCTAATGTTGTTGTAATCAATGACTTAAATTTTCAT

> **h1b**, disrupted - upstream fragment

Function: protein coding sequence; hemolysin beta, disrupted - upstream fragment (core genome, constant)

Best match:

h1b_CC008_COL_CP000046.1[2063726:2064718]#[2_150ANF&END]#h1b#[CDS:hemolysine beta]#[cc:72.8598:73.1883] MANUAL OVERRIDE

Position: 052-contig_193_RC: 1554 ... 2326; Length: 772 bp

Sequence:

ATGGTGAAAAAACAATAATCCAATTCATAAAAAAGTTGCAACACTTGCATTAGCAAA
TTTATTATTAGTTGGTGCCTTACTGACAATAGTGCCAAAGCCGAATCTAAGAAAGATGA
TACTGATTTGAAGTTAGTTAGTCATAACGTTTATATGTTATCGACCGTTTTGTATCCGAAT
TGGAGACTTTTAAACATAAAATTACTTATCATTCAAAAAGTAAAACAGCATAATATCAAGG
TTTATAACTTTTATCATTATCAATAATACCCATATAAAAATAAAATTTTAGGGACTTTTTAG
GGACTTTAAATTTAAAATTACAAGTTTAAATAGAAACATCAAAAATAATCACATGTTTGTGT
GGAATGTACACCCCAAAGCTAGACTGAAAAATCTATTTTTTGAGGTGTATTTTTATAGG
TAAATATAATAAATTAGAGTAGACAACCTCAGAATTTCAATTTTATAATAATATTGCTTGA
CATATCAAACCTAGATAGTACTATTTTGAATATATTATTATAATCAAAAATTCATTGTAAAC
TTTTAGACAAAAGGAAGTAATAAAAACGTGAAATTTAAAACAACCTAAAGAATGTAAAAG
TAATAATATCTTTAAAAGAAGTCAAGAAATTAATAATAGAGAAAGTGAAAAGGGTTGTTT
ATGGGGCATTAGCATGTTGATTCTACTTTTCTTATTGATTCTGTTTGAATAACTGCTTGT
CATCAAGCATTCACTTTATTAATTAGATTTTTTTACTTGGAGGTATCAT

> **Q6GFB6**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (mobile element)

Best match: Q6GFB6_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2032513:2032821] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 2326 ... 2635; Length: 309 bp

Sequence:

GTGAAGAACCATACAAATATAATTAATATCTTATTAGTTATAGTCAACTCATTAACTCATT
TTCTAACTCTAAACACCTCATTTTTTAATAGTTTCAGCATCGGATTTCTGTTTTATCATAGGG
GCTATATTTTTCTTGATCGGAATTTTTGTTGCAATATACGGTATGAAGCGAGCAACATATT
GGTTAACTTATTGATTTTATTTACCAATATTTTTTATTTTCTACACTTCTGTGTTTTACTTT
TGTTAAAATATATAGGATTTAAATTATTTATTTATGAAGGGTGTGTATTGTTATTTACCTA
A

> **scn**

Function: protein coding sequence; staph complement inhibitor (SCIN) (mobile element)

Best match: scn_part_phage_U01872.1[3690:3944:r]RC

Position: 052-contig_193_RC: 2924 ... 3179; Length: 255 bp

Sequence:

TTTTAATATTTACTTTTTAGTGCTTCGTCAATTTTCGTTATAAATCTTTTGAAGTTGATATTT
TGCTTCTGACATTTTCTTAAAGTCTTTTGACTTAAGAGCATAACATTGCTTTTAGACCTGAA
ATTTTTATAGTTTCGCTTATAATAAGTGTTTAACTTCCAGTAGCTAATTCATTAACATTTA

GTTTCATCTAATAACGATTTTAATTCATTAGCTAACTTTTCGTTTTGATATTCATTTCGATGTT
GGCAAGCTT

> **sprD**

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA D (mobile element)

Best match: sprD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2047917:2048058:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 3435 ... 3577; Length: 142 bp

Sequence:

GGTAAGCACCGAAATGCTTACCTACTTCCCATAAAACAATATAACACATATACATTGATTT
GGAAAGCGCAAAAATAAATTTAATACTAGCCCCGAAGGGGAGCAATACATAAAAAAATG
AAAGGCGCTCCTTGAAAACGCC

> **hlyB, disrupted - downstream fragment**

Function: protein coding sequence; hemolysin beta, disrupted - downstream fragment (core genome, constant)

Best match:

hlyB_CC008_COL_CP000046.1[2063726:2064718]#[2_150ANF&END]#hlyB#[CDS:hemolysine beta]#[cc:72.8598:73.1883] MANUAL OVERRIDE

Position: 052-contig_193_RC: 3578 ... 4713; Length: 1136 bp

Sequence:

AAGGTAATATTAACATAAAAATGGCTACTATTGCATTATCTAATTTTATTTAATTA AAAACAA
ATATATAGCAAAAAAAAAACTAGCCCCGAAGGCTAGCTTATGAATAGATGAAAATTTGAAC
ACATTGCTGTGTCTAAAATGATTATAGCATAATTTTAACTATTCTATAATAAATTAATTA
ACTTCATATGAAACTTTACACACTTTTTTTCAAACCTGCACTAACTTACCAAACTGCTTA
TTCGGTTGCTGCTATGTCTACCTCTCCGGTCGCAATATAGCGACGTTGTCCACTATTAGC
AATATAAGTAATCCATCTATGGGGGGCAATATAAACGCGCTGATTTAATCGGACAATCTT
CTTATATTA AAAATAATGATGTCGTAATATTCAATGAAGCATTGATAATGGTGCATCAG
ACAAATTATTAAGTAATGTGAAAAAAGAATATCCTTACCAAACACCTGTACTCGGTCGTT
CTCAATCAGGGTGGGACAAAACCTGAAGGTAGCTACTCATCAACTGTTGCAGAAGATGGT
GGCGTAGCGATTGTAAGTAAATATCCTATTAAGAAAAAATCCAGCATGTTTTCAAAGC
GGTTGTGGATTGATAATGATAGCAACAAAGGCTTTGTTTATACAAAAATAGAAAAAAT
GGTAAGAACGTTACGTTATCGGTACACATACACAATCTGAAGATTCACGTTGTGGTGCT
GGACATGATAGAAAAATTAGAGCTGAACAAATGAAAGAAATCAGTGACTTTGTTAAAAA
GAAAAATATCCCTAAAGATGAAACGGTATATATAGGTGGCGACCTTAATGTTAATAAAG
GCACTCCAGAGTTCAAAGATATGCTTAAAAACTTGAATGTAAATGATGTTCTATATGCAG
GTCATAATAGCACATGGGACCCTCAATCAAATTCAATTGCGAAATATAATTACCCTAATG
GTAAACCAGAACATTTAGACTATATTTTACAGATAAAGATCATAAACAACCAAAACAAT
TAGTCAATGAAGTTGTGACTGAAAAACCTAAGCCATGGGATGTATATGCGTTCCCATATT
ACTACGTTTACAATGATTTTTTTCAGATCATTACCCAATCAAAGCCTATAGTAAATAG

> **lukX**

Function: protein coding sequence; leukocidin/hemolysin toxin family protein (core genome, variable)

Best match: lukX_CC001-ST772_118_AJGE01000025.1[41511:42527]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 4950 ... 5967; Length: 1017 bp

Sequence:

TTATTTCTTTTCATTATCATTAAGTACTTTTACAACTTCACATTATGTGTCTTCCAATCAA
CTTCATATAATGCTGATAATTTTTCTTCTTTTTTATCTACATGGTTTTCCACCAGACCAATAG
CCCCAGAAACCATGACGATTCCAATCTATTTTAACTCATCCATTGATCTTTTATAATGAA
CAACAAATTTTGATTTACCTTCATCTTTTTTATCATGTGACATAACAGCTAAAAATTCTGG
ATTA AACCTTCAGAAACAGTTACAGGCATCTTATTCTTAGGCGTAAAATTATCTTTTCGCC
CATAAATTTCCATTTTCGTGTTAAAGAAAAGATTTCACTTTTAGTTCTATTATCACTATCATT
AGTTAATTGTCTCGTATGGTCATGTCCCATATTATTTATCAAATGTGCTTCTACTTTCCAAC
CTACACCTTTATGTGACGTAGATTGATCAAGTAATGTACGATACGATGGTTGTTGATAACT
AATCGTCTCTGAATAATTACTCTCTTTTGAATATTTCCAGTTAACCTCCACGATTAATC

GAAAAATCTCCACCTGTTTTATAACCATACGTATATTTAACTTCTCTTGATTCATCCTGATT
TTTTGGTGCAAAGTCAGTCACATTTGTATTGTTGTTGTCATCAACATTTTGAATTGAAACT
GAATAAGATCCAGGCCATCTTAATGTACTATTCCAATAACCATTTGGGTCTAGAATTCTTA
AACCACTACCTATTGTTCTTTTCGCTTTAATAAAATACTGTTTCTTTATCATAATTAGGTTCA
GTTAAGAAGTTAAATTGTAAGCTTTGAGTAATATTTTTTTGACTATCACTTGTGTAGCTG
TACGTGTATACATTTTAGTATCACCATCAAGATTCTTCTCAGAAACAGCTTTAATTTTCAGA
ATTAATTTTTGCATAAGAAGTAGCTGGTAATACAGTGAAAGTAGTCGATAGTGCTAACGT
ACAAATTGTGATATTTTTATATAGTTGTTAATCAT

> **lukY**

Function: protein coding sequence; leukocidin/hemolysin toxin family protein (core genome, variable)

Best match: lukY-MW2_Z262_LCL_10042.1[40098:41150]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 5988 ... 7041; Length: 1053 bp

Sequence:

TTATCCTTCTCTAAATGATTTATTATCAGAGTATTTATCAACGACTTTAACTGTTTTATTTT
TCCAATCAACTTCATAAGTGACAATTAATCTTTGACCATCTTTATTTTTTTCTAAAATTGG
AGGTGCATAATGTATTCCAGGTCTGTTTTTCAAATATCTTGATTTTCGTGTGTATGTTACTT
CAAATTGCGTTTTTCTCATTTGACTTTTCATTAGATAAATAAGTTAAAAATTCTGGATTA
GCCACTTCTTACTAATGCTGGGTATCTATTTTTGAAGCAAAGCTTAGTTCAGGGTTTTCT
ACAGTAGCAATTCTCGTATTTCTATAGAATAATAATTCATCATTCTATTTTTCACTTCTCC
ACCATACTTCAAGTCATTCGCAATAACTGACCAGTGTACATGCCAGTTATTATTTTTACCG
CTGGCAATTGTGTCATAATTTGCTGATTATAACTAATCGTTTTGGAGTAGCTATTTGATG
AAGTTCGTCCAATACCTTTCGTTGAATCGAATTTACCACCTGAGCTATATGAAATGTACT
GTCTACTTTTCGCAGTTGAAATTTTTATTTTTCGGCAATTGGTCTAATATTTTCAGTTTTACGAT
TTCTTTTTACTTGAAAATCTACATGGTACTCACTTGGATACTTTAACCAATTTGAATTTTTT
TCTTCTTTATGAGATTCAAATTTAAATTTGAATGAATTGAGCCTTGTTTTTAACAAGTA
ATACATTCTTGCATAAGTTGGATCATCGATAAAGTCGAATTTGAAATTTGGAGTATATT
TGTTTTCTCATATACTGTTTCAGTTCGTTTTGTGATTTTACCGTTTTTCCCAATATCATC
AGGTACTGTTGAATTTTTATCTTTATTAGTAACATTACGTTTGTCTTTTTGTTGAGACTTAT
CAACATGTTCTTTCTTATTTTGATCTTTCGAGTCTTTATGAGCTGAATTTGCTTGAGTCGTT
GCTGCTGATAACAATAAAATTGCACATGATAATGATGACGCTATTAACACGTTTTTTTA
TTTTTCAT

> **dapE**

Function: protein coding sequence; succinyl-diaminopimelate desuccinylase (core genome, variable)

Best match: dapE_CC001-ST772_118_AJGE0100025.1[38779:40002:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 7475 ... 8699; Length: 1224 bp

Sequence:

ATGACAACCTTTTAGTGAAAAAGAAAAATTCAATTACTAGCAGATATTGTTGAACTACAA
ACTGAAAATAATAATGAAATAGACGTTTGTAAATTTAAAAGATTTATTCGACAAGTAC
GATATTAATCTGAGATTTTGAAAGTTAATGAACACCGCGCCAATATCGTTGCAGAAATC
GGTAACGGCTCACCTATACTCGCATTGAGTGGTCATATGGATGTTGTTGATGCAGGAAAT
CAAGATAATTGGACTTATCCCCCTTTCAACTCACAGAAAAAGATGGCAAATTATATGGT
CGAGGCACAACAGATATGAAAGGCGGTCTGATGGCTTTGGTCATCACTCATTGAATTA
AAAGAACAATAATCAATTACCTCAAGGAACGATAAGATTACTAGCTACTGCTGGCGAAGA
GAAAGAACAAGAAGGTGCCAAATTATTGGCTGATAAAGGCTATTTAGACGATGTAGATG
GCTTAATTATTGCTGAACCAACTGGATCAGGAATTTATTATGCACATAAAGGGTCTATGT
CATGTAAAGTAACTGCAACTGGTAAAGCTGTCCATAGCTCAGTTCATTTATTGGTGACA
ATGCAATTGATACACTGCTTGAATTTTATAATCAATTTAAAGAAAAATATTCAGAGCTTA
AAAAACATGATACTAAACATGAATTAGATGTTGCACCCATGTTCAAATCATTGATAGGAA
AAGAAATTTCTGAAGAGGATGCAAATTATGCATCTGGTCTTACAGCTGTATGTTTCGATTA
TAAATGGCGGCAAACAATTTAACTCTGTACCAGATGAAGCTTCACTTGAATTTAACGTAA
GACCAGTTCCTGAGTATGATAACGACTTTATAGAATCGTTTTTCCAAAATATCATTAATAA
TGTGGATAGCAATAAGCTTTCACTCGATATTCCAAGCAATCACCGACCTGTAACAAGCGA
TAAAAATAGCAAATTAATTACTACGATTAAAGATGTAGCTTCTAGTTATGTAGACAAAGA

CGATATATTTGTTTCGGCGCTTGTAGGTGCAACAGATGCCTCTAGTTTCTTAGGTGATAAT
AAGGACAATGTTGATTTAGCTATTTTTGGACCAGGTAATCCATTAATGGCACATCAAATC
GATGAATATATTGAAAAAGATATGTATCTGAAATATATTGATATTTTTAAAGAAGCTTCC
ATTCAATATTTAAAAGAGAAATAA

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[819195:819303]

Position: 052-contig_193_RC: 8952 ... 8982; Length: 30 bp

Sequence:

TTCTTTTCGAAATTCTCTGTGTTGGGGCCC

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[1694829:1695052]

Position: 052-contig_193_RC: 9011 ... 9041; Length: 30 bp

Sequence:

TGGGAATCCAATTTCTCTGTGTTGGGGCCC

> **A1JUG1**

Function: protein coding sequence; putative sodium transport protein (core genome, constant)

Best match: A1JUG1_CC001-ST772_118_AJGE01000025.1[36969:38276:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 9201 ... 10509; Length: 1308 bp

Sequence:

ATGAACAAAGTCAACAAACCTTTATATTTTTATTTAATGCTTTTTCTTCTCTACAACATCAT
AGGTGCTCTTTTATTATATTTACCTTTCCTGGTAAAAAGCCAATATCTTTTTTAGATGCCC
TATTTATAGCTTCAAGTGCATTTACAGTACTGGCCTATCCCCAGTTGATATAGGATCTCA
GTTAATATACTGGTGAAATAGTAATACTATTATTAATTCAAATAGGTGGTCTGGGTATC
GTGACCGTAACCCTATTGACACTAGTATTTTTAAATAGAAAGATATCAATGAAAAATAGA
TTCTTGATTATGGTTACATGGAATATTGACGAACCTGGTGGTGTATTAAAGCTAATTAAC
ACTTGGCTATTTATAGTTTAGTCACTGAATTAATTGGTATGATTTGTTTGTGTTTATCTTTT
ATACCAAATTTGGTATAGGCAAAGGTTTATTTTTAAGCTTATTCACATCAGTATCAGCTT
TTAATAATGCTGGATTTGCCCTTTTTAAGAATAACTTAATAGATTATTCTAGTGATCCAAT
TGTCATTATTACAATCTCAATACTCATAATTTGGAGGTATTGGACATTTTGTCTGATGA
GACTTTATTAATTGTAAAAAATTGAGTAAATTATCTTTACATTCTAAATTAGTCTTAACTA
CAACTAGTATCCTAATAATTATAGGAGCTATTACATTCTTTTTATTAGAACAGTTTAAATAC
TATGCAACATATGGGACTAGTTGAAAAAATCGGAAATCTTTTTTCCAATCAGTAAACAAC
ACGAACAGCGGGTTTTAACAGTATAGATATAGCAAGCATTAAACAAATCTACCGCATTAAAT
GTTAATGCTACTTATGTTTATTGGTGGTGGCCCTCTCAGTGCAGCTGGAGGAATTAATAA
ACTACTTTTGCAGTTGCGTTTATTTTTGTACTAAATTATATACGTAAAGAAAATAATGTTT
CAGTATTCAATAAAGAAATATCTGACAAACATATAAAACTATCTATTGTTACCATTAATA
TCTCATTCTATTTATCAGCATCATTACTTTTATATTATCGATAATTAATCCGAACATATCA
TTAATCAAGTTATTATTCGAAGTGGTTTCTGCATTTCGGAACAGTAGGGTTAAGTATGAAC
CTTACCACAGAATATCATGGTATTACTAAAATAATTATTATATTCGTTATGCTTTGCGGTA
AAGTAGGACTATTAACCTTTATTAAGAACATTTATACCACCAAAAAGTCCTAAAAAATTACC
GCTACACTAAAGGACAAATTTATCTATAA

> **txbi_A1JUG1**

Function: bidirectional rho-independent terminator of A1JUG1

Best match: txbi_A1JUG1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2097322:2097367] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 10554 ... 10600; Length: 46 bp

Sequence:

ATTACATTAAAAAA ACTACCTAAACAGGTAGTTTTTTTATTTATTTT

> **attB_nySa4-var2**

Function: attachment site of genomic island nySa4 (mobile element)

Best match: attB_nySa4-var2_Z262_LCL_10042.1[36037:36137:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 11001 ... 11102; Length: 101 bp

Sequence:

GTGCATAATGTAATTTTCTAGTTAGTCAGAACTATAAACAGTTTTACATCATTCTTGGCAT
GCTACCCATGTTAGGTTGGTCATTATTTTTTTCTGGAATT

> **groL**

Function: protein coding sequence; 60 kDa chaperonin GroEL (core genome, constant)

Best match: groL_CC001-ST772_118_AJGE01000025.1[34817:36433]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 11044 ... 12661; Length: 1617 bp

Sequence:

TTACATCATTCTTGGCATGCTACCCATGTTAGGTTGGTCATTATTTTTTTCTGGAATTGATG
CTACAACCGCTTCAGTCGTTAAGAACATTGCTGCAACACTTGCTGCATGTTGTAATGCTGA
GCGTGTACTTTAGTTGGATCAACGATACCTGCTTCTAACATATTAACCCACTCGTTTGTA
GCAGCGTTAAAACCAACACCTGGTTCTGCATTTTTCAAGCGTTCAACGATGACAGAGCCT
TCTAATCCTGCATTTTCAGCAATTTGGCGAACTGGTGCAGTTAATGCTTTAAGTACAATAT
TCACACCTGTTTCAATGTCGCCTTCAGCTTCAATTTCACTTACTTTTTGGTAAACATTTACT
AGTGCAGTACCACCACCTGCAACAATACCTTCTTCAACTGCTGCACGTGTAGAGTTTAAA
GCATCTTCAATACGTAATTTACGTTCTTTAAGTTCTGTTTCACTTGCTGCACCTACCTTGAT
AACTGCAACACCGCCTGCTAATTTAGCTAAGCGCTCTTGTAATTTTTACAGATCAAAGTCA
GATTCAGTTTCTTCAATTTGAGATTTCAATTTGGCTAACACGTGCATCAATGCTGTTTTCGT
CACCGTCACCATCAACAACAGTGGTATTATCTTTAGTTACTTCTACTTTACTTGCAGTACC
TAACATATCAATTGATGCATCTTTTAAATCTAAGCCTAAATCATCAGTAATCACTTGCGCA
CCAGTTAAAATAGCTAAATCTTCAAGCATCGCTTTTCTACGATCACCAAACCAGGTGCT
TTTACTGCAACAGCTGTAAATGTACCACGCATGCGGTTTAGCACGATATTTGTTAACGCAT
CGCCTTCAACTTCATCAGCTACAATTAAGATTGGACGATTAGATTGAACCACTTGTTCTAA
TAAAGGTAAGATATCTTGGAAAGACGAGATTTTCTTATCTGTTACTAAAATGTATGGGCG
TTCTAATTCAGCAACCATTTTATCTGAATCAGTAACCATATATGGTGATTGATAACCACGA
TCAAATTCGATACCTTCAACCACTTCTAGTTCAGTGTTTAGTCCATTTGATTCTTCAATTGT
AATGACACCATCGTTACCTACTTTTTCCATAGCTTCAGAAATATAACGTCCAATTTCTTCA
TCTGCTGCTGAAATCGCACCTACTTGGCGCTATTTCAATTTTTATTTTCAACTTTTTGAGAATT
TTCATGTAATGCTTCTACAGCAACTTTAACTGCTTTGTCGATACCTTGACGTAAACCAACT
GGGTTTCGACCACTTGTAACATTTTTCAAGCCTTCTTGAATCATTGCTTGAGCTAATACTG
TTGCAGTTGTCGTACCGTCACCAGCAATTTCAATTTGCTTATTTGCAACTTCTTGAACACTAGT
TTAGCCCCCATATTTTCATATGGATCTTCTAATTCGATTTCTTTAGCAATCGTTACACCATC
GTTTCGTAATTAAGGTGCTGTAAACTCTTTATCTAATAACAACATTACGTCCTTTAGGACCA
ATCGTTACTTTAACTGCATTTGCTAATTTGGTCTACACCACGTAAACATTGCTTGACGTGCAT
CTTCAGAGAATTTCAATTGTTTAAACCAT

> **attB_nySa4-var1**

Function: attachment site of genomic island nySa4 (mobile element)

Best match: attB_nySa4-var1_empty_CC005_04-02981_CP001844.2[2089669:2089769]

Position: 052-contig_193_RC: 11072 ... 11102; Length: 30 bp

Sequence:

TTAGGTTGGTCATTATTTTTTTCTGGAATT

> **groS**

Function: protein coding sequence; 10 kDa chaperonin GroES (core genome, constant)

Best match: groS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2150463:2150747:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 12736 ... 13021; Length: 285 bp

Sequence:

TTATTC AATTACCGCTAAAATATCTTCTTCATTTAATACTAGATATGTTTCATTATCTCGTT
TAACTTCTGTACCAGCATATTGTTGGAACACGACACGGTCCCCTTCTTCACTTCAGGAGT

CACTCTTGTACCATCATTTAATAGACGTCCAGTTCCTACTGCAACGATAACGCCTTCGTTT
GATTTTTCTTTAGCACTATCAGTTAAAACAATACCACTTTTAGTTGTTTGTCTTGTCTTT
TTTCTCAATAATCACACGATTTCCAATTGGTTTTAGCAT

> **Q1Y5R7**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q1Y5R7_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2150922:2151665] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 13195 ... 13939; Length: 744 bp

Sequence:

ATGACAAGATTATGGGCATCATTGCTAACTGTTATTATTTATATATTGTCTCAATTTTTAC
CGCTTCTCATTGTAAAAAATTACCATTTGTACAATATAGTGGCATAGAAGTACTAAAG
CAGTCATTTACATACTTGTCTATTTTTAATCGCCGCCACGACGATTATTTAATTAA
TTTAAAAATTAATAATCCAACAAAATTAGAATTAGAAGTTAAAGAACCTAAAAAATATA
TCATTCCATGGGCATTGCTTGGATTGCATTGGTAATGATTTATCAAATGGTAGTGAGCAT
TGTATTAACGCAAATTTATGGTGGACAACAAGTAAGTCCTAATACAGAAAAGCTAATTAT
TATTGCTCGAAAAATACCTATATTTATCTTCTTTGTATCTATTATCGGTCCTTTATTAGAAG
AATACGTATTCAGAAAAGTAATCTTTGGAGAATTATTTAATGCGATTAAAGGTAATCGTA
TCGTAGCATTATTATTGCTACAACAGTAAGTTCATTAATATTTGCATTAGCACATAATGA
TTTCAAATTTATCCAGTTTATTTTGGTATGGGCGTCATTTTTTCATTAGCATATGTATGGA
CAAACGGCTTGCTGTTCCAATTATTATCCATATGTTACAAAACGGATTTGTCGTTATATT
CCAATTAATCCTGAAGCTTTGAAAAAAGCCACGGAACAAGCGAATTTTATATATCA
CATTTTTATTCCATAA

> **txbi_Q2YUD5**

Function: bidirectional rho-independent terminator of Q2YUD5

Best match: txbi_Q2YUD5_CC005_N315_BA000018.3[2075230:2075293:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 13933 ... 13997; Length: 64 bp

Sequence:

CCATAATATAAAAAACGAATCACACACGGATTATCGTCGCTGTGATTTCGTTTTTATTTTC
TTT

> **Q2YUD5**

Function: protein coding sequence; membrane anchored KP/DP repeat protein (core genome, variable)

Best match: Q2YUD5_Z262_LCL_10042.1[31916:33175]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 13963 ... 15223; Length: 1260 bp

Sequence:

TTATCGTCGCTGTGATTTCGTTTTTATTTTTCTTTTTATTTTCGCTTTACAAATAAGAATAGCA
TGATTGAAAATACCACCATCATAGAACATAACAATTGCTAGCCAACTTTTACTATATGCAG
TTGACGCACTTTTCTTATTATCTTCTTGTTTTTTAACTACTGTAAAATCGTCTTTTTTCATGC
GGTTCAAATGAGCGTTGTTTTGAATCCGGCTTATCTTCGGGCTTTTTCAAATCTGGCATTG
ATCCAATTTACCAGTAATTAATGCGAGTACTTGTTTCATCTAAATTACGATAGTACCTTTC
TGATTTCAATGGATTGAAATATTGGAATCTAAAGTAATTCGATTGCTGTTGTAATCCATTT
AAATATGCATTTCCGCTGAAATTTTGTTCGAATAATATTATAAATGTCTTCATCAGTAA
CTTCTCCATAATCTTTGCCCAACTTATTAATTTGATTTAAAATATACGGATTATACTTGTA
AGCCCCATTTGCCAAGGCTAAAATCGTTGGGATACAAAATCATTACCAGTAGGATTTTG
TGAGTTTCCTTGATTCCCATTTGGTTGCCATTGACCTTGATTAGATCCATCTGAAGCATT
GGGTTCCATGTTCCCCCATTTTTTCGAGCCACCAGAATGATTGGAATCCCCAGGTTGATCGG
GATCTGGTGACGGTTAGGATTTGGCTTATTAGGGTCTGGTTTTGGATTCCGATTTGGCTT
TGGTTTATCTGGATCTGGTTTTGGATCCGGATTTGGCTTTGGTTTATCTGGGTCTGGTTTTG
GATCTGGATTTGGTTTCGGGTTATCTGGATCTGGCTTTGGATCCGGATTTGGCTTTGGTTT
ATCTGGGTCTGGTTTTGGATCCGGTTTTGGTTTCGAGTTATCTGGATCTGGTTTTGGATTCG
GACTTGGGTTTTGGTTATTTGGGTCTGGTTTTGAATCTGTACTTGGGTTTTGGTTGTTTGAG
TCTGGCTTACATTATTCGAATCAGGATTAGCATCACGACTATTCGAACCTGTTCCCTTCAT
TACCCGTTTGATTTGATTTCGTGAGGTGTCCAGTCTCATTATTATTCATTTCACTATTTACT

GATGGTGAAGTTATATTATGATTCAAATTAGTAGTTGGTTTTTCTCCATTTAAGTTATCCTT
TGCTTCAACTGTGTGCGTTGCAAGCCCTAACTACTACTACTTAAAATTAATACTTGT
GAAAGTAACATTTTCTTAAACCAATGATATGACAT

> **Q1XYY6**

Function: protein coding sequence; putative nitroreductase family protein (core genome, constant)

Best match: Q1XYY6_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2105308:2105934]

Position: 052-contig_193_RC: 15419 ... 16046; Length: 627 bp

Sequence:

ATGGGGCTTATTTAAAAAAGATAAAAAAGCAATGACTTTTGACAATGCAATGGAAGAAAG
ACGTTCAATATATAATTTGAAAGATTCGATATCAATTAGCGATGACGAATTAGAATCAAT
GATTGCACATGCAGTTAAACATGTTCCCTTCATCATTTAATTCTCAATCAACTAGAATTGTT
CTCTTGTTAAATGACAACAATAATAAATTTTGGGATAACACAAAAGCAATTTTAAAAGAA
GTCATGGGAGAGAATCGTGATTTTCGAGCCAACTGAACAAAAAATTGATAACTTCAAACAT
TCATACGGTACAATTTTGTGTTTATGAAGATCAAGATGTTGTAAGTGGTTTACAAGAACAA
ATGCCAACTACTATGATAATTTTGAATATGGTCAACTCAAACAAATGCCATGCATCAA
TTTGAATTTGGACTGCATTAGCTACTAAAGGCATAGGTGCTTCATTACAACACTATAATC
CACTTGTCGATGAGATGACTTCAAATGAATTTAATATTCCTAAAAGTTGGAACTTATTGC
TCAAATGCCATTTGGTGATATTCGTGAAGCTGCTGGCGAAAAAACATTTAATCCAGTGGA
AGATCGTTTCGTAATAAAAAAATAA

> **P55177**

Function: protein coding sequence; putative C-N hydrolase (core genome, constant)

Best match: P55177_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2154121:2154906] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 16406 ... 17192; Length: 786 bp

Sequence:

ATGAAAGTCCAAATTTATCAATTACCGATTATTTTTGGAGATAGTTCTAAAAATGAACT
CAAATAACGCAATGGTTCGAAAAAATATGAATGCTGAAGTAGATGTAGTCGTTTTACCT
GAAATGTGGAATAATGGCTATGATTTAGAGCATTAAATGAAAAAGCAGATAATAATCTA
GGACAAAGTTTTTCATTTATTAACATTTAGCTGAAAAATATAAAGTCGATATCGTAGCT
GGGTCAAGTTTCTAACATTAGAACTATCAAATATTTAATACAGCTTTTAGTGTGAATAAA
AGTGGCCAGCTGATTAATGAATACGACAAAGTTCATTTAGTTCCTATGTTAAGAGAGCAT
GAATTTTTAACCGCTGGCGAAAAACGTAGCTGAACCCTTTCAATTGCTGACGGTACTTATG
TGACCCAACCTTATCTGTTATGATTTACGTTTTCCAGAATTATTAAGATATCCTGCTCGTAG
TGGTGCTAAAATTGCATTTTATGTGGCGCAATGGCCTATGTCACGTCTTCAACATTGGCAT
TCATTACTAAAGGCACGTGCAATTGAAAATAATATGTTTGTCAATTGGAACATAATAGCACT
GGATTCGATGGTAACACAGAATATGCTGGTCATTTCGATAGTTATAAACCCAAATGGAGAT
TTAGTTGGAGAATTAATGAATCCGCAGATATTTGACTGTAGATTTAACTTAAATGAA
GTAGAACAGCAACGCGAAAAATATACCTGTATTTAAAAGTATTAATTAGATTTGTATAAA
TAA

> **rnaIII**

Function: regulatory RNA III (core genome, constant)

Best match: rnaIII_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2155157:2155670:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 17442 ... 17956; Length: 514 bp

Sequence:

AAGGCCGCGAGCTTGGGAGGGGCTCACGACCATACTTATTATTAAGGGAATGTTTTACAG
TTATTTTTTCAATCTATTTTTGGGGATGTTATTAATTATGAAAAAATTTTATTTATCAAAT
AATGATAAATCGATGTTGTTTACGATAGCTTACATGCTAGAAATAATTATCTGTAATGAT
AATTAAGAAAAATACATAGCACTGAGTCCAAGGAACTAACTCTACTAGCAAATGTTACT
CACTTGCTAATTTTACATGGTTATTAAGTTGGGATGGCTTAATAACTCATACTTTTAGTAC
TATACGAAGATAACAAATTTACAATGAAAGTAATTAATTATTCATCTTATTTTTTAGTGAA
TTTGTTCACTGTGTCGATAATCCATTTTACTAAGTCACCGATTGTTGAAATGATATCTTGT
GCCATTGAAATCACTCCTTCCTTAATTAAGATAAAAAATTCTTAAAATTAACAACATCATCA
ACTATTTCCATCACATCTCTGTGATCT

> **hld**

Function: protein coding sequence; hemolysin delta (core genome, constant)

Best match: hld_CC005_N315_BA000018.3[2079076:2079210:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 17791 ... 17926; Length: 135 bp

Sequence:

```
TTATTTTTTAGTGAATTTGTTCACTGTGTCGATAATCCATTTTACTAAGTCACCGATTGTTG
AAATGATATCTTGTGCCATTGAAATCACTCCTTCCTTAATTAAGATAAAAATTCTTAAAT
TAAACAACATCAT
```

> **agrB**

Function: protein coding sequence; accessory gene regulator B (core genome, variable)

Best match: agrB-II_CC001-ST772_118_AJGE01000025.1[28753:29316:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 18161 ... 18725; Length: 564 bp

Sequence:

```
TTGAATTATTTTGATAACAAAATTGACCAGTTTGCCACGTATCTTCAAAGAGAAATAAC
TTAGATCATATTCAATTTTGCAGTACGTTAGGGATGCAAATTATAGTTGGTAATTTTT
TTAAAATACTTGTAAACATATAGTATTTCTATATTCTTAAGTGTATTTTGTTTACCTTAGTT
ACACACTTATCCTATATGTTAATACGCTATAATGCACATGGTGCTCATGCAAAGTCTTCGA
TACTTTGTTACATACAAAGTATTTAACATTTGTATTTGTACCTTATTTTCTAATTAATATA
GACATTAATTTTACTTATTTACTGGCCTTATCTATTATAGGATTGATTTCCGTTGTTATTTA
TGCACCTGCAGCAACGAAAAGCAACCTATACCAATAAAAATTAGTAAAACGTAAAAGT
ATTTATCTATAATTATGTATTTATTAGTTTTGATTCTATCCTTAATAATACATCCATTTTAT
GCTCAATTTATGTTATTAGGAATTTTAGTAGAATCTATTACATTATTACCTATTTTTTTCC
TAAGGAGGATTA
```

> **agrD**

Function: protein coding sequence; accessory gene regulator D (core genome, variable)

Best match: agrD-II_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2156442:2156585] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 18727 ... 18871; Length: 144 bp

Sequence:

```
ATGAATACACTTGTTAATATGTTTTTTGATTTTATAATTAATTAGCTAAAGCAATCGGAA
TTGTCGGTGGCGTAAACGCTTGCAGCAGTTTATTTGATGAACCTAAAGTACCCGCTGAAT
TAACGAATTTATACGACAAATAG
```

> **agrC**

Function: protein coding sequence; accessory gene regulator C (core genome, variable)

Best match: agrC-II_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2156615:2157898] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 18900 ... 20184; Length: 1284 bp

Sequence:

```
ATGGAAACAATAACAACCTTAGCTATGGCCACTTTTCAATTAGTAATACTTTTTACAGTA
GCCAAATTCATTTCTTTGTTAAATTTAATTTAAGGGATTATTTTATTATAGTTGGAATTAT
AATTCCAACCATGTTTTTGTATTACTTCTATGGAAGTAGAGCCGTATTGATTCCAACTTTT
TCATCTATCATATTTTTATTCTTTAAATTAAGTACTATGCAATAGTAACAATTTTAGTGA
CCATGATCATAATGTATTTGAGTAATTTTGAACAGTAGGTTTGTTTTTAACTTTAAGAAA
ATACACTACTGATCCTGCAATACTCTTACCATTATATATACTTTCTTTTTCATCAGTTTCAT
TATTAGCGACATATTTGGTAAGAATATCTCTAAAGAAATTTAAAAAATCATACTTATCTTT
AAATAAACTTATATGATTATAATTTCAATTCGTATTATTTGCAACATTTGCATTTTTTTATA
TTTATTCTACAAATACAAGTTCAAACGGTGATAGCTTAATTCCATATGCACCTTGTATTTAT
AGGATTAATAATTTTTATCTCTGTTGTAATACTTATAATGTTCGCTTTTCACCCTTAAAGAG
ATGAAATACAAACGAAATCAAGAAGAAATTGAGACCTATTACGAATACACATTAAGAT
TGAAGCAATTAATAATGAAATGCGCAAGTTCCGTATGATTATGTCAATATCTTAAACGAC
ACTTTCAGAATACATTCGCGAAGATGACATGATTGGTCTACGCGCTTATTTCAATAAAAA
TATTGTACCTATGAAAGATAATTTGCAGATGAATGCTATTAATAATTAATGGTATCGAGAA
TCTTAAAGTACGTGAGATAAAAGGCTTAATTACTGCGAAAATTTTACGTGCACAAGAAAT
```


GAATATTCCAATTAGTATCGAAATACCCGATGAAGTAAGTAGCATTAACTTGAATATGAT
CGATTTAAGTCGCAGTATTGGTATTATTCTTGATAATGCAATTGAGGCATCAACTGAAATT
GATGACCCTATCATTTCGCGTTGCATTTATTGAAAGTGAAAATTCAGTAACGTTTATTGTTA
TGAATAAATGCGCTGATGATATAACCACGCATTCATGAATTGTTCCAAGAAAGTTTTTCTAC
TAAAGGTGAAGGTCGTGGTTTAGGTCTATCAACTTTAAAAGAAATTGCTGATAATGCAGA
CAATGTCTTATTAGATACAATTATCGAAAATGGTTTCTTTATTCAAAAAGTTGAAATTATT
AACAACTAG

> **agrA**

Function: protein coding sequence; accessory gene regulator A (core genome, variable)

Best match: agrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2110092:2110808] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 20202 ... 20919; Length: 717 bp

Sequence:

ATGAAAATTTTCATTTGCGAAGACGATCCAAAACAAAGAGAAAACATGGTTACCATTATT
AAAAATTATATAATGATAGAAGAAAAGCCTATGGAAATTGCCCTCGCAACTGATAATCCT
TATGAGGTGCTTGAGCAAGCTAAAAATATGAATGACATAGGCTGTTACTTTTTAGATATT
CAACTTTCAACTGATATTAATGGTATCAAATTAGGCAGTGAAATTCGTAAGCATGACCCA
GTTGGTAACATTATTTTCGTTACGAGTCACAGTGAACCTTACCTATTTAACATTTGTCTACA
AAGTTGCAGCGATGGATTTTATTTTTAAAGATGATCCAGCAGAATTAAGAAGCTCGAATTA
TAGATTGTTTAGAACTGCACATACACGCTTACAATTGTTGTCTAAAGATAATAGCGTTG
AAACGATTGAATTAACCGTGGCAGTAATTCAGTGTATGTTCAATATGATGATATTATGT
TTTTGAATCATCAACAAAATCTCACAGACTCATTGCCATTTAGATAACCGTCAAATTGA
ATTTTATGGTAATTTAAAAGAACTGAGTCAATTAGATGATCGTTTCTTTAGATGTCATAAT
AGCTTTGTCGTCAATCGCCATAATATTGAATCTATAGATTCGAAAGAGCGAATTGTCTATT
TTAAAAATAAAGAACACTGCTATGCATCGGTGAGAAACGTTAAAAAATATAA

> **frk**

Function: protein coding sequence; kinase/pfkB family (core genome, constant)

Best match: frk_Z262_LCL_10042.1[24892:25851]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 21287 ... 22247; Length: 960 bp

Sequence:

TTAAAATGCTTGTTCAACCTCTTGTAATGTTGGCAAACCTATTAATGGCACCATACTTCGTT
GTCACTATTGCAGCAACGCGATTGCTAAACGCTAAAATTTCCCTCACCTTCATTTTCAAATA
ACTGAGTTAAATTTAACACATCGGTTGCTAAAATCCTGCTAATAACTGCACCAATAAAAAG
CATCCCTGCCCCAGTTGTATCAACAGGTTTTACCTTATAGCCACTATGATAATGATTAAT
ACCATTTTTCAAATATACGGCAGCACCATCTGCTCCCTTCGTATAAATGACTACAGTAACA
TTACCTGTAATAAATGATTGAATGGCTTCATTTTCATCATGAATACCTGTAATAAATTCTA
ATTCTTCATCTGAACTTTTACAATATGCGCCAATGGCAAAAAGGTATGAATAGTTTGTCT
TAAATCTTCAGCGTTATCCATAATGGCAATCTTACATTAGGATCAAATACGACAGTACC
ATTTGCATTTAATGTTTTGGTAATCAATTGATAATGTGCATCTCTCATCGGACTATCGACC
AAATCAACAGAACAAAATGTACTACATCATTTTCATTCACATCAATATCATTACAAAA
CTTGGTTCAAATAACATATCAGCAGAGGGCTTACGATAAAAAGAAAAATCTCGCTCGCCC
GCTTCAGTCAAACCTCACAAAAGCTAACGCAGTGTGTTGCTTCATTTCGTGCGATAACTTTTTG
ATACATCTACACCAATACTTGATATCGTTTCAATAATGCTATCTCCAAATGCATCATTACC
TAATTGTGTAATCATATACGCTTGTGTCCTAACTTTTGAAGTGTACAAGCTACATTGCAT
GGCGCGCCACCAATTTGCTTCGTAATGTTTGAACATCTTTTAATTTTCGATTTGTAACAT
TTGAATAAAAATCAATTAACGCTTCTCCTATTGAAAATAGACGTCTCAT

> **scrB**

Function: protein coding sequence; sucrose-6-phosphate hydrolase (core genome, constant)

Best match: scrB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2159961:2161445:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 22243 ... 23728; Length: 1485 bp

Sequence:

TCATTTATGTTTCATCCTTTAAATCATATTTAGTAAATTGTAAATATACTTGCCCTGATTCTG
TTGATGTTTTAATACCTAGTGCCTTCTGTCGGGAAAATTCGAGATGTCAAAACACGTTT

CCCATCATTACAGAAAATTTCTATACTAGATGTATCAACAAAAATTTGTAATTGCTTTAAT
GGCGTGTCTAATATCGTACTACGCGTCGTACCTTCAACATTTGTCGGCAATAAACCCTGT
CGCTGCGATCTAATGTTATTTTATTTTCACGCTTGTATAAGCAATTAATGTTGAAGAAGT
CTTAGATGTACGTAATTCAAAGTACACTTCGGTAGCATCATTATCCAAAATATCTATGATT
AATTCATACTGTTTACCTTCATACGGATGTAATTTTCGAGTAAATTTATTTGCGTAGCCTA
ATGCTGTCTCTTTATTGTGACGTAATTTTCCAACGCTGGATATGGACGTTGCTTAAGTTG
ACCATTTTCTACATTTAATACACGAGGAATTGTTAAGCAATGGGCCCATCCTTCATTATCA
GTAGGATATTTCGATTTCCGGTAACCCCATCCATCCAATTAGTACTCGTCGGCCTTTTTTCAT
CTAAAAATGTTTGAGGTGCATAGAAATCAAAGCCATTATCAAGCTCGACAAAATTTTCAT
GTTTCATATGTTAACTTTTCAATATCAAACCTTTCCAAGTATATAACCCTTTGATAAATATT
TTTGAAGTATTGCCTTTTGGTTCAATACCTTGTGGACAAAATAAGTATGACATCTTGATTA
TCTAAATTAAGTAATCTGGGCATTCCCACATATATCCAAAATCATCTAACTCTGTATTTA
TTTCACCTAAATAATGCCAATTAATTATATCTTCAGTATTATAAAGTAATAATCGACCTTG
CTGATCATTATTTTGTGCGCCAATGATTGCATAATATTTCTCACCATATTTAAAACTTTA
GGATCTCTAAAATGACTTGTATATCCTTCTGGTTGCTGGCTAATTAAGTGGCTTTGGAACT
TTTCAACTGAACCGTCTTCTTTCAATCGTGCGATCATCTGACTCGCATGTCGTTGCCAATG
ATTATCTCGATGATTTCCCTGTGTACATATAATATAAATGCCCGTTATATTCAAAGCGCTA
CCGCTATAAACACCATGGCTGTCATATTTAGTATCTGGATTTAATATTGGCCCTTCAGGTT
TAAAGTTTATTAAGTCATCACTCGTGTAGTTATACCAATACTTTAAGCCATGTAAGTGGCC
TAATGGGAACCATTGATGTGAAACATAATACTTCCCTTTATAAAAAATAAGTCCGTTGGG
ATCATTTAATAAACCTGTTTCTGGTTGTATATGAAATTGTTGACGAAATTTTGATTGATCA
ACTTGTGTTTAAATGTTTAAAATACTCAGTATCAACGTCCTCGATTGTTGATAACGTT
CTTCTCTAGTCCATTCGGTCAT

> **scrR**

Function: protein coding sequence; sucrose operon repressor (core genome, constant)

Best match: scrR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2161594:2162544:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 23876 ... 24827; Length: 951 bp

Sequence:

CTAAATATTAACATCTACTGTGACGCTATATGGCATAATCTTGCTTTTTAAGCATCTGTTGT
ATCTCTTCCATCGCGCATTGGCCAGCTTCAAATAAATTATAATGAATTGTTTTTATCGATG
GAGACACTAATTGTGTCATTGGGTCACCACCAAACCATATATTTGATGTGGTTTCATAA
CATCATTTTTATCAGAATAAATTTATAGGCAGCTAATGCAATCGTATCAGTTGCTCCAAC
AACCGCATCTACTTGCTCCACATTTTCAAACATTTGCAACATCTTTTTGTGCTTCCACA
TAAGTAAAATTTGTTTCATGTATATTAGGTTTAATTTGGTATTTAGCTAACTGGTCAAGTA
AACCACGTTTTCTATGTATACCAACTGCAATATCTTTTCACTTACACTAAACACTTCAAC
TTGTTGATATCCCTGTTGACCAATCCATTCGCCTATAATTTGACCTGCTTTATAATCATCAT
GCACAATACTATGAAGTTGTTTCATGTTGTTGACCAACAATAACGATTGGTACATTCATTTT
ATTAATGACTTCAATATGTCTCTCTGTTATGTCTGTAGCCATTAACAATAACCATCTACT
TACTGCGTGCTAATGTTTCAAGCGCTTGTATTTCTGCTTCGATATTTAAACCTGTGTAATT
TAAAATTAATTGTGATTCATATTTTTGGCATTGTTTTGCCAATCCTTTGATTGTTTCATCTA
CTGCATATGAATTCATTCTAGGTATAATGGCACCAATAAGGTGTGTTTGTCTCGCTCTTAA
ACTTTGAGCAAATTGATTCGGTTGATAGTCATGTTCTGCTATAAATTCTTGTTAATTTTTCAC
TTGTTTTTTTACTGACAGATCCATTATTTAAAAATCTAGATACTGTGCTTTTTGAAACGCCT
GCCAATTTGGCAATATCAGATATATTTTTTCAT

> **nrgA**

Function: protein coding sequence; putative ammonium transporter (core genome, variable)

Best match: nrgA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2162727:2163977:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 25009 ... 26260; Length: 1251 bp

Sequence:

CTAATATCGAATATGTTTTATTGAATCTATTTAGCTCACCTTCAAAGTAAGCATGTTCCACCG
TGAACAATCTTGTCTAATCCTATATTCGTTTCTTGTTCGGTAACAGATAATGGTGTAAATTA
ATTTAATTAATTTTCGCAATAATAAACGTCATGACGATACTAAAAATTACAACCTGCTGTTAC
ACATAATATTTGTACAAGTATAATATGTATGTCACCAGTATAAATAAAGCCATTCTCAAT

GTCAGGATTGGCTTTTTTACTTTGGAAAACCTGCTGTTAAAACAGCACCAATAATACCACC
AACACCATGAATACCAAATGCATCTAATGCATCATGATATTTTAGTTTTACCTTGATGTAA
TTAATGACAATATAACAACAGATACCTCCTATTAAGCCATTATTGTTGCACTAAGATAT
GTTACATATCCTGCTGCAGGAGTAATAACAATAATCCTGCTAATGCACCGAGTAAAAGT
CCAAGTAACTTGTCTGCTTTTTTAAAAATATATTCTAAAATTAACCAACCTATAGCACCTG
CACTGGCTGAAATGACAGTATTTGTAATGCAAGCATCGCAATATTATCAAATGTAAAAG
CACTACCTACATTAATCCATACCAACCAATCCACACGAATATACCGCCAATCAACGTAA
TGATAAGATTATGTGGTGTGATTGAGAAATGTTTGTTCCTTTTCCAATCATAATAGCTAA
TACTAAACAGAAACACCTGATGTAATATGAACAACCGTACCTCCAGCGAAATCTAATAC
ACCGAGTTTATTAATCCAACCGCCGCCCAAACCAATGTGCTACTGGACTGTATACAAG
AGCAGTCCATATTACTACGAATAATAAATAAGGAATAAACTTCATTTTCTCAGCGATTGA
ACCAGATAAAATAGAAATTGCAATCGTACAAAACATCATTGAAATAACATAAAACAAAG
CGAAAGGAATATGTGGGCTAATATCTTCTTGAGTCGAAAACCTACATGATTAAGAAAAG
TATATTCCCAATTTCCGAACCATAAATTCCTTCCCAAACTAATTGTAAAACCAACTGT
TATCCATACAAATGTAACAAGCACAATTGCTGCCATACTTTGCATGACAGTATTAAGCGC
ATTTTTAGATTGAACTAACCCACCATAAAATAAACTTAATCCTGGTGTCAATTAACCAAAT
ATAATGTACACAAAACATAAATATCGTATCGTTAAGATTCAT

> **Q5HEF7**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HEF7_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2164185:2164409:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 26467 ... 26692; Length: 225 bp

Sequence:

TTAAACTTTTTGAATTGTAATTGTCCATGAAGCATTATCAATTTGTTTCATAGTTTGTTATAG
GATAACCATTTTCTGCAGCCCAATTTGGAATGGCTTCCGTCGCTTGCCTGCAATCAAATC
AATTTTAAATTCATCTCCAGATTGCAATGTTGCCATTTTCTTTTGCCTTCAATTAACGGAA
ATGGACATACCATTCTACTGTACCTAATTCGTGTATCAT

> **DUF395**

Function: protein coding sequence; domain of unknown function 395 (core genome, constant)

Best match: DUF395_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2116641:2117720:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 26751 ... 27831; Length: 1080 bp

Sequence:

CTATACTATTTGCGTTTGCTGTTAACCTTTGCAGATTGTTGTTGTACTTTTTTTCATTGGAC
GAACAAAGATAAAAATGACTCATTGTCCATACACCAACTATCATTGATGCTAGCGCAATCC
ATCCTTGCCAAGTCATCGTTGCTGTTTCAACCAAACCGTTACCGATAGAACAACCACCAG
CAACTGACGCACCAAATCCCATACATATGCCACCAATAGCACTGTTTCGTATTGTAATCTT
ATCTGGCAATCGCCATTTAAATTCTCTTGATCCTCTAGCTGCAATATATGAACCAATGAAA
ATTCTAGAACTAAAAGACACCCCAATCAATAAATTTAGTTTCACCTGTAATCAAAAAG
TGTAATAAATTTGCTGATGGCGTTGTTATACCTAAACCGTCATTTCTTCCAGTTGATGCAC
TCATTGGCCAAGCTAAGAGTGCATAAGTCCAATTACAATTGCTGCAATAAATGGATGGT
ATCGTTTTTTCGAAAAGGTAATATCTAATACCTGTATAACGTTGCTTTAGTTTTGGAACAGC
AACTCGAACTTTCTTATTATTGAGTGTCTTACAACCTAGAAAAATGGTGATTATAGTTAAT
ATAACGACTAATCCCCAAAACGGAATGCCAGTTGTTTGAGACATATCACTATTTACATTC
GTTGGTTGATTAATTTTATCCATTACTGGCTTTAAAATCCCTGTTTTAGTGATTGCTGCAGT
AACAGCATATAATACTAATGCAATCCAACCTACCAATTAGCCCTTCACCAGCGCGATACCA
AGTACCTGTTGCACACCCTCCAGCCAATACTATTCCAATTCAAAAAATAAAAGAACCTAT
AATTGTTCCCAATATTGGAAAACCTATGTGCAGGAATTTTTAAAATATCTGTTGCCGTCAA
ATCAATAATCCTATACTTTGAATAGTAATAGCGATTAATAATGCATAGAACATCTTATTAT
TCTTTTGCACATACATATCTCGAAAGCCACCTGTTAAACAAAATCTTGTTCTTTGCATGAC
AAAACCTAAGAGTCCCCCGACAATTAAGCCACTAAAATCATCCACAT

> **rex**

Function: protein coding sequence; redox-sensing transcript repressor (core genome, constant)
Best match: rex_ST425_LGA251-cow_FR821779.1[2052020:2052655:r]RC (completely identical)
Position: 052-contig_193_RC: 28134 ... 28770; Length: 636 bp

Sequence:

```
TTATTCACTGTAATTTTTTCATAAAGAATAATAACGACTGTAATTCTATACCTAAGTCAATT
TGATGTA CTTGCACATCTGAAGGCGTATTAATTCTACCAGGAGTGAAGTTTAAAATACCT
TTCACACCAGCTTGGACGAGTTCATCTGCAACTTTCTGTGCAACTCTTTCTGGTGTAGTTA
GAATCACAACATCTATTTCTTCTTCTTCAATGTTGTTATTAATTCATCGTTATCTTTTACA
ATAACGTTCCCTATTTTCTGGCCAATAACATCTTCTTTTACGTCAAACGCTTCTGTAATCGT
CATATCGTCATGTATTGAAAAGTTATATGTGAGCAAAGCTTTCCCTAGGTTCCCAACTCCG
ACAATTGCGATTTTGTATCATGTCCTCTCGCTTAGTTTCAGATTTAAAGAAATCCAATAAAC
TATCTATATTATATCCGTACCTTTTTTACCTAATTCGCCAAAATATGAAAAGTCAACGACG
AATTGTTGCCGAGTCAATTTGTAACGCATCGCTAATCGCTTTTGAATTTACACGATCTATA
CCTTTAGATTTTAATGAACTGACAAATCTATAATATAACGGCAAACGTTTTAAAGTTGCTC
GAGGAATTTTAACTTGGTCACTCAT
```

> Q1Y630

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)
Best match: Q1Y630_Z262_LCL_10042.1[16188:18116:r] (completely identical)
Position: 052-contig_193_RC: 29022 ... 30951; Length: 1929 bp

Sequence:

```
ATGATACTTTTACAACCTCAATCATATATCAAATCGTTTCGATGGTGAAGATATATTTACTG
ATGTTGATTTTGAAGTAAAACTGGTGAACGAATTGGTATCGTAGGAAGAAATGGCGCCG
GTAAATCAACATTGATGAAAATTATAGCTGGCGTAGAAAATGATTCTGGAAATGTGT
CAAAAATTA AAAACTTAAACTAGGTTATTTAACTCAACAAATGACTTTAAATTCTAATG
CAACAGTTTTTGAAGAAATGTCAAACCATTTGAACATATTAACGAATGGAAAGCTTAA
TCAAAGAAGAAACAGATTGGTTATCAAACATGCAAATGATTACGATAGTGATACATAT
AAAACACATATGTCCCGTTATGAATCTTTATCGAATCAATTTGAACAATTAGAAGGATAT
CAATATGAAAGTAAAATTA AACAGTACTTTACGGGTTAAATTTTAGTGAAGAAGATTTT
AATAAACCTATCAATGATTTTAGCGGTGGCCAAAAACACGTTTATCTTTAGCTCAAATG
CTATTAACGAACCTGATTTATTACTTTTAGATGAACCTACTAACCCTTAGATTTAGAAA
CGACAAAGTGGCTTGAAGATTATCTACGTTATTTTAAAGGTGCAATCGTCATCATCAGCC
ATGATCGTTACTTTTTAGATAAAATAGTTACTCAAATTTATGATGTGGCTTTAGGTGATGT
CAAACGCTATGTTGGTAATTACGAGGAATTTATACAGCAACGGGATTTATATTATCAAAA
ACGAATGCAAGAATATGAAAGTCAACAAGCAGAAATAAAACGATTAGAACTTTTGTG
AGAAAAATATTACCCGTGCTTCAACAAGTGGAAATGGCAAAAAGTAGACGTAAGATTTTA
GAAAAAATGGAACGCATTGATAAACCAATGTTAGATGCCAAAAGTGCAAATATTCAATTT
GGCTTTGACCGGAATACAGGTAATGACGTCATGCATGTAAAAAATTTAGAAATCGGTTAT
CAAACGCAATTACCAACCTATCAGTATAGAGGTCTCTAAAGGCGATCATATAGCAATC
ATTGGGCCAAATGGTATTGGAAAATCGACCTTAATTA AAACTATTGCTAATCAACAAAAA
GCGCTTAATGGCGATATTACTTTTCGGCGCAAATTTACAAATTGGTTATTATGATCAAAAAG
CAAGCAGAATTTAAATCTAGTAAAACGATTTTAGATTATGTGTGGGATCAATATCCGTTA
ATGAATGAAAAAGATATTTCGAGCAGTTCTTGGACGTTTCTTATTTGTACAAGACGATGTT
AAAAAGATAATTAATGATTTATCTGGTGGTAAAAAAGCACGTTTACAACCTAGCACTACTT
ATGTTGCAGCGTGACAATGTACTTATTTTAGATGAACCTACCAACCCTCGATATAGATT
CAAAAGAAATGTTAGAGCAAGCACTCCAACATTTTGAAGGAACAATACTATTTGTTTCCC
ATGATCGTTACTTTATTAACCAATTAGCAAACAAGGTATTTGATTTAACAATTGATGGCG
GAAAGATGATTTAGGAGATTATCAATATTACATTGAAAAAGTTGAGGAAGCGGAAGCG
TTGAAAGCGCACCAAGAAGAACAGTCAGTTAACGTACAAGCACATAAAAAGTCTATGGA
ACAATCGTCGTATCATAACCAAAAAGAACAAGACGTGAACAACGCAAACCTTGAACGAC
AAATATCCGAGTGTGAAAATGAAATAGAACTTTAGAGACTACTATCTTACAAATAGACG
AGCAATTAACCCAACCAGAAGTGTATAACAATCCACAAAAAGCAAACGAATTAGCTATC
CAAAAACAAGATAGCGAACAAAAATTAGAACACGCTATGTCTAAATGGGAAGAATTACA
ACAAAAACTATAA
```

> **mutS3**

Function: protein coding sequence; DNA mismatch repair protein domain-containing protein/locus 3 (core genome, variable)

Best match: mutS3_Z262_LCL_10042.1[14215:15825:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 31313 ... 32924; Length: 1611 bp

Sequence:

```
ATGAGCACAAATCAAACATTTTTAATATTTGTTATAGCAATTATTATACTTACATCGGTAA
TAGGAATTGTTGGACGATACATGAGTCGTCAACGTCTTTTAAAATCTATGGAAACATTAT
GGCAAACGATTTCTCCATTAGAAGCTTTTATCAGACCGAACTCACATTTGACTATGAGT
ATAAGCTCTACAAGGAAAAATTTGAATCACATTCAGTTGATGATAAACTTGGTCCG
ACTTAAATATGAATGCAATCTTTCATAAGATGAATTATAATTTAACAGCTATTGGTGGAA
TGAAGCTATATGCCTGTTTACGTGGAATGCTTTCATTACGAACAAATCATTACTTAGTTT
ATTTAATGATAATGCTGAATTTAGAAAAACGTAACATATCATTTAGCTTTGATTGGTAA
AACTGTTTATCCAACATTTCCAGACCAAATCACACCGGTAAAACGTCAAAATATATTGTT
TCTATGCCCGTTTTTACCAGTTATCTCATTTGCAGTTATATTTATTAATTCACAAGTTGGTA
TTTTATTATTTCTTATGAGTTGCCTATTTAATATCATTTTATCAGCAACTTTAAAGCGTACA
TATGAGGATGACTTAAAATCTATCTTTTATGCATCCAATGTTTTAAAACAAGGCTATACTA
TCTCAAAAATTAACATGCTCCACAACCCGAAGTCAATTTTAAAGCAATTTAGAACAGCAC
GTCATTTAACGAGTGTTTTAGCTGAAGTTAATGATGAAGATATCGGAGCTATGGTAATTA
AACTAGTTAAACTTATTTTCATGCTTGATTATGTTTTATTTCATTCAATTCAAAAAAGTTAT
ACAACACATATGAATGAGCTTAAAAATTGTTTCGATTATATAGCTGAATTAGATAATCAT
TATGCATTAGCAATGTATCGTAGAACGCTAGAATGCTATACTGAACCACAAATTGATGAT
TCAAATGATGGCATAAGTATTCTCTGAGTTAACACATCCACTCATAGCAGATGCAGTAGCC
AATGATTTCTCACTATCACAAAATATACTGTAACTGGGTCTAATGCTTCGGGTAAATCAA
CATTTATGAAATCCATAGCAATAAACATTATTCTTGCATCGGCTATACAAACAGTTACCG
CAAGCAAATTTGTATATCAACCTGGAATTGTGTTACGTCAATGGCAAATGCCGATGATG
TGTTATCAGGCGATAGTTATTTTATGGCTGAATTTAAATCTATTAAGCGTATTGTTGAAAT
TCCAGATAATCAAAAAATATACTGCTTTATAGATGAAATTTTTAAAGGTACCAACACAAC
TGAACGAATTGCCGCTTCAGAATCAGTACTATCATTTTTACATGAAAAATCTAACTTTAGA
GTTATTGCAGCAACACATGATATTGAGTTAGCTGAACTCTTAAAACAACGTTATGAAAAT
TATCATTTCAATGAGGTAATAGAAAATAATAACATACATTTTGATTACAAAATTAAGCCT
GGCAAAGCAAATACTCGTAATGCCATCGAATTATTA AAAATCACTTCATTTCCAGCAAAA
ATATATGAACGAGCAAAAGATAATGTTTCCAATGGTTAG
```

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC045-agrI_21194_AGTU01000022.1[11729:11767] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 32985 ... 33024; Length: 39 bp

Sequence:

```
CTAAATGAAAATGCGCTTGTAATAAGTTTTTTCAATACT
```

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]

Position: 052-contig_193_RC: 33055 ... 33085; Length: 30 bp

Sequence:

```
AAAGTCAGCTTACAATAATGTGCAAGTTGG
```

> **gcp**

Function: protein coding sequence; O-sialoglycoprotein endopeptidase (core genome, constant)

Best match: gcp_Z262_LCL_10042.1[12875:13900]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 33238 ... 34264; Length: 1026 bp

Sequence:

TTATTCTGCAGAATACTCTTCTAAATCTATATTGCTGTGCCCATTTAATGCTAAATCAGCA
AATCGACCTTGCTGATACAAATAGTGGCCGCAACGCCTATCATTGCAGCATTATCTGTG
CATAATTTAGGACTTGGGATAGTTAATTGAATGTCATTGACTTTGCATTGATCCGCTAAAG
ATTGACGTAATCCTTTATTACTCGCCACGCCACCAGCAACAATTAATCGCTGAACACCAT
ATTCTTTACAAGCTTGAATAGCTTTAAACGTAAGCACCTCTACAACACTGTTTTGAAAGCT
CGTTGCTACGTTAGCTTCAATGATTGGAATATTTTTTTGTGCGTTGATTGTGAAGTTGATTG
ATTACGGCACTTTTCAACCCACTAAAACATAAACTATAACTATCTTTATCCAACCAAACA
CGAGGGAATGAATAAGTATCTTCACCTTCAGCAGCCAACCGATCAACTTGTGGACCACCT
GGATAATTTAAACCAATTGTTTCGTGCCACTTTATCATAAGCCTCACCTACTGCGTCATCTC
GTGTTTCACCAATGACTTCAAATGATAAATGATCCTTCATATAAACTAATTCAGTATGTCC
ACCTGAAACAATAAGTGCAATTAGCGGGAATGTTAATGGCTCTTCTATGTGATTAGCATA
TATATGTCCTGCAATATGATGAACAGGAATAAGTGGCTTATCGTAAGCAAATGCCAATGC
TTTGGCTGCATTAACACCTATTAGTAACGCACCAATTAGTCCAGGGCCTTCTGTAACCGCT
ATGGCATCAATATCTTCTATTGATACATCGGCATCCACTAGAGCCTCGTTTATTGTTGTTG
TTATACCTTCAACGTGATGTCTACTTGCCACTTCGGGAACGACACCGCCAAAATCGTTTATG
ACTTTCAATCTGACTTAAAACGTATTTGATAAAATATCTCTGCCATTTTTTATAACACTA
ACGCTTGTTCATCACAACTTGTTCACACAGCTAGTATTAATATATCTTTAGTCAT

> rimI

Function: protein coding sequence; ribosomal-protein-alanine acetyltransferase (core genome, constant)

Best match: rimI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2123932:2124396:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 34256 ... 34721; Length: 465 bp

Sequence:

TTAGTCATTTAAATTCACCCACATAACCATTGCGTCCTCACCTTCACCATAATAATTTTAA
CGTTTACCACCATATTGAAATCCTAAATTTTCATATACATGTTGTGCCACTTTATTATTAA
CTCTTACTTCTAAACTCATCACATCACAAGTGTGACTTGCATAGTTTATCCGTATTTTAA
AAGCATTTGACCTAAACCATAGCCTCTATAATTATCATCGATTGCAACTGTTGTAATTTGA
GCTTGATCGATAACAATCCATAAACCTAAATAACCAATAATTTGTTGTTCAAATTCTAAG
ACAAAATATTTTCGCAAAGTTATTTTGTCTATTTTCATGATAAAATGCGTCAATTGTCCAAG
AACTGTCATTGAAACTCCGACGCTCAATATCAAAGACTTGTGGCACATCTTCTTTAGTCAT
CTCTCTAATGTTTAATTGTTCTTTTACTGTTGATCCAA

> ilvD

Function: protein coding sequence; dihydroxy-acid dehydratase (core genome, variable)

Best match: ilvD_CC001-ST772_118_AJGE01000025.1[9480:11168:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 36309 ... 37998; Length: 1689 bp

Sequence:

ATGCGAAGCGACATGATCAAAAAAGGAGATCACCAAGCACCAGCAAGAAGTCTTTTACA
TGCCACGGGCGCGCTAAAAAGTCCAACCTGATATGAACAAACCATTTGTAGCTATTTGTAA
CTCTTATATTGATATTGTTCCCTGGACATGTTTCATTTAAGAGAGCTTGCAGATATAGCTAAA
GAAGCAATTAGAGAAGCCGGTGCCATTCCATTTGAATTCAATACAATTGGTGTGATGAT
GGAATAGCTATGGGACATATCGGAATGCGATATTCTCTACCATCACGTGAAATTATTGCA
GATGCAGCTGAAACTGTAATTAACGCTCATTGGTTTGACGGCGTATTTTACATTCCTAATT
GTGACAAGATTACACCCGGTATGATTTTAGCAGCCATGAGGACAAACGTACCAGCTATCT
TTTGCTCTGGTGGACCAATGAAAGCTGGCTTATCTGCACATGGAAAAGCATTAACTTTT
CATCAATGTTTGAAGCAGTCGGCGCATTTAAAGAAGGATCGATTTCTAAAGAAGAATTTT
TAGATATGGAACAAAATGCCTGCCCTACTTGTGGTTCATGTGCTGGGATGTTTACTGCAA
ATTCAATGAACTGTTTGTGGAAGTTTLAGGTCTAGCATTACCATAACAACGGTACTGCACT
TGCAGTCAGTGATCAGCGACGCGAAATGATTCGCCAAGCAGCTTTTAAATTAGTTGAAAA
TATTA AAAATGATTTAAAACCACGTGATATCGTTACTCGCGAAGCAATTGATGATGCATT
TGCACTTGATATGGCTATGGGTGGTTCAACAAACACGGTACTGCATACGTTAGCCATTGC
CAATGAAACTGGTATTGATTATGACTTAGAGCGCATTAATGCTATTGCCAAACGCACACC
ATATTTATCAAAAATAGCACCTAGTTCATCGTATTCAATGCATGATGTGCATGAAGCTGG

TGGCGTCCCAGCAATTATTAATGAATTGATGAAGAAAGATGGCACGTTACACCCAGATAG
AATCACAGTTACTGGCAAACGTTACGTGAAAATAACGAAGGCAAAGAAATTAAGAACT
TTGATGTCATTCCTCTCTTGATGCACCATATGATGCACAAGGCGGTTTATCTATCTTATT
TGTAATATCGCCCCTAAAGGCGCAGTTATTAAGTTGGCGGCGTTGATCCATCTATCAA
AACATTTACTGGGAAAGCAATTTGTTTCAATTCGCATGATGAAGCTGTTGAAGCAATAGA
CAATCGTACCGTTCGTGCAGGCCACGTCGTTGTCATTAGATATGAAGGACCTAAAGGTGG
ACCAGGTATGCCTGAAATGTTAGCACCTACTTCTCTATTGTTGGTCGCGGCTTAGGTAAA
GATGTTGCATTAATTACTGATGGGCGTTTTTCCGGTGCCACAAGAGGTATTGCAGTTGGTC
ATATTTCCCCTGAAGCTGCATCTGGTGGACCAATTGCCTTAATTGAAGATGGAGATGAGA
TTACTATTGATTTAACAAATCGTACATTAACGTAACCAGCCTGAAGATGTTCTAGCGC
GTCGCCGAGAATCTTTAACACCATTTAAAGCGAAAGTAAAAACAGGTTATCTAGCTCGTT
ATACTGCCCTAGTAAGTACGCGCAAATACAGGTGGCGTCATGCAAGTCCCTGAGAATTTAA
TTTAA

> **ilvB**

Function: protein coding sequence; acetolactate synthase/large subunit

Best match: ilvB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2127700:2129469]

Position: 052-contig_193_RC: 38025 ... 39795; Length: 1770 bp

Sequence:

ATGTCTAAAACCTCAACATGAAGTAAACCAAAATATTGACCCTTTAAAAATGGCTGAATCA
CTTGAACCTGAACAACCTAAATGAAAAAAGCTTTAAATGATATGCGTTCAGGATCAGAAGTG
CTAGTAGAAGCTCTACTTAAAGAAAATGTGGATTATTTATTCGGTTATCCTGGTGGTGCCG
TACTACCTTTATATGACACGTTTTATGATGGTAAAATCAAACATATTTTAGCAAGACACG
AACAAAGGTGCTGTTTCATGCTGCAGAAGGTTATGCACGTGTATCTGGTAAAACCTGGCGTCCG
TTGTAGTTACAAGCGGTCCAGGTGCAACTAATGTAATGACAGGTATTACGGATGCACATT
GCGACTCTTTACCTCTAGTTGTATTACTGGACAAGTTGCTACACCAGGCATTGGTAAAG
ATGCATTCCAAGAAGCGGATATTCTATCTATGACTTCACCAATTACAAAACAAAATTATC
AAGTGAAACGTGTTGAAGATATCCCTAAAATCGTACACGAAGCTTTCCATGTAGCTAATT
CTGGACGCAAAGGTCCCTGTAGTGATTGATTTTCCAAAAGATATGGGTGTTTTAGCTACAA
ATGTGGATTTATGCGACGAAATCAATATTCCAGGTTATGAAGTTGTTACAGAACCAGAAA
ATAAAGACATTGACACTTTCATCTCACTTTTAAAAGAAGCGAAAAAGCCTGTCGTATTAG
CCGGCGCAGGTATTAATCAATCAAATCAAATCAATTATTAACACAGTTTGTAAATAAAC
ATCAAATCCCAACAGTTACTACTTTACTAGGTCTAGGTGCTGTACCTTATGAGGATACACT
ATTTTTAGGTATGGGAGGTATGCATGGTTCCTATGCTAGTAACATGGCATTAACTGAGTGT
GATTTACTCATTAATTTAGGTAGCCGCTTCGATGATAGATTAGCAAGCAAACCTGATGCC
TTTGCACCTAACGCCAAAATTGTACATGTAGATATTGATCCTTCAGAAATCAATAAAGTT
ATTCATGTAGATTTAGGTATTATTGCAGACTGTAAAAGATTTTTAGAAATGTTTAAATGATA
AAAATGTTGAGACTATAGAACACAGTGACTGGGTAAACATTGTCAAATAATAAGCAG
AAACACCCATTTAAACTTGGTGAAGAAGATCAAGTATTTTGTAAAGCCACAACAACAATC
GAATATATCGGCAAATTAACAATGGTGAAGCAATTGTTACTACAGACGTGGGACAACA
TCAAATGTGGGCAGCTCAATTTTATCCATTTAAAATCACGGACAATGGGTTACAAGCGG
TGGTTTAGGAACAATGGGATTCGGTATTCCTTCGTCAATTGGTGCCAAATTAGCTAATCCT
GATAAACAGTCGTATGTTTCGTCCGGTGACGGTGGTTTCCAAATGACAAACCAAGAAATG
GCACTTTTACCCGAATATGGTTTAGATGTCAAATCGTACTAATCAATAATGGAACATTA
GGTATGGTTAAACAATGGCAAGATAAGTTCCTTAATCAACGCTTCTCACACTCAGTATTTA
ATGGTCAACCTGATTTTATGAAAATGGCAGAAGCATATGGCGTCAAAGGTTTCTTAATCG
ATAAGCCAGAACAACCTGGAAGAACAATTAGATGCAGCGTTTGCTTATCAAGGACCAGTTT
TAATTGAGGTTTCGTATTTCCCTACTGAAGCTGTAACCCCAATGGTTCGAGTGGCAAATC
AAATCATGAAATGGAGGGCTTATAA

> **ilvH**

Function: protein coding sequence; acetolactate synthase isozyme III small subunit

Best match: ilvH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2129469:2129723]

Position: 052-contig_193_RC: 39794 ... 40049; Length: 255 bp

Sequence:

ATGACAAGAATTCTTAAATTACAAGTTGCGGATCAAGTCAGCACGCTAAATCGAATTACA
AGTGCTTTTGTTCGCCTACAATATAATATCGATACATTACATGTTACACATTCTGAACAAC
CTGGGATTTCTAACATGGAAATTCAAGTCGATATTCAAGATGATACATCACTTCATATATT
AATTAATAAATTGAAGCAACAAATTAATGTTTTAACGGTTGAATGCTACGACCTTGTTGA
TAACGAAGCTTAA

> **ilvC**

Function: protein coding sequence; ketol-acid reductoisomerase

Best match: ilvC_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2067727:2068731]

Position: 052-contig_193_RC: 40185 ... 41190; Length: 1005 bp

Sequence:

ATGACAACAGTTTATTATGATCAAGATGTAAAAACGGACGCTTTACAAGGCCAAAAAATT
GCAGTAGTAGGTTATGGATCACAAGGCCACGCGCATGCACAAAACCTTAAAAGACAATGG
ATATGATGTAGTCATCGGTATTTCGCCAGGTCGTTCTTTTGACAAAGCTAAAGAAGATGG
ATTTGATGTGTTCCCTGTTGCAGAAGCAGTTAAGCAAGCTGATGTAATTATGGTGCTATTA
CCTGATGAAATTCAAGGTGATGTATACAAAACGAAATTGAACCAAATTTAGAAAAACA
TAATGCGCTTGCATTTGCTCATGGCTTTAACATTCATTTTGGTGTTATTCAACCACCAGCT
GATGTTGATGATTTTTAGTAGCTCCTAAAGGACCGGGTCATTTAGTTAGACGTACATTTG
TTGAAGGTTCTGCTGTACCATCACTATTTGGTATTCAACAAGACGCTTCAGGTCAAGCAC
GTAATATTGCTTTAAGTTATGCAAAAAGGTATTGGTGCAACTCGTGCAGGTGTTATTGAAA
CAACATTTAAAGAAGAACTGAGACAGATTTATTTGGTGAACAAGCAGTACTTTGCGGTG
GTGTATCGAAATTAATTCAAAGTGGCTTTGAAACATTAGTAGAAGCGGGTTATCAACCAG
AATTAGCTTATTTGAAGTATTACATGAAATGAAATTAATCGTTGATTTGATGTATGAAGG
CGGTATGGAAAATGTACGTTACTCAATTTCAAATACTGCTGAATTTGGTGACTATGTTTCA
GGACCACGTGTTATCACACCAGATGTTAAAGAAAATATGAAAGCTGTATTAACCTGATATC
CAAATGGTAACTTCAGTAATCGCTTTATCGAAGACAATAAAAATGGATTCAAAGAATTT
TATAAATTACGCGAAGAACAACATGGTCATCAAATTGAAAAAGTTGGTTCGTGAATTACGC
GAAATGATGCCTTTTATTAATCTAAAAGCATTGAAAAATAA

> **leuA1**

Function: protein coding sequence; 2-isopropylmalate synthase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: leuA1_CC001-ST772_118_AJGE01000025.1[4729:6258:r] (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 41219 ... 42749; Length: 1530 bp

Sequence:

ATGAGTAGTCATATTCAAATTTTTGATACGACACTAAGAGACGGTGAACAAACACCAGGA
GTGAATTTTACTTTTGATGAACGCTTGCGTATTGCATTGCAATTAGAAAAATGGGGTGTA
GATGTTATTGAAGCTGGATTTCTGCTTCAAGTACAGGTAGCTTTAAATCTGTTCAAGCAA
TTGCACAAACATTAACAACAACGGCTGTATGTGGTTTAGCTAGATGTAAAAAATCTGACA
TCGATGCTGTATATGAAGCAACAAAAGATGCAGCGAAGCCGGTCGTGCATGTTTTTATAG
CAACATCACCTATTCATCTTGAACATAAACTTAAAATGTCTCAAGAAGACGTTTTAGCAT
CTATTAAGAACATGTCACATACGCGAAACAATTATTTGACGTTGTTCAATTTTACCTGA
AGATGCAACGCGTACTGAATTACCATTCTTAGTGAAATGTGTACAACTGCCGTTGACGC
TGGAGCTACAGTTATTAATATTCCTGATACAGTCGGCTACAGTTACCATGATGAATATGC
ACATATTTTCAAACCTTAACAGAATCTGTAACATCTCAAATGAAATTATTTATAGTGCT
CATTGCCATGACGATTTAGGAATGGCTGTTTCAAATAGTTTAGCTGCAATTGAAGGCGGT
GCGAGACGAATTGAAGGCACTGTAAATGGTATTGGTGAACGAGCAGGTAATGCAGCACT
TGAAGAAGTCGCGCTTGCCTATACGTTTCGAAATGATCATTATGGTGTCAAACCTGCTCTT
AATCTCGAAGAACTAAAAAACATCGGATTTAATTTCAAGATATGCAGGTATTCGAGTG
CCTAGAAATAAAGCAATTGTTGGCCAAAATGCATTTAGTCATGAATCAGGTATTCACCAA
GATGGCGTATTAACATCGTGAACATATGAAATTATGACACCTCAACTTGTGGTGTA
AGCACGACTGAACTTCCATTAGGAAAATTATCTGGTAAACACGCCTTCTCAGAGAAGTTA
AAAGCATTAGGTTATGACATTGATAAAGAAGCACAAATAGATTTATTTAAACAATTCAAG
GCCATTGCGGACAAAAGAAATCTGTTTCAGATAGAGATATTCATGCGATTATTCAAGGT
TCTGAGCATGAGCATCAAGCACTTTATAAATTGGAAACACTGCAACTACAATATGTCTCT
AGCGGCCTTCAAAGTGCTGTTGTTGTTGTTAAAGATAAAGAGGGGCATATTTACCAGGAT

TCAAGTATTGGTACTGGTTC AATCGTAGCAATTTACAATGCAGTTGATCGTATTTTCCAGA
AAGAAACAGAATTAATTGATTATCGTATTAATTCTGTCACTGAAGGTACTGATGCCCAAG
CAGAAGTACATGTAAATTTATTGATTGAAGGTAAGACTGTCAATGGCTTTGGTATTGATC
ATGATATTTTACAAGCCTCTTGTAAGCATACTAGTAAGCACATGCTAAATTTGCAGCTG
AAAATGTTGAAAAGGTAGGTAATTA

> **leuB**

Function: protein coding sequence; 3-isopropylmalate dehydrogenase

Best match: leuB_CC001_MSSA476_BX571857.1[2111551:2112597]

Position: 052-contig_193_RC: 42751 ... 43798; Length: 1047 bp

Sequence:

ATGACTTATAACATTGTTGCCCTACCTGGTGATGGAATCGGTCCAGAAATTTTGAACGGA
TCTCTATCATTGCTTCAAATTATAAGTAATAAATACTTTAATTATCAAATAGAGCACC
ACGAATTTGGTGGTGCCTCTATTGATACATTCGGCGAACCTTTAACTGAGAAAACCTTAA
ATGCGTGTAAGAGAGCAGATGCTATTTTACTGGGTGCAATCGGTGGACCTAAATGGACAG
ATCCTAACAAATCGACCAGAACAAGGATTATTAATAATTGCGTAAATCCTTAAATTTATTG
CAAATATACGCCCCACTACCGTTGTCAAAGGCGCTAGTTCTTTATCACCTTTAAAGGAAG
AACGCGTTGAAGGCACAGATTTAGTTATAGTCCGTGAATTGACAAGTGGTATTTATTTTG
GAGAACCTAGACATTTAATAATCACGAGGCCTTAGATTCTTACTTATACAAGAGAAG
AAATAGAACGCATTGTTCCACGTAGCATTAAATTTGGCCGCTTCAAGACGAGGAAAACCTAA
CATCAGTTGATAAAGAAAATGTATTAGCTTCTAGTAAATTTGTGGCGCAAAGTCGTAAATG
AAGTAAGTCAATTATATCCAGAAGTAACAGTAAATCACTTACTTGTGATGCTTGTAGTA
TGCATTTAATCACAAATCCAAAACAATTTGACGTCATCGTATGTGAAAACCTTATTGGCG
ATATTTTAAGTGATGAAGCTTCAGTGATTCTGGTTCCTTGGTTTATCACCTTCTGCTAG
TTTTAGTAACGATGGTCCAAGATTGTATGAGCCTATTCATGGATCAGCACCAGATATTGC
AGGTAAAACGTTGCCAATCCATTTGGAATGATTCTATCTTTAGCGATGTGTTTACGTGAA
AGCTTAAATCAACAAGATGCTGCAGATGAATTAGAACAACATATTTATAACATGATTGAA
CATGGGCAAACGACAGCAGATTTAGGCGGCAAATTTGAATACTACTGATATTTTCGAAAT
CTATCTCAAAAATTGAATCACTAA

> **leuC**

Function: protein coding sequence; 3-isopropylmalate dehydratase/large subunit

Best match: leuC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2133486:2134856]

Position: 052-contig_193_RC: 43811 ... 45182; Length: 1371 bp

Sequence:

ATGGGTCAAACATTATTTGACAAGGTGTGGAACAGACATGTGTTATACGGGAAATTTGGGC
GAACCGCAACTATTATACATTGATTTACACCTTATACATGAAGTTACTTCTCCTCAAGCAT
TTGAAGGACTTAGGCTTCAAACAGAAAATTAAGACGCCAGATTTAACATTTGCAACAC
TCGATCACAATGTTTCTACTATTGATATTTTCAATATTAAGATGAAATTGCAAACAAC
AAATCACAAACATTACAAAAAACGCCATAGATTTTGGGGTGCATATTTTGTATGTTGGCT
CTGATGAACAAGGTATTGTTTACATGGTAGGACCTGAGACAGGACTTACACAGCCTGGCA
AGACAATCGTTTGTGGTGACTCTCACACAGCAACACATGGAGCATTGTTGGTGTATTGCAT
TTGGAATTGGAACAAGTGAAGTTGAACATGTTTTCGCAACTCAAACGCTATGGCAAACAA
AACCCAAAACCTTAAAAATCGATATTAATGGTACCTTACCAACAGGCGTCTATGCTAAGG
ACATTATTCTGCATTTAATTAACCGTATGGTGTGACTTTGGTACAGGCTATGCTTTGGA
ATTTACTGGCGAAACAATTAACAACTTTCAATGGACGGTCAATGACTATTTGTAACAT
GGCTATCGAAGGTGGTGCCAAATACGGCATAATCCAACCTGATGATATAACATTTGAATA
TGTTAAAGGGAGACCATTTGCCGATAACTTCGCTAAATCAGTTGATAAGTGGCGTGAGCT
ATATTCTGATGACGACGCGATATTTGATCGTGTAATTGAACTTGATGTTTCAACATTAGAA
CCACAAGTGACATGGGGAACATACTGAAATGGGTGTTAATTTTCAAGTGAACCATTCCT
GAAATCAATGATATCAACGATCAACGTGCGTATGATTATATGGGGTTGGAACCAGGTCAA
AAAGCTGAAGACATCGACTTAGGGTATGTTTTCTCGGTTTCAATGTACAAATGCTAGACTA
TCAGATTTGATTGAAGCTAGTCATATTGTTAAAGGAAATAAAGTTCACCCAAATATTACA
GCTATTGTCGTACCAGGTTCTCGTACAGTAAAAAAGAAGCAGAAAAATTAGGTCTAGAT
ACTATCTTAAAAATGCAGGATTTGAATGGCGTGAACCAGGATGTTCAATGTGTTTAGGC

ATGAATCCTGACCAAGTACCTGAGGGCGTACATTGTGCATCTACAAGTAATCGAACTTT
GAAGGACGACAAGGTAAAGGTGCAAGAACACATTTAGTATCCCCTGCTATGGCAGCAGC
AGCAGCTATTCATGGTAAATTTGTGGACGTAAGAAAGGTGGTTGTTTAA

> **leuD**

Function: protein coding sequence; 3-isopropylmalate dehydratase/small subunit

Best match: leuD_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2120679:2121251]

Position: 052-contig_193_RC: 45182 ... 45755; Length: 573 bp

Sequence:

ATGGCAGCAATCAAACCTATTACAACATATAAAGGTAAAATAGTCCCTCTCTTCAACGAC
AATATCGATACAGACCAAATCATTCCCTAAGGTACACTTAAAGCGTATTTCAAAAAGTGGC
TTTGGTCCATTTGCTTTTGATGAATGGCGGTACTTACCTGATGGTTCAGATAATCCTGATT
TCAATCCAAATAAGCCTCAATATAAAGGTGCATCCATATTAATTACTGGAGATAATTTTG
GATGTGGTTCAAGTCGTGAACATGCAGCTTGGGCACTTAAAGGACTATGGTTTTTCATATTAT
TATTGCAGGAAGTTTCAGTGACATTTTTTATATGAATTGTACAAAAAATGCAATGTTGCCT
ATCGTTTTAGAAAAAATGCACGTGAACATCTTGCTAAATATGTTGAAATTGAGGTGCGAT
TTACCAAATCAAACCTGTGTCATCACCAGACAAGCGTTTCCATTTTGAAATTGATGAACTT
GGAAGAATAAACTTGTAATGGCTTAGATGACATTGCAATCACCTACAATATGAATCAT
TAATAGAAAAATATGAAAAATCACTTTAA

> **ilvA2**

Function: protein coding sequence; threonine dehydratase locus 2 (core genome, variable)

Best match: ilvA2-CC30_CC010_D139_ACSR01000065.1[40724:41992]

Position: 052-contig_193_RC: 45769 ... 47038; Length: 1269 bp

Sequence:

ATGACAGTCAAACAACAGTTTCTACGAAAGATATCGATGAAGCATTTTTAAAGACTTAAA
GATATTGTCAAAGAAACACCTTTACAATTAGACCATTACTTATCTCAAAGTATGATTGT
AAAGTCTATTTAAAACGAGAAGATTTACAATGGGTACGTTCTTTTAAATTAAGAGGTGCT
TACAACGCTATTTCTGTTTTATCAGATGAAGCTAAAAGTAAAGGTATTACATGTGCGAGT
GCAGGTAATCATGCTCAAGGTGTTGCCTATACAGCTAAAAAACTTAATTTAAACGCTGTT
ATCTTTATGCCAGTCACTACACCTTTACAAAAGGTAAATCAAGTAAAGTTCTTTGGAAAT
AGTAACGTTGAAGTTGTACTCACTGGTGATACATTTGATCACTGTTTAGCTGAAGCTTTAA
CTTATACAAGTGAACATCAAATGAACTTTATAGATCCATTCAATAATGTTTCATACAATTTT
TGGACAAGGTACGCTTGCTAAAGAAATGCTAGAACAATCAAAGACTGACAATGTTAACTT
TGATTATTTATTTGCCGCTATTGGTGGTGGTGGATTAATTTAGGTATTAGTACTTACTTTA
AAACCTATTACCTACTACGAAAATTATAGGTGTTGAACCTTCAGGTGCAAGTAGTATGT
ATGAATCTGTTGTCGTAATAATCAGGTAGTCACATTGCCTAATATCGATAAATTTGTGG
ACGGTGCATCTGTAGCTAGAGTTGGCGATATTACATTTGAAATTGCAAAAAGAAAATGTAG
ATGATTACGTTCAAGTAGATGAAGGTGCAGTTTGTCTACGATTTTAGACATGTATTCAA
ACAAGCAATTGTAGCAGAACCTGCTGGCGCATTAAAGTGTGAGTGCTCTTGAAAAC TACA
AGACCACATTAAGGGTAAAACCTGTTGTTTGTGTCATTAGTGGTGGTAATAATGATATTAA
TCGTATGAAGGAAATTGAAGAACGTTCTTTATTATATGAAGAAATGAAACATTATTTTAT
TTTAAACTTCCCTCAACGCCCTGGTGCATTAAGAGAATTTGTAAATGATGTTTTAGGCCCA
CAAGACGATATTACAAAATTTGAATACTTGAAAAAATCTTCTCAAATAACAGGTACTGTC
ATTATTGGTATTCAACTTAAAGATCATGATGATTTAATACAACCTCAAACAACGTGTAAAT
CATTCGATCCTTCCAATATTTATATTAATGAAAATAAGATGTTATATTCATTGTTAATTT
AA

> **txbi_ilvA_rrf**

Function: bidirectional rho independent terminator of ileV and rrf

Best match: txbi_ilvA_rrf_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2136714:2136784:r]RC (completely identical)

Position: 052-contig_193_RC: 47039 ... 47110; Length: 71 bp

Sequence:

ACATAGTAAGAAAAACAGTCATAAATTGATTTCTAATTGAAATCATCTTATGACTGCTTTT
TATTATACTT

> **tRNAgly1**

Function: tRNA tRNA glycin

Best match: tRNAgly1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1924102:1924175:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 1 ... 75; Length: 74 bp

Sequence:

TGGAGCGGGTGATGGGAATCGAACCCACAACATCAGCTTGGAAAGGCTGAGGTTTTGCCAT
TAAACTACACCCGC

> **tRNAleu4**

Function: tRNA tRNA leucine

Best match: tRNAleu4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2142599:2142684:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 93 ... 179; Length: 86 bp

Sequence:

TGATGCGGCCGAGAGGACTTGAACCTCCACGGGATTTCTCCACTAGGCCCTCAACCTAG
CGCGTCTGCCATTCCGCCACGACCCG

> **sprL**

Function: protein coding sequence; metalloproteinase/SprT family (core genome, variable)

Best match: sprL_CC005_ACKJ01000004.118768:19223RC

Position: 053-contig_55_RC: 825 ... 1281; Length: 456 bp

Sequence:

TTATTTCAATTGTTTTTTCATTCTTAATTTTCCATTGCAATGTCCGCAACGCATACGATTTCG
TATCAACTTTACGGATACGTATATATTTTGCATGACATTTAGTACAATAATATTCATAAATT
CGCCCGTTGTTGATAGCTTTCAATGCTGTTACAAAATCTAGGCGCTCCAACCTGTTGGCTC
AATCGTTTAAAATCTTGATCTTTATGTTGATAACCTTACCAGCAATATGCAAGTGATAAT
GACACAATTCGTGCAGTATAATTTTACAACAGCATCTTCTCTATAATGCTCATATTGTTT
TGGATTAATTTCAATATCATGGGACTTTAAAAGATAACGTCCGCCTGTTGTACGTAACCTT
TTATTTAAAATATGCACAATGTCGAAACGTACGTCCAAATTTTTCTTCCGAAAGGTTCTCAA
CCATTCGCTGAAGTTTGTCAATTATTCAT

> **yhgF**

Function: protein coding sequence; RNA binding S1 domain protein (core genome, constant)

Best match: yhgF_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000014.1[15203:17353]RC

Position: 053-contig_55_RC: 1273 ... 3424; Length: 2151 bp

Sequence:

TTATTCATGTGGATCAATCATCGTTAATGATACTTTGTCTTTATTTTTGTCAATACTGTAAA
TCCAAACGTCAACGATATCACCGACACTGACAATATCCATTGGATTTTTTACGAACTTCTT
AGAAAGTTTCGAAACATGGACAAGTCCATCTTGTTTAAACACCTATATCTACAAATGCTCC
AAAATCTACTACATTTCTAACTGTGCCACTCAATTCATTCTTCTTGTAATCTTCAATTG
ATAGCACATCGGATTTAAGGATTGGTGTTCAAACTCGTCCCTTGGATCTCGATTAGGTGC
TTTCAAGGATTTAATAATATCCTCTAATGTAGGTACACCGACTTGTAATTCAATCGCCAGT
TCATCCATATCCAATGAATTTAATTTATCTTTTAAATGCATCACTACCTAAATCATTGCCAC
CAAATCCGAGTTTATCTAATAACTGATACGTTACTTTATAGCTTTCGGGATGAATCGATGT
ATTATCCAATGGCTCTGAACCGTCTACTATTCTTAAAATCCTATACTCTGCTCAAAAGTT
TTAGCACCCAAACGCTTAATCTTGCTTAACTCTTTATTATGCTTTATTGCGCCATTTTCTTC
TCTATATGCAATTATTTTTTAGCAATTTGCGAACTTAGACCAGACACATATTGTAATAAT
GATGATGATGCTGTATTGACATCAACACCTACTTGGTTAACTGCTGTTTCAACGACGAAA
GTTAATGCATTTTCTAGTGCTTTTTGATTAACATCATGCTGGTATTGTCCGACACCAATAG
ATTTAGGATCGATTTTAACTAATTCATTAATGGATCTTGAACGCGTCGTCCAATTGATAC
GGCACTTCTTCTCCACTTGAAAATCAGGAAATTCATCTCTAGCAATTTCTGATGCTGAG

TATACTGAAGCGCCCGCTTCATTGACAATGATGAATTGTACTGGCAACTGATGCTTTTTTAA
TTAAATCTGCAACAAATTGTTCTGTTTCACGACTTGCAGTACCATTGCCAATTGCAATTAA
TTGCACATCATAACGCTTTAACCATTTGTACAAAATCCTTCTCTGCTGCCTCTTTTTTAGAAA
CTGGTGGATGCGGATAAATCACACCTTTTGCTATAAAAAGTACCGAATGGGTTAATGACTG
CTAATTTACAACCTGTTCTAAATGCTGGATCTACGCCTAATATTTGTTTACCTTTCATTGG
AGGTTGCAGTAATAGATTTCTTAAGTTTTCACTAAAAACATCTATTGCATGATTTTCAGCT
TTTTCAGTTAAATCAGCATGGATTTACGCTCTATCGAAGGGACAATTAAGCGTTTCAAG
CTATCTTTAATCGCCTCTAAAATATAACTGCGATTTACATTATTATGATTGATTTCCTTGAC
GTGCAATGAAATCCTCTACTGATGTCGATCGAATTCAAACCTTACAGATAATACTTTCTC
TTTTTCACCACGATTAACAGCTAAAACCTCTATGATTAGCAATGCGTTTAATTGGCTCACTA
TATGCATAGTACATTTCAAAAATACCTTTTTTCATCTTCAGCATTTTTCTTTTTAGATGTAGT
TAACACACCTTGATGATACATATCTTTTAAAATTTTTGTTCTATATTTAGGATTATCTGAA
ATTTGTTCCGCAATAATATCTTGTGCACCTTTGATAGCATCTTCAACCGATTGCACTTCTTC
ATTTATAAATTGTTGTGCTTTTTCTTCAATTGAGACTTCATGTTTACGTGCCTTCATCCATA
TCGCTAATGGCTCTAACCCTTTACGTTTCGCCTCAGTTGCCCTTGTCTTTTTCTTTTGTTA
AAAGGCCTATATAGGTCTTCAACACGTTGTAATTTGTTCTGTTTTAAAATATCGTTCTTTA
ATTCCTCAGTAAGTAATCCTTGCTGTTCTATATTTTTGATAACTTCTTCTTTACGTTTTTGT
AAATTGACCATATATTGGTATTCGTCATCAATTTGCTTTATTTGAACTTCATCTAGTCCAC
CAGTTTGCTCTTTTCGATACCTCGCAATAAATGGTACTGTATTTTTTCTTCTAGCAGTGT
AATACTGCTTCAATTTGTTTTTTACTAAATTGATATTTCTCTATGATTGAATTAATCAATTG
ATTGTCCAT

> sigB

Function: protein coding sequence; sigma factor B of RNA polymerase (core genome, constant)

Best match: sigB_AJ920004.1[2472:3242]RC

Position: 053-contig_55_RC: 3857 ... 4628; Length: 771 bp

Sequence:

CTATTTATGTGCTGCTTCTTGTAATTTCTTAATTGCCGTTCTTTGAAGTCGTGATACATGCA
TTTGACTTAAACCGATACGCTCACCTGTCTTTTTGACTCAAACCTTCAATAAACGTACA
TTGTATGATTTCTCGTTCGCGATCAGATAATATAGGTAATATTTTTTCTAAAATCATAACGT
TTTTCAGTTAAGTCATAATGGTCATCTTGTGTCGCCATAATATCTAATAGCGTAACAGTTG
AACCATCTTTATCAGCTTCAATGGAATGATCAACACTTAACGCATTATAACTTTGTCCCAT
TTCCATTGCTTCTAACACTTCTTCTTCTGAACTTCTAATCGATCAGCTATTTCACTGATAG
AAGGTGAACGCTCTAATTCAGCGGTTAGTTCATCGCTCACTTTTTTATTCTTGGCCCAAT
TTCTTTAATACGTCTCGGAACATGTACACTCCAAGTTTTATCTCGTAGATATCTTTTGATT
CACCGATTACAGTAGGTACTAAAAGGCTTCAAACCTCCGTTCAAAGGACATATCGAATC
TATTTATGGCACCTATTAACCAACCATAACCAACTGAACTAAATCTTCGTGATGTGATTG
TCCTTTAGAATATTTATATGCCAATGACTCAATTAGTTTTTGGTAATGTTTAACTAACTTAT
CCTGTGCATCTGTATTTCTTATTTTCTTGGTGTCTTTAATCCATTGGTTAATTTGCTCAGGT
GAAATTCATTAGCTGATTTTCGACTCTTTTCGCCAT

> rsbW

Function: protein coding sequence; serine-protein kinase (core genome, constant)

Best match: rsbW_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2195328:2195807:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 4602 ... 5082; Length: 480 bp

Sequence:

TTAGCTGATTTTCGACTCTTTTCGCCATTATTTTCGCACCTGCTCTTTTTTTATATACTTAGTCA
TACTGATTGTCACACCAGATTCTTTATATACTGTGACTTCATCCATTAAGATTTCGATTAA
AAATAAACCTAGGCCACCTTCGCGTAAAAGTCTATATTTTCGTCTTTATCGTAAGGACCT
ATTTTTGATTTAGTTGTTTCATAATCAAACCTGTCACCTTTATCAGAAATAACAATTTTAA
TTTTATCTTCTAAAATTTCAAATATATGTTAATAATGCCACATTGTTATTTTCTTTGTAT
GCATGTTTAACTGCATTTGTCACAGCTTCACTAACTGCAATCTTGGCATCTTCAATATCAT
CATATGTAGCACCAGCTCTCGAAAAACGCCAGAAAGTGTTAAACGAATTAACCTTACAT
ACTCTGCCGATGCTGGCACGCGCATTTCGATAAAAATCTTCTTTAGATTGCAT

> **rsbV**

Function: protein coding sequence; anti-sigma-B factor antagonist (core genome, constant)
Best match: rsbV_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2147588:2147914:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 5083 ... 5410; Length: 327 bp

Sequence:

```
TTATTCGACCTCCGTTTCCTTCATTAACATGCATTAAATCCTTAAGACCAGTAATTTCAAAT
AGTCTACCGATACGATCTGACACACCTAAAATGTATAGTTCTTTATCATTTTGGTTTAATG
CTTTTAATGTACCTACGAATAAACCTAAACCTGTCTGAATCCATATAACTCACATTTTCTAA
ATTAACATAAATATCACGAGTTCATCTTGTCTCATAGGTGTTAAAACCTCTTCTAATTCA
GGCACAGTATAAACATCTAATTCTCCACCGACTTTAACTTCGTAATAATTTATCTTGAGTGG
TTGTTTCTATATTAAGATTCAT
```

> **rsbU**

Function: protein coding sequence; serine/threonine-protein kinase (core genome, constant)
Best match: rsbU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2148033:2149034:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 5528 ... 6530; Length: 1002 bp

Sequence:

```
TTAATTTACTCTTTTTATAATCAAATAGTCATATCATCTTTTTTATTTGGGTTTTGAAGCT
TTAAAATTGCTTCATAGATAATTTGAACAATATCTTGTGGGTGCATATGTTTATGTTTTT
AATATATTCTAAAAGTTTTTGTATCTATAAAGGTACCTTCACTATTTCTAGCTTCAGTCA
CACCATCCGTTAAAATGATAATTAATCATCAAGGTATATTGGAATTTCTTGTTGTTGATA
TCGTGTTTGTGAACTGATTCCTAACACTCTACCTCTAACTGAAATTTCTTCGAATTTCTTCT
TTTCAGCGCGATAAATATATCCAGGCTCATGACCAGCTGAACTACAATAAATAAATGGT
TCATTTCTTCATATAAACCATAAAACATTGTGACGAACATATTTTGATTAATATTCTTTTC
ACAACACGATTTAAACGTTTTAAACCATCACTCGGTAATTGTGAGTGTCCATAAGAATC
CATGCCAAACTTTATCATACTCATTGCTAAAGCAGCTGGTATAACCTTTTCCAATGACATCT
GCAACAGCAAAGCTCATTGTGCCATCGTTATGGTCAATTAATTAATAAATAATCTCCACTT
ACTTTTTGTGCCGCACTGAAATAACGCCAATTTGAATACTATCAAATTGTGGAATATCTG
TTTTAAGCATTGTTTGTGTAAGCTAGAAGCTAAGTCTATCTTTATCGTGAACCTTGAAG
TTTATCTACCAATCTTTGATAATCTCGATAACTATAACCAAAGCCTTTAACGATTTCTTGT
AAGACATCTAATGTCTTGAACACATCTTCACGCGTTAAGTTTAACGTCAATATATAGTTTT
TGGAATATCGACAATGTCTTCAGGCAAGACGTCCTTACGAATCACTTCGTCAGTGTATTT
CTCACACTTTTTTATCAATTCTACTTTATCTTGGCAGGTTAAACTTTCATCAATTAACCCT
TATAATGTTGCTTAAATTCTTCCAC
```

> **mazF**

Function: protein coding sequence; mRNA interferase (core genome, constant)
Best match: mazF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2149382:2149744:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 6878 ... 7241; Length: 363 bp

Sequence:

```
CTAATTTTTCTGGTGAGCTACTGCATTCAGCCCTAAACTAATCATTAGTGCATTATCTACT
TCTTTCATTTTATCATCGGATAAGTACGTCAGTTTTTCTTTCAATCGTTTTTTATCAAGTGT
ACGAATTTGTTCTAATAATAAAGTACTGAGTCTTTATCCAACCTATACTTTTTCTTTTCAATCT
CTACATGTGTGGTATTTTCGCTTTATTAATCCTACCAGTTATTGCCGCAACAATAACTGT
AGGACTATATTTATTACCAGTATCATTTTGAATTATGACTACAGGTCTGACTCCCCCTTGT
TCAGATCCCTGTACTGGTGATAAATCTGCTAAATAAACATCTCCTCGTCTAATCAT
```

> **mazE**

Function: protein coding sequence; antitoxin (core genome, constant)
Best match: mazE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2149741:2149911:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 7237 ... 7408; Length: 171 bp

Sequence:

TCATTCATTCGTTGAATTAGAAGATAAATATGTTTCGTTGCAATCGCATGCTTCACACTCT
ATCGGAAAAGCTTCGTTTCGCTAGGGAGAGATTTAAATCAGCCATTTGTGAATATCCTTCTT
TTAAAGATTGTTCTAAGCTATGACTTCTATTTTACTAAAAGATAACAT

> **alr1**

Function: protein coding sequence; alanine racemase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: alr1_CC080_11819-97_CP003194.1[2171700:2172848:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 7492 ... 8641; Length: 1149 bp

Sequence:

TTATTTTAAACAATTCATTTGTTACAAAACGTTGATCACCATCATGATAGATTCGCGGCAAA
CGTCTCGACAAGTTACAAAGCACTTCATAATTAATAGTATGTTGCTTTTCAGCTACCACCT
CTACCGACTGTGGACTTTCTCTATGATTATCTATTAATAATCACCGAATCTCCAGCTTTAAC
TTGATCTGGCACTTTAACAATTGTCTGATCCATACATACGCGACCAATAACTTCGCATTGA
TGACCATTTACATTTACAAAGCTACCTTGCATTATGCGTAAATAGCCATCTGCATATCCAA
TAGGTAACAAAGCTATTGTAGTTGGGTGAGTGTATAAGTTGCACCATAACTTACAG
ACTCACCCGCTTGTAGCGTCTTTGTTTGAACACTACATTAGCAATTAATTGCACACTTGGTTT
AAGGTGTACTTTAACTTTTGTCTGTACATACTCTGATGGATAATATCCATAAAGGGAAATT
CCTGGTCTTATTGCATTACAGAATTGGCAATCCATTAATAGAGAGCCTGCTGAGTTCTGAC
AATGTATATATTCAGGTTTAATTGCTTCATTGACCATATCTTTAAAACGTTGATATTGTTT
AGTTGTCATATCTCCTGGTTCGTCAGCACAGGCAAAGTGTGTAACACGCCTTCAAATAC
AAGTTGCTCATATTGTTGAATGATTTCAATCACTTCTTGATACGTATTAGTATCTTTAATA
CCTAAACGTCCCATTCCTGTATCTAATTTAATGTGCAACCATAACTTTTTCTCTTGCTCACC
AGAAATGTTTTTAATTGCTTCTTTCAACCACTGTTTAGACGGAACCGTTAAGGCAACTCGG
TGTTGTATCGCTTTATCAATATCTTTAGCTGGTAACACACCTAAGACTAAAATTTTAGCAG
TAATCCCATGCATTCTAAGTTCTATCGCTTCATCTAACGTTGCTACAGCAAAAAATGTGGC
GCCATTTCCATTAATGACGTGCTACTTTAACACTACCTAGTCCATAGGCATTGGCTTTA
ACGACAGCCATCACTGTTTTATTTGGATGCAATGTAAGTACTTTGAAATTTGATGCAA
CAGCGTTTAAATCTACATTCATATACGCAGATCTATAATATTTATCCGACAT

> **acpS**

Function: protein coding sequence; holo-acyl-carrier-protein synthase (core genome, constant)

Best match: acpS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2151210:2151569:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 8706 ... 9066; Length: 360 bp

Sequence:

TTAAAATGCTGACTTTTCTAAAACAACCTTGGCTCATCGCATAATGCTCAGTGTGTGAGATA
CTAACATGTACGATGAACCCTTCGTAATCAATCTTTGGTTTGCCAAGTTCGTCGTTGTAAC
AGTCTATATCGTTAAAAGCTACATGTTTTCTAAGCCTGTGCCTAATGCTTTACTGAACGC
TTCTTTTGTAGCAAACCTGCCAGCTAAAATTTCAATTTTACGTTGCTCATGTGTGAAATTG
TTGAATTTGTGCTGTTTCAATTTTGTAGTTAAAATCCGCTCAACCAATTTTGGCTGCTTACTATA
TAACACTTTTATTCGATCGATTTTCGATTAAATCTACACCAATTCCATGTATCAT

> **A5IUL8**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A5IUL8_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2151573:2152064:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 9069 ... 9561; Length: 492 bp

Sequence:

TTATTCCTCATTTTTATTGTTTTCTAAATGTCTCTCGTTATTTAACCATCGTTTCAATCTACG
TGCTTCACTTCTATCTATTAATTC AATTT CAGCTTGACCACCCGCTGTATAAAGGGTCAA
GTTGCTAATCGATAGCGTCTCATTATAGGACCAACATCGATATCAATATTTTGAATACGA
AAATATGGTATTACTTTTTTCATCCAAAATAAAAATGCCGTTTCGTACACGCAAATGGTGT
TTTCAAATGCATATCTGCAGTGTATATCGATATACTGGCGCTATGACAAGCGTGAAAA
CAGCAACAAGTAATATTATAATCACACTACTAACAATGGATATATTGTTATCTAATATCTC

CCAAAATAGCCAGTTCAAAAATATTAATGCGATTA AAAAGTACAAGCGCTATGGGTATCCA
AAACAGCACAGCACTTAACCTCATCACTTTTTTAGCGTGTGGTGACATAAAAATTATAATC
CCTCAT

> Q9ZAH8

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: Q9ZAH8_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2152051:2153634:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 9547 ... 11131; Length: 1584 bp

Sequence:

TTATAATCCCTCATCATTTTTACCTCTTAAATACCATGATTTCAATTTATTTGCATCTTCAC
TTCTTGCGTATTTTAGGTTAATCGATTGGGCTCCCACACCTTTAGCAACAATAAAGCTAAA
ATTATTTAAATTGTTGCGTTTAAAGTAATGTATGTTGCCAAGTGTCAAATCCTATAATGTGA
TGCGCTTTAAAATAATAAATATTTTCGTTTCAATAGCTCGAAATTCTGGATAGTAATTTGTT
CTTCTGTCATTTTAAAACCCGCATGTTTGACATAAAGATATCCTTTGATCACAAATAAACC
AATAATGACTATTGTTATAATCGTAAATAACAATAATAATTGATTCCAAAAATAACAGCC
AATACCTGCCATAGCTATGACAATAACTAGGTATTA AAAAGTGTCTGTGGAAACCTGA
CAAAGGCATACCTTCATTA ACTTGTGATAAGATAAATCTGGTACTAAATTCTGGATAATT
TGATATGCTTTGTCTCGTTTAAATAAACGGCAATATCGGCACACTACCTGAATCATTGTCAT
CATCTTCGATTTTTTTATTTTCAAATCACTTGTGATGATAAAAATGTATTGCTGTGTAGCC
AAATAATCTTCGTATATATGACTGACGTTCAACAACAGCTTGCAATCGTTTCGTTGGTACA
GTTACTTTCTTCTTGTTAAAGAGACCATATTCAATTTTAAAGTTGCTCATTTTCAAGCATCAC
CGAAAAGCCATAAAAATCTTATCATCGTTATAATCGTTCCAATAATATATGCCACTATTAAT
ACTAGTAAAATGATGATTAATACTGAAATACTTACAATTTGAACCCATTGACTAATTTTCA
GATTTAGCTTCGACCATGGGATCAACTCTCTTACAGCCCCGTAAATCGGTAATAAGCTG
CTAACGTTACACCAATGGCGCCACTGGTCATTGCCATAAATAGTGATTCTTTAAAATTCAT
CTGATATATAGGAATGCGTTTATTTTTCTGATTAAGCATACTATCAGTGTTCTGCACTTCA
TCTAAGCGACCTTCTGCGATGTCTTCCACATTACCTTCAATGTCATGATTACAGTTGTCAT
TCTTCTCAGCACTAGACTTTTTCGCGCACTTCTGTCTTCAACTCTGTTTGCAATTGATCAATA
TAGCGTTCAAGATATTCACCTGTTTTTTCGAAATAACACTTAAGACAATACCATCACTTG
GTGTTTTGATTTGTAAATCCACACCACCAATAATTTGATTGACGACCCCTTGTTGCATATC
AACGGACTGAATACGTTTTATATTTAATTCTTTACGCTTTTTATTA AAAAATACCTGTTGTTA
AAATGAAATAATTATCCTCAATCCAATATCGCGTGTTTATAATTCCGACAATTTGAGAAA
TGTATGATATTA AAAAGAATACAAATACAATACCTATCCATAAATATGATTCCGGGATTCCG
CATAATCAAATCTTTCAATTGAAAGATAATGAAAATAAAAAGACGACTATGTTTTGTT
TGATAGCATTGATTATGCCATTA AAAATATGAAATCGGATGTAATTTTTGAGGTTTCAGACA
T

> Q9ZAH9

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q9ZAH9_CC015_CIGC93_AHVD01000025.1[4311:4790:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 11123 ... 11603; Length: 480 bp

Sequence:

TCAGACATCACTTTCAACCCCTCTCAAATTCGACATAGTTCTCGCTTCGATTATTTTAAACA
TCGTCATGAGACATCATCGGTAAATAAATAGTATGACCTGCAGTCATAAATCCAACTTTA
TACAAATTAAGCACTTTACTAATTGGATTAGATTTAATCGACAAGTATTGTAAACGTTCA
ATTCGACTCGTTTCTTCTTTATATATAAAAATGATGTACGATATTGTACACTTAGTTGAT
CAACTTTATAAAAGCGACAATGATATTGCCATAAAGGCTTAATAAATAATTTTAAATGTAC
TCAGAGCACCTAAAACCAACAAAATATAAAGTAAGTAATGTGGCCATTCAAATCTTAACC
ATATAAAAATAAAAATGACATACACAGCTACACTCAATATAAATTCTAAGCCATTTCGTAA
TGTAGTAATACAACAATGCTGACTTAGGACTCTTAGACA ACTTAGTATAATCTGACAT

> kdpC-chr

Function: protein coding sequence; potassium-transporting ATPase/C subunit (core genome, constant)

Best match: kdpC-chr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2154315:2154875:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 11811 ... 12372; Length: 561 bp

Sequence:

TCAATCTTTCATCTTATCAAGAGCAATATTTAGTTCAAGCACATTCACATAATCATTGTT
AACACACCACGCTGCTTACGATGTTGAATCAAGTCGGCCACTCTTGAAGTAGATATATGA
CGAGCATCAGCAATACGAGGTGCTTGCTTCAATGCATTTTCAACCGTAATATGCGGATCT
AAGCCCGACCCAGAACTTGTTGCAGCATCTATTGTTACATTTGAATTCCCAAATTTAACAT
GATGTTTCATGCGTGCTATTAATTCGGTGTTCATTTCGATTCATTACTTCCACCTGATGAT
ACGCCGTTTTTATATAATTTTTCAGGATTCATATTATAATCAACTGCACTCGGTCTCCCGT
GAAAATATCGTGTCTCTGTCCAGTGTGTCCAATCAATTTTGATCCAACTATACGATTGTC
ATACGTAATTAACCTGCCATTTGCTTGTGATAAAAAAATATTTGACCAATTAACGTGAT
AGCTAACGGGAATAAAAAATCCACATAATACCATAGTTATTATCGTTAAACAAATACTATT
TCTTATCGTATTCAT

> **kdpB-chr**

Function: protein coding sequence; potassium-transporting ATPase B chain (core genome, constant)

Best match: kdpB-chr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2154895:2156922:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 12391 ... 14419; Length: 2028 bp

Sequence:

TTACACAAAAAATTGTACAATCATATCTATTAATTTAATGCCTAAAAACGGGACGATTAA
TCCACCTAATCCATAAATCAACATATTATTTATAAAGATTCTATCAATGCTGTAACCCTTT
ACTTTTACACCTTTCATGGCAATTGGAATTAAGGCAACAATGATTAATGCATTGAATATC
AAAGCTGATATAATTGCAGATTTAGGTGACGATAAATGCATAAATTTAGTGAAGTCATT
TCTGGAATTGTTGACATCATTAGTGCAGGTAATAATTGCAAAGTATTTTGTACGTCATTAG
CCAAACTAAATGTCGTTAATGCACCTCTCGTCATTAATAATTGTTTGCCTATTTTTACAAC
CTCTATTAACCTTTGTAGGATTCGAATCTAAATCAATTAGATTAGCTGCCTCTTTAGCACTA
ATTGTCCCTGAGTTCATTGCTAATCCTATATTCGCTTGTGCTAGCGCAGGTGCATCATTG
TACCATCTCCTGTCATCGCAACAATATGGCCTTTCGCTTGTTCATCTTTGATGACTTTAATT
TTATCTTCGGGTTTACACTCTGCAACAAATCTATCAACCCCGGCTCCTTTTGAATTGTAG
CTGCTGTTAAAGCATTATCACCTGTACACATAACTGTTTCAATCCCCATTTTTCTCAATTC
AGTAAATCGTTCTACAAGACCATCTTTAATCACATCTTTTAAATAAATCACGCCAAGCAT
GACATTGTTTTCAATGACTATTAATGGTGTGCCACCTTTACTCGATACATCCATACAGAGA
GACTCAATGTTAAGAGGAATATTGCCTTGTGTTGTTTGAACAAGATTTATCATACTATTAG
GTGCACCTTTGAATACCGATATTTCAATTTGTAATGATTCCGCTCATTCTAGTTTCAGCTGT
AAAAGGCTTATATGTGCCATCAATGTCTTTAGGCAGCTCATTTATATACATCTGCTTCGCT
AATCGTACAATACTTTTTCTTCTGGCGTATCATCGTAGATTGATGACATATAAGCAGCGA
CTATCAATTTTTCCACATTTGTTGATTCACTGGTAAAAAATTCCTAGCGATTTCGATTGCC
ATAAGTGATTGTCCCTGTCTTGTCTAAAATCATTACATCGACATCTCCACATACTTCTACA
GCACGCCCACTTTTCGCTAATACATTGAATTGAGTAACACGATCCATGCCTGCAATACCA
ATCGCCGATAACAAACCACCGATTGTGCTGGTATTAACATACTGTTAACGCAATGAGC
ATCGCAATAGGTAAAATTAATGCAGGTAAGATGCTATTGGATATAACGTTACAATAACG
ACTAAAAATATAATTGTTAACGTTGTTAATAATGTAAAAAGTGCAATTTCAATTTGGTGT
TATTTCTTTCCGCCCTTCAACTAAGGCAATCATTTTATCTAAAAAAGATGTACCCGCTTC
ACTCTCAACACGTATTTCTAACCAATCAGATGTTACAAGTGTACCGCCAATGACTCCATC
AAAATCGCCACCTGATTCTTTTATCACAGGTGCAGACTACCAGTAATTGCAGATTCATC
AACGGTTGCTAATCCATTTATTACAACGCCATCAGCAGGGATTGTTTCTCATTCTTCTACC
CGAATATTTTGTCCGGCTTTTAACTCTGTGGCGTTCCTATCCGATACGCACCATTTTCTTC
TATCAATCGAGCAGTTAAATTTGATTGTGCTTGTCTTAACTATCAGCTTGCCTTTTCCA
CGACCTTCAGCAAAGGCTTCTGAAAAATTAGCAAACAATATAGTTATTAATAATATGATA
AAAATTGTAATCAAATAACCTCGCGATAGATAGCTAGTTCCAAATATGTCAGGAAAACAT
ATTAATATCAACGTTAAATCATTCCAACCTCAACGACAAACATTATCGGATTTTTTATTA
ATTGTTTAGGATTCAGCTTATAAAAACTCATTTTCAAAGCTTCTATCACCATTGTTTGATT
GAAATATTTATTTACATGATGCAT

> **kdpA-chr**

Function: protein coding sequence; potassium-transporting ATPase A chain 1 (core genome, constant)

Best match: kdpA-chr_CC005_JH1_CP000736.1[2234952:2236628:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 14437 ... 14587; Length: 150 bp

Sequence:

TTATTTTAAAGTTAAAAATTCACCAATAGGACCAAGTAATAGTACTGGAATAAATGTCAA
ACCACTTAGTAAAACGATAAATACGATTAGTGATACGCCAAAATAAGGTTTATCAATCGC
TATTGTATATTTATCTTGATGGTATGATTT

> **kdpD-chr**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase (core genome, constant)

Best match: kdpD-chr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2158889:2161546]

Position: 053-contig_55_RC: 16385 ... 19043; Length: 2658 bp

Sequence:

ATGTCAAACACTGAATCGCTAAACATAGGAAAAAAGCGTGGATCTTTAACAATTTACATC
GGTTACAGTCCAGGTGTTGGTAAAACATTTGAGATGCTTTCAAATGCCATTGAACTATTT
AAAGTAAACGTTGATATTAATAATAGGATATATTGAACCGCATCAGCGTGATGAAACAAAT
GCATTAGCTGAACAATTACCTAAAATCACAACCAATTTTACTAAACATGGTAGTCATCAT
TTTCAATATTTAGATGTGCGACCGCATAATCGAAGAATCGCCGACAATAGTACTTATCGAT
GAGTTAGCACATACGAATATTTCTAGAGATCGTCATGAGAAACGATATATGGATATTGAA
GAAATTTTAAATCATGGTATCGATGTTTCATACCCTTTGAACATTCAACATATTGAAAGTT
TAAGTAGTCAAATTGAACTGATGACCGGTGTACATGTTAAAGAACGTGTACCCGACTATT
TCATAATGAGCGCCGATGTATTAGAAGTCGTAGATATCTCACCTGAACAATTAATTAAC
GCTTAAAAGCTGGCAAGGTATATAAAAAGGATAGGCTAGATGTAGCATTAGTAATTTCT
TTACGTATGCCACCTAAGCGAACTGCGTACATTGACGTTAAGAACAGTTGCCGACTTGA
TGAGTGATAAAGAAAAAGTCCGACACAATCATAAAACGTCACTCAAACCTCATATTGCTG
TGGCAATTAGTGGGAGCATTATAATGAAGCAGTAATTAAGAGGCATTCCATATTGCTC
AAAAAGAACATGCGAAATTCCTGCTATTTATATAGATGTATTCGAAAAAACAGACAAT
ATAAAGATAGTCAAAGCAAGTGCATCAACATCTCATGCTTGCAAATCATTAGGAGCA
AAAGTAAAAGTAGTTTATAGCCAAACCGTTGCATTAGGATTAGACGAATGGTGTAAAAAT
CAAGATGTAACCAAATTAATTATCGGACAACATATTAGAAATAAGTGGCAAGACTTTTTTC
AATACACCTTTAATTGACCATTTAATGTCCTTTGAACATAGCTATAAAGTCGAAATCGTTC
CAATCAAACAAATACCTGTTGAATTGAAAATGAACAAATCACCCCTATCGTCCTAAAGGCA
AACGTTTCGCCATAGATATGTTAAAAATGATTTTGATTCAAATAATTTGTGTAATGATGGG
ACTGTGGATTTATCAACTTGATAAGCATGAGTCTAGTACGATTATTTAATGATTTTTTCTC
ATCGGCATCATTGTTATCCATTTGGACGCGATCCTTCATCATTGGCTTTTTAGCAGCAA
TTATTAATGTATTTGTTTTAATTATTTTTTTACGGAACCTAGATATACATTTGAAGTATAT
CGCTTTGACTATCCTATTACATTTATCGTTAGCATTTTAACAAGTATTTAACGAGTGCTTT
ATTAACAACAATTAATTCCAATACTCCATTACTAAAAAGCACTTTATCGTACAGATTT
ATTATTTCAATTTAATGATTCGATTAACAACAATTATACAGTTGAAAACCTACTAATAAAT
GCTGGATACCAAATTAATCAATTATTGCAACAATCAATTACTATATACGTTATCAATCAAT
CGAAAGTAATTAACAACAATACCATTGCAAAACCATATCGATAATACGACTCAACAGCAT
GAACAAGCATTAAAGCTGGGTAATTAAAAATGAAAGACAAGCTGGTGCAACAACAGATAC
ATTTCCAGGCATTAATAAATGGTTGATACCAATTGGCACATCTCCGATTAAGGCATTCT
AGCCATTGATTACCAAAGTTCTCAAGTGATTAATCCATATGATGCATCAATATTAGAATC
AATGTTAAATGAACTTTCTCTCGCCGTTGAAAATGTGACGTTACTTAAACAACGAGAGA
ATCCATGTTACAGGCTGAACGTCAACTGACACATTCAAATTTTTTAAGATCAATTTTCGCAT
GACATACGTACACCGTTAACAACAATTATGGGAAATTTAGATATTTTAGTATCACATAGT
AAAGATATGTCTATCATAGAAAAGGAACAATTACTTGTGCATAGTTTTCAAGAAAGTCAG
TATTTATATCTATTAGTGACAAATATTTTATCATTAACAAAATTACAGTCATCCAATGTT
AGATAAAATTGCAACCTTATCTCGTTAGTGAATTAGTAGAAGAAATCGATATGATTTTAG
AACGTCGCCATTTAAAAAAGCGTATAACTGTATCATCCTCAGTAGATTTACAGTTTATAC
ACATTGACAGTAAGTTGATTTTACAAGCTTTATTCAATTTGATTGAAAATGCAGTTAAACA
CACTTCTACTGACACCAAATCAATTTATCTATTCGTTATGCTAGCGATGAACAAATCGA
ATTTGCCGTTATAGACGAAGGACCTGGAATTAGTTTAGAAGAACAACAAAAGATATTCGA
GCCTTTTTACACAGGATCAAATAAATATTTTAAAGATAACCAAAAAGAAAGCATGGGACT
AGGCTTATATTTAGTACAGACTATCCTACACAAACATCAATCAAACCTTACAATATAAACC
GAACCAACCACACGGCAGTATATTCTATTTCAATATAGATACAGACTTTAATGAAGGAGA
CGTATAA

> **kdpE-chr**

Function: protein coding sequence; KDP operon transcript regulatory protein KdpE (core genome, constant)

Best match: kdpE-chr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2161546:2162241]

Position: 053-contig_55_RC: 19042 ... 19738; Length: 696 bp

Sequence:

```
ATGCAATCTAAAATATTGATAATTGAAGATGATCACGCAATCACACATTTACTTGATGTT
GCATTAACCTTTAGATTATTACAATGTAACACTACAGCCGACAATGCCACACAAGCACACTTT
AAAATTCAAATTGATAAACCAGATGTCAATTTTATTAGATTTAGGTTTACCAGATAAAGAT
GGATTATGTTTGATTTTCAGAAATCAGGCAACATACTGACATTCCTATCATTGTAATAAGTG
CAAGACAAGAAGAACAACAATTATTCAAGCTTTAGATAACGGTGCGAATGACTATATG
ACTAAACCTTTTAATGTTGATGAGCTTCGGGCACGAATACGAGTCATCGAGAGAATCGCT
AAGTCACATCAAGAACTAACATTGTATTTACTAACGGTTTGCTAAGCATCGACTTTGGC
TCCAAATCTGTTGTTATTAATAATCAGGAGGTACATTTGACTCCAAATGAATTTAGCTTGT
TAGAACTATTGTCAAATCATAAAGGAAAAGTACTCACTTATGAGATGATATTAACGAA
TATATGGCTATGTTAATAAGACTGAAATGCCTAGTTTAAGAGTGCATATGACATCATTA
GACAAAACCTTTCACAATGTCATGAGGACGCAAAAGATATTATTAACACATCCACGC
ATTGGTTATCAAATGTTGCAGTGGAAGAGAAATAA
```

> **csxA**

Function: protein coding sequence; ATP-dependent RNA helicase (core genome, constant)

Best match: csxA_CC001-ST772_118_AJGE0100006.1[51248:52768]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 20107 ... 21628; Length: 1521 bp

Sequence:

```
TTATTTTTGATGGTCAGCAAATGTGCGACCTTTCATAGGTCTGCTTCCACCGCTGCTCTTCT
CTTTACGGTTCGAATTTTTTTGTACTTTTCTTTTACTTGAGTATCCTTTTGAACGTTTACTCT
TACTGTCAAATTTAGGATTACCACGCTTACTATTTCTGTTACGAGAACCGCTTGGTTTACC
ATTACGGCCTTTGCGAGATAATGGTTTTTCAAAGTTAATTGAACTTCAACTTCATCGTTC
GCTTCTACTAACTCTTGTAAGTGCAGCAACTAAATCAACATCGTTATATTCATTTAACA
ACTCTGTAGAAATACGTTTCAAGCGTGATTCTGACTCTTTAGACATCCAGTTTTCACTTT
TTCTTTGATGTCATCTTCACGTGCTTGAAGTACTTCTTTACGATGAGGTGGACGAAGTGCA
CTCATTTTTTCTACCATTTGCATCTTCAATTTGCTCTGATATAATCCATTTTCGATTGGATTAAC
AAACGTTACAGCGATACCTTCTTTACCAGCACGACCCGTACGACCAATACGGTGAGTATA
GCTTTCAGTATCTTGAGGTATATCAAAGTTATAAACATGACTCACACCAGAAATATCTAG
TCCTCTTGCTGCTACATCAGTAGCGACTAAAATATTAATTTGGTCATTTTTAAATTTCTTTA
ATACTTCTAAACGTTTCGCTTGTGTAATATCACCATGTAAACCTTCAGCTTTATATCCTTTA
GAAATCAAAGCACTTGTTAATTCATCAACACGACGTTTTGTACGTCCGAATACGATTGCT
AATTCAGGTTGATGAACATCTAGGAAATTTGTAAATGTATCAAATTTCTCTAATTCCTTAA
CAATTGTATAGAATCTTCGATTTGTGGATCAGACATTTCAATTATTCATTGTCTTAATGATT
TTTGGTGATTTCAATAATTGTTGTAATAAGCTTGGATTGCTTTAGGCATTGTAGCTGAGA
ACAACATTGTTTGACGTTGTACTGCTGGAATTTTATCCATAATAAATCTCATATCATCGAT
GAATCCCATATTCATCATTTCATCAGCTTCATCTAAAATCAAAGTATGAATTCGGTCAGTT
TTAATGTGCGACGATTTAAATGGTTCGATAACACGCCAGGTGTTCCGACTACGATTTGT
GGGCCTTTTTTCAAGGCTTTAATTTGGCGTTCGATAGGCATACCACCGAATACAGTAACA
ACTTGGACACCTTGTCCACGGCTAAATTTCTCTAATTTGTTTCAGCTACCTGCATTGCCAATT
CTCTTGTAGGTGCTAAAATCAACGATTGAACCCCTTGTTCCTACTACTTTCTCAATTA
AGGAATACCGAATGCTCCTGTTTTACCTGTACCGGTTTGAGCTTGCCCAAGGATATCAATT
CCTTGTAACGCATAAGGGATACTGTCTTTTTGGATAGGTGTGGCTCTTTAAATCCCATTG
ATCAAGTGACTGAACCGTATTATCCGAAATCCCTAGTTCTTTAAATTTTGCAA
```

> **murF**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylmuramoyl-tripeptide--D-alanyl-D-alanine ligase (core genome, constant)

Best match: murF_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2214371:2215729:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 22144 ... 23503; Length: 1359 bp

Sequence:

```
CTATGAAATTAAGCATTACAACCTTCTTCTAACTTCATACCACGTGATCCTTTAACTAAT
ACACGGTCATGCGCTTTTAAATCGCTTGTTAAAACCTTCTATCATATCGTCTTTAGAATTGA
AGTGGTTGTGCTTTTTTCGACATGTTGCTGGCCCGAATCATAAATATACTTCGCTTCATTACC
AAACGTATACAACACATCTATATGCTTTTCTTCTAAATAATTACCTACACCGATATGCATT
TCTTTGCTATTTTCACCTAATTCTAAAACATCTCCTAAAATTAGAATGCGACGCCCTGTCA
AAGTACTCAGTGTATCAATAGCTGCTCTCATACTTGTAGGACTTGCATTATAGGCATCATT
TATCACAGTAATATCATTTTCTAATGTATGTTGCTCCATACGCATACCAGTTAAGCTGACA
TTTTTTAAATTTTGATAGATTGTGTTATATGTCAAACCTAATTCATGACCAACCGCAATGG
CAATCGTCGCATTTTTTCATATTATGCTTTTCTAATATTGGTAGATCATAATGTTCTTTATTA
TTAATCGTAAATGAAATACCTGTAGTATCTCTATCATCAACAGAACAACCTAATGCATTA
TCAGTAGCAACACCGATACTAATACATTTTGCATTTTCAACTTCTTTAACATGCGGTTTCA
ATAATGGTTCATCGCCATCATATATAAACGTACCATTATCTTTTAGACCTATTGTAATTTT
AGATTTAGCTTTAGCAATCCCCTCGCGCGAACCTAAATCTTGCATATGTGACTCACCAATA
TTAGTTATAACTGCAATATCTGGTTGAGCGAGGTTTGACAGAAATTCATTTTCATGGAAA
CCTGACATCCCCATCTCCAATATTGATATTTAGTATCATTATCTAATTTCCAAAATAGTTA
AAGGTAAACCAATTTCAATTATTGTAATTACCTTGCGTTTTTCTTAACTTTAAATTCGGTATG
CAATACACTTTCAATCATATCTTTAGTTCGTTGTTTTACCATTAGACCCTGTGACGGCAATT
ACTTTAGGGTTTACATGTCTCAAGTAAGCTTGTGCCAATTGTTGTAATGCCGTTAATGTGT
CTTCAACCCATATAAATAGGCCCGCTTACATTTTTCATCTATAGGTGTTCTCTTTTGATAAAA
AGCAGCTCCAGCACCATCTTGTAATGCTTTAGAGACAAAGCGATGACCGTCAACATTTTC
ACCTTTAAATGGTATAAATAACATATTTTTAGAAATTGCTCGTGAATCAATTGTGACTCCA
TTTATCACTTGATTTAAAATTGATCTTCAATTTTACAAGGAATCCATGATTGAATTTGCT
TTAATGTAACATTAATCAT
```

> **ddlA**

Function: protein coding sequence; D-alanine--D-alanine ligase (core genome, constant)

Best match: ddlA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2166020:2167090:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 23517 ... 24588; Length: 1071 bp

Sequence:

```
TTAGTCAATTTTGTATTTATTTTCTGTTTATCCTGGTGACGTTCTTTAGCAAGCTCGATAA
GTTTTGTAATCAGTTCTGGATAAGATAAGCCATATTTTCCATAACTTTGGATACATACT
GAAAGCCGTAATCCAGGCATTGCATTTGTTTCATTAATATATATTTGGTTGTCTTCTGTT
ACAAAGAAATCAGCACGGACTAAACCAGAACAACTGTGTCGCTTTGAATGCCTCTAATGCC
ATATTTCTAAGCGTTAATTGAACATCTTCGTCTAAGTCAGCTGGAATTTGTAATTGAACCT
TACCATCTTTATATTTTGTATTTGTAATCGTAAAACGCGACATCTTTTACGACTTCACCTGG
CCATGTGCTTCAGGATAGTCATTTTCTAAAACCTGCTACTTCAATTTACGTCGTTAACG
CCTTGTCTATAACAAGCTTACGGTCAAATTTGGAATGCTTCTTTAATACCTTCTTTAAGTT
CCGCTTCATTATTACATTTACTGATACCTACACTTGACCCTAAGTTAGCAGGTTTAAACAAA
GACTGGGTAATTTAATTTATCATTACTAATTTTAAAATGTTATGTTTCATATTTTTCATATT
CAGAACGTAAGAACTAATATAAGGTAACCTGTGGTAACCCTCGATGTTCAAATAATTGTT
TCATTACAAGTTTGTCCATAGAACTTGCAGCTGACAATACACCATTTCTACATATGGTAC
ATCCAAAACCTCAAAAAGTCCTTGAATCGTGCCATCTTACCATTAGGACCATGTAATAA
TGGGAATACTGCATCGTATGGTTGTCTGAACTACTTTCTTTCAATAGCTGTGAAATCTCA
AGCGCCTCTCCATTTTCTAAATGAAGCTCATCAGTAGATTTAATTTACGCTGTAATATTAT
TTTGCTTTCTCCAATCACCATCATTGGTAATATAAATGATATCAACATGATATTTGTCTTT
ATCTATTGCATTTAATACATTTTGTGCTGTCAGAATCGATACTTCGTGTTCTGCACTTTTCC
CTCCAAAACGATACAAATATTTTCTTTTGTTCAT
```

> **ftsW**

Function: protein coding sequence; cell division protein

Best match: ftsW_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2217132:2218334] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 24905 ... 26108; Length: 1203 bp

Sequence:

ATGAATTATTCATCTCGTCAACAGCCGGATAAGCATTGGCTTCGCAAAGTAGACTGGGTA
TTAGTAGCCACTATAGCTGTTTTAGCAATTTTCAGTGTCTGCTTATTAACCTCGGCAATGG
GCGGTGGTCAATACAGTGCTAATTTTCGGTATCAGACAAATTTTTATTACATTTTAGGTGC
AATTTTTGCAGGTATCATCATGTTTATTTACCTAAAAAGATTAAACATTATACATATTTA
TTGTATTTCTTAATCTGTCTATTATTAATAGGCTTGCTCGTTATTCCTGAGTCACCTATTAC
ACCTATTATCAATGGTGCCAAAAGTTGGTACACGTTTGGCCCTATCAGTATTCAGCCATCT
GAATTCATGAAAATTATTTAATTTTAGCATTAGCGCGTGTCTGTTTCTAGACATAATCAAT
TCACATTCAATAAATCATTCCAAAGTGATTTGTTATTATTTTCAAATTTATTGGTGTCTC
GTTAGTACCAAGTATTTTAATATTACTGCAAAATGACCTAGGAACTACATTAGTATTAGCT
GCTATTATTGCAGGTGTGATGTTAGTAAGTGGTATAACATGGCGTATCTTAGCACCTATCT
TTATTACAGGTATTGTTGGTGCAATGACAGTCATTTTAGGTATTCTATATGCACCCGCATT
AATTGAAAATTTATTAGGTGTCCAAGTGTATCAAATGGGACGAATCAATTCATGGCTTGA
CCCCTATACATATAGTAGTGGTGATGGCTATCATTTAACTGAATCACTTAAAGCTATCGGT
TCTGGACAGTTACTAGGTAAAGGATACAATCACGGTGAAGTTTATATACCTGAAAATCAT
ACTGACTTTATCTTTTTCAGTGATTGGAGAGGAACTTGGCTTTATCGGTTCTGTCATATTGA
TCTTAATATTTTTATTTTAATCTTCCATCTAATAAGATTAGCTGCGAAAATTGAAGATCA
ATTTAACAAAATCTTTATCGTTGGTTTCGTCACTTTACTTGTGTTCCATTTTTACAAAATA
TTGGTATGACAATTCAGTTGTTACCAATCACTGGTATTCCATTACCATTTATTAGTTATGG
TGGTAGTGCCTATGGAGTATGATGACTGGAATAGGTATAGTCTTATCAATTTATTATCAT
GAACCAAACGATATGTCGATTTATACCATCCAAAAGTAATTA

> Q9XBC0-chr

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q9XBC0-chr_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2219084:2219377:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 26857 ... 27151; Length: 294 bp

Sequence:

TTAGTCTTTAATCAATTTTTGAAAAGTCACTAATAACTCTTCCATTGCCTCTTCCTGAGCA
CCTTGATTAACTTTATTCATAATACTTTTCATATGTTGTTCTAATAACTTTATCGCAAC
ACTGTTTAAACGCCGAACGTGTCGCTCTTATTTGCGTAAGGACATCATCACAATAGACATCT
TCTTCAATCATGCGATTAATCGCTCTCACTTGCCTTCAATTCGATTTAAACGTGATTTAA
GATTCGTTTTTATTGTTTCAAGAATGATGTGCATTATCTTGTTTCAATTCAT

> cls2

Function: protein coding sequence; cardiolipin synthases 2 (core genome, constant)

Best match: cls2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2219543:2221027] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 27316 ... 28801; Length: 1485 bp

Sequence:

ATGATAGAGTTATTATCCATTGCACTCAAGCATTCTAATATTATTTTAAATTCAATATTTA
TTGGTGCATTTATTTTAACTTATTATTCGCCTTTACCATTATTTTCATGGAAAGACGTTCT
GCCAATTCTATCTGGGCTTGGTACTAGTCTTAGTTTTCTTGCCTTTATTCGGCTTCATTTT
ATACTTACTATTAGGACGACAAATTCAACGTGACCAAATTTTCAAATTTGATAAGGAAGA
TAAAAAAGGATTAGAGTTAATCGTTGATGAGCAATTAGCTGCTTTAAAAAATGAAAACCTT
TTCAAATTTCAATTATCAAATTTGTAATAATTTAAAGAAATGATTCAAATGTTGTTATATAAT
AACGCAGCATTTTTAACAACAGACAACGATTTAAAAATATACACAGACGGCCAAGAAAA
ATTTGATGACCTAATAACAAGACATCCGTAATGCTACTGATTATATTCATTTTCAGTACTAT
ATTATTCAAATGATGAATTAGGTCGTACCATTTTAAATGAACTTGGTAAAAAAGCGGAA
CAAGGTGTAGAAGTTAAAATTTCTTTATGATGACATGGGTTCTCGTGGACTGCGTAAAAAA
GGCTTACGCCGTTTCGCAATAAAGGTGGACATGCTGAAGCATTTTCCCATCAAATTA
CCTTTAATTAACCTTGCATGAACAATCGAAACCATCGAAAAATTGTTGTAATAGATGGG
CAAATTTGGATATGTTGGTGGTTTTAATGTTGGTGTGATGAGTACTTAGGTAAATCAAAAAA
TTCGGCTATTGGCGAGATACGCATTTACGAATTGTCGGGGATGCAGTGAATGCATTGCAA
TTACGATTTATTCTAGATTGGAATTCACAAGCCACACGTGACCACATCTCCTATGATGATC
GTTATTTCCCAGATGTAAATTTCTGGTGGAAACAATTGGCGTTCAAATAGCTTCTAGTGGTCC
TGACGAAGAATGGGAACAGATTAATAACGGCTATTTGAAAATGATTTTCATCTGCTAAAAA

ATCGATTTATATTCAATCTCCCTATTTTCATACCTGATCAAGCCTTTTTAGATTCTATTA
TTGCGGCATTAGGTGGTGTGATGTCAATATCATGATTCCTAATAAACCTGACCATCCGTT
TGTTTTTTGGGCTACTTTAAAAAATGCAGCATCCTTATTAGATGCCGGTGTAAAGTATTT
CACTACGACAATGGCTTTTTACACTCAAAAACACTTGTATAGATGATGAAATTGCAAGT
GTGGGAACAGCTAATATGGACCATCGCAGTTTCACATTGAATTTTCGAAGTCAACGCTTTT
ATTTATGACCAACAAATTGCCAAAAAATTAACAAGCTTTTATAGATGATTTAGCAGTA
TCTTCTGAATTAACAAAAGCACGTTATGCTAAGCGAAGTCTTTGGATTAAATTTAAAGAA
GGTATTTCACAATTATTGTCACCTATCTTATAA

> **A5IUN5**

Function: protein coding sequence; metal-dependent phosphohydrolase HD subdomain protein (core genome, constant)

Best match: A5IUN5_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2156888:2157535] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 28828 ... 29476; Length: 648 bp

Sequence:

ATGCAACAATCAGACGTCATTAGTGCTGCCAAAAAATATATGGAATCTATTCATCAAAAT
GATTATACAGGCCATGATATTGCGCATGTATATCGTGTCACTGCTTTAGCTAAATCAATCG
CTGAAAATGAAGGTGTTAATGATACTTTAGTCATTGAACTCGCATGTTTGCTTCATGATAC
CGTTGACGAAAAAGTTGTAGATGCTAACAAACAATATGTTGAATTGAAGTCATTTTTATC
TTCTTTATCACTATCAACCGAAGATCAAGAGCACATTTTATTTATTATTAATAATATGAGC
TATCGCAATGGCAAAAATGATCATGTCACTTTATCTTTAGAAGGTCAAATTGTCAGGGAT
GCAGATCGTCTTGATGCTATAGGCGCTATAGGTGTTGCACGAACATTTCAATTTGCAGGA
CACTTTGGTGAACCTATGTGGACAGAACATATGTCACTAGATAAGATTAATGATGATTA
GTTGAACAGTTGCCACCATCTGCAATTAACATTTCTTTGAAAAATTACTTAAGTTAGAAT
CTTTAATGCATACAGATACGGCGAAGATGATTGCTAAAGAACGTCACGACTTTATGATGA
TGTACTTGAACAGTTTTTTTACGGAATGGAATTGTCACGACTAG

> **txbi_universal1-var1**

Function: rho independent terminator of oxaA

Best match: txbi_universal1-var1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2172406:2172478:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 29762 ... 29792; Length: 30 bp

Sequence:

TATTTCAAATAAAAACAGCAGTAGGATGAC

> **txbi_oxaA**

Function: rho independent terminator of oxaA

Best match: txbi_oxaA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2222431:2222513:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 29863 ... 29946; Length: 83 bp

Sequence:

TATTGAAGCGAAAAATAATGTGCGCCCTATAAAGTTAAAATTATCTTCAACTTTTAGGGT
GCACATTATTTGGACTTGCTAAG

> **oxaA**

Function: protein coding sequence; membrane protein (core genome, constant)

Best match: oxaA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2158348:2159220:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 29947 ... 30820; Length: 873 bp

Sequence:

TTATTTCTTTTTCTTTTTAGACACAACCTGTGTGTTTTTGCCTTTTTTTATTGCTGCCGCCGTT
GTGCTCTCTTTCATACGCTTCAATGAAAGGTTGACTTCTTTTTTTAGCGACTTTTTTCATAAT
AAATGTTTCGCAAAGTGTGTTTGAACACTACAAGGAACGCCGCACTGACTGACCAGTACAAAC
CAAGTGCTGATGCTGAGCTTAATGAAATCCAGATAATCATAATTGGTGAAATGACCATCA
TCATGTAACCCATTTGACGTTGTTTCGTCTGGCATCGTTTTACTTGATACATATGCTTGGAT
AAAGTATAAAACACCGGCAATAATTGTAATCCAAATATCAGGACGTCCTAAATCGAACC
ATAAGAAGTGTGGATATTTAAACAAACCATCTACAAGTTGGTCTTTAAGTACAAAGTATA

ATCCCATGATGATTGGCAATTGGATTAGCATTGGTAAACAACCCAACATACTCTTAATCG
GGTTCATGTCATACTTTTTATATACTTGCATTAATTCTTGGTTTGCAGCCATTTTTTCTTCTT
GTGTACGCGCACGTTTCACTTTTTCTTGAATTTTTCAACTTCTGGCTTTGCAACTTTCATT
TTTTGACGCATCATATGACTATTTTTATAGTTTGACAACATGAATGGTAATAAAATAATAC
GAATTACCAATAACAAGGATAATAATAGCTAAACCATAATTGTCGTTAATAAGTTATTTCC
CCAACCAATCCAATACATTTTTTCAATTGGATCTACGAATGTATTGTAGAAAAACCCACTAC
GTTTTTCAGGTTTAGAATAGTCACAACCAGCCAAAAAGACCATAATACCTAAAAATAATG
GTAGTAACGCTTTTTTCTTCAT

> **thiM**

Function: protein coding sequence; hydroxyethylthiazole kinase (core genome, variable)

Best match: thiM_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2159949:2160740:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 31548 ... 32340; Length: 792 bp

Sequence:

TTATTCCACCTCTTGAATACGAATCCGTTGTTGATAGGTTGTTTCATTTAAATGATATAAC
GTATCAAGCAACAATGGTGAAAACGTACCAGGACCACCACAATTTTCATTTTCAGCAGCT
ACCTCAGCAGCAATATTAATACGCTTACCGCTTCAATTAACGCTTCTATGTCTGGTTCTG
TTTCTCTAAATAAAAATCCAGCAATAACGCCTCCTAATAAACAACCAGCTCCAGTTACTC
GTGCTAATAATGGAGATCCATTAGCTAATACGAAGGCTTTATTATCTTGAACAATAACGT
CCTCTTTACCTGTGATTACTATTGCAGTTTTATATGTTGCGTAAGCCTTTTTTCGCTATTGCA
ACCGCATCAAGATTAGCATCACTATCTGTACCTTTCATAGTTGCTGTATCATCAATCAACG
CTAATATTTTCAGATGCATTGCCTTAAATTACTGATACTTTCGCTGATTTCAATAATAATTTA
CAAATTTGCTTTTCGATATGTAGAAGCACCAACAGCTACAGGGTCAAATACAATAGGTAA
GCCTGCCTCATTGCGGTTTGAGCAATCGCAATAATATCTTGTTCAATTTCTGCTGTTAAA
GTACCGATATTGATTAATAGCGCTTGTGCAACTTTGTAATAATCTTCAGCTTCTTCGGGAG
CTTCACTCATTGCAGGGCTAGCACCAATACTTAATAAACCATTTCGCTGTAAAATTTTTAAC
TACATCGTTTGTATAACAAATTGTTAATGGGTTTTCAATACGTATTTTATTTAGATAATTC
AT

> **thiE**

Function: protein coding sequence; thiamine-phosphate pyrophosphorylase (core genome, constant)

Best match: thiE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2173549:2174190:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 30905 ... 31547; Length: 642 bp

Sequence:

CTAATTATTAATAAAAATCTTTGAATCGATTAACAGTCTTTTTCAATATTTTCACTTTTAGAA
ATGGCTGAAATGACTGAAATTCCATTGGCACCTGCTTCTACAATCGGCGCCACATTATTA
GTATTGATACCGCCAATAGCTACAATCGGTAGTTGCGGATTCATTTCTTTAAACGTTGCAA
TCATTTTTGGACCTACTGGTATATGCGCGTCATGCTTCGACGGCGTAGGATAGATTGGTCC
AACACCTATATAATCAACATGAGTTAAATCAGATTTTGCATACTCATCTAAATCACTAAT
ACTAAGTCCAATAATTTTATCAGTGAAATATTGTGCTATCTCTTTGACTTTCGCATCATCTT
GACCGACATGTATACCATCCGCGTTAATTTCTTTTGCCAAGGATACATCATCATTAAACGAT
AAAAGGCACATCATATTGATGACAGAGATGCTGTAATTCTTTAGCTAATAACAAGTTTATC
GTTTCCTTTTAAAGCTGATTCACCTTTTTCTCGAAATTGGAAAAGTGTAATCCCTGCCTTT
AATGCTGTTTCTAATACTTCATGAATAGTTTCGATGACTCGGAACATCGGAGGTCCACAA
ATAAAAATACACATTTAGATACGATTGGTTAAACAT

> **thiD2**

Function: protein coding sequence; phosphomethylpyrimidine kinase (core genome, constant)

Best match: thiD2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2174967:2175797:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 32323 ... 33154; Length: 831 bp

Sequence:

TTATTTAGATAATTCATCGTCTAATCCCTCTTTCTTTAAATATGCAAAATGATTCACTGGA
CCTCTACCACGGCCGATTTTCAGGCGTATATTGTATACTCATTGAAATAAACTTTTTAGCCT
TGTGTACAGCCTCAAATAATCGTCTACCTTTTGCAAGTTCTGCCGTTATAACTGCTGAAAA
TGTACACCCTGTTCCATGCGTATGTTTTGTTTTAAATCGTTCATTTTCAAATGTTTGAACAC

CTTCGTTAGTAAATAAATAATCTTTTGCTATATCAGTATCATTGAATGACCGCCTTTAAT
GATGACACCTTTACTACCAATCTCATTAATAAAGATGCGGCCAGCCTGCATAATTTTTCT
TCACTATCAATGGTTAGTCCCGTTATTTCTTCAGCTTCTGGTAAATTCGGTGTACTATGTC
AGCTAATGGCAATAACCTATGCTGCAAGTTTTGCTTTGTGTCATTATCCATTAATGAATCA
CCGCTTTTCGCCAACATAACAGGATCAATTACATATGGAATAGATTCATGTTGCATTA
TAATGACGAATCGTTTCCATAGTATCTGCTGTAGCAATCATCCCCGTTTAAATAGCATGCG
GTAAGGTATCGTTGAAGACACTATCAAGTTGTTTCATCTACCCATTGATGATTTAAATTATG
AATATGTTGTACGCCCAATGTATTTTGAGCAACAATACTTGTAAACGACGCCCATACCATA
TACACCACATGAATGAAATGATTTTAAATCAGCCATTACGCCGGCACCACCTGTTGGATC
AGTACCTGCAATGGTTAATGCTATTTTAGGTTAATCAT

> **tenA**

Function: protein coding sequence; TENA/THI-4 family protein (core genome, variable)

Best match: tenA_CC001-ST772_118_AJGE01000006.1[39040:39729]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 33146 ... 33836; Length: 690 bp

Sequence:

TTAATCATTACTTTTTCTCCAAATTCCTATTGTTCTAGTGTTCATAGCCATATTGAAAAATC
GACGCTCATGTATGCAACTTTCTAAAAATACTTGCTTTACTTGTTCCAATTCCTTGTGAGA
CATTGATTCGGCTAATTTATTCATTAATGCCTCAAATACGTTAATTATGTCATCCATTTCA
GTACTATAAAAATCAAACCATTTTGCCGTATCTTTTTCTCTATTAAGCTTATGATCACTTTG
AGAGCGCTTAGCTAATTCTGCATAAATATATGGACAAGGTGCCATTGCAGCAATTGTATA
AATAGCATTTCACGACTATGCGCTTGAAATACATATGTTTAAATGTAATGGTCGCCACTT
GGAGGCCAAACTTTTGTTTAATGATTTCTTCGTATGATTCACCAACAATTTGCGCTAAAA
TATCATGCGCAAGTACTTCACCTCAACCATAAATTCTATTTGCTCTACTAAAAATTTTAC
GTCATTCATGCTATTCATTTTGGAAATTAACAAAGCATATAAGTTTGTGAATTCTTTTAAA
TAAGCTGCATCAGCTTGTAATAGTGACGTAATGCATCAGCTTGTATATTGCCTAATAAC
ATTTTTTGAATAAAGTCATCCTCATAAATATCATTAATGATTGGCTTTGCAGCTTGGTACA
ATTTTTGTGAAAATTCCAT

> **TPP_riboswitch_L2**

Function: noncoding RNA thiamine pyrophosphate binding riboswitch/locus 2 (core genome, constant)

Best match: TPP_riboswitch_L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2176559:2176661:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 33915 ... 34018; Length: 103 bp

Sequence:

TCACTTCAATAACTACTTTTCTACGTTGGTACTAACCAAATCAGGTCATAAGGGTCTGAAC
AATTCATCTCAGCCATATCATTAGGCTCCCCTAGTAGTTCCT

> **sceD**

Function: protein coding sequence; transglycosylase (core genome, constant)

Best match: sceD_CC001-ST772_118_AJGE01000006.1[37958:38653]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 34222 ... 34918; Length: 696 bp

Sequence:

TTATGCAGTAACCCAATGTCCAGCGCCACCAGTGTTATATAATTTTACTGCTGCGGCATCT
TGAACACTTTTACAGGAGCATTGCTGGTGATACACCTTTATATTTAGCAGGTGCTACTGAAT
CCCAAGTTGATTGTAAGAATTGATACTTACCAGCTGCACCTGATGTTGGATTTACAGCAT
GAATATTACCACCTGATTCACGTTGAGCAATTTGTTTTAGATGAGCATTACATTTACTGA
TGAACCTTCTGATGCTTTTATTGATTGAGTTGGTGTGAGTAACCTTGTGAATTGTTTATGAT
GATGCTTGTGGTTGTTGAGTTTGTGGTGCTTCAACTTCTTGTGATTGTACTTG
ATTAGCTTGAACAGCTGATGGTGCAACATTATTAGTTGCAGGTGCTTGTGCACTCATGTCT
GCTCCATTAGCACCTGTTGCATGGTAATTCCAAGCAAAGTGTGTACCATCTGATTCAAAG
TGATAAGTAAACCCTTCATAGTCAAATGTATAATTATAAGCCCCAGCTTCAATTGGTTTTT
GATTTAATGTTTGTATCATTGATTGCGCCATTTGCGCTAAAGATGCTTTATTTAAGTCCGC

TTCACTTGCATGGGCTTCGTGACCTGCATTTCTGCTACGATTCTAAACCTACTGCTAAT
GATGATGCGAGTAATGTTTTCTTCAT

> **ywpF**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: ywpF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2178676:2179116] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 35895 ... 36336; Length: 441 bp

Sequence:

ATGAAAACTTTTAAAGCAGTAAGGTTTTCAAATTGTGAATGAACACGGCAGAATTATAGAA
TATGAATTAGAAGATGGCGTAATAATTAATAAAGAGGAAAGTGGCACGGGTTGGTTGCTT
GAAATTGTCATTTCTAATGAGCATTATGAAACATTTAAGGAATATCAAGACAATGAACAG
TTATTGGATATTCGTGTCTGCATCACGCGTCCAGCCAATGATCCAGCTTTATTTGAATCTA
CTGTGAAAAGTATTAATAAATTTTAAAACAACAATGTCTATCGTATTTGAATGTCATATTTA
CACTTTACGTCAACAGTATGCTGAAAGTTTATTAGAACAACCTATTGATGATGGATTATCT
GGTGAAGAATTAATAAATCATTTAATCGAATGATGCAGTCTAAACCAAAGTTAAAGGA
TGAAAATTAGAAGAGTAA

> **fabZ**

Function: protein coding sequence; beta-hydroxyacyl-(Acyl-carrier-protein) dehydratase

Best match: fabZ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2179174:2179614:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 36393 ... 36834; Length: 441 bp

Sequence:

TTATTTTACATCTTGAATTGCAAATGTAAGTTCACAACACTACAAGCAAGTTGACCATCGAC
AGTAGCTTTAGCATTACCTTTACCGATTGGTCCTTTAATTTTAGTGATTTCTACTTCCAACG
TTAAAGTATCACCAGGTACTACTTGACGTTTAAAACGACATTTATCAATACCAGCAAATA
AAGCGATTTTACCTTTATTTTCTTCACTATTTAAAATAGCTACCGCACCTGTTTGAGCTAA
CGCTTCAGTAATTAATACGCCTGGCATTACCGCATACTCAGGAAAATGCCCTTGAAAGAA
TGGTTCGTTTCTGATACTTGTTTAATAGCCACACAACGTTGACCTTCTTCATATTCAACT
ACTTTATCAATTAATAAATAAATGGCTGTCTGTGAGGTATAATTTGTTTAATTTGGTTATAAT
CAAAAATTGTTTCCAT

> **murA**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase 1

Best match: murA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2229436:2230701:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 36867 ... 38133; Length: 1266 bp

Sequence:

TTAATCGTTAATACGTTCAATGTCTGCACCTAATTGCTTCAATTTACCGTGTAAGTCAACA
TAGCCTCTATCTAGGTGCGTTAATTCAGTAACGCTTGTTTTACCATCAGCAACTAATCCAG
CTAAAATTAAGGCTGCTGCTGCTCTTAAATCAGTCGCTTTAACTTGTGCACCTTGCAATTG
ACTTTTACCTTCAAGTTTAGCACTACGACCTTCTACATTGATATTAGCATTACATACGTTTG
AACTCTGCAACATGCATAAAACGGTTTTCAAAAACAGTTTCGGTTACGACTTTATGACCA
TTTGCCGTTAATAACAATGCCATCATTTGTGATTGCATATCAGTCGGGAATCCAGGATGTG
GTAGTGTTTTGATGTCTACAGGTTGTAATTCCCCTTCAGCACGTACACGAATACCATCTTC
TTGATAGTCCAATTCAACGCCCATTTCTTCTAGTTTATAGACTAAACTCGCCATATGTTCT
TTGATTGCACCACGTACAAAATATCACCACGCGTTATAGCACCAGCGATTAGTAATGTG
CCTGCTTCAATTCTATCTGGAATGATAGCATGTTCTACACCATGTAATGATTCTACACCAT
TGATTGTAATTGTGTCTGTACCAGCACCAGTAATTCTACCACCCATTTCAATTAATGTAGTT
TGCTAAATCGACAATTTCAAGTTCTTTAGCTGCATTTTCAATTAAGTCTTACCCTTAGCT
AATGATGCTGCCATAATAATATTTTGTGTTGCTCCTACACTTGGAAAATCTAAATGAATTG
ATGTACCTTTTAATCCATCTTTAGCATTAGCATAAATATTACCATTTTCAAGATGAATTC
TGCGCCTAAAGCTTCAAAACCTTTAATGTGTTGCTCAATCGGTCTACTTCCAATTGCACAA
CCACCAGGCAATGCAACAATAGCATGCTCCTAGTCTTGCTAAAAGAGGTTCCATAACTAAA
ATACTTGACGCATTTTACTAACATATTCATATGGTGCCTCTTCATTTAGAGTCTTTGTTGC
ATCAACGACAACAGCATTTTTCGTCTTTTTGTATGTAACGTCAGCATTTAAAGTTGTTAAT

ACATTATTTATTGTTTCTACATCACTTAAAGCTGGAACATTA ACTAATTTACTCGGTTTAT
CAGAAGCTAATAAAGATGCTGTCAATATTGGTAATACTGCATTTTTAGCACCTTCTACTTT
AACTTCACCCGTTAATTTATTTCCACCTTTGATTACTATTTTATCCAT

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element
Best match: STAR_CC008_TCH1516_CP000730.1[801877:802102:r]RC
Position: 053-contig_55_RC: 38791 ... 38821; Length: 30 bp
Sequence:
TGCGGGGCCCAACATAGAGAAATTGGAAC

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)
Best match: Q2FZB6_CC030_MRSA252_BX571856.1[2068297:2068469:r]
Position: 053-contig_55_RC: 38793 ... 38823; Length: 30 bp
Sequence:
CGGGGCCCAACATAGAGAAATTGGAACAC

> **atpE**

Function: protein coding sequence; ATP synthase F1 sector subunit epsilon (core genome, constant)
Best match: atpE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2181819:2182223:r]RC (completely identical)
Position: 053-contig_55_RC: 39095 ... 39500; Length: 405 bp
Sequence:
CTATTTTAATTCAGCCACACGCAAACGGTTATTTGCTCTCTCTAAAGCTCTTTCGGCTCTA
TGAATATCAGTATTGTCGTCATCATTTTTCCAAGTGAGACTCTGCTCTTGCTTTGGCTAATTT
AGCTCTTCAACATCAATTTCTCTTGCAGTTTCTGCAGTCTGAACAATGATTGAACTTTA
TCTTTTCTAACTTCAACAAAGCCATCGCTTACAGCAATATATTCAGTTCATCGTGAAATT
TCACTTTTACAAAGCCTGTTTTTAAAGCAGCTACAGTTGGAATATGTCCACTCATGACACC
TATCTCACCAGCTGTTGTTTGCATAACAACGAGTTCAACATTATCACGATTGTAAACAGA
ACCATTAGGAGTGACAATATCTAGGTTTAATGTATTCAT

> **atpD**

Function: protein coding sequence; ATP synthase F1 sector subunit beta (core genome, constant)
Best match: atpD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2182243:2183655:r]RC (completely identical)
Position: 053-contig_55_RC: 39519 ... 40932; Length: 1413 bp
Sequence:
TTATACTTCAACACCCATATCTTTAGCTTTTGAATAAACATCATCCATGCTACCAACTAAA
CGGAAAGCATCTTCTGGAATATGGTCATATTTACCATCTAAGATATCTTTAAAGTTTGCAA
CTGTTGTCTTAAACAGGTACATAAGAACCCTTTTTGACCAGTAAATTGTTCCGCTACGTGGAA
GTTTTGAGATAAGAAGAATTGAATTCTACGTGCGCGTTCAACTGTTTGTATCTTCATCA
GATAATTCGTCCATACCTAAGATAGCAATGATATCTTGTAATTCACGGTATTTTTGAAGTG
TTGATTGTACATCACGAGCTACTTCATAATGTTCTTGACCTACAATTGATGGTTCCAATGC
TCTTGATGTAGACGCTAATGGATCCACGGCTGGATAAATACCCATTCAGTTAATTTACGT
TCTAAGTTTGTAGTTGCATCTAAATGGGCAAACGCTGTCGCGAGGCGCTGGGTCAGTATAG
TCATCGGCAGGTACGAATACCGCTTGAATAGAAGTAACTGATCCTTTTGTGTAGACGTA
ATACGTTCTTGAATTGTCCATTTCAAGTAGCAAGTGTGGTTGGTAACCTACTGCAGAAG
GCATACGACCTAATAATGCAGATACCTCAGAACCAGCTTGTGTAAATCTGAAAATGTTAT
CGATGAATAATAACGTCCTTGACCTTGTTCGTCACGGAAATATTCAGCCATTGTTAAACC
AGATAATGCAACACGCATACGTCACCAGGTGGCTCATTCATTTGCCCGAATACCATGGC
TGTTTTCTTAATTACCACTGTCACTCATTTTGAAGTATAAATCGTTACCTTCACGAGTA
CGTTCACCTACACCGGCGAATACAGAAATACCACCGTGCTCTTGAGCGATGTTGTTAATT
AATTCTTGATTAATACTGTTTTACCTACACCGGCACCACCGAACAATCCGATTTTACCAC
CTTTAATATAAGGTGCTAGTAAATCTACTACTTTAATACTGTTTCTAAAATTTGAACTTC

TGTTGAAAGTTCATCGAATGCTGGTGCTTGACGATGGATAGGATCGCGGCGAACAGAATC
ACTAATTTCTTCTTTAAGGTCAATTGTTTCACCTAGTACATTAATAACACGACCTAATGTT
TCGTCACCAACAGGTACACTAATTTCTTTGCCTGTATCTTTTACATCCATGCCTCTTTGGAC
ACCATCAGTTGAATCCATCGCAATTGTACGAACAACGTCGTCACCTAATTGCAGCGCAAC
TTCTAATGTTAGTTGTATTGTACCTTCTTCTTTAGGCACATCAATAACCAAGGCGTTATTA
ATTTTAGGAACTTCGTTATGTTCAAATCGAACATCAATTACAGGACCCATAACTTGAGTTA
CACGGCCAATTCCCAT

> **atpG**

Function: protein coding sequence; ATP synthase gamma chain (core genome, constant)

Best match: atpG_CC001-ST772_118_AJGE0100006.1[31056:31922]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 40953 ... 41820; Length: 867 bp

Sequence:

TTATTC AAGCGCTGCGGAACCACCAACAATTT CAGTAATTTGTTGCGTAATTTCTGCTTGT
CTCGCTCTGTTATATTCTAATGATAAGTCATCAATAAGTTCAGTTGCATTATCAGTGGCAT
TTTTCATCGCAGTCATACGTGTGCGATGCTCACTTGCTTTTTCGCTCTAATATTGTTCCGTAA
ATCAAACCTCTCAACATATTGAGGCAAGATTACACTTAAGATAGATTCTTTATCTGGCTCA
AATTCATAAGAAGACAAATGACCATGCCCTTACTAGAATCCTCTTGAGATAATGGTAAT
ACTTGTCTAGATGTAGGCTTGT TTTCAAGAACGCTGACATAATGACTATAGTATATATTTA
ATTCATCAATTTCTTCTTCACTGTATAAGTCTATAGCATGGTTAGCTAGTGCTTGAACAGA
TTTGAAAGAAGGTTGATCAGGTACGTCTACTTGAGAATACTCAATGTCATAACCTCTATTT
TTTAGGAAATCAACACCTTGTGCCCCTAAAAC TACAATACTGTATTTCGCTACTATCTTGAT
GTTTCGCTTCAATATCAGTAATCAATTTTTTAAGCACGTTTGC ACTATATGCACCTGCTAA
ACCTTTATCACTCGTGATAACTAAATATCCACTTCTAGTAATTTTACGAGGTCTTAGCATT
GGATGGTTTTGTATTGCTACTTGCCCCTGCAACTGCAGTAATTGCATCTTGCATTTTATCCA
TATATGGTGTGAATTGTTTTGTATTTTTTT CAGCTCTACGAAGTTTTGAACTTGATAACCATG
TTCATCGCTTTCGTAATCTGCTTCATTTTTTTG GTTGATTTTATTCGAGTATCTATTTCTTTA
AGAGAAGCCAC

> **atpA**

Function: protein coding sequence; ATP synthase subunit alpha (core genome, constant)

Best match: atpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2184574:2186082:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 41850 ... 43359; Length: 1509 bp

Sequence:

TTATTCAGATTTGCTAAAGCTTTTTTTTGAATTCGTTAATTGCTGTGTCAAACCTTCTCAGCAT
CTGGTAAGCCACCAGTTTCTCTGATTTCAATTAACAGTTCAGTAGCATTGATTCTGCCCA
GTGGTTTAACTCATCTTCAAACGTTGATATCTACAACCTGGAATATCATCTAAATATCCT
TTTGTTAATGCATAAATAATCAACACTTGGTGTTCGACTGGTAATGGTTTGT TTTGATCTT
GTTTTAAGACTTCAACAGTACGTTTACCACGTTCTAATTTACTTGCAGTAAATTCATCAAG
GTCTGAACCGAATTGTGCAAATGATTCAAGTTCTCTGTATGACGCTAAGTCAAGACGTAA
CGTACCAGCAACTTTCTTCATTGCTTTAATTTGTG CAGATCCACCAACACGAGATACAGAT
TGTC CAGCATTAATCGCTGGTCTTACACCTGAGAAGAATAAATCAGATTGTAAGAAGATT
TGTC CATCTGTAATTGAAATAACGTTTGTGTTGGTACATAAGCTGAAATATCACCAGCTTGTG
TTTCGATAATTGGTAATGCAGTAATTGAACCGCCACCTAAGTCATCGTTTAAATTTGCTGC
TCTTTCTAATAATCTACTATGTAAGTAGAATACGTCACCTGGGTATGCTTCACGACCTGGA
GGTCTACGTAATAATAATGATAACTCACGATAAGCTGCTGCTTGT TTAGTTAAATCATCAT
AAACGATTA AAACATGTTTACCGTTAAACATGAATTTCTCACCCATTGTTACACCTGAATA
TGGTGCAATATATAATAATGGAGAAGGTT CAGAAGCTGATGCTGCTACAACAATAGTGTA
GTCTAAAGCGCCTGCTTGTCTTAACTTTTCAACATTTGCTCTTACTGTTGAATCTTTTTGAC
CAATAGCAACATAGATACAAATCGTACCTTGATCTTTTTGGTTCAA AATTGTGTCAATTGC
AATTGTTGTTTTACCTGTTTGACGGTCACCGATGATTA ACTCACGTTGACCTCTACCAATT
GGTACTAAAGCATCAATTGCTTTGATACCTGTTTGT AATGGCTCATCTACTGATTTACGAT
CCATTACACCAGTAGCTTTTTTCTCTACTGGACGTGTTTTAGTTGTGTTAATCGGTCCTTGT
CCATCAATAGGTTGTCCTAATGGATTAACA ACTCTTCCGATTAGTTCTTCACCTACTGGTA

CTTCCATGATACGACCAGTACGTTTAACTTCGTCACCTTCAGTAATACCTGTGTATGGTCC
TAAAATAACCACACCCACGTTTGACTCTTCAAGGTTTTGGGCTAAACCAAGTACGCCGTT
ATGGAATTCTACTAGCTCACCAGCCATAACGTCATTTAATCCGTGAATTAATGCAATACC
ATCACCAATTTGTAATACAGTACCTACATCAGTTACGGACATTTCTGACTCATAATTTTCA
ATTTGTGAGCGAAGTAATGCACTGATTTCTTCAGCTTTTTATGGCCAT

> **atpH**

Function: protein coding sequence; ATP synthase subunit delta (core genome, constant)

Best match: atpH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2186104:2186643:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 43380 ... 43920; Length: 540 bp

Sequence:

TTAATTAACCTCTTCTAAATTTTCTTTGTAATTGGACAAGATCATTTCTAACACTACCATCTA
ATACAGTTGTGCCGACTTTAACTCTAAATCCACCAATTAATCTGGATTAATTTTTGTATC
TACAATAACTTTAGATAACTTCGTTTGTGAGTTACTAGTTTGACAATCTTATCTAACTCTT
CTTGACTCAATTCATATGTTGACTCAATTGTTGCAAAATCTTGATTGTAGTGTCCGTTATA
TAAGCTTTGGAACGCCTTGAATACGTCAGCTATTAATGAGATATGTCTATTATCTGCTAAC
ACGTACATCATATTTTAAATGTATGGATTAATGTCAGTAAATACACCATTAATCAACTCAC
GACGTTGTTCTGCTGTTTGAAGTTGGATTACTGTCAACCATTTTCAATTGCTCAATTTTATCT
TTTACTGCTTCATTTATAACTGTTAATTCTTCATTAATAGTCTCTAAATTATTTGTATCTAA
TGACACGTCAAATAATGCTTTAGCATACTTGTTAGCTACTTTTACCAT

> **atpF**

Function: protein coding sequence; ATP synthase subunit b (core genome, constant)

Best match: atpF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2186643:2187164:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 43919 ... 44441; Length: 522 bp

Sequence:

TTATTTATCGCCTGCCTCTTTTAGATACTTGTCAACCAATGCTTTTTGGTCTTGTTTCAGAAA
TTTCTTTTCTAAGAACTTTAGAAGCAATTAACACTGATAGTTCAGATACTTGATTATTAAT
ATCTGCAATGGCACGTTCTTTTTGGCTATTGATTTCACTTTGTGCTGTTTCAATCATACCGT
TTGCACGTACGTTTGCTTCATGAATAATTTGTTCTTGCTGTTGACGTGCTTGAACCTTAGC
ATCTTCTAAAATCTTTTGAAGTTCTTCTTGTTTCTTTAAGTTTTTGTTTATTTTCTTCTTC
AAGTTTCTGTGCATTTAACTTAGCTTGTTCTGCGTCATCGATATCTCTGTTAATATCTCTTT
CACGTTTATCCATTACATCTTTCAATGGACCCCATGCGAACTTTTAAAGTAACGCAAGTAA
CACGATGAAAGTTAGGACCTGTACAATCACAGTACCCCACTCAACGCCTCCAGCTGCACC
AAGAACGAATAAGTTAGCTGTTTCAGTCAC

> **atpL**

Function: protein coding sequence; ATP synthase subunit c (core genome, constant)

Best match: atpL_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2187361:2187573:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 44638 ... 44851; Length: 213 bp

Sequence:

TTATCCAGCAAATGTCATGAATGCAATTAACACTACACCGATGATAGGTAATGCCTCAACTAA
ACCTACACCAATGAACATGATACCCATTAATTGACCACGTGCTTCTGGTTGACGTGCTAC
ACCTTCAACTGTTCTTGAAACGATTAACCGTTACCGATACCTGCTCCTAATGCTGATAAA
CCAATTGCGATTGCTGCTGCGATTAAATTCAT

> **atpB**

Function: protein coding sequence; ATP synthase subunit a (core genome, constant)

Best match: atpB_CC001-ST772_118_AJGE01000006.1[27254:27982]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 44893 ... 45622; Length: 729 bp

Sequence:

TTAGTGTTTCATCTGCCACTTTATGTGACATATAAACCATCGAAAGCATAATAAAGATATA
TGCTTGGATTGTTCTACAAATATTGAAAATGCTTGCCAAACAATTAATCCTGGGATACTA
ATAATCCAACCCCATGCTGGTTCGTTAAAGAATAAGCCAGCAAGTAATGTTAAAAGTATC
TCACCTGCAAATATGTTACCGTACAAACGCAGACCAAGCGTTAATGTTGAAGTGAACCTCT
TCAAAAACATTAATAATTGCCAATGGCCAAAACGGCTGTACATAACCTTTAAGATATTGT
TTCGTACCACGCATTTTAATCCATAAAAAGTGAGTTAACAGTATTATCGTTGTAGACAACG
TTAAAGTCACTGTTGCATCAGCTGTTCGGTGATTTCCACCACAATGTGTGATCTTTTCGTTAC
TATAGAAAACGGAAGACCTAACATATTAGCTATAAAAATGTACAGAATCAGCGTTACTGC
TAAGAAGTGAATTGACCACCTTTTTTCCAAGCCATGTTACCTTCAATGATTCCCCTCACG
AAATCAAAAATCCATTCAACGAAATTTTGTTCAGTTGGTCTTTTTTTCAAATTACGCG
TACAAATGATAGCAAGTAGAAAAACAAGAAACGCCGTAACAAGTATCGTCAATATACTT
GATAAATTGAAAACGATATCAAACCGAATAAATTCCAACCTCACGAGCGGGGATTTGTG
ATCCAT

> **atpI**

Function: protein coding sequence; membrane protein related to F-ATPase (core genome, variable)
Best match: atpI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2188365:2188718:r]RC (completely identical)
Position: 053-contig_55_RC: 45642 ... 45996; Length: 354 bp

Sequence:

TTATTTGCTCACCTTTAGTAAAGGACGTATGATAACTACAACATATGAAATCATTAACC
AATAATTATACCGATGATACTTACATGCGCTTTATTAAGGTACCAAATCATAACAGGCAAT
AATTGCAACTAAGTATCGCCACATATTTCCAGTTGAAATATGCATAGTGTCTGGTCTTTTA
GCTTTAGCTAAATAGCATTCAAAAATACATGTGTTGATTGCAGAACCAGTAACACCAATG
ATTAATCCTAAGATAAATGCATGGTGTGTATAAAGGTATAATCCTCCCAATATTATTATTA
GATAAAAATAATATTGAATGAACTGTTTAAAAATGTTGTAGAAACGACTCAT

> **mnaA**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase (core genome, variable)
Best match: mnaA_CC001-ST772_118_AJGE01000006.1[25583:26713]RC (completely identical)
Position: 053-contig_55_RC: 46162 ... 47293; Length: 1131 bp

Sequence:

TCAGAAATCGCTTGGTTTTTCAGTGATTAATTCAAATAATACTTAATATGATTAACTATT
CTTTCTGAAGCAAATCCATCACCGTAAGGATTAGATGCTTCAGACATTTGATGATATAAT
CTCTCATCATCGATTAATTCTTTTGCAGCTTGATACACATTTTGCTTATTTGTTCCAATGAC
TTTTAATGTGCCAGCTTCAACACCTTCAGGACGTTCTGTAACGCTTCGAAAACCTAAAAC
GGCTTATTAATGATGGCGCTTCTTCCTGAATTCCACCTGAATCTGTCAAATAAAAATAA
GATTTTTTAGCAAATATGGAAATCTACTACGTCCAAGGTTCAATCAATTCAATTCTGT
CATGACTACCTAAAATCTTTTGAGCCACCTCTCGAACTTTCGGGTTTTTATGCATTGGATA
TACTAGTGCTAAATCAGTATACTCATCTATTAAGCGTCTAACCGCTTTAAATATATTTTCC
ATGGGTTGCCGATATTTCTCGTCGGTGTGCTGTCATAAGAATGAATTTTTTGTGATGGT
ATTTATCCATGATGTTAGATTTATAATTGTCATCAACTGTATATTTTCATAGCATCAATCGC
TGTATTACCAGTGACAACAACACTTTCTGAATATTTCCCTTCACTTAACAAATGCGATGCA
GCATTTTTAGTAGGTGCAAAATGTAAGTCAGCTAATACACCAACTAATTGTCTATTCACCT
CTTCCGAAAAGGTGAATATTTATCATAACTTCTAAGCCCTGCTTCAACGTGTCCAATCGG
CACTTGGTTATAAAATGCCGCTAAACCACCTGCAAATGTTCGTATCGTATCACCATGTAC
AAGTACCATGTCTGGTTTTTCTAATTGAACCACTTGTTCTAATTGAGTGATTGATTTAGAA
GTTATCTCAGAAAGTGTCTGTCTGATTTCATAATATTCAAATCGTATTTTGGTTTGATTC
AAAGGTACTTAATACTGAATCAAGCATTCTCTATGCTGTGCTGTAACAACAACAATTGG
CTCGAGCATTTTTTCTTGTTCCAAAGCTTTAACTAAAGGAGCCATCTTTATGGCTTCGGGT
CTTGTTCCAAATATGGTCATAATCTTTTTTCATCAA

> **upp**

Function: protein coding sequence; uracil phosphoribosyltransferase (core genome, constant)
Best match: upp_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2239825:2240454:r]RC (completely identical)
Position: 053-contig_55_RC: 47313 ... 47943; Length: 630 bp

Sequence:

```
CTATTTAGTACCAAACAATCTATCTCCAGCGTCGCCTAACCCCTGGTGTGATATATGCTTTA
TCATTTAGCTTTTCATCAAGTGCAGCAATATAAATATCTACATCCGGATGTGCTTCATGCA
TCTTTTCTACGCCTTCTGGTGTGCAATTAACACATGAAGCGAATATTTTTAGCGCCACG
TTTCTTCAATGAAGTAATAGCTTCAATTGCTGATGCGCCTGTTGCTAACATAGGATCAACA
ACAATGATTTGTCTTTCAGTAATATCTTGAGGTAACCTAGCAAAATACTCTACAGCCTTTA
ATGTTTCGGGATCTCGATATAAACCGATATGTCCAACCTCTGGCTGCAGGTAATAACTTA
AAATACCATCAGTCATACCTAAACCAGCTCTTAAAATTGGAACGATAGCTAATTTTTTAC
CAGCTAATCGTTTAGCCGTCATTTTAGTTACAGGCGTTTCAATATCAACATCCTGAAGCTC
TAAGTCTCTAGTTACTTCATATGCCATCAACATACCAACTTCGTCTACAAGTTCTCTAAAT
TCTTTAGTACCTGTATTTACATCTCTAATATAGCTTAGTTTGTGTTGAATTAATGGATGATC
GAAAACGTGTACTTTACTCAT
```

> glyA

Function: protein coding sequence; serine hydroxymethyltransferase (core genome, constant)

Best match: glyA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2190693:2191931:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 47970 ... 49209; Length: 1239 bp

Sequence:

```
TTATTGATATAGAGGATATTCAGCTGTTAATTTTCGCAACGCGTTCTTTAGCTTGTGTAAT
TTTTCTTCATCTTTACTATTTTTCAATGCTAAACTGATGATTTTTGCAACTTCCTCAAAAGC
TTTTTCATCAAATCCACGCGTTGTTGCAGCAGGTGTACCTAAACGTATACCACTCGTTACA
AAAGGTTTTTCTTGATCGAACGGAATGGTATTTTTGTTACATGTGATACCAACTGAATCTA
AAGTCTCTTCAGCTTCTTTACCAGTAAGTCCTATAGACCCTTTTACATCAACAGCTACTAA
GTGATTATCTGTACCGCCAGAAACAATTCTAAATCCTTCATTAATTAATGCTTCTGCAAGA
ACTTTTGCCTTTTAAACCACTTGTGTTGATACGTTTTGAAATTATTTCTAACGCTTCTCC
AAAAGCAACTGCTTTTGTGCAATAACATGCTCAAGAGGTCCACCTTGAATACCAGGGAA
AATTGTTTTATCTATGTCTTTTTTATATTCTTCCCTTACATAAAAATCATAACCACCAGTGGTC
CGCGTAATGTTTTGTGTGTTGTAGTTGTACAAAATCAGCATATTCTACTGGATTTGGATG
TAAACCTGCCGCTACTAATCCTGCAATATGTGCCATGTCTACCATTAACCTTAGCGTTTACT
TCATCTGCGATTTCTTTAAACTTTTTGAAGTCAATTGTTCTTGAATATGCTGATGCTCCTGC
CACAATAAGCTTAGGCTTATGCTCTAACGCTAATTTACGAACTTCATCATAATTGATTCGT
TCTGTGTCTTTATCTACTCCATATTCAACGAAATTGTAGAATTTACCACTAAAATTAACAG
GCGCTCCATGTGTCAAGTGACCACCATGACTCAAATTCATACCTAAAACCTGTGTGCGCCA
TTTCTAATGCAACTAAGTAAACAGCCATGTTTCGCTTGTGAACCTGAATGTGGTTGAACATT
GACATGTTTCAGCTCCAAACAATGCTTTAGCACGATCAATTGCGATGCTTTCAGTAACATCT
ACAAACTCACAGCCACCATAATATCGGCGTCTGGATAGCCTTCAGCATACTTATTAGTC
AACACTGAACCTTGTGCTTCCATAACCGCTTCCGATACAAAATTTCCGATGCGATTAAC
CTATGTTGCTATTTTGTCTCTGAAATTCTCTCTCGATTGCTTCTGCGATAACTTTATCTTGC
TTGGTGATATAAGACAT
```

> sua5

Function: protein coding sequence; YrdC/SUA5 multi-domain translation factor protein (core genome, variable)

Best match: sua5_CC001-ST772_118_AJGE01000006.1[21538:22593]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 50282 ... 51338; Length: 1056 bp

Sequence:

```
TCATAGTTCACATCCTTTAATAATGTGATTACCTGCAGCTTTTAAACATGCGATTCATAATT
GCTTCTGTATTATCATTTCAGCTCAAAGCCGTATATACGCCGCTGAAATATTTTCATTTT
CATCAAGTGAATGTAACACATCATAAAGATTATGACTCGCTTGTTTAACATCATTGTCATC
CTGACATAATTGAATGAATTGCGCTTCACTTGGTATAAACGCCACCTTATTACTCGGCACA
ATAAAAGCTATAGAAGACCAATCTTTACCGTCATTTCCAATTTTGTCTCTCAATATCTGTAA
TAATTGTAAGTGGTGTATTGGGTGAGTAATGCTTATACTTCATACCTGGTGAATTTGGCTG
TTCAGTATCATTATAATCAGCATGGGCGATACTATTCCGGAAGTATTTCTGTAATCATTGCT
GCTGTTATAGAACCAGGTCTTGCAATTTTATAAGGAAAAGATGTGCAATCTAAAACCGTA
```

CTTTCTAATCCTTCTTCACTTTGTTTCAGCTTGAACAATACCATCGATACGGCCATTCAAAT
CTTGATATACATGATTGAAAGTTGTTGGTGAAGGTCTACCACTTAAATTAGCACTTGGAG
CAGCTAGAGGTTTCATTTATGATTTGTAATAATTGTCTACCTACAGAATGGCTTGGCATTCT
AACAGCAACTGATGATAAACCTCCAGAACTTTTCGACATAGATAGCCTGGCTTTAACGG
CAATATAAACGAAATAGGGCCCGGCCAGAATGCCTGCATTAACTTTTCTACGCGTGGATC
CAAAGTATATGTAATAATCTTTAATTGACCTTTACTGTGTATATGAACAATAAGCGGATTG
TCAGATGGACGGCCTTTAGCTTCATATATTTAGCTACAGCTTCTTCATCTGTTCGATTG
CTGCAAGTCCATAAACTGTTTCAGTTGGTAAACCTATTAACCACCGTTTTAAACAATGT
CTTTTATTTCAATTAATTTAGGATATTGCTGTAATCTTCATTATATTCTCTAACATCCCAA
ATTTTAGTATCCAACCTTAATCAC

> **prfA**

Function: protein coding sequence; peptide chain release factor 1 (core genome, constant)
Best match: prfA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2194958:2196034:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 52235 ... 53312; Length: 1077 bp

Sequence:

TTATAATTCACCATTATTAAGTTCTTTCAATTTATCTGTCTGCTCTGATAAAGTCAGTGCAT
CTATAATTTCTTCTAAATGGCCTTCCATAATTTGCCCTAATTTTTGAAGCGTTAGACCTAT
ACGATGGTCTGTTACACGGCTTTGTGGATAATTATAAGTTCGAATACGTTCTGAACGATC
ACCAGTACCGACTGCTGATTTACGTTGTGACGCATACTTTTGTGTTCTTCTTGAACCTTCA
TATCGTATAAACGTGCTTTTAAACACTTTCATTGCTTTTTACGGTTTTGAATTTGAGACTTC
TCAGAAGATGTTGCAATGACACCAGTTGGTAAATGGGTAATACGTACTGCAGAGTCAGTT
GTGTTTACGTGCTGACCACCTGCACCACTTGAACGATACGTGTCGATTTTTAAATCTTCAT
TTCTAATTTCAATTTCTACATCTTCAACTTCTGGTAAACTGCCACTGTAGCTGTTGAAGT
ATGAATACGTCCACCTGATTCTGTTTCAGGCACACGTTGAACGCGGTGCGCACCATTTTCA
AATTTCAATTTACTATACGCGCCATTACCAGAACTGAGAACTAATTTCTTTGTAACCAC
CATGGTCACTTTCAGACGCTTCTACTATTTAGTTTTGAATCCTTGTGATTCAGCATACTTT
GAATACATACGCATTAATCACCAGCAAAAATCGCAGCCTCATCACCACCTGCTGCTGCT
CTTATTTCTACAATAACGTCTTTGTCATCATTAGGATCTTTAGGAATCAATAATATTTTAA
GCTCTTCTTCAAGATTTGGAAGTTCAGCTTTAATACCATTACTCTCCTCTTTTAAACATTTCT
ACTTCTTCTTTATCATCAGTCTCACTTAACATTTCTTCAATATCAGCTAATTTCTTCTTTTTTA
GCTTTATAGTTACGATAAACATCTACAGTTTTTTGTAAATCAGCTTGCTCTTTAGAATATT
TACGTAATTTATCTGAATCATTTACAACATCTGGGTCACTTAACAGTTCATTTAACTGTTC
GTATCTTCTTCTACAATATCTAATTGATCAAACAC

> **tdk**

Function: protein coding sequence; thymidine kinase (core genome, constant)
Best match: tdk_CC005_N315_BA000018.3[2169392:2169991:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 53312 ... 53912; Length: 600 bp

Sequence:

TTATAATTCCTCCTTATTATTATCACTAGGTGCTACGATATGGTGC GCGCGACAACGTGGC
TCATAACTTTTCATTGGCACCTACTAAGATAATCGGATCATCGATTTTAGCTGGTTTACCAT
TTATTAATCGTTGCGTTCTACTAGATGAAGAACCACAAACAGCACAAACTGCTTGAAGTT
TCGTTACTTGTTCACTGACAGCCATCAATTTAGGCATTGGTTCGAACGGTTTCGCCCTAAA
ATCCATATCTAATCCAGCAACAATAACACGGGTGCCATCTGCTGATAGTTTTTCTACTATA
CTTACAATTTTCATCGTCAAAAAATTGCACTTCGTCTATTCTATAACATCAACATTAGTTA
AGTTGTGCGTCATAATTTCACTTGCTTTAGAAATATTAATCGCTTCAATGGCATTACCATT
ATGAGAGACCACTTTTTCTTTATGATATCGATCATCAATCGCCGGTTTTAAATACAACGACT
TTTTGTTTAGCGTATATACCCCTTCTTAGACGTCTTATTAGTTCTTCGGATTTACCGCTAAA
CATACTACCTGTAATACATTCTATCCAACCGGAATGGTAAGTTTCATACAT

> **rpmE2**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L31 type B (core genome, constant)

Best match: rpmE2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2196981:2197235:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 54258 ... 54513; Length: 255 bp

Sequence:

```
TTAGTTGTTTGAATTAAGACCAAACCTTTTGTGTTGAAACGTTCCACACGTCCATCCGCAGCA
GCGAATTTTGGACGTCCAGTGTAGAATGGATGTGAATCAGATGAAATATCTAAACGAATA
ACTGGGTATTCTTTTCCATCTTCCCCTCCATCATTTCTGAAGATGTTTTTGTAGAACCGCT
TAAGAATTTGAAGTTTGTAGTAGTATCTAAAAAGATTACTTGGTGATACTCAGGATGAAT
TCCTTGTTTCAT
```

> rho

Function: protein coding sequence; transcription termination factor (core genome, constant)

Best match: rho_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2247142:2248458:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 54630 ... 55947; Length: 1317 bp

Sequence:

```
TTAAATTATAGGTCGACCCGTTTTAGTACTTTCTTCTGCAGACTTTTGTAGCTGCTTGAAG
AAATCTTCATTATTCTTAGACCTTTAAGTTTGCGAATAAATCTTTCAGTAAAGTCAGTTG
AGTCAGTGAATAGATTTCTTAATTGCCATAATGTGTCTAATTCAGATTTACTTATTAACAA
TTCTTCTTTACGCGTTGAACTTCTGCCAATATCAATTGCAGGGAAGATACGACGTTTCAGAC
AATTTACGATCTAAATGTAACCTCCATGTTACCTGTTCTTTAAATTCTTCGTAAATCATAT
CGTCCATACGTGAACCCGTATCAACTAATGCAGTTGCAAGTATTGTTAAACTTCCACCCG
CTTCAATATTTCTCGCTGCACCGAAGAATGCTTTTGGTTTGTGTAAAGATGCAGGATCTAA
ACCACCTGATAATGTACGACCCTTGGTGGAATAACTAAGTTATAAGCGCGTGCTAATCT
CGTTATAGAATCCATTAATAAATAATGACATCTTCCCAATTTCTACTAAACGCTTTGCACGT
TCAAGTAATAATTCAGCTACTTTAACATGGTGTCTGGTGGTTTCGTCAAACGTTGAATGAA
CGACTTCAGCAGCTTCTACTGAGCGTTCTAAATCTGTCACCTCTTCAGGACGCTCGCCAAC
TAACAAAATAAATAGCTTTGCATCTGGTTTGTTCGTACTGATTGCATTTCGCTATTTCTTTTA
ATAACGATGTTTTACCTGCTTTAGGTGGCGCCACTATTAACCACGTTGACCTAAACCAAT
CGGTGTTACTAAATCCATGATGCGCGTTGAATAATTTTGTGTTTCTGTCTCTAATTTAATA
CGCTCATCTGGATAAAGTGGTGTCAAAGCTTGGAAATGCGGACGTTTCTTCACTTCTTCTG
CGTTATGGTCATTGACAAAGTCAACTTGTAAATAAGCCATAATATTTTTTCGTTATCTTTAGG
TTTTCTAACTTTCCAGTTACTTTATCCCACGTTTAATTTCAAACGACGAATTTGGCTA
GCAGATATATAAATATCTTTTTCCCCTTTAGAATAGTTCAGTGTCTTAAAAAACCATAAAC
CATCTGGTTGTATATCATCTAAGATACCTTCCATATAATAGTTACCATCTTTTTCCATTTGT
GCTTCCATAATAGCTAGAACAAGTTCTTTTTTATTTAATTTACTATAGTTTCGTCAACTTAA
GAGTTTTAGCTTTTTGAGTGAGTTCCTTGGTAGTATAGTTCTTGTACAATTCGTGGAATGA
TTCATACTGAGGAGATGTACGTTCTTTTCAGGCAT
```

> aldA3

Function: protein coding sequence; aldehyde dehydrogenase/locus 3 (core genome, variable)

Best match: aldA3_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2248705:2250132:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 56193 ... 57621; Length: 1428 bp

Sequence:

```
TTATTTAAAATATCCAGCTATAGATTTCACTTCTAAGAACTCTTCAATACCATAATCGCCC
CATTACGACCTAAACCAGATTGTTTATAGCCACCAAATGGTAAATCTGGCTTTCTACCTG
CTTCGTTTATTTCTACTGTACCTGCTTCAATAGAACGAGCTACTTTATGCAATGTTTCTTTG
TCCTTACCAATAACATATCCTGCCAAACCATATTTTGTATCATTTGCAATTTGAATCGCTT
CATCTAAATCGTTATAAGTGATAACTGACATTACTGGCCAAAAAATTTCTTCTTGTGCTAT
CGTCATTTGATTATCTACATTAATAAAAATTGTCGGACGTGCAAAGTATCCTTTTTCAAGT
CCTTCTGGTTTACCAGGACCACCATAAAAATAATTCAGCACCTTCTTCAATACCTTTATTAA
TATAATTTTGTACTTGTATCAAATGTTTTTTACTAATGATAGGGCCTACTTGTGTACCATCT
TCTCTTGGATTACCGACACGCACTTGGCTAAATTGTTCTTTTAATTCAGCTAAGAATGCAT
CTTTAATTTTGTAGGCACTAAAACACGTGTACCAGCTGTACATACTTGACCAGTATTATT
AACAACTTTGCCTGTTGTTGCTTTAGCCGCTTCTTTAATATCTACGTCATCTAGGACGATA
```

TATGGTGATTTGCCACCAAGCTCTAATGATACCTTTTTAAAATCTTTAGCGGCTTTTTCCA
TAATTTTAGAACCAGTAGGGCCTGATCCTGTGAATGACATCATGCGTACTTTAGGATGTTCC
AGATAAAGGATTTCCAACACCAGCACCATCACCATTAACAAGGTTAAATACACCTTTAGG
AACACCGACTTTATCAAAAATCTCAGCTAAAATAACAGCTGCAAATGGTGTTCCTTCAGA
TGGTTAAGTACAACCTGGACTACCAGCCGCAAATGCTGCTGCTAATTTAATGATGTTTGG
TTTGTAGGGAAGTTCCACGGTGTAAATTAATCCAGATACACCGATTGCTTCTTTAACAACCTA
AATCATCTCCGCGGCGTTCTTCAAATTCGTAGTTATCTAATGCGTCTCTCGCTGCAACAAA
ATGGTTTAGTCCCATTTGATAATGGACACGCTCAGATAATGATAAAGGAGCACCTAATTC
ATCCGTAATAGCTTGTACAATATCGTCTTTTCTGTTTTTCATATTCTTTTACAATTTTATCTA
ATAACGCTTGTCTTTCTTTCACAGATGTATGACGGAACTCTAAATAAACATCGTCTGCCGC
CTCGACGGCTTTATCAACATCAGCTTTATTACCTTTAGCAACTTTCCCGATTACTTCTTCGG
TTGCTGGATTTATAACTTCTATCGTTTCATTACTATTACTTTCTACCCATTCGCCATTAATG
TATTGCTTTGTGTAGTCTCTCAT

> **murZ**

Function: protein coding sequence; UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase 2 (core genome, constant)

Best match: murZ_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2250794:2252053:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 58282 ... 59542; Length: 1260 bp

Sequence:

CTATACAGTTTCCGTCCAAATATCTGCACCTAAAGCTTTTAAAGTGTCTACAATATCTGTA
TAACCTCTATAAATATGTTTTACATTGTAAATTGTAGTTACACCCTCAGCAATTAACCAG
CAATAATTAACAAGCTCCTGCTCTTAAATCGCTAGCATAAACTTCAGCACCATGTAATG
TTGATGGTTTTATCGTTGCTGTGCCTTCGTCAACTTCAATATTTGCACCCATGCGCTTTAAT
TCTTCAACATGTTTAAAACGCTCCGGATAAATCGTATCAGTTACAAATGAAGGACCATTT
GCCATAAATAAATGGTGTAAATAGGCTGTTGCAAATCAGTAGCAAAACCTGGATATACT
AGTGTTTTAAATATCAACAAATTGATATGGCGCATTATTATTGATGCGAATTCCTTCGTCTC
TTACATCAACATTCACACCTAATTCATAAATTTAGCAGTTAATGTTTCTACATGTTTCGG
ACAATATTATTTAATAAATATTTCTCCACATGCTGCAGCGATACACATATATGTGCCT
GCTTCAATTCTATCAGGTATAACTTGATACTCAGAACCATGTAATTCCTTGACACCATTGA
TTTTAATTGTTGATGTGCCCGCTCCCTTAATATTAGCTCCCATACTTGTTAAGAAGTTAGC
AACATCAACTACTTCCGGTTCTTTAGCAGCATTTTCAATTACAGTTTGCCTGTTGCATAA
ACTGCAGCTAGCATAATGTTAATTGTTGCACCTACGCTAACCATATCTAGAAAAATATGC
GCACCTTTTAATTCTTTAGCTTCAATTTTCATTGATGTCGTGCTTGATTCAATTTTCAGC
ACCTAAAGCTTTAAATCCTTTAATATGTTGATCAATTGGACGTGGCCCAAGTGGACATCCT
CCCGGTAAACCAATCACACATTTTTTAAATCTACCTAACATGGCACCCATCATATAGTATG
AAGCACGTAATGATTCAACTTTATTATTGGTAATGCAGCATTTTGTATTTAGTTGTATC
AACTTCTAATTCGGTACCATTTAGTGATGCCTTAATTTTAAATCTTCTAATAAACTCACT
AAAGTTTTAACATCAGAGATTTGCGGTAACCCTTCTAATTTACATGTCCTTGAGCTAATA
ATGTTGCAGGAATGATAGCTACAGCACTGTTTTTCGCGCCACTGATATTAACCTCCCCATT
TAGTGTGCGTCCACCTCTTATTTTTATTACCTCTTGAGCCAT

> **fbaA**

Function: protein coding sequence; fructose-bisphosphate aldolase (core genome, constant)

Best match: fbaA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2252519:2253379:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 60007 ... 60868; Length: 861 bp

Sequence:

TTATTTAGCGCGGTTTGAAGTACCGAACTCTTTAATTTTACCTTTAACTGTTTCTTTGATGG
CTTCACGTGCAGGTCCTAAGTATTTACGAGGATCGTAAACTTCTTTGTCGTTATTTAAAAC
GTCACGAAGTCTTTTGTGAAGCGATTTGGTTTTTTCAGTGTTCAGTTAATTTTAGCTGTA
CCAAATGGAATTGCTTTTTGGATATCTTTAGTCGGGATACCAGTACCACCGTGTAACTA
ATGGTAAACCTGTAGATAAACCGATTTCTTCCATTTCTTTAAATCCTAATTTTGGTTCCACC
TTTGTATGGACCATGAACTGAACCTAATGCTGGCGCTAATGCATCAATACCAGTTTTTTCA
ACTAGTTCTTGACATTCCTTAGGATCAGCATAAATGATGCCGTCTGCTACAACATCATCTT
CTTGTCACCAACAGTACCTAATTCAGCTTCTACAGAAACACCTTTTTTCATGAGCGTATTC

AACTTTTGTGCTACGTTTTCTTCGAATGGGCTGTGTGAAGCATCGATCATT
ACTGATGTGAAACCAGCATCGATAGCTTCTTTACATTTTTCAAAGCTTGAACCATGGTCTA
AATGGATTGCTACAGGAATAGTGATGTTAAAGTCATGCATTAACCCTTCAACCATTTTAAAC
AATTGTGTAGAAACCGCTCATGTAACGAGCAGCACCTTCAGAAACACCTAAAATTACAGG
TGCATTTTCTTGTGACGCTTCTAAAATTGCTTGAGTGAATTCTAGGTTATTAATATTGT
ATTGACCTACCGCATAACCATTTTCTTTGCATCAATTAACATTTCTTTCATTGAAACTAA
AGGCAT

> **pyrG**

Function: protein coding sequence; CTP synthase (core genome, constant)

Best match: pyrG_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2254227:2255837:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 61715 ... 63326; Length: 1611 bp

Sequence:

TTATTTATTTGTTGATATTTTAAATGAAGCTTCAATAAATGATTTAAAAATCGGGTGC
CGATTTGGTCTAGATAAGAATTCTGGGTGGAATTGACAAGCAATAAAGAAATCATTGTC
GGAATCTCTACCATTTCTACTAAACGTCCATCTGGACTTGTACCAGAAATTACCATA
TTGCTTCTAATTGTTCTCTATAGTCATTATTAATTCATAACGATGACGATGTCTTTCTT
ATTTCCGCTTTACCATAAACATCTTGTGCCAATGTGCCTTCTTTAATAGAACATGGATA
AGCCTAAGCGTAATGTACCACCTAAATCTTCGATATCTTTTTGTTCTGGTAATAAATCTAT
AATTGGGTATGGTGTGCTGGGTCTAATTCAGCTGAATGTGCGCCTTCAAGTCCTAATACG
TTTCTTGAAAATTCAACTGTTGCAAGTTGCATTCCTAAACAAATACCAAAGAATGGTACA
TTGTTTTCTCTAGCATACTTAATTGCACTAATTTTACCTTCACTTGCACGGAAACCAAATC
CACCTGGTACTAAAATACCGTCGACATCTGCAAGGTATTTCGGCTGCATTTTCATCTGTTAC
TTCCTTGAATCAATCCATCTAATGTCAATATCTTTGGCAAAGGATATCCAGCATGTTTC
AATGATTCAACAACCTGATAAATATGCATCTTGTAAAGCTAACATATTTACCTACTAAACCA
ATTGTAATTTTACCATCTAAATTATTAACGATATCTAACAACTGTTCCATTCATCAAGCT
GTGTTTCATATTTTCGCGTTTAATTGTAACGTTAATAACGATATCATCCATATTTGTTGG
CTTAATTGTAATGGAATTTTCGTATAAAGAGTCTGCATCACGACATTCAATAACACTTTCTT
TATTAATGTACAGAATAATGCAATTTTATCTTTTAAATCTTGTGTCATTTTCATATTCAGTT
CTTACAACGATTAAGTCTGGTTGAATACCTAAGCCTCGTAATTCCTTAACTATGTTGTG
TTGGCTTCGTTTTTCATTTCTCCAGCAGCTTTAATATAAGGCAGTAATGTACAGTGAACATA
CATAACATTTTCTCTACCTAAATCGCTACGAATTTGACGAATCGCTTCAATAAACGGTAAT
GACTCAATATCACCTGTTGTACCGCAATTTTCAGTGATAACAACGTCTGCATTCGTACTTT
CCCCTGCAAGTAATAAACGTTCTTTAATTTTCATTTGTAATATGCGGAATAACTTGA
TCCGCTAAGTAATCACCACGACGTTCTTTTTTCAATACGTGTGAATACACTTTACCGGCT
GTCACATTTGAAAACCTGTTTAAATTAATATCAATAAATCTTTCGTAATGTCCTAAGTCTA
GGTCAGTTTCTGCACCATCATCCGTTACGAATACTTCACCATGTTGATAAGGACTCATTGT
ACCTGGGTCAACATTTAAGTATGGATCGAATTTTTGAATTGTTACATTTAGACCTCTATCT
TTAATAATCTACCTAGAGAAGATGCTGTAATACCCTTCCCTAATGATGAAACTACGCCA
CCTGTTACAAAATAAATTTTGTTCAT

> **rpoE**

Function: protein coding sequence; DNA-directed RNA polymerase delta subunit (core genome, variable)

Best match: rpoE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2256173:2256703:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 63661 ... 64192; Length: 531 bp

Sequence:

TTAATCGTTGAAGTCTTCTTCGTCTTCAAACTTCTTCGTCTTCGTCTAGTTCATCTTCAT
CTTCTTCAATGACTATATCCGAATGATTGATTTCTTCTTCAACCTGCTCATCTTCTGGATCA
TTTAGTTCTTCTTGATCATCTGTTTGAGCTGGAATATCATCGTCGTCATCCATTTTCATCTTC
GCCAATAATTTTAAAGTTTGTATCTTCTTCATCATCTGCATCCAGAATATCGAATTTTTGA
ATAGTTGGTGCATTTTCTTCAATATCATCTACCGAATACCAATCACGTAATCCCCATA
AATTTTCTCCAACATTTAAAAACGACCATCTGTGTTTAAATCTGTGTAATAATTGTACAAC
GCGATTTTCAATTTCTTCGTACTCATAATCACCTAACGCTCTAACTCATCGATGATATCA

TATAAGTTCATAGTTTCGCCTTTATCATTCAATAATGTATAAGCCATATCAATAAATGATT
TTTCATCAACCATTTGTTTTGTATAATCTTGAATTTTCAT

> **coaW**

Function: protein coding sequence; pantothenate kinase type II

Best match: coaW_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2258100:2258903] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 65588 ... 66392; Length: 804 bp

Sequence:

ATGAAAGTTGGCATTGACGCTGGCGGTACACTAATTA AAAATCGTTCAAGAGCAAGATAAC
CAACGTA CTTTTAAA ACTGAATTA ACTAAAAATATTGATCAAGTTGTGGAATGGTTAAAC
CAACAGCAAATTGAAAAATTATGCTTA ACTGGAGGTAATGCAGGTGTCATTGCTGAAAAC
ATCAACATTCCTGCACAAATTTTTGTAGAGTTTGATGCTGCATCTCAAGGACTAGGTATTT
TGTTAAAAGAGCAAGGCCATGACTTAGCAGATTATATTTTTGCAAATGTTGGTACCGGTA
CGTCACTACATTATTTTCGACGGCCAATCACAACGTCGTGTAGGCGGTATCGGTACAGGTG
GAGGCATGATTCAAGGACTCGGTTATTTACTAAGTCAAATCACTGATTATAAACAGTTAA
CTGACATGGCACAACACGGTGATCGTAACACTATCGATTTAAAGGTTAGACATATTTATA
AAGATACCGAACCACCCATTTCCCGGTGATTTAACAGCAGCTAATTTTGGTCATGTACTAC
ATCATTTAGATGCTGATTTTACACCTAGCAATAAATTAGCAGCCGTTATTGGTGTCTGTTGG
CGAAGTTGTTACGACAATGGCCATTACTGTTGCACGTGAATTTAAA ACTGAAAATATCGT
TTATATCGGTTCTTCATTCCATAATAACGCTTTATTACGCAAAGTTGTGGAAGATTATACT
GTGTTACGCGGTTGCAAACCGTACTATGTTGAAAACGGCGCATT TTCAGGTGCTATTGGT
GCATTATATTTAGGTAAATAG

> **txbi_coaW**

Function: bidirectional rho-independent terminator of coaW

Best match: txbi_coaW_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2258894:2258970] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 66382 ... 66459; Length: 77 bp

Sequence:

AGGTAAATAGAAAAAGACCATTTATATGCGCGTTGTTTTAAATAAACGCTATATAAATGG
CCTTTTATTTTATGGTC

> **tx_A5IUS7**

Function: rho-independent terminator of coaW

Best match: tx_A5IUS7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2210230:2210272:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 67509 ... 67552; Length: 43 bp

Sequence:

CTAGAATCGAAAAAGCTTGTTACAAACGCATATTCAGTCAAC

> **A5IUS7**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A5IUS7_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2210313:2211506:r]RC

Position: 053-contig_55_RC: 67592 ... 68786; Length: 1194 bp

Sequence:

CTAATAGTGTTC AAGTT CAGCTAAA AATGCGCGTTCATTCTCCAGTACTGTTTCTTTTGAA
TCACCATGCCAAATACAGCCAAACCTTGATTTAACTTTATCTTCACCGTACCAATCACCAT
CATAATAAGATAACGGGTATAAACTACCTTCTTTGACATATTTCAA AATCGTATTGAAGA
AATGTGTGTTATCACCTTTTGAATGATAACTATAAACTTTTGATATCTGAATTCAACTC
GTTAGCAAGTAATAACATGCTCGTTGAACCATTTTGTCTAAAGTTTAAATCAATCGCATA
AACGTTATCATCCTCATCGACGAGTAGGTCAA AACCAGCTACACCAAAGAATCCTTGATT
CACACCGTTTTCCATAATTTGTCTACCTGCTTCTATAACGTGCTCTGGTACATTAGTAGTA
TTTTCATTTCCGTTATAAAATCCGTA CTTATCCGTTAATTGCGTTGCCGCACCAAGATATT
GAATGCCTAGCGATTCCGAGTATGCAA ACTGAACGCAATAATTCGCTTTTTCTTCAATCTT
CTGTTGATAATAAGCGAATTCGTTTCAGCAGTTGCCTCTTTAATACGCGTTATCGCTTTT

TGTAATCTGCATCATGATAACAAATCATAACGCCATAGCCACCTGCTGTCGGAAGATCA
TCTCCCGGCTTAATTACTAACGGGAATTCTCAATTCTAATCTCGTTTTCGAATTGCTCAA
TTTTTACAACCTTTCTTTTTGGTAAAAACTTCCCATTTGTCCATTCAGGTATTCTTGCTTTA
TTATTTAAAGCAACAAATAACGTTTTATCTAATGCATAAATATTGCTGATTCAAGATTGTTT
CATCATGAATATATTGAAAATAAATCTTTTTATTTTCCCTTATGTGCCAATTGTTTGATCAA
GTTTTCGTAAGATTGCTGATTGTTAAATGTAAAAATTGAGTTCGGTACTTCCCTACCAATA
ACTTGAAATAGCTGATGCAATTTGTCTGTGCGACTAGCTTCGTGAACAATAACAGGTAAT
TGATTTGCTATTAATAACTCCCTACCAGTTAAAAAATTAGATTGATGTTTCGTCCGGTTTCA
ACCATGGATTTCGATATATACGAAGGTCTTGACGTATAGACAACATCTTTGTCATATAAAT
CACTAACGTTAAGTTCGGCTCATTACCATTATTTGTCAT

> **hmrA**

Function: protein coding sequence; putative peptidase

Best match: hmrA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2261297:2262481:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 68785 ... 69970; Length: 1185 bp

Sequence:

TTACTTCCCATTCCCTTTCAAATGCGCATGCTCTTCAATAATGTCTTGATAAACGTCTTGAT
TTGTAATTAACTCTAACCCCATCAACGCCATTATTTTAGCACCTTAATTAATGCTTCATC
ACCATGTACACTCGCAGCCGCCTCTCTAAATCTATGCGTATGTCCTACTAAATTACGTGAT
CCTATTTAATATGAGGATGTATTGTTGGCACAACATGACTTACGTTCCCTGTATCCGTAG
AGCCATAACCAAAATCATCATCAATAACTGCTTCACCAACTTCTTCAGCATATTTAGCAA
ATAAATCATCTAATTTTCGGCGTTTTAATGAATTCATTCACACCGTTTTGAATTGGACCAA
TTCATAATCACAACCAGTCTGTATCGCAGCTCCACGTGCGATTTGATTTACTTTTTCTGTT
AATATATCCAATTCTTTACGCGTCATTGCTCTAGTATAAAAACGAGCATGTGTATAGTCTG
GAATAATATTAGCTGCTTTCCCGCCATCTAAAATCACACCATGCACACGTTGATCTTTTTT
AATATGTTGTCGTAGTTGTGCTACACCATTAAAATAACTAATCATAGCGTCTAATGCATTT
AACGCTTCATCTGCATTTTCAGAGGCATGAGCACTTTTTCCGTAAAATTTAACATCTAAAA
CATCCACTGCCAAAGTATCAATCGTTTTATAAGTTTCATTTCCCGGATGAATCATTAAGGC
AATGTCTATTTGATCAATCACACCAGCCTTGACATAAGAAGCTTTAGCGCTACCATTTTCC
CCACCTTCTTCAGCTGGACATCCAAGAACGACTACTTTACCACCAATTTGGTCAATCACTT
GCTTCAAACCAATTGCACCAAGCACACTTGCAGTTCCAATGATATTATGACCACAAGCAT
GACCAACCTGGCAAAGCATCGTATTCTGCTAAAAACCTATAGCTGGCCCGTCAAGAC
CTGAATCATATGTCGCTATAAACCCAGTTGCATGCCAGCAATCTCGGTTTCAATTTCAA
ATCATGCTCTTTCAAACGATCTATTAAGTTTCGAGACGCAAATATTTCTTCATTACCAAGT
TCAGGACGTTTCATGAATTCTATGACTGATTTTCGATATAACTATATTTATTTGTTTCTATA
ATCGAGAATTTGTTGTTTTTCACTCAT

> **luxS**

Function: protein coding sequence; putative autoinducer-2 production protein (core genome, constant)

Best match: luxS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2262792:2263262] (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 70280 ... 70751; Length: 471 bp

Sequence:

ATGACAAAAATGAATGTTGAAAGTTTCAATTTAGATCATACTAAAGTGGTTGCCCCATTT
ATTAGATTAGCGGGAACGATGGAAGGATTAACGGAGATGTCATTCACAAATACGACAT
TCGTTTTCAAACAACCAAAACAAGAACATATGGATATGCCAGGACTACATTCATTAGAACA
TTAATGGCTGAAAATATTAGAAATCATAGTGACAAAGTTGTTGATTTAAGTCCTATGGG
TTGCCAAACTGGTTTCTATGTATCATTTATTAATCATGATAATTATGATGATGTATTAAT
ATTGTTGAAGCAACTTTAAATGATGTGCTAAATGCTACTGAAGTGCCTGCTTGTAATGAA
GTACAATGTGGCTGGGCAGCAAGTCATTCATTAGAAGGTGCTAAAACCTATCGCTCAAGCA
TTTCTAGACAAACGAAACGAATGGCATGATGTTTTCCGGTACAGGAAAATAA

> **qrrB**

Function: noncoding RNA antisense RNA (core genome, constant)

Best match: qrrB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2213319:2213663:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 70598 ... 70943; Length: 345 bp

Sequence:

```
AATGATGTGCTAAATGCTACTGAAGTGCCTGCTTGTAAATGAAGTACAATGTGGCTGGGCA
GCAAGTCATTCATTAGAAAGGTGCTAAACTATCGCTCAAGCATTCTAGACAAACGAAAC
GAATGGCATGATGTTTTTCGGTACAGGAAAATAAATCTTAGTCAATCAAGTTAATCAGAAA
AGCAGTCGAACAATGATGTTACAATCGCCATTGTCCAAGTCTTTTTATTATGCTTCAAAG
TCAAAAAATCGAACAAATGAAAAAGTAAATCTTTAACATTTGTCCGATTTATTTGAGAA
CCACTATAATTTCTTAATTAGTCCCATTAACACGAACTGCATAG
```

> **pdp**

Function: protein coding sequence; pyrimidine-nucleoside phosphorylase (core genome, constant)

Best match: pdp_CC005_N315_BA000018.3[2187346:2188647:r]RC (completely identical)

Position: 053-contig_55_RC: 71266 ... 72568; Length: 1302 bp

Sequence:

```
CTACTCTGTAATGATTTTATGAATTAATGTAGGCGATACAACATGATCAGCAATTGTTATG
CTTGAATCTAATTTTTTAACAACATCGTCTACATCTTGGCGATTACTGTGAATCGTTAATA
ATGATTCTCCTTCTTCTACTTTATCACCAATTTTTTTATTTAAAACAATACCAACCGCTAAA
TCAATATCATCCTCTTTTGTAAACGTCCCGCTCCTAACATCATCGAAGCGACACCTATAT
CGTTAGAGACTAATTCAGTCACATAACCTGATTTTTTAGCTTTATATTCAATTTGATATTG
AGCTTGTGGCAAACGCTCTGGATGGTCAATAACAGTTTCGTCGCCACCTTGGTTTTTAATA
AATGTTTTGAATTTTTCTAATGCTGCACCTGAATTAATTGCCTCAATTAGCAACGCTCTCG
CTTCTTCAAGCGTTTCAGCTTTGTTTGCAAGTACAACCATTGAGAACCCTAATGTTAATAC
AAGTTCTGTTAAATCTTTCGGACCTTGCCTTTCAACGTATCAATTGCTTCTTGTAACTCAA
GCGCATTGCCAATCGCACGTCCAAGTGGCTGATTCATATCAGAAATAATCGCCATCGTAT
TACGTCCCACATTATTACCAATACGTACCATTGCGTGCCTAATGCTTCAGCATCTTCTAA
TGTTTTCATAAATGCACCGCTACCAGTTTTTACATCTAATACAATTGCATCTGCACCAGCA
GCAATCTTTTTACTCATAATTGAAGAGGCAATTAATGGTATTGAATTGACAGTACCAGTA
ACATCCCTTAAGGCATATAATTTTTGTCTGCAGGAGTTAAATTTCTGATTGTCCTACAA
CTGCCACTTTATTTTCATTAACCAATTTCACAAATGTTGCTTCATCTATTTCAACATGAAA
ACCATCAATTGCTTCTAATTTATCAATCGTACCACCTGTATGACCTAATCCACGCCCACTC
ATTTTTGCAACAGGAACATCTACAGCTGCTACTAATGGTGCTAAAACCAATGTAGTTGTA
TCTCCTACACCACCTGTTGAGTGCTTATCTACTTTGACACCTTTAATATCACTCAAATCTAT
CATATCACCAGAATTAACCATAGCCATCGTTAATGCTGCACGCTCATCATCATTTCATATCT
TGAAATAAATCGCCATTGCTAAACTTGATGCTTGGTAATCAGGAATATCCCCTTTAACA
TAGCCGTCAATAAAGAAATTAATTTCTTCCGTTGTTAGTGTATGACCGTCACGCTTTTTCT
CAATAATGTCTATCATTCTCAT
```

> **deoC-L2**

Function: protein coding sequence; deoxyribose-phosphate aldolase locus 2 (core genome, constant)

Best match: deoC-L2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2265358:2266020:r]RC

Position: 054-contig_56_RC: 87 ... 237; Length: 150 bp

Sequence:

```
TAGTCGCTCTGCTGCATATTTAACATGCGTTGGATTCACACATACAGATTTAAAATGGTAT
GCTTTCGCTTCATCGATGATTTGATCGATTTGCGTACGTGTTGACTCAGGCTTCAATAAAG
TGTGATCAATCAATTTTGCACCTATTCAT
```

> **deoD-L2**

Function: protein coding sequence; purine nucleoside phosphorylase locus 2 (core genome, constant)

Best match: deoD-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2216546:2217256] (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 550 ... 1261; Length: 711 bp

Sequence:

```
ATGACAAAAGGTACACCACATATTCAACCAAATGGAGTAAAAATTGCTAAAACAGTATT
AATGCCTGGCGATCCGCTACGCGCAAAATATATTGCTGATAATTTTTTAGAAAATGTTGA
ACAATTTAACGATGTACGTAACATGTTTGGTTACACTGGTACATATAAAGGTAAAGAAGT
```

TTCTGTAATGGGTTCTGGTATGGGTATTCCAAGTATTGGTATTTACTCATATGAGTTATAC
AACTTCTTTGATGTAGATAACAATCATTTCGTATCGGTTCTTGTGGCGCATTACAAGAAAATG
TTAACTTATACGATGTTATTATTGCACAAGCTGCATCAACTAATTCAAATTATGTAGATCA
ATACAATATTCCAGGTCATTTTCGCGCCTATCGCTGACTTCGAGTTAGTAACTAAAGCTAA
AAATGTCGCTGACCAAATCGGTGCTACTACACACGTAGGTAACGTATTATCTTCTGATAC
ATTTTACAATGCCGATCCAACATTCAATGATGCTTGGAAAAAATGGGTATTTTAGGTAT
CGAAATGGAATCAGCTGGTTTATATTTAAATGCGATTCATGCTGGTAAAAAAGCACTTGG
TATTTTACAGTAAGTGATCATATTTTACGTGACGAAGCTACTACACCTGAAGAACGTCA
AAATTCATTTACACAAATGATGGAAATCGCTTTAGAAATCGCAGAGTAA

> **dpsA**

Function: protein coding sequence; general stress protein 20U (core genome, constant)

Best match: dpsA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2217377:2217820:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 1381 ... 1825; Length: 444 bp

Sequence:

TTAGCTTAAGTAAGATTTAAACATCCAATTATGTTTATCTACTGATGTTTGCATACCTATA
AACATATCTTCTGATACATCATCGCCAGCATTACCAGCAATTTTCGATTGCGTTTTCTAATT
GTTTTGAGATATTTGTGAAGTCTTGTGATAATTCTTCAACCATTTGTTCTGCAGAGTAACC
TTTCGCAGCTTCTTTAAACAATTGATTGCTCTAAGCATTTCAGTTAATGTACCTACAGGGTTT
CCTCCTACCGCTAAAATTCTTTCAGCTAATTCGTCTACATATTGGCTTGCTTCATTATATAA
TTCTTCAAATTTAACGTGTAATGAGAAGAAGTTAGGTCCTTTCACATACCAGTGGAATT
ATGTAGCTTTGTGTAAGCTACTGTCCAGTTTGCTACTTGTTGATTCAATTCTTTTACAACAT
CTTGTTGATTACTCAT

> **manA1**

Function: protein coding sequence; mannose-6-phosphate isomerase/locus 1 (core genome, constant)

Best match: manA1_CC005_N315_BA000018.3[2194552:2195490:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 5200 ... 6139; Length: 939 bp

Sequence:

TTACACATAGCTAATCATCAATGTGAAATCGCCTTCAAAGACACTATCCAAATCTTCAGA
AGTCAAAATAAAGTTTGTACCAGTAGTCAGTTTGAAAATTTACCACATCGACAATCATTG
TCCTTCACCTTCCAACACTGTAACTAAACAGAACTCTCTAGGCTTCATATAATTTAACGTG
CCAGAAATTTCCCATTTAACCAATGTAAAGAAATCATTTCGATAACAATGTGTGTACTACTTA
TGGTTTTCAATAATTTCACTTTCAGGCAAATATTAGGTAATGGTGCATTGTACTGAATAA
CGTCTAAAGCTTTTTCAATATTTAACGGTCTATCATTATATTGATTATCTTGACGATTGAA
ATCATAAAGTCTATATGTAATGTCTGACGATTGCATCGTTTCGTATGCTAATATTCCTGAA
GAAATAGTATGACTGTTCTGCTGGAATAAAATAGAATTCTCCAGGTTTTACTTTAATAT
ATCTAAGTATCGACTCTATCGTTCGGTGTGAACATGATTTCGCAACTTCTTCTCTAGACTC
TGCTAATGTCCCTATAACTATTTCTGCATCTTCTTCTGCATCTATAATATACCAACATTCAG
ATTTGCCATATTGCCGTTTTTCATGCTCATAAGCATAAGAATTATCAGGGTGCACATGAAT
AGAAAGTGATTCTTTCATCCACTATTTTAGTTAGAAGCGGAAAATCTTTGCTTGGGAA
ATCACCAAACAATTCACGATGTTCTGACCAAATACGGTCTAATGTTTGACCTTGATATGGT
CCATTAATAATCTCGCTCGTACCATTTGGATGTGCTGACACACACCAACATTCCCCAGTTG
TATCATTGTCTAATTGATATCCAACTCACTTAGACGTTGACCGCCCCATAATTTTGTTTTT
AAAATTGGTTGTAAAAATAATGGCAT

> **Q1Y8Q1**

Function: protein coding sequence; putative protein/contains epimerase domain (core genome, constant)

Best match: Q1Y8Q1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2222571:2223236:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 6574 ... 7240; Length: 666 bp

Sequence:

TTAATCCTTTTCAATTTCAAATTGAGTTAAAGCATCTTTAATGTCCTGCTCACCCTAATA
ATTTGAAACTCTTGGTGATTAATAATGATTGGATGTGACAATTTCTTTAATACTGTGCGAA
CATCTTCTCTAGGAATTTACCTTTACCATCAAAATATTGTGCAGCTTCTATCTTTCCAGAT
CCTGCTGCATTTGTAAGTGCCCTGGATGTAAAATTGTATAATTCAAACCTGAACGTCTTA
AATAGTCATCAGCGTAATGTTTAGCTATTGTATATGGCTTTAAATCACCGCTATCATCAAA
AGCCTGACGTCTCGAATCATATGTTGAAACCATGACATAGTGTTTAATATTAGCCTCTTTA
CTCGCAATCATTGATTTAACAGCACCATCTAAATCGACAATAATTGTTTTATCTGCACCCG
TGTTCCCTCCAGAACCTACTGAAAAGATAACTTTATCGAATGGTTTAAACGTCTCAGTTAA
AGTCTCTATTGAATCATTTTCAACATCAACAAGAATTGCTTTCATACCTTGTGATTTTAAAC
GCATTAAGTTGATCTGATTGCCTAACACCAGCAGTAAATGGTACATTTTCTTTTGCTAATT
GTTGCACTAGTAACGAACCTACACCGCCATTAGCACCTATAACCAAAATATTCAT

> **czrA**

Function: protein coding sequence; regulator of zink and cobalt transporter protein (core genome, constant)

Best match: *czrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2223388:2223708] (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 7391 ... 7712; Length: 321 bp

Sequence:

ATGTCAGAACAATATTCAGAAATAAATACAGATACATTAGAACGCGTAACTGAAATTTTC
AAGGCATTAGGCGATTACAATCGAATACGTATCATGGAATTGTTATCAGTCAGTGAAGCA
AGTGTGGTGCATTTTCACATCAATTGAATTTATCTCAATCAAATGTCTCGCACCAATTAA
AATTACTTAAAAGTGTGCATCTTGTGAAAGCAAACGACAAGGCCAATCAATGATTTATT
CATTAGATGACATCCACGTAGCAACTATGTAAAGCAAGCCATACATCACGCGAATCATC
CTAAAGAAAGTGGGTTATAA

> **czrB**

Function: protein coding sequence; zink and cobalt transporter protein (core genome, constant)

Best match: *czrB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[2273497:2274474] (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 7713 ... 8691; Length: 978 bp

Sequence:

ATGTCTCATTACATCATCATGACCATATGCATAGTCATGTAAC TACAAATAATAAGAAA
GTATTGTTTATATCGTTTTTAATAATCGGTCTATATATGTTTATCGAAATCATCGGCGGTCT
CCTTGCTAACAGCTTGGCATTACTATCTGACGGTATCCATATGTTTAGCGACACATTCTCA
TTAGGTGTTGCACTTGTTCGCAATTTATTTATGCTGAAAAGAATGCCACAAC TACAAAAACA
TTTGGTTATAAACGTTTTCGAAGTACTCGCAGCGTTATTTAACGGTGTAAACGCTTTTTGTAA
TAAGTATTTTGATTGTTTTTGAAGCGATTAAACGTTTCTTTGTTCCCTTCTGAAGTTCAATCA
AAAGAAATGTTAATCATTAGTATTATCGGTTTAATTGTCAATATCGTTGTTGCATTCTTTA
TGTTTAAAGGCGGCGACACTTCACACAATTTAAATATGCGTGGTGCTTTTCTACATGTTAT
CGGAGACTTATTAGGTTT CAGTTGGCGCCATTACTGCAGCTATTTTAAATTTGGGCATTTGGA
TGGACAATCGCCGATCCTATCGCAAGTATTTTAGTTTCCGTTATTATTTTAAAAAGTGCTT
GGGGTATCACAAAATCTTCAATTAACATTTTAAATGGAAGGCACACCAAGTGATGTTGATA
TAGATGAAGTTATAACTACTATTA AAAAGGATTCACGAATACAAAGTGTGCATGATTGCC
ATGTTTGGACAATTTCAAATGATATGAATGCATTGAGTTGTCATGTTGTTGTAGACCATAC
ATTGACAATGAAAGAATGTGAATTATTATTAGAAAACATTGAGCATGATTTATTACATTT
AAATATTCACCATATGACTATTCAATTAGAAACGCCTAATCACAACATGATGAATCGAT
TATATGTT CAGGAACACATAGTCATTCACATAACCATCATGCTCATCATCACGCGCATGT
ACATTA

> **Q9ZB00**

Function: protein coding sequence; lytic regulatory protein (core genome, variable)

Best match: *Q9ZB00_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[2274740:2275831] (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 8956 ... 10048; Length: 1092 bp

Sequence:

TTGTTTACTTACTTTAAATCAGCATTTAAAAATGCTAAACCACAATTATTAATAACATTGA
TATATGCACTTATAGCATTGTGCTGTAATTGCAGTTGTATATTTACTTGCTAATTTCCAGCTT

GCTAAGTATGCACAAACTATTGCAATTTATTCACAATTTGGGCAAAAACCACCAGTAGAT
GCATATTTAAAAGTTATCGCTGTATTACTTATAGCAGCTGTAGTTTCACTGTTTGTGTTTAGT
TCAAATTTTTATCGGAATTACAAATGTTATGAAACGAGCAATGAGTCATGAAAAAGTAAA
ATTTACCGATTTATTTATTGCATTTAAAAAAGGTAATTATTTAAAGAGCGTTCTGATCGGT
CTTGTATCTATAGCAATGATTATCGTTCTTTCACTTCTGACATCATTACTATACAAATTATT
TTCTCCAGTATCAGAAATGATTATGAATTCAGTACAATCATCATATGCAGATAGTACACA
CCTGATTGGTATTGCTATTACAACCTCAAAGCATCATAATCATTGTTGTTTTATTGATTAAA
GCAATTATTACTTGGTTATTGTTAATACCTATTTTCAACTTTATGACTAGTTTTCGTTGAATC
AACTAACGATAAAGTAAAAACACACTTAGCTAATGGATTTAAAGCAATGAAAAATGGTC
AAAAACATTTTTCAAATTTTTTCATTGGAATACTATTATTAACCTAATTATTATTTTATT
AAAACACCTGTTGGTTACTTGATTTTCATTTAATACGCAATCACTCTCTCAAAGTGTTGCAG
AAAATATCATAAGAGTTTATACAGTAATGACAATCATTTTATTCGTTGTTATTCATGCAAT
CATTTTAAATGGGTATCGTTCAATATTACTTAAAACGTGGTCAAAAAATTACTAAAGATAA
AGTAAAAACAGCTGACAAGGATAAAAAAGTTGTCACTGAACCAAAAAATACAAAAGTAG
AAAATGGTAAAGTGACAACATCTGTTGAAACAAAAACAGAAAAAGCACAAAGATTCATTA
AATGATAATACAACAAAAACGATGACTTCAGATAAACAGACAATCAACCAAAATA
A

> **A8YYB5**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A8YYB5_ref_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2226480:2226560:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 10480 ... 10561; Length: 81 bp

Sequence:

TTATTTTTTATGGTCTTGAGTACTAATCAATACTAAACCAATGATTGTTAATACAACCATC
AGCATTTCAAAATCAGACAT

> **rli28**

Function: noncoding RNA Listeria sRNA rli28 homolog, locus 3 (core genome, variable)

Best match: rli28_L3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2226487:2226667:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 10487 ... 10668; Length: 181 bp

Sequence:

TTATGGTCTTGAGTACTAATCAATACTAAACCAATGATTGTTAATACAACCATCAGCATT
CAAAATCAGACATGCTAGTCCCTTCTAGGAGTAACAATAACCATAGGCATCACCCCT
TTATTAAGAGATTAGCCACCATCTATCCAACCTTGCTCAATAAATATTATAACATGCACAC

> **res**

Function: protein coding sequence; plasmid resolvase pla

Best match: res-COL_trunc_CC005_JH1_CP000736.1[2306356:2306519:r]RC

Position: 054-contig_56_RC: 10682 ... 10846; Length: 164 bp

Sequence:

TCATAGTATAAGTTTTTTTCATTTCTTAATCAACTCGATAAACAGTTGAGTGACATACCCTT
GTCTAACTAGCTATTTCTTCCCCTGTTATCGTTTGTTCATCATATAAAAATTTAATTTCTCA
TTTTTTATTCTCTGATAAAGAAGAGCACCAACCTTTTCGGC

> **tnpIS232**

Function: protein coding sequence; transposase for IS232

Best match: tnpIS232_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2226890:2227200]

Position: 054-contig_56_RC: 10890 ... 11201; Length: 311 bp

Sequence:

AAAGAGAAATCGTCAGTCTATTATTGATAAGTATTATCCTATCCTCGAAAAATTACTTTCA
GACTAGTGAACAAAAATTTACTATAAGCGTATACTTTGGCAATATTCGAAGGAAAA
CATGGATTAACCTGTGCATATTATACATTTAGAGCTTATATACTTAAACATGATGAATTA
CTCCTTATATTATGAAATGTTATCAATAGATGTCGCCTAAAGATACAACAAGATTCGAGA

CAAAACCTGATCATCAAGCACAGTTTGACTGGAAAGAAAGCATTAACTTTAAAACGAAA
GATAATCAAA

> **Q6GES5**

Function: protein coding sequence; haloacid dehalogenase-like hydrolase (core genome, variable)

Best match: Q6GES5_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2277864:2278733:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 12080 ... 12950; Length: 870 bp

Sequence:

TTAATCAGCTAAAAAATGCTTTGCTAAATATTTTGCTGCGCCATCCTCTTCATTCGTGTAT
GCCGTTACATCTGAAGTTAATGCTTGGATTCAGGGCGTGCATTTTTCATAGCAACTGTAT
AATGACCAAATTCAAACATTGCTCTATCATTGTGCTATCTCCAATAACTAACGTTTCTTC
TTGATGAATACCAAATGTGCAATCATTCTTTAATGCCTGTACCTTTATCAGTTTGATAA
GCCATTGTTTCCGCATTAATCCTTGATGAATTTGAAACACTAATCTGTAGTTGCACATGAT
TTTGCTTTAATTCATCTCTAAATGCTGTTATTTTTTCTAAATTAGAAGTGAATAGATAAATT
TTTGAATATTCACCTTCAGGAACTTAGTTACCCAATCTATCTTACCAGCAAGCGCATCTT
GTCTTGAAGACCATTCACTATGACTTACGCCATTAATAGGATCTTGACTACGAATCATATC
TCGCATCCATGTTTCATCTTCTTTTAAAGAACTCTATTACCTTCAAAGGAAATACCTCA
TAATAAATTTGTTGGCGCTTAGCTAAATTAGTAATTTGTTGCACTTGAGCCAATGATAAAC
CATGCTTGAAGATAATTTCTCCATCTACTTCTCCAATTGTTCCATTTGAACTAATGATGCC
ATTAACCGCAAATCTTGAGGTACAAGTTGATGTATTTTCAGAATGCGAACGTCCTGTTGC
CAAAAATACTTTATATCCTTTCTCTCTCAATTGATTAATGACATCTTTCGTATACGTTGATG
CTTGATTATTTTCATGTAAAATTGTTCCATCCATGTCCAAAATATTGCTTTTACGTTATCC
ATATTGCCCTCCAC

> **A5IUU4**

Function: protein coding sequence; putative ABC transporter ATP-binding protein (core genome, variable)

Best match: A5IUU4_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2278789:2279571:r]RC (completely identical)

Position: 054-contig_56_RC: 13005 ... 13788; Length: 783 bp

Sequence:

TTACTCTAACATTGCCATAGAAAATCGATTATTCCATCTTTGAACTGCTACATTTTTTCTGG
AAAAATCGTGACATGTTTTCAGATGTCAAATATCATCTATTAATCCTTGTTGTACTACTTT
CCCCATCTTTTAATAGCAAATTTTAGTAAAGTTACCAGTAATTTCTTCAATAAAGTGCGT
CACATAAATCATCGCAAGCGTTGGATATGAATCTGACAATGAGTCAAGTATATTCAATAG
TGACTCACGAGCAATAAAGTCTAAACCAGCTGCTGGCTCATCTAAAATTAACCTGAGG
TTGCCCCATTAAAGCTCGTGCAATCATCACTCGTTGTTTTTACCTGTAGATAAATAACCA
ATATATTGTTGCGCTTTAGCAGATATTCCAATAATTTAAGTAAATGATGTGCTTCATTAC
GTACCTCATCAATATCTTGATAAACACCAATTGATTTAAAAGCACCCTTATCACCAC
ATCGATTACTCTTTCACCCTCTTGAACTTTTCCAGTAACTATGAGATACAAAACCTATA
TGTTGTGCTACAGTCTCTGCAGAATACCCTACCTTGCCTGGCATTTTACCAAATAGATTAA
CACCGCCAGTTGTCGCAGGCTCATATGCATTTAATATATTTAATAGCGTTGTCTTACCAGC
ACCATTCAACCCATATAATATCCATTTATCACCTTTAGCAATTTGCCAAGAAATATTTTTT
AAAATTGTTTTTCCTTGCTTCATTGCCCCAATTTGATCTAATTGAATTAACAT

> **glmS**

Function: protein coding sequence; glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase (core genome, variable)

Best match: glmS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2279803:2281608:r]RC (completely identical)

Position: 055-contig_54: 86 ... 1892; Length: 1806 bp

Sequence:

TTATTCTACAGTAACTGATTTAGCAAGGTTACGTGGTTTATCCACATCTAAATCTCTGTGT
AATGCTGCATAATATGAAATCAATTGTAATGCAACTACTGAACTAATGGTGTCAATAAT
TCATGTACATGAGGAATGACATAAGTGTGCGCTTCTTTTTCAAGACCCTCCATAGAAATA

ATACATGGATGTGCACCACGTGCTACTACTTCTTTAACGTTACCACGAATTGATAAATTAA
CGTTTTCTTGAGTTGCTAAAGCAACAACCTGGTGTGCCATCTTCGATTAATGCAATCGTACC
ATGTTTAAGTTCGCCACCAGCAAAACCTTCTGCTTGAATGTAAGAAATTTCTTTAAGTTTT
AACGCACCTTCTAAACTTACGTTATAGTCAATAGTACGTCCGATAAAGAATGCATTGCGT
GTTGTTTTCTAAGAAATCTGTTGCAATTTGTTCCATAATTGGTGCATCGTCAACAATTGCTT
CTATTGCTGTTGTTACTTTTGCTAATTTCTCTCAATAAATCAATATCTGCTTCACGACCGTGC
TCTTTTGCAACGATTTGAGACAAGATTGATAATACTGCAATTTGTGCAGTATATGCTTTTG
TAGATGCAACTGCGATTTTCAGGACCCGCATGTAATAACAATGTGTGGTCTGCTTCACGTG
ATAAAGTTGAACCTGCAACATTAGTGATTGTTAATGATTTATGACCTAATTTATTAGTTTC
AACTAATACTGCACGGCTATCTGCTGTTTCACCTGATTGAGAAATATAAACGAACAATGG
TTTTTCAGATAATAATGGCATGTTGTAGACAAACTCTGATGCAACGTGTACTTCAGTTGGT
ACGCCAGCCCATTTTTCTAAAAATTCTTTACCTACTAAACCTGCATGGTAGCTTGTACCTG
CTGCAATAACGTAAATGCGGTCTGCTTCTTTAACATCATTGATGATGTCTTGATCAATTTT
CAAGTTACCTTCTGCATCTTGATATTCTTGAATAATACGACGCATTACTGCTGGTTGTTCA
TGAATTTCTTTAACATGTAGTGTGCATAAACACCTTTTTTCAGCATCTGATGCATCAATTT
CAGCAATATATGAATCACGTTCTACAACGTTTCCATCTGCATCTTTAATAATAACTTCATC
TTTTTTAACAATAACGATTTTCATGGTCATGGATTTCTTTATATTCGCTTGTCACTTGTAAAC
TTGCAAGTGGTCTGATGCGATAACATTGAAACCTTCACCAACACCTAATAATAATGGTG
ATTTATTTTTAGCAACATAGATTGTGTCTTTGTCTTCAGCATCTAATAAACCTAATGCATA
TGAACCATGTAATAATGACACAACCTTTTGTAATGCTTCTTCAGTTGAAAGTCCTTGATTT
GAAAAGTATTCAACTAATTGAACGATAACTTCTGTATCTGTTTCTGAAATGAATGATACA
CCTTGTAAGTATTCACCTTTTAACTCTTCATAGTTTTCAATAACACCGTTATGAACTAGAG
TAAAACGGCCATTTGATGATTGATGTGGATGAGAGTTTTTCATGATTCGGTACACCGTGTG
TTGCCAACGTGTGTGACCGATTCCAACAGGTCCATCAAAATCGCTACTATCAGCAACTT
TACGTAATTCTGCAATACGACCTTTTTCTTTAAATACAGTTGTATTATCATCATTTACTACC
GCGATACCTGCAGAGTCATAACCTCTGTATTCTAATTTTTCTAAACCTTTTAATAATAATT
CTTTGGCATTATCATAGCCAATATAACCAACAATTCCACACAT

> **RF00234**

Function: noncoding RNA glucosamine-6-phosphate activated ribozyme (core genome, constant)

Best match: RF00234_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2232027:2232243:r]RC (completely identical)

Position: 055-contig_54: 2093 ... 2310; Length: 217 bp

Sequence:

TTCTGGCGATCTTATTAACCTTTGTCCATTAAGTCACCCTAATGTTTTACTTAATAAGCTAA
CGAATGAGCCACATCCGGGATAGCATCCGCCGATCTATTTCGATCACTATCCTCCTCGTCTA
CAAATACATATATTGCACTCTATAAAGGCCACTCATATATTAACCTTTAATCTTCAAATAC
AAATATTTATTTGCACAGGCGCTTTAACTGTACT

> **mtlA**

Function: protein coding sequence; PTS system mannitol-specific EIICB component (core genome, variable)

Best match: mtlA_CC001-ST772_118_AJGE01000074.1[16584:18122:r] (completely identical)

Position: 055-contig_54: 2572 ... 4111; Length: 1539 bp

Sequence:

ATGTCCGAAACTGAAGAGAAAAAAGGAATTGGTTCGTCGCGTTCAAGCATTCCGGATCATT
TTGAGTAGTATGATTATGCCAAACATTGGTGCATTCATCGCTTGGGGTTTCATCGCGGCCA
TTTTTATAGATAATGGATGGTTACCTAACAAAGATTTAGCTACTTTAGCAGGACCAATGA
TTACTTATTTAATCCCATTATTGATCGCATTTAGTGGTGGTTCGTTTAATTTATGATTTACGT
GGTGGTATCATCGCAGCAACAGCAACTATGGGGGTCATCGTTGCATTACCTGATACACCA
ATGTTACTTGGTGAATGATTATGGGTCCACTTGTGGTTGGTTAATGAAGAAGACCGAC
CAATTGATTCAACCTAGAACGCCACAAGGTTTTGAAATGTTATTTAATAACTTTTTCTGCTG
GTATTTTAGGATTTATCATGACGATTGCAGGATTTAAAATTTTAGCACCCTTATGAAATT
TATTATGCATATTTTATCAGTGGCAGTTGAAGCATTAGTACATGCACACCTACTTCCACTT
GTAAGTATTTTAGTAGAGCCTGCAAAAATTGTATTTTTAAACAATGCGATTAACCATGGT

GTATTCACACCGCTTGGTGCAGATCAAGCTGCAAAAGCTGGTCAATCAATTTTATACACA
ATTGAATCTAACCCTGGACCAGGTTTAGGTATCTTACTTGCTTATATGATTTTTGGAAAAG
GCACTGCAAAAGCAACGTCATATGGTGTGGAATTATCCACTTCTTAGGTGGTATTCATG
AAATTTATTTCCCATATGTATTAATGCGTCCTTTATTATTTATCGCTGTTATTTTAGGTGGA
ATGACTGGTGTGCAACTTATCAAGCAACAGGATTTGGATTTAAAAGTCCCGCGTCACCA
GGTTCATTTATAGTTTACTGTTTAAATGCACCTAAAGGTGAATTCCTTGCACATGTTGCTCG
GTGTCTTCCTTGCTGCACTTGTATCATTTCGTTGTAGCTGCTTTAATTATGAAGTTCCTAGA
GAACCAAAGCAGGATTTAGAAGCTGCGACAGCTCAAATGGAAAATACTAAAGGGAAAAA
ATCAAGCGTTGCTTCTAAGTTAGTATCTTCTGATAAAAATGTTAATACAGAAGAAAATGC
TAGTGGTAATGTTAGTGAAACATCTTCATCAGATGATGATCCTGAAGCGCTATTGGATAA
TTACAACACTGAAGATGTTGATGCACACAATTACAATAATATAAATCATGTTATTTTTGCC
TGCGATGCGGGTATGGGTTCTAGTGCAATGGGTGCAAGCATGTTACGTAATAAATTTAAA
AAGGCGGGCATTAAATGATATTACAGTTACAAATACTGCGATTAATCAATTGCCAAAAGAT
GCTCAATTAGTTATCACTCAGAAAAAACTAACTGATCGTGCTATTAACAAAACACCAAAT
GCCATCCATATTTCAAGTGGATAATTTCTTAATTCACCAAGATATGAAAAAATTTTAAATA
ATCTAAAAAAGATGATCAAGCATAA

> **mtlR**

Function: protein coding sequence; mannitol operon transcript antiterminator (core genome, constant)

Best match: mtlR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2283862:2285994] (completely identical)

Position: 055-contig_54: 4145 ... 6278; Length: 2133 bp

Sequence:

ATGTTATTGAGTACACGTGAAAAAGAAATGATAGCCCTATTGATTAAGTACCACAGTCAA
TATATCACTATAACGACATTGCTCAGCAACTTGCGGTGTCCTCTCGTACTATTCACCGTG
AATTAAGGTTGTTGAAGCATATTTAACTTCATTTTCATTAACCTTTAGAACGCGCAAACA
AAAAAGGGCTACGCATTGCTGGCGCAGATTCTGATTTAAACGATTTGAAGCAATCGATTG
CACAACATCAAACCATTGACTTATCTGTTGAAGAGCAGAAAAGTAATTATTATATACGCTT
TGATAACAAGCCAAGGAGCCAGTTAAACAATATAGTTTAGCGCAAGAAATTGGCGTTTCTG
TCCAGACTTTAGCAAAGATGTTAGATGATTTAGAGCTTGATTTAAATAAGTACCAACTAT
CTTTATCTCGAAAGCGTGGCGAAGGCATTTACTTGGTAGGTAATCAAAGAAACGTTG
AATTTTTAAGTCAATTAATGGTGAATAACTTAAATAGTACTAGCGTTTATTCAGTAATTGA
AAATCATTTTTGTCTTTCATTCATTAATCAAATCCACAAAGACTTTGTTGACTTAGAGCGC
ATTTTTAATGTTGAAAGACTATTAATGGACTACCTAAGTGCCTTACCCTACCAACTTACCG
AATCAAGTTATTTAACTTTAACTGTCCATATCGTGCTATCCATTTACGTATAAAAAATGG
AGAGTATGTCGCATTAACGATGATATTTATGATTCTGTACAAAACACATTTGAACACAA
AGTAGCAAGCGAACTTGCTGATAAACTTGGTCAAATATATGACGTCACGTTAATCAGGC
AGAAATTGCTTTCATTAATCCATTTACGTGGAGCTAAACGAAAAAATCTTAATGATAC
ATCATTAAATAATCGTTGTGAAGAAAACAAAATTAAGCGTTTGTAAACAAAGTAGAAAT
GATTTCCGGTATGACATTTGCAGATTTGGATACTTTAGTAGATGGACTGACGCTACACCTT
AATCCTGCAATCAATCGTTTGCAAGCTAATATCGAGACCTATAATCCGTTAACAGACATG
ATTAAGTTCAAATATCCAAGACTATTTGAAAATGTAAGATTAGCTTTAAATGATTGTTGG
CCTGATTTGATTTTTCCAGAGAGTGAAATTGCTTTTATAGTTTACACTTTGGTGGCTCGA
TTAAAAACCAAGGTAATCGATTTTTAAACATATTAGTCGTTTGCAGCAGTGGTATGGGAA
CTAGTCGTCTATTATCAACTCGTCTAGAGCAAGTTTTTAGTGAGATTGAGCGTATTACACA
AGCATCAGTCAGCGATTTGAAGTCACTAGATTTAAGTCAATATGATGGCATTATTTCTACT
GTGAATTTAGACATCGACTCCCCCTATTTAACGGTAAACCCATTATTACCAGATAGTGAT
ATCAGTTATGTCGCACAGTTTTTAAATACAAAGTCTACGTTCCAAGAGACGCATGATAAA
TCATCAAACATGATTGATAAGGATGATGTTTCATGTTGAAACGAAAGATGTTGATGGCAAC
ACATCTTTTGAAAATGAACAACTTCATACTTAACTTCAGTTTTTCGAAAAACATTTAAGTG
ACGAAAAATCAGAACAATTATTGCATCATATGCGTTTCGGGTTTAACTTTGCTTGATTGAGT
GAAAATAGTTAGTACCGAAGTTAAACAGTGGCAAACATATATCGCAGATTATCTATATCA
ATGCGATGTAATAAACGATCCAACGTCATTCGCTGAACTACTAGAGCAACGATTGATTGA
CAATCCAGGATGGATATTAAGTCCATATCCTGTTGCAATACCACACCTAAGAGACAATAT
GATTAACACCCTATGATTCTAATCACAGTTTTAGAAGAACCGTTAACATTGCCTAGTATT
CAAATGACAATCAAACAATTAATATATGATTTCCATGTTTATTCTGACAATGATTTTA
TGGCATCACTGGTAAGTGACTTGTCCGAATTTTTAAGTTGAAATTAGAATCTATTGATAC

TTTTATGGAAAATCCACAGGAACTTGAAACATTATTAAGAAACAAATTTTTAGAACGAAT
TAAAAACAATTTATTTAG

> **mtlF**

Function: protein coding sequence; mannitol-specific phosphotransferase enzyme IIA component (core genome, variable)

Best match: mtlF_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2286006:2286440] (completely identical)

Position: 055-contig_54: 6289 ... 6724; Length: 435 bp

Sequence:

ATGAGCGAATTATTTAGTAATGACAATATCTTTTTAAATGTAAATGTAAACAGCCAAAAT
GAAGCAATTGAAAAAGCAGGTAAAGCCTTAGTTGATAGTGGTGCTGTAACAGATGCTTAT
ATCAAGCAATGAAAGATCGTGAGCAAGTTGTATCAACATTTATGGGAAATGGCTTAGCA
ATTCCTCATGGCACAGATGAAGCTAAAACAAATGTGATTCACTCAGGTTAACATTATTA
CAAATCCCTGAAGGCGTTGACTGGGATGGCGAAGTAGTTAAAGTTGTAGTGGGAATCGCT
GGTAAAGATGGCGAACATTTAGACTTGTTATCTAAAATTGCAATTACATTTAGCGAAGAA
GAAAATGTGGATCGTATCGTTCAAGCAAATCTGCAGAAGAAATTAACAAGTATTTCGA
GGAGGCAGATGCATAA

> **mtlD**

Function: protein coding sequence; mannitol-1-phosphate 5-dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: mtlD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2286440:2287546] (completely identical)

Position: 055-contig_54: 6723 ... 7830; Length: 1107 bp

Sequence:

ATGAAAGCAGTTCACCTTGGTGCTGGTAACATAGGTCGTGGTTTCATTGGTTATATTCTTG
CAGACAACAATGTTAAAGTAACATTTGCAGACGTCAATGAAGAAATCATTAATGCTTTAG
CTCATGATCATCAATACGATGTTATTTTAGCTGATGAGTCTAAAACAACGACGCGCGTGA
ATAATGTTGATGCAATTAATTCAATGCAACCTTCTGAAGCGTTGAAACAAGCAATTCTAG
AAGCTGATATTATTACAACAGCTGTTGGTGTTAACATACTACCTATTATTGCTAAATCTTT
TGCGCCTTTCTTAAAAGAAAAAACAACCATGTTAATATTGTTGCTTGTGAGAATGCTATT
ATGGCAACTGATACATTGAAAAAAGCAGTACTTGATATTACTGGCCCTCTTGGTAACAAT
ATTCATTTTGCTAACTCAGCAGTTGATAGAATTGTACCATTACAAAAGAATGAAAATATA
TTAGACGTTATGGTTGAGCCATTTTACGAATGGGTTGTTGAAAAGATGCATGGTATGGT
CCAGAACTAAACCATATTAATATGTTGATGATTTAACACCATATATTGAGCGTAAATTA
TTAACTGTGAATACAGGACATGCATATTTAGCGTATGCTGGTAAATTTGCAGGTAAAGCT
ACCGTATTAGACGCTGTAAAAGATAGTTCAATTGAAGCTGGCTTACGCCGTGTTTTAGCT
GAAACAAGTCAATATATTACTAATGAATTTGATTTTACTGAAGCGGAACAAGCTGGTTAT
GTTGAAAAAATAATAGACCGTTTCAACAATTCTTATTTATCTGATGAAGTGACACGTGTC
GGACGAGGTACGTTACGTAAAATTGGCCCTAAAGATAGAATTATAAAACCATTAACATAT
CTTTATAATAAAGATTTAGAACGCACTGGTTTATTAATACAGCTGCATTGTTATTGAAGT
ATGATGATACAGCAGACCAAGAACTGTTGAGAAAAATAATTACATTAAGAACACGGT
TTAAAAGCGTTTTTAAAGCGAATATGCTAAAGTTGACGATGGCTTAGCCGATGAAATAATT
GAAGCGTACAATTCACCTTCATAA

> **sasB**

Function: protein coding sequence; LPXTG-sorted surface protein B chv

Best match: sasB-CC133_ref_CC133_ED133-shep_CP001996.1[2253619:2259735:r]RC

Position: 055-contig_54: 8148 ... 15594; Length: 7446 bp

Sequence:

TTATTCTTCAGTTTGTGGTCTTTCTTAGTGAATCTTCTAATTAAGAATGCCATACCTGCAC
CTAGAGCTAATTCAGCATATGGTAAATCGTCATTATGTGACATACCAGTATCTGGTAAAG
TTTTAGCTTGTGTTTAGGCTTATTAACCTTTCTTGTGGTCTGATTTTGCATTTGCTTTGT
TTTCTTCAGGCTTAGTTACATTAAGCATATCTTGATGCATACTATGACTACCATTTGAAAC
TGTTGCTGGAGATGCATTGGCACCGTCGTTTTGCGTAGCTTTATTGTTTGCAGCTGAACCA
ACTGATTTTTGCGTATCATTAGTTTGCATATCTTAGCTTTATTGTTTGCAACTGGGCCAAC
TGATTTTTGCGTATCATTAGTATCTGCTGTTGCCGTATCATCTTTTTGGCTAACATTAGTTG

AAGTCATTTTATCTTTTGCTTCAGAAGATGCAGATGTTGATGGTTTATTCGAAACTTCAGT
ATCAGCTTTGCTTGGCGATTTATCTGCTTCGTTAGATGCAACGTTAGTTTCAGACTTAAGT
TGTCTGCATCAGTTTGATTTGTCGTA CTTTCTTTATCTTTTGATGTATTAGAAGGTAC
ATTTGGTTCTGTTATGTCTGCTGAAGGCAATGTTTCAGTTGTTGATTCAACCATACTTTGA
TTTGTTGAATCTCTACCATCTTTTTCTGCCTTAGCTTTATTTTCAGATTTTGGTTGTGCAAC
CTTGCCATTAGTTGATTGAGATTCAGCACTATTATTTACTTCAGCATTTTGTTTTGAATCAT
TTACAGATGCATTATCTTTACTATCAGCAGATGATGCTGCTTCTGTGCTCGCAGTTGTTGG
AGCCGTTGCTGTTGATCCTGTTGGTGCATTCTCGTTTGTGCTGTAGTTGTACTATTGTTAT
TTGTTGTGCTTTCTGCTGGCGTTGCATTATCTGTTTCTGTTACAGGTTTATCAGTTGTGCCG
TTATTAGTTGATTCTACTTCTGGTTTACTAGTTACATCGTTATCCATTGTCGGACTGTTTGT
TGATGCATCTGCACTAGAATTGTTATTAGCTTGCGGTTTATCCTTTGCACCATCAGTTGCT
GATGTTACTGTTGTTTACCTGTTGCCGCATCACTATTATTTGGTGTGTCGGAGAAGCGT
CTGCTTTGCCATTATCTGTGCTCTCAGATACGTTAGGTTGTCCAGTGTTTTCTGGTGTGCA
TTAGCATTTGAATTTGCTGTTGCATCATTATTATCTGTACCATTATTAGTATCATTAGCATC
TGGATCATTCTGAGGCAATCGCTTCAATTGCAGGTATCGTTACATTTTGAATTCAGCA
ACCTCTGATTTGTTTGTGTTTATCTAATTTATCAGCAAATCTGTCAAAAATATCTACCTAA
ATCTGTACGTGCAATTTCTTTCCGCGATGCATCTGCATCTGCATTTTAAATTATTTCTATTT
GCTTGTTAACCCTTCTCTAATTGCTTCCAAGCATTTTCTTAACTACTGGATTAATACGT
TGTGCTTTAAGTTGTTCAAGCGCACTATTTTTGACAGTAGCGATTTCTGCATTTGTAGTTT
GATCAGAAATATCTTCAGTTGCTTTTGATAAAATGTCTTCTAAAGCATTTCGTAAACGCTTC
TTTTTCTTCAGTTGTAGCATCAGCGTCGACATTTACACCTGCTTCAATCTGGTCTAGTGCA
GTTTCTAATCTTCGATAGCTTTTTGTTTTCTGTTGAGTCAATTTGAATGTTATCAAATGC
CTCAAGTCCTTGAGCTTTTCGCTTTTTCAACTTCAGCAGTTGTTGTTGCATCAGTAATACCTT
GTTTAGCTTGATCTGTAATTTGTTTAAATCATTGCTAATGCTTCAGTTTTTTCTTCAGCAGTT
AACTGGTCACTATGATCAATTGATTCTTTCGTATCTTCTGCTTTAGCTTCAATAGCTTGGTT
CGCTTTAGGTTTAAACAGTAGCATCTACTTGAATAGTATCAATTGCTGCTTTACCTTGTGTT
AATGCATCATCAACGTCACCATTATCCACACCATTATTAATGTTTTCTAATGCAGTTTGAA
CATTTTGGTCAACTTGCTTAAATTGCTTGTGCTTTTCATCTTGTGTTGCATTAGTGTGAGCT
GAAATATTATTTTTCTTCTGATCTGCATAAGCATATAAATCTGTTGTAGCTGATTCTTTTTT
ACCTGTTGGAATTGTGTAATCGTTAATATTATCTAAGTCATTATGAATTTGAACTTCAATG
TCATCTTTAGAAGTAGCTTGATTAACATTTTGATCCGCAGTTTGTTTTAAATTCAGCAAGTT
TTTGTTCGCTTCAGCAATTTCACTTGAAGTCGATGCGTTAGAGTTATCCGCTTCGTTTACT
TTAGCATTATATGCATCTTCAATTTAGCTAAAGCATCTTTTTTGTACTCACTAAATGTTTT
AACTGCATTAATTTTAGCTTTTCTTCTTAACTGCATTATCAACATATTCATTTGTTGATG
ATTGATCGACATTTGTTTTCGCTTGATTTAATTCAGTATCAACTTCTTGTTTTGCATCATT
ATTTCTTGTGTTGATGCATTTGGTGTGTTGTTCTATTTGTGTTTTCTTATCAGCTGCAGCTTG
ATCTAATCTTTTTTACCTGCTGGTTTCTTAAACAGGATTTGCATGAAGTTGTTGAACTTTTT
GTACTGCTGTATCTTTAGCAGTAGTTACATCACCTGTAGTAGTTGCTGCATTAATATTATT
TAAACCTTCTTCATATGCTGCTCTAACTGGTCCAATATCGTTACCTTTTTCTTCATTAGTAG
TCTCATTATTATTAAGTATTTTCAGTTATTTTATTTTGCATTTTCAGTTAGCAATTCTGCTCTT
GCATTCGTTTTAACATCTGTTGATGCTTGAATTGGGTCAATTGCTTGAATTGCATTATCTTT
TGCAGTGTTTACATCATCGATTGACTGTGCATTTTCAATATTTTGATTACCTTGTGTTAATT
GTGCGTCTACTTGTGATTTGCTTGTCTTTTTCTTCAGTAGTCGCATCTGCAGTTTGTGCA
ATAAGCGCTTTTTGTTTCGTTTGTGTTGCTAATTCATCTTTCGCAACATCTTAAATTGT
TGTATCTGCAGTAATACCTTGAATATCAGCAACTGCTTGATCTTTAATTTGCGTAACATCA
TTAGTTGTTTGTGCATTTAAGATATCTTGATACGCTTTTTCTTTAGCTTTTAAACTAAATC
TTTTGCTGCATTTTTCTCTTCAGTTGTAGCGCCAGTTGTATTATCAATTGCTTGATTTTGTG
TTGTCACAGCTTGATCAACTTCATTTTTTCGATTCGATTTAACTGCTGTTGCTGGTTGTGTG
CTTTGAATTGAATTTCTTCCAGCGTCTTTCGCTGTATCTACACCATTATCATCAGTTGCAGC
TGTAATATTATTTTTCGCGTCTGTAACCTGCTGTTGCTAATTGTTGAATAGCTGCTTCTTTTT
CTTCATTTGTAGCGTTCTGATCATTATTGATAACATTTGTTTGCCTTGTGTAATTGATCA
ATCTCATCTTTAGCCGCTTGTCTTAAACAATTTTGGTGTACCAGCATTAAATTGCTGCTTC
TGCATTAGCTTTCGCTTCATCAACTTGTGCGTTAGTAGTTGCTGCTGAAATGGCTTGATTT
GCTTTACCATTTTCAGTATTTGCTTCTGCATCAGCTGCTTGTTTTTCTTCATCTGTTGCATCT
GGTGTAGCTTGAATCTCTTGCAATTTGTTATTTAAATTTGCTGTGATTTTCAATACGTGCAG
TTGCTTTTTTATTAAGTGTGGTGTACTTGTATCAATACTAGTTTCACCTGTCGTTTTCGCT

TGGTCTACATCATTGACTATTAGCAGCTTCAATGTTGCTATTTGCTTGTGTCACAGCATT
ATCTACGTCCGCATTAGCCGCTGCAATTTCTTCAGCAGTAATATCTTGCCTTTGAGCGATT
GCTGTTTTACGTTCAATCGCTTTCGTAGCAATTGCTTGTTCGCATTATCTTTAGTTGTTGT
TGCTGGCTGAATCGCTTCAATTTAGCAATTTCTGCATTTTTAGCCGCTTCAACTCCACAT
TTGAATGAGCTGCATCTATTGCTGCATCAGCAGCCGTTTTTTTCAGTTTGAACCTGTTGTTT
AGCAGCTTCTTTTTCTTCTGTTGTTGAACCGTTATTAGCATCAATTGCTGTTTCTTGAGCTT
GTACTTTATCTGCAATTGCTTGTGTTGCTGCTGGTTAACATTTGCATCTGGCGTAATTGCA
GCTATTGTAGCTTCATTAGTAGTTTTGTCATTATCTACATCTGTATTTGCTGTAGCATTATC
TATATCAGCGTTTGCAGTAACACTGCTTGATCAACTTTATCTTTTGCAGCTTGTGTTCTT
CAGTAGTCGAATCATTCAATTGCTTCAATTGCAGTTTTACGTTCACTTGCTTTTTGAGCGATT
TCCGCTTTCAGCATCCGATTTCTTAGTTGTGGCAGCTTGCCTTGATTAATTGCAGCAATAC
CATTGTCTTTAGCTGTTGTTACATCACTGTTTGTATTTGCAGCATCAAGATTTGTTCTTGCT
TCTTGCTTTTTAGCATCTAATTCTGTATATGCAGCTTCTTTTTCTTCTGTAGTTGAAGCATT
GCTATTTGGATTTCTTGTTACGTTGATTATATGCGTTTTCTACTTCTGTATCAGCTGCAG
GTTAACTTTTGCCTGTTGTTGAATTGCATTGATTTTATCTAATACTTTTGCCTTAGTATCA
GCCACTTCTTGTGTGATTTAACAACCTGGATGTCATGTAACCTTCTGTTTGAAGCTGCAT
CTACTGCTGCATTTGCCTCTGCTACTTCTTCATCAGTTGCATTTGAACTGTAGCATTTTGC
GCTTTTCTAGCTGTAGCTGCTTGTCTAACTTCTTTATAAGCATCCATTTTAGTTTGAAGTTGA
ATCCGTAATATTCTCAATTTGAATATTTCTTCGTTTTAACGCGTTCTAAATCTTGTGCAG
TCGTTGTCGCTTCAATTGCTTTAACACCAGAACTTTAGCTGCATTAATACGTTCAATAGC
TTCCGCTACTTCTTCATTTGTTGTATCAGGATTTAAAGGTGCTTGATCAATTTGTGCTTGAA
CAACTTCGTCAAATCTTCAAGAGCTGCTGCTTTAGCTGTTGTAGCAGGTGTAGTTTGATT
AATATCATTGATTGCTTTTGTGTTAATGGCTTCTACTTGTGCATTTGTTGTTGCTGCATCAA
TATCTTTAATTGCCTTTGTTTCAATTTACCAATTTTATCATTGCTACATCTTTTTCATCTT
GTAATGATGCATTTGACTTTTTAATTTGTTGTTACGAGTTGTAACCTGCTTGGATAATATCT
TGTTTCGCTTGAGGTTAACTGTTGGTGTAAATCACATCTTGTCTAACACTGCGATACCAT
TATCTTTTTCAGTTGTGACACCTTGTGATGTTGTTGTTTATTAATTTCTGCGATTGCATTA
TTTTATCATTGTTAATTTAGTCACAAGCGCTGCAACTTCATCTTGCCTAACCTTTTTACT
TTGTTGTGCTGCTGTAACCTTTTCTTGAGCTTTAGTATCTAATTCAGCAATTGCTGCTTGAT
TATCAATTAATGCAGCTTGTAAATTTAGTTACTAAACCGTCAATATCCGCTTGAGATGCACG
ATTTGCAGTTTCAACGTGATTCGCATCTTCATTTAAAATAGTGTCTGCTTGTGTTAAGTT
TATTGTATTCTGCAATTGATGCTGTTGTGTAATGACTATTATCAACTTGTGAGTTTACTTGT
TGTTGCAACGCATCTTTGTTCAATTTCAACCGCTACTGAAAATGGATCTGCAGTTAGTGTA
CTTCTGGTTGCGCATTATTAATTACAACATCTGAAGCAGTACGATATGTTAATTTTTTCATT
AAAATCAATATTTTAGGTGTATCGATATTCGCAACATTAACCTTTATATGATAATTTAAA
GATTTATCTGGGAATAAACTTCTTTAGTGTGTGTACCACGTGCCGTTGTCACACCTTGGC
TTGTAAATGTAACCTTATTTGCAGTTTGTATCATAATTAACAGTCATATTTTTCAATACTGT
ACTGTCTTCATTACCATTAGGGAATGTTGTAGTTAATGAATCATTAAACGTAAGTTACACCT
TGTGGTAATGTTACTTCATATTTAAATTGATCTGCTTTAATGAAGCACCAAAATTACCAT
TGTTACCGATTTCAGTATTAATAGTATATTCTTTATTGTTAGTTGCTTTCGGTGCTAAATCT
CTATTTTTGACATATAAATGTGATCCTGAGAATAGACCTACATTATCAATGAATGAATAG
TATTTATAACCATCTTTATTTGTTGTAATTCTTGAAGCATCAGCAACTGCTGTATTGTCAG
GAATAAATTGTAAATCTAAACGATCAGCATCAGTTGGTACTTTAAATAAATGTGCAGTAC
CAGTCTTAGCAACATTTACAGTTGCTAATTCAGTATTTTTCTTAGCATCTTTAATAACTAA
ATTTGTTGCACCTTGCTTACTATTCGTTTGCATAGTAGTAAAGTTAATAATTAATTCTGAA
TCTGGTTTTACATTTACAGTTTTTGTAAATACCGTTAAAGTTACCATGATCTGTAGAATCAT
TTGCATTCACACGACCTAATGCAGCCACGTTTCCCTTAGCTTGATAGTTTTGAGGGTTATT
CTTATCAAACATATCGCTTCGTCTTAATTCTGAGTTAACGAAACCAATCTTACCGTTGTTA
ATTAATGAATAACCATTTACTTTATCTGTAACAGTTACAGTTGGATCCTGTCTATTCTCAT
CTGTTGATATGGCAGGATCATCAAATGTTAATGTCGTATTAATACTGCCTTACCAGTATT
GCTAGCATTGGATCTTGAGTTTGTGCGTTTGTGCTACAGGTGCTGCTGGTTGCGCTGCT
GCTGGAGCATTTCGCTGGCTGTGTTGATTTGCCGGTGTGCTTATTATTAGGTGTTGCTT
GGTTATTTCCCTTGACCTGCTTGGTTTGGCGGTGCTGCTTGAATTTCCAGGTTGTGCTTGTGCA
GCGTTATTCGGATCAGCTTGAATACCTTGTCCAGCTGGTTGTGCTGCTCCTCCTGCTGGAT
TAGCCTGTCCACCTTGGTTTGTGCTGGCTGTGCTGCAGGATTAGCTTGAAGCACCAGCATTTCG
GTTAGGCTGTGATTGGCATCAGCTGGTTGTGCTGGTTGATTTTGTGCAGGCTGATTTTGC

TCTGCTGCAGACGCTGTTGTCGGGTTAGTAGATATAAAAAGTAACAGTGGCAATTAAGCT
GAAAAAATACCGACATTAATTTTTCTGATACTAAATTTTTGTTGTCTGAATAAATTCAT

> **glmM**

Function: protein coding sequence; phosphoglucosamine mutase (core genome, constant)

Best match: glmM_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2295588:2296943:r]RC (completely identical)

Position: 055-contig_54: 15871 ... 17227; Length: 1356 bp

Sequence:

TTATTTATCTAATCCCATTTTATCTTGAACCACATCAGCTATTTGTTGTGCAAATCTTTCAG
CATCTTCATCAGTTGCTGCTTCAACCATGACACGAACTAATGGTTCTGTTCCAGAAGGCTC
TACTAAAATTCGACCTTCTCCATTCATTTCTACTTCTACTTTAGTCATAACTTCTTTAACGT
CAACATTTTCTTCAACACGATATTTATCTGTTACGCGTACGTTAATTAATGATTGTGGATA
TTTTTTCATTTGTCCAGCTAATTCACTTAGTGATTTACCAGTCATTTTTATTACAGAAGCTA
ATTGAATACCAGTTAATAAACCATCACCAGTTGTATTGTAATCCATCATAACGATATGCC
CAGATTGTTCTCCACCTAAGTTATAATTACCGCGACGCATTTCTTCTACTACATATCTGTC
GCCAACTTTAGTTTTATTAGATTTAATTCCTTCTTGTTCAAGCGCTTTGTAACCACTAAA
TTACTCATAACAGTAGAAACAATCATGTCATTATTCAATTCTTGATTTTTATGCATTTCTTG
ACCAATAATAAACATAATTTGGTCACCGTCAACGATTTGACCATTCTCATCTACTGCTATG
ATTCTGTCTCCATCGCCGTCAAATGCTAACCCTTCACTTTCAGTTTCAACTACTTTTT
CAGCTAATTTTTCAGGATGTGTAGAGCCACATTTCTCATTGATATTATATCCATCAGGACT
ACATCCAATTGTTTCAGTATCTGCTTCTAAATCACCAAATAAGAATGGCGCTAGTGATGA
TGTTGAACCATTTGCACCATCTAAAACAATTTCAAACCTTCAAAGTTAACATCTACTGTT
GATTTTAAATAGCTCAAATATTTTTGTGCCCTTCAAAGTAATCTGAATAATGTACAATAT
CATTGCCAACTGGTCTTGGTAATTCTGGATTTTCTTGATCCAATAATGCTTCAATTTCAATT
TCTTGTTCACTGATAGTTTAAAACCATCTGATCCAAAGAATTTAATACCATTATCTGCAA
CTGGATTATGAGAGGCTGAAATCATTACACCTAACTCTGCACCCATATCGCGTGTTAAAT
ATGCAACACCTGGTGTTGAAATAATACCTAATCGCATCACTTCTGCACCAATTGAAATCA
AACCAGCTATTAATGCTGATTCTAACATTTACCTGAAACTCTAGTATCGCGACCTACAA
GTACACGTGGGTGTTTTTACCTTTATTATGTGCTAGAACATAGCCACCGTATCTTCCTAA
TTTAAATGCCAATTCAGGTGTTAGTTCTTGGTTTGGACACCTCTTACTCCGTCTGTACCA
AAATATTTTCCCAT

> **dacA**

Function: protein coding sequence; cyclic di-AMP cyclase (core genome, constant)

Best match: dacA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2297904:2298713:r]RC (completely identical)

Position: 055-contig_54: 18187 ... 18997; Length: 810 bp

Sequence:

TTATTTACACCTTTCTTTTGAAGCGTGTGCCAAACCAATGTTTCAGCAAGCAACTCTTCA
AAAATTTTCGTTTGAATGTCTCGTCGTAATTTTCCATCAAATGTTACCGAAATATCACCAG
TTTCTTCAGATACAATAACGGTAAATGCATCAGATACTTCTGAAATACCAACCGCAGCTC
TATGTCTTGTACCCAAACTTTTAGATATCTTAGGACTATCAGACAATGGCAAATAACTTGC
TGCTGCTGCAATCTTAGTGCCTTGAATAATCATTGCACCATCATGTAAAGGTGTGTTAGGT
ATAAAGACATTAATAAAAGTTCTTGGCAAATATTTGAATCCATTGCAATACCTGTTTCAA
TATAATCTTGAAGACCTGTTTCTTTTCAAAGACAATTAATGCACCTATACGTCTTTTACG
CATATATTGCACAGCCTTTGAAACCGATTGAATCAATTTCTTTCATCTTTACTATACGTA
TTAGAAGTATAGCGTTTTTAAAAGCTACCTCTACCAAGTTGTTCTAACGCACGTCTAATTT
CTGGTTGGAATATTACTATTAAGCTAATACCCCCATTGAATAACGATATCGAATAATTT
AGATGTTGCAGTCAAGTTCAATATCATACTTATCTGCTGACCAATAACAATTACTAATATC
CCTTTAAGTAATTGTATCGCTTTAGTTCCCTTAAAGACCGTGATGAGAAGATAAAGTACA
TACCAAATATCAGTAAATCAAGGATACTCGTTACAATTTTTAACGTACTGAGGTTTTGA
AAAAGTTGGAAAAATCCAT

> **argI**

Function: protein coding sequence; arginase (core genome, constant)

Best match: argI_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2298902:2299810:r]RC (completely identical)
Position: 055-contig_54: 19185 ... 20094; Length: 909 bp

Sequence:

```
TTATAATAAAGTTTCACCAAAAAATGTTCCAATAATGAAACCGCTTGTTTCAGCAGTATG
ATTATTACTGTCAATCAATGGATTTACTTCAACTAAATCCATTGAGGAAATTAATGTGAT
TGATGCAGTAATTCCAATGCAAAATGGCTTTCTCTATAACTAAGACCACCCAAAACCTCTA
GTACCAGTGCCTGGCGTTTCAAGCGGATCTAAAGCATCAACATCTAAAGATAAATGAACG
CCATCAACATTGCGTGACTTCAAATATTCTATTGTATTTTCAATTACTTCCTTTATCCCTAA
TTTATCAATATCTGACATAGTAAATGTTTTAATATTATGATCTTTGATAAATTGTCTTTTAC
CTTTATCTAAATCTCTCATACCAATTAGTACGATGTTTTCTGGCTTGATTACATTACTATTT
AATTCTAAAAGTTCTTTGGGACCTTCGCCTGTCAAAATCCTTAGAGGCATACCATGAATAT
TTCCACTTGGTGACTCTTCAGGTATATTTAAATCACCATGTGCATCATACCAAATAACACC
TAAATTATTATAATGTTTACTTATTGCTGATACTGAACCTACCGCAATAGAATGATCACCA
CCAAGAAGTAGAGGAAATCTGTTATTTTCAATTGATGCTGAAACCTCTTTATTTAATTTTT
GATTAACATCTATAATTTTCATCATAATTTCTTAATCCTTTTTGTTCACTATGAAATTTTTCA
ATGTTACAGCAGGTACCTTAATATCCCCCTTGTCATATACATCAAGGTCTAATTGCTTTA
ATCTTGAAATTAATCCAGCATATCTAATTGCTGTTGGTCCTAAATCAACACCTAATTTTCT
TTGTCCAAATGTTGATGGTGCACCTATAATATCAATTGCTTTTGTCTTTGTTCAT
```

> **tRNAlys**

Function: tRNA tRNA lysine

Best match: tRNAlys_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2250231:2250306:r]RC (completely identical)

Position: 055-contig_54: 20228 ... 20304; Length: 76 bp

Sequence:

```
TAGTGAGCCATAGAGGATTCGAACCTCTGACCCTCTGATTAAAAGTCAGATGCTCTACCA
ACTGAGCTAATGGCTC
```

> **Q5HDM5**

Function: protein coding sequence; LysR family transcript regulator (core genome, variable)

Best match: Q5HDM5_CC005_N315_BA000018.3[2388202:2389086]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 88 ... 973; Length: 885 bp

Sequence:

```
TTAAAGAGCCTCTAAAAGTCCATATAAATAATCTTGGCATTGTTGTACGAATGTATGTACT
TGTTTCGGAGTGTGTTGCGTTTTTTATGGTAATTGATATAAATTTTTTCGGCCTAAGTTTGAC
GAATTTTTTTATATTCTAAATTAGACGTGTGAAATGATTGGTAATAAAATCTCGGAATGAT
AGCGTAACTAAGCCGAGATGAACAAATCCAACCTGCTGATTCTGAATCGATCTGTTTCTAC
AACGACATTTGGACGAATATTTCTTCTATTAATAAGTCATCTAAGTGTGTTGCGCACTTGA
GAATTTTTGTTTGGTAATATGAGTGGCAAATTTTCAACATCTACCCAATTTTGATTTTTAA
ATGTTTCCTTGGGTGCTAATAAAATGTAAGATTCCTCATATAAAGGAATGGATCTTATATC
TTCGTGGGTTATTTTTTCATTTGTTATAGCTAAATGAATATTAATAATTCAGTAATTGCTCTA
TAGATTGATGTTTGTTCATGTATTTTCATATAAACGATATTGCTGTTTCAGGGTAGTCGGAATG
GTGCTTTCGAATTAATTCGCAATCCATTGATTTCGTAGATTCAAGAGTCCCAATTTTTATC
CTTGGTTCTGATGTAACGCTTAAATCATACATTTTTTCCATCGTGGATCGATATTGTTGAA
CTAATTCGCTCGCATAACGATAAACTGTATTCCTTTTTTCGGTAATCTTGATGTCTTTTGTG
GAACGTGTAAATAAGTCATAACCTAAATCTGCTTCCATTTTTTTAATCGTAGCAGTTAAAG
ATGGCTGGCTAATATGTAATAAATTGTGCAGCTTTAGTAAACTATTATATTTACGATAG
CCAAGAAGTATTCTAACTGAATAATTTTCAT
```

> **hutU**

Function: protein coding sequence; urocanate hydratase (core genome, constant)

Best match: hutU_CC005_N315_BA000018.3[2386381:2388042:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 1132 ... 2794; Length: 1662 bp

Sequence:

ATGAGAAAAATTCAAGCAAAAAAAGGTTTGGAGTATTGAGTGTAAAGGTTGGGAACAAGA
AGCAGTACTTAGAATGTTATACAACAATTTAGACCCAGAAGTTGCTGAAAGACCAGAAG
ATTTAGTTGTTTATGGTGGTATTGGAAAAGCAGCACGTAATTGGGAAGCTTTTGAAGCAA
TAGAGAAAACGTTACGAGAATTAGAATCAGATGAGACAATGTTAGTACAATCAGGAAAG
CCAGTTGCTGTATTTAAAACACATGAAGAAGCGCCACGTGTATTAATTTCAAATTCAGTA
TTAGTGCCTGAATGGGCAAACCTGGGATCATTTTAATGAATTAGATAAAAAAGGTTTAATC
ATGTATGGACAGATGACAGCCGGTAGTTGGATATATATTGGTTCTCAAGGTATTGTGCAA
GGTACTTATGAGACATTTGCCGAGCTAGGTAATCAACACTTTAATGGAGATTTAGCAGGC
ACTGTTACACTGACAGCAGGTTTAGGTGGTATGGGTGGTGCGCAACCGTTAGCAATTACT
ATGAATCATGGGGTAGCAATTTGCGTGGATGTTGATGAAACACGTGTTGATAAGCGAATT
GATACGAAATACTGTGATGTTAAAACAGCTGATTTAGATGAAGCATTAAAATTAGCAGAA
GAGGCGAAAGAACGTGGAGAAGGATTATCAATCGGGTTAGTTGGAAATGCTGTAGACAT
CCATCAAGCGATTCTAGAAAAAGGATTTAAAATTGACATTACTGACCAAACAAGTGC
ACATGATCCGCTAAATGGATATGTGCCACAAGGATACTCTGTAGAAGAAGCGAAAAGTATT
GCGTGAAAAAGATCCGAAAAAATATGTTGAACTGTCACAAGCTTCAATGGCAAAGCATG
TTGAATTAATGCTTGAATTTCAAAAACGTGGCGCTGTAGCATTTGATTATGGTAACAATA
TTCGTCAAGTAGCCTTCAATAACGGAGTGAAAAATGCTTTTGACTTCCCAGGCTTTGTACC
AGCTTACATTAGACCATTATTCTGTGAAGGTAAAGGGCCATTCCGCTTTGCTGCGTTGAGT
GGTGATCCAAAAGATATCGAGCGTGCGGATGAAGAAATGCGCAAACCTTTCCCAGAAAA
TGAAAAGTTATTAAGATGGCTTGATTTAGCTGAAGAAAAAATTTTCATATCAAGGACTACC
ATCACGATTGCTTGGTTAGGCTATGGAGAAAGAGCGAAAATGGGCTTAGCTTTAAATCG
TCTTGTACGTGACGGTGAATTTACAGACCAATTGTTATTGGACGAGACCATTTAGATGCT
GGTTCAGTTGCTAGTCCTAACCGTGAAACAGAAAGTATGAAAGATGGCAGTGACGCGGTT
GGTGATTGGGCTGTATTGAATGCACTATTAACACAGCTGCAGGTGGTTCATGGATTTCA
TTCCATCACGGTGGCGGTGTTGGCATGGGATATTCACTTCATGCGGGTATGGTTGTTGTAG
CAGATGGATCAGAGCGTGCTGAAAGAAGATTGGAACGTGTATTGACGACTGATCCAGGT
ATGGGTGTTGCCCGACATGTTGATGCTGGCTATGACATCGCTATTCAAACAGCTAAAGAA
AAAGGTATTCATATTCCAATGATTGATAAAGCAGGTGATAAATAA

> **hutI**

Function: protein coding sequence; imidazolonepropionase (core genome, variable)

Best match: hutI_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2454643:2455881:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 2793 ... 4032; Length: 1239 bp

Sequence:

ATGAATGATTTAATAATTAATCACATAGCAGAATTAATTTTACCGAAATCAACAGATAAA
CCTTTGAAGGGTAAGGAATTAGATGAATTAATGTTGTGAAAAATGGTACAGTTGTCATT
AAAGATGGCAAATTTGTATATGCTGGACAACATACAGATGACTATGATGCGACTGAGAC
GATAGATGCTAGTGGAAAAGTAGTTTCTCCGGCATTAGTAGATGCTCATACCCATTTAAC
ATTTGGTGGATCTCGAGAACATGAGATGTCATTAACACGTCAAGGTAAGTCTTACCTTGA
AATATTAGAAATGGGTGGTGGCATATTATCTACCGTTAATGCTACTAGAGAAACATCCGA
AGATGACTTGTTTAAAAAAGCAGAGCATGATTTGCTTACTATGATTAACACGGCGTGCT
TGCAGTTGAAAGTAAGAGTGGTTATGGATTAGATAGAGAAAATGAACTGAAGCAATTGA
AAGTGTCTAATCGTTTAGCTGAGAAATATGATTTAGACATGAAACATACTTTCCTAGGGC
CTCATGCTGTACCTAAAGAGGCAAGTTCAAATGAGGCATTTTGAAGAAATGATTGCGT
TACTTCCGGAAGTAAACAATATGCAGACTTTGCGGATATTTCTGTGAAACAGGTGTAT
TTACAATAGAACAATCGCAACATTATATGCAAAAAGCCAAAGAAGCAGGTTTTAAAGTG
AAAATACATGCGGATGAAATTTGATCCGTTAGGCGGACTGGAATTAGCAATTGATGAACA
AGCAATATCAGCAGACCACTTAGTAGCTTCTAGTGATAAAGGAAAAGAAAAGTTGCGAA
ATAGTGATACTGTAGCTGTCCTTACCTGCAACGACGTTCTATTTAGGTAAGAAGATTA
TGCAGATGCGAGAGGTATGCTTGATAATAATGGTGCCATCGCGTTAGCTACTGATTATAA
TCCAGGCAGCAGTGTAAACGAATAACTTGCAACTTGTTATGGCCATTGCAGCATTAAAATT
AAAGCTTTCGCCTAGTGAAGTGTGGAATGCTGTTACGGTCAACGCTGCTAAAGCAATAGA
TATTAACGCGGGTACAATTAACACAGGTGATAAGGCTAATTTAGTAATTTGGGATGCACC
AAATCATGAATATATTCCATATCATTTTGGTATCAATCACGCAGAAAAAGTTATTAAGA
CGGTAAGGTCATCGTAGATAACACATTATCTTTTAAAGCATAA

> **sam-L4**

Function: noncoding RNA SAM riboswitch locus 4 (core genome, constant)

Best match: sam-L4_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2393764:2393859:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 7529 ... 7625; Length: 96 bp

Sequence:

```
CACTTATCTAGAGAGGTGGAGGGACTGGCCCTATGAAGCCTCGGCAACATCTCGAATGTG  
CCAATTCCAGTAACCGTAATGGTTTGAAGATAAGCA
```

> **nhaC2**

Function: protein coding sequence; putative Na⁺/H⁺ antiporter

Best match: nhaC2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2449660:2451039:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 7635 ... 9015; Length: 1380 bp

Sequence:

```
ATGAAAACCTCTTTCCTTCATCGTTTGTGAGAAAGAGGTATTTTTAATTGGAAAGCAGGTA  
AAAAGGATGGAAGTACATAAAAAGAGCAATGCTTGGGCATTATCCCTTGTATTATTT  
GTGGCGTTGTTTTAGGCGTAGGTATTATCACAGGTGATTTACTTCAATGCCATTAAATG  
TTGCAATTACGATAACGGTAATTGTGGCGTTATTAATGAATCGAAAAGAATCATTTGCTA  
AAAAAGTTGAGGTCTTCACGAAAGGTGCAGGCCATTCAAACATTATTTAATGATGTTGA  
TTTTTATTTAGCAGGTGCATTTTCAAATACAGCTGAAAAAATGGGTGGCGTAAAGTCGA  
CAGTTAATTTAGGACTATCATTAAATCCCAGAAAATTTAATTATTGTAGGATTGTTTGTGAT  
TTGTATGTTTGTCTATATCTATGGGGACGTCTGTAGGAACTGTTGCTGCAATAGCACCT  
GTTGGTTACGGATTTGCACAAGCGACAGATGTACCAACTGCGCTAGCAATGGCTACAGTT  
GTTGGAGGTGCAATGTTTCGGCGATAATCTATCAATGATTCAGATACAACAATTGCTGCG  
GTTAGAACAACAACATACGAAAATGAAAGATAAATTCAGAGTAAACTTTAAAATTGTATTG  
CCAGGTGCTATTTAACGATTATTATTCTGTATTTCTTAACGAATGGCATTCTTTAAATCA  
TGCTAAAAACTATGATTATAATCTAATTAAGTTGTACCGTATATTTTAGTATTGGTATTA  
GCATTATTAGGTGTAATGTCATTATCGTATTGATTGGCGGAACATTATTAGCTGGAATCA  
TTGGTCTCATAGATGGTTCATTTCGGTTGGATGGGACTACTAGATGCAGTGTCCAAAGGTA  
TTATAAGCATGGAAGATATTGCTATGATTGCGTTGCTAATTGGTGGTTTAGTCGGTATTAT  
TCAACACAATGGTGGTATTGAATGGTTGTTGCAATTTGTTGCTCTAAAGTGAAATCAAA  
GCGTGGCGCAGAATTAGGAATTGCGAGTTTGGTAAGTGTGCGCAGATATTGCCACGGCAAA  
CAACACCATCTCTATTATTATGTCAGGTCCTTTAGCTAAAAATATTGCAGATGAATATGAT  
GTAGATTCAAGGAAATCAGCAAGTATTCTTGATATATTTGGAGGCTGCTTCCAAGGTTTA  
TTACCATATAGCCCGCAAGTCATTTACAGCGGCTGGTGTAGCTGGTATTTACCATTAAATGT  
TATCCCATACAGCATTATCCTATATTATTAGGTGTATGCGGACTTATTGCGATTTTATT  
AATTTTCAAAGCTAAAAAAGAACAACACTAGTCAAGAAATGAAACATTAA
```

> **glvC**

Function: protein coding sequence; PTS system/arbutin-like IIBC component

Best match: glvC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2446231:2447835:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 10839 ... 12444; Length: 1605 bp

Sequence:

```
ATGAATGCGATAAAGCGTTTCGGTAGTGCAATGATTGTACCGGTATTAATGTTGCTTTCT  
TTGGGATAGTGCTTGGCTTTGCGACATTATTTAAAAATCCTACAATCATGGGGAGTTTAGC  
AGATCAACATACGTTTTGGTTTAAATTTGGTCAGTGATAGAATCTGGTGGCTGGGTTATT  
TTTACGCATATGGAAGTTGTATTTGTTGTAGGTTTACCACCTTCTTTAGCTAAAAAAGCAC  
CAGGTCATGCAGCGCTTGCAGCATTGATGGGTTACTTAATGTTTAATACATTTATAAATGC  
CATTTAACGCAATGGCCACATACATTTGGCGCTAATTTAGAAAAAGGCGTTGAAAATGT  
ACCTGGTTTAAAATCAATTGCAGGTATTGCCACATTGGATACGAATATTCTAGGTGGTATT  
ATTATTTACGCTATTATTACGTGGATTACAATAGATACTACAGTAAACGATTACCAGAA  
ATGGTTGGTGTATTCCAAGGTTTAAACATTTGTGGTTACAATTTCATTTTTTGTGATGTTACC  
ATTAGCAGCAATTACTTGTGTTATTTGGCCAACTGTTTCAGCACGGTATTGGTTCAATGCAA  
CACTTTATCATCGCTTCAGGCTATATCGGTGTTTGGCTGTACCACTTCTTAGAACGTGTAT  
TAATACCAACAGGATTACATCACTTTATTTATGCACCAATTGAAGTTGGACCAGTAGTAG
```

TCAATCATGGCTTGAAAGCTGAATGGTTACAACATTTAAATGAGTTTGCTAAGAGTACTA
AGCCATTAAGAGCAATTCCTTATGGCTTTATGCTTCAAGGAAATGGGAAAGTATTTG
GATGTTTAGGTATTGCTTTAGCAATGTATGCTACGACACCTAAAGAAAATCGTAAAAAAG
TAGCAGCATTACTTATTCCTGCAACATTAACAGCAGTCGTTGTAGGTATTACTGAGCCATT
AGAATTTACATTCTTATTCATCGCACCATACTTATTTGTTTTACACGCAGTTTTAGCAGCA
TCAATGGATACTTTAATGTACGCATTTGGTGTGTAGGTAACATGGGTGGTGGCTTGTTAG
ACTTTATTTCAACAACTGGTTGCCATTAGGTAAGAACATTGGGGTACTTATGTTGCAC
AAGTTATTATCGGTCTGATATTTGTAGCGATTTACTTCTTATTTCAGATTCTTAATTTTG
AAATTTGATATTCCATTACCTGGACGTAAGAAAACAGAAGAGGAAGTTAAATTATTTTCT
AAGCAAGATTACAAAAATAAAAAAGGTGATAGCGTAGATTCTAAACGTGCTTCAACAGG
TAATGAATACGAAGACAAAGCTGCGTATTACCTCGACGGTTTAGGCGGCAAAGAAAATA
TCAAAGATGTTACTAACTGTACAACAAGATTACGCTTAACTGTTTTATGATGAAAGTAAAG
TTGCGGATACGGAATATTTACGCATCAACAAATGGCACACGGATTAGTAAAGAGTGGTA
AGAGTATCCAAGTTGTAGTAGGTATGACAGTACCACAAGTTCGTGAAGCATTGAAACAA
TGGTTGAGGATCAATCGTCCGAAGATAAATAA

> **proY**

Function: protein coding sequence; proline-specific permease (core genome, variable)

Best match: proY_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2441245:2442624:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 16050 ... 17430; Length: 1380 bp

Sequence:

ATGGAGAACAATGAACTACAAAGGGGATTGAGTGCCCGTCAAATTCAAATGATTGCACTT
GGTGGTACGATTGGCGTGGGGCTTTTCATGGGTGCCACAAGTACAATTAATGGACAGGC
CCATCAGTTATCCTTGCATATTTAATTGCGGGTATCTTTTTATTTTAATCATGAGAGCAAT
GGGGGAAATGATTTATTTAAACCCTACAACAGGATCATTGCAACATTTGCAAGTGATTA
TATACATCCTGCAGCAGGTTATATGACAGCATGGAGTAATATATTCCAATGGATTGTAGT
TGGTATGAGTGAGGTCATCGCAGTAGGAGAATATATGAAGTTTTGGTTCCCGGAATTGCC
AACTTGGATTCTGGTGTTATTGCTATTTTATTATTAATGGCAGCGAATTTATTCTCGGTA
AAAGCGTTTGGAGAATTTGAATTTGGTTTGCTTTAATTAAGTTGTAACAATTATTTTAA
TGATTATTGCTGGTTTTGGTCTTATTTTCTTTGGTTTTGGAAATGGTGGCCATGCGGTAGGT
ATTTCTAATCTATGGACAAATGGCGGATTTATGCCAAATGGTATTGTTGGTTTCTTCTTG
CATTATCAATTGTAATTGGTTCATACCAAGGTGTGGAAGTATGAGGTATTACGGCAGGTG
AACTAAAGATCCTCAGAAAAATATCGTTAAAGCAGTGAATGGTGTATCTGGAGAATTT
TAATTTTCTATTTAGGCGCTATTTTTGTTATTGTTTCAGTGTATCCTTGAATCAATTAGGA
GACATTGGAAGTCCGTTTGTGCAACATTTGCTAAAATCGGTATTACATTTGCAGCTGGAT
TAATTAACTTTGTGTTAATTAACGCAATGTCAGGATGTAAGTCAAGTATTTTCAGTGC
GAGTCGTATGATTTATACACTTGCTCATAAAGGTGAAATGCCAAAAATATTTACTAAAAT
CATGAGAAATGGTGTACCATTGTACACTGTTGTAGCAGTATCTCTTGGTATTTTAATTGGT
GCTTTATTAACGTAATTTTACCTTTATATATCGATGGAGCGAAGAGTATTTTCGTATACG
TTTATAGTGCGTCTATTTTACCAGGTATGATTCCTTGGTTTATGATTTTATTTCAGTCACTTA
CGTTTTAGAAAATTACATCCTGAAGAATTGGAAGGTCACCCATTCAAATGCCTGGTGGC
GCAGTAACTAACTATTTAACAATCTTATTCTTAATATTAGTATTGGTTGGTATGGTATTTA
ATGTTGAACTAGAATATCAGTGCTAATTGGTGTATCTTCTTAACGATTGTAACGATTTA
TTACTTTATTAGATATAATAAAAAATAATGTAAAAGCAAAATAG

> **Q2FEH9**

Function: protein coding sequence; phosphosugar-binding transcript regulator (core genome, constant)

Best match: Q2FEH9_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2439986:2440858]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 17816 ... 18689; Length: 873 bp

Sequence:

TTAATGTTTAAAGTTAATATTTGATAAATGTTTACGATAGTTATCTAAAGCCATTTTAGAT
TGTGTTATGAAATCTAATGATGCGTGATAATTTAATGCAACATAACGATAATATAAAATA
TCAATAGTGAACATTTGAGCAAATAATGAAGTTGTTGCTCCCATATGCATCTCATTTTCAT
CAGTTTTCCATAAGTTAAAACAATATTTGATGCCTGTGCTACGGGATTATCCCTTGTACT

AGTAATTGTAATTATAGGTATATGGTAGTCATCAATAACTTTAACCATTGATTGCATTTCA
CTTTGCGTACCATTGTTAGTAATAAGAATAAACTGTCGTTTCGAATTGTGAGTTGCTAATA
ATGTAGCAAAAATATGTGTTTCTTGAACAAGTTGAATATTAAGACCTATTCTTGATAACTT
TTGGTATAAGTCGGTAGCAACTACAAAAGATGCGCCAAAACCATATATAAAAATCGTCTC
AGAACGTTTTAAACAATGACATATTTGATCAATAGTTTTATCATTAAATTCGTTATTTGCA
TGATTAAGTGCGCGTGTAGTACGTGTATGGAGTTTAGTTCTTAAAGATTCTGTGCTTTCGT
TATTCATTAATTCAACATTGTAAATTGATGATGCTTTAGGAACATATTTAGATATATTTAT
TTTCAAGTCGTGAAAACCGCCATCAGTAATTTTCTTGCTGAATCGAATGACTGATGATGTA
CTAATATCTAATAAGCTTGCTAAGTCTTGAGACCTCATTTTAATCACCTTTTGAGGTGAAT
TTAGTATAAATTTAGCTATCTTTTTTTCATTTTATAGTCATATATGGATATTGACTATCTATT
TCTGTTAGTACGTTTGACAT

> **Q5HDP6**

Function: protein coding sequence; helix-turn-helix type 11 domain protein (core genome, constant)
Best match: Q5HDP6_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2437709:2438401]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 20273 ... 20966; Length: 693 bp

Sequence:

TTAGGAATCGATGGGGTTTAAAAATTGATGATAGTTATCAATGGATATGTCTCTGGTTTG
AATCGTCTTACCGAATGAATACGAAATATCTATAATATTTTCAATTTTCGAGTTCGGCAGTT
TTGTCTTGAGCAATGTCATAAATGACTGCATGCCAATGTCCATGTTTACACAAAAGGCCA
ATAAATATAACGTTTTTCAGCTTTAATATTATCATCAACCCTATGATCTACTAACATCACAT
TTCGTTCTGTACAATAAATTAATAATGTCGGAAAACAGCATTGGGAGTGCATATGTTGTG
TGTCATCAAATTTAATATAAAAAGTCCATGCGTTTAAAGCAATTTTCTTAAGCGTGTGTTGTGG
AAGACTTAAACATTGTTTTATAAATTGCGTTGATTTTCGCTTTTATATGGTAATGTCGAGTAC
GACTGACTTTTCAATTAAGCACTAAAAATAAGGCCGATAATTGTGTTTCAGATAAGTTTAAAT
GCAATTTTAGATTGTGCTTGTGTTGATTTGGTAACCACCATTTTCCCATAATGCGCATAAAA
TTTTAACACCTTGATTTTCTAAATCATCAATATCTCTTAAATTTGTGCGTTTGGATACGTTG
CAATATTTAGCTAATTCTAAAGCGGTCATTTTTTTATTTTGTGGAATTGCAGTAATTATTA
ATTTGCTTTTCAGCTTTATTCAT

> **rsaI**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus I (core genome, constant)
Best match: rsaI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2379510:2379653:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 21113 ... 21257; Length: 144 bp

Sequence:

GTAACAGGGGGAGCGATTAAACAAAGGGGTAGAGCTATATAACAGATAGCTTTTAAATCG
TTCAAGTTACATCACAACATCTTCAATATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA
GCACGTGACTAGCCGATTTTTTT

> **suhB**

Function: protein coding sequence; inositol-phosphate phosphatase (core genome, constant)
Best match: suhB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2436527:2437324:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 21350 ... 22148; Length: 798 bp

Sequence:

ATGACAGATAAAACATTACAGCAAATAGATAAGTTAATATGTTTCGTGGTTGAAACAAATA
GACAATGTTATTCCGCAATTAATTATGGAAATGACTACAGAACTAAGCGTCATCGATTT
GATTTAGTTACAAATGTAGATAAACAGATTCAACAACAATTTCCAACAATTTTGTAGCAACA
CATTTTCCGGAACACCAACTATTAGCGGAAGAAAAAAGTAATGAAATGATTACGAATGA
AATTAATCATTTATGGATTATGGATCCCATTGATGGAAGTCCCAATTTAGTAAACAGCA
AGAAGATTATTGTATTATATTGGCGTATTTTTATGAAGGTAAACCAATGTTATCGTACGTA
TATGATTATCCGCATAAAAAGCTTTATAAAGCAATACGAGGAGAAGGTGCTTTTTGTAAT
GGAATTAAGATGGAAGAACCACCATCGTTAAAATTGGAAGACGCTATTATATCGTTTAAAT
GCACAAGTGATGAATCTAGATACGGTGCAAGATTTATTTGACGCCTCATTTAGTTATCGTT
TAGTTGGTGCTTGCAGGATTAGATTCTATGCGAGTGGCAAAGGTCAATTTGGGGCACATA

TTAATACAAATCCTAAACCTTGGGACATTGCTGCACAGTTTTTTATTTGCAGAACTATTGAA
TCTAAAAATGACGACTTTAGATGGTAAGGCAATTGATCATTTAAAGGGTGCACCTTTTAT
TATAAGTAATAAAGCATGTCATGAAACGGTACTTAAAATTTTAAATGCAAATGGTGGTTA
TCAAAAATACAGATAG

> **fdhL**

Function: protein coding sequence; formate dehydrogenase large subunit (core genome, variable)

Best match: fdhL_CC005_N315_BA000018.3[2362390:2365344:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 23830 ... 26785; Length: 2955 bp

Sequence:

ATGCAAGAACATTTGGTGGTTACACTTGATGGAAAAGATTATCTTGTAGAACCAGGTACG
AATTTACTTGAATTTATTAATCACAAGATACTTTTGTACCTTCAATTTGTTATAACGAGT
CGATGGGACCAATTCAAACATGTGATACATGTACTGTTGAGATTGACGGTAAAATTGAAC
GTTTCATGTAGTACGGTGATTGATCGTCCAATGACTGTAAATACTGTGAACAATGATGTGA
AAGATGCTCAAAAAGAAGCGCTTGATCGAATTTTAGAAAAGCATATGCTGTATTGTACAG
TATGTGATTATAATAATGGTATTGTGAAATTCATAATACGATGGATGCATGGGGGCTTC
AGCATCAAACGTATGAATATAAAGAGAAGCCATATGAAAAGGATTATGGCCCATTTTATC
GTTATGATCCAAATCAATGTATCTTATGTGGGCGTTGTGTAGAAGCATGTCAAGATATCG
AAGTGAATGAACTATTAGAATTGATTGGGATCGTGAACATCCACGTGTTATTTGGGATA
ATGATGTACCAATTAATGAATCGTCATGTGTATCTTGTGGTCAATGCGCAACTGTATGTCC
ATGTAATGCCATGATGGAAGTGAATATGGAAGGTAATGCGGGTTATATGACTGATACGG
AACCTGGTTCATTAGCAGCAATGATTGATTTAACTAAAAAAGCAGAACCTGGTTATGGTC
CACTATTTGCAATCTCAGATTCAGAAGCAGAAATGCGTAAAGAGCGTATTAAGAAAATA
AAACAGTGTGTACTTATTGTGGTGTGGGTTGTTTCATTTGAAGTTTGGACTAAAGATAGAG
AAATTTTAAAAGTACAACCATCACATGATTCTCCAGCAAATAAAATTGCGACTTGTGTTA
AAGGTAAGTTTTTCATGGGGACATATTAATTCAGATCAACGCTTAACTAAACCACTAGTAA
GGAAAAATGGTGAAGTCCATGAAGTAGAATGGGATGAAGCTTTAAATGTCATTGCAGAT
AATTTTACATCTATTAAGAAAAGTATGGCCAGATGCACTATCATTCAATTTCTTCTTCTA
AAGCGACGAATGAAGAATCGTATTTAATGCAAAAATTAGCAAGACAAGTTATTGGCACA
ATAACGTTGATAACTGTTCAAGATATTGCCAAGCACCTGCAACAAAAGGCTTATTTAGA
ACGGTTGGACACGGCGGTGACTCAGGTAGTATTGAAGATTTAGAAAAAGCGGCAATGTC
TGTATTGATAGGTACCAATACAGCCGAAGCTCATCCAGTTATCGCATCACGCATGAAACG
TGCTCAAAAATTATTTGGACAAAAAATACATGTATTTGATATTAGAAAACATGAAATGGC
AGAACGTGCGGATCGTTTTTATCAACCTAAACCAGGTACGGATTTAGCGTGGTTAAGTGC
AGTGACTAAGTATATTATTGATCATGATTTACACGATAAAGCATTATTATTGATGAGTGGGT
AGATGATTTTGTGATGAATATTACAAATCATTAGAAAACATTTACAATGGCTTTTGTGCTGAAGA
AGCAACAGGTATTCCTGAATCAGAATTGATTAATTTGCTGAAGAATGTGCTAAAGCTGA
ATCTGTTGTAATTTGTTGGGCAATGGGTATTACACAACAAGACATTGGTAGTGACTCAAG
TACAGCGATTTCAAACCTTATTATTAGTAACAGGTAATTATCGTCGTCCTGGTACTGGTGCG
TATCCATTACGTGGACATAATAATGTTCAAGGATGTAGTGATATGGGAAGTATGCCTGAT
AAGATTACTGGTTATCAAAGTATTGAAGCGGATGATATTCGCGCTAAATTTGAAAAAGAA
TATGGCGTTAAATTGAATCCAAAAGCTGGTAAAGATAATCATGAAATGGTAGAAGGTAT
ACATGACGGAGAAGTACACTCATTGTACTTATATGGTGAAGATACGGGTATTGTGGATTC
AAATATTAATTTTGTACAAGCTGCGTTTGAAAAATTAGATTTTCATGGTAGTCCAAGATGA
ATTTTTAACATTCACAGCAACATACGCAGATGTTGTATTGCCAGCAAGTCCTTCACTTGAA
AAAGACGGTACTTTTACAAATACCGAACGTCGTATTCAACGTTTATACCAAGCATTAGAA
CCTCTTGGTGAATCAAACCTGACTGGAAAATTTCCAAGCAATTGCTAATAGATTAGGA
TTTGATTGGAATTACAAGCATCCTAGTGAAATTATGGATGAAGTAGCACGCTTAACACCT
CTATATGCTGGGGTAAGTTATGATCGTTTAGAAGGATTCATAGTTTACAATGGCCAGTA
CAACCTGATGGTACTGATGAGCCTATTCTATACTTAGAAGGATTCATTTTGGATAATGGTA
AAGCAAAATTATTCCCATTATCATTGATAATTACTTTAAGCAAGATGAAATTTATGATAT
TCATGTAAACAATGGTCGATTGTTAGAGCACTTCCATGAAGGTAATATGACTTATCAAAC
ACCAATGATTAATAACAAAGTGCCACGTGCATTTGTTGAAATTTCTCCAGAGCTTGCTGA
AGATAGAGGCATTCATGAAGGTGCAGAAGTTAAGCTGATTTCTGAAACAGGAGAAGCGG
TATTACAAGTTCACGTGACAGATCGTGTTAAAGGTAAGAAATCTATATTCCATTAATA
ATGATGCGATGGAATAATGGAGATCTAGGTGCAATTAACCTATTAACCTAATAGTGATGTTG

ATCAATACACGGATACACCATCTTATAAACGTAAGCTAGCTGTCGTTTGGAGGTAATTACGA
AACGTGGTAAGTCACCGTTGAACCCTAATAATTTCCGTGTCAATAAAAAACGTCATCCGC
AGTACAGTGTCAAGTACAGAAAAAATGGGAACGTTCAAGATTATGTTTTCCCGGGAAATC
AGGTGGATAAATAA

> **lytA**

Function: protein coding sequence; N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (core genome, constant)

Best match: *lytA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[2430158:2430934:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 27740 ... 28517; Length: 777 bp

Sequence:

ATGAAGAAGAATTTCAAGTTACGCATTTCAACGCTACTATTGATAGTTATTTTAGTTGTTT
TTGCTGTACTACTCATCGTGAATGAACTAAATTGTTTAAAAATGATGTGAATTACTCTTT
TGATGAGGCTGTTTCAATGCAACAAGGGAAAGGTATTGTACAGACAAAAGAAGAGGATG
GTAAATTTGTTGAAGCAAATAATAATGAAATTGCTAAAGCAATGACTATTTACATAAAG
ACAATGATATGAAGTATATGGATATCACAGAAAAAGTGCCAATGTTCGGAATCTGAAGTT
AACCAATTGCTAAAAGGTAAGGGGATTTTAGAAAAATCGAGGGAAAGTTTTTCTAGAAGCT
CAAGAAAAATATGAGGTTAATGTCATTTATCTTGTAGCCATGCATTAGTAGAAACAGGT
AACGGCAAATCAGAATTAGCAAAAAGGCATTAAGATGGGAAAAAACGCTATTACAACCTT
TTTTGGTATAGGAGCATTGATAGTAGTGCTGTTCTAGTGGGAAAAAGTTATGCTGAAAA
GGAACAATGGACATCACCAGATAAAGGCGATTATTGGTGGTGCAAAGTTCATTCGTAATGA
ATATTTTGAACAATCAACTGAATTTATATCAAATGCGATGGAATCCAGAAAATCCTGC
GCAACATCAATATGCGAGTGACATTCGATGGGCAGATAAAAATTGCCAAATTAATGGATA
AATCCTATAAGCAGTTTGGTATAAAGAAAGATGATATTAGACAAACATATTATAAATAA

> **Q8NV79**

Function: protein coding sequence; monooxygenase (core genome, variable)

Best match: *Q8NV79_CC001_MSSA476_BX571857.1*[2349507:2350631:r]

Position: 056-contig_190_RC: 28827 ... 29952; Length: 1125 bp

Sequence:

ATGAAGATAGCAATTATAGGTGCAGGCATCGGTGGATTAACAGCTGCTGCATTATTACAA
GAACAAGGTCATACTATTAAGTCTTTGAAAAAATGAGTCAGTTAAAGAAATTGGCGCT
GGGATTGGTATCGGAGATAATGTGCTTAAAAAACTAGGTAATCATGACTTAGCTAAAGGT
ATTA AAAAATGCTGGGCAAATCTTATCTACAATGACAGTGTTAGATGACAAAGATCGCCTG
TTAACTACTGTTAAATTA AAAAAGTAATACATTGAATGTGACGTTACCACGCCAAACATTA
ATTGACATTATTAATCTTATGTAAAAGATGATGCAATATTTACAAATCATGAAGTCACG
CATATAGATAATGAGACAGATAAAGTTACCATACATTTCCGCGGAACAAGAGAGTGAAGC
ATTTGATTTATGTATTGGTGCTGATGGAATTCATTCTAAAGTGAGACAATCTGTAAATGCT
GACAGTAAAGTATTATATCAAGGGTATACATGCTTTAGAGGTTTAATTGATGATATTGAT
TTAAAGCATCCGGATTGTGCAAAAAGAATACTGGGGAAGAAAAGGAAGAGTAGGTATTGT
TCCGTTATTAATAATCAAGCATATTGGTTCATTACAATTA ACTCGAAGGAAAACAATCA
TAAATATAGTTCGTTTGGTAAACCTCATTTGCAAGCATACTTTAATCACTATCCAAATGAA
GTTAGAGAGATCTTAGACAAAACAAGTGAAACAGGTATCTTATTGCATAATATTTATGAT
TTGAAACCACTCAAATCTTTTGTATGGTTCGTAATTTTACTAGGAGATGCAGCACATG
CGACAACGCCTAATATGGGGCAAGGTGCTGGACAAGCAATGGAAGATGCTATCGTATTA
GTAAATTGTTTTAACACATACGACTTTGAAAAAGCATTACAGCGTTATGATAAAATACGT
GTCAAACATACTGCAAAAAGTAATTAAGCGTTCTAGAAAAATCGGTAAAATTGCCAATAT
CGTAGTCGTTTAGTTGTTGCAGTTAGAAATCGTATTATGAAAATGATGCCAAATGCATTA
GCAGCTGGACAAACTAAATCTTATATAAATCGAAAGAGAAATAA

> **ssaA3**

Function: protein coding sequence; staph secretory antigen A3 (core genome, variable)

Best match: *ssaA3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2368506:2369006]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 31347 ... 31848; Length: 501 bp

Sequence:

TTAAATATGGATGTAGTTGTAGTTACCTGCTTCACTTGCAGAAATAGTTCTAGAACTTACT
GAGAAAGGTCCGCCACTATAATTCATTTCTGAAATTGTAAGTGAACCATCACTGTTTACA
CTTTCTACATATGCAACGTGACCAAATGGTCCTTCAGAAGATTGTAGGATAGCGCCTTTA
GAAGGTGTATGATTTACTGTGAATCCAGCACCTTGTGCAGCAGCAGCCCAATTATTAGCA
TTTCCCAAGTAGAACCGATTTCTCCGCCTACTTTATCATATACATAACCAAGTACATTGTC
CTGCAGTGTATAAGTTACCAGAATGTGAAATTGATGATGTAGTTGTCGTAGTTGTTGTAGT
CGTTGTAGTTGAGTCGTGTTGTAGTTATAGTTGTTGTAATTTGTATAATTTTCAGCAGCA
TCTGCATGATGTGCTTGACCTACTAATGCTGTGCCGATTCTGCTGTTAACGTAGTTGCTG
TTACTAATTTTTTCAT

> **nhaC**

Function: protein coding sequence; Na⁺/H⁺ antiporter

Best match: nhaC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2365022:2366422:r]

Position: 056-contig_190_RC: 33931 ... 35332; Length: 1401 bp

Sequence:

ATGATGACAAGAAAACCAACCTTTTTAGAATCAATTTGACAATGATTGTAATGGTTATT
GTTGTTGTAACAGGCTTTGTGTTTTTTGATATTCCAATTCAGTATTATTAATTATTGCCTC
AGCATATGCCACATGGATTGCAAACGTGTAGGCTTAACATGGCAAGATTTAGAAAAAG
GCATTGCAGAACGTTTAAATACTGCAATGCCTGCAATTTTAATTATACTAGCGGTAGGAA
TTATAGTAGGCAGTTGGATGTTTTCTGGCACAGTGCCAGCCTTGATTTATTATGGCTTAGA
TTTATTGAATCCAAGCTATTTTTTAATATCAGCCTTTTTTATAAGTGCTGTTACATCTGTAG
CAACTGGTACAGCATGGGGCTCTGCATCAACTGCAGGGATTGCACTTATTTCTATTGGTA
ATCAATTGGGGATTCTCCAGGGATGGCAGCGGGTGCTATTATAGCAGGGGCTGTGTTTG
GCGATAAAATGTCACCATTATCAGATACAATAATTTAGCGGCGCTTGTTACTAAAGTTA
ATATATTTAAACATATACATTCGATAATGTGGACGACGATACCTGCATCAATCATAGGTT
TATTAGTATGGTTTATTGCTGGATTTCAATTTAAAGGGCATTCAAATGATAAACAGATTCA
AACTTTGTTATCAGAGCTTGCACAGATTTATCAAATTAACATATGGGTCTGGGTTCCTTA
ATTGTGATCATTGTTTGTGCTATTTAAAATGGCTACAGTGCCAGCTATGCTAATATCAA
GCTTTTCTGCCATTATAGTGGGGACTTTTAATCATCATTTCAAATGACAGATGGTTTCAA
AGCAACATTTAGTGGTTTTAACGACTCAATGATACATCAGTCTCATATTTATCCAGTGTG
AAAAGCTTGTTAGAACAGGGTGGTATGATGAGTATGACCCAAATATTAGTAACGATATTT
TGCGGATATGCATTTGCAGGTATTGTAGAAAAAGCAGGATGTTTAGAAGTCTTATTA
ACTACTATTTCTAAAGGCATCCATTCTGTAGGAAGTTAATATGTATTACTGTTATTTGTTGTA
TTGCGCTTGTATTCGCTGCAGGTGTTGCTTCGATTGTAATTATTATGGTTCGGTGTGTTAAT
GAAAGATTTGTTTCGAAAAATACCAAGTCTCTCGTTCGGTTTTATCAAGAACACTTGAAGA
CTCAAGTACGATGGTCTTACCTTTAATACCATGGGGAACATCAGGTATTTACTATACGAA
TCAACTTCATGTCTCTGTTGAAGAATTTTTCATATGGACAGTACCATGTTATTTATGCGCA
ATTATAGCAATTATCTATGGTTTTACAGGGATAGGTATTA
AAAAGTCATCGAATTCACGTT
TAACTTAA

> **ssaA2**

Function: protein coding sequence; staph secretory antigen A2 (core genome, variable)

Best match: ssaA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2363780:2364589]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 35764 ... 36574; Length: 810 bp

Sequence:

TTAGTGAATGAAGTTATAACCAGCAGCTTGGCTAGCTGAGATTGTACGTGAAGTTACAAC
ACCTGGGCCATAACCATAGTTCATTTCTGAAACTCTTACTGAACCATGCTGTTAACACTT
TCAACGTATGCAACGTGACCGTATGCACCTTGAGTTGTTTGCATAATTGCACCAGCTTTTG
GTGTATTGTTCACTGTGTAACCAGCTCTTGCAGCTGCGTTAGCCAGTACTTGCATTGCC
CCAAGTTGAACCGATTTTACCACCTACACGATCAAATACGTAGTATGTACATTGACCAGA
AGTGTATAAGTTACGTCCTGAAGTATAACCACTTGAGATTGAACGGCCATTTGATGATGG
AGCCATAGTTGTAGTTACTTGAACATTGTTGCTTGAAGTGCTGTAGCTTGCACCTAAACCA
CCAGTACGGTAGCTGTTTGTGTTGTA
ACTATTATAGTTATTGTAGTTATATGATTGATTAT
TATTTGAGTAGTTGTTGTAACGGCTGTAATTATTGTAGCTATAACCATGTTGTAATTGTT

GTAGTTATAGTTATTGTAGCCATTGTAGTAGTAATAGCTGTAGTAGCCATTATCTTGGTTT
AATTGACTTGGATGCCAGTTACCTTTCCATGTGTAATGGTAGTTACCTTGTGCATCAATAG
TGTAAGTATAGCTATATGATGTTGGGTCGTTTGGATTATAACCGTAGTTATCTTGCTCAGA
AGCATGAGCTTGATTTCTGATGCAATTGCGATTGTAGCGAATCCTGCAGTTGCGATAGT
AGCTGTAGCGATTTTCTTCAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 35839 ... 35848; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **iraC**

Function: protein coding sequence; putative transcript regulator

Best match: iraC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2361215:2363170:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 37183 ... 39139; Length: 1956 bp

Sequence:

ATGACAGATAATTATTCACTACATATTTATAAAAAGTATGAAAATGAGTAGTGTGAAGGAA
GCGAACTTAAAAATTATATATTGGCTACAAGGTACAGGTGTAGTTTCAATCAATCTACAA
CAATATGATGTAAAAAGAAATGATGTCACCGTTATTATGTTGAATGATTTGTATCAAATT
GATGGTCATGATGATAGTGTATGTTGTGTTGTTGAAGTAAGTGCAAAGACATTTTTGAAG
TTTATGAATGCAAATATATGATGCGTGGCAAGATATTAACAAATGAGGTTGCTAGCACT
TTTAGAATCTTGATTAAGTATTTAATCTACAGCAAAAATTAACAACAGTCTTATAATGCTA
ATGATAAGATTATTAATTACATGTGTGTTGAATTAATGTCATTAATACATACGATGGTA
GTCGTCATTTAGTAGCCGAAGAAGTGCACGATTATTTAACAAACAACCACCATAAAAAGA
TAAATAGGAAAGATGTCATTAATCAAGTTAGTATTACAAACAAGCTTTAAGTGACATGG
TTAAAGCGACACCTTATAGTAATTTTATTCAATATTTAAATCATATTAGACTGGAGCATTG
CTTAATTGATATTTTAACTTCTAAGAAGCCTATTGAAGAAATCGCAAGTAGTCATGGTTTT
AATCATTATTCTCGTTTTATACACCTCTTTAAAGAAACGTATGGTAACACTCCTAAATTA
TTAGAAAAAGATATAGTCCAACATCTCATTCAATTAACCATTCCCAATTAGTTGAAATTG
ATAAAAATATAATTGAATTATTTGATGATACTAATCAAAGTTCTTCAAGTATGCGCGAGA
TTGATATACCTTTTGAGCCTACAAAAAGGAGTCAAATGTATCAACCTAAAAACATTTATA
TTAAAGGAAGTAATTTTTATTGGATGGATTATTATACTATTAAACAATCATTCAAAGATT
AGGTGTTAATCCTGAAAACCTTGCATATAATTGTTACAATCGACACAAGCAATGAGCTATC
GATTGAACAAATCACTTTATTACTTCAAAAGATAGTGAATTACAATGTAAATGTAGTATT
TCGTATTAACATGAATATAAGGAATTGTTAACGAGTACTGAAAGAGGCAAGATAGAAA
AGCTAGTAGCTACAATTTTTAATATGACTTTTGAGAGTAATAGATGTAAGATTGCATTTTT
AATTAACGACTTAAATACTACTGCAATTCAAAAACCTGAAACGTTTAAATAGATAATTATAT
AGGAGTATTTGAATTAATATATCATCTGGAACCAAAAGAGTTGAATACGCGCTATGATAA
AGAAATTGATCATCTAATAGACTATTTTATCTTACCGCTAAGACAAATAGAACAGGTGTC
TATTGCATGTTCTAAAATTATATGTGATGTAGATTTGATTAATGAGAATAATGACTTAAAA
GAAAAAATCACAATGTCTGATTTTAATAAGGTTACTGAACTTTTGACAAATTATACAAAA
TTTCGAGGACTTATTATGCACATGTCAATTATAAGTGAAGCGAGCAAAGAAATAAATTTA
ACTAGATTATCAATATTCATTTTTATCATAAATATACTTAATCAATTACGAGGGATTGTTA
TTTATCAAATGACACGATGATTGTAACGAAGTTCAAACATGAAGTACAATGTGTCATTT
GTTTGCCAGCCGATTGTTAAATGAGAATTCAGACGCTATACGTTTATCGTGTAAGGGTCT
TCAACAATTTAGCCATGCTAAAACCTAAACAATTTGTTTTAAGTATAGATAAAGATAATCA
TACTTCCGAAAATGGTGTACTTGTGAATGATATTATGCAACAACACAGTTATTGGAAAGC
TAATTTTATAGAAAGAAATATTTATGATCATTCAATTAATGGTCTCAAGCAATAGTATTGT
CATTTGAAATATCATCTTGAGATATAG

> **iraD**

Function: protein coding sequence; putative transcript regulator

Best match: iraD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2360445:2361188:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 39165 ... 39909; Length: 744 bp

Sequence:

```
ATGTCTAAATTTAAAGTTAAGCGTTTAACTGCACACATACTAATGTTGAAAGTCATTAAT
GATATGTTGAAATATTCATTTTCATCTCACTTTGACTCAAGTGAAACTATTAATCTATTAG
TTAAATATGATAATTCTGATTCCAATAGCGCTTCAATAGATAGTTTATTAATAAAATGAAAG
AAATCCAATCTAAGATGGCCCTTCTTCAAATGTTAAGTTATTTAAACAATCATCAATGGCT
ATTGAAAGGAAGAGATCAAAGGGATCAACGTAAATTGACTATTTGATTAAATAAAATGC
ATATAGATAAAATAGAATATATGAATAATGAGCTTAGTGACTATATTGAACGTTATTTTG
GTCAATATACATTTGATTTTAGTTGTGACTATGTATCGTATTTATTGTGTCGACAGAATT
ATTTTCGAAATCTAAAGTGTTATTTAAATATGTGTCAATTAACATTAGAAGAGTTATACGTT
TTAGGAATATTAATCTGCATAAAGGTCAATTGACGGTTAAAGAATTACAGGGTGAATTC
CATCACCCGATATTTGCGGTTAGCCCGATTTTAAAGTGTTTAAATTTGAAGGGATTAGTTA
AAAAGAGAGATGTGAATTAGATGAAAGGCGTGTTATTGTAACAATCAAGCGAGAAAAG
TTTTCTAAAGTCACTATGCTTATTCAAGCATGTTATAATTATCTTGAAAAGGGAATACAAG
TTAAGCTTAATAATAAATAG
```

> **rsr**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: *rsr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2360055:2360381:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 39972 ... 40299; Length: 327 bp

Sequence:

```
ATGATTTTAGATAATGTGAATCCAATGATTTATTTCCAAGTGAAGGTTCCGTC
GTGCTAGGAATAATTGAGTATAAAGTTCAAGGTGAGAATGAATTTGAAGGGGCATTTATA
GCAACAAATGAAAGATTAATTATGAATGTAGATATGAATGGCCAATTTTATTATAGAAGT
ATTAGTTATAATGAAATAGAGAAGATAGATTATGATGGTCAAACATAATGTTCAAATTT
AATATTGGTAATGTCCCAATGCATGATATTAAGAGTGAACGTTGAAATGTTTGTGAA
TATGTAAAACAACATATGATAGTATAA
```

> **sarR**

Function: protein coding sequence; staph accessory regulator R (core genome, constant)

Best match: *sarR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2359280:2359627:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 40726 ... 41074; Length: 348 bp

Sequence:

```
ATGAGTAAAATTAATGACATTAATGATTTAGTCAACGCAACATTTCAAGTTAAGAAGTTT
TTCAGAGATACAAAAAGAAGTTCAATTTGAACTATGAAGAAATTTATATTTTAAATCAT
ATTTTAAGAAGTGAGTCTAACGAAATCTCATCTAAAGAGATTGCTAAGTGCTCAGAGTTC
AAACCTTACTATTTAACTAAAGCTTTACAAAAGCTAAAAGATTTAAAATTGTTATCAAAG
AAAAGAAGTTTACAAGACGAAAGAACAGTTATTGTTTATGTTACAGATACACAAAAGC
AAATATTCAAAAAGTATTTTCAAGATTAGAAGAATACATTAATAAATTA
```

> **ureD**

Function: protein coding sequence; urease accessory protein D (core genome, constant)

Best match: *ureD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2358255:2359091]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 41262 ... 42099; Length: 837 bp

Sequence:

```
TTAATATTTTCTTAGAAAATCAAGTTTACGATCATAAATATTTTCTGCGATATAGCTTTGG
ATGATTTCAAGTATTTTCTCTATAATTTGTGTGCGATAAGCAAAAATTTCTAACTGCAAAAC
CATGTGTAGGCAATTGAGAAATAGCAACACGACAATCGAATGTATTGCTATAAGAACTA
ATGGTTTCATAAACTGAATCGATTAGTTTTTGGTTAACATCTTCATGTATGAAGTAAGCAG
AGCCGTAATGAGAGTAATGTTCCATATAACCTATTTTCATTGATCGATTGTTTATTAGGATT
CAATAATAAATTATCATATGTGACTAACTCATCTTCAATATAAATTTCAATTTATTAATGC
ATATATTGATACTTGAAGGCTTCGCCAGTTTTTGAATAACCAGGAGTTAAAATATCAGTA
TAAAATAATGAACTAGAATTATTGAGATTGAACGTATTGTGTTGATAAAAATTTAGCATTTT
CATATGCGATGATTGGATCAGCGACATATTCTAAATATGCGTTATCTTTCAAATTAAGT
TTGATACTGCTCAACATGATTGGAAGGTGTCTTGTATATTTTGTGACCTTGAGATGTC
```


AATGTCACCTTTAGCGTTATCTTCGACATTCACATTCATACGGTAACGATCTCCATCTAAAT
AACCACCACCTACATTTACTATATAAAAATGTAGGAATGGTAGATTGATTTAGATAAACTG
GACGTATCACTTTAAGTGCTTTTTCAAAGAAAATATCTCTTGATACTGATCGGTTGCCATC
AAAAAACACTGTAAATCAAGTTGCCAGTCCATTGTTGTTTCATCCAT

> **ureG**

Function: protein coding sequence; urease accessory protein G (core genome, constant)

Best match: ureG_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2357641:2358255]RC

Position: 056-contig_190_RC: 42098 ... 42713; Length: 615 bp

Sequence:

TTATGATAATCCTTTGAGTAAAGTGTCGCGTTCAATCCAATCGATAACTTCATCCAAACCT
TCGTCAGTTTTTAAGTTAGTAAAAGTAAATGGACGTTTACCACGAAATACTTTAGTATCTT
CAGCCATTTGTTCTAATGATGCGCCTACATAGGGAGCTAAATCAGTTTTGTTAATTATAAA
GAAATCTGACTTAATCATACCTTGACCACCTTTACGTGGAATCTTTTCACCTGAGCAACA
TCGATAATATATATTGAAAAGTCAACAAGTTCTGGGCTAAATGTTGCTGCTAAGTTATCG
CCACCAGATTCTATGAAAATTAGTTCTATATCGTCATGACGTTCTAATAATTCGTCTATTG
CTGCAAAGTTCATAGATGCATCTTCACGAATCGCAGTATGAGGACATCCACCAGTTTCAA
CACCAATGATACGACTTTCAGGTAGAACTCCTGAATTTACTAATATCTTTTCGTCTTCTTTT
GTATATATATCATTTGTAATAACGCCGATACTCATTTCTTTTGAAAGACGTTTACAACCTT
TTTCAATTAATTGTGTTTTACCTGCACCTACAGGACCACCAATACCAATTTTAATCGGATT
TGCCAC

> **ureF**

Function: protein coding sequence; urease accessory protein F (core genome, constant)

Best match: ureF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2356939:2357628]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 42725 ... 43415; Length: 690 bp

Sequence:

CTATGATATGAAAATTCTAACATTGACGTTCTCATGCGCCATTTGATTTAGTTCTAAACCA
GGCGCTGTCATGCCAAAATCTGCTTCTTTAATTCGAAAATCTGCTTTCTTGTTCTTCTAT
ATAAGGAATCATGTGAGTAACTATCTTTTGACCAGCAGTTTGTCCAAGTGAATAGCACG
AACAGCATTTTGAGTTAACTTGAAACATTTTGATATAAATAGTAATCAATAATCGTTTCA
ATATCTACACCTAAATGATGGCCTAGCATAGTAAAACAAATAGCTGGATTTAACTTTGCT
TTCTTATCTTGCAATTTGTTGATGATACCAAGCAATCCATGGGCTATTATAAAGTTCTAAAG
CCAATTTAACCATGCGAGTCCCATTTGTTTTGCACCAACACGTGTTTCTTTAGGTAAGTT
TTGAACAAACATCAGTTTATCTATGTGTAATACTTTTTGTGTATCATCATTTTCCAATGCAT
CATAAACTAAACGCATGGCTAAACCATCAGAATAGGTAAGTTGCTCTTGTA AAAACATTT
TTAACCAAGCAATAAAAGTATGATCGTCATGAATTATATTTTCGTTGAATATATGTTTCAAG
ACCAAATGAATGACTGAAAGCACCTGTTGGAAACTGTGAATCACAGA ACTGAAATAATC
TTAAGTGTGTATGATCAATCAT

> **ureE**

Function: protein coding sequence; urease accessory protein E (core genome, constant)

Best match: ureE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2356494:2356946]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 43407 ... 43860; Length: 453 bp

Sequence:

TCAATCATGAGAATGCCCTATATGTCTGAAAGCCTTATTAACCTTTACGGTCTTCTCGAACA
TATGGGATGCCTAACTTTTTAATAAATCTTCAACTAAATAATCATATTGTA TAGCATTT
CAGTCTCTGTAAATTGTGCTGGCAAATGACGATTTCCCTAATTGATGGGCTATATCTCCCAT
TTCTTGCAATGTTCTTGGTTGAATCACTAAAAGATCTTCTGAATTAACATCCACAATAATC
ATATTATGGTCATCTGCGTATAAAATATCTCCATATTGTAAGTCAATAGGTTGTTTTAAAC
GAATGCCTATTTCAAGTGCATGGTCTGTAACGACTCTTTGAATACGTTTAAACAAGATCTGA
ATTTTCAAGGTATACTTTTTCGACGTGCTTTTTGTTTTCTGAATTTGACAAATTGGCAATAT
TGCCTTGGATTTCTTCAACAATCAT

> **ureC**

Function: protein coding sequence; urease subunit alpha (core genome, constant)

Best match: ureC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2354766:2356481]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 43872 ... 45588; Length: 1716 bp

Sequence:

```
CTAGAATAAGAAGTATCTTTGAGTTAATGGTAACTCAGTTGCTGCATTACTTGTAATTTTT
TCTCCATCTACATACTTCATATGTTTGTGGATCAACGTCTAATTTAGGTGTTGCGCTGTT
ATTTTTCATATCTGCTTTAGATAAATTGTCTAATATTTTTAACTGGACGCACCATGCGTTTTA
AATTAATGCACGATTGATACCATTTTCATAAGCAGTTTTAGACACGAATGTCATTGACGT
ACTTGTAAGGTTTCCGCCGATTGACCATACATTTTACGGTACTTCATCGGTTTCAGATGTA
GGTATAGAACCATTTGCATCGCCATTTACGGCAGAGTTAATTAATCCGCCCTTTACAACATA
ATTCAGGTTTAACCCCAAAGAAAATTGGGTCCCATAAAGACAATGTCAGCTAGTTTGCCCG
GCTCGATAGATCCTACATATTCAGAAATACCATGTGTAATTGCTGGGTTAATTGTATATTT
AGCGATATAACGTTTGATGCGATTATTATCATTATGTTCAAATCACCATCTAAAGGACC
ACGTTGTTCTTTCATGCGATGTGCTACTTGCCATGTTTCGTGTAATTACTTCACCTACACGG
CCCATTGCTTGTGAATCGGAACATACTACTGAATACACCCATATCTTGCAGAACATCTT
CTGCTGCAATCGTTTCTTTACGAATACGTGAATCTGCGAATGCGATATCTTCAGGAATAGC
CGCATTAAATGGTGAGTAATCATTACCATATCTAAATGTTTCATCTACAGTATTATGTGTA
TAAGGCAAAGTTGGATTTGTAGATGAAGGTAAAATATTTGAAAATGCAGCTGATTTAATT
AAATCAGGCGCATGACCGCCACCAGCACCTTCAGTATGGTACATATGAAGTACACGGTCT
TTAACAGCAGCCATTGTGTCTTCCATAAATCCTGCTTCATTTAAAGTATCTGCATGTAATG
CAATTTGAACATCAAATTCATCAGCAACATCTAATGCATGACTCAAAGCAGATGGTGTG
CACCCAGTCTTCATGTACTTTTAATCCAATTGCTCCGGCATTGATTTGTTCAATGAGTGC
AGTTGGATTTGTTGCTTGTCTTTACCTGTAAAACCGACATTAATCGGTAAACCTTCGGCA
GCTTCTAACATTCTATGAATATGCCATGGACCTGGAGTTACAGTTGTTGCTTTAGAACCTT
CTGAAGCACCAGTACCACCACCAATATGAGTCGTAATGCCACTTTCTAATGCGACCTCTG
CTTGTTTCAGGATTAATAAAAATGAACATGAGTATCAATACCACCAGCAGTGACGATTTTAC
CTTCAGCGGCAATGATATCTGTTGTTGAACCTATAATAATGTCGACATTATCCATTATATC
TGGGTTGCCGGCATTACCTATGGCGAAAATATAACCATTTTTAATGCCTATATCAGCTTTA
ACCACTTTATCGTAATCGATAATAACGGCATTAGAAATGACAAGGTCTGCAACGTTACAG
TCATCACGTGTTACACGAGGATTTTGCGCCATACCGTCTCTAATAGATTTACCACCACCAA
AAGTAGCTTCTTACCATAAACCGCATAGTCTTTTTCTATTTGAGCAAATAGATTCGTATC
ACCTAAACGAATGGAATCTCCAACAGTTGGACCGTATAAGCTCGTATATTGATTTTGCCT
CATTTTAAAGCTCAT
```

> ureB

Function: protein coding sequence; urease subunit beta (core genome, constant)

Best match: ureB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2354359:2354769]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 45584 ... 45995; Length: 411 bp

Sequence:

```
TCATGATCTTTTTCTCCTTTTTTATTCACGTTTTTCAGCACCGTTATCTCCGAATACACCTG
CATATTCATCATTTTCATCAGTTGGGCGATAGACACGTGACTCATCGATAGGACCATTGA
CCATACCACGAAAACCAAAAATTTTACGTTTGCCAGCATATTCAACTAATTGAACTTCTTT
TTTATCCCCAGGTTCAAATCGGACAGCTGCTCCAGCTGGGATATCTAAATGTTTTCCATAT
GCCATTTACGTTTCGAAATCTAATGCTGCATTTGCTTCATAAAAATGAAAATGTGAGCCC
ACTTGAATTGGTCGATCTCCTGTATTTTCAACTTCGATAACTGTTTCAGGATGATGGTTAT
TAATTTCAACCTCTGTACTTTTTGTAATAATTTCTCCAGGTATCAT
```

> ureA

Function: protein coding sequence; urease subunit gamma (core genome, constant)

Best match: ureA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2354043:2354345]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 46008 ... 46311; Length: 303 bp

Sequence:

```
TTAAACAATAGGGTGATGTACTGTGATTAACCTTAGTACCATCGGGGAACGTAGCCTCGAT
TTCGATATCTGTAATCATGTGTTTCGACACCATCCATGACATCTTCTTTGTTTAGAATTTGTC
TACCATAACTCATTAACTCTGCAACGGTCTTACCATCGCGTGCACCTTCTAATAATTCATC
```

GCTGATTAAGCTAATGCCTCAGGATGATTTAGTTTCAAACCACGTGCTTTACGACGACG
TGCAACTTCCGCCGCCACTACAATCATTAAATTTGTCTTGCTCTCGTTGTGTA AAAATGCAA

> **utp**

Function: protein coding sequence; urea transporter (core genome, variable)

Best match: utp_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2351097:2352002:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 46570 ... 47476; Length: 906 bp

Sequence:

TTGAAGATAATAGATGTGCTTTTGAAAAATATATCTCAGGTTGTGTTAATTAGTAATAAAT
GGACAGGATTATTTATCTTAATAGGATTATTTGTAGCCGATTGGACAATTGGATTAGCGG
CTATTGTAGGTAGCATCATCGCCTATACTTTTGCGCGTTTTATAAATTATAGTGAGGCAGA
GATTAATGATGGGTTAGCTGGATTTAATCCAGTGCTAACTGCCATTGCGTTAACAATCTTT
TTAGATAAGTCAGGATTAGATATTGTTATAACAATGATAGCAACTTTATTAACGTTACCA
GTTGCTGCTGCAGTGAGAGAAGTTTTAAGACCATATAAAGTTCCGATGCTGACGATGCCT
TTTGTCATTGTGACTTGGTTTACAATTTACTTTTCAGGACAGGTTAAATTTGTAGATACAT
CGTTAAAGTTAATGCCTCAAACATTGAAACGGTTAATTTTAGCAACAATGATAGAATAC
ATTTCAATCAGTCATTATTTGAAGGATTCAGTCAAGTATTTATCGAAGCGAGTGTAATTGG
TGGCGTATGATTTTAATCGGCATATTGATAGCATCAAGAAAAGCAACACTCTTAGCTGT
TATAGCTAGTTTGTAAAGCTTTATCATTGTAGCTCTATTAGGTGGTAATTATGATGATATT
AATCAGGGATTATTCGGTTATAACTTTGTATTAATGGCAATCGCACTAGGATATACATTTA
AAACAGCGATTAACCCCTTATATTTGACTTTTTTAGGTGTGTTATTAACAGTAGTGGTGCA
ACTAGGTACAACAACATTGCTTGAACCGTTTGGCTTACCTGCATTAACATTGCCATTTATT
ATCGTGACATGGATTTTATTATTTGCTGGTATTAACATGACAAAGTAGATGCTTGA

> **caiA**

Function: protein coding sequence; acyl-CoA dehydrogenase/short-chain specific (core genome, variable)

Best match: caiA_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[47629:48783] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 47692 ... 48847; Length: 1155 bp

Sequence:

ATGAATGATATGGATAATTCCTTTTTAATAACAACGGAAATTCAAAGAAAATGGATTGAA
AAATTCAAAGTAATTAGAGATACATTTAAGGCTAAAGCTGAATATAATGATCAACATAGC
CAATTTCCATATAAAAATATTGAATGGTTAATTAAGAAGGTTATGGAAAATTAACGTTA
CCAAAAGCATATGGTGGTGAAGGTGCGACCATAGAAGACATGGTTATTTTGCAATCATT
TTAGGCGAACTTGATGGTGTACAGCATTATCTATTGGTTGGCATGTGAGTGTCGTAGGA
CAAATTTATGAACAGAAATTATGGTCTCAAGATATGTTGGAGCAATTTGCTGTTGAAATT
AATAATGGTGCATTAGTTAATAGAGCAGTTAGTGAAGCTGAAATGGGTAGTCCAACAAG
AGGGGGAAGACCAAGTACACATGCTGTAAAGCTGATGATGGGTATATTTAAATGGTGT
GAAGACATATACATCAATGAGTAAAGCACTAACACATATTATTGTTGCTGCTTATATAGA
AGAATTAGAAAGTGTTGGTTTTTTCTTAGTAGACAGGAATTTGCCTGGTGTGAAATTGCC
GATAATTGGGACGTATTAGGTATGCGAGCGACAGAAAGTCATGATTTAATATTAATGAT
GTAAAAGTACCATTAACATTTAGTGGAACAGAGAAAAGTAAAGCGCCAAATGGTTG
GATATTGCATATACCAAGCTGTTATTTAGGTATAGCACAAGCTGCTAGAAATTATGCTGT
AGACTTTGCAATCCAACATAGCCCTAATAGTATTGAAGGAACGATTGCAACATTGCCAAC
TGTGCAACAAAATTTAGGGAAAATGGAAACGCTATTGTTATGTGCGAGACAATTTTTATG
GAGTACAGCAAAGGGTATCAACAATATAAAGATGACAGTCAGATAAGAAATCCAACAA
GTGCGAGTAAAGTGATGGTAATGAATCAAGGGCTTGAAGTGATTGATTTAGCGATGAGA
ATAGTTGGTGCTAAAAGCTTAGAAATGAATCGACCATTACAACGTTACTATCGTGACATG
CGTGCAGGATTACACAATCTACCTATGGAAGATGCAGCATATACAAATATTGCTAAGAGT
ATTACAGATACATTTTAA

> **fhuD2**

Function: protein coding sequence; iron compound-binding protein (core genome, constant)

Best match: fhuD2_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[48997:49905] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 49060 ... 49969; Length: 909 bp

Sequence:

```
ATGAAAAAACTATTATTACCATTAATAATTATGTTATTAGTGTTAGCTGCGTGTGGGAACC
AAGGTGAAAAAATAACAATGCTGAAACTAAATCTTATAAAATGGACGATGGCAAACG
GTAGATATTCCGAAAGACCCTAAACGCATTGCAGTAGTTGCGCCAACATATGCTGGTGG
CTTAAAAAATTAGGTGCAAACATTGTAGCTGTAAATCAACAAGTCGATCAAAGCAAAGT
ATTAAGATAAATTTAAAGGTGTTACAAAAATTGGTGATGGCGATGTAGAAAAAGTTG
CTAAAGAAAAGCCAGATTTAATTATTGTATACTCTACTGACAAAGATATTAAAAAATATC
AAAAAGTAGCACCAACAGTAGTTGTTGACTATAATAAGCATAAATATTTAGAACAACAA
GAAATGTTAGGGAAAATTGTTGGTAAAGAAGATAAAGTAAAAGCTTGGGAAGAAAGATTG
GGAAGAAACAACACTGCTAAAGACGGTAAAGAAATTAAAAAAGCAATTGGACAAGATGCA
ACAGTGTCAATTGTTTGATGAATTTGATAAAAAATTATACACTTACGGCGATAACTGGGGT
CGTGGTGGAGAAGTATTATATCAAGCATTTGGTTTAAAAATGCAACCAGAACAACAAA
GTTAACTGCAAAGCAGGTTGGGCTGAAGTGAACAAGAAGAAATTGAAAAATATGCTG
GTGATTACATTGTGAGTACAAGTGAAGGTAAACCTACACCAGGATATGAATCAACAAAC
ATGTGGAAGAATTTGAAAGCTACTAAAGAAGGACATATTGTTAAAGTTGATGCTGGTACA
TACTGGTACAACGATCCTTATACATTAGATTTTCATGCGTAAAGATTTAAAGAAAAATTA
ATTAAGCTGCAAAATAA
```

> **bioY**

Function: protein coding sequence; substrate-specific component of biotin ECF transporter (core genome, constant)

Best match: bioY_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[51366:51920] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 51429 ... 51984; Length: 555 bp

Sequence:

```
ATGACAACAAAACAGTTAGTATATACAGCTTTAATGACAGCGATTATCGCTATTTTAGGA
TTGGTACCGGTAATTCCACTACCATTTTCTTCAGTACCAATTGTACTTCAAACATTGGTA
TTTTCTTAGCAGGTGTGATTTTAGGACGTAAATATGGCACATTAAGTGTTATCGTCTTTTT
ATTATTAGTAGTTGCTGGCTTGCCACTGTTATCAGGCGGTTCGCGGTGGCATTGGTGTATTC
GCAGGTCCTTCAGCAGGGTTTTACTATTATATCCAGTTGTAGCATTTCATGATTGGTGC GA
TTCGTGATAGATTCATCAATGAAATTAATTTCCGGATTTTATTCGTTGGTATTTTAGTTTT
GGTGTATAGCATTAGATGTTATTGGTACATTGATTATGGGCATGATTATTAACATACCAT
TTACGAAAGCTATTTCAATTTCAATTAGCTTATTTGCCTGGTGATATATTAAGCAATTGT
AGCAAGTTTGATTGGTACAGCTTTACTTAATCACTCGCAGTTTCGTCAAATTATGGGATTA
AAATAA
```

> **fdhD**

Function: protein coding sequence; putative formate dehydrogenase family accessory protein

Best match: fdhD_CC001_MW2-USA400_BA000033.22346555:2347352RC

Position: 056-contig_190_RC: 53002 ... 53800; Length: 798 bp

Sequence:

```
TTATTGTTTCAGAATCAATGATACGTTCTGAATGACTGTATATATTAAGCCACCATTTCGA
ATAAATCCAACCTGCCGTAATATTTAGGTCAATTAGCTAAGGTTACAGCAAGCGTTGTCGGA
GCTGATTTAGATAAAAATGACGCCAACCAATTTTTGCGGCTTTAATTAATAATTTCTGATG
AAATACGTCCACTAAAAATTAATACTTTATCTCGGACAGTAATATGTCGCTGAATACAAA
ATCCATATAATTTATCTAGAGCGTTATGTCTACCAATGTCTTGTGCGATGTACAAAAATGT
CAAACCATCGCTTATAGCAGCATTATGTAAGCCACCTGTTTCTTGGTAAATATGACTTGCA
CTTTGTAATCGAGTCATCATGTTAATAATTTGCATTGGAGTTAAAGTGATTTTAGACATAG
ATGTTTTAGCGATAGCAGCATCATTTTTGAAAATAAAACTCACGACTCTTCCACAACAAG
ATGCAATCATTCGTTTTGTGGAATATTGAAAGCGATCGCCTAAATCTTTATTAAGTTCAAC
ATGGGCAAAACCTTTACTATCATCAATCAGCACAGATTTTAATTCATCTCGCTTAAATG
GCACCTTCCGAAGCCAGAAATCCAATGACTAACTCCTCAAGGTTTGTGGACTGCATATA
ACAGTCGCAAATTTCTTACCATTACCATAATTGTAAGTGGAATTTCTGTACATATTGAT
CTGTTGATTGAATAATTTTCCATCTTCATATCTAACAATTGGTTGACCTAAAGATACATC
TTTGTTTCAT
```

> **modA**

Function: protein coding sequence; molybdenum ABC transporter, molybdenum-binding protein

Best match: modA-COL_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2343695:2344477:r]

Position: 056-contig_190_RC: 54716 ... 54866; Length: 150 bp

Sequence:

```
GTAAAAGTAATTAAGAAGTAGAACTTAAGAAGCCAATCACATACGAAGCTGGTGCTAC
ATCAGATAGTAAATTAGCAAAAAGAGTGGATGGAATTCTTAAAATCAGATAAAGCTAAAG
AAATACTAAAAGAATACCACTTTGCAGCATAA
```

> **modB**

Function: protein coding sequence; molybdenum ABC transporter/permease

Best match: modB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2403116:2403787:r]

Position: 056-contig_190_RC: 54879 ... 55551; Length: 672 bp

Sequence:

```
ATGCCTGACTTAACACCTTTTTGGATATCAATACGAGTTGCTGTAATCAGTACGATTATTG
TAACGGTTTTAGGTATTTTTATATCTAAATGGTTGTATCGTCGTAAGGGTTCGTGGGTAA
AGTATTGGAAAGTTTATTGATATTACCTATTGTTTTGCCGCCAACGGTATTAGTTTTATT
CTATTAATCATCTTCTCGCCAAGAGGACCAATCGGTCAATTCTTTGCGAATGTACTACATT
TACCTGTAGTGTTCACTTTGACAGGTGCTGTGATAGCATCTGTCATTGTTAGTTTTCCACT
AATGTATCAACATACTGTGCAAGGCTTCAGAGGTATAGACACGAAAATGATTAATACAGC
TAGAACAAATGGGAGCAAGTGAACGAAAATTTTCTCAAATTAATTTTACCATTAGCTAA
ACGCTCTATTTTAGCAGGTATAATGATGAGTTTTGCTCGTGCATTAGGTGAGTTTGGTGCT
ACATTAATGGTTGCAGGATATATCCAAATAAAACGAATACACTACCTTTAGAAATATAC
TTCTTAGTGGAACAAGGTAGAGAAAATGAAGCGTGGTTATGGGTATTAGTGCTAGTCGCA
TTCTCTATTGTGGTTATATCTACAATTAATTTATTGAATAAAGATAAATATAAGGAGGTGC
ACTAG
```

> **modC**

Function: protein coding sequence; molybdenum ABC transport/ATP-binding protein

Best match: modC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2344192:2344797:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 55551 ... 56157; Length: 606 bp

Sequence:

```
ATGCTTAAAATCAATGTGAAATATCAATTAAGAACAACCTTTAATTCGCATCAATATAGAT
GATACTGAACCAAAAATTTATGCAGTTCGTGGTCCATCTGGCATTGGTAAACTACTGTTT
TAAATATGATTGCCGATTACGTAAAGCAGATGAAGCTATTATCGAAGTGAATGGGCAAT
TACTTACTGATACGGCAAAAACGTGAATGTTAAAATTCAACAACGACGTATTGGATATC
TGTTTCAAGACTACCAATTGTTTCTAATATGACGGTCTATAAAAATATTACTTTTTATGGC
TGAACCATCTGAACACATCGATCAATTAATTCAAACCTTTAAACATTGATCATTGATGAA
ACAATATCCTATGACATTGTGAGGTGGAGAGGCACAACGTGTAGCACTTGCACGTGCACT
TAGCACGAAACCAGATTTAATTTTATTAGATGAACCTTTTTCTAGTTTGGATGATACTACA
AAAGATGAGAGTATTACATTAGTTAAACGTATTTTCAACGAATGGCAAATACCAATCATA
TTTGTGACACATTCAAACTATGAAGCAGAACAAATGGCTCATGAAATTATTACAATTGGG
TAA
```

> **moeB**

Function: protein coding sequence; molybdopterin biosynthesis protein B

Best match: moeB_CC001_MSSA476_BX571857.1[2322123:2323127:r]

Position: 056-contig_190_RC: 56326 ... 57331; Length: 1005 bp

Sequence:

```
GTGAGTCAAGAACGTTATTCAAGGCAAATTTTTATTTAAACAAATAGGTGAAATAGGTCAA
AGCAAAATAAGTCAAAAATGTGCGTTGATTATTGGTATGGGCGCATTAGGTACACATGTG
GCCGAAGGACTTGTTAGAGCAGGCATTGCTAAACTAATCATTGTTGATAGAGATTATATT
GAATTTAGTAATTTACAAAGACAAACATTGTTTACTGAAGAAGATGCTTTGAAAATGATG
CCTAAAGTGGTTGCAGCTAAAAGCATTGCTAGCGTTACGTAGTGATGTTGATATTGAT
GATTATATTGCCATGTGGATTATTATTTTTTGGAAACACATGGACAGGACGTTGACGTTA
```

TTATTGATGCAACCGATAACTTTGAAACACGACAACCTGATTAATGATTTTGCATATAAAC
ATCGTGTACCTTGGATTTATGGTGGTGTGTACAGAGTACATATACAGAAGCTGCATTTAT
ACCTGGTAAAACACCTTGCTTTAACTGTTTGGTACCACAATTGCCAGCATTAAATTTAACA
TGCGATACAGTAGGGGTCATTCAACCTGCCGTGACGATGGCAACAAGTTTACAATTAAGA
GATGCGATGAAAGTATTAACGGAACAACCAATTGACACAAAAATAACTTATGGTGATATT
TGGGAAGGTAGTCATTATTCATTTGGTTTCAGTAAAATGCAACGTTTCAGACTGTACAACCT
GTGGAGATGTACCAAGTTATCCGTATTTAAACAAGAATGAACAACGTTATGCAACATTGT
GTGGTAGAGACTGTACAGTATGAAAATGCATCAATTACACACGACATTCTTGTTC AAT
TTTTAAAACAACATCAACTAAATTATCGCAGTAATTCGTATATGGTTATGTTTGAATTTAA
AGGACACCGCATTGTTGCTTTTAAAGGTGGAAGGTTTTTAATACATGGCATGACACGCAC
ATCAGATGCCACACATCTAATGAATTTATTGTTTGGATAA

> **moaB**

Function: protein coding sequence; molybdenum cofactor biosynthesis protein B

Best match: moaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2342481:2342987:r]

Position: 056-contig_190_RC: 57361 ... 57868; Length: 507 bp

Sequence:

ATGGGCGAACATCAAAACGTTAAATTGAATCGTACAGTTAAAGCAGCCGTAACCGGT
ATCAGATACTAGAGACTTTGATACAGATAAAGGTGGTCAATGCGTGCGCCAACCTATTACA
AGCAGATGACGTTGAAGTGAGTGACGCACATTATACAATTGTGAAAGATGAAAAAGTAG
CCATCACGACGCAGGTGAAGAAGTGGTTAGAAGAAGATATTGATGTCATCATTACGACTG
GTGGAACAGGTATTGCACAACGTGATGTGACGATTGAAGCAGTAAAACCACTTTTAACTA
AAGAGATAGAAGGCTTTGGGGAATTGTTTAGATATTTGAGTTATGTTGAAGATGTTGGCA
CGCGTGCAATTATTGTCTCGCGCTGTAGCAGGTACAGTTAATAATAAATTGATATTTTCGAT
TCCAGGATCAACAGGCGCAGTTAAATTAGCATTAGAAAAGCTCATTAAACCAGAATTA
ATCATCTGATTCATGAGCTTACAAAATAA

> **moaC**

Function: protein coding sequence; molybdenum cofactor biosynthesis protein C

Best match: moaC_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2340197:2340691]RC

Position: 056-contig_190_RC: 57869 ... 58364; Length: 495 bp

Sequence:

TTATTGATTTGATTGGCGTTGAAAATCTCCAGATTTACCGCCAGACTTGCTTTCAAGGTAG
GTTTCGCCAATAATCATACTTTATCAACTGCTTTCGTCATGTCGTAATGGTTAAAGCCG
TTGCTGATGCAGCGGTTAAAGCTTCCATTTCAACACCGGTTTTGCCAGTTGTAGAGACAGT
TGTTTGAATGTTTAAAGTATAAAGGGGTGCATTTGTTTCATCCCAGCTGAAGTGAACATCT
ATGCCAGTCAATGGTAATGGATGGCACATCGGAATAATTGTTGATGTATTTTTGGCAGCC
ATAATACCAGCGATTTGAGCAGTGTTCAATACATTGCCTTTGGTATTGGTGTATTAGAAA
TCTGCTTAAAAATAGTTTCATTTACAGTAATGCTTGAATGAGCGACAGCAGTTCTTTTTGT
AATTTGTTTGTCTGATACATCGACCATTTTGGCGTGGCCTTGTTGATTAATATGAGTAAAC
TCAGTCAT

> **moeA**

Function: protein coding sequence; molybdopterin biosynthesis protein A

Best match: moeA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2340663:2341922:r]

Position: 056-contig_190_RC: 58426 ... 59686; Length: 1260 bp

Sequence:

ATGGTAGTAGAAAAAAGAAACCCAATCCCAGTTAAAGAAGCAATTC AACGTATCGTTAA
TCAGCAGAGTTCAATGCCGGCAATTACGGTAGCACTTGAAAAAAGTCTAAATCATATCTT
AGCAGAAGATATTGTAGCTACTTATGATATACCAAGGTTTGATAAATCACCTTATGATGG
TTTTGCAATTCGCAGTGTTGATTCACAAGGGGCAAGTGGTCAGAATCGCATTGAGTTTAA
AGTGATTGATCATATTGGTGCAGGTTTCAGTTTCTGATAAATTAGTTGGGGATCACGAAGC
GGTGCGTATTATGACTGGAGCACAAATACCTAATGGCGCAGATGCTGTTGTTATGTTTGA
ACAAACGATTGAACTAGAAGATACATTTACAATTCGTAAACCATTTTCAAAAAATGAAAA
TATATCTTTAAAAGGTGAAGAAACAACGACAGGCGATGTTGTTCTAAAAAAGGACAAG

TAATTAATCCAGGGGCTATAGCGGTCCTTGCAACATATGGCTATGCAGAGGTTAAAGTTA
TTAAGCAACCGAGTGTGCTGTTATTGCAACAGGAAGCGAATTATTAGATGTTAATGATG
TATTAGAAGATGGAAAAATTCGTAACCTAATGGCCCAATGATTCGTGCCTTAGCAGAAA
AATTAGGTCTTGAAGTTGGTATTTACAAAACACAACAAGATGATTTAGATAGTGGCATA
AAGTCGTTAAAGAAGCTATGGAAAAACATGATATCGTTATTACAACGGGAGGAGTTTCTG
TTGGAGATTTTACTATTTACCTGAGATTTATAAGGCTGTAAAGGCGGAAGTGTATTAA
TAAAGTAGCAATGCGTCCTGGTAGCGTAACAACGGTTGCATTTGCAGATGGAAAGTATTT
GTTTGGATTATCTGGAAATCCATCAGCTTGTTTTACAGGATTTGAACTATTTGTGAAACCA
GCTGTTAAACATATGTGTGGCGCACTAGAAGTCTTCCCGCAAATAATTAAAGCAACATTA
ATGGAAGATTTTACCAAGGCAAACCCATTACACGATTTATACGTGCTAAAGCAACGTTA
ACAAGTGCTGGAGCTACTGTAGTACCTTCAGGATTCAATAAATCAGGTGCGGTTGTAGCG
ATTGCACATGCTAACTGTATGGTCATGTTACCAGGAGGGTCACGTGGTTTTAAAGCGGGG
CATACAGTAGATATTATATTGACTGAATCTGACGCTGCTGAAGAGGAACCTCTTTTATGA

> **mobB**

Function: protein coding sequence; molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein B

Best match: mobB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2340181:2340666:r]

Position: 056-contig_190_RC: 59682 ... 60168; Length: 486 bp

Sequence:

ATGATTTTACAAATTGTAGGTTACAAAAGTCTGGTAAGACAACATTGATGAGGCATATT
GTCTCTTTCTTAAAGTCACATGGTTATACAGTTGCTACTATTAACATCATGGGCATGGTA
AGGAAGATATTCAATTACAGGATTCAGACGTCGATCACATGAAGCATTTTGAAGCGGGG
GCAGATCAAAGTATTGTACAAGGTTTTCAATATCAGCAAACCTGTAACACGTGTAGATAAT
CAAATCTTACTCAAATTATTGAAAAATCTGTTACAATTGACACCAATATCGTATTAGTTG
AAGGCTTTAAAAATGCTGATTTTAAAAAGTTCGTAGTCTATCGAAATGAAGAAGAGTTGC
AAGTATTACAACAATTGTCGAATGTTTGTATAGCATTAAATGTAAAGGAGCATGAAGATT
TTACAGCATTTGAGCAATGGTTATTAATAAAAATTAATAAATGATTGTGATACACAATTA
CATAG

> **moaE**

Function: protein coding sequence; molybdopterin-converting factor subunit 2

Best match: moaE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2339721:2340167:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 60181 ... 60628; Length: 447 bp

Sequence:

ATGAAACAATTTGAAATCGTGACAGAACCGATACAAACAGAACAATATCGTGAATTCAC
TATAAATGAATATCAAGGTGCAGTAGTTGTTTTTACCGGTCATGTTTCGCGAATGGACTAA
AGGCGTCAAACGGAATATTTAGAATATGAAGCGTATATTCCAATGGCTGAAAAGAAAT
TGGCACAAATTGGAGATGAAATAAATGAAAAATGGCCTGGAACGATAACGAGTATTGTT
CATAGAATAGGGCCATTACAAATTTAGATATCGCTGTATTAATTGCGGTTTCTTCACCGC
ATCGTAAAGATGCCTATCGAGCAAATGAATATGCAATTGAGCGTATAAAAGAAATTGTT
CGATTTGAAAAAAGAAATTTGGGAAGATGGTTCAAATGGCAAGGGCATCAAAAAGGG
AATTATGAAGAAGCGAAGAGGGGAGGAATAA

> **moaD**

Function: protein coding sequence; molybdopterin converting factor/subunit 1

Best match: moaD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2339482:2339715:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 60633 ... 60867; Length: 234 bp

Sequence:

ATGAAGGTACTTTACTTCGCAGAAATTAAGATATATTACAAAAGCACAGGAAGATATT
GTGCTTGAACAAGCATTGACTGTACAACAATTTGAAGATTTATTGTTTGAACGTTATCCGC
AAATCAATAATAAAAAGTTTCAAGTTGCTGTAAATGAGGAATTTGTACAAAATCGGATT
TCATTCAACCTAATGATACTGTTGCATTAATTCCACCGGTTAGTGGAGGTTAA

> **mobA**

Function: protein coding sequence; molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein A

Best match: mobA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2338876:2339475:r]

Position: 056-contig_190_RC: 60873 ... 61473; Length: 600 bp

Sequence:

```
ATGAAAGCAATAATTCTTGCAGGTGGTCATTCAGTGCGATTTGGTAAGCCCAAAGCTTTT
GCGGAAGTGAACGGTGAGACCTTTTATAGTAGAGTAATTAAGACATTAGAATCAACAAA
TATGTTCAATGAAATTATTATTAGTACAAATGCGCAATTGGCAACGCAATTTAAATATCC
AAATGTTGTTATAGATGATGAGAATCATAATGATAAAGGTCCATTAGCAGGAATTTATAC
AATCATGAAGCAACATCCTGAAGAAGAATTGTTTTTTGTGCTTTCTGTTGATACACCAATG
ATTACTGGTAAAGCTGTAAGCAAGTTGTATCAGTTTTTGTCTCATCTTATTGAAAATC
ATTTAGATGTGCGCAGCTTTTAAAGAAGATGGACGTTTTTATTCCAACAATTGCATTTTATAG
TCCGAATGCATTAGGCGCTATAACTAAAGCACTACATTCTGATAATTACAGTTTTAAAAA
TGTATATCATGAATTATCAACGGATTATTTGGATGTCAGGGATGTAGATGCGCCCTCATAT
TGGTACAAAAATATAAATTATCAGCATGATTTGGACGCTTTAATTCAAAAATTGTAA
```

> moaA

Function: protein coding sequence; molybdenum cofactor biosynthesis protein A

Best match: moaA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2396152:2397174:r]

Position: 056-contig_190_RC: 61492 ... 62515; Length: 1023 bp

Sequence:

```
ATGGTAGAACAAATAAAAGATAAACTAGGACGTCCCATCCGTGACTTACGGTTATCTGTG
ACAGATCGGTGTAACCTTTAGGTGTGATTATTGCATGCCTAAAGAGGTATTTGGAGATGAT
TTCGTATTTTTACCTAAAAATGAACTGTTAACGTTTGATGAAATGGCTAGAATCGCTAAG
GTATATGCAGAATTAGGTGTAAAAAAAATACGCATTACAGGTGGAGAACCATTGATGCG
ACGGGATTTAGATGTACTTATAGCTAAATTAATCAAATCGATGGTATTGAAGATATTGG
TTTGACTACAAATGGTTTGTATTAAAAAAGCATGGACAAAAGTTATATGATGCTGGGCT
ACGCAGAATTAATGTCAGTTTGGATGCTATTGATGATACGCTATTTCAATCAATCAATAAT
CGTAATATTAAGCGACTACGATTTTAGAACAAATTGATTACGCGACGCTCTATTGGTTG
AATGTAAAAGTAAATGTTGTTATACAAAAAGGTATTAACGATGATCAAATCATACCAATG
CTTGAATATTTTAAAGATAAACATATAGAGATTCGATTTATAGAATTTATGGATGTTGGTA
ATGATAATGGATGGGATTTTCAGTAAAGTTGTAACATAAGATGAAATGCTTACAATGATAG
AGCAGCACTTTGAAATCGATCCTGTAGAACCAAAATATTTTGGGGAAGTAGCAAAATATT
ATCGCCATAAGGATAATGGTGTTCATTTGGTTTGATTACAAGTGTTTCACAATCATTTTG
TTCTACATGTACACGCGCAAGGCTGTCATCAGATGGGAAGTTTTACGGATGTTTATTTGCA
ACTGTCGATGGATTTAACGTTAAAGCGTTTATTCGTTCTGGCGTGACCGACGAAGAATTA
AAAGAACAATTTAAAGCTTTATGGCAAATAAGAGATGATCGATATTCAGATGAGAGAAC
TGCTCAAACAGTTGCCAATCGTCAACGTAAAAAGATAAACATGAATTATATTGGTGGTTA
A
```

> repeat_nySAgamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC001_MSSA476_BX571857.1[2756252:2756375]RC

Position: 056-contig_190_RC: 62703 ... 62733; Length: 30 bp

Sequence:

```
ACAATAATGTGCAAGTTGGCGGGGCCCAA
```

> Q2FZB6

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC001_MSSA476_BX571857.1[1167133:1167311]

Position: 056-contig_190_RC: 62712 ... 62742; Length: 30 bp

Sequence:

```
TGCAAGTTGGCGGGGCCCAAACATAGAGAA
```

> sarV

Function: protein coding sequence; HTH-type transcript regulator (core genome, constant)

Best match: sarV_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2395225:2395575:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 63204 ... 63555; Length: 351 bp

Sequence:

```
ATGAGTAATAAAGTTCAACGTTTTATAGAAGCAGAAAGGGAGTTAAGTCAGTTAAAGCA
CTGGTTAAAAACAACACATAAGATTTCAATTGAAGAATTTGTAGTACTTTTTAAAGTGTA
TGAAGCTGAAAAGATTAGCGGTAAAGAATTGAGGGATACATTACATTTTGAAATGCTATG
GGATACAAGTAAAATCGATGTGATTATCCGTAAAATCTATAAAAAAGAGCTTATTTCTAA
ATTGCGTTCTGAAACGGATGAAAGACAAGTATTCTATTTCTATAGTACTTCTCAAAGAA
ATTGTTAGATAAAATTACTAAAGAAATAGAAGTGTTAAGCGTTACAAACTAA
```

> **fmhB**

Function: protein coding sequence; aminoacyltransferase (core genome, variable)

Best match: fmhB_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[66795:68060] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 66858 ... 68124; Length: 1266 bp

Sequence:

```
ATGGAAAAGATGCATATCACTAATCAGGAACATGACGCATTTGTTAAATCTCACCCAAAT
GGAGATTTATTACAATTAACGAAATGGGCAGAAACAAAGAAATTAAGTGGATGGTACGC
GCGAAGAATCGCTGTAGGTCGTGACGGTGAAGTTCAGGGTGTTCGCAATTACTTTTTAA
AAAAGTACCTAAATTACCGTATACGCTATGTTATATTTACGTGGTTTTGTTGTTGATTAT
AGTAATAAAGAAGCGTTAAATGCATTGTTAGACAGTGCAAAGAAATTGCTAAAGCTGA
GAAAGCGTATGCAATTAATAATCGATCCTGATGTTGAAGTTGATAAAGGTACAGATGCTTT
GCAAATTTGAAAGCGCTTGGTTTTAACATAAAGGATTTAAGAAGGTTTATCAAAGA
CTACATCCAACACGATGACTATGATTACACCAATTGATAAAAATGATGATGAGTTATT
AAATAGTTTTGAACGCCGAAATCGTTCAAAGTGCCTTGGCTTTAAAGCGAGGTACGAC
AGTGGAACGATCTGATAGAGAAGGTTTTAAAAACATTTGCTGAATTAATGAAAATCACTGG
GGAACGCGATGGCTTCTTAACGCGTGATATTAGTTACTTTGAAAATATTTATGATGCGTTG
CATGAAGATGGAGATGCTGAACTATTTTAGTAAAGTTGGATCCAAAAGAAAATATAGCG
AAAGTAAATCAAGAATTGAATGAACTTCATGCCGAAATTAATAATGGCAGCAGAAGAT
GGAAACATCTGAAAAGCAAGCTAAAAAGCGCAAATATGATTAATGATGCGCAAATA
AAATTGCTAAAAATGAAGATTTAAAACGAGACCTAGAAGCTTTAGAAAAGGAACATCCT
GAAGGTATTTATCTTTCTGGTGCATTAATGTTTGTGGCTCAAATCATATTACTTAT
ATGGTGCCTTCTAATGAATTTAGAGATTTTTTACCAAATCATCATATGCAGTATACGAT
GATGAAGTATGCACGTGAACATGGTGAACAACCTTACGATTTTCGGTGGTACAGATAATGA
TCCAGATAAAGACTCAGAACATTATGGCTTATGGGCATTTAAAAAGTGTGGGGAACATA
CTTAAGTGAAGATTGGTGAATTTGATTATGTATTGAATCAGCCATTGTACCAATTAATT
GAGCAAGTTAAACCGCGTTTAAACAAAAGCTAAAATTAATAATATCTCGTAAATTAACG
AAAATAG
```

> **Q2YYN6**

Function: protein coding sequence; acriflavin resistance transport protein (core genome, constant)

Best match: Q2YYN6_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[68177:71344] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 68240 ... 71408; Length: 3168 bp

Sequence:

```
GTGATAAAAAACTATTACAATTTTCTTTGGGGAATAAGTTTGCTATCTTTTTAATGGTTG
TTTTAGTTGTCTTGGGCGGTGTATACGCGAGTGCTAAATTGAAATTAGAATTACTACCAA
ATGTACAAAATCCAGTTATTTCAAGTTACAACAACAATGCCGGGTGCAACGCCACAAAGTA
CCAAGATGAAATAAGTAGTAAAATTGACAATCAAGTAAGATCGTTGGCATATGTGAAA
AATGTTAAAACGCAATCCATACAAAATGCTTCAATTGTAACAGTTGAATATGAAAATAAT
ACAGATATGGATAAAGCAGAAGAACAGCTTAAAAAAGAAATCGATAAAAATTAATTTAA
AGATGAAGTTGGTCAACCAGAATTAAGACGTAATTCGATGGATGCTTTCCGGTTTTAGC
ATATTCATTTTCAAATAAAGAGAATGACTTGAAAAAAGTAACGAAAGTACTGAATGAAC
AATTAATACCAAATTAACAACGGTAGATGGTGTGCAAATGCGCAATTAATGGGCAG
ACGAACCGTGAAATCACCTTAAATTTAAGCAAAATGAACTTGAAAAATATGGATTGACT
GCTGATGATGTAGAAAATCTATAAAAACGGCAACAAGAACAACCACTTGGATTGTTT
CAATTTGGTGATAAAGATAAATCAATTGTTGTTGATGGTCAATATCAATCTGTTGATGCTT
TTAAAAACATAAATATTCCATTAACGTTGGCAGGAGGACAAGGGCAATCTCAATCCCAA
```

GTGACAATAAACAAAATTTCAGCCATGTCAGATGTTAATCAGGCATCACCGCAGCAAATTC
CAAAGCGTCAGCATCAAATAATATAAGTGGTATGCCGACAGCGAAACTAGGAGATTTA
GCTGATATTACAGTTGGTGTGTGCGTACTTCTATTTCTAAAACGAATGGCAAGGATGCG
GTTAATTTACAAATAACTAAAGCTCAAGATGCCAATACAGTTCAAGTAGCCAAAGATGTA
CAACGTAATAATTGATACATTCGTTGATGAAAATAAAGATTTTAATGTCACAAAAACAATG
GATACTGCAAAGCCTGTTGAGAAATCACTTTATACGATGGTTGAAAAAGCATCATTAGGT
ACAATCGTGGCAATTATAGTTATTTTGTCTGTTTTTAAGAAACATTCGTACGACGGCAATTT
CTATTATATCGATTCCGTTATCACTTCTTATGGCGCTTATTGCTCTGAAATTGAGTGATGTT
TCATTGAATATACTAACGTTAGGTGCATTAACAGTAGCGATTGGACGTGTGATAGACGAT
TCGATTGTAGTTGTTGAAAATATTTATCGACGCTTAACAGATTCAGAAGAACAATAAAA
GGTGAAAATTTAATTATCAGTGCGACAACCTGAAGTATTTAAACCAATAATGTCATCGACA
CTAGTTACTATTATCGTCTTCTTACCCTTGTGTTTGTATCAGGTTCAAGTAGGCGAAATGT
TTAGACCTTTTGCATTGGCTATTGCATTTAGTTTATTAGCATCGTTATTAGTGTCAATTACA
CTCGTTCCAGCGTTGGCAGCTACACTATTTAAAAAAGGCGTTAAACGTCGTAATAAAACAA
CATCAAGAAGGATTAGGTGTTGTTAGTACAACCTTATAAAAAAGTATTACATTGGTCATTA
AATCATAAGTGGATTGTAATTATTAAGTACATTAATTTTGGTTGCAACTATTGTATTTG
GAGGACCGAGACTAGGCACTAGCTTTATTTTCAGCAGGTTGACGATAAATTTTLAGCTATTA
CTTATACACCGAAGCCTGGTGAAACGGAGCAAGCAGTGTTGAATCATGCGAAAGATGTT
GAAAATATTTAAAACAGAAAAGCATGTAAAACAATTCAATACTCAGTTGGCGGTAG
TAGTCCAGTAGATCCAACGGGTAGTACAAATAGTATGGCAATCATGGTTGAATATGATAA
TGACACGCCTAATTTTGTATGTAGAAGCGGATAAGGTTATTAACATGCAGATGGCTTTAA
ACATCCTGGAGAGTGGAAAAATCAAGATTTAGGAACAGGTGCAGGTAATAAATCTGTAG
AGGTTACTGTAAAAGGTCCATCAATGGATGCCATAAAATCAACTGTAAAAGATATTGAAC
AGAAAATGAAACAGGTTAAAGGACTAGCCAATGTCAAATCTGATTTATCGCAAACATAT
GATCAGTATGAAATTAAGTTCGATCAAATAAAGCGGCAGAAAATGGTATTTCTGCAAG
TCAACTTGCAATGCACTTGAATGAAAACCTTACCAGAAAAACAGTTACGACTGTTAAAGA
AAATGGTAAAACCTGTTGATGTTAAAGTCAAACAAAATAAGCAAACAGACTGGTCAGAAG
ATAAGTTGAATAATATAACTTTGAAAAAGCCGACTGGTGGTACGATTAATTTGGGAGATA
TCGCTACGTTAGTTAAAACAACGACACCAAGTAAATTGACGCAAGAACAAGGAGATTAT
GCAACGACGGTATCTGCTAAAGTAACAAATAAAGATGTGGGTGGCACAACACGACAAGT
GATGTCTAAAATAAATAATTTGGACAAACCGAATAATGTAAAGGTTAATATCGGTGGTGC
ATCAGATGATATTAACAATGCAATGACACAATTAGCCTTTGCAATGTTAGCTGCAATCAT
TATCGTATATTTAATCCTAGTTATTACATTTAAAGGTGGCCTAGCACCATTTACAATTTA
TTCTCTTTACCATTTACAGTTATCGGTGTAATTATTGCACTATTAATCACAGGAGAAACAA
TATCAGTACCAAGTTAATTGGTATGCTAATGTTAATTGGAATCGTAGTAACAAATGCCA
TTGTGTTAATAGACCGTGTATTATAAATGAGCAACAGGGCATGGAGATGAAAGAAGCAT
TAATCGAAGCAGGCGGTACTAGAATTAGACCGATATTAATGACGGCGATTGCAACAATTG
GTGCATTAGTTCCTTTGTTATTTGGTCAAGATAGCTCGATTCTTATTTGAAAGGATTAGC
TGCTACAGTTATTGGTGGTTAATTTTCATCAACTTTATTAACACTTGTAGTTGTACCAGTA
ATATATGAAATTCTCTTTACTTTAAAAAACGATTCACTAAACGATAG

> Q1Y7Y7

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: Q1Y7Y7_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2385421:2386329:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 72453 ... 73362; Length: 909 bp

Sequence:

GTGACAGAACAATTTACTATGATTATTTTATTAATTGCGCTTGGTTACTTTTTGAAGCGCA
TTAATTTTATAAAGGCAACAGATAGTCAAGTCATTGCTACATTAGTTCTTAATGTCACACT
CCCATCTTTAGTTATTGTGAATTTAAACAGTGCAGAATTAATAATTGTCATTCTCCATTTTA
CCAATTTTAATGATTATATATGGTATTGTGGCGAAAATGATTGCTGTCTGGTTTTTTAGAA
AATATGATAATCACATGCGTGGATCAGTAGGTATGATGACTGGTGCTATGAATATTGGAT
TGTTTGCATATCCACTAATTGAAGTGATATGGCCTAAAACGGGGCTTATTTATTTTGGTAT
GGCTGATATAGGTGGTGCCTTTGTGATGTTTGAATTACTTACTTTGTAGGTAGCTACTTT
AGTGAAGGTAGTGATCAATTCGATTTTAAATATTTAGGTAAGAAATTATTACAGTCAGTG
CCACTCGTTACATACATTGTAATGTTTATATTGAATATAAATCACATCCATTTACCACATG
TGGCAATCGATTTCTTTAGCATACTTTCCCATGCAAATATGCCGTTATCAATGATTTTGTCT

AGGTGTTATGTTGAATTTTACTCTGGAAAGAAAGTATATACCTGCTACTATTAATATTTA
TGTTTGCATTATGGATTAGCATTAGTTGCGGGATTGTTAGTACATGTGTTGTTACCGGTAT
CAGATGATATGATTAAGACGACATTGTTGGTCACTTGGATGTTCCCGGTTGGTGTGCGAA
TTATTTCTTATGGTATTCAGTTTAAATATCGAACACTGCCATTTATAGGTATGACGACCAA
TTTGACAATCATTATTAGTATCATTATTTTGTACGTGTATCAGGCAGTGTGTTGTCTAG

> **tx_universal2**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_universal2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1067981:1068021:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 73539 ... 73580; Length: 41 bp

Sequence:

CTGAACGAAAATGCGCTTGTAACAAGCTTTTTTCAATTCTA

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC005_CF-Marseille_CABA01000081.1[16587:16794]RC

Position: 056-contig_190_RC: 73658 ... 73688; Length: 30 bp

Sequence:

AAATTGGATTCCCAATTTCTACAGACAATG

> **glcU**

Function: protein coding sequence; putative glucose uptake protein (core genome, constant)

Best match: glcU_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2383903:2384766]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 74015 ... 74879; Length: 864 bp

Sequence:

CTATTTCAAATTACCTAGAATTATAGCAGCTATCACGATAATAATAATACCTGCCCAAAT
ACCCGTCATCTGACGACGATCTTTTCTTTCTCTAAAATGAAAATACCACCTAATGTTGAA
ACGATAACAAGTAACTGTGATAATGAGAACTTGTAGCTACACCAACTTTTGGTTGAGAA
TAGAACATGAACAAGTTACCAATTCCCCAAATCACACCTGGCAATAGATTAAGTGCTGTT
GATTTAAGTGATGTTTTATGATTCATGGATAGGATAAAGCCACCAATTGCCATACCGACA
GATTGGAAGAACAATGCATCAGTTCCACCAACACCAAAGATGTCACCAAGTACAACGAA
ACCTACATATCCAACCTGTAGATACAATTAATAATACCCATTGCTTTTTTAAATTCAGGATTA
TCTGATTGACGTTCATTTTTGGCTTTAAGTGAAGTAAAGTGCTACACCAGTAACTAATAATA
TCATGGCGATTAAACCAAAGATAATTTGAGTCATTGAAGACCATTACCTAAAAGATAA
CGCTGAATAATGTTGTACCAACTAATTGCATACCTGTAGAACTGGCATAGTATTTGATA
CACCGATTAAACTAATAGATTTAAGCTGATTTCGCTTGTCCAAACGCCATAATGCACCAG
AAATAAGACCGACAATAATTACAGTAGGATTATTGAATTTTGCGAAACCAGTAATAAGTA
AACCTAATCCAACAATGAGTGCGCCTAGCGTCGTACCACGAATTTGGTTGTAAGGTCCAC
CGCCGACGAACACATTAATAAGAACGACACTTCCCCAGAATAAAGCAGGTAAGGTCGCG
ATTAAGAAATCAAGAAATTGCAA

> **topB**

Function: protein coding sequence; DNA topoisomerase 3 (core genome, constant)

Best match: topB_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[76059:78194] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 76121 ... 78257; Length: 2136 bp

Sequence:

ATGAAATCTTTAATATTAGCTGAAAAACCATCAGTTGCAAGAGATATTGCTGATGCTTTA
CAAATAAATCAGAAGCGTAATGGTTACTTTGAAAATAACCAATATATTGTCACGTGGGCG
TTAGGTCATCTAGTGACAAATGCGACACCTGAACAATACGATAAAAATTTAAAGGAATG
GCGATTAGAAGACCTTCCAATTATACCTAAATATATGAAAACCTGTTGTTATTGGTAAAAC
AAGCAAACAATTTAAAACAGTAAAAGCGTTAATTTTAGATAATAAAGTGAAAGATATTAT
TATTGCAACAGATGCTGGACGAGAAGGTGAACTAGTTGCAAGATTGATTTTGGATAAAGT
TGGTAACAAAAGCCAATCCGTCGATTATGGATTAGCTCAGTTACTAAAAAAGCTATTCA
ACAAGGTTTTAAAATTTAAAAGACGGTCGTCAATATAACGATTTGTATTATGCAGCGTT

AGCGAGAAGCGAGGCAGATTGGATTGTTGGGATTAATGCAACGCGTGC ACTAACAACAA
AGTATGATGCACAGCTATCCCTGGGACGTGTTTCAGACACCAACGATTCAATTAGTAAATA
CACGACAACAAGAGATTAATCAGTTCAAACCACAACAATACTTTACATTATCATTAACGG
TAAAAGGGTTTGATTTTCAGCTAGAATCAAATCAGCGATATACCAATAAAGAACTTTAG
AACAGATGGTTAATAATTTGAAAAATGTCGATGGTAAGATTAATCTGTTGCTACTAAAC
ATAAGAAGTCGTATCCGCAATCACTGTACAATTTAACAGATTTACAACAAGATATGTATA
GACGTTATAAAAATTGGACCTAAAGAAACATTGAATACACTTCAAAGCTTATATGAGAGAC
ATAAAGTCGTAACCTATCCAAGAACAGATTCAAACTATTTAACAACCTGATATGGTAGATA
CTATGAAAGAACGTATTCAGGCGACGATGGCAACAACATATAAAGACCAAGCACGCCCA
TTAATGTCTAAAACATTTTCATCAAAAATGTCGATATTTAATAATCAAAAAGTATCTGATC
ACCATGCAATTATTCCTACAGAAGTGAGACCTGTCATGTCAGACTTAAGTAATAGAGAAT
TAAAGTTATACGATATGATTGTCGAGCGTTTTTTAGAAAGCTTTAATGCCTCCGCACGAGTA
TGACGCGATAACTGTAACTTTAGAGGTTGCAGGGCACACATTTGTTTTGAAAGAGAATGT
AACAACTGTTTTAGGTTTTAAATCTATTAGACAAGGTGAATCTATTACAGAGATGCAACA
GCCTTTTTTCAGAAGGCGATGAAGTGAAGATTTCAAAAACAAACATTAGAGAACATGAAA
CAACACCTCCAGAATATTTTAATGAAGGTTTCGTTATTA AAAAGCGATGGAGAACCCTCAGA
ACTTTATTCAATTGAAGGATAAAAAATATGCGCAAACCTTTAAAACAAACAGGTGGTATCG
GCACAGTTGCAACAAGGGCCGACATTATCGATAAATTATTTAATATGAATGCCATTGAAT
CAAGAGACGGTAAAATTAAGTAACGTCAAAAGGTAAACAAATATTAGAATTAGCACCA
GAAGAATTAACGTCGCCACTTTTAACTGCACAATGGGAAGAAAAATTACTTTTAATTGAA
CGTGATAAATATCAGGCGAAAACATTCATTAATGAAATGAAAGATTTTACGAAAGATGTT
GTAAATGGGATTA AAAATAGTGATCGTAAATATAAACACGATAATTTAACAACCACAGA
ATGCCCAACGTTGTGGTAAATTCATGATTAAGTTAAA ACTAAAAATGGTCAGATGCTTGT
GTGCCAAGATCCATCTTGTAAGACGAAAAAGAATGTACAGCGCAAAACAAATGCAAGAT
GTCCAAACTGTAAAAAGAAATTAACGTTGTTTTGGTAAAGGGAAAGAAGCGGTATATCGTT
GTGTTTGTGGACATTCTGAAACGCAAGCACATATGGATCAGCGTATGAAGTCTAAATCCT
CTGGTAAAGTATCTCGTAAAGAAATGAAAAAGTATATGAATAAAAATGAAGGTTTAGAC
ATAATCCGTTTAAAGATGCATTAAGA AACTTGAATTTATAG

> **rpsJ**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S10 (core genome, constant)
Best match: rpsJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2319738:2320046:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 80640 ... 80949; Length: 309 bp

Sequence:

ATGGCAAACAAAAAATCAGAATCAGATTA AAAGCTTATGATCACCGCGTGATTGATCA
ATCAGCAGAGAAGATTGTAGAAACAGCGAAACGTTCTGGTGCAGATGTTTCTGGACCAAT
TCCGTTACCAACTGAGAAATCAGTTTACACAATCATCCGTGCCGTGCATAAGTATAAAGA
TTCACGTGAACAATTCGAACAACGTACACACAAACGTTTAAATCGATATTGTAAACCCAAC
ACCAAAAACAGTTGACGCTTTAATGGGCTTAAACTTACCATCTGGTGTAGACATCGAAAT
CAAATTATAA

> **rplC**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L3 (core genome, constant)
Best match: rplC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2319048:2319710:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 80976 ... 81639; Length: 663 bp

Sequence:

ATGACCAAAGGAATCTTAGGAAGAAAAATTGGGATGACACAAGTATTCGGAGAAAACGG
TGAATTAATCCCTGTAACAGTAGTAGAAGCTAAAGAAAATGTTGTATTACAAAAGAAAA
CTGTAGAAGTTGATGGATAACAACGCAATCCAAGTTGGATTTGAAGACAAAAAAGCATA
AAAAAAGATGCAAAATCTAATAAATATGCTAATAAACAGCTGAAGGTCACGCTAAAAA
AGCTGACGCAGCACCTAAGCGCTTCATTTCGTGAATTCCGCAATGTAGACGTGGATGCTTA
CGAAGTAGGTCAAGAAGTCTCAGTAGATACTTTTGTAGCTGGCGACGTTATTGACGTAAC
AGGCGTATCAAAAGGTAAAGGTTTCCAAGGTGCAATTAACGCCACGGACAATCTCGTG
GACCTATGTCACACGGTTCTCATTTCACAGAGCACCAGGTTCTGTAGGTATGGCTTCAG
ATGCTTCTAGAGTATTTAAAGGCCAAAAAATGCCAGGACGTATGGGTGGAAACACTGTA

ACTGTTCAAACCTTAGAAGTAGTTCAAGTTGACACAGAAAACAAAGTTATCTTAGTAAAA
GGTAACGTACCTGGACCTAAAAAAGGTTTAGTAGAAATCAGAAGTTCAATTAAAAAAGG
TAATAAATAA

> **rplD**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L4 (core genome, constant)

Best match: rplD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2318398:2319021:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 81665 ... 82289; Length: 624 bp

Sequence:

ATGGCTAATTATGATGTTTTAAAATTAGACGGAACTAAATCAGGTTCAATCGAATTAAGC
GATGCAGTATTCGGTATTGAGCCAAATAATAGCGTTTTATTTCGAAGCTATTAATTTACAAC
GTGCTTCATTACGTCAAGGTACGCATGCTGTTAAGAATCGTTCAGCAGTAAGCGGTGGCG
GACGTAAACCATGGAAGCAAAAAGGAACAGGTCGTGCTCGTCAAGGTACAATCCGTGCT
CCACAATGGCGTGGCGGTGGTATCGTATTCGGACCAACTCCAAGAAGTTATGCATACAAA
ATGCCTAAGAAAATGCGTCGTTTAGCTTTACGCTCAGCATTATCTTTCAAAGCTCAAGAG
AATGGCTTAACTGTAGTTGACGCATTCAACTTCGAAGCTCCAAAAACTAAAGAATTCAAA
AATGTATTATCTACATTAGAACAACCTAAAAAAGTATTAGTAGTTACTGAAAACGAAGAT
GTAAATGTTGAATTATCAGCACGCAACATCCCTGGCGTTCAAGTGACAACCTGCTCAAGGT
TTAAATGTTTTAGATATCACTAATGCTGACAGCTTAGTAATTACTGAAGCTGCTGCTAAAA
AAGTTGAGGAGGTGCTCGGATAA

> **rplW**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L23 (core genome, constant)

Best match: rplW_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2376218:2376493:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 82288 ... 82564; Length: 276 bp

Sequence:

ATGGAAGCAAGAGATATTCTTAAGCGCCCCGTAATCACTGAGAAATCTTCTGAAGCAATG
GCTGAAGACAAATACACTTTCGACGTTGATACTCGTGTTAACAAAACACAAGTAAAAATG
GCAGTTGAAGAAATCTTCAACGTAAAAGTTGCAAGTGTTAATATCATGAATTACAAACCT
AAGAAAAAACGTATGGGCCGTTACCAAGGCTATACAAACAAAAGAAGAAAAGCGATTGT
AACTCTTAAAGAAGGATCAATCGACTTATTTAACTAA

> **rplB**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L2 (core genome, constant)

Best match: rplB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2375352:2376185:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 82596 ... 83430; Length: 834 bp

Sequence:

ATGGCTATTA AAAAGTATAAGCCAATAACAAATGGTCGTCGTAATATGACTTCGTTAGAT
TTCGCAGAAATCACGAAAACCTACACCTGAAAAGTCATTATTA AAAACCGCTACCGAAAAA
AGCGGGACGTAACAACCAAGGTAAATTGACTGTAAGACACCATGGTGGTGGACACAAAC
GTCAATACCGTGTTATCGATTTTAAACGTAACAAAGATGGTATCAATGCAAAAAGTTGATT
CTATTC AATATGATCCA AACCGCTCAGCAAACATCGCTTTAGTTGTATATGCAGACGGTG
AAAAACGATATATCATTGCTCCTAAAGGATTAGAAGTAGGTCAAATCGTTGAAAGTGGTG
CTGAAGCTGACATCAAAGTTGGTAACGCATTACCATTACAAAACATTCCAGTTGGTACAG
TAGTACACAACATCGAGCTTAAACCTGGTAAAGGTGGACAAATCGCTCGTTCAGCTGGTG
CAAGTGCTCAAGTACTTGGTAAAGAAGGTAAATACGTATTAATCAGATTAAGATCTGGTG
AAGTTCGTATGATCTTATCTACTTGCCGTGCTACAATCGGTCAAGTTGGTAAACCTACAACA
CGAATTAGTTAACGTTGGTAAAGCCGGACGTTCAAGATGGAAAGGTATCCGTCCAACAGT
TCGTGGTTCTGTAATGAACCCTAACGATCACCCACACGGTGGTGGTGAAGGTCGTGCTCC
TATCGGTAGACCATCTCCAATGTCACCATGGGGTAAACCTACGCTTGGTAAAGAAAACCTCG
TCGTGGTAAAAAATCATCAGACAAACTTATCGTTCGTGGACGTAAGAAAAAATAA

> **rpsS**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S19 (core genome, constant)

Best match: rpsS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2316912:2317190:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 83496 ... 83775; Length: 279 bp

Sequence:

```
ATGGCTCGTAGTATTAATAAAGGACCTTTCGTCGATGAGCATTTAATGAAAAAGTTGAA
GCTCAAGAAGGAAGCGAAAAGAAACAAGTAATCAAAACATGGTCACGTCGTTCTACAAT
TTCCCTAATTTTCATCGGACATACTTTTGCAGTATACGACGGACGTAAACACGTACCTGTA
TATGAACTGAAGATATGGTAGGTCATAAATTAGGTGAGTTTGCTCCTACTCGTACATTCA
AAGGACACGTTGCAGACGACAAGAAAACAAGAAGATAA
```

> **rpsC**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S3 (core genome, constant)

Best match: rpsC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2315853:2316506:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 84180 ... 84834; Length: 654 bp

Sequence:

```
GTGGGTCAAAAAATTAATCCAATCGGACTTCGTGTTGGTATTATCCGTGATTGGGAAGCT
AAATGGTATGCTGAAAAAGACTTTCGCTTCACTTTTACACGAAGATTTAAAAATCCGTAAA
TTTATTGATAATGAATTAAGAAGCATCAGTTTCTCACGTAGAGATTGAACGTGCTGCA
AACCGTATCAACATTGCAATTCATACTGGTAAACCTGGTATGGTAATTGGTAAAGGCGGT
TCAGAAATCGAAAAATTACGCAACAAATTAATGCGTAACTGATAAAAAAGTACACAT
CAACGTAATTGAAATCAAAAAAGTTGATCTTGACGCTCGTTTAGTAGCTGAAAACATCGC
ACGTCAATTAGAAAACCGTGCTTCCGTCGTGTACAAAAACAAGCAATCACTAGAGC
TATGAACTTGGTGCTAAAGGTATCAAACTCAAGTATCTGGTCGTTTAGGCGGAGCTGA
CATCGCTCGTGCTGAACAATATTCAGAAGGAAGTTCCTACTTACATACGTTACGTGCTGA
CATCGATTATGCACACGCTGAAGCTGACACTACTTACGGTAAATTAGGCGTTAAAGTATG
GATCTATCGTGGAGAAGTTCTTCTACTAAGAACAAGTGGAGGAGGAAAATAA
```

> **rplP**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L16 (core genome, constant)

Best match: rplP_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2315416:2315850:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 84836 ... 85271; Length: 435 bp

Sequence:

```
ATGTTACTACAAAACGTGTAATAATCGTCGTC AACATCGTCCTAAAACA ACTGGTCGT
TCTAAAGGCGGTA ACTACGTAACATTTGGTGAGTTTGGTTTACAAGCTACAACAACGTCT
TGGATCACATCTCGTCAAATCGAATCTGCTCGTATAGCAATGACACGTTACATGAAACGT
GGCGGGAAGTTTGGATTAAAATCTTCCCACATACACCATATACTAAAAACCTTTAGAA
GTACGTATGGGTGCTGGTAAAGGTGCGGTTGAAGGCTGGATCGCAGTTGTTAAACCAGGT
AGAATTTTATTCGAAGTTGCTGGCGTTTCTGAAGAAGTTGCGCGTGAAGCACTACGTTTA
GCAAGTCACAACTTCCAGTAAAACTAAGTTTGTAAAACGTGAGGAATTGGGTGGTGA
AACAAATGAAAGCTAA
```

> **rpmC**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L29 (core genome, constant)

Best match: rpmC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2315217:2315426:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 85260 ... 85470; Length: 210 bp

Sequence:

```
ATGAAAGCTAAGGAAATTAGAGACTTAACCACTTCAGAAATCGAAGAACAATCAAATC
TTCAAAGAAGAGCTTTTAACTACGCTTTCAGTTAGCTACAGGTCAATTAGAAGAAAC
TGCACGTATTCGTACAGTAAGAAAAACGATTGCACGTCTAAAAACTGTTGCTCGTGAAAG
AGAAATTGAACAAAGTAAGGCTAATCAATAA
```

> **rpsQ**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S17 (core genome, constant)

Best match: rpsQ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2314930:2315193:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 85493 ... 85757; Length: 264 bp

Sequence:

GTGAGCGAAAGAAACGATCGTAAAGTTTATGTAGGTAAAGTTGTTTCAGACAAAATGGA
CAAGACTATTACAGTACTTGTGAAACTTACAAAACACACAAATTATACGGTAAACGAGT
AAAATACTCTAAAAAATACAAAACATCATGATGAAAACAATTCAGCTAAATTAGGAGACA
TTGTTAAAATTC AAGAACTCGTCCTTTATCAGCAACAAAACGTTTTTCGTTTAGTAGAGAT
TGTTGAAGAGTCAGTAATTATTTAA

> **rplN**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L14 (core genome, constant)
Best match: rplN_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2314530:2314898:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 85788 ... 86157; Length: 369 bp
Sequence:

ATGATCCAACAAGAAACACGCTTGAAAGTAGCAGACAACTCTGGTGCTCGTGAAGTTCTT
ACAATCAAAGTATTAGGTGGATCTGGTCGTAACAGCAAACATCGGCGATGTTATCGTA
TGTACTGTTAAAAATGCAACACCAGGTGGCGTTGTTAAAAAAGGTGACGTTGTCAAAGCT
GTAATCGTACGTACTAAGTCAGGTGTTTCGTCGTAATGACGGTTCATACATCAAATTTGAT
GAAAATGCATGTGTTATCATCCGTGATGACAAAGGCCACGTGGTACTCGTATCTTCGGA
CCTGTTGCTCGTGAATTACGTGAAGGTAACCTTCATGAAAATCGTATCATTAGCACCAGAA
GTACTTTAA

> **rplX**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L24 (core genome, constant)
Best match: rplX_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2314177:2314494:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 86192 ... 86510; Length: 318 bp
Sequence:

ATGCATATCAAAAAAGGTGACAACGTTAAAGTTATCGCAGGTAAAGACAAAGGTAAAGA
AGGTAAAGTAATTGCTACTCTACCTAAAAAAGACCGTGTGCGTTGTGGAAGGTGTTAACAT
TATGAAAAAACACCAAAAACCAACTCAATTAATCCTGAAGGTGGAATCTTAGAAACAG
AGGCAGCAATCCATGTTTCTAATGTACAATTATTGGACCCTAAAACAAACGAACCAACTC
GTGTAGGTTACAAATTTGTTGATGGTAAAAAAGTTCGTATCGCTAAAAAATCTGGCGAAG
AAATTAATCTAATAATTA

> **rplE**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L5 (core genome, constant)
Best match: rplE_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[86474:87013] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 86536 ... 87076; Length: 540 bp
Sequence:

TTGAACCGTTTAAAAGAAAAGTTTAACTGAAAGTTACTGAAAACCTTAATGAAAAGATTC
AATTATAGTTCAGTAATGGAAGTACCAAAAATAGATAAAATCGTTGTGAACATGGGTGTA
GGTGACGCAGTACAAAATTCTAAAGTATTAGACAATGCTGTTGAAGAATTAGAATTGATC
ACTGGTCAAAAACCATTAGTAACTAAAGCTAAAAAATCAATCGCGACTTTCCGTTTACGT
GAAGGTATGCCAATCGGTGCGAAAGTAACACTTCGCGGTGAAAGAATGTATGAATTCTTA
GACAAATTAATTTTCAGTATCATTACCACGTGTACGTGACTTCCAAGGTGTTTCTAAAAAA
GCATTTGACGGACGCGGTAACACTTTAGGTGTTAAAGAACAATTAATTTTCCCAGAA
ATCGACTATGATAAAGTAAGTAAAGTTAGAGGAATGGATATTGTTATCGTAACGACTGCT
AACACTGATGAAGAAGCTCGTGAATTGTTAGCTAACTTCGGTATGCCATTCCGTAATAA

> **rpsZ**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S14 type Z (core genome, constant)
Best match: rpsZ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2313403:2313588:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 87098 ... 87284; Length: 186 bp
Sequence:

GTGGCTAAAACCTTCAATGGTTGCTAAGCAACAAAAAACAATAATATGCAGTTCGTGA
ATACACTCGTTGTGAACGTTGTGGCCGTCCACATTCTGTATATCGTAAATTTAAATTATGC
CGTATTTGTTTCCGTGAATTAGCTTACAAAGGCCAAATCCCTGGCGTTCGTAAAGCTAGCT
GGTAA

> **rpsH**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S8 (core genome, constant)

Best match: rpsH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2312973:2313371:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 87315 ... 87714; Length: 399 bp

Sequence:

```
ATGACAATGACAGATCCAATCGCAGATATGCTTACTCGTGTAAGAAACGCAAACATGGTG
CGTCACGAGAAGTTAGAATTACCTGCATCAAATATTA AAAAAGAAATTGCTGAAATCTTA
AAGAGTGAAGGTTTCATTA AAAAATGTTGAATACGTAGAAGATGATAAACAAGGTGTA
CGTTTATTCTTAAAATATGGTCAAAAACGATGAGCGTGTATCACAGGATTA AACGTATT
TCAAAACCAGGTTACGTGTTATGCAAAAAGCTAGCGAAATGCCTAAAGTATTA AATGGT
TTAGGTATTGCATTAGTATCAACTTCTGAAGGTGTAATCACTGACAAAGAAGCAAGAAAA
CGTAATGTTGGTGGAGAAATTATCGCATACGTTTGGTAA
```

> **rplF**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L6 (core genome, constant)

Best match: rplF_CC001-ST772_118_AJGE0100021.1[87676:88212] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 87738 ... 88275; Length: 537 bp

Sequence:

```
ATGAGTCGTGTTGGTAAGAAAATTATTGACATCCCTAGTGACGTAACAGTAACTTTTGAT
GGAAATCATGTAACCTGTTAAAGGTCCTAAAGGTGAATTATCAAGAACTTTAAATGAAAGA
ATGACATTCAAACAAGAAGAAAACACAATTGAAGTTGTAAGACCATCTGATTCTAAAGA
AGATAGAACAACCATGGTACAACCTCGTGCTTTATTAAACAATATGGTACAAGGTGTTTC
TCAAGGATACGTAAAAGTACTTGAACCTGTTGGTGTAGGTTACCGTGCTCAAATGCAAGG
TAAAGACTTAATCCTTAACGTTGGTTATTCTCACCCAGTAGAAATTAAGCTGAAGAAAA
CATTACTTTCTCAGTTGAGAAAAACACAGTCGTTAAAGTTGAAGGTATTTCAAAGAACA
AGTAGGAGCATTAGCATCTAACATCCGTTCAAGTAAAGACCTCCAGAGCCTTACAAAGGTAA
AGGTATTCGTTACCAAGGTGAATACGTTCCCGTAAAGAAGGTAAACTGGTAAATAA
```

> **rplR**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L18 (core genome, constant)

Best match: rplR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2312022:2312381:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 88305 ... 88665; Length: 360 bp

Sequence:

```
ATGATCAGTAAAATTGATAAAAATAAAGTGCGTTTAAAAGACATGCTCGTGTTCTGACT
AACTTATCAGGTACAGCTGAAAAGCCACGTTTAAACGTATATCGTTCAAACAAGCATATC
TACGCTCAAATTATTGATGATAATAAAGGCGTAAACATTAGCTCAAGCTTCTTCAAAGAC
AGCGACATTGCTACTACAGCAACTAAAGTTGAATTAGCAACTAAAGTCGGTGAAGCAATT
GCTAAAAAAGCTGCTGACAAAGGCATTAAGAAATCGTATTTGACCGTGGAGGATATTTA
TATCACGGACGTGTTAAAGCATTAGCTGAAGCAGCAAGAGAAAGCGGATTAGAATTTTA
A
```

> **rpsE**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S5 (core genome, constant)

Best match: rpsE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2311501:2312001:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 88685 ... 89186; Length: 501 bp

Sequence:

```
ATGGCTCGTAGAGAAGAAGAGACGAAAGAATTTGAAGAACGCGTTGTTACAATCAACCG
TGTAGCAAAAGTTGTAAAAGGTGGTCGTCGTTCCGTTTCACTGCATTAGTTGTAGTTGGA
GACAAAATGGTCGTGTAGGTTTCGGTACTGGTAAAGCTCAAGAGGTACCAGAAGCAAT
CAAAAAGCTGTTGAAGCAGCTAAAAAAGATTTAGTAGTTGTTCCACGTGTTGAAGGTAC
AACTCCACACACAATTACTGGCCGTTACGGTTCAGGAAGCGTATTTATGAAACCGGCTGC
ACCTGGTACAGGAGTTATCGCTGGTGGTCCTGTTCTGTCGCTACTTGAATTAGCAGGTATC
ACTGATATCTTAAGTAAATCATTAGGATCAAACACACCAATCAACATGGTTCGTGCTACA
```


ATCGATGGTTTACAAAACCTTAAAAATGCTGAAGATGTTGCGAAATTACGTGGCAAAACA
GTAGAAGAATTATACAATTAA

> **rpmD**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L30 (core genome, constant)

Best match: rpmD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2311305:2311484:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 89202 ... 89382; Length: 180 bp

Sequence:

ATGGCTAAATTACAAATTACCCTCACTCGTAGTGTTATTGGTCGTCCTGAAACACAACGT
AAAACGTGTTGAAGCTTTAGGTCTTAAAAAGACTAACAGTTCAGTAGTTGTTGAAGATAAC
CCTGCTATTTCGTGGGCAAATCAACAAAGTTAAGCACTTAGTAACAGTAGAAGAAAAATA
A

> **rplO**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L15 (core genome, constant)

Best match: rplO_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2368943:2369383:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 89398 ... 89839; Length: 441 bp

Sequence:

ATGAAATTACATGAGTTAAAACCGGCAGAAGGTTACAGTAAAGAACGCAATCGTGTTGG
ACGTGGTGTTCGACAGGTAATGGTAAAACAAGTGGTCGCGGACACAAAGGTCAAAAAG
CTCGTTCAGGCGGTGGTGTAAAGACCAGGATTTGAAGGTGGTCAATTACCATTATTCCGTC
GTTTACCAAACGTGGTTTTACTAACATAAATCGTAAAGAATATGCTATTGTAACTTAG
ACCAACTTAATAAATTTGAAGATGGTACTGAAGTAACTCCAGCTTTATTAGTAGAATCTG
GTGTTGTAAAGAATGAAAAATCTGGTATCAAAATACTAGGTAATGGTTCCTTGATAAGA
AATTGACAGTGAAAGCTCATAAATTCTCAGCTTCAGCAGCAGAAGCTATTGATGCTAAAG
GTGGAGCACACGAGGTGATCTAA

> **secY1**

Function: protein coding sequence; preprotein translocase subunit secY locus 1 (core genome, constant)

Best match: secY1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2367651:2368943:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 89838 ... 91131; Length: 1293 bp

Sequence:

ATGATTCAAACCCTTGTGAACTTCTTTAGAACAAAAGAGGTTTCGTAACAAGATTTTCTTCA
CACTAGCAATGTTAGTAATTTTTAAAATAGGGACTTATATACCAGCTCCAGGAGTAAATC
CTGCAGCTTTTGATAATCCCAAGGTTCTCAAGGTGCCACTGAGTTATTAATACTTTTGG
TGGCGGAGCCTTGAAACGATTTTCTATTTTGAATGGGTATTGTACCCTACATCACTGCA
TCAATCGTAATGCAATTATTACAAATGGATATTGTCCCTAAATTCTCAGAATGGGCAAAA
CAAGGTGAAGTAGGTAGAAGAAAGTTAAATAACGTTACTCGTTATTTAGCAATTTCTTTA
GCATTTATCCAATCTATAGGTATGGCATTCCAATTTAATAATTATCTCAAAGGTGCGCTGA
TTATCAATCAGTCAATTATGAGTTATTTATTAATAGCACTAGTTTTGACAGCAGGAACTGC
TTTCTTAATATGGCTTGGTGTATCAAATCACTCAGTTCGGTGTGGTAATGGTATTTCTATT
ATCATATTTGCGGGTATTTTATCAACGTTGCCAGCCAGTCTAATTCATTTGGACAAACTG
CGTTCGTTGGGCAAGAAGATACATCATTAGCATGGTTGAAAGTATTAGGACTTTTAGTGT
CACTGATACTATTAAGTGTAGGTGCTATTTATGTACTTGAAGCCGTTTCGTAAAATTCGGAT
TCAATATGCTAAGAAACAACTGCTCAAAGATTAGGTTACAGGCAACTTATCTACCTTT
AAAAGTGAAGTCAAGCCGGTGTATTTCCTGTAATCTTTGCAATGGCGTTCCTTCTTACTGCCT
AGAACATTAACGTTGTTCTATCCAGATAAAGAATGGGCACAAAACATTGCGAATGCTGCA
AATCCTTCAAGTAATGTTGGTATGGTTGTATATATTGTACTAATTATACTATTCACATACT
TCTATGCATTTGTACAAGTTAATCCGGAAAAAATGGCTGATAACCTTAAGAAACAAGGTA
GCTATGTTCCAGGCATTAGACCTGGTGAACAAACCAAAAAAATATATTACTAAAGTTTTAT
ATCGTTTAACTTTTGTAGGTTCTATCTTCTTAGCCGTTATTTCAATTCTACCAATATTAGCA
ACTAAGTTTATGGGATTACCACAATCAATTCAGATTGGTGGTACAAGTTTACTTATCGTTA
TTGGTGTAGCGATTGAAACAATGAAATCTTTAGAAGCTCAAGTATCTCAAAAAGAATATA
AAGGCTTTGGTGGTAGATAA

> **adk**

Function: protein coding sequence; adenylate kinase (core genome, constant)

Best match: adk_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2308892:2309539:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 91147 ... 91795; Length: 648 bp

Sequence:

```
ATGAATATCATTGATGGGTTTACCTGGCGCAGGTAAGGAACTCAAGCAAGTGAAATT
GTCAAGAAATTCCAATACCCACATTTCAACTGGTGACATGTTTCAGAAAAGCTATAAAA
GAAGAACTGAATTAGGTAAAGAAGCTAAGTCTTATATGGACCGTGGCGAATTAGTTCCT
GATGAAGTGACTGTAGGTATCGTTAAGGAAAGAATTTCTGAAGACGATGCAAAAAAAGG
CTTTTTATTAGATGGCTTCCAAGAACAATCGAGCAAGCTGAGGCATTAATAATATTAT
GTCTGAGCTTGACAGAACATTGATGCTGTCATCAATATCGAAGTTCGGGAAGAAGAATT
AATGAACCGTCTTACAGGTCGTCGAATCTGTGAGTCATGTGGTACAACGTATCATCTTGT
ATTTAATCCTCCGAAGGTCGAAGGTATTTGTGATATCGATGGTGGTAAATTGTATCAACG
AGAAGATGATAATCCTGAAACGGTAGCTAATCGTTTGAGTGTTAATATTAACAATCTAA
GCCTATTTTAGATTTCTATGATCAAAAAGGTGATTGAAAAATATTGATGGTTCAAAAGA
TATTAGCGACGTTACCAAAGATGTCATTGATATTTTAGATCATTGTAA
```

> **infA**

Function: protein coding sequence; translation initiation factor IF-1 (core genome, constant)

Best match: infA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2308481:2308699:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 91987 ... 92206; Length: 219 bp

Sequence:

```
ATGGCTAAACAAGATGTAATTGAATTAGAAGGTACTGTATTAGATACTTTACCGAACGCA
ATGTTTAAAGTAGAATTAGAAAATGGTCATGAGATTTTAGCTCACGTAAGTGGTAAAATC
AGAATGAATTACATTTCGTATTCTACCTGGCGACAAAGTAACTGTTGAGATGTCTCCGTAC
GATTAACACGCGGAAGAATTACTTATCGTTATAAATAA
```

> **rpmJ**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L36 (core genome, constant)

Best match: rpmJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2308336:2308449:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 92237 ... 92351; Length: 114 bp

Sequence:

```
ATGAAAGTAAGACCATCAGTAAAACCTATTTGCGAAAAATGTAAAGTCATTAACGTA
AGGTAAAGTAATGGTAATTTGTGAAAATCCAAAACACAAACAAAGACAAGGTAA
```

> **rpsK**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S11 (core genome, constant)

Best match: rpsK_CC001_MW2-USA400_BA000033.22307535:2307924:r

Position: 056-contig_190_RC: 92373 ... 93152; Length: 779 bp

Sequence:

```
ATGGCACGTATTGCAGGAGTAGATATTCCACGTGAAAAACGCGTAGTTATCTCATTA
TATATACGGTATCGGTACGTCAACTGCTCAAAAAATTCTTGAAGAAGCTAACGTATCA
GCTGATACTCGTGTGAAAGATTTAACTGATGACGAATTAGGTTCGCATCCGTGAAGTTGTA
GACGGTTATAAAGTCGAAGGTGACTTACGTCGTGAACTAACTTAAATATCAAACGTTTA
ATGGAAATTTATCATACCGTGGTATCCGTCACCGTCGTGGTTTACCAGTTCGTGGTCAAA
AAACGAAAAACAACGCGCGTACTCGTAAAGGACCAGTTAAAACGGTAGCTAACAAGAAA
AAATAATAGGTAAAGGAGGCAAATTTTAAATGGCACGTAAACAAGTATCTCGTAAACGT
AGAGTGAAAAAGAATATTGAAAATGGTGTAGCACACATCCGTTCAACATTCAACAACAC
TATTGTAATCATCACTGATGAGTTCGGTAATGCTTTATCATGGTCATCAGCTGGTGCATTA
GGATTCAAAGGATCTAAAAAATCAACACCATTTGCAGCACAAATGGCTTCTGAACTGCA
TCTAAATCAGCTATGGAGCATGGTTTAAAAACAGTTGAAGTAACAGTTAAAGGACCTGGT
CCAGGTCGTGAATCAGCTATTCGTGCATTACAATCTGCAGGTTTAGAAGTAACTGCGATC
AGAGACGTTACTCCAGTACCTCATAACGGTTGTCGTCCACCAAACGTCGTCGTGTATAA
```

> **rpsM**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S13 (core genome, constant)

Best match: rpsM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2307948:2308313:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 92373 ... 92739; Length: 366 bp

Sequence:

```
ATGGCACGTATTGCAGGAGTAGATATTCCACGTGAAAAACGCGTAGTTATCTCATTAACT
TATATATACGGTATCGGTACGTCAACTGCTCAAAAAATTCTTGAAGAAGCTAACGTATCA
GCTGATACTCGTGTGAAAGATTTAACTGATGACGAATTAGGTCGCATCCGTGAAGTTGTA
GACGGTTATAAAGTCGAAGGTGACTTACGTCGTGAACTAACTTAAATATCAAACGTTTA
ATGGAAATTTTCATCATACCGTGGTATCCGTCACCGTCGTGGTTTACCAGTTCGTGGTCAA
AAACGAAAAACAACGCGCGTACTCGTAAAGGACCAGTTAAAACGGTAGCTAACAAGAAA
AAATAA
```

> **rpoA**

Function: protein coding sequence; DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (core genome, constant)

Best match: rpoA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2306516:2307460:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 93226 ... 94171; Length: 945 bp

Sequence:

```
ATGATAGAAATCGAAAAACCTAGAATTGAGACAATTGAAATTAGTGAAGATGCTAAATT
CGGTAAGTTCGTTGTTGAACCACTAGAACGTGGCTACGGTACTACACTAGGAAACTCCTT
ACGTCGTATCCTACTATCTTCATTACCAGGTGCAGCCGTTAAGTATATTGAAATTGAGGG
AGTTTTACATGAATTCTCAGCAGTAGACAATGTAGTTGAAGATGTTTCTACAATTATTATG
AACATTAACAATTAGCATTGAAAATTTACTCTGAAGAAGATAAAACTTTAGAAATTGAT
GTACGTGATGAAGGCGAAGTAACAGCAAGCGACATTACACATGATAGTGATGTTGAAAT
TTTAAACCCAGAGCTTAAAATTGCAACAGTATCTAAAGGTGGTCACTTAAAAATTCGTCT
AGTTGCTAACAAGGGTAGAGGTTACGCATTAGCAGAACAAAATAATACTAGTGATTTACC
AATTGGTGTAATCCCTGTTGATTCATTGTATTCACCTGTTGAACGTGTGAACTATACTGTT
GAAAATACACGTGTAGGTCAAAGCAGTGATTTTGATAAATTAACATTGGATGTTTGGACT
AATGGTTCAATCACACCACAAGAATCAGTTTCATTAGCAGCAAAAATAATGACTGAACAC
TTGAATATCTTCGTTGGTCTTACTGATGAAGCGCAAAACGCTGAAATCATGATTGAAAAA
GAAGAAGATCAAAAAGAAAAAGTATTAGAAATGTCTATTGAAGAATTAGACTTATCTGT
ACGTTTCATATAACTGCTTAAAACGCGCAGGAATCAATTCTGTTCAAGAGTTAGCTGACAA
ATCTGAAGCTGACATGATGAAAGTGCGTAATTTAGGTCGTAAATCTTTAGAAGAAGTTAA
ATACAAATTAGAAGATTTAGGATTAGGATTAAGAAAAGAAGATTGA
```

> **rplQ**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L17 (core genome, constant)

Best match: rplQ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2306131:2306499:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 94187 ... 94556; Length: 369 bp

Sequence:

```
ATGGGTTACAGAAAATTAGGTCGTA CTCTGATCAACGTAAAGCTATGTTACGTGACTTA
GCTACATCACTTATTATTAGTGAACGTATTGAACTACAGAAGCTCGTGCAAAGAAGTT
CGCAGTGTTGTTGAGAAATTAATCACTTTAGGTA AAAAAGGAGATTTAGCTTCTCGTCGT
AATGCAGCTAAAAC TTTACGTAATGTTGAAATCTTAAACGAAGATGAACTACACAACT
GCACTTCAAAAATTATTTGGTGA AATCGCAGAGCGTTACACAGAACGTCAAGGTGGTTAC
ACTCGTATCCTTAAACAAGGCCCTCGTCGCGGTGACGGTGCTGAATCAGTAATTATCGAA
TTAGTATAA
```

> **ecfA2**

Function: protein coding sequence; energy-coupling factor transporter ATP-binding protein 2 (core genome, variable)

Best match: ecfA2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2362879:2363688:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 95093 ... 95903; Length: 810 bp

Sequence:

GTGGAGGATAAGAATTCAGTTATTGTATTTAAAAATGTTTCATTTC AATATCAAAGTGAT
GCATCCTTCACATTGAAAGATGTTTCTTTTAATATACCTAAAGGTCAGTGGACATCTATTG
TTGGTCATAACGGTTCTGGAAAATCTACAATTGCCAAGTTAATGATTGGCATAGAGAAAG
TTAAATCTGGAGAAATTTTTATAATAATCAAGCTATAACTGATGATAATTTTGGAAAAGTT
AAGAAAAGACATAGGAATTGTATTTTCAGAATCCGGATAATCAATTTGTTGGTTCAATTGT
AAAATACGATGTGGCATTGGACTCGAAAATCATGCGGTTCCACATGACGAAATGCATAG
AAGAGTCAGCGAAGCACTTAAACAAGTTGATATGTTAGAACGTGCAGATTATGAACCTA
ATGCATTATCGGGGGGACAGAAGCAGCGTGTGGCTATAGCAAGTGTATTAGCACTTAACC
CCTCTGTCATTATATTAGATGAGGCGACTTCTATGTTAGATCCTGATGCACGTCAA AATTT
ATTGGATTTAGTGAGAAAAGTTAAATCAGAACATAATATTACAATCATTTCTATTACGCA
TGATTTATCTGAGGCGATGGAAGCAGATCATGTTATCGTTATGAATAAAGGGACTGTCTA
TAAAGAAGGCACAGCGACTGAAATTTTCGACCATGCAGAAGAGTTAACAAGAATAGGTC
TAGATTTGCCATTCCAATCAAATAAATCAAATGCTGGGACACCAAACATCATTCTTAA
CTTATGAAGGGCTGGTGGATCAACTATGA

> **ecfA1**

Function: protein coding sequence; energy-coupling factor transporter ATP-binding protein 1 (core genome, variable)

Best match: *ecfA1_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[2362022:2362882:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 95899 ... 96760; Length: 861 bp

Sequence:

ATGACTATACGGTTTGACAATGTAAGTTATACCTATCAAAAAGGGACACCATATCAGCAT
CAAGCTATTCATGATGTTAATACAGAATTTGAACAAGGTA AATATTACGCCATCGTTGGA
CAAACGGGTAGTGGTAAATCAACGTTGATACAAAATATTAATGCGCTGTTAAAGCCGACT
ACTGGGACAGTTACAGTTGATGACATTACTATTACACATAAGACCAAAGATAAATATATT
AGACCTGTAAGAAAAAGAATTGGAATGGTATTTCAATTTCCCGAATCTCAATTATTTGAG
GACACAGTAGAGCGTGAAATGATATTTGGACCTAAAACTTTAAAATGAATTTAGATGAA
GCCAAAACCTATGCCCATCGTCTGTTGATGGATTTAGGCTTTTCAAGAGATGTAATGTCA
CAATCACCATTTCAAATGTCAGGTGGACAAATGCGTAAAATAGCGATTGTATCGATATTG
GCAATGAATCCTGATATTATCGTGGTTGATGAACCTACAGCAGGACTTGATCCACAAAGT
AAACGACAAGTAATGAGATTACTAAAGTCACTACAAACAGATGAAAATAAGGCAATTAT
CCTAATTTACATGATATGAATGAAGTCGCGCGTTATGCAGATGAAGTCATCGTTATGAA
AGAAGGTAGTATAGTGTGCGCAAACATCACCAAAAGAGCTCTTCAAAGATAAAAAAAAAT
TGGCGGATTGGCATATTGGTTTGCCAGAAATTGTTCAAGTTACAATATGACTTTGAACAAA
AATATCAAACAAAATTAAGATATTGCCTTAACTGAAGAAGCATTGTGAAGCTTGTATA
AGGAGTGGCAACATGAAAAATAA

> **efcT**

Function: protein coding sequence; energy-coupling factor transporter transmembrane protein (core genome, constant)

Best match: *efcT_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[2361226:2362032:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 96749 ... 97556; Length: 807 bp

Sequence:

ATGAAAAATAAATTGATTATAGGGCGATATTTACCAATTAATTCTTTTGTTCATCATCTTG
ATCCAAGAGCAAAGTTAATGTTTGTCTTTTATTATATTAATATTTTTCTGTCAATTCA
CCATTAACATATCTTTGGGTGTTTGCCTTATCTTATTCATTATGAGATTAGCAAAAATTC
AATTATGGTTCCTAATCAAAGGTTTAAACACCAATATTTTTCTTTTAAATCTTCACATTAATG
ATGCATATATTTTTAACTAAAGGTGGATATGTATTAGTTGAATGGCATGGCATCACGATT
GAAACTAATGGTATTTTAGAAGGGCTATATATATCATTGCGTTTAAATGGGATTGTGATG
ATTGCAACAATTATGACACTATCTACAAGTCCAATTGATTTAACAGATGCGTTTGAAGA
TTACTTGCACCACTAAAGATGTTTAAATTACCAGTTCATCAATTAAGTATGATAATGTCCA
TTGCGTTACGATTCATCCCGACGTTAATGGATGAGTTAGATAAAAATTTTTGGCGCAAA
AGTCGCGTGGTTCTGAAATAAGTTCAGGGAACATTGCAACACGTATTAATCATTATTC
CATTACTAGTGCCACTATTCATCTCAGCTTTCCAACGCGCCGAAGAATTAGCGGTCGCAA
TGGAAGTTAGGGGTTATGATGCCAATGTTAAGAGAACGAGCTACAGACAGCTTAAATGG

CAATTGAGAGATACGATATCTTTAACCATGATTATCCCAATTGCAATTATTTTATTTCGTAT
TAAAATATTCAGGAGTGTA

> **truA**

Function: protein coding sequence; pseudouridylylate synthase A (core genome, variable)

Best match: truA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2360418:2361221:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 97560 ... 98364; Length: 804 bp

Sequence:

ATGCGTATATTAGTAGAAATTGCGTATCAAGGAAATAATTTTCTAGGCTTTCAAATTCAA
CAGAATGGACGTACGGTACAGCAACAATTTGAAAAGCTATTACAACGCATGCATAAAAAG
ACATGTGAGAATCCATCCTTCAAGTAGGACTGATAGAGGTGTACATGCGATACAGCAGTA
CTTTCATTTTCGACACAGAGCTGAATATACCTATGTCACAATGGCAATATGCAATGAACCG
AACGTTACCAGATGATATTTATGTCAATAATGTAGTTACAGTCGATGACGATTTTCATTGT
CGTTACGATTGTGTTCGGTAAACGCTATCGATATAAAGTATATCAAGCACAACACCGCGAT
CCATTTCAAAGTGGTTTGAACATTTATTCCTGAAACGTTGGATTTAGACAAAATGAAC
AGAGCGGCGCAACAATTCATAGGTACACATGATTTTACGGGGTTTTGTTTCGCAAAAAACT
GAAGTAGAAAGCAAAGTTAGAACATTATACCAAAGTGAAATCGTAAAGACAGATGATGG
CTTTGATTATATTGTCACTGGATCTGGATTTTTATATAACATGGTGCGTGTCTTAGTTGCAT
TTTTAATAGAAGTTGGAAAAGGGCGACATGAAATTTCTGATGTGCCGAAGCTACTTGAAT
CAAAGAATCGTAAGAATGTTTCCTTTCCTGACCCGGCTGAAGGACTATATTTAGAGAAGA
TTTATTTAGATGAAAATGAGTTATTAAGACTTTGGCAACGATATAAAAATACATCGCA
AAAATCATTACAAAATGACTGA

> **L13**

Function: noncoding RNA ribosomal protein L leader RNA (core genome, constant)

Best match: L13_leader_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2302211:2302280:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 98406 ... 98476; Length: 70 bp

Sequence:

GGTATTGTTTTATATCCACCCACGATAAGCCCCGAAACTTATTGTGTTACAAGATATAT
AAGCAGAAA

> **rplM**

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L13 (core genome, constant)

Best match: rplM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2301646:2302083:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 98603 ... 99041; Length: 438 bp

Sequence:

ATGCGTCAAACATTTATGGCAAATGAATCAAACATTGAGCGCAAATGGTATGTTATCGAT
GCTGAAGGCCAAACATTAGGTCGTTTATCATCAGAAGTAGCATCTATCTTACGCGGTA
AATAAAGTAACTTACACACCACACGTTGATACTGGTGATTATGTAATCGTTATTAATGCA
TCAAAAATCGAATTTACTGGTAACAAAGAACTGACAAAGTTTACTACCGTCACTCAAAT
CACCCAGGTGGTATCAAATCAATCACTGCTGGTGAATTAAGAAGAATAACCCAGAACGT
TTAATTGAAAACCAATTAAGGTATGTTACCAAGCACTCGTTTAGGCGAAAAACAAGGT
AAAAAATTTATTTGTATATGGTGGCGCTGAACATCCACACGCTGCACAACAACCAGAAAAC
TACGAATTACGTGGTTAA

> **rpsI**

Function: protein coding sequence; 30S ribosomal protein S9 (core genome, constant)

Best match: rpsI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2301234:2301632:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 99054 ... 99453; Length: 399 bp

Sequence:

ATGACTTTGGCACAAGTTGAATATAGAGGCACAGGCCGTCGTAAAAACTCAGTAGCACGT
GTACGTTTAGTACCAGGTGAAGGTAACATCACAGTTAATAACCGTGACGTACGCGAATAC
TTACCATTGCAATCATTAATTTTAGACTTAAACCAACCATTGATGTAAGTAAACTAAAG
GTAAGTATGATGTTTATAGTTAACGTTTCATGGTGGTGGTTTCACTGGACAAGCTCAAGCTAT

CCGTCACGGAATCGCTCGTGCATTATTAGAAGCAGATCCTGAATACAGAGGTTCTTTAAA
ACGCGCTGGATTACTTACTCGTGACCCACGTATGAAAGAACGTAAAAAACAGGTCTTAA
AGCAGCTCGTCGTTACCTCAATTCTCAAACGTAA

> **budB**

Function: protein coding sequence; acetolactate synthase (core genome, variable)

Best match: budB_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[100365:102029] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 100427 ... 102092; Length: 1665 bp

Sequence:

ATGACTGATAAAAAGTACACTGCAGCCGATATGGTTATTGATACTTTGAAAAATAATGGG
GTAGAATATGTTTTTGGTATTCGGGGTGCAAAGATAGACTATCTATTTAATGCTTTAATTG
ATGATGGTCTGAACTTATTGTCACCTCGTCATGAACAAAACGCCGCAATGATGGCGCAAG
GTATTGGAAGATTAACAGGCAAACCGGGTGTAGTACTTGTTACAAGTGGCCCTGGTGTAA
GTAATTTAACGACTGGACTATTAACAGCTACATCTGAAGGGGATCCTGTATTAGCGTTAG
GTGGACAAGTGAAACGTAATGATTTATTACGATTAACGCATCAAAGTATTGATAACGCTG
CTTTATTAATAATATTCATCAAATAACAGTGAAGAAGTACAAGATCCTGAATCATTATCAG
AAGTTATGACAAATGCAATTCGAATTGCTACTTCAGGGAAAAATGGCGCAAGTTTTATTA
GTATTCGCAAGATGTGATTTCTTACCAGTTGAATCTATGGCGATATCACTTTGTCAAAA
ACCAAATTTAGGTGTACCGAGTGAACATGATATTAATGATGTCATTGAAGCGATTA AAAA
TGCATCATTTCTGTTTTATTAGCTGGTATGAGAAGTTCTAGTGCAGAAGAAACAAATGC
CATTCGCAAGCTAGTAGAGCGTACGAATTTACCAGTTGTAGAAACATTCCAAGGTGCAGG
TGTAATTAGTCGTGAATTAGAAAATCATTCTTCCGGTCGTGTGGGCTTATTCCGCAATCAA
GTTGGTGATGAATTATTACGTAAAAGTGATTTAGTTGTTACAATCGGTTATGATCCTATAG
AATATGAGGCTAGTAACTGGAATAAAGAATTAGATACGCAAATAATCAATATTGACGAA
GTTCAAGCTGAAATTAATAATGCAACCGAAAAAAGAGTTGATTGGTAATATTGCT
GAAACGATTGAAATGATTTCTGACAAAGTAGATGAACCATTTATAAATCAACAACATTTG
GATGAATTAGAACAGTTAAGAGCGCATATTGATCAAGAACTGGTATTAAGCGACTCAT
GAAGAAGGCATCTTACACCCAGTTGAAATTATAGAATCTATGCAAAGGTATTA ACTGAT
GAAACAACAGTGACAGTTGATGTTGGTAGTCACTATATTTGGATGGCACGTAATTCAGA
AGTTACAATCCAAGACATTTATTATTTAGTAACGGTATGCAAACGCTTGGTGTAGCATT
CCATGGGCAATTTAGCTGCGCTTGTACGCCCTAATACGCAAGTTGTATCCGTTGCTGGCG
ATGGAGGCTTTTTATTTTCATCACAAGATTTAGAAACAGCCGTACGTAAAAATCTAAACA
TTATCAACTTATTTGGAACGATGGAAAATATAACATGGTTGAATTC AAGAAGAAATGA
AATATAACGTTTCATCAGGCGTAGACTTCGGTCCTGTAGATTTTCGTAAAATATGCTGAAT
CATTTGGCGCAAAGGTTTACGAGTTACTAATCAAGAAGAATTAGAAGCGGCAATTTAAA
GAGGGGTATGAAACAGATGGCCAGTATTAATTGATATACCTGTAAATTACAAAGATAAT
ATCAAACTTTCAACAATATGTTACCTGACGTATTTAACTAA

> **budA-L1**

Function: protein coding sequence; alpha-acetolactate decarboxylase/locus 1 (core genome, variable)

Best match: budA-L1_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[102066:102770] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 102128 ... 102833; Length: 705 bp

Sequence:

ATGGCTAGTGTTTTATATCAACATGGTACATTAGGCACATTAATGGCAGGATTATTA AAA
GGA ACTGCATCAATAAATGAATTATTGCAACATGGTGACTTAGGTATCGCTACACTAACA
GGTTCAAACGGTGAGGTAATCTTTTTAGATGGAAAAGCTTACCATGCAAATGAACATAAA
GAATTTGTAGAATTA AAAGGTGACGAGTTAACACCATATGCAACTGTA ACTAAATTTGTA
GCAGATACAAGCTATGAAACGAAAGATAAATCTTCAGAAGCAGTTTTTGCAGAAATTA
GGAAAAGATGTTGAGTGAAAATTTATTTTCAGCAGTAAAAATTT CAGGCTTATTTAAAA
AATGCATGTACGTATGATGCCGGCTCAAGAACCACCTTATACACGTTTAATCGATT CAGC
TAGAAGACAACCTGAACAACTGAAACGTATGTCAAAGGTT CAGTCGTTGGTTTCTTTAC
ACCAGAATTATTCCATGGTATCGGATCAGCAGGATTT CATGTACACTTTGCGAATGATGA
TCGTAACTTTGGTGGACATGTCTTAGATTTTGAAGTAGAAGATGTTAAAGTAGAAATCCA
AAATATAGAAACATTTGAACAGCATTTTCCAATTCAAGATAAAGATTTCACTAAAGCAA
TATTGACTATAAAGATATTGCAGACGAAATTAGAGAAGCTGAATAA

> eap-L2

Function: protein coding sequence; putative exported protein/locus 2 (core genome, variable)

Best match: eap-L2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2289534:2289959]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 103196 ... 103622; Length: 426 bp

Sequence:

```
TTATTTAACTACAATTTGTATCTGTTTGATTGTACTTGGATCAATTGAATTTTTAGCGTCGT
CATTTTTCTTTAGATTCACTACTTTTTTATTACCATCATTCAAAGTAAGCGTATAAGTTGCT
GTTTGGGCATTATTAATTTTTTCTGTTGTAACACCACGTTGAGAAGCTAATTCATTTTTTAC
TTTACTGTCAATTTCTTGATAAAGAACATTTTTATTTTTCTGGGAAGATAAAGTAAGTTCGA
TGTAATGCAGTAATACCATCTACTGAAATTGTGTAAGGAACAGTGTGATAACCATCCACA
GTCATTTCTTTATAGCCGTTATTACTATCTGCAGATGCTTCGTGACTCGGTAATGCAGCTC
CGACCGTTGATAATAATCCCAATGCTAAAGTGGCAGTAACAAATGATTTTAGTTTCAT
```

> Q5HE00

Function: protein coding sequence; HAD-superfamily hydrolase (genomic island)

Best match: Q5HE00_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2288425:2289240:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 103915 ... 104731; Length: 816 bp

Sequence:

```
ATGTCAAAGCGTCTATTATTGTTTGATTTTGATGAAACATATTTTAAACATAATACAAATG
AAGAAGATTTAAGTCATTTAAGAGAAATGGAAAAATTGTTGGAAAACTAACTAATAAT
AATGAAGTGATCACTGCTGTATTGACAGGAAGTACATTTCAAAGTGTGATGGATAAAATG
GATCAAGTTAATATGACGTTTAAACCATTACATATCTTTTCTGATTTGAGTTCTAAAATGT
TCACTTGGATAAATGGCGAATATGTTGAATCAGAAACATATAAAAAGAAAGTCTTGAGC
GAACCATTTTTATTTGAAGATATTGAAGATATATTACGTCATATTTCTGCGCAATATAATG
TCGAATTTATTCCACAAAGAGCATTGGAAGGTAATGAAACACATTATAATTTTTATTTCAT
TTCAACAGGTAATCACACAATGATAGTCGTATCCTAGAAGCACTTGTGAGATACGCAAA
TGACCAAACTATAACAGCGAGATTTAGTCGAAGCAATCCATTAGCTGGTGATCCTGAAAA
TGCGTATGATATTGACTTCACACCGTCAAATGCTGGAAAATTATATGCTACTCAATTTCTG
ATGAGGAAATATAATATAACAGTAAAATCAATATTAGGTTTTGGAGATAGCGGCAATGAC
GAAGCATATTTAAGCTATCTTGAACATGCATATTTGATGTGCAATAGTAGAGATGAAGCA
TTAAAGCAGAAATTTAGATTAACAAAATATCCATATTATCAAGGGATAACACTGCATGTT
AAAGAATTTGTTGAAGGTAAGTATGATTATTGA
```

> att_nyEtd

Function: attachment site of etd genomic island (mobile element)

Best match: att_nyEtd_empty_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2288208:2288395]RC (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 104760 ... 104948; Length: 188 bp

Sequence:

```
TGCAAATATTAATATTTAAGGGATGATTAGAAAATATGGTGAATCGACTACACTTTAGCT
TTAAAAAATTATTTATATGTTGATTTATCCAATTAAGTGTAGACGATTCAGGTAGCGCAA
AAATGACGCAGGAAGTGGAGAAAGAATTGATACCAAATTAATATAATAGGTTAAGTAT
ATATGAATA
```

> Q5HE01

Function: protein coding sequence; peptidase/M23/M37 domain family (genomic island)

Best match: Q5HE01_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[104879:105733] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 104941 ... 105796; Length: 855 bp

Sequence:

```
ATGAATAAAACAACTTTGGGGCTTATTTAAATAAAAGTAAGAGCAGGAAAATATATAA
GATTTTTGATCAAAATTTGAAGCGAGAGTTTAGTTATTGGCAGTTTAGGAACTTTTCAA
TCTTATACAAGGCAGTCTGATGTACATGAATTAAGTGTGTACTCAAATGATGGTACT
ATTGAGCAAATATGGATAGATGAAGCAAATCAATTTGGAGTGTGACTGACTTGGAAAGA
TAATAGTATTATCGGATTTGTTATGCGTCCGTTAATTAATTATGATGCGATTAAGAATGAA
```

ACGACTTTAAAATACGCAGTGCCGACAACAGATTGCTATGAGATTTTTTGGGGTGGAGAT
AATGAATTATATAATTATCACTATTTATACCCACATCAAAGGTATGCTATTGATTTAGTTA
TTAAAGAAAATCATAAAACATATAAGAATCAAGGAAAAGTAAATACTGATTATTTTTGTT
TTGGAAAAGATATCATTGCGCCAGCAAATGGTACAGTTGAAAAAGTAGTGAATGGGGTT
CAAGACAACAGTATTGGAAGTACGAATGAATCACAGTTTTTAGGAAATTATATTGTAATT
AAGCACGCAGAAAATGAGTATAGCTTAATAGCTCATTTACACCAATATTCAATCATTGTG
AATGAGGGGCAAATGTTAAATATGGTGATATCATTGGGAAGGTTGGGAATTCTGGCAAT
TCTACTGAACTTCATATACATTTTCAAGTAATGAATGATAAGAATATTGAAGCATGTACA
TCTTTAAAATTCGATTTATAAATAATCGAGAACTTATCAAAGGGGATGTGGTCTGCGGA
TTACAAGCTGAATGA

> txbi_hysA

Function: bidirectional rho-independent terminator of hysA

Best match: txbi_hysA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2345517:2345579]RC

Position: 056-contig_190_RC: 105798 ... 105828; Length: 30 bp

Sequence:

GCGATACTTATAAAATCTCGACACTATAAA

> hysA

Function: protein coding sequence; hyaluronate lyase-locus unknown

Best match: hysA-CC772_ref_CC001-ST772_118_AJGE0100021.1[105793:108216:r]RC

(completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 105855 ... 108279; Length: 2424 bp

Sequence:

TTATTTAGTTAATTCAAAGTGCACGCCGGATTATTAGAAAGTCGACGTATTTTTGTTTGTA
ATAGAGTAACCGGTCATTGAAATTTTAGATTCAATATCTGAAGCGGAATTTGTAGATTCA
GGATTATAGAAGCTACATTCATAAGTGTATCATCTTTCTTTTAAGTATAAACATACCTT
TGGCTTTAACTTCGACTTTAGTGTGTTAATGTCAAAGTTTGAGTGTCTACTATAAATT
AACACCAGCCCAAACCGATTATTATCTTTCACAACGTGGAAGTCATCTTCTTGCTTAACG
ACAGTTACTTCATCTTTTTTTGTCTTAAAGACATCTTTAGATAAGCCTGGATACAACACAT
ATCCATATTTATTGTCAGAATTAGAATGCTTTTGAGTTACTTCATAATACTCATCAGTTTTT
TGTGTATCCTTTGACTTTTATTTATTTCTTTCCACTTACCAGTATGACTTTCTTTTTTACA
GTTATTTTCGGTTTGTTTAAAAAATGATAACCGATGTTCTTTTTGGTATCTGTGGACTCTA
AAAAGACTGAATTGTTTCCTGATTATCAGAATTGGTTGTTTGTATCGTCTGTATATAA
CGTATACCCATTTCGCTTTGCGATTTTCAATCGTTGTAAGTGGATTCTTTGATGAATCAGTA
CTTTAATGCCAGTTCCTAAGAAGACAATTTTATCGTTTAAATATGAAATATGATTTTTTGG
CAGTTAAAGTTTTGTCCTGATTTTCAAATCCATTCCGATACTAGCATGTTGGTCATCAAC
TTTTGTTCCGCCAACAAAAGTTTTACTCGACTTTTTATCATCCGTATCTTTAATATTTTAT
TGCTAAAGTTGTTGTACCTGATAAACGTTTCATATCGGCTGTCACCCAGAAGTTATCACG
ATAGTGTGACATCGCTGTTATATAAATAAGACATTCCAGCACCAGTGTGCCAACCTTTT
AAATTCTCTCCGTTGATACTTTTATAGCGTGCTACGTTTTTTCGACGTCATACTTAAACCAA
ATGCAAAGTCTAAGTCTTTGTTATGATAGGTGACACGATCCATGTCATTATATATTTAAG
TTGTTGTGTTAATCCATTTTTAGAAATACTGTTATCTGTCATTAAAGACTTCATTTTATCTA
TGTCGGAATATGAATTTAAATAATCATTTTGTTTATAACTTGAATCTGACTCTACTGAAGA
TTTGACAATCTTTTATACTTAGCTTTTGTGTAATCATCCATGGCATCACTTAATCTCAACA
ATGATTTTCACTGTTGCAGATGCTGAGTGACTGGTTTCATTTTACGACTGATAGCTCT
ACCTCGTGATAAATCCATCATTTTACCTTTATAAATGAGTGGCATAAATCCGTCGTCAATC
CATGACTTTAAGGTTGTATCATTTTGGGTTTTATCATTAAAGGTGTTTCTTTTATCATCGG
CATCATTTGAGAAATCCCCTCTAAGAGTACAACGCCATAAGCACCAGTGTATGGAACGTC
TTGATGATCAATGTAAGAGCCATCTTTATAAATCCATTACGTTCTTTACCAGTGGCAGAA
TCTTGAACGTAAGTGAAGACTTTATTAATGAATCTATAGACTTTTTTTCATCATATCTTTAT
CTTCTTCGATAAATACATTCTAAAAGTTTACCTTAGAAATGTCTACTAGATTTCCGCCTTT
AGCAAGTTCAGCTTTTCTACAGAAGATAATTTTTGTCACTATCTGGGGCGAAAGTTTTTA
ATAGGGGCAGTGAATTTTTTCTTTTCTTATTGAAAATTGATCATTTCAGCAATATAAGCG
TATTTGTTAATGCTCTAGGTGTTCCAATTTTATAATCCACCAATTTAAATTGGTATTTCTA

GAAGTTTTATTTTTAAAGTTTGAGGTCAAATCAGCAACTTTTTATCTGGTCTTTTCCATA
TGCATTTTTATGCAGCCACTCAAGGGCATCTTTCACCTTCTTCTTGTTCATCTGTTTTA
ATTTAGTATCTTTATGCTTCATCGCTTCTGCGATTTTCTCAATATTACGATAGGTACGAGTC
ATATCCGCAGACTTCGTATCTAAATCTTTTTCGTTTTCCACAAGTAAGTCCTTCCACTTTC
AGTTTTCAATTCCTTGAGTAATTTCTCTGCCTCTTCTCCGTAGCATCAAACCTTCTTCTCA
TATCTGGATTATTCTCATCATACTTATCATAACCATAGTTAACGTCCAACCATGTGTTTCT
CAACTTTTCATAATCTGGCGTTTGAACATTTCGTATCAGCCACAGCGATTTGATGTTTATCA
ATACTTCTGAATTCACCACCATTCAAAGTAATCACTCCGGCCATTAATAACGTAATGGTG
GATAATTTTTGCCATTTCTTCATTTTATATGTCAT

> **lacR**

Function: protein coding sequence; lactose phosphotransferase system repressor (core genome, constant)

Best match: lacR_CC001-ST772_118_AJGE01000021.1[112450:113205] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 112512 ... 113268; Length: 756 bp

Sequence:

TTGAATAAACATGAACGTTTGGACGAAATTGCTAAACTAGTGAATAAAAAGGGCACGAT
AAGAACGAATGAAATCGTCGAAGGTTTAAATGTGTCTGATATGACAGTTCGAAGAGATTT
AATTGAGTTGGAAAATAAAGGGATTTTAAACGAAGATTCATGGTGGTGCACGCAGTAATTC
AACATTTTCAGTATAAAGAAATATCGCATAAAGAAAAACATACCCGTCAAATTCAGAAA
AACGATTTATAGCTAAAAAAGCTGCATCATAATTGAAGATGGGGATACTTTGTTTTTCG
GACCAGGAACAACAGTGGAACTATTAGCAGAAGAAGTCAATCATCATAACGCTCACAATT
ATTACGAATTGTTTGCCGGTGTATAAAATTTGTTAGAAAAACAACAGCACATTTTCGT
GTCTATTTAATTGGTGGTGAATGCGCCATATTACAGAAGCATTGTAGGTGAAATGGCG
AATGCCATGTTGGAAAACTAAGATTTAGCAAGATGTTCTTTAGTAGTAACGCAGTAAAT
AAAGGTGCTGTGATGACATCTACATTAGATGAAGCCTATACGCAACAATTGGCACTAAGT
AATTCAATTGAAAAATACTTGTTAATCGATCATAACGAAAGTTGGCAAAGAAGATTTTACA
TCATTTTGTGAGTTAAACGAATTGACTGCAGTGGTCATGGACTATGAAGATGAAGAAAAA
GTAGAAACGATTAACATATATTGAAGTAGTCGACTAA

> **tx_lacR**

Function: rho-independent terminator of lacR

Best match: tx_lacR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2338801:2338867:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 113293 ... 113360; Length: 67 bp

Sequence:

AATATGTATCTATATGCTCATAAGTGAATGTGAATTTGCATTCATTTATGGGTTATTTTTT
GCAA

> **lacA**

Function: protein coding sequence; galactose-6-phosphate isomerase subunit A (core genome, constant)

Best match: lacA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2338098:2338526:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 113634 ... 114063; Length: 429 bp

Sequence:

ATGGCGATTATTATTGGTTCAGATGAAGCTGGCAAACGATTAAGAAGTCATCAAATCA
TACTTATTAGACAATAAATATGATGTTGTTGACGTAACAGAAGGACAGGAAGTTGACTTT
GTTGATGCAACTTTGGCTGTAGCAAAAAGATGTTCAAAGTCAAGAAGGTAACCTAGGTATT
GTTATCGATGCATTTGGTGCAGGTAGCTTTATGGTTGCTACAAAAATCAAAGGCATGATT
GCTGCTGAAGTATCAGATGAACGCTCTGGATATATGACTAGAGGCCATAACAATTCAAGA
ATGATCACTATGGGATCTGAAATTGTTGGAGACACATTAGCGAAAAATGTCGTTAAAGGT
TTTGTGAAGGTAATAACGATGGTGGTAGACACCAAATCCGCGTAGATATGCTTAATAAA
ATGTGCTAA

> **lacB**

Function: protein coding sequence; galactose-6-phosphate isomerase subunit B (core genome, variable)

Best match: lacB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2337567:2338082:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 114078 ... 114594; Length: 516 bp

Sequence:

```
ATGAAGATTGCATTAGGATGCGACCATATTGTTACAGATACAAAAATGCGTGTATCTGAA
TTTTAAAATCAAAAGGACATGAAGTCATTGACGTAGGAACATACGATTTTACAAGAACA
CATTATCCAATTTTTGGTAAAAAAGTTGGCGAACAAAGTTGTTAGCGGTAATGCAGACTTA
GGTGTGTTGATTTGTGGAACAGGTGTTGGTATTAACAATGCTGTAATAAAGTACCTGGC
GTTTCGTTACGACTAGTACGTGATATGACATCAGCGTTATATGCTAAAGAAGAATTAAT
GCGAACGTTATTGGCTTTGGTGGACGTATTATAGGTGAGTTATTAATGTGCGATATTATCG
ATGCATTTATTAACGCTGAATATAAAGCAACTGAAGAGAACAAAAAATTAATCGCTAAA
ATTAACATTTAGAAACAAGCAATGCAGATCAAGCTGATCCACATTTCTTTGATGAATTC
TTAGAAAAATGGGACAGAGGCGAATACCACGATTA
```

> lacC

Function: protein coding sequence; tagatose-6-phosphate kinase (core genome, variable)

Best match: lacC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2336622:2337554:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 114606 ... 115539; Length: 933 bp

Sequence:

```
ATGATTTTAACTTTAACATTAATCCATCCGTTGATATTTTCATATCCATTAACAGCATTGA
AATTAGATGATGTTAATCGTGTTCAGAAGTAAGTAAAACAGCTGGTGGTAAAGGTTTAA
ATGTAACAAGAGTACTTGCACAAGTAGGCGAGCCAGTCCTTGCAGTGGTTTTATTGGCG
GTGAATTAGGTCAATTTATTGCTAAAAAATTAGATCATGCCGACATCAAGCATGCATTTT
ATAACATTAAGGGTGAAACACGAACTGCATTGCAATTTTACATGAAGGGCAACAAACA
GAAATTTTAGAGCAGGGACCGGAGATTGATAATCAAGAGGCTGCAGGATTTATTAACA
TTTTGAACAATTATTAGAAAAAGTTGAAGCAGTTGCTATTTTCAGGTAGCTTACCTAAAGG
ATTAATCAAGATTATTATGCACAAATTATTGAACGATGCCAAAACAAAGGTGTGCCTGT
GATATTGGACTGCTCGGGTGCAACTTTGCAAACAGTTTTTGAAAAATCCATACAAACCAAC
AGTCATTAACCAAACATTTCTGAACATATCAATTGCTTAACCAGCCACTTGATGAAAG
TTAGAAAAGTTTGAAACAGGCAGTGTCAACCCCTTATTCGAAGGGATTGAGTGGATTAT
TGTGTCTTTAGGTGCACAAGGTGCATTCGCTAAGCACAATCATACTTCTATAGAGTGAA
TATCCGACAATAAACGTATTAATCCGGTTGGTTCAGGTGATTCTACAGTTGCTGGAATT
ACTTCAGCAATTCTCAATCATGAAAACGACCACGATTTACTAAAAAAGCTAATACTTTA
GGCATGCTGAATGCGCAAGAAGCACAAACAGGATATGTCAATTTAAATAATTATGATGA
ATTATTCAATCAAATTGAAGTTTTAGAGGTGTAA
```

> lacD

Function: protein coding sequence; tagatose 1,6-diphosphate aldolase (core genome, variable)

Best match: lacD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2335638:2336618:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 115542 ... 116523; Length: 981 bp

Sequence:

```
ATGTCAAAATCTAATCAAAAAATCGCATCAATTGAACAATTAAGTAATAACGAAGGTATC
ATTTCTGCATTAGCATTGACCAACGTGGTGCTTTAAAACGAATGATGGCTAAACATCAA
ACGGAAGAGCCAACTGTCGCTCAAATTGAACAATTAAGTATTGGTTGCGGAAGAATT
AACACAATATGCGTCTTCAATTTTATTAGATCCAGAATACGGTTTACCAGCATCTGATGCA
CGTAACAAGATTGTGGATTATTGCTAGCTTATGAAAAAACTGGTTATGACGTAATGCT
AAAGGTCGTTTACCTGACTGTTTAGTAGAGTGGTCTGCAAAACGTTTAAAAGAACAAGGT
GCAAATGCTGTTAAATTCTTACTTTACTATGATGTTGATGATGCTGAAGAAATTAACATTC
AAAAGAAAGCATAACATTGAAAGAATCGGTTTCAAGATGTGTTGCAGAAGACATTCCTTTCT
TCTTAGAAGTATTAACATACGATGACAACATTCCTGATAACGGTAGTGTGAAATTCGCAA
AAGTTAAGCCTAGAAAGGTTAACGAAGCAATGAAATTATTCTCAGAACCACGCTTTAATG
TTGATGTATTGAAAGTTGAAGTACCAGTAAACATGAAGTATGTAGAAGGCTTTGCTGAAG
GTGAAGTGGTTTATACAAAAGAGGAAGCGGCACAACACTTTAAAGATCAAGATGCAGCA
ACTCATTTACCATACATTTACTTAAAGTGTGCTGGTGTCTGCGGAATTATTCCAAGAACTT
```

TAAAATTTGCTCACGAAGCTGGTGCTAAATTCAACGGTGTACTTTGTGGCCGTGCTACAT
GGTCTGGTGTGTTCAAGTATACATTGAACAAGGTGAAGATGCTGCTCGTGAATGGTTAC
GTACAACTGGTTTCAAAAATATTGATGACTTAAATAAAGTATTA AAAAGATACTGCGACAT
CTTGAAACAAAGAAAATAA

> **lacF**

Function: protein coding sequence; lactose-specific phosphotransferase enzyme IIA component (core genome, variable)

Best match: lacF_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2335305:2335616:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 116544 ... 116856; Length: 312 bp

Sequence:

ATGAATAGAGAAGAAGTCCAATTATTAGGTTTTGAAATTGTTGCATTTGCAGGGGATGCA
CGTTCTAAGTTTTTAGAAGCATTGACAGCAGCTCAAGCTGGAGATTTTGCAAAGCAGAT
GCATTGATTGAAGAAGGAAACAATTGCATTGCTGAAGCGCATAGAGCACAAACAAGCCT
GTTAGCTAAAGAAGCGCAAGGTGATGATATTGCATACAGTGTAACGATGATGCATGGTCA
AGACCATTTAATGACAACAATTTTACTGAAAGATTTAATGAAGCATTTATTAGAATTTTAT
AAAAGAGGGTGA

> **lacE**

Function: protein coding sequence; PTS system lactose-specific EIICB component (core genome, variable)

Best match: lacE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2333587:2335305:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 116855 ... 118574; Length: 1719 bp

Sequence:

ATGACAATGATGCAAAAATTGATCGCACAAATTGAAAAGGGGAAGCCATTTTTTCGAGAA
ATTATCACGTAACATATATTTAAGAGCCATCCGTGATGGATTTATTTCTGCAATGCCTGTC
ATCTTATTCTCAAGTATCTTTCTATTAATTGCATACGTGCCAAATATATTTGGTTTTAAATG
GGATAAAGGCATGGAAGCCATTTTAATGAAACCATATAACTATACGATGGGGCTTGTAGC
ATTTTTAGTAGCAGGAACGACAGCGAAATCTTTAACAGATTCATTTAACCGTAAGCTAGA
AAGTACAAATCAAATTAACCTTTATTTCTACAATGCTAGCAGCGATGTGTGGATTCTTGTC
TTAGCTTCTGATCCAGCCAAAGATGGTGGATTCTTAAGTGCATTTATGGGAACTAAAGGT
TTATTAACAGCATTTTTATCAGCATTTGTAAGTGTATTGTTTATAACTTCTGTGTGAAGCG
CAATATTACAATTA AAAATGCCGAAAGAAGTACCGCCGAATATTTCAACAAGTATTTAAGGA
CTTAATTCATTTTCAGCGGTAATCATCATTCTTTATGCATTAGATTTAGTCATTTCGCAAC
AGCTTTAAATCAAATGTAGCGGAAGGTATTTTAAAATTATTCGAACCATTATTTACAGCA
GCAGATGGATGGATTGGTGTCAACAATTATCTTTGGTGCCTTTGCATTATTCTGGTTTTGTAG
GAATTCATGGTCCATCAATAGTAGAGCCAGCAATTGCAGCCATTACATATGCGAATATCG
AAGCGAACTTCAAGTTGCTTCAAGCTGGAGAACACGCAGATAAAAATTATTACATCAGGTA
CACAAATGTTTATCGTTACTTTTGGAGGTACGGGTGCAACATTGGTCGTCCCCTTCATGTT
TATGTGGATGACGAAATCTAAACGAAACAAGCGATTGGACGTGCATCAGTTGTACCAA
CATTCTTTGGTGTAAACGAACCAATTTTATTTGGTGCACCACTAGTATTGAATCCTGTGTT
CTTTATTCCATTTGTATTAGCACCAATTGTTAACGTATGGATTTTCAAACCTTTTCGTTGAAG
TGTTAGGAATGAATAGTTTTAGTGTAATTTACCTTGGACAACACCAGGTCCATTGGGCA
TTATCATGGGTACAGGTTTTGGTTTTATGGTCATTCGTAAGTACTAGCTATTACTTTGATTGTTGTA
GATATTATTATTTACTACCCATTCCATAAAGTTTATGATAGTGAAATTCCTTGATGAAGAAG
AAGGACGTAAAGAAAGTAATTCAGATTTAAAAGAAAAAGTTGCAGCAAACCTTTGATACG
AAAAAAGCTGATTCAATTTTAGCGCAAGTGGTGTATCAGACGATGCAGCTAAAGCTTCA
AATATCACAGAACAACAATGTCTTAGTACTTTGTGCCGGTGGTGGTACAAGTGGATTA
TTAGCCAACGCACTTAATAAAGCAGCTGAAGAATATCATGTGCCAGTGAAAGCAGCAGC
TGGCGGATACGGCGCACATATGGACATTATGAAAGAGTACCAATTAATCATTTTAGCGCC
ACAAGTTGCGTCTAACTATGAAGATATTAAGCAAGATACAGATAGATTAGGTATTAAT
AGCGAAGACTCAAGGTGCTGAATATATCAAATTGACACGAGACGGCCAAGCAGCCCTTG
ATTTTCGTTCAACAACAATTTGAAAATTA

> **lacG**

Function: protein coding sequence; 6-phospho-beta-galactosidase (core genome, variable)
Best match: lacG_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2332157:2333569:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 118591 ... 120004; Length: 1413 bp

Sequence:

```
ATGACTAAAACATTACCTGAAGATTTTATTTTTGGTGGAGCAACAGCAGCATATCAAGCA
GAAGGTGCGACAAATACAGATGGTAAAGGTCGTGTTGCATGGGATACGTATTTGGAAGA
AAACTATTGGTACACTGCAGAACCAGCGAGTGATTTTTATAACAGATATCCAGTGGATTT
AGAATTAAGTGAAAAATTTCGGTGTAAATGGTATCCGTATTTCAATTGCATGGTCACGTAT
CTTCCCAAATGGATATGGCGAAGTTAACCCCTAAAGGTGTTGAGTATTACCATAAGTTATT
TGCAGAGTGTCTATAAACGTCATGTTGAACCATTTGTAACATTGCATCATTGATAACCA
GAAGTGTTACACAAAGATGGCGATTTTCTAAATCGTAAAACGATTGACTACTTTGTAGAT
TATGCTGAATATTGTTTTAAAGAATCCCGAAGTAAAATATTGGACTACATTC AATGAA
ATTGGACCTATTGGTGTATGGTCAATATTTAGTAGGTAAATTCCCTCCAGGTATTAATATG
ATTTTGAAAAAGTTTTCCAATCACATCACAATATGATGGTTGCTCATGCAAGAGCAGTAA
AATTATTTAAAGATGGCGGCTATCAAGGAGAAAATTGGTGTGTACACGCATTGCCAACAA
AATATCCGTTTCGATCCATCAAATCCTGAAGATGTTTCGTGCAGCAGAATTAGAAGATATCA
TCCATAATAAATTCATCTTAGATGCAACATATTTAGGTAAAGTATTCTCGTGAAACGATGG
AAGGTGTGCAACATATCTTATCTGTTAATGGCGGTAATAATAATTACAGATGAAGATT
ATGCCATTTTAGATGCAGCCAAAGATTTAAACGACTTCTTAGGTATCAATTACTACATGA
GTGACTGGATGAGAGGTTACGATGGAGAATCTGAAATCACGCATAATGCGACAGGTGAT
AAAGGCGGTTCTAAATACCAACTTAAAGGTGTCGGACAACGTGAATTTGATGTGACGTA
CCTCGCACAGACTGGGACTGGATGATCTATCCTCAAGGTTTATATGATCAAATCATGCGT
GTTGTTAAAGATTATCCTAACTATCACAAGATTTATATCACTGAAAATGGTTTAGGATATA
AAGATGAATTTATTGAATCTGAAAAAACAGTTCATGATGATGCACGTATTGATTATGTAA
GACAACATTTGAACGTTATTGCAGATGCTATTAAGATGGTGCAAATGTTAAAGGTTACT
TTATTTGGTCATTAATGGATGTGTTCTTGGTCAAATGGTTATGAAAAACGATATGGTTT
ATTCTATGTGCGATTTTGAGACTCAAGAACGTTATCCTAAGAAAAGTGCTTATTGGTACAA
AGAGTTAGCCGAAACAAAAGAAATTAATAA
```

> Q5HE19

Function: protein coding sequence; putative zinc binding alcohol dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: Q5HE19_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2328501:2329508:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 122652 ... 123660; Length: 1008 bp

Sequence:

```
ATGAAAATGATAGGATTTGAAAAGCCCTTTAAATTGGAAGAAGGAAATTTATTTAAAGTA
TACGAACAAAGAAAGCCAACGCCAGAAAACGATGATATCTTAGTCAAAGTAAATAGTAT
TAGTGTAATCCTGTAGATACAAAACAACGTCAAATGAAAGTCACTCAAGCACCTCGTGT
ACTTGGGTTTGATGCTATTGGTACTGTTGAAGCTATCGGACCAGACGTTACATTATTTAGT
CCGGGTGACGTTGTATTTATGCTGGATCGCCAAATAGACAAGGATCAAATGCGACATAT
CAATTGGTGTGAGAAGCTATAGTTGCAAAGGCACCACACAACATAAGTGCTAATGAAGC
GGTTAGTCTACCGCTAACTGGTATTACGGCATATGAAACGTTTTTTGATACATTTAAAT
TCACATAATCCTTCTGAAAATGTAGGTAATCCGTGTTAATCATTAAATGGTGCCGGTGGT
GTAGGCAGTATAGCCACTCAAATTGCTAAACGGTATGGTTTAACTGTCATTACAACAGCA
TCACGACAAGAAACAACAGAGTGGTGTGAAAAGATGGGCGCAGATATCGTATTGAATCA
TAAAGAGGATTTAGTGCGTCAATTTAAAGAAAAAGAAATTCATTAGTAGATTATATATT
TTGCACTTATAATACAGACTTGTATTACAATACTATGATTGAACTGATAAAACCATTAGG
GCATATTACGACTATCGTAGCTTTTAAATGAAGATCAAGATTTAAATGCATTTAAATTTAA
AAGTATAACATTTACACATGAATTTATGTTTGC GCGTCCAATTCATCGAACGCCTGATATG
ATTAACAACATGAGTATTTAGAAGATATTACGAAAAATATAGAATTAGGGCATTACCAA
CCAACAACGACACAAGTTTTTGAAGGTTTATCACCTGAAAACCTTATATCAAGCACATCAA
TTGTTGAAAAACAATCAATGATTGGGAAATTAGTAATTAATATATAG
```

> opuD2

Function: protein coding sequence; glycine betaine transporter 2 (core genome, variable)

Best match: opuD2_CC005_N315_BA000018.3[2257131:2258693:r]

Position: 056-contig_190_RC: 123967 ... 125530; Length: 1563 bp

Sequence:

```
ATGAAAAATAAATCAGTAAGTCTAGTGTGTTTTGGGTATCTTTAGTGATATGTACGATATTTG
TTGCTTTTGGAGCAATATTTCCGAAACAATTAGAAAAACTCACGCAAAACATTACTACAT
TTATTGCGCTACATTTTTCTTGGTATTATTTATTGCTCGTTTTAGTTATTTTTATTTGTCTGTG
TGTATATTTTTATTTTCGAGATACGCAAACATTACATTAGGTGAAGAAGGCGAAGATCCTG
AATTCTCATTGCCGTCTTGGTTTGTCTATGTTATTTAGTGCTGGTATGGGAATAGGACTTGT
GTTCTGGACAACGGCAGAACCAATCAGTCATGCCTTCAAATTAACGCCTATTCATAAAGC
TGGCACGCAATCTGCAATTAATGATGCAATGCAGTTTTTCATTTTTCCATTGGGGGATTCAT
GCATGGGCAGTCTATGGTATTGTCTGCGCTTGTGTTTGCATATTTTAGCTTTCATAAAGGAT
ATCCTGGCTTAGTCAGCGCTACATTGACGCCTTTATTAGGTGAAAAGGCAATGCGTGGAC
CTTTAGGTGGTGCCATTGATGTATTGGCAGTCATAGCTACAGTAACAGGCGTTGCTGCAA
CATTAGGTTTTCGGTGCATTGCAAATAAACGAAGGTTTACATTTTTTTATTTAATGTACCGAG
TAACTTCACGATGCAAGTAATCTTGATTGTCATTGCAACCATATTATTTACTTGGTCAGCA
TGGTCAGGTATCGATAAAGGTATCAAAACGTTGAGTAATATCAACATGTTACTTGTCTTT
GTAGTACTTATTGGTCTTTTTATTGTTGGGCCAACGCTTTACATTTTAAATACATTTACAA
ATGGTCTAGGTAATTATATTGCAAATTTCTTTAGTATGAGTTTAAAGTATCCGTCAGGCGG
TCAAAAATTCCAATGGTTACAAAATTGGACAATCTTTTACTGGGCATGGTGGATATCTTG
GGCACCATTTGTAGGTATATTTATTGCACGTGTGTCAAAGGACGTACGATTAAAGAATT
TATTCTAGGTGTACTTTTTGTCCCGCGTTAGTTTGTCTTTATATTCTTTGCGGTATTCGGCG
CGTCAGCAATTTACTTACAAGATAATCATATTGCCGATATTGCTAAAGCAGCGACAGAAA
CAGCAACTTTTGAACGCTACAACATTACCCACTAGGTTTTGTATTAAGCTTAATTACTTT
ACTTGTTATTATGATTTTTCTTTGTTACATCAGCGGATTCGGCAACTTATGTTTTAGGTATGT
TGAGTTCAAGAGGTGATATTAATCCGAAGTCATTGTCAAAGTGAGTTGGGGTATCATTAA
TGGCATTATTTGCAATTATCATGATCTACACAGGTGGTACTCAAGCGATTCAAAAATTTATT
AATCATTGCTGCGTTACCATTTTCCGTGGTCATTATAGCGATGATATGGTCGCTTTTAAAA
TCTTTAAGTGAAGAAAACCTAGAAATAGTAATAAGGTTTTAATTAACATCGTGACCCA
GATATTTTAGAATATCGTTCTTCAAAACATATTGACGAAAATTA
```

> **asp23**

Function: protein coding sequence; alkaline shock protein 23 (core genome, variable)

Best match: asp23_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2325096:2325605:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 126555 ... 127065; Length: 510 bp

Sequence:

```
ATGACTGTAGATAACAATAAAGCAAAACAAGCATAACGACAATCAAACCTGGTGTAAACGA
AAAAGAAAGAGAAGAGCGTCAAAAACAACAAGAACAAAATCAAGAGCCTCAATTCAAA
AATAAATTAACTTTCTCTGATGAAGTTGTTGAAAAAATTGCTGGTATCGCTGCACGTGAA
GTTAAAGGTATCTTAGACATGAAAGGTGGCTTAACTGATACATTCACTAATGCATTCTCA
AGTGGAATAACGTTACTCAAGGTGTATCTGTTGAAGTTGGTGAAAAACAAGCTGCTGTA
GACTTAAAAGTAATTTTAGAATATGGTGAATCAGCACCAAAAATCTCCGTAAAGTAACT
GAATTAGTTAAAGAACAAGTTAAATATATTACTGGTTTAGATGTTGTTGAAGTTAACATG
CAAGTTGATGATGTAATGACTCAAAAAGAATGGAAACAAAAACACGAAAAAATAATGA
AAACAATAACCAAGAAAGACAAGGTTTACAATAA
```

> **tnpIS1**

Function: protein coding sequence; transposase for IS1

Best match: tnpIS1_trunc_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2269234:2269265]RC

Position: 056-contig_190_RC: 133418 ... 133450; Length: 32 bp

Sequence:

```
TCAAATTAAGTGCAACAGTTCGTCACATAAAA
```

> **htsA**

Function: protein coding sequence; iron compound ABC transporter/iron compound-binding protein (core genome, variable)

Best match: htsA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2317468:2318451:r] (completely identical)
Position: 056-contig_190_RC: 133709 ... 134693; Length: 984 bp

Sequence:

```
ATGAGAGGTCTAAAACTTTTAGTATATTGGGATTAATAGTTGCCTTACTTTTAGTTGCAG
CTTGTGGTAATACGGATAATTCAAGTAAAAAGAATCATCAACTAAAGATACTATTTCCG
TAAAAGATGAAAATGGTACAGTAAAAGTACCTAAAGATGCAAAACGTATCGTTGTATTA
GAGTACTCATTTCGAGATGCATTAGCAGCATTAGACGTTAAACCAGTTGGTATTGCTGAT
GATGGTAAGAAAAACGTATCATTAAACCAGTTAGAGAAAAAATTGGGGATTATACTTCT
GTAGGTACACGTAAACAGCCAACTTAGAGGAAATTAGTAAATTAACCCGGATTTAATT
ATCGCTGATAGCAGTAGACATAAAGGTATTAATAAAGAATTAACAAAATTGCACCAAC
ATTATCATTAAAGAGTTTTGATGGAGACTACAAACAAAATATTAATTCGTTCAAAAACAA
TGCTAAAGCTTTAAATAAAGAAAAAGAAGGCGAAAAACGTCTTGCTGAGCATGATAAAT
TAATCAATAAGTATAAAGATGAAATTAATTTGATAGAAATCAAAAAGTGCTTCCAGCAG
TAGTTGCTAAAGCTGGTTTATTAGCACATCCAACTATTCATATGTTGGACAATTTTTAAA
CGAACTAGGATTTAAAAATGCATTAAGTGACGATGTAACAAAAGGTTTAAAGTAAATATT
GAAAGGACCTTACTTACAATTAGACACTGAACATTTAGCTGATTTAAATCCAGAGCGTAT
GATCATTATGACAGATCATGCTAAAAAAGATTCTGCTGAATTCAAGAAGTTACAAGAAGA
TGCAACATGGAAAAAGTTGAATGCAGTTAAAAATAATCGCGTGGATATTGTTGACCGTGA
TGTTTGGGCAAGATCTCGTGGCTTAATTTCTTCTGAAGAAATGGCTAAAGAAGCTTGTGA
ATTATCAAAAAAGAACAAAAGTAA
```

> htsB

Function: protein coding sequence; iron compound ABC transporter/permease protein (core genome, variable)

Best match: htsB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2316425:2317456:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 134704 ... 135736; Length: 1032 bp

Sequence:

```
ATGGCTATAAAAGAAATAAGTAGCCAATCTGCCATAGATCATAAAAGAAAAAGACGCAC
AACACTCACGTATATAGTGAGTTTGTGCTTTCTTTTTATTTGTATATATTTAAATATGGCG
ATTGGTTCTTCGAAAATTAATTTTAGCGATATCATTCACTATGTTACTGGTCATACAGATA
CGAAAGCAACGTTTTTATTGCATAATGTACGTATGCCAAGGATGATTGCAGGGTTATTTA
TTGGCGGTGCATTAGCGGTATCTGGTTTGTAAATGCAAGCAATGACACGCAATCCGCTAG
CATCACCTAAAATTTTTGGTGTGAGTTCTGGTGCATCGTTTTTCATTGTATTTGTGACGATT
ATCATTCCATCATTAGAATATTATGCATTATATTTAGGTGTGATAGGTGCATTTATAGGTG
GTTTAACTGTTTATACACTTTCAGGTGCTACGAAAGGTATGACACCCATTAATTTAGCATT
GGCTGGTATGGCCATCCATTTGTTTTTTAGTAGTATGACTGAAGGTATTATTATTTTGAAT
GAGAATTCAAACGAACAAGTGATGTTTTGGCTTGTGCGTTTATTATCCAGTATGAAGTGG
GATGAAATTTTAAACCATTTTACCATGGATTATTGGTGTCTTAATTGTAACGATTTTTATTG
GACGTCAACTAACGATTATGGAAGTACGATGACATTGCTAAGGGATTGGGTCAAAAT
ATAAATAAAGTTAGAATTATCATTGGGCTATTAGTCATTATTCTTACAGGTATGTCGGTGT
CAGTGGCAGGACCAATTGGATTTGTTGGCTTAATCGTACCGCATATAGTCAAACGCTATG
TGAGTAAGAATTATTTAGTCATGATTCCATTAACATTTATTATAGGTGCAGATTTGTTACT
ACTATCAGATGTATTAAGTCGTTTAATCACTTATCCTTACGAATCACCTGTAGGTATTGTG
ACATCATTTCGTAGGTGCATTTACTTCTTATTTATAACGATTAAGGGGTGAAAAGAATA
TGA
```

> htsC

Function: protein coding sequence; iron (Fe³⁺) ATP binding cassette transporter/membrane protein (core genome, constant)

Best match: htsC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2315460:2316428:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 135732 ... 136701; Length: 969 bp

Sequence:

```
ATGATGACAACGAAAATTATACGTCGTTATAGTTTAAATCACAATCCTTTTTAATTGTGAGTA
TATTCATAAGTTTATGTGTAGGGTCTGTCATGATTCATCCGATTGATGCTATTAAGGGAAT
CTTACACAAGATGATTTTATTTAAATGAGTATCGTATACCTAGAACATTACTTGGTATT
```

ATTATCGGTAGTAGCTTGGCTATATCAGGTGCAATTATACAAGCTGTAATAAGAAACCCG
TTAGCCTCACCTGATGTTATAGGTATTTCTAAAGGTGCCAGTTTAGCTGCTGTAATTATTA
TTATGATCTTTCCAACAGCACCATTGTTTGTTTTACCTATAGGTTTATTCTTAGGTGCCTTT
GCAGTAAGTTTATTTTTATCATTTTTAAATTTCAAATATGATGTTAAAGGTTCAAAGCTTG
CCTTAATTGGTTTAGCAATAGGCGCAATATGTACGGCGATTGTGCAGTTCTTATTAATCAG
AAATCCACTGGAAGCAAACAAAGCGCTTGTGGTTGACAGGTAGTCTATATGGACATGA
TATGTCGAATATTTATACTATATTACCTTGGTTTTTAATAACGATACCAATCATCATTTTAT
TGAGTTATCAATTAGATGTATTGAATCTAGGTGATGCTGTTGCAACCGCACTCGGTTTAAA
AGTTAAAATATTAATAATGCTATTGCTAATTTTAGCAGTAATATTAGCAGGATCCGCAAT
TTCAGTTGTCGGTGGTATTAGCTTTTTAGGATTAATTGCACCTCATATTGCGAGACAATTA
ATAGGAAATAAAACATTACACGTTATTATCATGTCCGGGGTTAATTGGTGCTATATTGTTA
ACATTTGGAGATGGTTTAGCCCGTGGCATTATCCGCCACTGGATATTCCTGTAGGGGTTA
TCATTGCAATTATCGGTGCACCATACTTCTTAATATTATTACGAAGAATGAAATAA

> **hIII**

Function: protein coding sequence; channel protein/hemolysin III family protein (core genome, variable)

Best match: hIII_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2310900:2311583:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 140640 ... 141324; Length: 684 bp

Sequence:

ATGTCCAAATCAACTAAAAAAGTAATGACACAATCGTAGAAACATTTAAGGATATCATC
CCTTTATCATTGGGAGAAGAAATTGGTAATGCGGCATCTCATGGTGTGCAGCTTTGTTAA
CATTATTAGTGTTACCCTATGCGGCTGTGCACAGTTATATTGCACATGGTACGCTTGCGTC
TGTGAGTATGTCTATTTATGTTATTTCTATCTTTATGATGTTTATTTATCTACTATTTATCA
TTCTATGCAAAATGAAACACCTCATAAATATATTTAAGGATTATCGATCACAGTATGATT
TACGTAGCAATTTCTGGTACATATACGCCTATTTGTTAACAGTTGTAGGTGGTTGGATAG
GTTGGACAGTATTTATTTTATTATGGGGAACGACACTTTGGGGGATTTTATATAAATCCAT
AGCTGTCAAAGTTAACCAAAAGTTAAGCTTAATTGTCTATTTAGTGATGGGCTGGGTAGG
TATTATCTTGTTACCAATTATTTTATTCGCACATCATGGATATTCATATTATTCATTTTCT
TAGGTGGTGTGTCTTATAACAATTGGTGCATGGTTTTATGCACAAAAGAATAGACCATATTT
TCATATGATTTGGCATATTTTATTGTAATAGCATCACTATTGCATTTAATTGCGATCTTAT
ATTTTATGTAG

> **sdrM**

Function: protein coding sequence; multidrug efflux protein (core genome, variable)

Best match: sdrM_ref_CC005_N315_BA000018.3[2239880:2241223:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 141500 ... 142844; Length: 1344 bp

Sequence:

ATGCGATTAAAGTCAATCATAACTGTTATAGCTTTAATATTAATTATGTTTATGTCAGCGA
TTGAATCATCTATTATTTTCGCTTGCATTACCTACAATTAACAAGATTTAAATGCAGGAAA
TTTAATTTCAATTAATTTTACAGCGTATTTTATCGCATTAGTAATTGCCAATCCTATAGTGG
GAGAATTACTTTTCGAGATTTAAAATTATTTATGTGGCAATTGCAGGATTACTTTTATTTAG
TATAGGTAGTTTTATGTGTGGTTTAAAGTACTAATTTACTATGCTAATTATATCACGCGTG
ATACAAGGTTTTGGATCAGGTGATTGATGTCATTATCGCAAATTGTTCCAAAGTTAGCAT
TTGAAATCCGTTACGATATAAAATTATGGGCATAGTTGGCAGTGTGGGGTATTTTCGA
GTATCATTGGACCGCTTCTAGGTGGTGGTATATTAGAATTTGCAACATGGCATTGGTTATT
CTACATAAATATAACCGATTGCGATCATTGCCATTATATTAGTTATATGGACATTTTCAATTT
CCAGAGGAAGAAACAGTTGCTAAATCAAATTTGATACTAAAGGGCTCACGCTATTTTAT
GTATTTATTGGATTGATTATGTTTGTCTTTATTAACCAACAGCTATTACTTTTAAATTTCTT
GAGTTTTATCTTAGCTATCGTTGTGGCAATGTGTTTATTTAAAGTAGAAAAACATGTTTCT
TCACCATTTTTACCTGTGGTTGAATTTAATCGTTTCGATTACTTTAGTTTTTATAACGGACCT
TCTAACAGCTATTTGTTTAAATGGGATTCAATTTATATATTCCAGTCTACCTTCAAGAACAA
CTAGGATTATCTCCATTGCAAAGTGGATTGGTTATTTTCCCTTATCTGTAGCTTGGATTAC
ATTGAATTTTAAATTTACATCGAATTGAAGCAAACACTATCAAGGAAAGTTATTTACTTACTA
TCATTTACATTGTTACTAGTAAGTAGTATTATCATTTTCAATTTGGTATTAATTTGCCGGTACT

TATAGCATTGTGTTAATTTTGGCAGGATTAAGTTTTGGATATATTTATACGAAAGATAGT
GTAATTGTCCAAGAGGAAACTAGCCCATTACAAATGAAGAAAATGATGTCATTTTATGGA
TTAACTAAAAATCTTGGGGCATCAATAGGTTCAACAATAATGGGATATCTTTATGCGATA
CAATCAGGAATCTTTGGTCCAACTTACACAATGTGTTAAGTGCTGTTGCTGTAATTAGCA
TTGGGCTTATTGTTTTATGGGTCGTATTTTTTAAAGAACAGTCATCTCAATCAAAGAATA
G

> **sepA**

Function: protein coding sequence; staph efflux pump A (core genome, variable)

Best match: sepA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2309028:2309495:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 142948 ... 143416; Length: 468 bp

Sequence:

GTGAATTATCTTAAACATAAGTTTTATAACTTGTTAACTACAATGATTGTTCTCTTTATTTT
TGTACTTTCTGGTGCATTTTTTTAACATTTCTAGGGTTTGGTTTATATGGATTAAGTAGA
ATACTTATTTATTTTAGGTTGGGTGACTTTACATATAATAGAAGTATGTACGATAACCTAT
TATATTATGGCAGTTATATAATCTTTGGGTACTTCATCATATTTGCAGTCGAGCATTAAAT
GGATTATTTTAGAAAAATGTTGCCTGAAAATGCATATTTTAGAGGGCGGACTTTTCATTTG
ATTTCTTACACAGTTGCAACAACGTTATTTTATTTTCATTCATTTAAATTATGTTTATAT
CAATATCGATTTTTGGGTCATCATGGTTATTATAGGGTTCCTATATGTTTGTAAAGCTTCAA
TTTTACCCTGAAAGTAAAAATTTAAATAATAGAAAATAG

> **lmrS**

Function: protein coding sequence; lincomycin efflux pump (core genome, variable)

Best match: lmrS_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2307263:2308705:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 143738 ... 145181; Length: 1443 bp

Sequence:

ATGGCTAAAGTTGAATTAACAACCCGGAGACGAACTTCATAGTTGCTGTTATGTTGATT
AGTGCGTTTGTAGCTATTTTTAAATCAAACATTATTAATACAGCGTTACCTAGTATAATGA
GAGAATTAATATTAATGAAAGTACATCGCAATGGCTAGTTACTGGGTTTATGCTTGTTA
ATGGCGTCATGATACCTCTGACGGCATACTAATGGATAGAATTAAACTAGACCTTTAT
ACTTAGCGGCGATGGGGACATTTTTATTAGGTTCTATTGTTGCAGCCTTAGCTCCGAATTT
TGGAGTTTTAATGTTAGCACGTGTAATTCAAGCGATGGGTGCAGGCGTACTTATGCCCTT
AATGCAATTTACGTTATTTACATTGTTTACGTAAGAACAATCGAGGTTTTGCAATGGGACT
AGCAGGTTTAGTAATTCAATTTGCACCAGCAATAGGCCCTACAGTTACAGGATTAATTAT
TGATCAAGCGAGTTGGCGAGTACCATTTATTATAATTGTAGGAATTGCTTTAGTTGCCCTT
GTTTTCGGCTTAGTTTCAATCTCAAGTTACAATGAAGTGAAATATACGAAATTAGATAAG
CGCTCAGTAATGTATTCAACTATTGGATTCGGGTTAATGCTATACGCATTTAGTAGTGCAG
GAGATTTAGGATTTACAAGTCCAATAGTAATAGGTGCGTTGATAATAAGTATGGTTATTA
TCTATTTATTTATACGTAGACAATTTAATATTACTAATGTACTTTTTAAATTTAAGGGTTTT
AAAAATAGAACATTTGCATTATGTACGATTAGTTCAATGATTATAATGATGTCAATGGTT
GGACCTGCGCTGCTTATACCGCTATATGTTCAAAATAGTTTATCTTTATCTGCCTTGTTATC
AGGACTTGTTATCATGCCTGGTGCAATAATAAATGGTATTATGTCAGTTTTTACAGGTA
TTTTATGATAAGTATGGTCTTAGACCATTGATTTATACTGGTTTTACAATTTTAAACAATTA
CTACAATTATGTTGTGTTTCTTGCATACAGACACATCTTATACGTATTTAATAGTCGTATA
TGCAATTAGAATGTTTTAGTTTTCTTACTCATGATGCCGATAAATACTACAGGAATTAAT
TCTTTGAGAAATGAAGAAATCTCACATGGCACGGCTATTATGAACTTTGGTCTGTGTAATG
GCTGGTTCACTAGGCACAGCTTTAATGGTTACATTAATGAGTTTTGGTGCAAAAATATTTT
TATCTACATCGCCATCGCATTTAACTGCAACTGAAATTAACAGCAATCCATTGCTATAG
GGGTGGATATCTCATTTGCTTTTTGTAGCTGTGCTTGTATGGCAGCTTATGTGATAGCACT
TTTTATAAGAGAACCCTAAAGAAATAGAAAGTAATAGAAGGAAATTTTAA

> **Q1Y5S5**

Function: protein coding sequence; putative ATP-binding protein/Mrp/Nbp35 family (core genome, variable)

Best match: Q1Y5S5_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2256291:2257355:r] (completely identical)

Position: 056-contig_190_RC: 145328 ... 146393; Length: 1065 bp

Sequence:

```
TTGTTAACGGTAGATCAAGTGAAAGAATTGGTAGGAGAAATTAAGATCCTATTATAGAT
GTGCCTTTAAAAGAAACAGAAGGTATTGTTGAAGTTTCTATTAAGGAAGAAAAGAACA
TGTGAGTGTTAAATTAGCAATGGCACAATTAGGTGGTGCACCGCAATTAGATTTACAGAT
GGCTGTTGTTAATGCATTAAGAAAACGGTGCGAAAACGGTCGGTATACGATTTGAAAC
ATTGCCGGAAGAAAAGTAAATCAATTTAAACCAAAGAAGAAAATAAACCTAAAACGA
TAGAAGGCCTATTATCTCAAATAATCCAGTCGAATTTATTGCAATAGCCTCCGGTAAAG
GTGGTGTCCGTAATCTACTGTTGCAGTAAATTTAGCCGTTGCCTTAGCTCGTGAAGGGA
AAAAGTCCGATTAGTAGATGCCGATATATATGGATTTAGTGTACCAGATATGATGGGTA
TTGATGAAAAGCCTGGAATTAAGGGAAGGAAGTAATTCCAGTTGAACGTCATGGCGTT
AAAGTTATATCAATGGCCTTTTTTGTGGAAGAAAATGCGCCAGTTATATGGAGAGGGCCA
ATGTTAGGTAATGTTGACGAATTTCTTTACAGAAGTTAAATGGGGAGACATTGAATAT
TTAATACTCGATCTTCCACCTGGAACAGGAGATGTAGCTTTAGATGTTTCATACGATGTTAC
CTTCAAGTAAGGAAATTATTGTAACGACACCTCATCTACAGCAGCATTGTTGCAGCTC
GCGCAGGTGCGATGGCAAACATACGGATCATTCTATTCTTGGCGTAATTGAAAACATGA
GTTATTTTGAAGTAAAGAGACGGTAATAAAGAATATGTCTTTGGCAAAGGTGGCGGTA
CTAAGTTAGCTGATGAACCTAATACTCAATTACTTGGGGAATTACCTTTAGAGCAACCAT
CTTGAATCCAAAAGATTTTGCACCGTCAATATATCAATCAGATGATCGTCTAGGTAAAA
TTTATAGCTCGATTGCACAAAAGTTATAGCTGCTACAAATAAATAG
```

> **rrs**

Function: rRNA 16S ribosomal RNA

Best match: rrs_AC025951.19[21040:22158]

Position: 056-contig_190_RC: 146848 ... 147967; Length: 1119 bp

Sequence:

```
TTTTATGGAGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCA
AGTCGAGCGAACGGACGAGAAGCTTGCTTCTCTGATGTTAGCGGCGGACGGGTGAGTAA
CACGTGGATAACCTACCTATAAGACTGGGATAACTTCGGGAAACCGGAGCTAATACCGG
ATAATATTTTGAACCGCATGGTTCAAAGTGAAAGACGGTCTTGCTGTCACCTTATAGATG
GATCCGCGCTGCATTAGCTAGTTGGTAAGGTAACGGCTTACCAAGGCAACGATGCATAGC
CGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGAAGTGAACACGGTCCAGACTCCTACGGGA
GGCAGCAGTAGGGAATCTTCCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGAG
TGATGAAGGTCTTCGGATCGTAAACTCTGTTATTAGGGAAGAACATATGTGTAAGTAAC
TGTGCACATCTTGACGGTACCTAATCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGCCAGCAGCCG
GGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTATCCGGAATTATTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGCG
GTTTTTTAAGTCTGATGTGAAAGCCCACGGCTCAACCGTGGAGGGTCATTGGAAACTGGA
AAACTTGAGTGCAGAAGAGGAAAGTGGAAATCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGCAGAGA
TATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGACTTTCTGGTCTGTAAGTACGCTGATGTGCGA
AAGCGTGGGGATCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTG
CTAAGTGTTAGGGGGTTTCCGCCCTTAGTGCTGCAGCTAACGCATTAAGCACTCCGCCT
GGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGACCCGCACAAGCGGT
GGAGCATGTGGTTAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCAAATCTTGACATCCTTTG
ACAACCTAGAGATAGAGCTTTCCCTTCGGGGGACAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTG
TCGTCAGCTCGTGTGCTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCG
```

> **fosB**

Function: protein coding sequence; fosfomycin resistance protein (genomic island)

Best match: fosB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2458828:2459247] (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 189 ... 609; Length: 420 bp

Sequence:

```
ATGTTAAAATCTATTAATCATATATGCTTTTCAGTCAGAAATTTAAACGATTCAATACATT
TTTATAGAGATATTTTACTTGGGAAATTGCTATTGACTGGTAAAAAACTGCTTATTTTGA
```

GCTTGCAGGCCTATGGATTGCTTTAAATGAAGAAAAAGATATACCACGTAATGAAATTCA
CTTTTCATATACACATATAGCTTTCACTATAGATGACAGCGAATTTAAATATTGGCATCAG
AGGTTAAAAGATAATAACGTGAATATTTTAGAAGGAAGAGTTAGAGATATTAGAGATAG
ACAATCAATTTACTTTACTGACCCTGATGGTCATAAGCTAGAATTACATACTGGCACACTT
GAGAACAGATTAAATTATTATAAAGAGGCTAAACCACATATGACATTTTACAAATAA

> **hutG**

Function: protein coding sequence; formimidoylglutamase (core genome, variable)

Best match: hutG_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2459503:2460438:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 864 ... 1800; Length: 936 bp

Sequence:

TTATTTTAAAAAATGATGCACTAAATTAGCAACGAGCTTAGCAGTTCTATTGTCAGCGTC
ATATGTTGGATTTCATCTCAGCAATACTAAGACACCTTATCACTTGGGAATAATACG
TTTTGCTAATTCAAGAACAGTATGTGGATACAAACCTAACACTGCCGGCGCACTTACCCC
AGGCGCAAACGCACTATCAATGACATCCATACAAATCGTAAACATAATGACATCATGTT
ATGTACAAAACGTTCAATCATATCTTTAATTGTTGGTGATACGTGACTCAATAATTCATCT
GCAAAGACATAATCAATCTTTTTCTCTTTAGCATAATCAAATAAACTTTGCGTATTACCAC
CTTGAGCAATACCAAGCACTAAATAATCTGTGTTTTTCATCTTCTTCTAAAATTTGTCTAAA
GCTCGTTCCAGATGTAGATTGTTGTTTCAGCACGTGTATCAAAAATGCGCATCAATATTTATC
ACACCAATAGATTGTGTTGGATAGACTTTACGTGTTGCTAAATATTGAGCATAACGCAATA
TCATGTCCACCACCTAATAAAAATGTTTGTCTATGATTAGCAATTGACTTCGCTGCAAGCA
TAGCAAATTTCTTTTGAGTATCAATTAATTCCTCATGATCATGATAAACATTTCCGTAATC
GACTAAAGTTTCACATTGATTCAAATCCGGCAAACCTGCAAATGCTTGTTAATCGCATCT
GGTCCTTCTTTTGCACCAATGCGCCCCTTGTTTAAAGCAACACCTTTGTCAACAGCATAGC
CTAATATACCGACCCCTGATGGCATACTACTCTTTTCCAGCTTAGACAAATCTTCAAATGT
TACTGTTTGAAAATGTCTAAATTTTTTCGGGTCTGTTTCACTATCTAACCTTCCAGTCCATA
AATTTGGTTCACCTTGCTTGACAC

> **lyrA**

Function: protein coding sequence; lysostaphin resistance protein A

Best match: lyrA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2460728:2461987] (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 2089 ... 3349; Length: 1260 bp

Sequence:

ATGAAGAACAATAAAAATTTCTGGTTTTCAATGGGCAATGACGATTTTTCGTCTTCTTTGTCA
TTACAATGGCGTTATCCATTATGCTCAGAGATTTCCAGTCTATAATTGGTGTCAAACACTT
TATATTTGAAGTTACAGATCTAGCACCATTAATTGCTGCAATCATTGTATACTCGTTTTTC
AAATATAAAAAGGTCCAACCTGCAAGTTTTAAAATTCTCAATCAGCCTGAAAGTAATTGAA
CGTCTATTGCTAGCTTTAATTTTACCTTTAATTATTCTAATTATTGGTATGTACAGCTTTAA
TACATTTGCAGATAGCTTTATTTTATTACAATCAACAGGCTTATCAGTACCTATTACACAC
ATTCTGATTGGACATATTCTGATGGCGTTCGTAGTAGAATTCCGATTCCGTTCACTTAC
AAAATATTGTTGAAACGAAAATGAACACGTTCTTTGCAAGTATTGTTGTTGGTTTGATGTA
TTCAGTTTTCTCAGCAAATACAACCTTATGGTACAGAATTTGCTGCTTATAACTTCCTTTAT
ACATTCTCATTCTCTATGATTCTTGGTGAATTAATTAGAGCGACTAAAGGACGTACAATTT
ATATTGCAACGACATTCCATGCTTCAATGACATTCGGACTTATTTTCTTGTTTAGCGAAGA
AATCGGCGATCTATTTTCAATCAAAGTCATCGCCATTTCAACAGCAATCGTTGCAGTAGG
ATACATTGGTTTAAAGCTTAATTATCCGAGGTATTGCATATTTAACAACAAGACGAAACCT
TGAAGAACTTGAGCCTAATAATTATTAGACCATGTCAATGACGATGAAGAACTAATCA
TACTGAGGCTGAAAAATCTTCTTCAAATATTAAGATGCTGAAAAACAGGTGTAGCTAC
TGCATCAACGGTTGGTGTGCTAAAAATGATACTGAAAATACAGTGGCTGACGAACCAAG
CATTCATGAAGGTACTGAAAAACAGAACCTCAACATCACATAGGTAATCAAACCTGAAT
CTAATCATGATGAAGATCATGACATCACTTCGGAGTCAGTAGAATCAGCAGAATCAGTTA
AACAAGCACCAAAAGTGACGATTTAACAACGATTCAAATGAAGATGAAATAGAGCAA
TCATTAAGAAGACCTGCGACTTATAAAGAAGACAGACGTTTCATCAGTTGTAATTGATGCA
GAAAAACATATCGAAAAAATGAAGAACAATCTTCAGATAAAAAACAATAA

> **rpiA**

Function: protein coding sequence; ribose-5-phosphate isomerase A

Best match: rpiA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2404343:2405029:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 3414 ... 4101; Length: 687 bp

Sequence:

```
TTATTTTTCTAAAATTTTAACACCCTCTTGAGTGCCTACAATAACTTGATCTGCCATATCTA
AGAAGTATCCTGTCTCAAACACACCTGTCAGATGAATTAATACTCATGGAACTTATATG
GGTCAATTCCTTTTGGTAACTTACAATCTAAAATATAAATTGCCATTATCAGTTATAAATGC
GACATCTTCGTTTACACGACGTTCTACTTTTATATCAGCGTATGATTCAATTTTACGTAAT
ATGTGATAACCAGTTAAATTTATCCACCTCTACTGGTAACTTAAACGTCTCACCTAAGTATT
GAACTATTTTCGTTTCATCGACAACCACAACAAAACGCGATGCCATTTTCATCTATAACTTT
CTCTCTGAACAGCGCACACCACCGCCACCTTTAATTATATTTAAAGATGGATCTACTTCATCA
GCACCATCAATTGCTAAGTCGATATGATCAACATCATTGATTTTCACATATTTTAATACCTA
ATTCTTTTGGCTAAAATGCAATTTTATTAGAAGTGCATACACCTGTAATATTGTAACCAGC
TTCTTTAATTAGTTGCGCCATTTGAGGTAAGAGTAATTCCATTGTACTTCCTGTACCAATT
CCCAGCGTCATGTCACCATTGATTTGACTTAAAACATCATTTAATGTCATTAACCTTGAGTG
CTTTGACATCTTTCAT
```

> **galM**

Function: protein coding sequence; aldose 1-epimerase (core genome, constant)

Best match: galM_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2404505:2405524:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 5163 ... 6183; Length: 1020 bp

Sequence:

```
TTAATCATTTTCTACTTTTTCTTCGATACGGAACTTGTTTTCGAATTGAACACTTCACCAG
CTTTTAAAATTGACGGTGCTTTTTACCATATAAATTAATATCATTGGTAAAATTGTGT
TTCTAATGTAAAGCCAGAATGTGGTTTATAAATATTAATGGACTATCCCACCTCATCAGG
CTGGTTAAAAGTAAAGAACAACATGAGGCATATCTGTATCGACCTCTAACATAAATTC
ATGATTTTCAACATACATTTTATGTTCCACCACTGTAAATGGGTGATCGAGACCACAAA
ACGTGTCATTTGTTGGCTTAATTGCGCATGTTGTGATGTAAAATATCACTCAATTTTATC
TTGTTATCTTCAAACACTTCATGTAAATCTAGAATATCACCTGTAACAATATTTTCGTCAT
CTAATACATACATATCTAATTGATTACTTGAAATGCGATGATTATCAACGACATTATTATC
TCGATTCAAATTGAAGTACACATGATTCGTAGGACTAAACAATGTGTCTTCTGATGCAAC
TGCTTCGTATTCAATCGACCATTGGTGATCCGCATCATAAATATGTGTAATCGTCACATCG
ATATCACCCGGGAAATGATCATCAGCTGATTTCAACACCGTCTTAAATATAACTTTAATTT
GAGCAATTTTCATTTCTAATTTCAATAAATAACTTATTGTCCAAACCATGACATCCACC
ATGTAATGATGTTCCACCGTTGTTTTTTTCTAACTGATATTCTTTACCTTTCAACTTAAATT
TAGCATTATCAATTCTACCGCTATATCTTCCTATAGAAGCACCAAATTTAAAAGGATTACT
ATGATAAAATTCATCCGCTTCAACAACATTTCCAAGAACAATATTATTATCATGATATTTT
CAAGACACTACTCTTGCTCCATAATTCGTAAAATAATTTTAGTTTCATCATTATCAATTT
TGATTAATCTACACCTTGCTTTGGTGCTCAACTTCAACTATCAT
```

> **ynfA**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: ynfA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2407141:2407467:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 6212 ... 6539; Length: 327 bp

Sequence:

```
TCAAGCTCTGCTGGGTAGCAACACTTAAACACCTACAATACAAATGATTGCACCGAT
AACATCATATTTATCTGGCATTGTTTATCTACGACCATCGCAAAAATCAAACCTCATGATG
ATAAATACGCCACCATATGCTGCATATACTCTCCGAATGATGGAAATGATTGAAATGTC
GCAATGACACCATATAACATGAGTATCGCACCGCCTATTAGCCCAACAAGTGAAGACTGT
CCTTCCCTAAGCCACAGCCAAATCAGGTATCCCCACCTATTTACATAAGCCAGCTAAT
ATAAATATAAAAATCGGATATAACAT
```

> **gltS**

Function: protein coding sequence; sodium-glutamate symporter (core genome, variable)

Best match: gltS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2412004:2413212]

Position: 057-contig_266_RC: 11075 ... 12284; Length: 1209 bp

Sequence:

```
ATGATAGAACTTAATGCAATTACAACATTATGTTTAGCTTGTATCCTTTATTTACTTGGTA
AGGCTATCGTTAATCACGTTAATTTTTTAAAACGTATTTGTATACCAGCACCAGTGATTGG
CGGCTTAATCTTTGCTATTTTAGTTGCGGCTTTGGATTCATTTGGCATGGTTAAGATTA
TTAGATGCTTCATTCATTCAAGATTTCTTCATGTTAGCATTCTTTACGACAATCGGTCTTGG
TGCATCATTGAAATTATTTAAATTAGGTGGCAAAGTCTTGCTATTATACTTTATGTTTTGT
GCTATCATTTCAGTCATTCAAAACATAGTTGGTGTATCACTAGCAAAAAGTATTAATATTA
AACCTTTGTTAGGATTAACAGCAGGTTCCATGTCTATGGAAGGCGGTCATGGTAATGCTG
CTGCTTATGGTAAGACAATTCAAGATTTAGGTATTGATTCGGCACTGACAGCGGCTCTTG
CAGCTGCAACTTTAGGTCTTGTATTTGGAGGGCTTATCGGTGGTCCAGTTGTAAAATTTTT
AATCAAACGTTATAACTTAAAGCCTCAACATAGTGACGATACATTTAAAGATTATAGCCA
AGTAGCATATAACGAACATTTACATAGTAAATTTAATGCCACTGAAGTATTCTTCATTCA
ATTTACAATCGTTGTATTCTGTATGGCAGTTGGAAGTTATTTAGTCATTTGTTTACAGCT
CAAACAGGGATTAATGTTCCAATTTACGTTGGCTCATTATTTGTAGCTGTTATTGTCCGAA
ATATCTCTGAAAGTTTTAATTTAATATTGTAGATTTAAAATTACTAATCAAATTTGGCGA
TGTCGCATTAGGTATTTTCTTATCTCTTGCCTAATGAGCATTCAATTAATCGAAATTTAT
AACTTGCTATACCTCTTATTATTATCGTTTTAGTTCAAGTTGTCGTTATGATTTTATTTGC
TGTTTTAATTTTATTTAGAGGTTTAGGAAAAGATTATGATGCTGCAGTAATGGTAGGTGGT
TTTATCGGGCATGGGCTTGGTGCAACGCCAAATGCCATGGCAAATTTAGATGTTATTACT
AAAAAATATGGAACTCACCTAAAGCATATTTAGTTGTACCTATTGTTGGTGCATTCTTAA
TCGATTTAATTGGTGTATAGTCATTATGGGATTCATTCAATGGTTTAGTTAA
```

> **txbi_idi2**

Function: bidirectional rho-independent terminator of idi2 (core genome, constant)

Best match: txbi_idi2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2411654:2411713:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 12285 ... 12345; Length: 60 bp

Sequence:

```
CACCAAACCTCATAAATAAAAGAGGAGGCCTTCGCTCCTCTTTTATTTATCCTCGATGTA
```

> **idi2**

Function: protein coding sequence; isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (core genome, constant)

Best match: idi2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2411700:2412749:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 12331 ... 13381; Length: 1050 bp

Sequence:

```
TTATCCTCGATGTATATTCAAGTTACGTTGTTCTATCCATGACAATATTTCCGGACTAAAT
ACGATTTGTTTTTGTGTTAAGTCGTCAATATTTTGTAGCATCTAACATCGTCATTATTGATTT
CATGTGTTCAATAAATGATTCTACATAAGCTACTGTATGTGCAATGCCATTATTTTCAACT
TGATTTAAAACGGACGTGACATAACCAGTTGCCTTTGCACCAAGTGCTAAACTTTTAATT
GCATCGAGTGGTGTACGTAAACCACCACTCGCGAAAACCTGAAATTTGCTTTGATAAGCC
GTTGTTTCAAGTAATGACTCAACTGTAGACTGTCCCATGATGATAAGTAATCCATATCTT
TATTTGCACGACGTTTCAATATCTACAAAGTTAGTACCACCTTTGCCACTAACATC
GACATACTTGACGCCTATTTGTTGTAAGTCATGCATTAATTCTTTGCTCATAACCAATCCA
ACTTCTTTTATAATGACTGGAACAGACACTCGTGATAACAATCGACGCTATATTATCTAACC
AAGTCACAAATTCACGATTCCCTTCAGGCATAACTAATTCTTGAGGAGAATTAACATGGA
TTTGTAACGCTTGTGCCTCAAGTAATTCAACTGCTTCCAAAGCCTTTTCTACTGGTACGTC
CGCACCAACATTGCTAAAAATCATGCCTTCAGGATTCATTTTTTCGCGCAATCGTAAACGTC
TCAGCCATGCGTGGATTTCTCAATGCCGCATGTGTTGATCCAACCTGCCATCGCTAAGCCA
GTTTCTCTTGCAACTACAGCTAGCTTTTCATTGATGTTTTTCGTCCACTCGCTACCACCCGT
CATTGCATTAATAAACC GGATATGCCATCGTTAAGTCAGGCGTCTGTGATGTCAAATC
GATATCATTACATTAATTGATGGGATAGAATGATGCACAAAACGCATCTTATCAAATC
```

TGAATGCATTGCGTCAGATTGGGCCATTGCTATTTCAACATGTTCAATTTTTCTCTGTTCTC
TTTGAAAATCACTCAT

> **corA**

Function: protein coding sequence; magnesium and cobalt transporter (core genome, constant)

Best match: corA_CC025_21193_AFEG01000021.1[170392:171339:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 13411 ... 14359; Length: 948 bp

Sequence:

TTAAAACCATTTTTACGTCTGAAAAAGATGATTAATACGACAGCTATAACAAACATTAC
AGCTAAGCAAATATAATATCCATAATGTAATGTAATGCCGGCATATTTACAAAGTTCAT
ACCATAAATCCCAGCTATGAATGTTAACGGTGAAAATATAACTGATACTAATGTCAGTAC
TTGCATAATACTATTCATTCTAAATGACGTGTATGACTCAAATTTTTCTCGTATTTTCGTTG
TCATTTCTTGAGCAGTACGAATGATATTACGTTGCTTAATCAAGTGGTCATCGATATGTTG
AATGTATAGCGAATGTTTATTATCTATAATCAAATCACCATTTTGTTCATTGTATCAATT
AGCTCTTGCATAGGAAACAGTACACGTTTTACTTTAATCAAATCCGAACGTAACCTAAAG
ACACTATCCATGACCATTTTATTAAAGCGATCATCTACATGGCGGTCCTCAAATGATAA
ACACTATCTTCAAGTGCATATACAAAGTTGAAATATTTATCAACCATCATATCTAAAATTA
ATATGACGACATCTGCACAATCTAATTCTGCATCTAATGTATTCATATACTTATAGACTAC
TTTATTTAATGATTCCAACGTTTGATGATGATATGTTACTAATACATTGTCTTGATAAAA
ATATTTAGTGCTATTGGTGAATAGTTTGACCCCATATACTATGGAATACTAAGTATTGAT
AATCTTTATAAGATTTATATTTAGCTCGTGGCATAACCGTTAATTGCATCATCCACTTCTAA
ATCATTAAAATTAATGTGCTTTAAACCATTCAATTTCTTGTTTCATTTCGGTTCATCAAAA
TCATACCAAACAATAGTCGCATCTTTGGTATCTCTTTGATATCATCAACTACTTTAAACG
GTTTCATATGTAGTTTGATACCGTATCTTTAAAGCCAT

> **semB**

Function: protein coding sequence; EmrB-like protein (core genome, variable)

Best match: semB-Mu50_CC005_N315_BA000018.3[2406617:2408548:r]RC

Position: 057-contig_266_RC: 17483 ... 19415; Length: 1932 bp

Sequence:

TTATTCATGATTGTTATTTGAGCTTGCTTCTAACTTTTGAGCTGTAGCTTTTGCTTTTTTATT
ACTTTGTAAAAATAAACATAAAATTAAGGCGATGATGCTAAATATCGTTGCAACTATAAA
TGCATCATTAAATACCTTCAACCGTTGCTAGTTTATTTACAAATTGTAGTAACACTTTCATT
GCGCCTTCTTGACCACCATATTGCGATGCTAATTCACGCATATGATCTTGTAACAACAGGAT
TCGTTTTATCTAACTCTTCCCCAAAAGCTGATAAATGTTGTGTTGTTTGTGTTGTCATAAC
AGTAACTAAGATTGCTGTACCTATAGAGCCTGCTAATTGACGCATCGTATTTAAGAAAGC
ATTACCATGAGAGGCAAGTCGTCCCGGTAACGCATTAATGGCTGCTGTTACCATTGGCAT
CATAATAAATGCCATACCAAATGAACGTAGTACATAGATGCCCATGATTGTCATATATGG
CGTATCCATATTCAATTTAGTTAATTCCCAAGTTGCATAAGTCATGACAGCAATACCAA
AATGGCTAAAGGTTTTAAGCCAATCGTGTCTAACAACCTACCAGCAAATGGTCCTAGTAG
ACCCATAATTAGAGAACCAGGTAATAATAACAATCCGGAATCTAATGCTGAGAAACCAC
GTAAATTTTGTAAGTAAATTGGTAATAAAATCATACCACCATAACAAGCTCAACATTACAA
CCATATTAATTAATGTTGTTAGTGTGAATGTTGGAAATTTCAATACTTCTAAATTCACAT
CGGTGCTTTCATTCTTAATTCTTATTACAAATAGAATAATAAAGATAATACCAATCGCA
AACATTGTTTCTATCTCAACAGAACCCAGCCTTTGTTCCCCGCTTCTGAAAAGCCATATA
ACAAAGCACCGAAACCAATCGTACTAAAGATAATACCTGGGATATCAGCTTTAGGGTTTG
TTGTATATTGATATAACTTAAACCATACAAAACCAACTAAGATTGCAATAATACCGATAA
TGAACATACCGTAAAACATCACATTCCAATGGTAATTTTGTACAATATAACCTGATAATG
TTGGACCAATTGCAGGTGCTAAAATCATTGCGATACCCATTGTACCCATGGCAGCACCAC
GTTTTTCAGGTGGATAAATTGTAATAATAACAATTGAACCTAATGGCATTAGTACACCTG
CACCAATGGCTTGTAATACACGTCCAACCATCATGATTGGGAAATTCATTGAAATCGCAC
AGATTAATGAACCAATTGTAAAGAGTACTAACGCAACTAAAAATAATTTTCGATATGAAT
ATTTATTAATAGATACGCCGTTATTGGTATTTAAATACCGTTTACTAACATAAATCCTGT
CATCAACCATTGCCCTGTTGAAGCGGAAATATTAACCTCTGTATTAATCTTTGGCAAAGC
AACATTTAATAATGTTTGGTTTAAATCGCAATAAACATACCGAATAATAATGCCGCTAA

TATTTTACCGCGTGAAACACCTTCACCAAAAATAAAGTTTTTATGTTCTTTTTTTATTTTTT
CATTCACTTTATATTCTTCTGATTGAGGATTTTTAGCAGCAACTGCTTCCTCATCATTATTA
TTAGTGAATGCTTCTTGATCTTTCTCAGACCCCTTTGTGTAACCATTTAGACTAACTTGGCT
ATGATCATCTTGATTGTCAACACGCAATTCTTCATGAGTCATACGTTGTGTGCGATTGATCA
GTTGTTTTGTCTAAATCACTAGCTTTAAATTTAGATTGATTTGATTGACGTGTGCGTAAATT
GTTGTTCCTTTTGTGGCGTTTGCCTTTTTTTCTTGATCTTATTAATAAATAAATTGATAACC
CCAACAATAATGAGCGCTAAAATAATGTAGCTAATAATGAAGGTCGTAGTCAT

> **semA**

Function: protein coding sequence; multidrug resistance protein A (core genome, variable)

Best match: semA_CC022_HE681097.1[2427219:2427866:r]RC

Position: 057-contig_266_RC: 19427 ... 20075; Length: 648 bp

Sequence:

TTAATTTTTATGAATTTTTACTTCAGCGTTCATTCCAGGAACAACCTTGTTTAGACGGTCTG
ATTCTAGAGTAATTTAACAGGTATTACTTGAGAACTTTAGTGTAGTTACCATCACTATT
TGATGATGGCATTAAATGAAAAGCTTGCAGCAGTTGCTTTTCCAATACTATCAACTTTACCT
TTAATAGAAGCTTTTTGACCGTCAATAGTCACATCAACATCTTTACCTACTTCAACATCTT
TAATATCTTTTTCGTCAATATTTGCTGTTACATATAAATCATCTAAATTGTATGCATAAGC
GATTGGGTTACCAGCTTGCACCATTGAACCTTCCATACCATCTAATTTGGCAATTGTACCT
TTTTGAGGCATTTTAAGATCCATATCTTTCGTTTCGCCATCTTGACCTTGTACAGTAACAG
TTGCTACTTTGTCACCTTTATCGAGTTTGTACCTTGTTAACATTAAGTGATTTAATTTGT
CCAGATGCAGGACTTGCTATTTTAATTTGATCGCCATTTACTTTTGCATTATCAGTTGTTAC
ATAGCTTGTTGTTTTATTCCAGAAATAAAAAGCCAGCAATCCCAATTGCTAACAGTACAAC
AACCGTAATGACATTAATTAATATCATCTTTTTTCAT

> **tcaB**

Function: protein coding sequence; teicoplanin resistance associated membrane protein B (core genome, constant)

Best match: tcaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.22421904:2423112:rRC [4_50ANF10END]

Position: 057-contig_266_RC: 20976 ... 22185; Length: 1209 bp

Sequence:

TCATCGATTTGTTTTAAATACCTTCATATTATAAATCTGTAAAATAATTAATATAACTGCT
GTAGCTATAATAATAATTATGTAAGGTATAGGATTATCTTCACCTTTACCCCCACTAATG
GCGATGCAACACCACCAAATAAAAAGTGCATAAACCTAATAAACTTGATGAACTCCCTC
TACCACTACTACTTTTCATCCATAGCTATAGTAAAACCAAGTGTCGCAACACCTGTCACTG
GTGCTATTAATAATGATAAATCCTATCGCTAAAATCCAAAAGTTCCAATGATTAAGCAATA
CAATCGTCACTAAAATTACACCGATAATCTGAATCATCGTCATGCCTCTCATCAATTTTTG
TGAGTCTATAAAATCAACAAGGTACCCAGTAAGTTGACTTGATATAATGAGCGTAATACC
AATTCCTGCAAACATCCAATAAATTGTATTGCAGTCATGCCATAAATTTTTGAATAATA
AACGGAGACGCAGAAATATAAGTAAATAATATTACAAATGTCATACCTTGAATGAGCATT
GGTAATACAAAACGTGGCGTCTTCAATAATTTTTGAAGTTTTTAAACATTGTCTTTAATC
CACTACTTGACTCACGATTTGTCACTGTTAATGATTCAGGTACTTTTAATAAAGAACCTAT
GACCATGACGAAGCCAAAGATAGTCAGAATGACAAAGACCATACGCCAGACAGAATAAT
TTAAAATTATGCCCCCTATTGTTGGCGCAACAACTGGTGCAATACCATTAACAAGCATCA
ATAATGCCATAAACTTAGTTAGTTCAATTACCACTATACATATCACTTGCTATAGCTCTTGA
ATAACTGCTGCTGCGCCACCTGTCACTCCTTGAAGAAATCTTAATGCAACCATCAGCCA
AATATTATGTACAAAACAATACCTAACTTGCTAATGTAAAATAATCATAGCTATAAT
AAGCGGCTTTCTGCGCCAGTTGAATCTGAAATTGGACCAGCAAACAATTACCAAACGC
TAAACCAATCATAAACATCGATAATGTTAATTGTGCGTTAGACGTCGTTGTTTAAAATC
ATGTCTAATATCTGGTAATCCAGGCAAAAACATATCTATTGATAATGCTCCAATGGCAGT
CAAAGATCCTAAAATAATAATAAATATCGGTGAACGCTTGTTAAAATACGTAAATCATT
CAT

> **tcaA**

Function: protein coding sequence; teicoplanin resistance associated membrane protein A (core genome, variable)

Best match: tcaA_CC001-ST772_118_AJGE01000005.1[22380:23762:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 22453 ... 23836; Length: 1383 bp

Sequence:

```
CTATTTTTCTGATGTCTTGATTAATTGCAAGCGGTCTTGCGAGCCTTGTTCAAGCTCATATT
CTTTATCTACTTGCTTACCGTTTTCAATTTATTAATCTTACGGTTGCGGTAATCTTATCACCA
TGTTTTTCAGCATCTATAATTTGTGGTGAACATAATCATCATTAAACTTCCTTTAGATACAC
GCTTCTTTACATCATCATAAAAAGATGATCCTTTTTTTATATATGACGATACAAAATCAA
ATCCGACTGATTAACGCAGCATTATTCGCTAAAGAATATCCAGCAAAGAATTCTATCAA
TTTGTTCTTCAAGCTATTTTCTTCTTTTTCTTTCTTTTCAACATAGTCTTCGATATCTTCACT
GTCAAATTCAAAGTTATCTCTGTATTGATTTTAAATCGCTGGCTTTAATCGTCTTCGTCT
GTGTTGTAAATGTTTTATCTTTCGCTTTACCTGAAGCTGAAATGGTAATATCTTTATTTTGT
GGATATGGACCATACGTTTTGGAACCTGAAAATGCCATTTACGGTCATTTATAGTTACTT
TTTTAGAACTATCATTTAATTTTGTATCACCTTTTAAAGTTACAGTTATATTTGCTTCTTCA
AAATCTTCAGTAACATCTACCGTTTCAGAATTACTTTGTCTAAAATCAAATTTTAAATAGC
CTGCAAATCACCGTTATCAGTTGATTTCATAGCTGGAATTCTATATGTCCCCGGTATAAA
ATTACCTATTGGCGTCACTTTATTTGCTTCAGCTATAACCATCTTTTTCTTACCACCAGATT
TAAACTCATATTTTGTTTTTTCTTTCGGTTTAAACAATTGGTTGCTTGGTAGGTGCAGTAAA
GCTCATATTATCGAAAAAGATATAACGCGTGCCATTTTTACTTACACGTAATATATTTTGA
CCAGATCTGGTTTGAATATAAGAAGCTACGCTGGTCTTACTCTTATTCAATTTATGTACCG
TATTTTTAAGGTCGCTGACAAATTGCTTAAGCCCAACTTCATCTTTGATATAGTTAATGTA
TACTTTCGCTTCTCAGAATCTACTTTATTATCTTTAGTACTTAATAATGTTGCTACTTTTT
GTTTATCATTATTCTCAATCGCATTCACTAATATTTTAGTTTGCCTTCAGGTGAATTGAA
GTTTCTTAGTAAAAAGAACAATATAATAATTAAGATTAAAATGAAAAACCAATTGCCCA
AGGCACCATTTTTCTCATCTTGATGTTATTAGTTTGTATATCTTCATCGGTTGACTTTCTAT
ATAATGCTTGACGACTATCAAATTTATGTCCACATTGTGTACATATCTGTACATCATCTTG
TGCTTGTGTCCGCACTTCGGGCAAGATTTTCAT
```

> **tcaR**

Function: protein coding sequence; transcript regulator of teicoplanin resistance operon (core genome, constant)

Best match: tcaR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2425003:2425458:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 24075 ... 24531; Length: 456 bp

Sequence:

```
CTATTTATGATTGCTATATGTTTTAATGCGATGATTGATGACTTCTAATACTTGCCTTACAT
TTTCAATATCTTCAGAATTTAAATCATTAGTAATATCTTGCGCAATATCTGTCATAATCGC
ATTACGTTCTTTCAAATATGCTCTACCTTTGTGAGTTAAGGTTATGAATTTCAAACGTTGA
TCAATATTTAAATTTGGTTTATCTAACTTAACTAATTTAGCATCGATTAACCTTTTAAATTCG
TCGGCTTACTGCGGCCTTATTTACACCTTGTCTTTGCGTGATTTCACTAATTGTCAAAGGTT
CTTTATTTAACATACCTAATACGTTAGACTGCTCTAATGAAATTTTCATATTCATTTTGTAA
ATCTTTCAACATTTTTGCAGTTAATGCGTTAACGTTATTTATAAACTGCTCTAAAAATTGA
ATATGGTCTTGAAATGTTTTACCAT
```

> **hrtA**

Function: protein coding sequence; heme efflux system ATP binding cassette transporter

Best match: hrtA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2426852:2427517:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 25924 ... 26590; Length: 666 bp

Sequence:

```
CTAATCAGTTATTTTGCCATCTTCTAATTCAATCACTCGATCTGCATATTCAAATAATCTTC
GATCGTGTGTAATCATAAATACCAATCATTTGTTGTTCTTTAATTTGTTGACGTATCATCTCA
ACAACCTTTGTTGCTCTATCGGCATCTAACTTGCTGTGGGCTCATCTGCTAAAATGATTT
TCGGATTATTCATAAATGCTCTCATAATCGCAACACGTTGCTTTTACCAGGCAAGATAACTG
```

ATGCGGATATACATTCAAGCGATCTTCTAAACCAATATTTTTCAAAGTTGTATTGCTCTT
GTTGAACTTTGTTGTTTGGTCATTCCCCTTCTTGACCTACGAGTGTCAATTGCTCTATCAC
TTTTAAATAAGGAACTAAATGTGAAGATTGAAAAATAAAACCAATATCTTCCAATCGTAA
ATCACTAGGACGATGCTGTTTATCAAACAATGGCGCATCATTGTAAAGCACTGTACCACT
CGTTTACTTAACAATCCGCCTAATATCGTTAGCAATGTTGTTTTCCAGAACAGAGGCA
CCATTTAAAATGACAAATCCCCTTGTTCCTTCAAATAAATACCTTTTTAAAACCTTTG
TTTCAGACAAACCTTCTCCGAAATTTTTGACGATATCTTCAACGACTAATGCCAT

> **hrtB**

Function: protein coding sequence; hemin transport system permease protein

Best match: hrtB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2485223:2486278:r]RC (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 26589 ... 27645; Length: 1056 bp

Sequence:

TTATTCTGCACCTCCAATTGCTTCGATAGGATCCACTTTAAATAATTTGATAAATGATAGT
GAGGCACCTAAAATCGCTACTAATAATAATATCCCCACCATTAATAAAAATATTTTGCGTT
GTAAAGTAAAAAGGCATCGTTACCGGCATCATAAATGATAGTCCTACTATGATGATCACA
GCAATACCTACCCAATTATTGTTAGTGTTAAAATTTGTAAAACCTAACGCACTCAATAAA
TGCTTGTCTTAATAACCAATTGCTTTCAAAATGCCAATTTGTGATATTTTTGAATCGTCAT
AACATAGAAAAATGCACTTAGAACGATTGCTGTAATAGCAAACAACTAACAATCATCA
TATTTAACGGTGCTTGCTCTGCTTGATAACTCGCAATATTACCTGTTAAATCTTTTTCACTC
ACAACCTGAACGTCATTTATTTTATTAAGCTCATCACGTTGTTGTTGTGTTAAATTTTTCAC
TGGATAAAATGCCGTATTAACCTTATTCAATGCATTAAATCCGTTATCGTTCAATAGCACA
ATGGAACCTATGCGCATAACATTGTGTCGTTTAAAATACCAGAACTCTATAACTAGTTGAA
TTATTTTTAAAATGTAATCTATCCCCGACTCTAATGTTGTCTGCAGCTAACTTATCATTAAAT
AGCGACCTCATGAGCATTTTTAGGATAATCACCTTTTTTAAGTTGTATGCGTTGTTGTTA
ACGTCATTCATTGTAATCACATCTTGTCTTTATTAGATAATTTCAATGTTTGAATATTCAT
TTTATATGGTTCTTGATGAATTACCTTTTTAATTTGATTCTGTTGCGTATCACTAAGTTGCG
ATTTCTCAATTTGCGGCTCTTTCATTTTTGAACAACATATTCATCATTATCAAAGTGTTCA
AATAACGAAATATTCTCCCTACCAAGCCCTTGAGCTAAACCACTAATAAATAACACCATA
ATACTTAATAAAAAGAATGATTAATGTGATTAATAACGAAATTTGTAACATAAATC
TCTTTATCGCTAATTCAT

> **hssR**

Function: protein coding sequence; DNA-binding response regulator (core genome, constant)

Best match: hssR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2428708:2429382] (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 27780 ... 28455; Length: 675 bp

Sequence:

ATGGTGCAATGTCTTGTTGTCGATGACGATCCTCGAATCCTAAATTATATAGCTAGCCATT
TACAAACAGAGCACATTGATGCATACACACAACCAAGTGGTGAAGCTGCATTAACCTTT
TAGAAAAACAGCGTGTGATATTGCAGTGGTAGATATTATGATGGATGGTATGGACGGCT
TTCAATTATGTAATACATTAATAAATGATTATGATATACCAGTTATTATGTTAACAGCGCG
GGATGCACTTAGTGACAAAGAGCGTGCGTTTATAAGCGGTACTGACGATTATGTAACCAA
ACCCTTTGAGGTTAAGGAACTTATTTTTAGAATTCGTGCGGTATTACGTGATATAATATC
AATTCAAATTCAGAAATGACTATTGGCAACTTAACGCTAAACCAATCCTATTTGGAACCTC
CAAGTATCTAATAAAACGATGACGTTACCGAACAAGGAATTTCAATTATTATTATGCTT
GCAGCACGTCCTAAGCAAATCTTTACACGTGAACAGATAATAGAAAAAATTTGGGGCTAT
GATTATGAAGGAGATGAACGAACAGTTGACGTTCAATTAAGCGACTACGCCAAAGATT
AAAAAAATTAATGCCACACTTACAATTGAAACAGTAAGAGGACAAGGCTATAAGGTGG
AGAATCATGTTTAA

> **hssS**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase (core genome, constant)

Best match: hssS_CC001-ST772_118_AJGE01000005.1[28374:29747] (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 28447 ... 29821; Length: 1374 bp

Sequence:

ATGTTTAAAACACTCTATGCTAGAATTGCGATTTATTCCATTACGGTTATTTTATTTAGTG
CATTAATAAGTTTTGTATTAACAAATGTTTACTATCATTATAATTTAAAAGCATCTAATGA
CGCGAAAATCATGAAGACGCTTAAAGAAGCAAGACAATATGAACAATCAGCTAAACCAA
CGCACATTCAACAATATTTCAAACATTTAGGGCAAATGAATTACCAAATATTGACCGTTG
ATCAAAAAGGTCATAAGACATTTTATGGGGAGCCATTTAGAGAAGATACTTTATCACAAA
ATGCTATTAACAACGTATTAATAATAAAGATTACCATGGTATTAAGATAAACCATTTCG
CATTATTCGTAACCTGGATTTTTTCGACAATGTAACAGATAATACTGTTGGTATTAACTTTAA
GACAAAAGACGGTTCAATAGCAGTATTCATGCGTCCAGATATTGGAGAAACATTTAGCGA
GTTTAGAACATTCTTAGCCGCTCTTGTTAATGTTGTTATTATTTATCTCGATTTTCATTAGTTA
TCGCATCAACCTATTCAATCATTTCGTCCAGTAAAAAAGTTAAAGCTAGCGACCGAACGCT
TAATTGATGGTGATTTTGAACACCTATCAAACAAACACGCAAAGATGAAATTGGAACAT
TACAGTATCACTTTAATAAGATGAGAGAGTCATTGGGACAAGTTGATCAAATGAGGCAGC
ATTTTGTACAAAATGTATCTCATGAAATCAAACACCATTAACACATATTCATCATTATT
AAGCGAGTTACAACAACTTCTGATAAAACATTAAGACAACAATATATAAATGATATTTA
TACCATTACAACGCAGCTGAGCGGATTAACAACCTGAATTGTTACTCTTATCCGAATTAGA
TAATCACCAACATTTATTATTCGATGATAAGATTCAAGTCGATCAACTCATTAAAGATATC
ATTCGACATGAACAATTTGCTGCTGATGAAAAGTCGTTAATCATTTTAGCTGACCTAGAA
TCAATCAATTTCCCTAGGAAATCAACGTTTGTACATCAAGCATTGAGTAATTTATTAATAA
ATGCTATTAAGTATACAGATGTTGGTGGTGCCATTGACATCGCTTTGCAACATAGTCACA
GCAACATCATTTTCACAATAAGTAATGATGGTTCACCAATTAGTCCACAAGCTGAAGCAC
GTTTATTTGAACGTTTTTATAAAGTGAGCAAACATGATAATAGCAATGGTTTAGGTCTTGC
AATTACAAAATCCATCATTGAATTGCATCATGGTACAATCCAATTCACACAAAGTAACGA
GTATGTAACCACCTTTACTATTACACTGCCAAATAATTCACTTTAA

> **lytT**

Function: protein coding sequence; LytTr DNA-binding region-containing protein

Best match: *lytT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2430911:2431354] (completely identical)

Position: 057-contig_266_RC: 29983 ... 30427; Length: 444 bp

Sequence:

ATGATGAAACTCAATTTATTTATCAATGCAAAAAGAGACGGAATCTTATATTGATATACAT
GCACCTAAAATGAATGATCACGTTCAAAGTATTATTAATGCAGTCAATGATTTAGACAAA
TCACATACATTAGTCGGATACATAGACAAAGAAATCCATATCATTAAATGTATCAGATGTT
ATAACATTCCAAGTTATTAATAAAAATGTAACAGCCATTACAAGCAATCAAAAATTCAA
CTAAAATTACGACTTTATGAACTAGAAAAACAGTTACCACAACATTTTCATTTCGCATTTCC
AAATCAGAAATCGTCAACAAGTATTACATTGAAAAATTATTATTAGAGCCAAATGGACTT
ATACGTATGTATCTTAAAGATGCACACTACACCTATTCTTCTAGACGTTATTTAAAATCTA
TAAAGGAGCGCTTATCAATATGA

> **mqaA**

Function: protein coding sequence; putative malate-quinone oxidoreductase 1

Best match: *mqaA_CC008_NCTC8325_CP000253.1*[2431151:2432629:r]RC

Position: 057-contig_266_RC: 30944 ... 32423; Length: 1479 bp

Sequence:

TTATTTAACTTGTAATACTTAGTFACTTCTTCATTAATTTTATGATATAAATCCTCATGAT
CTGTAAAGCGATAACCAAATGACGGCACCATTTCTTTAATCTTTGGTTCCCATCCTTTGAA
TTCATCACGATAGCATCTCTGTAAAACATCAAACATAATATCTACAGCTGTTGACGCACC
AGGTGATGCACCAAGTAATGCAGCTAATGTGCCATCATCTGACGTAATGACTTCGGTACC
AAATTGTAAGTTACTTTTAGACTCCTCAGTATCCTTGATTACTTTGGACACGTTGCCCTGCT
GTAATCACTTCCCAATCTTCATTTTTAGCATTTGGGAAAAAGACTCTTAAATCATCCATAC
GCTCATCATTAGATAACATCAATTGTGACACTAAATACTTCGTAAGACTCATTTCTTTGAT
ACCTGCAGATAACATCGTCACGATATTATTTGGTTTAAACCGATTTAATTAATCCATATGT
GAACCTGTTTTTAAAAATTTAGGTGAGAAACCTGCAAATGGACCAAATAACAATGAACGC
TTGCCGTCTACAAAACGTGTATCTAAGTGCGGCACTGACATTGGTGGCGCACCCACTGCT
GCTTTTCCGTACACTTTAGCATGATGACGATCAATCACTTCTTGATTTGTACAGCGCAGGA
ATAATCCACTTACCGGGAAACCACCAATATGTTTTGATTGTTAATTCCAGTCTTTTGGAG

TAATGGTAAACTCGCACCGCCAGCACCAATAAATACAAAATCAGATTCATATGTTGTCGT
TTCGTTAGTTTCTAAATCTTTAACTTTAACTAGCCATGCCCCAGATTTCTGTTTCTTGATGT
CTAATACATTCTGCTTATATTGAATCCCACACCACGTTGCTCTAAATTATCAAATAACTT
TGCAGTTAACGCACCAAAGTTAACATCTGTACCAGTTTCATCATAAGTTAAAGCAATTGG
TTCATCAGACTTACGACCTTCAATCATTAACGGTACCCAAGATTTCAATTTCTTCTCATCTT
GCGATAATTTCAATTTTTTCGAATAAAAACACTTTTCTTTAACGTTGCAACACGACTCTTTAT
AAAAGCTACATTATCTTCGCCAATGACAAAACCTCATGTGTGGCACCCTTGAATAAAGCG
ATCTGGGTTATCTAATTGTCCTGTTTTAACTAAATATGCCAAAACCTGTTTTGAAATTTGG
TACTGCTCATTTATCTTAATTGCTTTACTACAATCAACTGTGCCATCCTTACCTTCTTTTGT
ATAGTTCAACTCGCAAAGTGCTGAATGCCCTGTACCGGCATTATTCCATACATTTGAACTC
TCTTCGCCAGGTTGTGCTAATTTTTCAAACACTTTAATATTTTTCTCAGGTGATAATTTCTT
AAGTAATGTTCTAATGTTGCACTCATAATACCGCCACCAATTAAGATGACATCTGTTTTG
CTATGTTGTGTTGTCAT

> **lctP-L2**

Function: protein coding sequence; L-lactate permease (core genome, variable)

Best match: lctP-locus2_part_CC005_MR1_ACZQ01000017.1[32720:33938:r]RC

Position: 057-contig_266_RC: 32803 ... 34022; Length: 1219 bp

Sequence:

TTATAATAATGACAAGATGAAAGTCCAAATACAGATGAATATTAGTAAACATACACTGTA
TTTCAATGTCATTTTTAATAATTCTGATTCCTTACCAACTTGTTTTACTGCTGCAGTTGCAA
TTGCAATTGATTGTGGTGAAATCAATTTTGCCGCTACACCACCAACTGTGTTAGCAGATAC
AAGAAGTGAACCACTTGTTCCAATTTGTTGTGCAACAGAAGCTTGAATTGGTGCAAATAA
TGAGTTGTTATTTACAACCTGATCCTGTCATAAACACACCTATCCAACCTAAGATTGGTGAT
AGAAGTGGGAAGACATTACCTGCTTTAGCAATACCTTGACCCATTGCTGCACTTAAACCA
CCATAAGTTGTGATTTTAGAAATTGCTAAGATGAAGCAAATTGTAAGAACTGGTAACCAC
AACTCTTTAAATGTAACGCCGAATAATCTACCTGCATCTTTAAAGTTAACCTTTTTAGACA
TTAAAATTGTAATAATAATAGTTAATAAAAATAGCTGTACCTGTTTGTCCAATAATATTTAA
AGTCAATACTAATGGTTTATGCGTAACTTCGCTGATTGTTCCAGGTAAGTTGAATTTAAAT
ACTAATGATGATAAAGCACCATTTGGTAAGAATAAGTTTTTAAAGAATGGCGCACTCCAA
ATCATTACAATGACTGTTAATACAATAAATGGACTCCATGCATGTAATACTGCTTTTGCAG
AATGTGCTTTTGCAGGTTCAATTTCTTCATCTTTATTAACACGATAAATGTGTTTTGGTTGG
AATTTTTTAGAAAATACTGCTAATGCTAACATTGTTAATAACGGTGGAATAATATCTGCTA
ATTCAGGACCACTGAATACAGTTAATAATCCTTGAGTAAGTGTATAAGTGATTGAAACTA
CTAAAATTGCTGGTAATGTTTCTTTAACACCTCTAAAACCATCAATAATAAAGATAAGTA
AGAATGGAATAATGAAATTTATGATTGCCAATGTTAAAGTTGCTGATTGAGAAACACCTA
ATACTGAAACATCTCCAGGTAATTTCAACGTTTCTACAACACCTACAGGGATACCAATCG
CACCAAAGCACCAGACGCTGCATTTGCGACTAAACATAACATCGCAGCTTTTAAATGGAT
TAAATCCTAATTGTGTTAATAAAAAGTGCACAAATTGCAATTGGTACACCAAATCCTGCTG
CACCTTCT

> **A1KWX9-var2**

Function: protein coding sequence; zinc-containing alcohol dehydrogenase superfamily protein (core genome, constant)

Best match: A1KWX9-var2_CC001_MSSA476_BX571857.1[2418212:2419216]

Position: 057-contig_266_RC: 38194 ... 38224; Length: 30 bp

Sequence:

GTGATAGAAACATTTAAAGCATTGTAATT

> **fnr**

Function: protein coding sequence; ferredoxin-NADP reductase (core genome, constant)

Best match: fnr_CC007_TCH959-USA300_AASB02000014.1[59707:60741:r]RC

Position: 058-contig_243: 448 ... 1483; Length: 1035 bp

Sequence:

CTAGTATAAATGTTTATTTACAATAGTCTTATTCGCTTCTTTAAACACTTCATGATGACTTG
AAACATAACCCTCTGCATTCGCATCTGGTTGGATATATGTTTTAGCAAGGTTTCGCTGCATT
TGCACCATCACTAAATGCACTTGCAATTAGATGTGATTTTGCATCATGATAAACAATATCT
CCACACGCATAGATAACCAGGTATACTAGTTGTCGTATTACCAAATCCTTTAACACGACAA
TCATCATGCATATCTAGCTTTGAAGATGTTTCACTCAATAATGTATTACAACGATCAAACC
CATGACTAATAATGACATCGTCAAATTTAACTGTATGCGTATCGCCACTTTCAACATGTTT
CAAACAACACTTCACTTATATGCGTTTCATCATCATTGCCGACCAAGTATTTAATACGTGTT
TTTGGGCATAGTTTACATTTAAATCTGTCCACCAACGTTTTCATCGCTTCATGACCACTTA
CATCTTCTTTTCGATAAACAACACTGTCACGCTTTTAGCAATCTTGCCAATATCATGCGCCCA
ATCTAATGCTGTATTTCCCTCCACCTGATATTAATACATCTTTATCTTTGAAACGTCTGTAAC
TTTGTACAACATAATGTAAATTAGTTAATTGATATCTCTCTACACCTTTAACATCTAATTG
TTTTGGATTAATAATACCCGCACCAATTGCAATGATAACTGCTTTCGATGTATATATTTCT
CCCGCTTCTGTTTCAACTTCGAAATGACGTTCTGCCTTTTTCTAATATCTACCACACGTTT
ATTCAAATGAACTTCCGGTTTAAAATATAATCCTTGCTTAATTGTATCTTTTAAAATTTCA
TGACAAGGTTTTGGCGCAATGCCGCAATATCCCAAATAATTTTTTCAGGGTAAAATTTCTCA
TCTTACCCCCTAATTCAGATTGAACATCTATCAATCTTACAGACATATCTCGCAATCCAGC
ATAAAAGCTTGCATACAAACCAGACGGACCGCCACCAATGATTGTAACGTCTTTCAT

> **pip**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, constant)

Best match: pip_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2444218:2445495:r]RC

Position: 058-contig_243: 2352 ... 3630; Length: 1278 bp

Sequence:

TTATGACGGCACTTCAGTACGTTTTGTGCTATGTTTTCTAACAATAGCTGAAACTAAACTT
GATACAGCGCCAAAAATCATAAACCCCTATAAACATCCACATTGTAATTTAATTCAATA
TGATGATTCAGTATAAATAGTTCTTACACTTGTTGCATAGTGTGTGAATGGATTCCAAT
CATATACATATTTTTGATAACTTTCAGGCAACATTTGTTTAGGTAACGTTACAAGTTGCAT
ACTAAAGAACATTAATAATGAAGAAAATTGGAACACTGACTTCATACCTAGCCATACCATAAC
ACCTAAAATAAGGCCACGAAACCAAGAATCGCAAATGCTACAAAATTGCGATACGAT
TTGGATGGTCAAAATCAAATCCTTGAACGCCTTGATGAAATAAATAAACAAGCTAC
CTGCAAATGCTGCAACAACACTGCAAATATCATCTGTCCAATTGAAGCAATGATACGATGTT
GCACGACGATATTGTTACTAGTTCTAAATGCAAAGAACAATAAGATAGACGTTACGATTG
AACCTATCCAAATTGGCATAAACATTAGGAATGGTGCATTACCACCTGCTTGGTGATCTTT
AACTTTATTAAGTTTTTTCATTATCCACTTTTACTGGATTTCGTCAAACCATTGATGTCCGCG
GCATTGACTTTAACATTTTACTCGTTAATGTTTCCAAACTTTGCTTCGTAATTTGAGCATT
AATATTATCACCCATACCAGTTAACACAGCTGATGCAATTTGTGAACCTTGTAAGCTTGAT
CCTTCACTTACAATCGTTTTAAATTTAGCCTGCTTAACCTCTACTTGTGATTCCCCATTTT
TTGTTTCATTTGTTGAACCACTTGTGGCGGAATTTACCTGAAGCAACTTTTTGTTGCATTT
CTTCTTTTTTACTATCCATAACTACTTTTTGTGTTTTACTCATAGCATCTTTTGAAAAGTCT
TTATCAATAATAGCTACTCCAAAGATTTTTTGATCTTTCAAATCTTTTTCAAGGCTTTTTTC
ACTATCAACCTTAACCCATTTAATTTTATTAGAATCACTATCTAATAATTTATCCTCTAATT
TTTTACCAATGTTAATATTTTTATCTTGAATCGTTGTACCTTTATCCTCGTTTAATATACCA
ATTGGTAAATCTTTTGGTTTAGGATTATATGCAGGATAAAAAGCTAAAGAAAAGATTACC
AAGATAATCATAGTTGCTATTGGTGCAATCCATAATAATTTATTTTTAAATATATTCAT

> **cobI**

Function: protein coding sequence; magnesium and cobalt transport protein (core genome, constant)

Best match: cobI_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2502311:2503255] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 4459 ... 5404; Length: 945 bp

Sequence:

ATGATTACTTCATTCAGACATTCTGAAGATATAGATAAACATATTATAAAAACACCATTA
GATCATAACAGCGTCATGGATTAATGTAGTAGAACCAGACCGAGAAGAAATTGAAAATCT
TATGGAACAATATAATATACCTGAAGACTTTATACGTGACCTTTGGACTCAGAAGAAAG
TTCCCGTATTGAATATGACGAAGATACTGGTTACTCATTAATCATTATTGATTTACCTATC
GTCAATTCAACTAATCGTAGCGTTCTATCTTTTGTAAACGATTCCATTAGGCATTATTATTG

GCAACGGTATTATCGTAACAGTTTGTGACGCTGAAAATGAATTTTTAGAAAATTTACCTA
AGCGTGATATTAATTTAAAATTTACAGCAGATTTGCATTAGAAAATTTAACTACTATTGC
CGACCATTATAATCGTAACTTACGATTACTTAATAAAAGTAGAATTCGTATTGAGAAAGA
ACTAAAAAATAACATTACTAACAACAACCTTTTCAAATTAATGGAAGTTGAAAAAAGTTT
AGTATACTTTTTAGCTGCCTTAAAAGGTAACGATACAATTATTA AAAAGTTATTCCGTTTA
CCTGCAATTAACGTTTTGAAGAAGATGAAGAATTACTAGAAGATTTAATCATTGAAAAT
AACCAAGCCATCGAAACAACAGAATTACATCAACGTATCTTAGAAAAGTATCACAACATC
ATACGCTTCCTTATTATCTAATGATATGAATACGATTATGAAGACATTAACACTTTTCACG
GTACTATTAACGTTACCAACGCTCGTATTTAGTTTCTTCGGTATGAATGTCCGTTGCCAA
TTGATGACCATAGTTATATATCTTGGATTATTGTGGTAGGTATTTCAATTAATTCTTGTGTA
ATTGTTAGTATTTCTTATGGCGTAAACAGAAATTATAA

> **scrA**

Function: protein coding sequence; PTS system/sucrose-specific IIBC component (core genome, constant)

Best match: scrA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2503340:2504782:r]RC

Position: 058-contig_243: 5489 ... 6932; Length: 1443 bp

Sequence:

TTATTCTACAACCTTCTTTATTTGCTTTTCTTTTCGATAAAAATTAAGTAACCTGTTATGGCAA
CGATGAATGATATTGTCATACCAACAAAGTAGTGTAACCATCCTGCATGTACTGGATTGA
TTGAAATAAATCCAGGCAATCCAGCAGTTCCTAATGCGATTGCTTTAACCTTGAAGAAAG
CAATATATGCTGAACCAATACCTGATCCAACGATAGCGCCAATAAATGGATATCTTAGTT
TTAAGTTAACACCAACATAGCCGGTCTGTAAATACCAAGTAATGCTGAAATACCTGCGG
CAGATGCCACACCTTTTAACTTTTTATTTGTTAATAAATAAAGAACGCTGCAATTGCTGC
ACCACCTTGTGCAACATTAGACATTGTCGCAATCGGGAATATAAATGATCCACCCGTTTT
AGTGGCATCTGCAATTAATGTCGTTTCTACAGCTATAAAGCTATGATGCATACCTGTAATA
ACAATTGGAGCATAACAATAATCCGAATATTAATCCACCAATTGCACCACCAAAATTCATAA
AGCCATGTTAAACCATCTGATAACCAGTAACCTAATTGTCGAGTGATTGGACCTACAAAT
GAAAATGTTAGAAAATGCTGTTATAAAAATAGATAACAATGGTGTTAACAAATTATCTAAC
ACCGTTGGAATAACTTTGCGTAACCCTTTTTCAATTGAGGCTAAGATATAAGCTGCTACA
AGCATAGGTAACACTTGCCTTGATAACCTACTTGATTAATATGCAAACCAAAAACATCC
CAATATGGAATAGCCTTACCTGCTTCAACTGCTTTTGGGAAATCGTATGCGCTCATTAGCG
ATGGATGAACTAGTATCATACTAATGCAGCACCTAAAATGGATTGCCACCAAAAGCGTT
TTGCTGCACTAAATCCAATTA AAAATTGGTAATAATGTAAATGGTGCATTGCAAAAACAT
TTATCATTTTCAGCTAATCCAGCAAATTGACTATATACATCTATCAATGATTTACCTGAAAA
GAATAAATCTTTCGCAGTCAAAAATGTTATTTAACCCCATTAATAAACCACCAGCAACGAT
GGCTGGTATAATCGGAACAAAGATATCTGAAAGCATTTTTACAAATCTCTGTAACGGATT
CATATTTTTAGCAGATTGTGCTTTGACTTCCGAAGTGTTGATGCTTCTTTTCCAGTTAATT
TTTCCAGTTCACTAAATACTTTATTGACTGTACCAGACCCAATAAATTTGGTATTGTCC
CCCAGTAGAAAACGTCCCTTAACTACATCCATATTGTTTAGCGCCTCTTCATTTACTAAA
CTTTCATCATTTAAAACATAATCGTAGTCTCGTTGCACAATGCGCCATTGCATCTAAATTCT
CTTCTCCGCTATCGCGTTCAAATATCTTCTGCGGATTGCTTATAATTCAT

> **DUF1722**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: DUF1722_CC001-ST772_118_AJGE01000007.1[7159:7542] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 7114 ... 7498; Length: 384 bp

Sequence:

ATGAAAGAACGTGGCTATATCGAACAGCTTTGGCGTGAGGAAAAATATCATGTATTGTTA
CACAGTCAACAGTCTTACCAAATGATAAGGAATGCTTTAAAACGGATTTATCAATTCAT
CAAGTCCAACAAATGATTGATGATGCTTTGTTAATTGAACCGAGTATAGGAAGTGTATGT
AATGCTTTTGTATCATATGTGGGGGATTTTTAAAAAATGTGCGAATGAAGAAGAAAGACAA
CAATCAAACTACTTAAAGCTGATTTTATTAATGGTAAAATCGACACCCAACTTTATTA
GATTTTTTAGCAGAACTTGCTAATAAATATGATGTTCAATATTTACTACAAAGTCGTGTTT
TAAACACAAAAGAAAGAGATAG

> **ssr42**

Function: noncoding RNA small stable RNA 42 (core genome, constant)

Best match: *ssr42_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4*[2506868:2507746:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 7497 ... 8376; Length: 879 bp

Sequence:

```
GATTGAAACTTTAGTTGTAACGGACAAATAGTAGTCATTGGAGTTCAGCAATTCATACTT
TGTAATAAGTTTACTATAATCTATCTCTCAAGGTTTAAATGTACATATCTATATTAAGAT
GCGTTTCATGATGTTAGAAGATACCATACACATTTAATTAGTTACAGCATAAATCAATTTA
TACCCTTAATTATTACATTGTTTATATTTTAAATTCGGGGGAGTAATTTAAGTAATATCTT
GTTGCTGCTAATTCTATTGTTAATAAATTGATATTAGATGTAGAAATTGAGTGTGAAAGTT
AATAATAGATGATTTAGCTAGTAACATAATTAATTCATATATAGTCAAAAAGTTCTGTTA
GATACTGTTCTTGATGAATATTCTTTGATGTTAGGTGTTAGCTATTCTAGATGAGTTTCTTA
GATGTGGATGCCTGTCTTGATGAAGTTATCTATGATGTTAATATAATACTTGATGTTGATT
CTTAGATGTTAGTGCGATTTCAAGATGCTGATTCTTTGTTGTTGCACTATCTTGGTGACGT
TTCTAGTTGTTTATAGTTATCGCATCTCTTGATGTAAAATCTAAGATGTTTATGCATTTCTA
GATGTTAATTCTTCGCTGCTTAAGAATTATCTTGATGGTAAATCTAGTTGTGCCATGCATT
TTCTCATGATGAATCTAAGGTGTTAATTCATTGATGTGTGCTGTTTCTTGTTGCTTCATTAT
CTTGATGGTGAATTTGTTGCTAATGCACCTTTTCAAATGATTATTCTAATTGTTACGGC
AATAACTAGATGGATTTTCTTAGATGTTCACTTTTCTAGATGTTTATACTTATCTTGATGTT
TTCTAAACAGAACTTTTAAACG
```

> **araC**

Function: protein coding sequence; transcript regulator (core genome, variable)

Best match: *araC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2450850:2452955]

Position: 058-contig_243: 8985 ... 11091; Length: 2106 bp

Sequence:

```
ATGACATGCCAACTTAAAATACATCATAACATTATCGACAATACCCAGTCGTAATATTAAT
AATATTATGGTGCTATTTTCACTTACAAGTAAACTCAATATTACGATTAATGGTGAAACCA
AAGACGTAAGTAATTATATTATCTTAATTAACCATGGTGATATTTATAATATTAACCACGG
CGAAAATATAATCGAATTAATGATACCCGTTTTTTATTTTATCAACAAGATGATGATTTT
TTTAATGGTTATTTAGATCGTCATTTATTACAATCAAGTAATTATATTAAGTCATTAATTG
CCGATTTAATCAGTACACCAACAAGTTCTTCTTTAATGGGGAAAAATATAGGTCAAAGTA
TTATAGACACTTTACTTAAAGAAGCTTTTATAAGAATAGATCATGAATATTTACCAAATAT
TGCTTTAAGCAATCCGGTGTTTCATAGACTGTGTAAACTATATTCATGACAATATTGATGCG
CACTTGTCTTTAAAAGATATAGCGATGCATTGCAACATCTCTGAATCATATTGTTCTAATC
TTTTGTTTCGATATTTGAGTATGAATTTTAAAGATTATTTTACAAGTATTAACCTTGTTAAC
GCCATCAATTTATTACTTTCTACAAAACATTCTATTACAACCTGTTTCTGAATTGGCCGTT
TTAACAGTCATACAAATTTTGCAAATCAATTTAAGAATTACTTGCAATTTAGTCCTAAACA
GTTCCGTTCACTCGTTTCCAAGATTACTGAACCACCACAAATACATTTCCAACAAGATAA
CGTATCACAATTCAGTGAATTTCAACAATTGATTTAACAGCTCAACTGGCTACAAAT
ACAACAGATATTCATATAGATGATTTTAAATCCGAAAGATCGAAGTCAGCGTGCCAAAGTA
TTTGTTTCGATTTAGTAATTTCAATGAACTATTTCAATTTATTTTCAATGAATATTACGATAT
TAACTTTGAGCACTTACCAAACCTGTCGTTTTTATTGACGATATTCACGATATTGAGATT
AGCCAAACGAATTACAACCTGTTAAATAGATGTTTTGAAAAGCTTTTTCGAAAAAATATA
GGTTTAGCAATCGCTATTAATCAACACAACAATTCGAAACGATGAAGCAATTAATACTC
ACATTTTACAAGGCAATCAAGACTATAAGACAAGCAAGAAATTAGTTAAATTTATGCTC
GTATTTTGCTCTAATTCTATGACAGCAGAAGAAATTCATTTATGTCATCTTAAAATTAATA
ACAAAAATAAAGAAATTAATATAGTGTGACAGTCGATGGCTTTTTAGAACTTATTCAA
CCGTGGAACAAGTTTATGATGTCATGCAGCGTCTTAAATTCATTATTACTTTATTGATAT
TGAAAATTCAAAACACTGCAACACATCTTATCACTAAAACCAACACTATCATCAAACCTGA
CACTCATTTTGAACAGTATAAGAAATTTATTTTAGATTTCAGGTATATCATCAACACAATTT
GTATATAATAACCTGTCTGTAAGCGGATTTAAATATACTAATGATGGTAAGAATCCAATT
CAATTATCTGACATAGTGTATCACTTAATCGCATTATTACGATATGGCGGTGGCATTAGCT
ATCAATTATTAGATGACCATTCAAATTATATTTCTTGTACAACAAATATGGTAGTCCCCT
```

ACCATTAATGCATTTATATAAAAATGTTTAGACCTTTTGTTAATGAAGATATTGAAATTACA
AATAATTATGTATTGAGTCGTAAAGATAATAACTACCATTTCTTATTATTCAATAAAAATTA
ATGATCGATATATGTCAGACGTAACAAGATTTTCATTTTCCATAATGAATTACCTCAAG
ACTCTTTGATGATTATTAACAATTGAATCATGAACATGGTTCAATTCAACATTTGCTTCC
AATAAGCGATCAACTTGTATATAGAAAAAGAAATTTTAGATGAATTAGACAAAACGA
ATTACCTAAAACGGAGCTTGCAGTTCAAGAAGAACTGGTCGTACATTTGAACTCAAGT
TAAATCACGACGAGGTAAATATATTTGCTTTAAACCAAGCTAA

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 9919 ... 9928; Length: 9 bp

Sequence:

ATGAACTAT

> **gltT**

Function: protein coding sequence; (proton or sodium)-glutamate symporter (core genome, variable)

Best match: gltT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2454279:2455556:r]RC

Position: 058-contig_243: 12728 ... 14006; Length: 1278 bp

Sequence:

TTAAATTGATTTTAAATATTCTTGACCTTTTGCTTTGTCATATACGTTTTCCATTTAGCTA
TAACGATTGTTGATAATGCGTTACCAATAACGTTTACACATGTACGTACCATATCTAAGAT
ACGGTCAACACCAATAATTAATGCTAAACCTTGTGCCGGTAAGCCCATGGCACCTAATGT
TGTTAATAAAACAACGATTGAAGTTCCTGGTACTGCCGCCATACCTTTAGACGTAATCATT
AATGTTAACATCAACACAATTTGCTCTGATAATGTTAAGTGCATTCCATACATCTGTGCAA
CGAATAATGCTGCAATAGATTGATAAAGTGCTGATCCGTCTAAGTTAAACGTATAACCAA
TTGGTATAACAAAAGAAGTAATTTCTTTTGGAGAACCGAAGTTTTCCATTTTCTTCATCAT
TACAGGAAGTACAGCTTCCGAACCTGAAGTAGAAAATGCTAAAAGCAATTCATTTTCAA
GATTCTAATAATATTCATGATATTAATACCACACATCCATGCAACTAGTCCTAGTATAGCG
AATACAAAGAACACCATTGCAAAGACAACAATACTAATTTAATAGTGGAATAAAT
GCGGATGCACCAAATGTAATAATTGTAGTACAAATGAATGCAAACACTCCAAGTGGTGCT
AATTTTAAAATTTTATTAATCATCCAGAACACAGCTTCAAGCGATCCGCTTAAAAATTCTT
TAACTGGTTCTGCTTTTTTACCTACAGCAGCTAATCCTAATCCAAAGAATACTGCGAAGA
AGATAATAGGTAATAATTCACCCTTATTTAAAGCTTCAAAAAAGTTTGTGCGGAATAAAT
GTACAATGGTATCAATAAAATGATTTCCATATGTAGATTGTTCTGCTGCATGTGCAGTTGA
TTGATATTTAGAAATATCACCTTTAGGTAATTTTGTGGGTCTAATCCAGCACCTGGTTTA
AATAGGTTACCGAAGATAATCCCTAAACCTATTGCGATTGTTGTAATAATTTCAAAGTAT
AAAATTGTTTTCCAGCCATAACGCCCTACAGTTTTCGATTCCCCAACGTTTCGAAATAGAA
AGCGCTAGTGAGCAAAATACAACCTGGTATAACGATCATTTAATTAATTTAAAAATACG
TCACCAAATGGTTAATGTAATTTGCTACGTTTTCTGTCCATATAATAAAAGTCCTACGA
CAACACCTAACACTAATGCAATAACAACCTTGCATAGGTAGGCTAATTTTCTCTTGAATA
GAGCCAT

> **sarZ**

Function: protein coding sequence; HTH-type transcript regulator (core genome, variable)

Best match: sarZ_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2395729:2396175] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 14950 ... 15397; Length: 447 bp

Sequence:

ATGTATGTAGAAAACAGCTATCTTAGCAAACAGTTGTGTTTTTTATTTTATGTTTCTTCAA
AAGAAATAATTAATAAATAACACAACTATCTTAAGGAATATGATTTAACCTATACTGGTT
ACATTGTTTTAATGGCGATTGAAAATGATGAAAACTTAACATCAAAAAATTAGGTGAAC
GTGTATTCTTAGATTCTGGAACACTGACACCATTACTAAAGAAATTAGAAAAGAAAGATT
ACGTTGTTTCGAACACGTGAAGAGAAAGATGAAAGAAACCTACAAATTTCTCTAACAGAA
CAAGGTAAAGCAATAAAAAGCCCTCTTGCTGAAATTTCTGTAAAGGTCTTTAATGAATTC

AACATTTTCAGAACGAGAAGCATCAGATATAATTAATAATTTGCGGAATTTTGTCTTCTAAA
AATTTTGACTATTCCGACAGAAAGTAA

> **narK**

Function: protein coding sequence; nitrite transport protein

Best match: narK_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2455468:2456637:r]RC

Position: 058-contig_243: 16147 ... 17317; Length: 1170 bp

Sequence:

TCAACCGTTTTTCAATGAGCCATATTCTTTTTGGTATAAATGACGCATGGTAAATAATGCA
ATACATCCAAATACCGCTAAGAAAATAAATGCTAAATGACTTGATCCTGTTAAATTAGCT
ACGTACGTGATTACTAGTGGTGGGAAGAATCCTCCTAAACCACCCATCATTGATACGATA
CCATTTGCGGATCCCGCTTCATTTAAGAAGTATGATGGTACTAATTTGAAGATTAAGCCGT
TACCAATACCTGCACAAATACTTATTGTTAAACAGCCTACAGTGAATAATGCGATATGGT
CTGAAATACCTAAAATAATGGCTCCGATAATCATAACAACAAAATCAATCATCAATACTT
TAACTGCATTAATTTATCACCTAAAATGCCACCTATTGGTCTTAAGAATGTTGCCAGCGC
AATGAATACACCTGATCGAATACCAGCATCTACTTTGTCAATTCCAAATGATTTACTAA
GTAGTTAGGTAAGAAAATACCAAATGCTACAAAAGCACCAAAGTAATGAAATACCAAT
AACTTAAGTAATATAATTTGTAGTTTTTAGATAATGTTTTTCATTTGTGCCATTAATGGCAC
TTTAATTTTACGTTCTTGTGTATCACCAAAAATAAACATAATTAATGCAAATAAAGCGAT
AATAATTAAGTAACCTTCTAACAGTTGTTTGCCAACCAATAATACCCGCAATTGGCGGTGC
TAAAAATGAAGAACTGCTGTACCGATATTTCCCATACCATAAATGCCATTTGCTAGACC
TACTTTTTCTTTAGGGAAATATTTAGGAACTGATGTAACACCAACTGAGAAAATTGCACC
ACCTACACCAAGGAAAAATCCTGACGCCATTAACATACCCGGTGTGTTGTGCTTGGCTTAA
GAAAAATATCGGGAATAACAATACGATAAAACTAGTAAAGAATACCCATTTAGCGCCAA
CAATGTTTGTAAATAACCAAATGGCACACGGAGCACCGATCCCAAATAACTGGTATCG
CTAAAATGATTGATATTTGACCTTCAGTAACATTGACATCTTGTTTAATAAAGGGCATTAA
TGGCGCAATTATACTCCAAGCCATAAACCCAACCACTAACTTAATGTTTGTAAATGTAAG
TTGAAAGCCACCTTTTGTGTTTGTACAT

> **nreC**

Function: protein coding sequence; oxygen regulatory protein (core genome, variable)

Best match: nreC_CC088_21343_AHKV01000051.1[33164:33817:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 19576 ... 20230; Length: 654 bp

Sequence:

CTAAAACCTAATAATTTCTTTTTCAATGCATATTCAACTAGCTCAGGTTTACTCTTTAAG
CCAAGCTTTGTCATAATATGCGTCTTATGTGCTTCTACTGTTTTTCACAGATACAAATAATT
TCTCTGCAATTTCTTTATTCCCGTAACCTTTGGCAATAAGCGGCAATATTTCTAGTTCTCGT
TTTGATAAGATTTTAAAAGGATCTGTTGTGTTTGCAGTGCCTGATTTGAATTAGATACAA
ATTCATTCACTAAAGATGTTGTAAGTTTCATATCTACATATGTTTCACCTTTATATACAGTT
CGAATAGCTAACAATAATTGTTTCATCAGGTGCATTTTTCAATATGTAACCTTTTCGCACCAT
TACGCAACACATGGAACAAATACTCCTCATCATCAAACATTGTTAATATTAGTATTTTAGT
TTCAGGAAAACCTGTCAGCAATTTTACTCGTAGCGATAAGACCTGACTCACCTGGTGGCAT
ACTTAAATCCATTAGTAACACATCAGGTTTATAATCCATTACTTTTTGGTAAGCTTTCGACG
CCATCTGCAGCCGTTGCAACAACTTCCATATCATTTTGATAATTTAAAATCATAGAGAACC
CCGTACGGACAACAGCGTGATCATCGGCAATGACTATTTTCAA

> **nreB**

Function: protein coding sequence; oxygen sensor histidine kinase (core genome, variable)

Best match: nreB_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[87574:88608]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 20252 ... 21287; Length: 1035 bp

Sequence:

TCAAATTGGAATGTTCAATGTAACATTGGTACCCTCACCAATTTTCGTTTCAATATTGACG
CTACCGCTGACTAACTCAGCTCGCTCATTCAATCCATATAAACCGAGTCCAGAACCTTTAG
GCTTAGAACTTGGATCAAACCAATTTCCCGCATCTATCACTTCTGCTACCAAATGGCGCCC
AGTTTGACGGATACCTACATTTATTTCAATTTACATCAGCGTATTTCAACGCATTTAGAATA

GCTTCTTGCACACTACTCGATAAACAACCGTTTCAATATCACTATCAAAGCGAGTATTTTTAA
TATTTGATGTATATATGATTTTTATTCCATAATTTCTTCAAACCTGTTAAAATATGATTTA
AAAGCTGCTTCAAGGCCTAAATCATCCAAAGAAGCGGGTCTTAATTCAACCGACATATTA
CGTATATCATCAATTAATTTAGCGACAATATATTCAATATTTTCTGCGTCTTCCAAAAGCT
TAGTTGTATCTTCTTGATTTTTAATAATCTCAATTGAACATCTACATTGAGCATTCTTGA
ATCACACTATCATGAACTCTCTAGAAATTCGCTTTCTTTCATTTTCTGGGCTGAGATTGT
TTACGCATCATAACGTTGTTGATGTAATTTCTCTTGCTGTTCAATTTGTGATGAAACATTTT
GAAGCGTAAATGCATGAATCCCCTGTCTTGATCAATCAACTGATATGTTGCTGTAAATG
GCATCACTTTTTGATCTTTCGTCTTCATAAATACTTGGAAATTCGTAGCTTGTACTTGCATC
GATTCTAAGAAACAGTCTTTACATGATTGCACATCATAGGCATTTGTATACCCTTCACATC
TGTGACAAATCGCATTTCGCCACAGCACTGTAATTATCTTCTTCAGATAATATATCTTTAGC
AGCATCATTCAATTGCAATAATTTACCGTTATCATCAGCAAAAACCTATCTTTTCGATTGAA
TGCTCATAATATTTTTTCAATAAAGTATCTAACTGTATACTGTCTCCTCATTAATCAT

> nreA

Function: protein coding sequence; oxygen-responsive nitrogen regulation system protein A (core genome, variable)

Best match: nreA_CC080_11819-97_CP003194.1[2492791:2493243:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 21310 ... 21763; Length: 453 bp

Sequence:

TTATTTATCATCATTGAAAATACCAAACCTACGTTGAATATCATCATTATCAAATATTTTT
GGTAAAGGACGACCATCTCTTTGACCAAATAATAGTACGCCATACACTTGATTCTTATAC
CAAAGCGGCACTGCTAAAACCTGCTGTTAATGATTTCGCTTAATAAAAATTGGATAGTCAATC
TTTTCTTCAGGCCCTAAAGCTAAACCAACATTGGCTATTACCATACGCTTTCCTGTTTTCA
TAACAGTTCCAGCTAATCCACGACCTTTTCTTAAAATAATCAATTTAAATCGATTATTTTT
ATTACCTGAAACATAGTGCCATTTTATTGGAGATGATGGTTTGTAGATTTCATAGAAAGC
GATTGCCGAAAATCATAACCCTCTTCTTTGCGTATTTTATCTAATGTCTCTTGAAATCTA
CGATCTTCAATTATTGCTTCTGGTGTCAA

> narI

Function: protein coding sequence; respiratory nitrate reductase/gamma subunit

Best match: narI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2463334:2464011:r]RC

Position: 058-contig_243: 21782 ... 22460; Length: 678 bp

Sequence:

TTACACTTTATTCTTACGGTAAATAATATATCTGCGATTTATATATGTCAAAGGTACACTC
CAAACATGCACCAAACGTGTAAATGGCCAACAAGCCATAATAGTGAAACCTAACAATAT
ATGCATTTTAAATGCAATCGGCACACCACTCATCAATGACGCATCTGGTTTTAACATAAA
TAATTGTCTAAACCAAATTGATAATGAAGTTCTGTAGTTAAAATCTGGATGTTGTATATTG
GTTACTAATGTTGCGTAAACATCCCATAAATACGATAAGTAATAATAAGAAATTTACAAAT
ATATCCGACGCTGAACTTAATCTTTCGAATACTTTTCGTAGTAACACGCTCTCGCTGTTAATA
AAAACATCCCTATCAAAGTTATTATACCAAAGATGCTACCAATATAAACAGCGCCTATAT
GATATAATTGCTCAGATACCCCACTGCATCCATCCATGGTTTCGGTATTAACAATCCAAC
TACGTGTCCAAAAAACACTGGAATAATACCTAAGTGAAATAATAAACTTCCCCACATCAA
CCTTTTTCTTTCTATTAATTCCTAGATTTAGCTGTCCAAGAAAATTTATCATAACGATAA
CGTGCAATATGACCTGTGACAAAGACAACCTAAACATAAATACGGAAATATAACCCATAA
AAACTGATTAAGCAT

> narJ

Function: protein coding sequence; respiratory nitrate reductase/delta subunit

Best match: narJ_CC001_MSSA476_BX571857.1[2443170:2443760:r]RC

Position: 058-contig_243: 22452 ... 23043; Length: 591 bp

Sequence:

TTAAGCATGATGTTTCACTCCTTTTGGTGATGTCAAACATAATTTCAATGTTTTTCTAAGT
GCTTGAATCAGATAGGCATATGGATTGTTATCTTACCAAGTACATTCGCCATCAGATATG
TTCCATCCTCAATAATCATAATGATTAATTGAATATTCTCTTCAGCTCTTGGATCATTTCGC

CATTCTGCCACTTGCAAAAATTGAAGCATCAACGGTAGATAATCAGAAAGTTCATTATCT
ACCATTTCTAGTCCAAACATTTTCATATAATACCTTTAATTTAGCTAACATTTGCCACGTT
CTTTTTGCGTATCAAATTTGTTATACGTCATATATAATGGTGCTTTTTTCGTA AAAATCAAAT
GTATCTGTATAAAATCGCTTTGATTTCTGATAATGAAAATGTCATCATTACATTTCTAAATG
CTACTAAATCTTCATATGCTGGATGATCTGTGCGAAATTGTTTCTTCAAAGTTTTTGGATG
AAAAGTTAATTTTTCTGGAAAACATAACTGTTGTGCCATATATCCAAAACTTTCTTGATAT
TTTTTAAAATTATCGAAATTAATCACGGAAAATCCCTCCAT

> **narH**

Function: protein coding sequence; respiratory nitrate reductase/beta subunit

Best match: narH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2464572:2466131:r]RC

Position: 058-contig_243: 23020 ... 24580; Length: 1560 bp

Sequence:

TTAATCACGGAAAATCCCTCCATAGAAATTCTCATTATAAATTTCTTGACCAGTTTTCCCT
GAACCTACTGCAACGCCACAGCCTTCACAGTTATCTCCAAAATGCTCGCCGCCGTAATTA
TATCCTGTACTACCTTGTGCGTGATACGTATCTAAATAGGTTTCTTGTGTGATGTTGGAA
TAACAAATCGATCTTCATATTTGGCTAGTCTAATAAACGATACATGTCTTTAGTTTGGCG
CTCCGTTATACCTAATCGCTCTAATCGAGACGTGTCAAATGGCTGTTGAGTAACTTGAGAT
CTCATATAACTTCTCATCATTGCCATACGTTGTAGGGCTCCTTTTACTGGTTCTGTATCTCC
TGCAGTGAAAATATTAGCTAAGTATTCAATAGGTAAACGCATTTCTTCAATGGCTGGGAA
AATCGCATCTGGATTTTGTAGTTGATTTTTTACCTTCAAATAGCTCATAATTGGGCTAAGT
GGTGGGCAATACCAAACCATCGGCATCGTTCTAAATTCAGGATGTAACGGAAATGCAAGT
TTATATTCAATTGCTAACTTATAAATTGGAGAGTTTTGTGCAGCTTCAATCCAATCATAAC
CAATACCATCTTTTTTACGCTTGAGCAATGACTTCTTCGTCAAATGGATTTAAGAATATATC
TAATTGTTTTTTCGTATAAATCTTCTCGTCTACTGCTGAAGCCGCTTCATGAACTCGATCTG
CATCATATAATAAAACACCTAAGTAACGCATACGTCTGTACAAGTTTCAGAGCATAACCG
TAGGCATACCCGCCTCGATTCTCGGGAAACAGAAAGTACACTTTTCAGCTTTGTTTCGTTTT
CCAATTGAAGTAACTTTCTTATATGGACAACCTGTCATACAGTAACGCCATCCACGACA
TGCGTCTTGATCAACTAATAACAATGCCATCTTCATCACGTTTATACATAGCACCTGAAGGA
CACGATGCAACGCAACTTGGATTCAAGCAATGTTACATAAACGTGGTAAATACATCATA
AAAGTTTCGTCAAATTGGAATTTAATATCTTCTTCTATTTTTTGGATGTTAGGATCTTTTGG
ACCTGTAACATGACCACCTGCTAAGTCATCTTCCCAGTTAGGTCCCATTCAATTTCAATG
TTATCCCCTGTAATTTCTGAATACGCTCTAGCAACTGGCGAATGCTTCCCTGATTTTCGCAG
TTGTTAAATGTTCATAATTATAGTTCCATGGCTCATAATAATCTTTAATTAATGGCATATC
TGGATTATAAAAAATTTTACCTAAAGCAATTTTTGAAATTCTACTTCCAGATTTTAATTCA
AGTTTCCCTTTACGATTTAGTACCCAACCACCTTTGTAGTGTCTTGGTCTTCCCAACGTTT
CGGATACCCTACACCTGGCTTCGTTTCTACGTTATTGAACCACATGTACTCAGCACCTGGA
CGATTTGTCCAAGTGTTTTTTACATGTCACACTACCGTATGGCATCCTATGCATTTATCTA
AATTTAATACCATCGCAACTTGCCTTTAATCTTCAA

> **narG**

Function: protein coding sequence; respiratory nitrate reductase/alpha subunit

Best match: narG_CC001_MSSA476_BX571857.1[2445287:2448976:r]RC

Position: 058-contig_243: 24569 ... 28259; Length: 3690 bp

Sequence:

TTAATCTTCAAGCCAATTAACCTCCTTCATCTTTCTAACTGCTACATATAAATCCCTTTGGT
TCCCAATTGGTCCATAATAATTAAGTGATAACTAATTTGTGCGTATCCTCCGACTAGTTG
TGTTGGTTTCAAATGGATTCTAGTCGGCGCGTTGTGTGAACCACCACGTGTATCTGTAATT
TCTGACCCAGGCGTTTGAATATGTTTTATCTTGTGCATGATACATAAACATTGTACCTTTAG
GCATACGATGCGAAATAACTGCTCTTGCCGTTACAACACCATTACGGTTATACACTTCTA
GCCAATCATTATCTTGGATATCGTGTTTTTTACGCATCTTCATTTGATATCCAAACCGTTGG
ACCACCTCTAAATAGTGTCAACATATGCTTATTATCTTGATACATTGAGTGTATATTCCAT
TTCCATGAGGCGTTAAATAACGCAGTACCAAAGCATCTGTACCACCTTTAATTTTTCTTAT
CTCTATTCCCAAATACCATTTGGCGGCAATGTCCGTTTATATACTGGTAAGCTCTCCCCAAA
TTGTTGGAAAACCTTCGTGATCCACATAATAACTTTGACGTCCTGTTAATGTTCTAAAAGGT

ACTAGACGTTCTATATTCGTTGTAAATGGTGAATATCGTCGACCTTGTTTATTTGAACCTG
GGAATACTGCTGTCGGTATTACTTCTCGTGGTGTGAAGTTATATTTAAAAACGAAATTTT
CTCAGCAGCGCGTTCGCTAGAAATATCTTTTAACGGCATTCCAGTTTGTTCCTCGAGATCT
TCATATGATTTTTGTGATAATTTACCATTTCGTAGCAGATGAAATACTTAGTATTGCATCAG
CTACATTACGTGCTGTATCAATACGTGGACGATTTCGCTCTCACAGAATCATCATTTGTATC
ACTCCACGTACCTAACATACTTTTTAATTCTTCATATTGTTCACTGACACCGAAACTTACA
CCATGTGCTCCAACCTTTCCCTTTTTCAAGTACAGGACCAAGCGTGACATATTTGTGCTAAA
TTTTAGTGTAGTCGCGTTCTACAATTGCAAAGTTAGGCATTGTACGTCCAGGTACCGCTTC
AATTTACCCTTCGACCAATCTTTCCTACTACGCCGTATGGTGTTGAAATTTCTTGCTTTGTAT
CATGACTAAGCGGAGTTGTACACAACATCTTTAAACGTTCCAGGTAAATAGTCTTTTGCCAT
TTCTGAAAATGCTTTTGCCAACGTTTTATAAATATCCCAGTCTGAACGCGATTCCCATAAT
GGATCAATAGCTGGATTAAGGATGTACATATGGATGCATATCTGTAGATGATAAATCA
TGCTTCTCATACCAAGTCGCTGCTGGCAATACAATGTCAGAATATAAAGGTGTTGCTGTC
ATTCTGAAATCTAAAGAAACGACTAAATCTAATTTCCCTGTTGTTTCCCTCACGCCACGTAA
TTTCTTCTGGCTTTTCATCTTCATTTGGTGTAGCTAATAACCCTGATTTTGTGCCAAGTAAA
TGCTTCATAAAGTATTCTTGACCTTTTGCAGAACTTGAGATTAGATTTGAGCGCCATATAA
ACAGTGATTTCCGGATGATTCTTTTCAAATCCGGATCTTCTATCGCAAATTCGTTTTGTTTT
GACTTAACTTCATTTATCGCTCGTTTTAAAATTGCCTCATTTCGACTCAATGCCTTCATCTTT
AGCTTCTTCTGCAAACAACAACACTATTTTTATTAATTGTGGATATGATGGTAACCAACCA
AGTCTAGCTGCTAAAACATTATAATCAGCTGGATGTTGATGCTTTAACTCCTCTGTTTTAG
CTAATGGAGATTTTAAACGATCTACATTTGACTCTTCATATTTCCATTGGTCTGTTGCAAA
ATAGAACCAACTTGTTCGGTTTTGCAAACGTGGTGGTCCCTGCCAGTCTTTCGCAAATGCG
ACAGTACTCCATCCTTCAATCGGACGACATTTTTCTTGTCCACATAGTGAGCCCAACCGC
CACCATTACACCTTGACAGCCACATAACATAACTAAGTTTAAAGATTGAACGATAAATCG
TATCTGAGTTAAACCAATGGTTAATACCCGCACCCATGATAATCATTGAACGCCCTTCAG
TATCGATAGCGTTTTGCGCAAATCTTTCGCTACTTGAATGACAACACTTTGTTTTACGCC
TGAAATGGCTTCTTGCCAAGCAGGTGTATTTTTGATTCTGCATCGTCGTATCCTTTTGAT
TCTAATTTATGATCAAACGACGCACGCCATATTGACTTGCCATTAAGTCAAAAATTGTA
GCAATACGGACTTTGTACCATTGCTAAAGTGACTTGTGCGAGTTGGAATTGGACGATTG
AATATCCCATCTCCATCACTATCAAAGTATGGGAATTGAATTGTTTCTAATTCGTATCCAC
CTTCTGTCAATTGATAATGTAGGGTTAATTTAGAACCATCTTCTGTTTCTAGTTTTAAGTTC
CACTTCTTACCTTCTTCCCAACGTTGACCCATTGTGCCATTAGGTACTACTAACTATCGT
TGATTGCATCATGAATAACTGGCTTCCATTTCGCTTGTCTGTTGTTTGACCTAAGTCACT
CGCTCTTAAAAATCGACCCGCTTTATATCCATTTTCATCTTCATCCAGCATGATAATAAAC
GGCATATCTGTATATTGTTTGGCGTAATTTATAAAGCGTTCATTAGGTTGATTAACATAAT
GTTCTTGTAATAACATGCGTCATTGCTTGTGCAATTGCAGCATCTGAACCAGGATTCG
GTGCTAGCCAGTTATCTGCAAATTTACATTTTCTGCGTAATCTGGTGCTACTGAAATGAC
TTTTGTACCTTTATAGCGGACTTCAGTCATAAAATGTGCATCCGGAGTACGTGTTAAAGGT
ACATTAGAGCCCCACATAATAATGTATGCTGCGTTATACCAGTCACTTGATTCAGGCACA
TCTGTTTGTCTCTCCCCAAATTTGTGGAGAGGCAGGTGGTAAATCTGCATACCAGTCATAA
AACTAAGCATTTCACCACCAAGCAAATTGATGAATCGAGCACCTGCTGCATAACTAATC
ATTGACATCGCTGGAATAGGTGTAAATCCTGCGATTTCGATCTGGACCATATTTTTTTATTG
TATACAGTAATTGTGCTGCGATTATCTCTGTAACGTCTTTCCAATTTGAACGCACGTGCC
TCCCATACTCGGGCTTGCTTATATTGTTTGGCTTTGTCTTCATTTTCAACAATAGAAGCCC
ATGCAGCCACACGATTACCATTGTTTTCTTCTAATGCTTCAGTCCATAAATCCCAAAGCTT
CCCACGAATATATGGATATTTGATTCGAAGCGGACTGTATTCATACCAAGAGAATGACGC
ACCTCGTGGACATCCTCTCGGTTTCGTATTCAGGCATATCCGGACCACAACCTGGATAGTC
AGTTTGTGATTTTCCCAGGTAATCACACCATTTTTTCAAAATACTTTCCAAGAACATGAG
CCTGTACAGTTAACACCATGTGTTGTTCTTACTTCTTTATCGTGGCTCCAACGTTCTCTGTA
CATTTTTTCCCATCTCTACTTTTACTTTCTAGGATCGACCAATTCCCATTAATTTTTCTG
TTGGCTTAAAGAAATTC AATCCAAATTTTCCCAT

> **tx_nasF**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_nasF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2470040:2470110:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 28488 ... 28559; Length: 71 bp

Sequence:

TGGCACAACGACAAATAAGGCTTCAACACGAATATATTCTCTCGGTTGAAACCTTACTTA
TTCATTTATTT

> **nasF**

Function: protein coding sequence; uroporphyrinogen-III C-methyltransferase

Best match: nasF_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2527730:2528707:r]RC

Position: 058-contig_243: 28566 ... 29544; Length: 978 bp

Sequence:

TTAGTGACATAACACTGTATTAGCATCTGCACGATCGGTTGAAATATATGTTACATTTTCT
TGCTGCTTAATAAATGCATCATAGTAATCATATTGCGACGAATGATATGTGCCATTCGAT
GTATCATTTGGGTTTAGCAAACAGCCATAACCTTCGTCATATAAATGTTACAGAGCATA
AGGGCGTCATGTTTAGAACCACTTACTACATAAAAATTGCTTCATAGGATCATATGATTTA
GGAGTGTTTTAGTATAATCAACAACCTCCCTATAATACATATACCTGGTTTCGCCTCAA
TTGAATAGTGTTGCAATTTTGAATAAATATTACTTAAACGCCCTTTAACGACGAATTCATT
AAAACAAGATGCTTGAAAAACAATCGCTATCGGATAATCAATATCTGTGTACTGTTGTAT
CTGGGCGATAATTTCCCTAAACGTTTAACTCCCATATATATCGCCAACGTGCCACCATT
ACTAAGGAATTGACATCCACTTCATTTTCTTCTGAATCTTTAAAGTGACCTGTAGAAAATG
TCACACTTTTAGCAACTGTACGCATTGTCAAACCTGTCTGCATAGTAGCAACTGCTGCGCT
CGCTGATGTCACCCCTGGTACAATTTCAAACGCAATATGATGTTTATTTAGTGTGTCGACT
TCTTCTTGACACGACCAAATATCGCTGGATCGCCACCTTTAAGTCTAACAACCTTGTTAT
ATCGACGCGCTGCTTCCACGATACAGTCATTTATTTTTCTTGCTGAATATGTTTTGCATAC
GGCTTTTTACCAACATCGATAATTTCAAGTAGTCAAATTCGCATATTGTAATAAACGGAT
TACTAATCGATCATATAGAATGACATCCGCTTACGTATTAACGCTCAGCCTTTTTAGT
CAAATAATTCGGATTACCTGGTCCCGCACCTATCAAGTAAACCTTGCCATATTTATCTACA
GACAT

> **nasE**

Function: protein coding sequence; assimilatory nitrite reductase small subunit

Best match: nasE_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2528698:2529012:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 29534 ... 29849; Length: 315 bp

Sequence:

CTACAGACATATATACGTTCCCGTCTGTAACCTTCTACCTCATAAACATCTACACAACCT
TCATCAGGTTCTTGTACAATCCCAGTATTTAAATCAATCTTTTGATCATGAAGTGGACAGA
ATACATATTCACCACTCACTGTTCCCTCTGACAATGGTCCTTGTTTATGCGGACAAATATT
GTGAATCGCGTGAATTGTACCACCTTTCAGTTAAAAACAATCCTACCTCTTTGCCTTTGACA
ATAACCTTTTTTCCAATTAGGGGTGTTAATTCATCTATAGTTGTCACCTTAATTTTTCTTT
TGTTTCCAT

> **nasD**

Function: protein coding sequence; assimilatory nitrite reductase large subunit (core genome, variable)

Best match: nasD_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[76603:79008]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 29852 ... 32258; Length: 2406 bp

Sequence:

TTACACCTTCTCCACTTCAAAAATTTTACGTGCTTGCGCATTGCTAGTTATTGCTTCCCAA
GGTTCAGCTTCGACTGCTTTTTTAGCATCCATAATGCGTTCAAATAGTTCATTTTGTCTTTC
TGGGTCAAGTAAGACTTCTTTTACATTTTCAAATCCAAGTCTTCTTAACCATGGCGCTGTT
CTTTCAGCATATATACCTGTTTCGCGATAATATTGCATCAAAGCACCACATAATTTGATTA
CTTCATCTTCTGTTTCTACAGTTGTTAAAAATTCAGCTTTTTTCGACTTCTGTACCACCATTA
CCACCGATATAGATTTGGAATCCATTTTCAACTGAGATAATACAAAATCTTTAACACCT
GATTCAACACAACCTTCTTGGGCAGCCTGATACACCCATTTTGAATTTATGAGGTGTATCGA
TGTATTCAAATGTTTTTCTAAACGAATGCCAAGTCGTGTCGTGATTGCGTACCAAATCG
ACAAAACCTTTTACCAACACAGCTTTTAACTGAGCGTGTTTTCTTACCATAAGCTGATGCT
GAACGCATACCTAGGTCTTCCCATATATTTGGTAATTCTTCTTTTTTAACTCCATACAAAC

CAACACGTTGCGAACCTGTCACTTTAACTAGTGGCACATGATATTTCTTAGCCACTTCTCC
TAGACGAATCAGTTGGTCTGCATCTGTAACACCCCCACGCATTTGAGGTATAACAGAAAA
TGTACCATCATTTTGAATATTCGCATGGTAACGTTTCGTTAGCAAATCTTGATTCTCTTTCAT
CTTCATGATCATGTGGATAAACCATGTTCAAATAATAGTTAATCGCAGGTCGACATTTTG
GACATCCACCTTTGTTTTTAAAGTTTAAACATGTGCAACTTCTTTAGATGTTTTTAAACC
TTTCGCTCTTATTTGCGTACTATTTGATCGCGTGTCAAATCAGTACAACCACATATACCA
GCAGGTTTTGCGGCAACAAAGTCATCTCCTAAGGTGTGCTGCAATATTTGAGCAATTTGC
GGTTTACATTTACCACATGAATTCCTCCGCTTTTGTTTTTAGCCGTTACTTCTTCAACTGTTGT
AAAGCCATTTCCGTAATCGAATTTACTATAGTACCTTTATCAACACCATTACAGCCACAA
ATTGTTTCATCATCAGCCATATCAGCAATTGATAGCGATGCCTCTTCTCCACCTTTAGTAA
GCAATGATACAAGTGTGTAATCTTCAGTGGATTCACCTTTTTTCATCATGTTATAAAAGCG
TGAACCATCATCGATATCACCATATAGTACTGCACCAACTACATTACCGTCTTTTTAAAA
GATTTTTTATAGTTATTATCAACACTATTAATATTTCAATACCTTTAATTTCTGCATTTT
CTACAATTTGACCAGCACTATAAAGTCACACCAGAACTTTTAAATGACGTAATGTTG
TTGATCCCTTGTATCCGTTTCGTTTCTTTATTTGTTAAATGATCAGCTAATACTTTACCTTGT
TCATATAGTGGTGCAACGAGTCCATAAACTTTGCCGTTATGTTCTGCACATTCACCAACTG
CATATACATTTGCTATCACTTGTTCATCACATCATTGACAACAATACCACGATTAACATC
TAGACCTGATTCCTTTGGCTACTTCTGTGTATGGTCGTATACCTACTGCCATAACAATAAG
TCTGCCGGAATCTCGCGTCCATCAGCCAATTTAACACCTTCAACATCATCTTCTCCTAAGA
TTTCAGTTGTGTTGGCTTGCATTTCAAACCTTCATACCTTGCTTTTCTAGATCTGCTTTAAGC
ATATTTCCAGCTTTACGGTCTAGCTGCATTTCCATCAACCATTAGCTAAATGTAACACCG
TTACTTCCATACCTTGATCTAATAAAACCACGTGCACACTCTAAACCTAGTAATCCTCCACC
AATTACAATTGCTTTCTTTTTAGTCTTAGCAATGTTTCATCATTTGTTTCAGTATCATCAATCG
TTCTCCAACCAATTACACTCGGTAATGTGCAACCTGGAACCTGGAATGACGAATGCTTTAG
AACCTGTCGCAAAAATCAATTTATCGTATGATACTTCAATACCATTTGCAGTAGTAACTG
ATTGATTTGCTCTATCTACTTCAATTACAGGATCATTGTGTAATTAACCTCGATACCATGTT
CTCATACCACTCATATGGATTCATAATTGTTTCTTCAACTGTCATTTTATTTTGTAATAAT
TTGAAAGCATGATGCGGTTATAGTTTGGATAAAGTTCTTTACCTATTACCGTAATATCATA
TAAATCGTTGGCGCGCTCTAATATTTCTTCGATTGTTTCGAATGCCCGCCATACCGTTACCA
ATCATTACTAGTTTTTTGCTTTGCCAT

> **nirR**

Function: protein coding sequence; nitrite reductase operon transcript regulator (core genome, variable)

Best match: nirR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2473875:2474606:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 32323 ... 33055; Length: 732 bp

Sequence:

TTATATTTTCATCGGAATCATTAAGCTTTCTAATCTATCGTTAATGATTTGCTTTAAAATTG
GGTCGAAGTTAATTGAAGGTGTGATGTGTATATCTGTATTAATAACCATGTCATTCATTTG
CTGCTTCACTTTGTTAACAAGCCTTCCGTCGTATAAAAATAATGGTACGACAATCAATTTT
TGATACCGTTTCGAGATGCTTTCTAAATCATGTGTAAACTAATCTCTCCATATAGCGTTC
TCGCATATGTCGGCTTGCTAATTTGCAAATTTTGAGTGCATATTTGTAACCTCTTCGTGTGC
CTTAGTAACTTTCCATTAATATTGCCGTGTGCAACAACCATAACTCCAACCTTGTGTTCT
TCACCTGCTAATGCGTCACAAATACGTTGTTCAATTAATCGTCTCATTAAAGGATGTGTGC
CAAGTGGCTCGCTTACTTCTACCTTTATGTCTGGATACCGTCGTTTCATTTTCATGAACGAT
ATTCGGTATATCCTTGAGATAATGCATTGCACTAAAGATTAGCAATGGTACAATTTTAAA
ATGGTCAACCCCACTTTGAATCAACGTCGTCATTACCGTCTCTAAATCCTGATGCTCACTT
TCTAAAACGCAATATCATAGTGATGTATATCATCTTTTACTAATTCAGAAATAAATGCTT
CTAACGCTTGATTCTGTGCTCCGTGCCTCATGCCATGTGCAACAATGATATTCCCATTAC

> **nirC-L2**

Function: protein coding sequence; formate/nitrite transporter/locus 2

Best match: nirC-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2475606:2476430:r]RC

Position: 058-contig_243: 34054 ... 34204; Length: 150 bp

Sequence:

TTATTGTTGCTCTAAACGATTACGCTTACCATTTAAGAAAGCATAAACGAGACCTACAAA
AATACCGCCACCGACAAAGTTACCTAAGAAAGCAAAAACGATATTTTTTAAAACGTGTAA
CCATGAAACTGCATCAAGGTTAAAGAATAC

> **zinT**

Function: protein coding sequence; zinc-binding ABC transporter/substrate-binding protein (core genome, variable)

Best match: zinT_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[71294:72844]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 36016 ... 37567; Length: 1551 bp

Sequence:

TTAATGCGCTAACATTTCTTCTTTGATTTGGTCTTTATTTAATTTTGAAGGATAATATGTTG
GCCAGTTATCCATTTCTTTAATAACGCGTCATTATCATTACCCATAAAGATATGGAAGTG
TTCTGCCTTTTTAGGTGCAATGTTGTGATCGCTAAATTGGATGAATTTTCGGTAAGTCTTTA
TCATTACCATCGACCAATTTAAACATAAATCTCACGCCACGGTTACCTTTAGGATATTTCA
ATGTTTTCTTACCATTGTATTCATATTTACCAGTGTGTTTCTTACCATCTTTAGTAAATGTA
ATTTCAATTTCTTTTATATCAATGTTAGTAATATCAGTTTTATATCCTTTGTCATAATAAGC
TTTTAAATCTTTAGCAGATTTCTTAGGATCATTTTCAGCTTTATGTTCCATCACTTCATCAA
GCGTACCGTCTTTAAGTAAGGGTAAACAGATTGCCATTACCAGCATAATCGCTTAATT
CACGGTCTTTAACTTGCTCATCTTTAAAATACCCATCAGAAATTGCTTTATCGTGTTTACTT
TCAGCTTTGTCGTCTTTCACTTTAACACCACTGTCTAAAGCTTTACCGATATTTCAATATT
CGATTTCAATTAATGATTGATACGTAATATTATCTTTTTTCTGTGTGTTCTTTATTTAAAGACT
CCATGTTGTAGAATTTTAAAGGCTTCGCATCTGTTTCTTTACGAATTGTTTCAGTCACTTTA
TTCGCAACATTATCTTCGTAAGAATATATTTAGCATTGCTATCTCTAATTTCTTTAACAA
TTTTAGTTAATTTCTTTTTGTGATGGATCTTCAGCATTATTTTTGAATACCTTTTTGAACA
AAACCATAACGATCAGCTAAGTATCCAATTGATTCATGTGAAATGAATACTGCATTACCT
TGCTTATCTTTTGAACCTTGCTTCATATCGTTATCAATTTTCTTAAGATCGTCGTTAATTT
TTGTAGTTTTTCTCATAGTCATCTTTATGTTTTGGATCTTTTTTCACTAATTCATCTTTAAT
TTCTTTAGCGAAAGTTTGGTTAATTTTAGGATCTAACCATACGTGTGGATCATATCCACCA
TGATGATGATGATGTTCTTTCTTCATGATCATGTCCCTCATGTTTCATGCTCTTCACCATG
CTCGTGTGATCAGTTAAAAGCTTTGCTTTATCTAATTTATCCTCTAAAGACAGTTTTTTAT
CTTTATCTTTGATAGTAGATGCAACTTTCTTAGCAACCGGATCTAAATTATCCCCTGTATA
CATAACAAGTCTGACTTGCTTGCACTTAATATATCTTTTTTGTGTTGGTTCATAGCTATGT
AAATCTGTCCCTGCTGGATAGATTGATGATACCTTCACGTGTTTTCCACCAATTTGCTCTG
CAAATGATTGCAATGGATAAACTGTCGTTTTAATTGTTACCTTGCCATCTTTATCTTTTCCA
TCATCATTCCCACATGCGGCTAATGATAAAGTTACGGCTGGTACAAGAAGTAACATACCT
AATTTCTTTTTTCAT

> **dsbA**

Function: protein coding sequence; putative protein-disulfide isomerase (core genome, constant)

Best match: dsbA_CC001_MW2-USA400_BA000033.22480197:2480796:rRC [4_50ANF10END]

Position: 058-contig_243: 38650 ... 39250; Length: 600 bp

Sequence:

CTATTTTATTTTATCTTTTAAATAACTTCTCATAACTTTTCATAATCATATGGATCTTCAACTT
TCTCGCCATTAATAAATGCAGTTGGTGTGCTTTTTATATGATTATCTTTTCGCTATTTTTTTA
TCTTTCTCTACAGCTTTCCAAGACTTGCTATCTTTTGTCTTGTAATCTTTTATAATTTTATTT
TCCGTCTCTTTATCTAAATGCAGTTGTTAATATGTTTTATCTAATAGTTCTTTTGTAAACCA
TTCTTTATTTTTCATCTTGCTGGGCAGCAAATAAATTGCTTTTGAATAATCTAAAATGATTTA
GGTGCATACATCAATACTGCATGACTCGCACGCGAACCAACAATTGAGTCTTTACCTAAG
AAAGCTAAATTGACAAATTGGTATTCCACTTTGTGATTATCTATATAATTTTTACGCAACT
TTGGCATGACTTTTTTCATCTAATTTTACAATAAGGACATTTATAGTCGCCATATATGAC
AACTAATGGTTTGCCGTTTTTCGAAGATGTCGTTGCTGATTCTTTTTTACCGCAAGCTGTT
AAAATTAACATGCTCACTATAAATAATATTAGTAATTTTTTTAGTCAT

> **fmhA**

Function: protein coding sequence; femA-like protein (core genome, variable)
Best match: fmhA_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000031.1[91695:92945:r]
Position: 058-contig_243: 39885 ... 41136; Length: 1251 bp
Sequence:

```
ATGAACTTTGTAACGTTGACTTCGGATGAGTTCAATGCGTTTACAACAAAGCATTTCAC
ATTACACACAATCAGCTATTCATTACAATCATAGAGTTGATTTAAAAGGCGATGTGCATC
TTGTAGGGGTTAAAGATGACAATGGTCAAGTGATTGCAGGATGCTTATTGACAGAAGCAC
ACACACTTAAATTTTTCAAATATTTTTATACACATCGCGGGCCAGTGATGGATTATACAAA
TCAATCATTAGTAGCATTTCCTTTAAAGCATTAAACGTCATATTTAAAGAAACACAATTGT
TTATATGTCCTTGTAGATCCATATTTAATTGAAAATTTACGCAATGCAGACGGTGAAATTG
TTAAATCTTATGATAACCGAGCATTGTTAGAACAAATGGATAAATTAGGTTATAAACACC
AAGGTTTCCCTGTAGGTTATGATTCAATGAGCCAAATCCGTTGGCTGTCAGTGTTAGATTT
AAAAGATAAGACTGAAGACCAACTTTTAAAAGAAATGGATTATCAAACGAGACGTAATA
TTAAAAAACATATGATATTGGTGTCAAACTAAAACGTTAACGATTGATGAAACGCAA
ACTTTTTTCGACTTATTCCATATGGCTGAGGAAAAGCATGGTTTCAAATCCGTGAGTTAC
CATACTTTGAAGAAATGCAAAAGTTATACGATGACCACGCCATGTTAAAGTTGGCGTATA
TTGATTTAAACGAGTATTTAAAACGTTACAATTAAGCAACAACAATTAACAGCTGAAC
TCTCAGGTGTTGAAGAAGCATTGGAAGAAAGTCCTAATTCAAAGAAAAATAAAACGAAA
CGCACACAGCTAGAACAACAGCTAAATAGCAATAAGCGTAAAATCGACAATACAATAGA
ACAAATTGAACAAGATGGTGCAGTCTTAAACTTAGCTTCTGCTTTATTTATCTACAATGAG
CATGAAGTTTATTACTTATCTAGTGGTTCAAACCCTAAATATAATGCTTATATGGGTGCCT
ACCATTTGCAGTGGGAAATGATTAAGTTTGCTAAAGCGCATCATATTGATCGCTATAATTT
TTATGGTATTACCGGTGACTTTTCAGAGTCATCAGAAGACTATGGCGTCCAACAATTCAA
AAAAGGTTTTAACGCACATGTAGAAGAGTATATCGGTGACTTTATTAAGCCTATCAAACC
AATGTTTTACAAAATTCAGCAGTATTTAAATCATAAACGTCGTTAA
```

> **A5IVJ1**

Function: protein coding sequence; polar amino acid ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, variable)
Best match: A5IVJ1_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[66897:67628]RC (completely identical)
Position: 058-contig_243: 41232 ... 41964; Length: 732 bp
Sequence:

```
TTATTCCTTCATTTATAACATTTAAGAAACGTCTTAATTCTTCTGTTTTTCGGACGGTTGAACA
TCTCTTCTGGAGCCCCTTGTCTCCGATCATACCTTCATGAATAAATAACAATGTTATTAGA
TACTTCTTTAGCAAACGCATTTTCATGTGTCACAATGACCATTGTCATGCCTTCATTAGCC
AAATCTTTAATAACCTTTAAAACATCATTACAAGTTCAGGATCAAGTGCAGATGTTGGT
TCATCAAACAACATCACTTTAGGGTTCATTGCTAGTGCTCTTGCAATAGCAACACGTTGTT
GTTGACCACCTGATAATGCATGTGGACGTTGATCTTTGACATGTGTTAAACCAACTTTCTC
AAGTAACTCAAGTGATTTCCCACGTGCCTCATCCTTTTTCAACTTTTTAACTGTGATAAGA
CCTTCCATTACATTTTCTAATGCCGTCTTATGCGGAAAAAGGTTATAACTTTGAAATACCA
TACCAGACTGTTTACGAACTTCTATTTGTGATTTTTTATCTTTAGATGTATATGTTTTGCCG
TTAACATAAACTGTACCTTCAGTTGGAATTTCTAATGCATTAATCATACGTAACAATGTTG
TTTTACCTGAACCAGATCGACCGATTAAGGTTACAACCTCACCTTGTTCAACAGATAAAT
CAATACCTTTGATGACTTCAACATCATTAAATGATTTATGGATATTGTTCAATTGAATCAT
```

> **mdeA**

Function: protein coding sequence; multi drug exporter A (core genome, variable)
Best match: mdeA_CC001_MSSA476_BX571857.1[2464276:2465715:r]RC
Position: 058-contig_243: 43560 ... 45000; Length: 1440 bp
Sequence:

```
TTATTGACGAGAATCAACTTCTTTTTCTTCCCTTGTAACATAAATGAACAAAAGAAACTA
ATAACTGTAATCAATAATGCAAATAAAAATCCAGCGTGATAACCATGCAACATCGTATCA
ACTTTAATTTGATTCATCATATCAATTTTGTTTCATGCCATTATAGTCTGACATAGTTGGAG
AAAAGTTTTTGCTTGCATGAGATAAAATAGTAATTAATGCAGCTGTTCCGATAGAACCAG
CAATTTGTTGTAAGTGTGTTTGTGCATAGATGAACCATGTGCATTCATTTCTGGCTTTAATTG
```

ATTCATCGTATGGGTCATTACTGGAATTAATCCTAACGCGATACCAACCATTTCGAATCGC
ATAAACTGTTGCCAACATGATTGTTGATGTTTGTTCATCCATTACAACAAAATAAGCCGTA
GTAATAACAACAATCGCCATACCGACTAAAGCCAATTTTCTTGGACCAAACCTTTTCATAT
AAAGCACCCGAAGTCATCGACATAAATGCCATAACAATTGCTCCTGGTAATAAAGTTAAC
CCAGAATCTAAAGCTGAACGATGCAATAAATTTTGCACAAAGATAGGTAAAATCGTTTCC
GAACCAATCATCGATACCATTGTGACACCCATAATAATGATACCAACTGTAAATTGTTTA
TTTTTAAATACTGCAAAATTTAATAATGGTGTGATAGCCGATATTGACGTAATACAAAT
AATGCGACTAAAACAACGCCTCCAATCATAGATACTAATACGATAGGATTATCAAAAACCT
TTTTCTGAAATTGAACTCGTTCCATACAATAACCCGCCGAAACCTAGTACAGAAAAAATG
ACAGAAATAAAATCAATAGGTACTTTAATTGTAGTTCCAACATTTTTTATCGTTTTAAATC
CAATTA AAAATGTAACAGCTGCAATTGGAGCGACAACATGGAAAAGCGATCTCCAGTTA
AAATATTCAACAAGGTAACCTGAAAGAGTAGGTCCAATAGCTGGTGCTAAACCAATTACC
AAACCAATATCCCATATATTTACCGCGTTCATGCGGTTGGAAAACATCCAAAATCGTT
GTCATCATCAATGGCATCATAATACCTGCGCCTAACGCCTGAATAATTCTAGCAACTAAT
AATGTTGCAAAGTGCGGACTCAAGCCGCCGAGTAATGTACCTAAGAAAAAGATAGAAAT
ACCCACTAAAAACACTTGTCTTGTGTATAACGTTGTATAACAAGCGCGGACAAAGGAAT
ACAATCCCATTAGTCAATAAAAAAGCTGTTGTCAGCCATTGAACTTGTGTATATGAAAT
TTCAAAGTCTTTCATAATACTTGGTAAAGCCGTCCTAATAAGTGTTTCATTTAATAATCCA
AAAATCCACCCATCAGCATAGTAATAATCATCGTTAATTTTTGTTTCTTCGACAT

> **gpmA2**

Function: protein coding sequence; phosphoglycerate mutase (core genome, constant)

Best match: gpmA2_CC008_COL_CP000046.1[2474088:2474774:r]RC

Position: 058-contig_243: 45431 ... 46118; Length: 687 bp

Sequence:

TTATAAGTAGTATTTATCTATAACTTCTAAATCATCCGTTAATTCATAAACAAGCGGTGCA
CCTGTTTTAATTTTCATAATTAATGATATCTTCATCTGACACATCTTCAAGATATTTAATCA
ATGCGCGAATTGAATTTCCGTGTGCAGAACTAATACCGTTTGACCATCTAGCAAATATT
GTGAAATATGATCTGTCCAAAATGGTATCACTCGAACTAAAGTATCTTTCAGACTTTCAG
AATAAGGCATCATAACGTTTATCTAAATGATTATATCGACGATCAGCTAAGTAAGCTTCAC
GTTGTTCTTCGGTTTCAGCAGGCGGTTTCACATCATAAGAACGACGCCAAATATGTACTTG
TTCTTCTCCAAATTCTTTTCTAGCATCATCTTTATTTAAGCCTTGCAATCCACCATAGTGGC
GTTCAATTAACGCCAGCTTTTATATACAGGAATCCATTGTTGTTTAGATTTCAGTTAAAAT
ATAATGCGTTGTATCTAAAGCACGTGTTAATAACGATGTAAAAGCTACATCGATGGCAAT
GTTATTTTCTCTTACTTTTTACCTGCTCTAGTCGCTTCATTAATACCTTGTTCAGATAAAT
TAACATCTTCCCATCCAGTAAATAAGTTTTTAGCATTCCACTCGCTTTGTCCATGACGACA
TAAAATTAATTTTGGCAT

> **cdf**

Function: protein coding sequence; cation diffusion facilitator family transporter (core genome, constant)

Best match: cdf_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2545604:2546470:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 46444 ... 47311; Length: 867 bp

Sequence:

TTATAGATGGTCTGGTTCTGGGTGAACGTATACTGAGGAAATACCTTTTTTGTGCAAATGA
TGTTTCGACATTGTCACAAATTTGATGCGCTTCTACTAAGGAAAGGTTAGCATCTACAACA
ATTGTGACATCAATAAACACACTACTTCCATGGTAACGCCCTTAATACTTTTAACTTCTT
GTACTTCATCAACTTCTAAAATATCATTGCGATACGCTTCTAATTCAGTTTCATTGAAACC
ATCACTCAACATAAAAATTGCTTCTTTAAAATAACAAAACCAGTATAAACGATTAGTAA
GCCTAGTAATGTTGCTAAAATAATATCGACAATTGGGAAACCGATTTGCGTAAAAATTA
TCCTATCGCTGTTCCAATGCTGACTAACTATCTGATAAATTATCTTTGGCAGCCGAATTT
AAAGAACTACTTTTCGTTCTTTTCGCTAGTCTTTGATTGACTGCAAATACAATCAACATTA
CAAGACCACTGATTAAGCTGACGATAATTGTTATTGCGTTAGGTACAACGTCATCTTCTTT
GAACAAACGAGGTGCATTTTGAATAACTACTTGGATACCTACAAACATAATGACAAATGA
CACCAATAATGAAGAAATATTTTCAGACTTCAAATGGCCATAAGGATGATTTTCGATCGGC

AGGTTTAATTGAAATTTTCAATCCAATAATAACAGCTAAAGAAACGATAATATCTGTCAT
ATTGTTTAATGCGTCGGCTCTTACAGCTGCAGAGTTAAAGACAAAACCCGTGACATACTT
ACAATAGATAAGATTATATATAACAATTAAGTCAAATAAGCACCGCGTTGCGCCAATTT
AAGATTTTCATTATGAGACAT

> **sbi**

Function: protein coding sequence; staph IgG-binding protein (core genome, variable)

Best match: sbi-MW2_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[59607:60920:r] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 47940 ... 49254; Length: 1314 bp

Sequence:

ATGAAAAATAAATATATCTCGAAGTTGCTAGTTGGGGCAGCAACAATTACGTTAGCTACA
ATGATTTCAAATGGGGAAGCAAAAGCGAGTAAAAACACGCAACAACTTCAACTAAGCA
CAAACAACCTCAAACAACCTACGTAACAGATCAACAAAAAGCTTTTTATCAAGTATTACA
TCTAAAAGGTATCACAGAAGAACAACGTAACCAATACATCAAAACATTACGCGAACACC
CAGAACGTGCACAAGAAGTATTCTCTGAATCACTTAAAGACAGCAAGAACCCAGACCGA
CGTGTTCACAACAAAACACTTTTTACAATGTTCTTAAAAATGATAACTTAACTGAACAA
GAAAAAATAATTACATTGCACAAATTAAGAAAACCCCTGATAGAAGCCAACAAGTTTG
GGTAGAATCAGTACAATCTTCTAAAGCTAAAGAACGTCAAAATATTGAAAATGCGGATA
AAGCAATTAAGATTTCCAAGATAACAAAGCACCACACGATAAATCAGCAGCATATGAA
GCTAACTCAAATACCTAAAGATTTACGCGATAAAAAATAACCGCTTTGTAGAAAAAGTT
TCAATTGAAAAAGCAATCGTTCGTCATGATGAGCGTGTGAAATCAGCAAATGATGCAATC
TCAAATTAATGTAAAAGATTCAATTGAAAACAGACGTTTAGCACAACGTGAAGTTAAC
AAAGCACCTATGGATGTAAAAGAGCATTTACAGAAACAATTAGACGCATTAGTAGCTCA
AAAAGATGCTGAAAAGAAAAGTGGCACCAAAAGTTGAGGCTCCTCAAATTCATCACCAC
AAATTGAAAAACCTAAAGCAGAATCACCAAAAGTTGAAGTCCCTCAAATCCAATCACCA
AAAGTTGAGGTTCCCTCAATCTAAATTATTAGGTTACTACCAATCATTAAAAGATTCATTTA
ACTATGGTTACAAGTATTTAACAGATACTTATAAAAAGCTATAAAGAAAAATATGATACAG
CAAAGTACTACTATAATACGTACTATAAATACAAAGGTGCGATTGACAAAGCTGTATTA
CTTACTTGGCGATGGTTCTAAATCTTATATCCAACCATTGAAAGTTGATGATAAAAATGG
CTATTTAGCTAAATCATATGCACAAGTAAGAACTATGTAACCTGAGTCAATCAATACTGG
TAAAGTATTATATACTTTCTACCAAAACCCAACATTAGTAAAAACAGCTATTAAGCTCA
AGAACTGCATCATCAATCAAAAATACAATAACTGGATTATTTAACTCATTCTGGAAATA
A

> **Q2YVZ3**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q2YVZ3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2491088:2491270:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 49472 ... 49655; Length: 183 bp

Sequence:

TCAGCTCAACTTTATTAACTTCAAATTTTCACAACTATTGCGCAATCCATTCTCTTCCA
CTACAAGCACCATAATTAACAACAATTCAATAGAATAAGACTTGCAAAACATAGTTATG
TAGCTATATAAACGCCTGCGACCAATAAATCTTTTAAACATAACATAATGCAAAAACATC
AT

> **tx_tnp13k**

Function: rho independent terminator

Best match: tx_tnp13k_CC008_TCH1516_CP000730.1[681117:681194:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 49992 ... 50070; Length: 78 bp

Sequence:

ATTCGCTTAGATTAACCTATATTAATTGACGGGTTTCGTGCCTCACACAGTCATTTAATATA
GGTTCACAATTTTGTGT

> **tnp**

Function:

Best match: tnp_traG_CC005_CF-Marseille_CABA01000108.1[4022:5042:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 50013 ... 51034; Length: 1021 bp

Sequence:

```
TTAATTGACGGGTTTCGTGCCTCACACAGTCATTTAATATAGGTTCAACAATTTTGTGTGCTT
ACATGGTACTTTAGCATTTCCTCACTCGATTTATAGTCAAATATCATTTCGAGGCCGTGCAT
TAATTTGTTTAAACAGCTTCATCTAATGACTTTTGTGTTATATTTGCAAAAATCCGTACCTTTA
GGATAATACTGTCTTAAAAGTCCATTTGCATTTTCAATGGAACCACGTTGATATGGACAA
CCCAAATCACTAAAATAAATACTACAATTCAATTCATCTTCTATTTGTTCAAATAGAGCGA
ACTCCTTACCTCTATCCATAGTTATACTTTTGGGTAATAATGGTTTCATAAATTTATAAATC
TCATTACAAACTACATTGGATTTACGTGTATTTAATCTACTAGCATATAAATATCTTGTGTT
TTCTTTCAATAATAGTTAACAAGCAATATGTTGATGGTCTAACACTCCAAACAGTATCAAT
TTCATAATGCCCAAATTCTTCACGATTATAACTTTTTGAGCCGATACTTTATAACACG
AGACCCTACGTCTAATTTGCCACGTTTTTCAGAAGACTTATTATATTTCTTGCTGCTTGTG
TCATATCACGCTTAACATCAACTTTTACCAATCCATTGCGAATATATCTATATATAGTAGG
ATAACTTATATAATGCCCTGTATCTTTTTCAATTTGACTTGCTATCTGTCTAGGAGACCATT
TTAATGAAAGTTTTTCTTCAATATATGCTTTTTGTTTCATCATTCAAACGTCTACGTTTAGCA
ACTTGTTTCATCTGAAATACTACGCGATTTTATAGCATCTTCCTCAGCTAATAAAGGATTAT
AAACACCATCAACAGAACGCTTATTTACTTCTCTATAAAGAAGTGCATCATCACGACCTA
AAATCTTAGAAATCTGAATGATGTTTAAACCATCATTTAAATACTTTGCGATAGCTAGAC
GTGTTTTATAGTCTAATCTTTACGTTTTTTTTCTTTTTTTCAT
```

> **A8Z128**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (mobile element)

Best match: A8Z128_CC008_A5948_ACKD01000006.1[75679:76035:r]RC

Position: 058-contig_243: 51142 ... 51484; Length: 342 bp

Sequence:

```
TTATTTTTTCATATTATTTTCTTCATAAACTGGTTTATGATTACTTTGATATTCTTTTTTCGTT
CATATCTTCAACTTTTACATATTTATCTGTTGTCTCATTTTTTTTTATATAAACTTGTCCACA
CTGTACCATCTTTATCATAAAACAAAAGAAATAGTTATAAATTTACCATCTTCATATACTTT
AAAATCACTATTACTTTTTTCAGGCTTCTTAAAAGAAGACTCACTCATACTTTTTCTTTCA
GAATTTAAAACGTCATCAATCTCTTTATCATATTTCTGACCACATGCAGATAATAATATAA
CTAATCCTAAAATTAATACAAACCATCGCCTCAT
```

> **A8Z129-var1**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: A8Z129-var1_CC005_A9299_ACKH01000035.1[233166:233756]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 51539 ... 52130; Length: 591 bp

Sequence:

```
CTAACGTCCTAGAGGTTTTAAATTGAAACGTTTTAAATTATCAATACGCCAACCTTCAGCT
GTACGAACTAAATCCAATTGTGCAGATGTTTGACGATGTTCAATTTTATCATCTCCATCTG
TTTCAATACGTTTCGTCGAACTGAACAAAAAATTTATAACTATCTTTTTTAGGGTCATACGT
ATCAAAATAAACATGAATATCATTAAACGGTTATATCATCATATAAATCATATTTATCTTTA
GAATCCTTAAATAATGTATCGTAATAATCCTTTGTAACATAAAGGCTTTATTTGTGGTGCTT
TTGATTTAAAAGAAGAATCTTTTTTTCATTTCAAACATCTGTTTAAACAAAATTTGAAGAAAC
TTCACGATTTTGCTTTTTCTTCATCAGAAATAACTGTTTTTGATTGTCTTTTTACTAGTTTATT
TAACTCTCCATTTTTATCTCTTAATATACGTTGTTCTTCCTGTAAATCTTCAATTTGATTTT
GTTTCATTTTAACTTGTGTTTAGGAATCTGATAACCAATTAACAGCACAAAATAATAT
TACTGTTACAAGAGTAAACATAATAATTTTTTGCTTCAT
```

> **traG-tnp13K**

Function: protein coding sequence; putative transposase

Best match: traG-tnp13K_CC001-ST772_118_AJGE01000003.1[20201:21247:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 52136 ... 53183; Length: 1047 bp

Sequence:

```
TCACTCCTTATCATGAATAAACTATATCCATCAGTCATTTTCAATGTACGTTTCATTA  
TTAAAAGCACCTTCCCAATTCATTTCTGTTATTCTAAATGTTTTACCACCATCACTTACACC  
AATAACAACAGCCACATGACCATAATGCCCATCATGACCGCCTGCACCTTGTTTCAGCAAT  
AAATAATGCACCAGGTTCCGGATTTTTATCAACTTTATAACCCTCAGCCTTAGCCCTATCA  
TTCCATTTATGTGCATCATGCCAATAAGTTGATACAGGTTTACCCATTTTTTTGACGCATAC  
CGTATGCATACCAAGTACATTGACCAGCAGTGTATAAATTACCTTTTCCAGGGTCATCATT  
TGACCAATGTGGCAATTTACCATTAACTTTATAGACTTTCCTTTACCATTACTACATGAC  
GTTTTAGCTTCTGAACCGCCTAAATCTTTCATAATTTTTTCAACTGTTGGTATCCAACGGG  
CATTCATATTATTAGGGTCATTTGACGCACCAACAGGCGCATATTTGGGACCTATTTTTTT  
AGGAGTATCTAAACCTTTAGAAATATAAACATCATACAAATTTTTAGCTCCCGCATTAAAG  
ACCGTCTTCAATAGTTGGATATGTTGAATCATGAATCGATTTTGAACCCATAACAGACAA  
AGGATTATTTGTCTTGTCTGCATTTTCTCCTTTACCCCATTTGCGATTCACTCGCAATAATAG  
CCATAAAAATATTCACAGGTAATTTATTTTTTCTGCAATTTTCTGTATTTCTTTTCTTTA  
CCCTCTAATTTTCCACCTTTAGCATTTTCATTAACTTATCAATACCATTGCGGAAACATT  
ACCGCCACTAACAGTACAACCAGCATCATCTTTATCTTTATTTGAATCAGGCGCTAACAA  
AAACATTACAATTACTGGAAATGTAAAAAAGCCACCACACAAAATGATGATGACTT  
TCGCTAATTTCAATTTAACACCTATTGGCGTTTTACCTATTACTTTTTTAGCAATATCTTTT  
TTATTTACCAT
```

> A8Z131

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (mobile element)

Best match: A8Z131_CC005_A9299_ACKH01000035.1[230276:232123]RC

Position: 058-contig_243: 53172 ... 55020; Length: 1848 bp

Sequence:

```
TTATTTACCATGCTTATTGATATCCTTTTGCTCTTTTAGACGGTCTTTTACTGAGAATTAC  
GTGTAATAGGTTGATTACGATTTCCAGATTGTCTACTTTGTTGATTCTGTGTTGCATTTTGT  
ATTTGTCGTTTTTGAACATCAGTATCATAAGCAGTTTGAAGTACTTCTGTTCTTTACGATT  
TATTGAATGATTCTCATTATTTAATGGCTGATTAACCACTTGTGGCGACCTTTGTATATCTT  
TTCGCTGCTTGTCTCGTACTTGATGCTCTTGCTGTGATGCTTTTTTGTGGTTGTTTAGAA  
TAATTATTTGCATTTGATTCAACAGAAGCAGATTTTACATCGTTACCATTCAATTGACTCTT  
GTTGTTCTCTTCGCTTATTACCATTTTTTTGATTATCTTTATTTATAAATAAAGGCATTGGT  
TTATCCTGCTGCCTTCTTCTTAAATCATTATCATTTTGAAGTGGTGGGGCGGGTTCATCTCT  
TTGATTTTCTCGCTTAGCTTTCTTATTTTGCCTTGTTCATGACGAATCTTATTTAAAACGTT  
CTTGTTGTTTCGATTCATCACACCAGCACCAATTGCACTAGGAGAAAACTAATATTACCAC  
GACTTACAAAATTGATAATTTGAGCCCGTTTTTTATACATTACAAACAATATTACAATTAT  
AAATATTGAATTTAAAAAATAAGCATTCTGACTATCCGGTTCAATAAACTATTTGCAAG  
CTTGATACACAAACCAACTATCACAAATAAGAATGTCATACAGGCACTTAAAATAATATA  
GCCTAACGTTTTTGCAAACGCAGAGAAAACAGATAATTCAAATCCTGGTATAAACTCAC  
TATCCAACCTGAATACTAAAAATAAAAAATAAAAAATAAAGCAAATGTAGAAAAAATCAACT  
TCGCAAAACTAATTGATAAAAAATACAATTGACATAAAAAACAGTAATAATAAAGCCAATC  
ACTGAAATAGCCAACCTTTGAAATACATAACCTTGCCTCATATATTTATTATCTTTTTTCTC  
AACCTCATTTTTTACAATTTTATCAATCTCATCTTGTCTTTTTTTGAAAAATCTTGTTTTA  
AAATGTTATCAATACGGTCTTTACCTTTTGTCTTTATCTTTTTTTCGTCTACAGTTCCATAA  
TTCATTACTAAATATGTTCTATATATCGTCATATCAAATAATTGATTACGTATATGATTCA  
TACCTGAATTCTCATGAATATAATCAATATTCCCATCAATAGTAGATGTACTATTCATAAT  
TATATTATCAAATCCTTACCAATATTGTTTGTACCACGTATAATATTACCTGCATTTCGCA  
AGTATACCAACACCAAAACCAATTAACACATAATTA AAAACGCTCGTTTTAATGCTTCT  
CTTGCAATTACCTTGTACACTAAAAATAATAAATGCGTTAAAAACAACAATAATAAATAAT  
GTTATTGCCAAATTACTCAATAACTTTTTGATATATATCGCCAACAAAATCACCGATTTTAT  
CCGCAAAATCATTAAATAACATCTAGTTGAAATAAATTTTCAATCGCATAATCTGTAACAC  
CTGCTAAAATCTTAGTCATAGAAAAGAAAAAATCTGACACATTATTAATTTGTCTGTGAAA  
TTTCTTCTTGACCAACGGATTCCAGTCGCCTTTTTCACTATATATTGAACGATAATGTGA  
TAAATCATACTTTTCAATTTTTTGGCTTAACTGCATGTGAGGGCTCTCCAACCTGGATTAGAA
```

ACAGCGTAAGCACTCACAGATGTTAAAAGCAGAATAGGCAAAATTA AAAAGCATAAAAG
ATACACACTTTTATGCTTCAT

> **Q6GHC0**

Function: protein coding sequence; putative conjugative protein (mobile element)

Best match: Q6GHC0_CC001-ST772_118_AJGE01000003.1[23089:24447:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 55024 ... 56383; Length: 1359 bp

Sequence:

TCACTCCTTATTTAATATTTGTTTCACATCTTCCACAAAATCATATTGTTCCATTAAAGGTG
CATCAATAAAAATTGGTTCATTATATTGTCCAAGTATAGAAATATAACCTCGACCGATGT
CACTATCATGAATCGTTTGAAATCCTTTATCAGTTTGACCAAAGGTCATACGATAACCATC
ATTTGACAAATTACCTAAAGACACACGTAACCCTAATTGGTCACGCACATTACCTTTAAT
CACATCTGCATCTGGTCTTTGTGCTGTTAAAACATAAATACACCAGCTTGACGACCTTTC
ATAATAATATTAATTAATAATCATTCAATTTCTTGTAATTCTTTTTTATCTAAAGTTGAAGT
AAAAGCCGTTACCTCATCAAAAATAATGAAATAGGGGCGCATATCAAAATTACGGAAAT
CATTCCCGATTTTATAATCCGAACTATCATTCAATTAATCTAAAACGCTCTTCCATTTCATT
TTAGCTTCTCTCAATTGTTTTAATATTTGACCTTTAGTATCTGCAACTTTATCATCACCAAT
AACGCGCTTCATAAAGCTCAAATCTGAAACTTTTGGATCTAATAAACGTA CTTCTGAATG
TCTACGGAATAACTCACGAATCACATAAAAATAAAAAATATGTTTTACCACCTCCGGTTAT
ACCTGTAACCAATCCATGAGGTGCTTTCACAAAATCCCAAGTAATTTGATGCGTAATAGC
AATTTTTGTATCATAAAAAATTGTATTTGATTCTTGTTCCGCAATTCATAACAATACGCTTTT
TATATTTAAGTGGCATAAATTCATATCTCAAATAACGACCAATATGCTTTTTTTTCTACTAA
TTCAGAATTAACATTGGTTCAATAATCGTTTCTAACTCTAAATAATTATCTTGAAACCTC
GAACCGTCTTTTTTAATATGAATAACAAAAGTTTTTTTACCACGTTTATAAACATTGTTG
GATAATAATCATATTCAGTTTGTTTATAATCAATAGGGATATACTCAGTTGTTTTCTTGAT
TACTGTACGATTATGAAAACCTTGTGTTTCAATCATTTTACGCCAAATCTTTTGTTTTAAAA
CGTATTA AAAACTGAGCAATAAGCTTACATATCACAAATATAATTGCTGTACCAATTAAT
AAATACAATAAATGCGGTTTAAAATATGCAAACAACGTCAATATATCCAATTTTTTATTA
ACTGATTTATAATCAATAAACAAAATGTATATACGATATACCAAAAAAATAAATGCTAAT
ACACCTGCAAACATAAAATCAATATACTTCTGATAAGGCTGTATACGTACGCCTTTAAAT
AAAGCAATTTCAATTCATTGCCAT

> **yddE**

Function: protein coding sequence; conjugal transfer protein/ATPase

Best match: yddE_circ_879R4RF_GQ900429.1[1:1530]RC

Position: 058-contig_243: 56436 ... 57966; Length: 1530 bp

Sequence:

TTACATCGCAAATTTTTCTTCAGCTTTAGAGCTTGCAGAATCTTCTTGTGTTCTAAATGCTT
CAGTCATTTCTCAAATGGACAATGTACAACCATTTTTCCAACACGTCCATAAAAATCACT
AAATATACATTGACCTTTCTTCAAATCTTTCAACATTTCCATATTTTACAGGAGATTCTTTTG
AATATTCTAAGCCTAAAGATTTTAAAATATCCTCACGTTTCTTTTTCATCAAATGCAAA
ATGACAACCAAAGTTACCACCATCATCATCTGCTTTATCTTTTACCGATTGTGTAATAAAT
ACAAGTGAATTATTCTCAGAACGTCCCGTTCTTTTTATACGCTTACCAACTTTTTTACCTTG
TCTTGAAGCACTAAAAGCCCAACCCTCATCAATAAATATAGTCGTTTGAACATCTCTACG
AGAACCGAATTTCTCTAAAACCTTACCAATTAATAACATTAATGTAATCCCATTTTTTCTCA
CTTGTTGAATAACTTGATGTATCATCATCTGCTTTAGGCATATCTAAACCTTTAACCTGTA
AAATAGTTGCTTTTTCTTGAATATTTAAAGCTGGATTCGTACCATCACTAAAAACAAGTTT
TAAAATATTGTTTTGCGTTTTTTCAAATAAATAAATCGCCTGCATTTTTTACATGCTCATCTT
CATTATTCTGTAATTTTTCAATTACATTTAATGAACCAACTTTTTTACCATTTTACGTTCT
TCAACCGTATCAGAAATAGCTTGATAAATTGCCGTTTCAATATGATGATAATTTTCAAAA
GATTTAATTTTCAACAACTGATTTCAACATCTCATTAGCTTCAATACCATCTAAAAATA
CAATAGGGTCTAGACAACCATAATTGGTTGAATCTTCAATAATTCAATGTTACATATTTAA
TGTTTTTAAATGATTAATAAATAGGGGATACTTTTCTGCAATTCCTTACTTTCTGTTACTC
TGTCAAACCATTTCTGCAAACCTCAGATTTTGGATCCCAGTACAACATTTGACCTTTAAAAA

ATGATGTATAAATCCATAATAATTTTGCTAAAAATGATTTACCTTTACCAGTTTGACCAGT
AATTAACACATGCGGACTATCACTGACAGCCCCTTTAATACCTTTTGCAGCCAACAATAA
ACTAAATAAAATTATATCCCTTGAACCTGCAACAGCTTCCTCACGTGAAACAGAACGAAT
AAATTTATCAATACGCCCTATATAAAAACCTGTTTTTGTCCCAAACCTTTGAGACACACCA
AATAAATTTTCTGCTATACCTGTTGCCGTAGTCTTTGTAACCAATACTTATTAATAAATA
AATCATTACCATGTAAACACTGATAAAACAATTGTAACCTGGTCAGCTAATGGATTAACCTG
CATATATTTGAGTTTCCCTTAATCGTTTCATCAAACGCTTTGCTTTACGTTTACAGTCTCTA
TAATCATCACTTTTAATTACAAACATAAATACCCACTCAATAAATACACCTGAGCCAGTC
ACTTC

> **Q6GHB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q6GHB6_CC001-ST772_118_AJGE01000003.1[27691:28746:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 59626 ... 60682; Length: 1056 bp

Sequence:

TTAACCTCCAATAGAATTAGTCATATTTTTAACGTAATATTTACCATCTTTTTTCGTTATAT
CTAATGTGTAATGTTCCAAATTCTCCAAAGGAGAATCTTTATCTTTCATCAAATTTCAAC
TTTAGCAACATAATCATCGCCTTTTGGATATAACCTAATTTCTCTTATTTGAGAACTTCT
CTAGTTCCTTCTAATCCCTCAGGATTATCCATTAATAAGCCATATCATCAGGCTTACTAG
AAGCATATTTATTAAGAAATCCTCAATAAATGCTTTTGGCTTTTCGGATTATCTTCACGTTT
ATTATCTTTCAGTTATCCTCAACCATCTTAGCTTTATTTAATTGACTATCAGGAATTGGA
GTAAAATAAGGATATTCAACAACAACATACTTATTATTCTCACTCTTAATAGGTATATTA
TTAGAATATTTTGATTTACTTTACGTTGCTTTTCTTCTGTTTTTGTTCATATTCATCTTTAT
CTTTATCATTTTTCTTTTTCTTTACTTTAACTTCTTTCTTTTCAGTAATATTCACATCAT
AATTAACAATATACTGTATAATCGTTTGTATCTTTACGTTAATATTATAAAATTCCTTA
CTATTTAATTTACGTTTCAGTATCTGATGTTTTTCTTCAGGCTTTTATAATCTGATGGAAA
ATATTTCAATAACTCTTTTTCTCTAGATTCTAATTCCTTTGAGTCTTTAGAAATATTCATAT
ACGTATCAATAAATTTATCAGCATATAACTTTAATTTAGGACTATACTGAACTGTATTCGC
ATTATCTTCATACTTTTTTTGAATCATATTCGTTTTATTAACCTGCTTCTTTACTATCATTATT
TGCTCTTGTAGCTTTAATAAAAAGAAGCTAATAAAAAGAAATTAACAAAATAGCTAATAATGA
GTAAAACAAATTACAATCATCTTACGACGATTTTTAAATTTTGGAACTACTCGGCGTTGT
TCTTTAGGAATATCAAATGCTTTCGGTTTTTAGAAAATCGTGTTAAAATGTACTTACTTA
TTATTTTCAT

> **rstA**

Function: protein coding sequence; bacteriophage replication initiation factor family protein (mobile element)

Best match: rstA_CC001-ST772_118_AJGE01000003.1[28807:29898:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 60742 ... 61834; Length: 1092 bp

Sequence:

TTAACACTTATCTTTTGATAAGTGCTTTTTTTGTTTTAAAGCCTCCAAATAATGATTAATTC
TATTCGTATGCTCATCATTAAATTGTGAATGCGCTAAAATTTTATCTAAAAAATCAGTATC
TGTAAGCAACCCCTCAGATTGCGCCACTTTTCGGCAGTTAAACTGTATCTAAAGTAGT
AGCAACTTGTTTACATAACCAATCAAGATTATCCTCAATGGATTTAATGTTGGTCTAGTA
GTTAAATTCAATTTTTTTCAGTATCTTTAATAAATAACGCCAAGGTCTATACAATGGCCACC
GCTTACGATTTTTATCATTTCATCTTTAGGAGGGGAGATAAAACGCAAATATTATGCAA
TATAGACTTTACAATTTTCGCTTATATTATCTGTTCTACTCAAACTTTTCGCACAATTA
GCTATATGCTTTTCGCATTTGTATTTTACATAACGATTCCATAACCCAATGTCTTCGACATCAC
AATGACGTTTTAAACGCTTGTTCATAATTCTTTTCATAAAATCGACAATATAAATTGCTTTG
TTTGAACCAATATAAAAAGTAGCGCCTTTACTTCTTCCGTCTGATAAATTAACCGTTT
ATTGCGCTTCCAGCTCTAAAACGTGAAACACACTCAGCTTTTTTCAGCCTTTTTAATTAATA
AAGGCACTTTTAAATATGTTTTATAATCATCAATTGCAATATCAATTCTTGTAATAATTTGC
ATTAACCTGATAAACATTTATCAAAAAAATCTTGCCAAGTTTTATTCAACTGTTGTAATGA
TGTTCAAACCTCTACAACCTGTACCAGTTAACTGTAAGTGAATGCCATTGATTCATCAT

CACTTGAATAATACAATTTAATGTTTGAAAATTCATAACCGCGATTATAAAAAGTAAATGC
CACTATTTTCGTTTTTTGAACAACGTTATAGGCAAACCGATAACGTCCTCAATTACTGCTGA
AATAGGGGTTATATGGAAAGTGACCTGAACCCAGTCAACAACCTGCCTCCACGGCACTTTT
ATTTGTACGCTCTACCCCTATTAGTAAGGGGGGTACACTGGTTTTTTAAAGTCAT

> **A8Z139**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: A8Z139_CC008_21232_AGTY01000037.1[15789:16109:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 62324 ... 62645; Length: 321 bp

Sequence:

TTATTTTTGTTTAAAGTGCATTATTAGAACCAACTACTTTAATATCTTCTGCATTCCAGCTAT
ATGCGATAGTTCCAAAATCGCCTGACATTTGAACATACATTTTAACGTCTGGTTCAACTAA
TTCGCATTCTTGTAATAGTCTAATTCTACTTTATTAGGCGTTTTAACAGTAATTTGTTTCGC
CTTGTTCTTGACTCGCTAATTTATATGCATAAACAGTTTTATCAGTACGCTCTCCATTTTCA
TATTTATATTTTTTCATCTACACCTAAAAAGTTTAATTGTCCTAAAGTTTTTTAATATCCAA
TACTGGTTTCAT

> **Q6GHB2**

Function: protein coding sequence; putative protein (mobile element)

Best match: Q6GHB2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000002.1[6283:6567]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 62795 ... 63080; Length: 285 bp

Sequence:

CTATCGGTTTCATCACCTCAAAAAATTCTAAGTCTTCAATTGAAATATGATACATCTTACAA
ATAAATGTATTAGACACACCATATTGTTTTAAAAATTTATAATCCTTATAAGTAAATCGAT
AATCATTCTTTTTTGCCATTTCAAACTTCTAATATACGAAAATATGCAAATTATACAT
TTTACAAATTTTTCTTTTAGAAACACCATGAAATCTTAAATTACAAATTTACGATAATTT
AATTGATTTGAACCATCAAAAAAAGGTGTAAACTCAGTCAT

> **hlgA**

Function: protein coding sequence; hemolysin gamma component A (core genome, constant)

Best match: hlgA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2491405:2492334]

Position: 058-contig_243: 63911 ... 64061; Length: 150 bp

Sequence:

AACATGGATGCTACATATGCTTACGTGACAAGACATCGTTTAGCCGTTGATAGAAAACAT
GATGCTTTTTAAAACCGAAACGTTACAGTTAAATATGAAGTGAACCTGGAAAACACATGA
AGTAAAAATTTAAAGCATCACACCTAAGTAA

> **lukS**

Function: protein coding sequence; hemolysin gamma component C (core genome, variable)

Best match: lukS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2492902:2493849] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 64627 ... 65575; Length: 948 bp

Sequence:

ATGCTTAAAAATAAAATATTAGCCACAACCTTTATCTGTGAGCTTACTTGCCCCTCTTGCCA
ATCCGTTATTAGAAAATGCTAAAGCTGCCAACGATACTGAAGACATCGGTAAAGGAAGC
GATATAGAAATTATCAAAAGGACAGAAGATAAAACAAGTAATAAATGGGGCGTGACTCA
AAATATTCAATTTGATTTTGTGAAGGATAAAAAATATAACAAAGATGCTTTGATATTTAA
GATGCAAGGATTCATTAGCTCTAGAACAACATATTACAACATAAAAAAACTAATCATGT
TAAAGCTATGCGATGGCCATTCCAATATAATATTGGTTTTAAAAACAAATGATAAATATGT
TTCTTTAATTAATTTTACCTAAAAATAAAATTGAATCTACAAACGTGAGTCAGACATTA
GGATACAATATCGGTGGTAATTTCCAATCAGCCCCATCACTCGGTGGTAATGGATCATTT
AACTATTCTAAATCGATTAGCTATACACAACAAAATTATGTAAGTGAAGTAGAACAACAA
AACTCAAAAAGTGTTTTATGGGGCGTCAAAGCGAATTCATTCGCCACTGAATCAGGTCAA
AAATCAGCATTGATAGCGATTTATTTGTAGGCTACAAACCTCATAGTAAAGATCCTAGA
GATTATTCGTTCCAGACAGTGAGTTACCACCTCTTGTACAAAGTGGATTTAACCTTCAT

TTATCGCCACAGTATCTCATGAAAAAGGTTCAAGCGATACAAGCGAATTTGAAATTACTT
ACGGAAGAAACATGGATGTCCTCATGCCATTAAAAGATCAACGCATTATGGCAACAGTT
ATTTAGACGGACATAGAGTCCATAATGCATTTGTAAATAGAACTATACTGTGAAATACG
AGGTCAATTGGAAGACTCATGAAATCAAGGTGAAAGGACAGAATTGA

> **lukF**

Function: protein coding sequence; hemolysin gamma component B (core genome, variable)
Best match: lukF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2493851:2494828] (completely identical)
Position: 058-contig_243: 65576 ... 66554; Length: 978 bp

Sequence:

ATGAAAATGAATAAATTAGTCAAATCATCCGTTGCTACATCTATGGCATTATTACTTTT
CTGGTACTGCTAATGCTGAAGGTAATAACACCAGTCAGCGTAAAAAAGTCGATGAC
AAAGTTACTTTATACAAAACAACAGCCACAGCAGATTCTGATAAATTTAAAATTTACAG
ATTTTAACATTTAATTTTCATCAAAGATAAAAGTTATGATAAAGATACTTTAGTACTTAAAG
CTACTGGGAATATTAACTCAGGCTTTGTGAAACCTAATCCTAATGACTATGACTTTTCAA
ATTATATTGGGGAGCTAAATACAATGTATCTATAAGCTCACAATCTAATGATTCAGTAAA
CGTCGTTGATTATGCACCAAAAAATCAAATGAAGAGTTTCAAGTTCAAATACTTTAGG
CTATACATTTGGTGGTGACATTAGTATCTCTAATGGTTTATCTGGTGGACTTAATGGAAAT
ACAGCTTTTTCTGAAACAATTAATTATAACAAGAAAGTTACAGAACAACATTAAGTCGC
AACACAAATTATAAAAATGTTGGCTGGGGAGTTGAAGCACATAAAATTATGAATAATGG
TTGGGGACCTTATGGACGAGATAGCTTCCACCCAACATATGGTAATGAACTCTTCTTAGC
TGGCAGACAAAGCAGTGCATACGCTGGCCAAAACCTTCATAGCGCAACACCAAATGCCAT
TATTATCTAGAAGTAACTTCAATCCAGAATTTTTAAGCGTACTATCACACAGACAAGATG
GCGCTAAAAAATCTAAAATTACAGTAACTTATCAACGTGAAATGGATTTATACCAAATTC
GTTGGAATGGCTTCTACTGGGCAGGCGCAAATTATAAAAACCTTTAAAACCTAGAACATTTA
AATCAACATATGAAATTGATTGGGAAAATCACAAAGTGAAATTGTTAGATACAAAAGAA
ACTGAAAACAATAAATAG

> **bioX**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)
Best match: bioX_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2494880:2495347:r]RC (completely identical)
Position: 058-contig_243: 66605 ... 67073; Length: 468 bp

Sequence:

TTATCTTAGTAAGACTGCCATTCTTTTTCTCAATGTGAGATATAAAGGAATAGCTACAATT
AAAGTGAATATTACGCCTGGAATCGCGTTTAAACAACACTACCCACACAGGTAAATTTAAA
ATAATAGATAATAGTAGCCTAGATACCAAACCTGCCTAATACACTTGCTAAAACCTAATGAT
AGTACATTTATTTCAATAAATAAACAACCTGCAATAGCTATAACTCTAAATATAATAGAA
ATAATCACATTAATTGGATTAAATACGCCAAATACTAGTAATAATAGGCTAGATAATAAT
CCACCTAAAAAGTACTTTTTAATCCAAAGAAAGCTAATATCAATAATGCTGCCGGTGCA
GATAATTGAAAATCTAATCCTGGTATAATGGACGGTATTTTCAAAGCTGCCAAAATGGTT
AAAATCGCAGCAATGACACTAATTTGAGTAATATCTTTTGATGTTCAT

> **bioW**

Function: protein coding sequence; 6-carboxyhexanoate--CoA ligase (core genome, constant)
Best match: bioW_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2495358:2496050:r]RC (completely identical)
Position: 058-contig_243: 67083 ... 67776; Length: 693 bp

Sequence:

CTATACCCTTTCATAAACAACCTTGCTTCGGTGTGCTTTCTAAAAATGATATGTAATGATTT
AAATCAATACGATCGTCCACAAATATTATTCTGCCTCCATATCTCGTATTAACCTGGTTTAA
TATCAAATAATCGATGGTAACCAATTTTAGCAGAGGCCAAAATAACCTGTCGTATACGTTA
AGTCATCTGACACACAAAGTTCTCCTTTGACATAAGGATGCGCATTGATACAACCTAGCAA
TTGCTAAGGCATCAGTCACTCTTTCATTAAGATCACCTTTATTATTTATATCTTCAAACGA
AAAATGTGTTGCCCTAATCCCCCTTTGTCCAAATGAATCTAAACGTTTACCAGATATAGCA

GATAGAATAATAGCTCCTGTATAAACCGTTTCATTTTTAATATATATGTCATCCCTTGATTTA
GCGCTTGTTGAGTGACACCACATTCTTGTGTTAAATGTTGGAGATTTGCTTTATCATCCTC
AATAATTTGTAATGCTTTTATTTGTTGAATCGGTTCCATGATTTTTTTGTATTTTTATATTGA
GAAAATCCGGTTGCCCATTTTCATGAAAAAACCTTTATTATAAACCTTTGTACCGTCTG
TTCTATTTTGTCAAACCTCACAATCGTTTCAGCACCCTAATATGAACATCTTGATTGCTA
GAACGCATTTTTATACTATACAT

> **bioF**

Function: protein coding sequence; 8-amino-7-oxononanoate synthase (core genome, constant)

Best match: bioF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2496061:2497176:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 67786 ... 68902; Length: 1116 bp

Sequence:

TCAATCTTCTTGATGCAAAATTTCAAACAACCTATCTATATCTTGTTCAGTATGAAAATAC
GACAATGATATTCTTAACATTGGCTTAGTCACAGTTGGATACCTTAAATAACTTGTAAC
ACATGATGCTTTAATAATGTTTGATGAATGTTCTCAGCCGCTTCTATGTCATCAAACCTCAA
TAAACTTAATCGGCGAGTTTGAACATTATAATTAACATTGAGTGCTTTTAACTTTTGGTT
AAAATATTTACTCAAACCTATTTAATTTAGTGCGTCTATCATCAGCATTTATTAACCTTTCA
ATGTTTCTTTTTATAAAATACAAATTATAAATTTGGCAAACCTACTTGAGTAGATGAGTGGTC
TACCGTGATTAATTAACATATCCTTCACATCATTTGAACTTAAAATCACACCCCGTATGC
ACCACATGCTTTAGATAAACTAGAAGTGAGTATATCTACACCTTGATAATTCGAGTAATT
CTCTATTCCAAAACCTATGTGAAACATCGAGTATCAGTGTTGCGTTATATTTATGCTTTAAT
GAGACTAATTGACCAATATCCACAACGTCGCCATTGTTGAAAATGCACTATCAGATATG
ATTATTTTTGGTATATTTTGATTAGGGTATTTCTCTAACCTTTTTTCTAAATCAGCAATATC
TAAATGCTTATATATCACTTTTTCTAAACCACTTAACTTAATACCGTCAATAATACTCGCA
TGATTTTCTTGATCTGAAAACACGACACAATTTGTATTTTTGAAAATATTAATAAACGCCA
AATTAGCATCATAACCACTATTTAAGATAGTACATGCACTATATCCGAGCCAACCTGCTA
ACATTGTTTCAATTTCTTCATAAGCTGTGCAACTTCCACTAATTAATCTTGAACCTTGATAA
GTGATAACTATACTTCCGCATAAAATCTTTCGAAATCATCCTTATCAAACGCTATTTGACCT
AATCCTAAATAATCATTAGATGTATAGTTCGTACATCTCTTATTTTCTACTTCAATATACT
GTCTATCTATATACCCTACCGATTTAAGCGACCGATATAACCCTTTCTGTTGTAATAAATC
AATTTGCTCTTGAAACATCAT

> **bioB**

Function: protein coding sequence; biotin synthase (core genome, variable)

Best match: bioB_CC005_CF-Marseille_CABA01000005.1[167992:168999:r]RC

Position: 058-contig_243: 68879 ... 69887; Length: 1008 bp

Sequence:

TCAATTTGCTCTTGAAACATCATTCTTGTTCCTTATTTTCACAAGTGTCATAATCAATTT
CAAAGCCCAAATCATTAAATCATATCGTAGTCTAATTGGTTCGGTTGCCACCAGTAATTA
GATAATCACCGACAAATATTGAATTCGCCGCTTTTAAATGCTAATGGCTGTAACGAACGTA
AGTTGACCTCTCTTCCAGCAATACGAATTTCTTTCGTAGGATTGATTAATCGGAATAA
TGCTACGATTCTTAAACATTTCAATTGGTGTAAATCATCCATGCTTCCAAACTTTGTGCCTT
TGATTGGATGCAAAAAATTAATCGGAATACTGTCGGCATCCATTTCTTCAAAGCAAATG
CCATATCAACAATATCTTGATTAGATTCTCCATACCACAAATCACGCCAGAACATGGTG
ATATATTATTCGCTTTCATTAGTTCTATCGTATCTGTTCTATCTTTATAACTATGCGTTGTC
ACGACGTTATCATGGTAATTTTCACTTGATTAATATTGTGGTTATATCTGTCTACACCAG
CTGACTTAAGTTTCTTAGCTTGTTCGTCATTCGTTAATCCTAAACATGCACATATTTTTAGT
TGCGGGTGTGAGATTTAATCGTTCCTTACAGTGTTACTAATATGATCAACTTCTTTATCGC
TCGGTCTCTACCACTCATAACAATACAATATGTTCCAATATGATTATCATGTGCCACCTT
TGCTCCATCGATAATTTGTTCTCTGGAATTAAGCATATCGCTGTTTTTGTTTAATATCTC
GTGATTGTCCACAGTACCACAATTCTCAGGACATATACCACTTTTAGCATTTAAAATCAT
GTTTAATTTTACTTTTTTACCAAATAATGTTTTTCTTAAAATGTACGCCTCATTTAATAAAT
CTAAGGTATCAATATTAGTATCCTCATAAATTTTCAATACAGTCTCTTTTGTTAATTGTCC
CCTTGTAATATGCGTTTAGCCAAATTCAT

> **bioA**

Function: protein coding sequence; adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (core genome, constant)

Best match: bioA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000015.1[30718:32076:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 69888 ... 71247; Length: 1359 bp

Sequence:

```
TTAAACTTCCTATCTAAAATGTTATGTACTGCCTTTTTAAAAATACGTACCATCGTTTTTC
ACTTCTTTATTTGACATACTTAACACTGGCACAACGTAATGACATTTTCTAAATTTCTAA
TCATTAGCCCGTTTTCTTTACAATTACGTACAATACGTTCAACTTTTTCAATTTCTAACGGC
GTTTTACTATCTTTATCTGTAACATAATTCAACTCCAAACATTAAGCCTCGTCCTCTTACATC
ACCAACATTTTCGATGACGCTTCAGCGCATGTAACCTGTTTCTCAAGTGTGATGATGTCGTT
TCAATATGTGACAATAACTTACGTTTTTCATAAAGTCTTATATTTTCTAATGCAACCGTAC
AAACGATTTGATTTCCGGTGTATGTATGACCATGGAAAAAGGTATTCACACCATGCGAAT
CACTTAAAAATGCATTGTATATTTTTTTGAGATGTCAATGTAGCTGCAAGTGGTAAGTAGC
CACCAGTAATCGCCTTACCTAAACACATAATATCCGGTTGAACATCTTCATGATTGCATGC
AAACATCTTTCCAGTTCTCCCAAACCAACTGCTACCTCATCACAATTAATAAGACATC
GTATTTTTTTGCACAATTTCTCGACTTCTTTCAAAAAGCCTTTAGGATGAACAAACAAGCCT
GTCGCACCTTGAATCAACGGTTCCAATATAAACCCCTGCGATTTTCATCATTTCCTTTCAATTA
GAATTTGCTCTATATTCGTTAAAATAGCTGTCATCATTTCATTTTTCAGTATCGTAATTACTG
CGATAGAAAGATGGGCTTTCTACTTGAATATTCTCAAATATTAAGTCTTTAAATATTTTAT
GAAAGGTCTTGATAACCACCAACACTTACCGCACCAATCGTATCCCCATGATAACCGTGAT
TTAGCGTTATAAACTTGTTTTTCTTGGCATATTTTTCTCTATCAATATTTTTCCAATACTGA
TATGCCATCTTTATTGCGATTTCAACAGACGCACTGCCTGTATCAGAATAAAAATACTTTTC
TTAGATTACTTGGCGTGATTTTCGATTAATTTTTCCGCAAGTTCTATTGACGGAATATTTGA
TGATCCTAGCAGCGTAGAATGGGCAATTTTATTGAGTTGCTTTTTAATTACCTTATTCAAG
TATTTGTTATTATGACCATGCACATTGACCCACAACGATGCATAACCATCTAAATATTTAT
TGCCATTCGTATCGTAAAGGTAACCTTTTCTTTTTCAATGATGATTGCTTCTTCTTTG
CTATATACACCCATTTGTGTAATGGATGCCAAACATATTCTGAGTCTTTTTGTTTAAGTT
GTTGTGTGTAATTCAT
```

> **bioD**

Function: protein coding sequence; dethiobiotin synthase (core genome, constant)

Best match: bioD_CC025_21193_AFEG01000021.1[251267:251953:r]RC

Position: 058-contig_243: 71224 ... 71911; Length: 687 bp

Sequence:

```
TTAAGTTGTTGTGTGTAATTCATTTTTAACTCCTATTAATTGTTTTAAAAATGCTTCTGAGA
AATTTTCATACGTGGCATGTTCTTCAAATGTATAGACTGTTTTATTTGTTAATTTTCCAATC
GTAATTTGATTGCTTTTTTCAATATAGCTGTCTGTATAGCGATTCAATTAAAAAATTAC
TCGCCGATACATTCTGATTAACATAATCTTGGTGAACAATGGCATCGCTAATAGCACCTA
ATTTTGATGGCAACACACTGATGACACAATCTGCACAATCATTGATTAATCTTTAGTCAT
GTAGAAATCATCTGTACCTTCATATATTGGTACGGCAATCCCCCAGCACCTCAATTAAG
ATAAAATCAAATTCCTTATCTAAAACCTTTACCTTATCTAATACACGCTGCTTATTTAGAA
AAATTTGATCTGTCATTTTAAATGCAAGGTGTGGTGATACAGGTTGCTTAAAAGTATAAA
GTGACGTTATGTCATAGCTTAAATCACATTCATTTTTAAATACTTCTAAATCTGGAAATGT
CCCGTCTTGGCGTTCCTCAGTTTCAAATGGTTTAAAAATACAACTCGATGACCACGTGTT
TTCAAAGCATGGTATAAATGCTTTGTAACATAGGTTTTGCCTACATCAGTATTCGTAATTTG
TAATAAAAATCCTCAT
```

> **rsaJ**

Function: noncoding RNA ncRNA of Staphylococcus aureus J (genomic island)

Best match: rsaJ_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[49905:50191:r] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 72011 ... 72298; Length: 287 bp

Sequence:

ATAACTATAAAATTTTGGCAAATTTTGGACCTTGCTATTGAAATGACTAAGACTTCTTAAGG
AATTTGGGCAGATATAAACAGCGATTTCGTTAAAATATGTCAGTTAAAATTAATAATTGCA
TTATTTCTTAATAAAAAGACATCCTAGCTTTACCATCTTGTGAAACAATCCATTAATTGTA
ATATTACGTTAAGCGCCTTGTTTCATCAATGCTATAAATTAGTTACATAATAAATTGAACATC
TAAATACACCAAATCCCCTCACTATTGCCCTAGTGAGGGGATTT

> **DR**

Function: direct repeat

Best match: DR_rsaJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2500491:2500576] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 72216 ... 72302; Length: 86 bp

Sequence:

ATCAATGCTATAATTAGTTACATAATAAATTGAACATCTAAATACACCAAATCCCCTCAC
TATTGCCCTAGTGAGGGGATTTATT

> **A5IVK8**

Function: protein coding sequence; putative ABC transporter/ATP-binding protein (genomic island)

Best match: A5IVK8_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2500638:2502371:r]RC

Position: 058-contig_243: 72363 ... 74097; Length: 1734 bp

Sequence:

TTATAATTTCCAGCCTGCTGATTTACTTTTTATTCTTATAAAGTCTTGATACATTCTGGTT
TTCGAATTAATTCATCATGACTACCTTTTTGAATTATTTACCTTCATTGAGCACTATAATC
TGATCTGCATTTTAAATAGTTTCAAGTTTATGTGCAATTGTAATTACTGTTTTGCCTTTACT
TAATTCATTAATTGCCGTTTGAATCAGCTGTTTCATTTTCAGGGTCAATACTTGCAGTTGCT
TCATCTAAAATAATTATTGGTGCATCTTTTAAATATCGCCCTAGCAATAGAAATCCTTTGCT
TTTCTCCGCCAGATAAATACTACCTTTTTTCATTTAGCATTGTTTGATATCCCTCAGGTAAT
GACATGATGAAGTCGTGGCAACATGCTTGCTTCGCTGCACGAATAATTTCTTCTTTTCGTTG
CACCTGGATTGCCAAACAATATGTTATTTTCAATCGTATCATTAAATAAATACACCTTTTG
AAATACTGCACTAATTTTCGACATTAACGTACTTAATGTCATATCTTTAATATCAACACCA
TCGATGCGAATATTTCCATCATCGATATCATAAAAGCGCAAGAGTAAGTGACATAATGTA
GATTTCCACTTCTGAAGGTCCAATTATTGCTGTTGATGTTTGTGTAGGTATCTCAAAT
TCACATTCTTATCACTGTTTATCATCATATGAAAAATTCACGTTTTGAAAAGCGATATT
TTCATTTTAAATCGTCAAATTTTTTCCATTCTCATCCAGTTCTGGAGCATTTTTTATCTTTTC
AATATCATCTATCGTCATATCTATCATTTCAAGTACGTGTGCAGCACTATTAATATTTTCA
ACACTATCAAATATCACAATGAAAAAATTGAAATCATAATAAGGGTAGGTAAATCAAT
ACTATGATTCATATATAATAAGCATGCAACTAATAACAATCATTATTGAAACAACCTTTTAA
ACTAAGTAAATGCAATAAATTGAATGGGATATATTGCATTTCTATTTTTGTATTTATACGT
TTACTTTTCATTGACTGCTTGGTTAAAACCTTTAAGACTCGTATTTTCTTTCGCGAATGATTT
TATTACTTGAATACCACGAATAACCTCCAATACCTTTTCCACTAATTGGTTTTGTACATTA
TGATACGCTGGCGCATTTTGTGACTCTTTCTTCTAATAAATTGAATCGCAAAAAATGATA
GTAATACGCCAATGCATGCTAATAATGATACTTGCCACGAAACTACAAGTAGAGACAATA
TGAGTACTGTAATTAATATGTATCCATTAACAACAACGTCCACCATTTTCATAGCAAAGTT
TTCTAAAAGGTTAAATCTGTTGTTACTATTGTTGTTAACTCATTGGAATGATGCGAATTA
AAATAACCTAACCTTACATTTTCAATTTATCCCCTATATCTAAACGTTCTTTCGCACTCAT
TTCATAAGCGATGCTCTCATGGCTTTTGCTTTTGAAATATGCTGTAATAAATCGTCCAATC
ACTAATAAAACCATGATAATTACAACATTCAATATATCTTTCATATAAATAGGTTTATGA
GATAGCACATTATTAATATTTTTGCAGCTAAAAGATAGGTGACGCAATAAAAATAGCA
TTTAAAATGACATGCTAAATCCTAAAATCATTCTTGCTTTATATGGTCTTATCCAGTTTA
AAATTTTAAATGTAATTTGAAACAT

> **abc**

Function: protein coding sequence; ABC transporter ATP-binding protein (genomic island)

Best match: abc_perm_CC001_MSSA476_BX571857.1[2481564:2483327:r]RC

Position: 058-contig_243: 74121 ... 75885; Length: 1764 bp

Sequence:

TTAATTATGTCCAGTATTGATTCCCCAATCTTTTGTATGCATGTGCGTATCCCACATTTTCT
TATAATTACCGTTTAATTTTAGCAATAAGTGATGTGACCCTTTTTCTAAAATTTGTTGTTA
CCTAAAACAATAATTTGATCTGCATGTTGAATCGTAGATAACCGATGTGCAATAACAATC
AATGTTTTATCCTGCGTCAACACATTTAATGCTTCTTGAATTTTTTGTTCGTTGTCTGGATC
AACGTAAGCAGTCGCTTCATCTAATACAATGATAGGCGCATCTTTAATATCATTCTTGCA
ATAGTGACTCGTTGTTTTTACCACCAGACAATTCATCTCCCACTGTACCAACATTCGTAT
CATATCCATCTGGCAACTTTTCAATAAATTCATGACATTGTGCTAACTTGGCAGCTTTTTTC
AACTGCCTCATCCGTAGCTTCTGGATTGCCAAGTTTAATATTTTTCTTTAAAAGTAAGATTT
AATAAAAAGTTATCTTGTCCAACAAAACCAACTAAATCGTTAAGTTGTTTCGATTCAATA
TCTTTTATATTTATACCGCCAATCGTAATTTACCTGAAGTCACATCCCAGTATCGTGATA
TAAGCTTGGCAATGGTTGACTTACCGCTACCAGATGCCCGACGATAGCTGTGAAATTAT
TTTCTGGTACTGTAATGATAAATGCTTAAAGACCAGATCGTCCTTATCTTTGTTATATGA
AAATCCAACATTATTAAGCAATTTCAATAATGTTGAGGCTTCTTAAATTTTGTGACAAT
ACTAACTCTTCTAGACTTAATATTTGATTCACCTCAGTTAATGCGTATTGTATAGACTTTA
AATGATTTACATAATTAGTAAAATTCTTAATCGGTGCTACTACACCTAAAGATAATACGA
TGCATAGGAAAAATTCCGCATAGTTTAATTGGTTGATAGATATCAAATACATGCCGACCG
GTAAAATCCCTAAAAATGTTGAAGGTAATACACTAGCTCCTAAATTCATATACCCCCATG
TATTTTTAAACCAATTCAAAGTGTGAATCTTATAATTATCTACTGCATCTTTATATTTTTTA
TATGAACTTTGAGATTGATTAATGTTTAAATTACCTCAATGCCTTCGATAAACTCTACAA
TCGCGCTATTCATATAATTATTCGATTTCAATTTGTTTCAGCATATGTCTCATTAAATCCAGA
CATAACTTTTTTAAAAGCGAAAATTGAAATTGGTATCGTTACTAATAAGGCACTAGCCAT
ACGCCAATCAATGAGCATTATGTATAAAAAGATAGCAGCTGACAAAAGTAAGTTTCCTAT
AACTTCAGGAATCATATGTGCTAAAGGTAATTCTATTGTTTCAACCTTATCGACAAATATA
TTTTTTAATTCACCTATTTTCTTAGATTCCACTACGCCTAAAGGGAGACGCATTAATTTTTG
AGCTAATTTTTTACGAATTTTACGATAAAAATTTTATATGCCGTAATATGTGATAGCATCGTT
GACGCTCCAAAACAACACACTTGTGAAATATAAGCGATTAAAGCAATAAAGATATAAAC
CATAATCGAATTAATCGTATATGCATTGTTAATCATCATTAAAATAATTTTAAAGACTGCC
CAATATGGAACATAATCCAGAAAAGACACTGATGATAGACAACAAAATTGATAACATAAT
TTTCCATTTACTATCAGAAGCAAATCCGCTGAGTATCTTTATCCAATTTGTCTGATTGTTC
AT

> **STAR**

Function: repeat Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2562058:2562287]

Position: 058-contig_243: 76083 ... 76113; Length: 30 bp

Sequence:

GGGGCAGAAATGATAAAGAGCCACTAATGA

> **Q2FZB6**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]RC

Position: 058-contig_243: 76203 ... 76233; Length: 30 bp

Sequence:

CCAACTTGACATTATTGTAAGCTGACTTT

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat repeat element

Best match: repeat_nySAgamma_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2700866:2700976]

Position: 058-contig_243: 76209 ... 76239; Length: 30 bp

Sequence:

TGCACATTATTGTAAGCTGACTTTCCGCCA

> **SAS2320a**

Function: protein coding sequence; peptide within regulatory RNA (core genome, constant)

Best match: SAS2320a_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2502476:2502583:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 76457 ... 76565; Length: 108 bp

Sequence:

TTATTGTAATATTGCAAAAATACATTGCACACCTTGTTTCATCAATGCTATAATTAATTACA
TAATAAATTGAACATCTAAATACACCAAATCCCCTCACTACTGCCAT

> **sprA-L7**

Function: noncoding RNA small pathogenicity island RNA A/Locus 7 (core genome, constant)

Best match: sprA-L7_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[45451:45665]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 76537 ... 76752; Length: 215 bp

Sequence:

ATACACCAAATCCCCTCACTACTGCCATAGTGAGGGGATTTATTTAGGTGTTGGTTATTTG
TCACCTTTTTTATTGTTGCGCGTTCGTAACCAATGTGCAAAAAACGCAACAAGACAGCCG
CTTAAAGCTGAAGTCATGATGTCAATTAATAAATTGAACATCCGTCATACACCACCTCTCT
GCGTTAAAGTAACGCCGAGATGTTAGGCGACC

> **fstAT_L2**

Function: Fst antitoxin sRNA, locus 2

Best match: fstAT_L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2504811:2504907] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 76559 ... 76656; Length: 97 bp

Sequence:

TGCCATAGTGAGGGGATTTATTTAGGTGTTGGTTATTTGTCACCTTTTTTATTGTTGCGCGT
TCGTAACCAATGTGCAAAAAACGCAACAAGACAGC

> **ldr_fst-L2**

Function: hemolytic peptide

Best match: ldr_fst-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2504843:2504950:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 76591 ... 76699; Length: 108 bp

Sequence:

TTATTTGTCACCTTTTTTATTGTTGCGCGTTCGTAACCAATGTGCAAAAAACGCAACAAGA
CAGCCGCTTAAAGCTGAAGTCATGATGTCAATTAATAAATTGAACAT

> **gtrA**

Function: protein coding sequence; glucose translocase (core genome, constant)

Best match: gtrA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2505084:2505470:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 76832 ... 77219; Length: 387 bp

Sequence:

TTAATTACTATCTTTTAAAATCCATTTAGATAAATACAAATGTGATGGGTATCGTAATCACT
AAACCTGCAAATGGCGCAATTTCCGCTGGCAAATTTAGCCAGGATACAAAAACATATAAT
AAAAGTGTGTAAGCTTACGTTGACAATCTGCGTAATTGGAAAATAATGAATTTCTCC
AAGTAGTTTTACCTGTAAACAAAATAACAATTCAAATAATACGAAATCACAAAAGCG
ACTAGAAATCCGGTAATATGACTAATCATATATTCAATGTGTAATAATTTAACAGCAAT
AAATAGACAACATAAATAATTTAACGTATTAATGCCGCCAACAAATGATAAATTTAAAATT
TCAGCATGCGTTTGTGTTAGTTTCAT

> **glxK**

Function: protein coding sequence; glycerate kinase (core genome, variable)

Best match: glxK_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[43584:44726:r]

Position: 058-contig_243: 77476 ... 78619; Length: 1143 bp

Sequence:

ATGCAATTACAAAAAATTGCCATCGCTCCTGACTCATTTAAGGAAAGTATGACCGCACAG
CAAGTTGGCAATATTATAAAACAGGCATTTACTAATGTTTATGGGAATACCCTTCATTATG
ATATCATTCCGATGGCTGATGGTGGTGAAGGTACCACAGATGCTTTAATGCATGCAACAG
GTGCCACTAAGTATACAGTCATCGTTAATGACCCTTTAAATGCGACCTATTGAAGCATGTTA
TGCACGCGCAGACGAACAACAATTGCAATTATTGAAATGGCGGCAGCGTCAGGTTTGG
ATTTATTAGAAAAAGAGGAACGTAATCCTTTATACACATCATCATATGGTACCGGTGAAC
TAATTAAGATGCATTAATCATGGTGCTAAGACCATTATTTTAGGGATTGGTGGCAGTG
CAACAAATGACGGTGGTACAGGTATGCTAAGTGCCTAGGCGTAAAGTTTACTGATGTAA
ACGGGGACTTATTACAAATGAATGGTGCTAATCTTGCTCACATTGCACAAATCGATATAA
CCAATCTAGATTTCGCGATTAAGAGGGTGACCTTTAAAGTGGCCTGTGATGTTTCAAATC
CTTTATTGGGTGAAAATGGTGCTACCTATATTTATGGTCCTCAAAAAGGCGCTGATGCAA
AGATGATACCAAAGTTGGATTTTCGCAATGTCGCATTATCATGATAAGATAAAAATGTGCA
CAGGAAAGTCCGTTAATCAAATACCAGGTTCTGGTGCAGCTGGCGGTATGGGCGCAGCAT
TATTAGCGTTTTGTGAGACAACCTTTAACAAAAGGTATTGATGTCGCTTTGACATTACAGA
TTTTCATCAAAGAAATTAAGATGCAGACCTCGTTACTGGAGAAGGACGCATGGATTA
TCAGACCATCTTTGGTAAAACACCCGTAGGCGTTGCGTTAGCTGCAAAAACAATATCATAT
TCCTGTCATCGCGATTTGTGGCAGTCTAGGCGAAAATTATCAACATGTTTACGATTTCCGT
ATTGATAGTGCCTATTCTATAATCTCTTCACCTAGCACTTTAGAAGATGTCCTACAAAATA
GCGAACAAAATTTATTAAACACTGCAACTGACATTGCTCGTATTCTGAAATTACAATAA

> **bcr**

Function: protein coding sequence; putative transporter protein (core genome, variable)

Best match: bcr_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2507771:2508982]

Position: 058-contig_243: 79519 ... 80731; Length: 1212 bp

Sequence:

ATGCAATCAACGAAAACCAAAACGAAGCATTTTTTCATTTTTATTGCTAATTACGTTAGGC
GTCATGACCGCTTTTGGCCCACTAACTATAGATATGTACGTACCATCATTACCTAAAGTGC
AAGGTGATTTTGGTTCTACTACATCAGAAATTCAAATTAACATTATCATTACAAATGATTGG
TCTTGCACTAGGCCAATTTATCTTTGGACCTTTATCCGATGCTTTTGGTCGCAAACGGATT
GCTGTATCCATTTTATCATTTCATTTTGGTATCAGGTTTGTCTATGTTTGGTGGATCAATT
GCCATTATTCTTAACTTTACGATTTATTCAAGGTTTAACTGGTGGTGGCGTCATCGTGATT
GCCAAAGCCTCTGCTGGTGATAAATTTAGTGGCAACGCCTCGCTAAATTTTTAGCATCTT
TAATGGTAGTTAATGGCATCATCACTATTCTTGCACCATTAGCTGGTGGATTAGCTTTATC
CGTAGCAACATGGCGTTCTATTTTACAATTTTAACTATTGTGGCACTCATCATTTTAATT
GGCGTCGCTTCTCAATTACCTAAAACATCTAAAGATGAATTAAGCAGGTGAATTTTAGT
AGCGTCATTAAGACTTTGGAAGTCTATTGAAAAAACAGCGTTTATTATTCCAATGCTA
TTACAAGGTTTAACTTATGTAATGCTATTTAGTTATTCATCTGCATCGCCATTTATTACTCA
AAAATTGTATAATATGACACCCCAACAATTTAGTATCATGTTTGGTGTAAACGGTGTAGGT
TTAATCATTGTCAGTCAAGTCGTTGCTTTATTAGTAGAAAAATTACATCGCCACATATTAT
TAATCATTTTAACTATTATACAAGTGGTGGGTGTTGCTTTAATTATCCTGACACTTACATT
CCATTTACCACTTTGGGTCTTACTCATCGCATTCTTCTTAAATGTGTGTCTGTGACGTCAA
TTGGACCCTTGGTTTACAATGGCTATGGAAGAACGAACAGGTGGCAGTGGTAACGCAT
CAAGTTTACTTGGCTTATTCCAATTTATCTTAGGTGGCGCTGTTGCACCATTAGTTGGCTT
AAAAGGCGAATTTAATACATCACCATATATGATTATTATCTTCATTACAGCCATTCTATTA
GTCAGTCTACAAATCATTTACTTTAAAATGATTA AAAAGCAACATGTTCGCATAA

> **aapA3**

Function: protein coding sequence; amino acid permease locus 3 (core genome, variable)

Best match: aapA3_CC009_21334_AGTW0100020.1[62323:63732:r] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 83250 ... 84660; Length: 1410 bp

Sequence:

ATGGCAAGAAAATTGCATAGAGAGTTGAATAACAGACACATCCAATTGATAGCAATTGG
GGGCGCAATTGGAACCTGGGTATTCTTAGGATCAGGTCAAACAATATCTTTAACTGGTCC
ATCACTGTTATTACATACATGATTATTGGGGTTGTAATTCGCTTTTATGCGCGCATTAA
GGCGAATTGTTGTTGAGCAATACAAGATTTAATTCATTTGTTGATATTGCAAATGAATATT

TAGGCCCTTTTGGTGGCTTTGTCATTGGCTGGACTTACTGGTTATGTTGGATTGTATCAAG
TATGTCAGACCTAACTGCGATGGGACAATACTTTGCATTTTGGTATCCACAAGTCCCAA
TTGGATTACCGTGCTATTTATTGTTTTAATCTTGATTAGCTTCAACTTATTAGGTGCCAGAT
TATTTGGTGAACCTGGAGTTTTGGTTCTCTATTATTAAGTTGTCACAATTATTGCGATGGT
TATCGTTGGTCTTGTATTAATCTTTTTCTCATTAAAACACATTATGGACATGCATCATTCA
CAAACCTAATCAGTCACGGTGGCATGTTCCCTGGTGGAACATTTGGTTTCTTAATGTCATT
CCAAATTGCTGTATATTCATTCATTGGTATTGAACTTATAGGTGTAACCTGCTGGTGAACG
AAAGATCCTGAAAAACCTTACCGAAAGCAATTAATAATGTACCTATCCGTATTTTATTA
TTCTATATCGGTGGTCTATTAGTAATTATGTCAGTCATACCTTGGAAATGATATCGATCCAA
ATAGTAGCCCTTTTCGTTAAACTCTTTACATTAATCGGCGTGCCATTTGCAGCAGGTGTCGT
TAACTTTGTCGTGCTAACTGCCGCGGCCCTCTGCTACAAATAGTGGTATCTATTTCGAATAGT
CGTATCTTATTCGGACTGTCACAACAAGGGTTAGGTCCTAAAGTTTTAAATAAAACGAAT
AGTCATGGCGTGCCTTATTTATCAATGTTAGTTTCATCAATTGCATTACTTATAGCAGCCT
TGTTAAACTACATTTTCCCTAATGCAATCAACTATTCATATACGTTACAACGTTATCAAC
TGTGTTGTTTTAGTTGTTGGGCAATGATTATTGTCGCTTATCTAATGTATTTGAAAAAG
CATCCTGAGGCACATAAAAACAGTAAATTTAAGTTGATTGGTGGTAAGCCTATTGCTTAC
ATTATTCTAGCGTTCTTCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG
AGCTATTTATATTTCCGCTTCTGGTTTATATTTTTATTTTTCTTTTATAAAAAATACAAA
CGAATGCTGAAAACTCGCGTATGAACAACGACAAAATGACAGCGGTCATTTTCAGATAT
GACAATCAATAA

> Q5HI38

Function:

Best match: Q5HI38_L2_CC007_USA300_TCH959_AASB02000016.1[8522:10600]

Position: 058-contig_243: 84797 ... 86876; Length: 2079 bp

Sequence:

ATGGCACTATTAGAAGCATTTTTAATTTTTATTTTTGCTGTGATTATTAGTTCGGTTATCAA
TAATCGATTCCCACAAATTCCTACTGCCTTTATTCAAATTGCATTAGGTGTGCTTATTTTCA
TTATTCCAATACAAGTTGATTTCCAATTCATTTCTGAAGTATTTATGTTTGCCGTTATCGC
GCCACTACTTTTTGTGGAAGGTACCCACGTCTCTCGAACAAAATTATTAGAATATCGTAA
ACCTATACTATTAATGTCAATGGCACTAGTGTTTGAACCTGTAGTCGGTGTGGCTATTTT
ATACATTGGATTTGGCCTGCCTTACCAATGCCAGCCGCTTTTGAATAGCAGCAATTTTAT
GTCCTACTGATGCAGTAGCAGTATCTGCTATTACACGCGGAAAATTATTACCTAAAGGTT
CTATGACGATTTTAGAAGGTGAATCTTTACTCAATGATGCAGCAGGTATCATTTCATTTAA
AATTGCTGTTACTGCATTAGTAACTGGTACCTTTTCATTATTCCAAGCTGTTGAACAATTT
ATCATTTCACAATACTAGGTGTACTTATTGGTGCAATTATTGGATTGCTTGTGCTTAGAA
TACGTATAGACTTAACCGCTAATAAAGGTTTAAAAGATAACAATACCTTAACCTTTATTC
AATTATTAACCTTTTTGTCGTATACTTTTTAGCAGAAGAAGTTCATGCTTCAGGTATCAT
TGCAGTTGTAATCGCAGGTCTAATCCATGGTTTAGAACGCGACCGTTTAATTAGAGCACA
AACGGAAC TACAAATGAATTACCATCAAATTTGGAACACATTTAGTTATGCCTTAAATGG
TTTTGTATTTGTTGTATTAGGTTTTATGATTCCTACTGTAGTCATAGATATTTTCCAAACAG
AGCCTGACAACCTTTTCATTTTTAATAGTGATCACTATATTAATCGCTATTGCAATTTATGC
ATGTCGATTTGTTGGGTTTATTTCTGGTACAAAGATTTTTATTTCCCGAAAAATATACAA
TCTTATCTAGACGAGGAACATGATTCACATGAAACACAACCTTCTCGTGTGCGTTACGCA
TTTATTATGACCATGTGTGGTATTCACGGTACAATTTCACTTTCAATGGCACTTACATTAC
CATTTATCATTACAAAAGGACAAGCATTTCGAATACCGTAATGATTTATTGTTTATTGCATC
TTTCATGGTATTAATTAGTTAATCTTAGCGCAAATGTTTTACCTTTAATTACACCATCTG
CCGAAGATACTACTTTTAAAGGTATGACTTATCAATCTGCCAAAATTTTCATTGTTCAAAA
AGTGATCCAGCATTTTAAAAACGAAAGTAAAAAAGACAAAAGCGATACAAATTATCGCC
CAGTATTAACCAATACTATGGAGAATTGTTATTTTTATTAATTCAGAACCTGATAATCA
AAATACAAAAGA ACTCAAACGTTTAGAAGATATTGCAAAAAGTAATCGAAACATCTACAC
TTGAGCGTTTAATTGATAAAGGTAAGGCAACATATCAGGATATTAATAATTACCGCAATA
TTGTCGAATTAACAGAGACACACCGTACTGCTTCATTTGTTGAAAAATTTGCAAACCTTCTT
CAAGATGTTATGGCTTAGACTTAAAGCGATGAAGCACTACAAAGCCTTAAACAAAAGAAT
CTAAGAAGCAAGAATTTGAAAATTCATTCAAAGATGTTCAAAAAATTATGCGTATTGTGA
ATCACAATATTATTTTACGCTTAAAAGAAGAACAAAATAGTACAAATGTACTTGAAGTTA

GCTTAGTCATTAATCATTACTATGATATGAGTCGCTCATTAAGTGGCGTGCACAACGTC
GAAAAGAACGTCAAGAAAACAGCAATCAAATCATACCGCAAGCTATGTTCCATAACCAC
AAATTGGAAGCATTGTACTTACAACGTCATCTTTTAGATGAATTAATTCGCAAAAATAAA
ATCAACAATATCGTTGCAGCTCAAATTCGAGAAAATATCAATTACAACGAAATTGTCTTG
TCTTTACAGTCCAAACATTA

> **flp**

Function: protein coding sequence; fmtA-like protein

Best match: flp_CC001_MSSA476_BX571857.1[2496496:2497992]

Position: 058-contig_243: 89075 ... 90572; Length: 1497 bp

Sequence:

ATGACTACTAAAAAACTGTATTTTCTATCCATTTCTATTATCATTTTAGTCGCCATTTCAAT
TGCTATACATATAACATTAATAATAGCAATACGAAGACACGGTTAACCAATGATTTCGCAACA
ACAAATAGATACAATTATCGAGCATGATTTACAAAAGGGACACATTCCTGGAGCATCAAT
TTTAATAGTAAAAAATGGCAAAGTTTTTTTAAATAAAGGTTATGGTTATCAAGATGTTGA
TAAAAAAGTCAAAGCTTCTCCACAACAAAGTATGAAATTGCTTCTAATACTAAAGCTTT
CACAGGTCTTGCAATTTTAAAATTAGCTCAAGAAGGTCGATTAACTTAAATGATGACGT
ATCCAAACATGTGCCTCATTTTAAAATGAACTATAATGGTCAAATGAACTATTACGAT
TAAGCAACTTTTGGCTCAAACAAGTGGTATACCTAGTGATATTACAAGCGAAGACGCCGT
AACAAATAAAAAATAATCGTTTAAATGATGTAACCCGTGCAATTATGGGTGATGAATTACA
TCATAAGCCCGGAGAAGAATTTGAATACTCAAATATGAACTATGATTTATTAGGTTTAAAT
TATCCAAAACGTTACGAAGCAATCCTATACAAAATATATTACAAATTCATGGCTCAAGCC
TTTGCATATGACACATACATCATTCAAACAAACCAATAACAAATCAAACATGATGCTAT
TGGCTACGAATTACAAGGTTTCGACACCTGTCGCTCTCTAAACCTGAATTTAACCTTTGGGAT
ACACCATCAGCATATATGATGACATCAACTGAAGATTTGGAACATTGGATAAAAATTCCAA
CTTAATCCACCTGATAAATACAAATCATTAGTTCAACAATCACATAAAAATTTATCATCA
ACAATTGGTGAACCTAATGCCAATGCATATGCTTCGGGCTGGTTTACCAATAATGATGAA
CATTTAGTGTTCATTCAGGAACGCTCGATAACTTTTCATCATTTATTTACTAAATCCAA
AACAAAATTATGGAATTGTTGTGCTTGCAAATCTAAATTCGGAATATGTACCCAAATTAG
TTGAGCATCTTAATACACAAATTGTAATCACAAGCGATATTCGACGGTTGCGTCTATAC
TCAATCAATATAAAGACCAATTTAATATTGTTACCGTTTTGATGACAACACTTATTTTATT
AGCATTTATATTCTCAGCTTATCGTGCTTGGCAAATGCGCCATGGTCAAATTCCTTTTGCCT
AGATCAAACCGGATTGCTGTATTGAGTTGGCTAACTTTATGTTTATGTATCGCTATAGCGC
TCATATTATATGCATTACCATATCTCATTCTCGGTAGCAATAATTGGTCTTTTGTACTGACT
TGGCTACCAATAGAAATTAATTAGCACTAATCACAAATTAATTGCATTATTCAGTACA
TTAATTGTAATTCTGTTATTCCTTCATACAAAAGATAACGAAGACATAA

> **tx_panE1**

Function: rho independent terminator of panE1

Best match: tx_panE1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2519948:2520018:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 91694 ... 91765; Length: 71 bp

Sequence:

ATCAATCAAGAAAACAGCACCAAGATCATTTCATTTGAAAGTACCTTACTGCTGTTCT
TTATTTATTAC

> **panE1**

Function: protein coding sequence; 2-dehydropantoate 2-reductase

Best match: panE1_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2459278:2460213:r]RC

Position: 058-contig_243: 91836 ... 92772; Length: 936 bp

Sequence:

TTAATCCTGTGCATGTCGCTGACTTTCTTTAGTATGAATTAATCAGTAATAAAGCGATTG
ACTGGCGCTTCAATATGACGTTGTTTACCTAATGTTGCAACTGCGCCATTAATATAATCAA
TTTCAGTTTTTCTATTATTAACAATTAATCTTGATACATGGATGGATAATGCGCACCAAC
TTTTTCATTTAAATCAACTAAATATTCAAATACTTCATCAACATTTAAATGAACATTATCA

ATCGTCGCTACATGCACTATTTCTTGCGTTAATTTATAAATCAAACACTTCGCATAACTAC
TTTCATTTCAGTGATGCCATATTACACTCCAATACTGTGCTTAATGCATTTGCCGTACCATT
AACACAAATCTTTTTCCAAATCGATTGGTATAAATCTTTACTAATGACACCATTCAATTCC
GCTTCGTAAAGTAAATCAGCAACTTTTATAACATTTTCTTTACCTTCATCCACTAGTTCACC
TATTTCAACTGGTCCACTACCAAGTAAATGACTGTGTCCAGGGCTTTCAAGACCTGCCGTC
CAAGTCGTAACACCTCTGACAATTTGTGATTGAGCAACATACTGCGCAATGACTTCTTCAT
GCTTCAGACCATTTCATCGTACATACGACGATCGTTTCATTATCAATATGTGGCTTCATAGC
TTCCATCACTTCTTTAATTGCATAGACTTTGGAAATAGAAAGACAACATCGTAAATGCTT
TCGTCCGGTTGATCATTAAAATGATACATCGGAATGTTTAACTCGAATGCCTCTCCATTAA
TCGTTATATTTAATCCATGTTGCTTAACCGCTTCAACATGAGATGTATATCCGTCAATAAG
TGTGACATCATATCCTGCTTGAAATAGTTTGGCACCAAAGCCACTACCTAATGCACCCGA
TCCAGCAATTGCAATTTTCAT

> Q2YW11

Function: protein coding sequence; transmembrane efflux protein

Best match: Q2YW11_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2578981:2580381:r]RC

Position: 058-contig_243: 92997 ... 94398; Length: 1401 bp

Sequence:

TTACAAATTCGTTTGATTTTTAGGAACTAATAGTAAAATGACTAAAAATGCAACAATTGC
TAGCAAGGCATTAAACATCATACTGTGAAACCACCTAAGTTCAAATTTAAATTAGCTGC
TAACACAGTATAAACTGTACCAGATACTGCTACTCCAAATGCATTTCCCTAATGATGACGC
CATTTTATATACGCCTGAAGCAACACCCGACTTATCATCTGGCGCACTAGCAACTGCTGT
ATCAGTTGATGGTGTAGCATATAATCCTAAACCAGTACCAAACAATAAATATCCAACAT
ACTAGATATGATATACCACACTTCTGGTAAAAATGTTAACGACAATAAGATTAACCCAAT
CACTGTAAAGCCACTTCTAGTAATAGTGGGCGCTTCGGACCATGTTGAGATAAAATCTT
TTCACCTACACGAATCATTGACAACACTGCTATTAATAACGTTAATGAAATATAACCCGT
TTGCGAAGAATTAATCCTAATTGTTGTTGATAATACGTGTTAATAACGATAAGTGCACC
ACCTGCTACACCATTTAATAAGAAGTTTGAAATAGTTGCACCACTGTATCCTCTATTTTA
AAAATTGAAAAATCAACAAGTGGATGCTTTATTTTATTTTCGTAATATACAAAACCAACT
AATGAACAGATAAACACAACAATTAACCTAGAATTAACGGTGAAACTAAACCAAAATG
AGACGTCTGTGTGATGATTACATTTAACTTAACATCGTCACTACTAAAATGACTAAACC
AATAACGTCAAACTTTTAGCTTCTGCTTTCATACCTTTGATTGGTTCTGCTTTAGTCTCAG
GTGCATGTTTGATTAAGTACATTGCTAATAATGTTAATAGAATTGAAACAACAAATATTG
AACGCCAACCTATATATGTAGCCATTAAGCCACCAAACAACGTACAAATACCACTACCAC
CCCAAGAACCAATAGACCAATAGCTTAAGGCACGTTGTCTTCTTGTACCAATATAATATT
CGTTAATAATAGCAAGTGTGGATGGCATAATACATGCTGCAGACAAACCTTGAATTATTC
TACCTATAATTAATAAATGCTGGCAAGGGTGTAAATGATGATGAGTAATGAACCTACAACAT
TTAATATCAATCCTACATAAGTAATTTTGACGCGACCAAATTTATCAGCAACATCACCAG
CACCTACGATAAACAAACCAGCAAATAAGGCAGATAAGCTAACAGCGATTTTATCGTTC
CAACGTCACTACTATATGTTGATTGTAATGGGACAACAAGATTAACAAGTGACTGCGCGA
ATAGCCAAAAGGTAATAACCCCTAAAACGATACCCAAAAGCAATCGGTTGTCACCTCTAA
ATTGTTTTGATGTGTCCAT

> opuCD

Function: protein coding sequence; amino acid ABC transporter/permease (core genome, constant)

Best match: opuCD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2580675:2581370:r]RC

Position: 058-contig_243: 94691 ... 95387; Length: 696 bp

Sequence:

TTACATATTAATACTTTGCGGCCGATGATTAGATTGATTTTTACGATGTCGTGTTGTTGGG
TCTAATCGTTTTTCTAAAAATCTTAATAGTACATCAATGACGATTGCAATGATAGCAATCG
GAATCGCACCTGCTAAAATAAACGTTGTGCCATCCGTCGCATTTGTACCACGAATCACAA
TGTCACCAAGCGTAGGTGCTCCTATAAATGATCCAACGGCAACAACACCTATCGCAACAA
CCAAGGCAATGCGAATGCCACCGATAATAACCGAAACAGATAACGGTAATTCAATCATT
CGTAGCACTTGATTGCGTGTTCATCCCATACCTTTGCCAGCATCCTTAATATTCGCATCAA
CACTAGCTATACCAGTATAAGTGTTTTTTATAATTGGAAGTAACGCATATAAAAACACTG

TTAAACTACTGTTTCTGAACCTAAGCCCATGACTAACATTAATAAGCTAACATTGCAA
TGACTGGAAGTGTGTTGAATTATATTTGCAATTGTAATTACAAATCCAGAAAGTTTTGTGTA
TCTTGCAAGCAAGATTCCCAATGGAATACCAATTAAGCTGCAAACAGCACACCATAGAC
AGACATTAATAAGTGTGTTGAAAAATAAATCCCATAGATAACCAAAGTTCGTAACATAATA
ATTGAATAATTGCTGTAATAAATTACCTTCCAT

> **opuCC**

Function: protein coding sequence; amino acid ABC transporter/amino acid-binding protein (core genome, variable)

Best match: opuCC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2581370:2582311:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 95386 ... 96328; Length: 942 bp

Sequence:

TTACTTATGACCACCTTTCTGTTTATCAAATAGTGGTGTGTTTTTCAAAAATTCTTCTGCGA
CGACAGCAGGTTCTTTACCTTTACCATCCGCTTCATAATTCAAGCGTTGCATCTCTGAAGT
CGAAATCTTTCCTGTCAACTTATTAATCGTCGTTTTAAGTTCTGGGTGTTGCCGTAATAAT
TCATTTGTTGCAACAGCACTCGCAGCATAAGGTGGGAAAAATTGTTTATCATCTTTAAGT
ACTTTCAAATCATACGCGGCAATTCGACCATCTGTAGAATAACCTAATGCAACGTCTAAC
TTCTCTGTGTTTAAATGCGTCGTAGACTAGACCTATTTGCATTGGTCTCACTGTACCAAAGT
CAAAACCATACTCTTTTTTAAATCCTTCATAGCCATCGCCTTTACGATTCATCCATGAACT
ATCCATACCTAAACGTAAATCTTTACTATGCTTTGCTAAATCTGAAACTGTCTCTAAATGA
TATTTTTTAGCAGTTTCCTTCGTTACCATGAATGCATACGTATTCGCAAACCATAACGAAT
CAAAAACGTTTGATCAAATTTCTTTTTAAATCCTTGTTGTGTGGCTATCATTGCTTTCTTA
GGATCTTTAATTGGTGCTTCCTTCAAAGCTCCCGTTAAATCTGTGCCATTATATCTAACAC
CTGATATATTAGCATCCCCATTAATTAAGGCATTATGTTGAATCGTACTTGACCCTAAATT
ATTTACTAATGTTGGCTTTATCTTACCATGTGTATCATGCTCTATTAACAACCGTAACATA
TGTGAAATAAATTTGCGATTCGCTTGTGATAATGCTGTAATTTTGACATCATTTTTCGTGCT
CTTACTACCTAGTCCGGGCAAACCTACATCCAGATAATACGGTAAGCGATAAGACAAACAC
GACAAGTATATATTTAATTTTCTTCAT

> **opuCB**

Function: protein coding sequence; amino acid ABC transporter/permease (core genome, variable)

Best match: opuCB_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2522375:2523010:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 96344 ... 96980; Length: 636 bp

Sequence:

TTATCCAGATACTTTTAAAGCCTTTGGGAACCTACCCATTTTTCAACTAAAGCTAATAAGGCA
TCAACACCTAATGCTAGTGCAGTAACGAGTACCGTTGCAGTTACAATCATCAGTGGATCA
TATAAATTTAAACCATTGAAAATGAAATCACCTAATCCACCCGCACCTACATAACTTGCA
AGTGTAGCCCAACTAATTACATACACAGATGACAAACGAATGCCACCAATGATAAGCGG
CAATGCTAACGGCAATTCAACATCCTTCATCAATTGAAATTGTGTCATTCCCATACTTTTT
CCAGCTTCTTTAATGTTGCTATCAATATTTGAACACCGAGTACCGTGTTATTTAAAATAG
GTAATAATACATAAATAAATAGCGCTACAATTGCAGGCGTTTTACCAACACCAAAAATCG
GTATCATAATAGCAAGTACAGCTAGTGTGGAATAGTTTGTAAGACACCTGCCACAGTTA
ATACAATATTGGCAGTTCGCTTTGTTTTGATAATAAAATGCCTATAGGTAAGTACTGCAACAAT
GATGGCAAGTAATAATGCCACTATAGAAATATAGAAATGTTCCAGTGTTTTCGACATCAA
CTGTCCACCATGTTTCATGTAGGAACCTCAATCAT

> **opuCA**

Function: protein coding sequence; amino acid ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: opuCA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2525229:2526461:r]RC

Position: 058-contig_243: 96976 ... 98209; Length: 1233 bp

Sequence:

TCATGATTTATCATCTCCTATGTCACGTACTTTGACATTAGTAGTGTGTTGCTCATGCACTT
TTGAGGACGCAGTGTCTTCCCCACATGTTCTGCTTGCCTGTATCCTCACTATCGCCCCA

AATCGTGTCCATAAACAATGTCAACAACATTGGCACGCGTAATCAGTCCTACTAAACGTTG
CTTATCATCTACGACAGGTACATTCCCTAACGTTTCTTTTTAAAATCGTACGTACAGAATCT
TGTAACCTGGAATCAATTTGAACGGGTGAAATATGTTGTTGCATGGTATCTTGTAACTTT
TGTGTCCACGTATACCCTGATTTATATCTTCAATGTCTAAGAAACCTAGTAAATGGTTATC
CCTATCTACTACAAAAATAGTATCAACACGTTTTTGTCTCATAAATATGAACGGCGTCATTC
AGTGTGCTTCTGCCTGTATCGTGATTGGTTAATCATTACACCTTCTACAGTCTTGTTCATT
GGGACGGTCTTGAATCAGTCTATTTTGTCTATAAAAATCACGTACAAAATCATTGCGGG
ATGTCTTAAAATATTGTCTGGTGTATCAAATTGCACCACCTTACCTTCTGACATAATACAA
ATTTTGTCTGCTAATTTAATCGCTTCATCCATATCATGTGTTACAAAGATAAACGTCTTGC
CTAATTTTCGTTGTAACGTTTTAACTAAATCTTGTAAACGTATCTCTCGTAATAGGATCCAA
TGCACCAAAAGGTTTCATCCATTAATAAATATCTTGTTCGGCCGCAAGTGCTCTTACGAC
ACCGATACGTTGTTGTTGCCACCTGATAGTTCTGCTGGATAACGCTCTAAAAATGACTCC
GGTAAATCCACAAGTTTAATTAATTCCTTTGCACGTTTATCCTTTTCTTCTTTAGTCCATTT
CAACAATTTGGGTACCAATACAATATTCTCTTTAATCGTCATATGAGGCATTAACCCAATT
TGTTGAATAACATAACCAATATTTCTACGTAATTCGACAGGATTCATACTCCGAACATCTT
TACCATCAATTTCAATTTGTCCTTCTGTGCTTCAATCATAACGGTTTATCATTCTTAAATCA
GTTGTTTTACCACTTCCACTGGTTCCAATAAATGCGATAAATTCGCCAGATTGAATATCTA
AAGAGATGTCATCTACTGCCTTTTTATTACCAGAATAAATTTTCGTTAAATGCTTAATACT
TAACATAATCAT

> **pnbA**

Function: protein coding sequence; carboxylesterase/type B (core genome, constant)

Best match: pnbA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2587581:2588933] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 101599 ... 102952; Length: 1353 bp

Sequence:

ATGAAGATTAATACTACAGGTGGTCAAATTCATGGTATTACACAAGATGGTTTAGATATC
TTCTTAGGCATTCCTTATGCAGAACCACCAGTTCATGATAATCGCTTTAAACATTCTACGT
TAAAAACACAATGGTCAGAGCCAATTGATGCAACTGAAATACAACCCATCCCACCGCAA
CCAGACAACAATTAGAAGATTTTTTCTCCTCACAATCTACAACTTTTACTGAACATGAA
GACTGTTTATATCTAAATATTTGGAAACAACATAATGATCAGACGAAGAAACCTGTCATC
ATTTATTTTTATGGTGGTAGTTTTGAAAATGGTCATGGTACAGCCGAACCTCTATCAACCGG
CACATTTAGTACAAAATAACGACATTATCGTTATTACATGCAATTATCGTTTAGGCGCATT
AGGATATTTAGACTGGTCATATTTTAATAAAGATTTTCATTCCAATAATGGACTTTCAGAT
CAAATCAATGTCATAAAATGGGTGCATCAATTTATTGAATCCTTTGGTGGCGACGCTAAT
AACATTACTTTAATGGGTCAGTCTGCAGGCAGTATGAGCATTTTGACTTTACTTAAAATAC
CTGACATTGAGCCATACTTCCATAAAGTCGTTCTACTAAGTGGCGCACTACGATTAGACA
CCCTTAAGAGTGCACGCAATAAAGCACAATATTTCCAAAAAATGATGCGCGATTATTTAG
ATACAGATGATGTTACATCATTATCGACAGATGATATTCTTATGCTGATGGCGAAGCTAA
ACAATCTCGAGGACCTTCTAAAGGGCTTGATTTAATATATGCGCCTATTA AACAGATT
ATATACAAAATGATTATCCAACAACGAAACCAATTTTTGCATGTTATACAAAAGATGAAG
GCGATATTTATATTACTAGTGAACAGAAAAAATTATCGCCGCAACGCTTTATCGACATTA
TGGAATTAATGATATTCCTTTAAAATACGAAGATGTTTCAGACTGCGAAGCAACAATCTT
TAGCGATTACACATTGTTATTTCAAACAGCCGATGAAGCAATTTTTACAACATCTTAATAT
ACAAGATTCAAACGCACAACCTATGGCTTGCTGAATTTGCATGGCATGATACTTCTAGCGC
ACACTATCGCAGTGCTTACCATATTCTAGATATGGTATTTTGGTTCGGAACTTACAAATA
TTAGCAGCACATCAATATCCAACAACCTGCTCACCTTAAATTTTTAAGTCGACAAATGCAA
AATGATTTAGCTAATTTTGTAAAAGCGGTA AAAATGCCTTGGCCGATGTATCATAATGAA
CGTCGCTATTATCGCACATATCAATAA

> **pepA2**

Function: protein coding sequence; glutamyl-aminopeptidase/locus 2 (core genome, variable)

Best match: pepA2_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2592257:2593333:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 106275 ... 107352; Length: 1077 bp

Sequence:

TTACCACATGATATTTTTATAACTTTCATCATTCAATGAACGGACAATTCAGTAACAAGA
CGGATAGAATTTTCATAATCATCTACATTGAGCACTGAAACATTAGAATGCATGTATCGC
AGCGTAACACCGATTGTCATCGTTGGAATACCTTCATTTGCGACATGAATACTCCCGCAT
CTGTACCTCCACCTGGTGTTCGTATCCCATTGTA CTTCGATGTTATGTTCCCTTAGCTACATCT
TTAATATGCTTACGCAAACCTTGGTGAGCAATACTTGTAGCATCCATCATAATGACAACT
GGACCACCGCCTAGTTTACTATCGCTCGTTTGACCTGACATACCTGGGGTATCATAAGCA
ATACCTACATCGACAGCTATCGCCAAATCTGGTTTAATTGTATTTCGCTGCCACTTTCGCAC
CACGCAAACCAACTTCTTCTTGCCTGTGGCACCCTGTATAAGTTAATTCCAATATTTTC
ATCTTTTAAACGTTTTAATACCTCAACAGCTAATGCACAGCCATAGCGATTATCAAATGCT
TTCGCAGTTAAATATTTATCATTGCAAGCACTTCAAATTCCTATATGGCGTTACCATAT
TGCCTACTTCAACGCCAGCTTCTTCAGCTTCTTCCTTGCTACTAACACCAATATCTATAAA
CATATTTTGTATTCCATTGGCTTTTACGTTCTTCAGGCGTTAAGACATGTGGCGGTTTAG
AACCGATGATACCTCTAATTTCTTTGCCGAATCTGTTGTAATCGTTACTTTTTGAGATAG
CATGACTTGATTCCACCATCCACCAACTGGCGTAAATGAAATAAAACCATGTTTATCAAT
CTTTGTTACCATAAAACCAACTTCATCCATATGACCAGAAATCATAATTGAGTATTGACC
ATTCTCAGCATTTTCTTTCCAAAATGCCACCCAAGTTATCTTCAATAATTTGATCACTG
ACAGGCTCTATATAGTTACGCATTGCTTCTTTAACTTGCATTTTCATAACCAGCAATGCCGT
TTACATCTGTTAAATGTTTAAAGTAATTTGACTGACTGATTCAT

> **A5IVN7**

Function: protein coding sequence; addiction module toxin/Txe/YoeB family (genomic island)

Best match: A5IVN7_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2593688:2593954:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 107706 ... 107973; Length: 267 bp

Sequence:

TTAATCATAATGTGACCATGCCGATAGTATTAATACTTCTTTATTTTCGATCATCTACGGTA
TAGACGACCTGTGCTGATGGTTAATTCTTCTTGAATATCGCTCTAAATATTTAGGCTCTA
ATTTTTCAAAGATTGTGTTATTTTATACGGATCATTTTTTAAAGTCTCAACAATTTCTAA
AAATGACTTCTTTAAATAAGAATGTTTTATTTTCCTTAAATCTGATTTTCGCTGAATTTTTAA
TCTTAACCGTGTAATTGCTCAT

> **stbD**

Function: protein coding sequence; prevent-host-death family protein (genomic island)

Best match: stbD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2536222:2536479:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 107972 ... 108230; Length: 258 bp

Sequence:

TTAAAGATTATCCCAATCAATATCATCTATATTTGTTGTACCACTATTATCTTTTTCTCTTT
CTCTTACTTTGTCCATTGTACCAGTAGATTCAAGATATATTGTCTCTTGTATACTTTTCCAA
TCTTCTAAACCTATAATCACAGCATTATTTTCGGCATTATTGCCACTAATATAAATTGGTT
CGTGATTATTAAACATTTTTTAGTAATTGATAAAAATCTTTTCTCGCTTCTGTAGGGCTA
GTGATAATCAT

> **Q5HD92**

Function: protein coding sequence; putative lipoprotein (core genome, constant)

Best match: Q5HD92_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2594570:2595025] (completely identical)

Position: 058-contig_243: 108588 ... 109044; Length: 456 bp

Sequence:

TTGAAAAAATTATGTTCAATTAATTGTAGTAGCATTAAATTTGTATCATTGCATTATCAGCTT
GTGGTAAAGAACAACCAAAACATATGAAGGTGATGTTAGTGGTAAACATGTACTAACT
TCTATCACATATAAAGATGATAAGGTTTTAAACAGTCTACAATCAACACAATTAATAT
GACGATCTAGGTATGGATAAAGACGAAGCCAAAAAGTTATTCGCCAAATCTGAAAGTAT
TTTCAAAGACCTTAAAGGCGTAAAATACAAAGTAGACTATAAAGATAAAAAAGCAATTG
AACACTTAGACATAGATTACACAGAAGTTGACATGAAAAAATTAATAAACGCTTGGGT

TTTCAACTAAAGAAAATAAAGATATTAGTTTTGAAAACTTGAAAAGCAATTAAGCACA
GAGGTTTTAAAAGAAAAAGATAAAATGGACGACAAATAG

> **yerD**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: yerD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2595193:2596770:r]RC (completely identical)

Position: 058-contig_243: 109211 ... 110789; Length: 1578 bp

Sequence:

TCAACTAATCAATTTCAATTTATAATCATGTATCGTTTTGTAACCTCACCATCGACTTTTCGA
TATACAATATGATCAGCAGTAATTTCTGTAGGACTGGATACGCCAACAGCTGCTGCAATA
TTGAATAAGCCTTCATGCAAACCTTGTTACATAGTTTTGTGACACGATATTGCTTTTCTCCAA
CAATCAATGCTTTTTCTTTTTTCGCATCTGTTCGTTGCAACACCTACAGGACATGTATTCAT
ATGGCATTGTTGACTCATAATACAACCGACACTAATCATCATGCCACGTGCGATATTTAC
AAAATCTGCACCTAAACCTAGTGCAATCGCAATTTTATCTGGTGTCTACTAACCAGAT
GCCGCCAATTTCACTTTATCTCGAATACCATATTTTTCTAACATGCCAGACACAATAGGTA
GAGCTGTAAATAGCGGTAAGCCAACACCATCTTGTAATTCTTGGAATGTTGCACCAGTAC
CACCTTACCACCATCAATCGTAATAAAGCTTGGATACTTATCTAGTCCACCATCGTACG
TACAAGTGTTCAATTTCTGAACTTTGCTTACTACAATTTTGAATCCTACTGGTTTTTGAC
CTAATTGCTGCAACTGATCGACGAAACGAATCAAATCTTCAGCATTATGAATAAATTCGT
AACGGTTAGGTGAATTGATTGTTTTATAAGGTTCAACATTTCCGGATTTTAGCAATTTCTTC
GTTTACCTTTTTCAGCTTCCATATGACCACCACGAGTCTTAGCACCTTGTGCCAACTTCAGC
TCAAATGCGCGTACGTTAGATAACTGTGCGACCTCTTTAAATAAACCTTCACTAAAATTA
CCTTCTTTATCACGAACACCAAATAAACCGGGACCAATTTGGAAAATGATATCCCATA
CCTTTTAAATGATATTCTGATAAGCCACCTTCACCTGTATTCATCCAAGTGCCCGCTTTAG
CTAGACCTTTAGATAAAGCTGTAATGGCATTTTTTCTAAAGCGCCATAACTCATAACAG
ATTGTCCTACGATACGTTTTTAAATAAATGGATGTTTTAAATGTTACCTAATTTTATTGC
ATGGTCATCACTTAAGTAATACGGATCAATCTTGTTCGGTACACGATATTCTTCACGACTA
AATAAACGCTCATTTCGCGATTTTATAAATGAATGTTGATAACAATGTTGTATTATCTACTG
AAATCTCATTACGTTGCATCGGAAACATTGTGTTCTGTATGTAAAAGCCGTCTTGATAATC
TTTAGTAGTACCGAAGCTGGTCATACGAGAGTTATATTTCCAGCCAAAACGATATTTTAA
TAATCATTACGTGAAAAAGGTTTCCCTTCATTATCCCCAGAAAATAAATACTGACGTAAT
TCCGGTCCCATTTTTTCTGAAATATATCTAATACGTGCTAGTAAAGGATAATTCCTTAATA
CACTATGTTGTGATTGTCTTTTATCTTTAATTAACCAAATAAGCCCGATAACAATAACCGT
AAGCAGGAAGCCTACAACGATAATGTTAACTATAAATTGCATGACTGTAAGAAACGTCAT

> **opp1F**

Function: protein coding sequence; putative oligopeptide transporter ATPase domain (core genome, constant)

Best match: opp1F_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2599281:2600030:r]RC (completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 1361 ... 2111; Length: 750 bp

Sequence:

TTAGAATGATAGTTGTTTTCTATTAATTCTCTTGATAAAGCATTGTCACCTTTTATGCAATG
CGCTTGTCGGAATTTGTTCTTCTATTTTTCCGTTTTTAAAAATAATTAATTGATCACATAAA
TACGTGGCAGCTTGAATATCATGTGTGATAAAAATATAACTCAACTGACGCGTTTCACGT
AAATGAATCAATAAATCTAATATTTGTGTTTGAATTGACATGTCGAGTGAACATAATGGCT
TCATCAAACAAAATATATTTAGGGTTAATACATATTGCACGCGCAATCGCAACACGCTGC
GCTTCTCCACCTGATAACATATTAGGATATTTATCCATGTATGCCTTAGATAGACCGACTT
CTTCCAACAATGTAATTGCTTGGACTTCCATAACTTCTTTAGGTTGTCCATCACATTGACA
CATCACTTCAAATAAGATTTCTCTAACAGTCTGAAATGGGTGTAATGATGACGTATAATC
TTGAAATACAGCACCAATTTGATGACGTCTGACTTTCTTCTTATGCATCGGTAGATCATT
AAGGTTACACAGCCTTTATCCGGTTTTCTCAATACCTAATATCATACGACTCAACGTCGATT
TACCGCTACCACTTTCTCCGATAATCGCAATCGTCGCACCGATTGGACTCAAATGACA
CACCTTTCACGATAGGTGTTTCGACGACGCTTAAAAACATGTGCGCTTTGATATGATTTTTC
AACATCTGTAACCTTAATCAT

> opp1D

Function: protein coding sequence; (core genome, constant)

Best match: opp1D_CC005_ED98-hen_CP001781.1[2545581:2546396:r]RC (completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 2103 ... 2919; Length: 816 bp

Sequence:

```
TTAATCATGTACATCACCCCTCATCACATGTTTAAAATGATCATTAATCTTCTTCTTCGTTG
ATAATAAATACTTCGTATAAACATGTTCTGGATGATGCAAGACTGATTCACGTGTACCAT
GCTCTATCAGTTGACCATTTTTTCATCACAACAACACGGTCTGCAATCTTGTTAATAACCGT
TAAATCATGTGAAATGAAAATCATCGCACAGTCAAAGTGTTTTTTAATATCTATAAATGC
TTCCAGTACATCATATTGTGTAATTGTATCTAAAGCCGTTGTCCGGCTCATCAGCAATGATT
AACTTTGGTTTCAAAGCTAACGCTAAAGCAATCATCAATCGCTGTAACATTCCCTCCTGATA
ACATGTAAGGGTATGATTTTAATATACGTTTAGGATCTTTCAAACTTAAATAATCCATATA
TTCAATCAATGTCTTTTCAATTTCTTGTGTAGACATTGACGTATGTACTTTCATAGTCTCAA
ACATTTGTTTACCGACAGTAGTTGATGGGTCAAAGGCACGACTACCTTGTTGCATGACCA
TCGCAATATCTTTACCACGGTACTTTTTTCAGTTGCGATTTCAGATAATGACAACATTGATGT
ACCATCAAAGATAATTTACCTGTCAACCCGAGTCGTTCCGGGATTCAAACCAATAATCGA
TTTGCATGTAATTGATTTACCGCTACCACTTTCTCCAATAACGCCTAAAGTTTACCCTTA
GTAAATGTAAAATTCACATCACTCACGAGTGGTTGATCTGTCCAGGTATCTGTAATCGTCA
AATGCTTAACTGTTAACAATGTCAT
```

> opp1C

Function: protein coding sequence; oligopeptide transporter putative membrane permease domain

Best match: opp1C_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2600835:2601704:r]RC (completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 2915 ... 3785; Length: 870 bp

Sequence:

```
TCATGATTGCACCACTCCTTTTTTACAGAACGAAGTTTATCTTTAGAAGAGATGCGGGG
ATCAATAGCAATTTGTAAAGCATCGGATAAGAAGTTAAATGCCATCACTATAATCACTAT
GGCAATACCTGGCGCAAACATCATTTTCAGGATGTGTAACATCACTTTTCTAGCTTCGTTA
AGCATCATGCCCCACTCTGCAGTAGGCGCTTTGACACCTAATCCTAAAAATGAAAAGCCA
GATATTTGCAAGATCATTGAACACATCGAACTACTAGAGATGATAGCAATATCTGCTAAT
GTAAACGGCATAAATATGTTTGTGAATAATTTTCATATCATTTCATACCGATTGTTTTAGCAA
ATCTGACATGGTCAGAAGCAGTGTACTGCATAACACTTGTACGTATAACACGACAGAACC
ATGCCAACCGCTCAAATAAATGCCATGATAATATTTTCGGCACCCATTCCAAACAATG
CAATTAATGCTAACGTTACAACATAACTTGGGAATGCCAACATAACATCACACGCACGCA
TGATTAAGGCGTCAACAAACCCTTGAAATATCCTGATAAGAATCCTAAAATAGATCCAA
TAAGTACAGAAACAAATAGCGCAACAAAGACATATAACAAACTTGGTCTAATCGCATAA
ATTAACCTAGTTAAAATATCTCTACCTAAATGGTCAGTACCTAGTAGATGTTGAAAACGTG
ATGCCAGCAAATTTGTTTGTGTATCGATATGGTTAGGATCATAAAATGTCACAAGTGGT
GCTGCTAATCCTAAAAGACATATAATACAATAATGCCTAAAGCAATTACTGCACCTTTA
TCTTGTAATAATCGTTTTTAAAATTATCAT
```

> opp1B

Function: protein coding sequence; oligopeptide transporter putative membrane permease domain

Best match: opp1B_CC001_MSSA476_BX571857.1[2523138:2524073:r]RC

Position: 059-contig_269_RC: 3781 ... 4717; Length: 936 bp

Sequence:

```
TCATCGTGCGCCCTCCCTTAATCTTGGATTAAATAGCGCATTAAATGATATCTGCTAATGTA
TTAAATACAATAAATAATACCGCTACAATTAATACATATGCTTGAATGACTGGAAAATCG
TGTTCAAGTATTGCTTTTAAACTTAATTGACCTAGTCCAGGCCATGCAAAGATATATTCGA
TAACAACCTAGTCCACCCATTATCATTGGTATAGACATACAAAAGATTGATACCGCAACTT
GTATAGCATTACGCAACACATGCAACATTAATGTGATAGATTTACACCCGCTTGCTCTTA
AATAAAGTACATAATCTTCATTTAATTGTTCCACCATCGAGCGTCTAACATTTCTAAAGTA
AATACCAGCATAGGCAATCGTAATAACGATCACTGGCAATATGTAACCTTTCTGGACCTGT
```

TAATCCAGAAGTCGGCAATATGTTTAACTTCACTGAAACGTAAATAATAAGTATTGAAGC
TATCCAATATGATGGTAATGCAGTTAGAAAGAAAGCCACTGAACGTATCGCACGATCAGT
GAACTTTCCTCTTTTTAATGCACTAACTACACCTAAAATAATTGATGTAATCATCACCATA
ACACTTGAAATTATTGTTAATTTCAATGTATTTCATAAATGCTGGACCAATACGTTTCAGCAA
CTGGGTCACCTGTAATGTAGCTTGTACCAAAAATTAATTGCATCGCTTCAAGTAACCAATT
TTTATATTGAATTAATAATGGATCATTGAAACCGTACTTCTCATTTCGTTTCTGCAATCAAC
TCTGGTGTACATTTGGCGTTCCTTGTGCATGTAAAATTGTCACAGCTGGATTTTCATTTGT
AATATACGTCAATAGAAATGTCATAAACTTACTACAATCATCAATGGAAACATGAGCGC
AATACGTTTTAAGATAAATTTGAACAT

> opp1A

Function: protein coding sequence; oligopeptide transporter putative substrate binding domain

Best match: opp1A_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2544918:2546516:r]RC

Position: 059-contig_269_RC: 4729 ... 6328; Length: 1599 bp

Sequence:

TTATTTATACTGCATTTTCATTGAATGGTAATTCATACTGTGATTGTGTGAATGATACTTTTT
CTAAATCTTTTGGCGCAACAACCTGTCATACTACCGTGTGAAATAGGGATAAAGATACCTT
CATCATCAATTTGTTTCAAATGTTTTTATAAGCGTCTGAACGCTCTTTACCGTTTTGGATT
TTAAATGCGTCATCAATGCTGTTGTATATTTTATCTTTGTTCTCAATGCCTGATGTTGCACT
TTCATAACCATTTTTCGCTTTAAATGCTGCAATAGTACTTTGTGGATCGTACAATAATCCC
CAAGTTTGGTTGAACATTAAGTCATAATCACCAGAAGTACGACGTTTCAGCAATTTTATCT
GATGTTTCGCCATTGATGTTTAACTTAATACCCATTTTCTTAAATTCTGCTTGTAAGTATTC
TGCTTGTCTTTTTGACTTGAAGAACCCTTGTGCATAGTACATTGCCATTTCAAGGTTTTTAC
CATCTTTTTGACGAACATCACTGTCTTTACCTTTCTTCCAACCAGCTTCATCTAATAATGAT
TCTGCTTTTTTAAGGTCATACTTACGTGTTGGCATAATCGAAATTAATGTCTGTTACATTTTT
CGCAAATAATTGAGTTGCTGGTTTTCTTGACCATCTAAAATTTCTTTGGCAATTTTATCTC
TGTTTACCATATGACCAATCGCTTGTCTGACTGTTTTGTCACTGACAGCGTTATCTTTTTTA
CCAGAATTGACAACATAACATTTTCGTATTCATAGGTTGACTACGCTTAACTTGATAGTCAC
CTGTATCTTTCAATTGTTTTAAAGAGTCTTTGTCTAAGCTATCTGTACCTCTATCATCTGTG
AAGGCAAAGTTCGTTTCACCTTTTTTCATTGATAGGAATGCTGTTTCACCAGCAGGCATTA
CTTTGCTTGTACTTTGTTAAGTTTAGACTTTTCGCCCCAGTATTGATCATTTTTGTTAAAG
TCTGCAGACTCATCTTTTTTGTGTTACCTAATTTAAATGGACCAGTACCATCGAACTTTTT
AACGCCATCTTTTGTGTACCGTTTTTAAAGTCTTTTGGAGACACAAATACATATGGACGA
GGCATCGCTAATTCAGCCAATGCAGGTTGATATGCTTCTTTCAAATTCATTCACCCGTTG
ACTTATCTTTAACTTTAACATTTGTCATTAATGTTGAAATCTTTAACCAAGAATGCAATTT
TTTATTTTGTGTAACCGCATCAATATTTTCTTAACTGCGTCAGCATCAAATGTTGTTCCAT
CATGGAATTTACATCATCTCTTAAATGGAATGTATAAGTCTTCCCATCTTCAGACACATC
CCATTTTTTAGCTAGTAAAGGCTTAAATACCATCTTTTCGTGTTACGTACAAGCGGCTCGTAT
ATCATACTTTACAGCAGACATTGATCCACCGTAAACATGCGGATTCATATCACCGATATCTT
TAACCGTTCGTATACGTTAATTGCTTGTTTTTCTTTTTCTCCTCTAAACCTTTATTACCGCCA
CAACCAGTTAAAATTAGCCCTGATGCAAGTAACATTGCACTCATTTTAGTTAGTTTTCTCA
T

> fmrO

Function: protein coding sequence; ribosomal RNA methyltransferase (core genome, variable)

Best match: fmrO_CC001-ST772_118_AJGE0100033.1[1682:2500]RC (completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 7764 ... 8583; Length: 819 bp

Sequence:

TTAGACATCCGTAATACCTACCTTTATAGCTGCTTTTTTATAAAGTGCTATATCAAAAATT
TGCTGTGGTCTCATATGTTTATTCACACATTGCCACTTATCTTCCGCTGTTTCTTGTGACGG
ATAATTAATATTGCTTTGATGCCATCACAAAGCGCATTGCAACTACGACATTTTCATTT
GTAAATCATATAATTCTTCTAAAATGCTGTACTTTAAAGGAATTGTCGAGCTGAATATGA
TATGCGTCACATCTTTGATATCTTTAAGTTCAGATACCTTTTGGATCCGTAATTGTTATATCT
TCATTTGGTGCTAAGACGTTAACGATTCTACGTCCTAGGTCAACGGCTTGTGGATCAATAT
CAATACCGATAACTGAAGCACCTGTTTCTTTTGGTACTTGAATTAACGTCATTGGATATGC

ACCTGAACCAACTAACAATAATTTGTCATTGCTAGCTATACTACATTGTCCAAACTCTTCA
TCAATACAATGTTCTATATTGTCAAAGTAACCTGTGGTAGACGCCTGTCCGTCTAATAGAC
GTCTAGCTCTAATGACTTCCACTTGTTTAACACACTGCGCTGTAATATATTGCAGTGATTT
TATTAATTGTGCTTTTTCTTCAACGTCACGCCAAGCATTAAATTGTTGTTTCATAAATAGGA
TTTAAAATAAATTCACTATAGTCATCCATCAATGTTTCTAATGCTTCGATATATTGATCGT
CTTGTAATACACGCTCGTAATGCGCTTCAAACCTTTTCTAAATATTGTTGTAATATCAATTT
GATTCATTATTAAGTTATTCAT

> **dapF**

Function: protein coding sequence; diaminopimelate epimerase (core genome, variable)

Best match: dapF_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[850:1671]RC (completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 8593 ... 9415; Length: 822 bp

Sequence:

TTATTCTATATATGCTTTTCCTGTAGCTACAGTTGTAACCTGTCCTTTAATTGAAGTTTGAT
ATCCCAATTGATGACATCGCTTTGATGTCACTAAAATACTGCCCCCTGGCTGATGACTGT
AAAATCTTTGCATGCGTCATTACGTTGATAATTATTA AAAAACCCTAATTGATGCTGTACCA
GAACCACAGCTATTTTCCCAAATTA AACTTTGAATTTCTGGTATATAGATTAATGGCTGTA
AAAATTGACGTTGTTTCATCAAAAAGCATCATACCTACTGTTTTATATTTGTGACTCCATTG
TTGCTCACGCACAAACGCTTCAACCAAATGTTGAATTTCTGTTGTTACTTGTTTAACTGGA
ATCACATAATGTACATATGTTTCATAAATAAATTTCTATTGCTTTCCATGAATGATTACCCA
TATTAATTGTTGTTGGCACAACACGATGGGCTTGTGGCATTGAACTTCATAGTATTGGCA
ATCATGAATTGCGCATTGCACTAAATCCGAACAGCCAGACACCTTCACCTTAAACTGTTG
GTCTTTAAGCAAATGACTTTCTGCAAATGATGTATATATGACATCGTCGCATTACCGCAA
AATTCATTACCGCTCATAACTAAGTGAAAATCATTACCATCATCATTTTGTGTTGATTCTA
TAAAGCCTACCTGTTCAACACATACATGTGTTGCGGCCATCAACTGATTGGCGATAGATG
CATATTCACTAGCATCATGTTTTGAATGAACAAGTATCGTCATATTCCCCGAAGGATTATA
CTTAGAAAATTCTATAACCTGCCGATTCAT

> **Q5HD80**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HD80_CC001-ST772_118_AJGE01000033.1[444:575]RC (completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 9689 ... 9821; Length: 132 bp

Sequence:

TCATGCTAATCCGCAAAGTGGAAGCATGACTTAGTAATCGGTTGTTGCATCAACATGCA
ACCGTAAACCTTATTTAAAGTTGCTTCTTGTGGCTCTACAAGTGAATGCAGTTGTCCGTTA
ACTTCATTCAC

> **txbi_universal1**

Function: bidirectional rho independent terminator

Best match: txbi_universal1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[1397234:1397306:r]RC

(completely identical)

Position: 059-contig_269_RC: 10248 ... 10321; Length: 73 bp

Sequence:

TAAATCCCTAAAAAAACAGCAGTAAGATAATTTCAATTAGAAAATATCTTACTGCTGTT
CTCTATTTATACA

> **tx_universal3**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_universal3_CC008_COL_CP000046.1[2415294:2415357:r]RC (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 2 ... 66; Length: 64 bp

Sequence:

ATACATATCAAAAAAGCTGATTTCTATCAAATAATTAATAGAAATCAGCTTTTTTACATTG
CCT

> **tnpIS1272**

Function: protein coding sequence; transposase of insertion element IS1272

Best match: tnpIS1272_15653_EU272084.1[3547:5193]

Position: 060-contig_275_RC: 38 ... 68; Length: 30 bp

Sequence:

AATAGAAATCAGCTTTTTTACATTGCCTAA

> **Q5HD79**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HD79_CC001-ST772_118_AJGE0100023.1[11789:12154]RC (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 108 ... 474; Length: 366 bp

Sequence:

TCATTGTTTTAATGAACTAGCCATATCAGATTTTATTTTCGTTTGCTAATACTTGTAATTCAG
GGAAATAATTATTAGCAAAGCCAATTATTATTTTATTTTTTACAAACGTGTTAATCTCTCG
ATCTTCTGGAATCGTATTTTCTATTAATTCAAAAGCTCACTATGACTTATGTTCTCTATAC
TTACTGTATTTAAATATTTTAAAATCGCAAGATACAATTCATCAAATACTTCATGTTCAAA
ATCAAAGTCCAATAATAATAAACTAACGGAATTAGTTTCTAACTGATTATCTCCAATTTTA
TCTGCAATCTCTTTATAGCTTGATATAGCAATCTAAAACCTTTCTTTTTCTTTTAACAT

> **fabG2**

Function: protein coding sequence; 3-oxoacyl-acyl-carrier protein reductase (core genome, variable)

Best match: fabG2_CC001-ST772_118_AJGE0100023.1[10707:11525]RC (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 737 ... 1556; Length: 819 bp

Sequence:

TTATTCCAATGTCCGCTTCCACGAATCATCACTCAACATCTCGCCAGGCCATGTGTAAGCC
ATAACACCACCGTCAATGCGAATTGTTTACCAGTAATAAATGAACTGTCATCAGATGCT
AAGAAGACTACTAATTTAGCAACTTCTTCTGGTTTACCTAAACGTCCAGCGGAGTCATC
CATTTTTGATTTTCTCTGAATGTTTTGCCTTCTTATCTTCGCTAGTACCTGTCAGTTTATCT
ACTAACGGGGTTTCAATTGTACCTGGTGCAATTGCATTGGCTCGAATGCCATCACGGCCA
TACTCAATTGCGATTGATTTTGTAAAATTAATCACTGCGCCTTTCGCAGCATTATATCCTG
AGCGATACAAATCTGCTGCCTGTCCTGAAAATGAAGACGTATTAACAATAGAGCCACCTT
GAGCCATCATTAAGGTAACATCATTTTTCGTCATTAAAAATGTTCCACGCATATCTACATT
CATAATCTTGTCATACACATCTAACGAGTATTCATGAATTCTACCAGCAGCATTGTCTACG
CCGGCATTATTAATAACACATCAACATGCCCAATCTGTTCTCTAATTTCTGATGCAAAAT
TGTC AATTTGTTGTTGCTTGC AATATCCACATTATACGCCTTCGCATTGTCACCATTACTT
TTAATTTTATCGACAGTCTCCGATACCGCTTCAGCTATGTCTACCGCCAATACATACGCAC
CTTCTTGAGCTAAAGCGATTGCAGAAGCTTGTCCGATACCTGTACTTGCTCCTGTTACGAC
TGCAACTTTATTTTCCAAACGTTTCAT

> **Q5HD78**

Function: protein coding sequence; aminobenzoyl-glutamate transporter (core genome, variable)

Best match: Q5HD78_CC001-ST772_118_AJGE0100023.1[8936:10474:r] (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 1788 ... 3327; Length: 1539 bp

Sequence:

ATGACATCAAAACATCAACAAAAGGGGTCTATCGTCAATCGTTTCTTGAATAGTGTTGAA
AAAATCGGAAATAAATTGCCAGATCCTAGCGTCTTATTCTTTTTAATGTGTGTTGGCTTAG
CCATTATGACATGGGTTATCTCATTATTTAATGTATCTGTTAAGCATCCAGGTACGCATCA
AACCATTTATATTAATAAATAAATTAGCCATGATGGATTTACGATGATAATGAATGATAC
GATTAATAAATTTCTCAGAGTTCCAGCATTAGGCTTAGTACTAGCAGTGATGATTGGTATT
GGTGTGTCAGAGAAAACAGGATACTTCGATAAGTTAATGATTTCTGTTGTGAATCGCGCA
CCACGTTTCTTAATTTTACCGACTATTATATTAATTGGTATTTTAGGTAGTACAGCCGGCG
ATGCTGCGACAATTATCTTGCCGCCGCTTGCAGCAATGCTTTTTTATAAATTTGGCTATCA
CCCTATTGCTGGTTTAAACGATGGCATAATGCTTCCGCTGTTGGAGGATTTGCAGCAAATATA
GTTGTTGGTATGCAAGATGCTTTGGTCTATTCATTTACAGAACCGGCAACACGTATCGTTT
CAGATTCTATTAATAAACAACGTTGCTATGAACTGGTACTTTATCGCAGCGAGTGTCTGTTGT
ATTACTTCTACGATATTGCTAGTTACAATAAGCTCATTATTCCTAGATTAGGAAAATAT

GATGACAGTTTAATGCATGATGACCATGAAGAAACATCTTCACATATTACTGACAAAGAA
GCACATGCTTTAAAATGGGCAAATATCAGTTTCATAGTCACAATTATTTTATTAATTATTA
CAGCCATTCTGAACATAGCTTTTTAAGAAATGCTAAAACAGGCAGCTTACTAGACGATG
CGCCATTAATTAACGGTATCGGATTAATTATCCTTGTCGTATTTTTAGTACCTGGATTAGT
TTATGGGATTTTAAGCAAAGAAATTA AAAAATACAAAAGACTTAGGTGAAATGTTTGGCGA
TGCTGTAGGATCAATGGGAACATTTATCGTTATTGTGTTTTTGCAGCACAGCTACTTGCG
TATTTAAAGTGGAGTAATTTAGGAATTATCGCTGCTGTTAAAGGTGCCAAATTATTAGAA
CATAAAACGGCATTGTATTGATACTAGGTATTATTGTACTAAGTGCAATGGTCAACATG
TTAATCGGAAGCGCATCGGCTAAATGGGGTATTTTAGGACCGATATTCGTGCCAATGTTA
ATCCTTATCGGCTTTCATCCCGCATTACACAAAGTCATTTACCGTGTAGGCGATTCAATTA
CCAATCCAATTACACCGATGATGCCGTACTTACCTTTATTATTAACCTTATGCACAAAAATA
CGATAAACGCATGAAACTCGGAGCCTTACTTTCTAGTTTAATGCCGTATTCAATCGCGCTA
AGCATTGTATGGACAGTATTTGTCATCATTTGGTTCTTATTAGGTATCCCTGTTGGACCAG
GTGGACCGATATTCGTTAAATAA

> **aphD**

Function: protein coding sequence; alkylhydroperoxidase (core genome, constant)

Best match: aphD_CC001-ST772_118_AJGE01000023.1[8402:8824]RC (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 3438 ... 3861; Length: 423 bp

Sequence:

TTATAGTCTATCACTAATAATATTTAGTCTGTTCCAACCGTTAATTTGGTTTACAACAAAG
ACAAGATCAATAATTTGTTCTTCATCATAAAATGATTTTAGCCGGTCAATAATTTCAAAC
TCTTAAAGTCTTTGATTGAATTTAACATTTCTGCAAATTC AAGCGTCACTTTTTCTTGATCA
GTAAATAAATCTAAATGTCTAAAACCTCAAGACTTCATCAATTTTCATTTGTGTTACACCCA
ATTCCTTTAATTTCTTTTTTATGGATATCAACACAATAATGACAACCGTTAATTTTTGAAAT
TAATAACTTAATCAATGCACTAAGTTCATCATTAAACGGGTGATTGATGAATAAACTTTTCA
CCTTGGCTCATTACAGACATTAACCTCTCCATTTTGTTCCTTGTAATTATACGGCAT

> **Q5HD74-var3**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HD74-var3_CC001-ST772_118_AJGE01000023.1[7531:7950]RC (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 4312 ... 4732; Length: 420 bp

Sequence:

CTAGTGGCCTTCTTTTTTGTCTAATTTCTTTGATTTTCGTCAGGTGATTTTAATTGATTTG
CTGTTTTAGTAACTCACTTAATCTTTCACTTTCTATCATAGCACCACCAAACCTGATAATT
ATGTTCTGGAGACCCATATGCAACAAAATCAGCTTTTTTGTTCATTGATGTAACCTTCA
ATTACGGCATCGCCATAGGTCCTCTTTTTAACTTGTGAAATGCACAGATTTAATCGTGT
TTGGTTCTTTAGTATTATGCTTGAGATAAAGTGTAATACGCTCCTGTTGTTCTTTATAGTA
AATTGCTTTTTGTTTTCTTTTTCGTCATATTTCACTTTTAAATAAATGACTGTAGCAACTA
TACATATACATAATATGACACCAATAATTACAAAACATGTTTTTTGTTTCAT

> **bdhA**

Function: protein coding sequence; NAD- or NADP-dependent oxidoreductase (core genome, variable)

Best match: bdhA_CC001-ST772_118_AJGE01000023.1[6585:7280]RC (completely identical)

Position: 060-contig_275_RC: 4982 ... 5678; Length: 696 bp

Sequence:

TTATACAGGACGCACTGTAATTTCACTCACGTTAACGTGACTCGGTTGTGTTAATGCATAC
AATACCGCTTCTGCAATATCTTGTGGATCAAGCTTTTTACGATCACTTGGATTATATGCGG
CAGTTATTGCTGTATCTACCATTCTGGTGAAATGCTTGTTACTTTAACACTTGTCTTTGCC
AACTTTTTTCTAATCCTTGAGTAATAGTGTGAACTGCTGCTTTCGTCGCACTATAAATCG
TGCTGCTTTTCGTTACTTCAAAGCCAGAAATAGATGCAATGTTAATAAGATGGCCACTTG
ATTGTTCTAACATAGTTGGTAATGCAGCCTGTGCCGTATATAAAGTGCCTTTGATATTCAC
ATCAATCATACTATCCCACTCATCTACTTGATAATCAGTAATCTTAGACGATAACATTTGT

CCCGCACTATTGATAACAATATCCAAACCACCGAATGTTTGTATGCAATTTTTATCAATT
CATCGACTTCTTCTTTTTTCGTTACATCTGTTGGCACTACCTTCACACTATCTTGAGCTAAT
TGATTCGCCACATTTTGTAGTTTATCTTTATTTCTACCGGCTAAGACAACCTTCGCCCTTC
TTCATGTAGTAATGTTGCAATTGCTTCTCCAATACCACTACCTGCACCTGTAACACTGCT
ATTTTATCTGTTAATACTGTCAT

> **lpl**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)

Best match: lpl12-CC398_CC075_MSHR1132_FR821777.2[2493966:2495321:r]RC, lpl-
SAS2374_delta_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2559975:2560766:r]RC ,,MANUAL
OVERRIDE

Position: 060-contig_275_RC: 7239 ... 8313; Length: 1074 bp

Sequence:

AGGTTTTATTTGATATTCAGTTTGACTCATAACTTGTACCCTCACTTGGAGTATATTGTAC
AGAATCTGTAAAATAAATGTTTTCTTCTTTATTTTCTACAAAGGTAAATTCTAGATTTTTTG
ATCCTACTGATGAACCTTTTAAATCTCCATCACCTTTTATTAATAAATTCGGAGCTTTGTTG
GTTGGAATATTATATCTTTTTCGAAGTTGCTTCACATTGTAGTCATCGTTTTTCAATTGATA
TTTTGCGGAATAACTTGGAACATTAGGATTATATGAAATGTCACCATCTTTATAATCATT
ATATCTTTAAAGTCACCGTATTGTACAAAAAACTTAAAGTCTTCAATTTCTTTTCTTAATTT
ATCATCAGCTATCGGTTTGGTTGGAATGATTCTATTATGTTCCATTTTCACTGGATATTTTG
TATCTTTACTATGTGAATACCCTTACTATCCTCGGTTATTTCTCTAACAAACAAAATTACCT
TTCGTTGTTCTAGTATTACGATTTATATAGAGCACCATTCTCTAGATTCCATATTGCTATT
ATTTGTCTCAATAATCATTTTAGAGTGAATTATCCAAGTGCCTTTGTCAACCTTTTCAAAC
TCTTCATCTCGAAAACCTTCTTATCATAAAAGTCTTCAATATTTTTGGTTGGATACAAGC
TCAATGTTTTGTTGAAATTTCTTTAATTTGTTTATCTTTACTACTTTCTTCTTTTTTTCATTC
CGCAAGCGCTATAAAAACAGATAGTATTATCAGGCATAGACACAATTTAACCTTTTTG
AATGAATCATCTTTCTCCACCTTATTTTTTAATACTGACTCAATCTTTAATTTATACATT
TAAAGCGAAAAATTTTTAACACTTTATGAAATTTTCAATCCAAACTTCTATTAACCCTAT
TTAGTTTGACTCATAACTTGTATCCTCGCTTGGAGTAAATTC AACCGAATCTGTAAAATAG
ATATTCTCTCTTTTATTTTGTACAAAGGTAAATTCTAAGTCTTTAGAGCCTATGGATGAAC
CTTTTAAATCGCCATCACCTTTCAACAA

> **lpl**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)

Best match: lpl-SAOUHSC_02789_CC008_COL_CP000046.1[2550060:2550761:r]RC

Position: 061-contig_272: 77 ... 3154; Length: 3077 bp

Sequence:

CTATTCAGTAGTTTTGAAATTAATACTATCCGTA AAAATAGATGTTTTCTTTTTTATTTCTTA
TAAAGTTAAATTCTAGTTCTTTAGAACCTACGGATGAGCCTTTTAAATCACCATCACCTTC
ATACAGTTTGAAGTCATATTTATCAATTGTAAATGACGACTAGATGATATATAGTTCAAG
AAACATCAAAATTCGTTAAAACATAATCAAATTTTATTATGTTCAAAACTTTATTTTCCAA
AAATTA AAAAAGAAGTTAAACAAAGATTGGTTGCTTAACTTCCATTATTGAATTCATTAG
TCCGGTTTGACATAGATCCCGAAAAATAATGGCTGATAGCCACTCATAGTTGAAATTACG
ACAATATAATTTATTTATTATAAATAGATTATATACTTATTGTGTTTCTTAATACCTTTT
TATACTTTAATATCTTGAATTTTTCTAAATCATTACTAATATCTTTTAAATTTCGTCTGTGGC
ATTTTTACCCAAGCCCCTTGTGCCGCATTTTTAAATCATCTTCAAATTTTTGAAATGA
CTTACCATTTGGTCAAGTAATATTTTCTCATCACTTTTCAGCTTATTTGATGATCATGATG
CATACGAACATGTTTCAGGCGCAATAACCTCACTAATCTGTTCTTTTTCTTCAATTTGTTCC
AATACTGCTAAATCTGGTAAACCACTAAAATCAAGTCCACGCTTATTCATCTCCTTCAAT
TCTGTCAGATTGTTTTAGATATTCTCTTCTTAACTCATCTTTATAATCTTCTAATTTCAATTC
GTGATGTCGGATACGTTGATTCGTTTCTCTATCGAAAGATTCTATAAATACGTGTCATCCTG
ATCATAGCGTCTTCACTATAATTCATTTTATGTTTGGAGATATAAGAAATGATCATAACATTT
GTTACATTTCTTGCCTGTTTGTGTTTCAATTCATCAATTTGATTGAATGCATCATTCAAT
TGTTTTCTTTCTTCAATCATAGGCATTTTCAAGTTCATTAATTTTTTATAACGTAGTAAACAT
TACATCATCCCATCAATCTGGCTCGCTAACATTTGGTCAATTAGAAACAATTGCTTCGATAC

TCTGTTTAATTTTTGCGATATAGCCATTACAATTTTTATAAACATCATTTAATTTCTTTATC
TTATCATCAATTTTTCTTTGGGATCTGTTTCAAGTTTACTTTCATACGCGCCACCTTTTCT
TAATTCATCTATAACCTCTTCAGAGGTTAATTTTTACCAATTTCAATTTCCAACCTTCTTGCG
TTTTTTCCAGTTGTCTCCAAATTTATGTGCCATCGCGTGATACATTTTTTTCAAATGTTGG
CTTTCTTCATCACTAATTGATTTAAGCCTTCGGCAATGGTTAGTGCTGTTAAAGCTTCTA
ATAATTGTTGTTGGGAGGAAGAGAGTGATCCACCCGTTGTTTGAATCCAATTCGCTCTTA
ACGTCTCTACTTTATGTAATCTATGCCTCGTTTGTTTACGAACGGATTTAATGATTTATTA
TTTTCGTCTTGATAGCCTTTAACTTTGTTTAAATTCGGCTAAGATTATAGCCTGTGTTCCGCT
TATTA AAAAACCCTCATTGAATGGCCTTCTCCATTTTTAAGTACTATTTTTCCCAGCA
GTTTCATATAAATGATTGCGGACATCTGCATCTAATTCGTCTTCATCAGACACGAATCTTA
CAATGTGACCATCGTACTTTTCAATCAATTTTTAAGTTCTTCTTGATCGGCATAAAGGCC
GCTCACATCTTTGATCGCTAATGGAGCTGGATTATACACAACGATATGTTAATATCATT
CTCATACCTAAAATCATCGCATCTCTACCGCCAGCGAATGTCCGGTAATAATATCAATA
TCATAGTCTTTTTGATATTTTTGATAAAGTCTTGGGTATTTTTATAATGTGGATCTTTATC
TGTGACGGAATGAAGGCCAATATTGACATCGGCCCAATATCCTTTAGCGTTTCACTCGC
ATCTCTATTGTCTTGAGAAGAGGCAATACCCAATGTTTTTTAAATATGGCGTCTTTGTGT
ACATTAGTACCTGTCATACCTAAAGTGACTTTCCCTGTCTCTTATTTAAAAAGCGCTTG
TAGTCGTACCTGTTTTGGGGTCAGTATAACTATCGACATATTTTAAATTTTTGGAACTT
ACTTTTTCTTTAAAACTTCTATTTGTGTATCAATTTACGTTTTTTCAAACCGCTATTAT
TTGCGTTTTCTATTTCATAACTAATTTGGATATAGTACTCGTTTCTTCAGAATTACTCGTT
ATATTATCGGGTTTAAATTTGATATTCAGTTTGACTCATGATTTATCAACCTCGCTAGGAGT
AAATTCAACTGAATCTGTAAAAAAGATATTTTCTTCTTATTTTCTACAAAGGTAAATTCA
AGACTTCTAGAACCTACGGATGAACTTTTAAATCTCCATCGCCTTTCAATAATAGTTTCG
GCGCTTGTGGTTGGAATATCATATCTTTTTCTTAACTGTTGGACATTATAATCATCATT
TTCAATTGATATTTGCGGAATAACTTGGTACATTAGGATTATATGAAATATCACCATCTT
TATAATCATTAAATATCTTTAAAGTTGCCATATTGTACAAAGAACTTAAAGTTTTCAATCTC
TTTTTTAACTTCTCGTCTTTTATAGGTTTTGTTGGGATAATTTGATTATGTTCCATCTTGA
CAGGATATTTTTATCTTTATCATGTGTATATCCCTTTTTATCTTTAGTTATCTCCCCTACTA
TAAATATCCCTTAGCTGTTCTAGTGTTACGATTGATGTAAAGTACCATCGCTCTGGATTT
TAAGGCTCCTCCTTTTAAATTGGATGTTTATTCCAGAATTAATAATCCAAGTACCTTTATCT
CTTTTATCAAACCTTTGATCTCGAAAGCCTTCTTATCATAAAAGTCTTCAAGATTTTTAG
TTGGATACAGGCTCAACGTTTTGTTGAAGTTTTCTTTAATTTGTTTATCTTTACTGCTTTCT
TCCTTTTTCAT

> **tx_lpl**

Function: bidirectional rho-independent terminator

Best match: tx_lpl_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2617686:2617742:r]RC

Position: 061-contig_272: 344 ... 374; Length: 30 bp

Sequence:

AGATTGGTTGCTTAACTTCCATTATTGAAT

> **lpl12**

Function: protein coding sequence; tandem lipoprotein-like (genomic island)

Best match: lpl12_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2618487:2619812:r]RC

Position: 061-contig_272: 1118 ... 1268; Length: 150 bp

Sequence:

TTACATCATCCCATCAATCTGGCTCGCTAACATTTGGTTCATTAGAAACAATTGCTTCGATA
CTCTGTTTAAATTTTTGCGATATAGCCATTACAATTTTTATAAACATCATTTAATTTCTTTAT
CTTATCATCAATTTTTCTTTGGGATC

> **sauUSI**

Function: protein coding sequence; type IV restriction endonuclease (genomic island)

Best match: sauUSI_CC001-ST772_118_AJGE01000069.1[1324:4185:r]RC (completely identical)

Position: 061-contig_272: 3531 ... 6393; Length: 2862 bp

Sequence:

TTAATTTGTTAGATAACGATATATATCATCTCTTACAGCTTTATCCAGTGCTAAATCCATC
GTTACTACGTTTGAACCATTCGGCATTTTATCTTGCTTTTCTGAACCTTCTATATATCCAGC
AGTTCCTAAATAATAAAAATATATACCATCATCATCTTTTTCTGTACAAAAATATACATT
TTAATTCCTTTTGTCTATGGGGCAAAAATTTCTGAACTTCTTTTGATTCTAGCGTTCTATT
AGATTTAGTAAACCATTTTAATTCATCTTGACTTAAAAATTCATCTTCATATTTTGTGCTAT
CACTTATATCCTCATGCTTATCATAAGTGATAAAATATTGGCATTCTTGGCTTTTTATCATG
TATCCCATGATTACAGACGAACCATTTTTATTCCAATTAATATTTTACTAAAAATCTTCTC
TTGAATATTTATTATATAAAAATCAGTCCATTTTTACCTTTTTGGTATTTTTTCATTGTTATAC
TTTGATAATTCAATAAGATCTTCTAAAAACATATTAATGTTTGATTACTTAGAGCATTAG
TAAATGCATCGCTTAGTCTTATCATTCTTTCATTACGTTCTATAATGGGACTTCCATAGATT
TTTTCAATTCCTGCGTTGTAAAATGAAAAATCTAAAATCTTAATGAAGTATCTATATCAT
CTTCTGTTATATCCTTAACTTCGTTCAACATTTTATTTTTAATTCATCATATGTTAATTCAT
TTTTTAAAAGTTCTTCTAAAACATAACTATCGATTCTTTTCAATCCAGGTGCTATTTGCCTT
GAAAAGAAAACCAGATTTTTAGATTCATTTTCCGTCATAAATGTATCTATTTTTTTATATC
TCACTAAGAACTCGTAATAATTAATAAATTTAGAAAATATAACGCTTGGATCTATAGAAT
GTTGTTGTATGAAATCCATTAGTAACGGCATGTGTCCCAATCTATTTTCAACTTCTTCATA
AGCTTTTAAATATTAATTTATTTGATTAAATGATACTGCATCCAATGAATTGTAAATCTGTT
TTTTAGCAACTTCTTCAAAATTAATTGTAGATACTCCATTAATCGAATCGTTATTCGTTAA
AACTTCTTATAATTATCTTTATTTTGGCATTGATCCCCAGAAAGCGCAATCGGAATTA
TAATTTGTCTTATAATTACCAATAAAAATCAATTACTGTAACATACTCTTATTTGAACTTTT
TCTTAATCCTCTACCAAGTTGCTGAATGAATATAATACTAGACTCTGTTGGTCTCAACATT
ACAACCTGATTGACTTCTGGAATATCAATACCTTCGTTAAAAAGATCTACAGTTATAATAT
AGTTAATCTTACCTTCTTTTAAATTTTCTATTACAATTTGGCGATAATTAACACTATCATCT
CCTGTTAAAGCAACACTTTTAAATCCCTTTTGAACCTTAGTTTATCCGCTAAATCATAAGCTT
CTTTTTTGCTACTCACAAAATTAATCCTTGTAATAATTTACCTGAATATCCATAGTAATC
TGTCTTTGAATAATATAATTAACTCTTTCATCAGAAGTTAAATATCTCAGTTTAGTTACA
TCATCTTCTTAAATACCTTGATGTACATAATCAGTCACACCAAAAATAATGAAATGGACAT
AAAATATCACTTTCTAACGCTGCTTGTAACCTTATTTTCATATGCAATATTATAATCAAACA
GTTCAATATACTTAAATTCATCTGATCTTTCTGGTGTAGCAGTCATTCCCAGCATGAACTT
AGGTTTGAAGTAGTTAAATACTCGTTGATAAGTAGATGCAGCAGAACGATGTGCTTCATC
AAAACAATATAATCAAATTCATTTTCATCAAATTGCTTAAAATTATCATCTCTAGATAAT
GTTTGAATGGTTGCAAATAAATATTTGGCATCGACATCTCTATGTTTTCTGTCAACAATC
CAAATCACTATCATTTTTTATAGGTAATACTTTTTTAAATTTCTTCCCTAGCTCTATTTAAA
ATCCCCTCATTATGAACAATAAATAAAAATTTATTAGGGTTTACTTCTTAACATCTAATG
CACATAAAATCGTTTTACCTGTACCAGTTGCAGATATTATTAACGCCTTATCTTTGGTTTT
ATCCCTAATAGCTTTTAAATGACCTTAATGCTTCTGCTTGCATTAAATTTGGGTACAATTTCC
ACTGATTTTTTACCTTATCAGCTAGCAGCATTGAGTTTGTTC AACCTCCGCTAATTTTTC
TAAGGAACGGTACTCAAATGATTCTTTATATGAATTAATCCATTGCTCAGTAAGTGGGGT
ACTTTTTGCCATAACAAGTCAAATTCATTTTTTACACTATTAATACTAAATCGCCATTTTTCA
TAGTAGACAGTAAAACATTATGCTCATAATTAACCTTTAACGCATTAGATGTTAAATTAG
AGCTTCCCTATTACCATAGAACTATAATCCTTATGTTCAAAAATATATCCTTTGGCATGGAA
TCCAGCAATATCGGTTAATCTTACCTCTACATTTTTTAAATTTAAGTAATTCTCCATACATTT
TAGGACTATTAACCCTAAGTAATTAGATGTTAATATTTTCCCTTTAACACCCTTATTTCTT
AAATCTAATAGTTGAGCCTTTAAGCTGGCTAAACCGCTTTCTGTTATAAAAGCCACAGAA
AAATAGAACGTTTCACATTTTTGAAGTTCATCTATAATTGTTGAAAGAACTTTTTCATTTT
TATTATTTACTAAAAGCTTCGGTGTATAATTACCTTTATGAGAAATATCTTTGTCTATAAA
CCCTTTATGTAAAGATTGATTGAAATCATTTAGTAATCTACTCAT

> **nudix**

Function: protein coding sequence; nucleoside diphosphate hydrolase (genomic island)

Best match: nudix_CC001-ST772_118_AJGE01000069.1[4187:4579:r]RC (completely identical)

Position: 061-contig_272: 6394 ... 6787; Length: 393 bp

Sequence:

TTATCCCTCAGTCATAATTTTATTAACGGCTGGTATATCCGCTGGGGCCCAATTTAATTTA
TCAAGTTCGTTTATTGACAACCATTC AATACTCTTATGTTTCAGTTAGAGTTGGTAACTCTT
TGTTTAAAGTACATTTGTATGTTGTTAACCTAACAAATCCAAAATCATATTCATGTTCTGT

AGTTATAACTTTGTCTCCAACAATTAGATCACATTTTCATTTCTTCTCTAATTTCTCTAATCA
AAGCGTCTTTTTTCAGTTTCATTCTTTTCAATCTTACCGCCAGGAAATCCCACATTAAGG
TAGACTCATTTCTTCACTTCTCTGTGCACAAAGAATTTTGTATCAGAAAAATAATAGCT
CCTACTACATTGATTACTTTTTTTCAT

> **pgcA**

Function: protein coding sequence; phosphoglucomutase (core genome, variable)

Best match: pgcA_CC001-ST772_118_AJGE01000069.1[4882:6519] (completely identical)

Position: 061-contig_272: 7089 ... 8727; Length: 1638 bp

Sequence:

ATGGATAAAGAATTATGGATAGAACGAGCTAATGATAGTTTGTAAACATTTTTATGAG
CAGCAATCTGACATTGAACAGCGAGAAGGTTTTGAAAGTAAATTAACATTTGGTACTGCG
GGTATACGCGGAAAATTCGGTCTTGGTGAAGGTCGACTTAATAAGTTTACTATTGAAAAA
TTGGCATTAGGTTTAGCGGTTATTTAAATGCCCAAACAAACAGTCCAACAATAGTCATT
CATTATGATATTAGACATCTTTCAACTGAATTCGCCCAAATAATTGCTAATGTATTAGCAA
ACCATCAAATAACAGTTTATTTACCTGATACATATAAAACGACACCGGAATTATCGTTCG
CGGTGCGCAATCTTAATACTACTGCTGGCATTATGATTACAGCAAGTCATAATCCGAAAG
ACTATAACGGCATCAAAGTATATGGTCTGATGGTGCAGCAATTATCGACTGATGCATCTG
AGCTTGCAAGTCGTTATATCGAAGAAGTTGGCGATCCATTACAGATTGATATACCTATTT
TAAACAAAATACATCTTATATCAAGCCTTTTCCGAAATCTGTAAGTACTGACTATATGAA
ACACATTCAAATATGATTGGCTATATTCCTAAATCTGATTTACAAGTTGTGTTCACTAGT
TTACATGGTACAAGTGTTCGATTGTACCTGAGTTATTACAATCTTTGAATTTCAATCAAT
TTAATCTTGTAGAAGCACAATGTAAACCTGATCCGAATTTAGCTCAGTTCAAAGTGCTA
ATCCTGAAGATCATCGCGCTTTTGATCAAGCAGTCGAACCTTGCAAATAAAAGTCATGCAG
ACTTATTAATATCAACTGACCCTGATGCGGATCGTCTTGGCATTGCTGAACGTGATGCAC
ATGGTCATATCACATATTTAATGGCAACCAAAATGGTGCAGTTGTTACTTAATTATCGTAT
TCAACAAACGTCTCAATTACGTCATCGCTTAATGATTCAATCTATTGTAAGTAGTGAGTTA
ACAAAGTCATTAGCACGCTATAATAATGTTGAATACAAAGAGGTGCTTACGGGCTTTAAA
TTTATTGCTCAGGAAATAAGACAACCTGGACGATCATCAAATATGATTTTTCGCTTTGAA
GAGAGTTACGGTTTTCTATCAGAGCCTTTTGTACGTGATAAAGATGCCGTACAAATTGTG
CCACTCATTATAAAATACGCTTCTGAGTTAAAATTATATGGCAAACATTGAAAGATAAA
TTAGAACAGATTTATCAAACCTGTTGGTAGACATGAGGATACATTATTCTCGCATACGCTA
GATGGATTAGAAGGTAAGAAAAAATTGAATCAATCATGACACATTTCCGTTCAAATCCA
CCGCAAGAGATTCAAGGACTGAAAGTGAAAGCAATTGAAGATTATTTAACTAGCGAGGT
TTATCATTTGGATAAAGATACAACGTACAGATTAATTCTCCTAAATCAAATGTTATTCGT
GTCTTATTTGACGAAGGATTTATCGCTTTACGTCCTTCTGGTACTGAACCTAAAATTAAT
TATATGTGTCGTTAAAATGTCGGAATTTTGATGATGTAGCTCAAAAAATTAATGCGATGA
TTTTTAGCTAA

> **Q5HD60**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HD60_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2567426:2567692] (completely identical)

Position: 061-contig_272: 9010 ... 9277; Length: 267 bp

Sequence:

ATGAAAGGCTCTAAACAAATACTTTTGATTATGGGCATTATATCTCTTATTGTTTTATTTA
TTTTTACACTATTCATCATGGCGCAATATGCAAACATTATGAACAAAAATCCGACAGTT
CCAACGCACATACTTTAAATTCATCATCAGCCATAATTGAGCAACATACTATGTCGAATTT
AGCGTCTCTAGATTTATACGCTCCTGTTCTGTAACATTACTTCTAGTCGTGATATTCATCCC
ATTTATTTTCATGACAAAAGATTAA

> **Q5HD59**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HD59_CC001-ST772_118_AJGE01000069.1[7209:7517] (completely identical)

Position: 061-contig_272: 9416 ... 9725; Length: 309 bp

Sequence:

```
ATGACCGTCAACATCGTAGTTTCTATCGTATTCTGCATAAGTATGGTTATATTAGGCATTT
ATGTCGCAATAACTAAAGATTTCCACACTAATTTCTTATATAAATCAAACGACCATTGCAG
ATAAACGCAAGAACCAAATTGCATATATATTTGCGTTATGTATCAGTTTGAGTGCAGTAT
TTTTAATGTCTTCAATTCTATGCTTTGAATATGATTTTATTGTATTGGCATTCTTATTTTAA
ACTATAGCATTATTACTTATCGCATTATTCTATGTGTGCTTTTATAAAAATTACAAAATATC
CATAA
```

> **A8YYP8**

Function: protein coding sequence; major facilitator transporter/cation symporter (genomic island)

Best match: A8YYP8_CC009_21334_AGTW01000020.1[1526:2719]RC

Position: 061-contig_272: 10046 ... 11240; Length: 1194 bp

Sequence:

```
TTACATAGACTTCTTAAAAAACTTTAACCCCGATAAGCTAAGCATTGAAATAAATTGCACC
TCCTGATATAAATATATTACTTAAGCTTAGTAAAGGTATAATTAACCTTATCAGTCCTAAA
GATAATGTATCCGCTGCGTAATTCGATGTAGATGAGATACTAAATACTTTCCCCATCAAA
TGATTTGGCGTTTTTATTTGAATGGCAACTGATCTTGTTAGTCCCTCTATAGATTGTCCAA
GTCCCACTAAAGTTGCACCTATATATAGTATCTCCAACTTGGAACACATTAATTATCG
ATAAGCCAATCCCCAACTAAAACACCAATACTAAATTTAAAGATTAATCGTTTTTCTG
ACAGTAAACCATAATCAATGACATTAATAAAGACGCTATACCTAAACATGATGTAGCTA
GTCCATATACACCAACGCCCTCTTTTAAATATATTGGAAATAAACAATGGTAATGCAACAC
GCCAAAGGCCAGTATTAATCAATATGCAGGCAAATTGAATGATTATAATAAATGGAATTT
CTTTAGATTTTTTCAAGAATCCCAAGTTTCAGAAAAATCTTCTTTTGAGTGTCTATCAAT
CATGTTGTTATTTGTATATTTTAAAAGTGCATTAATAAATAAATCCTAAAAATAGCAATATA
CTGCAAATAAAAAAGACGCCAACATTACCAACTAGTATTACAATGACACCAATTAAGC
AGGTAAAATAATATTTGAGCCTCTTTGCAAATATCGATTAACGCATTACTTGTGCTAAA
TGCTCCTCATCAATAATTTTCAGGAAGAATTGCCCTAACGCAGGATCCGTATAGCAGTTA
ATAATGGTGATAGCTGTAGATATGGTTAGAAGCGTCAGATAATTTAAATTTGATGTTATT
GCAAGTAAAGGAATAATTATTATAATCAAACCTTAGTATAAAGATCAGATAGATAAAGTATT
TTCTTTTTATTATGTTTATCAGAATATGCGCCACCGAAAATACCAAATATAATAAATGGTA
GTGTTTGACTCATAACCATCATTGATAATTTTAAAGATGATTGGTTTGTCAATTCAACAGT
AAACCAAATTATTTGTAACGAAAACAGCACAAAGCAACTCCGACGTAAGAAATTACCAA
TCAATAAATATGTAAAGTTTCTATTTTTCAAACCTTCTAAGTACAACAT
```

> **sasG**

Function: protein coding sequence; Staphylococcus aureus surface protein G (genomic island)

Best match: sasG-MW2_CC001_MSSA476_BX571857.1[2549359:2553474:r]RC

Position: 061-contig_272: 11622 ... 11772; Length: 150 bp

Sequence:

```
TTAATTTTTTCTTCTACGTGCCAATAACATTAATCCAGCAATTCCAATTATACTACTAAAG
ATCAATCCTTTTTGTGTGCTTCTGCACCTGTTTTTGGTAATTCTGCTCGTTTTTCTCTTGA
TTAGCTACTGATTTTTTAGCAATTTT
```

> **sasG**

Function: protein coding sequence; Staphylococcus aureus surface protein G (genomic island)

Best match: sasG-COL_delta_CC008_FPR3757_CP000255.1[2622904:2626250:r]RC

Position: 062-contig_323_RC: 1239 ... 1389; Length: 150 bp

Sequence:

```
TGCTTCTGCCTCTTGTTGAGTTCCTCAAATACATTAGTGAGCCAATTAATAAGATGCTGTT
CCAACCTGTAAATTTCTTATTGAATATTTATTCAATTTATTTGATAGAAAATCTACTCTTTT
ATTTACCGGTCCTTTCTTATCTCTCAT
```

> **sarT**

Function: protein coding sequence; staph accessory regulator T (genomic island)

Best match: sarT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2574462:2574818:r]RC (completely identical)

Position: 062-contig_323_RC: 1693 ... 2050; Length: 357 bp

Sequence:

```
TTATGTTTCATTAATATTTATTTCACTCAAAAAGATTTTTAATATAAATTGTGTTGTTTTACAG
AAACAACAATGATTACATTTCTACTATCATGTGGGTCTCTACATTTATTCAAGTAACCCTT
TTTTGATAATTCTTTTACGCTTTTAAACAATTCTAGATTGGTCTATACCGATATAACTTATAA
TGTCTCTCATAAAAATATTTACCTTCATCATTTTTAAATACATCTAAATATGCTAATACTAA
ATAATTATCTAATGTAAGACAAAAATATTTTTTTAAATATTTACGCAGCTCATATGTAGTT
AATACTCTTTTCATTAATTTAATATTGCTCTTGCTTTTCAAATCATTTCAT
```

> sarU

Function: protein coding sequence; staph accessory regulator U (genomic island)

Best match: sarU_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2575142:2575885]

Position: 062-contig_323_RC: 2373 ... 3117; Length: 744 bp

Sequence:

```
GTGGACTATCAAACCTTTTCGAAAAGGTCAATAAATTCATAAATGTAGAAGCGTACATATTT
TTTCTCACTCAAGAGTTAAAGCAACAATATAAATTATCATTAAAAGAATTGTTGATATTA
GCATATTTTTATTACAAAAATGAACACAGTATTTCACTAAAAGAAATCATTGGTGACATA
CTTTACAAACAATCTGATGTTGTTAAGAACATTAAGTCACTATCTAAAAAAGGATTTATA
AATAAGTCTAGAAATGAAGCAGATGAACGCCGTATTTTTGTTTCAGTTACTCCAATACAA
CGTAAAAAGATTGCTTGTGTTATTAATGAGTTAGATAAAAATAATTAAGGATTTAATAAG
GAAAGAGACTACATAAAATATCAATGGGCTCCAAAATATAGCAAAGAATTTTTTATACTT
TTTATGAACATTATGTACTCAAAGATTTTTTAAATATCGATTTAATTTAACATTTCTTG
ATTTATCTATCTTATATGTAATATCATCTCGAAAAAATGAGATACTAAATTTAAAAGATTT
GTTTGAAAGTATTAGATTTATGTATCCTCAAATTGTTAGGTCAGTTAATAGATTAATAAT
AAAGGTATGCTAATCAAAGAACGATCCCTTGCAGATGAAAGGATTGTGTTAATCAAATA
AATAAAATACAATATAACACTATTAAGCATATTCACAGATACTTCCAAGATTCTCAA
CCAAGAAAATTTTTCTTTTAA
```

> gtaB

Function: protein coding sequence; UTP-glucose-1-phosphate uridyltransferase B (core genome, variable)

Best match: gtaB_CC001-ST772_118_AJGE01000038.1[535:1401]RC (completely identical)

Position: 062-contig_323_RC: 3327 ... 4194; Length: 867 bp

Sequence:

```
TTATAACCCTAATTCTTTAATAAATCGTGTTAATTCTTCTCGCATACTGTCATCTTTCAATG
CATATTCTATGGTAGTTTTAACGAAGCCTAATTTTTCTCCAACGTCATAACGTTTCGCCTTC
GAAGTCATATGCATACACTTGGTTATCATTATTCATACGTTCAATCGCATCTGTAACTGA
ATTTCTGTTACCTGCGCCTTCTTTTTGCGTTTTTAAATAAATCGAAAATTTTCAGGCGTTAATAC
ATAACGTCCCATAATAGCTAGGTTTGATGGTGCCGTACCTTGTGCTGGCTTTTCCACAAAC
TTTTTCACTTCATACTGACGTCCGTTTTTAGTTAATGGATCAATAATTCCATAACGATGAG
TATCTGCTTCTGGAACCTTCTTGGACGCCTATAACTGAGTGCCAGTTTCTTCATAAACGTC
AATCAACTGTTTCACTGCTGGTACTTCAGATTCAACAATATCGTACCTAATAACACCGCA
AATGGTTCATTGCCGATAAATTGACGCGCAGAACTAATCGCATGCCCCAAACCCTTTTGT
TCTTTCTGTCTTACATAAAAAATATTCGCAAGTTCGGTTGAATACTGAACTTTTTCTAGTA
ATTCAGATTTACCTTTTTCTTTTAAACACCATTTCTAATTCTTTTTGACTATCAAATGATCT
TCAATCGCGCGTTTTGTGGCGACCTGTCATAATAATATCTTCAATTCAGCTCTTGCAG
CTTCTTCAACGATATATTGTATTGTGGGTTTATCTAAGATAGGAAGCATTTTCTTTGGCAT
CGCTTTAGTTGCTGGTAAAAATCTAGTCCCTAAACCAGCAGCGGGAATGATTGCCTTTTTT
ATTTTTTTCAA
```

> fnbA

Function: protein coding sequence; fibronectin-binding protein A chv

Best match: fnbA-ED133_ref_CC133_ED133-shep_CP001996.1[2595824:2598955:r]RC

Position: 062-contig_323_RC: 4373 ... 4403; Length: 30 bp

Sequence:

TTATGCTTTGTGATTCTTTTTATTTCTACG

> **fnbA**

Function: protein coding sequence; fibronectin-binding protein A chv

Best match: fnbA-Mu50_CC005_04-02981_CP001844.2[2585364:2588480:r]

Position: 063-contig_60: 31 ... 61; Length: 30 bp

Sequence:

CGCAGAAATAAAAAGAATAACAAAGCATAA

> **Q5HD52**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q5HD52_CC001-ST772_118_AJGE01000066.1[2552:2674:r] (completely identical)

Position: 063-contig_60: 458 ... 581; Length: 123 bp

Sequence:

ATGTATGCTTTAGTATATTGCTTTAAATTAGATGAATTTGAATTTAATTTAAAAAATAAGT
ATAAAAAATACAAGCCTGTTATATCAAGGGATTCAAGAGTTTTGCATGCAATATATATGT
GA

> **fnbB**

Function: protein coding sequence; fibronectin-binding protein B (genomic island)

Best match: fnbB-Mu50_part_AM076047.1[1:1287]RC

Position: 063-contig_60: 1021 ... 2290; Length: 1269 bp

Sequence:

AAGCACCAACAACCTGTGCAAGCACCAAAAAGTAGAAACCGAAATGAAATCACAAGAAGAT
TTACCATCAGAAAAAGTTGCTGATAAGGAACTACAGGAACTCAAGTTGACATAGCTCA
ACCAAGTAACGTCTCAGAAATTAACAAGAATGAAAAGATCAGCTGACGTTACAGCAG
TTTCAGAGAAAGAAGTAGCGGAAGAAGCTAAAGCGACAGGTACAGATGTAACAAATAAA
GTGGAAGTTACTGAAAGCTCTTTAGAAGGACATAATAAAGATTCGAATATTGTTAATCCG
CATAATGCTCAAAGAGTAACTTTAAAATACAAATGGAAATTTGGAGAAGGAATTAAGGC
AGGAGATTATTTTGATTTACATTAAGTGATAATGTTGAAACACATGGTATATCAACACT
GCGTAAAGTTCCGGAGATAAAAAGTTCAACAGAAGATAAAGTTATGGCAAATGGTCAAG
TTATAAATGAACGTACAATTCGCTATACATTTACTGATTATATAAATAACAAAAAAGATT
TAACTGCTGAATTAACCTTAAACCTATTCATTGACCCAACAACAGTGACAAAGCAAGGGA
GTCAAAAAGTTGAAGTCAAATTTGGGTAGAAAATACAGTTAGTAAAACATTTAATATTCAAT
ACTTAGACGGTGTTAAAGATAGAATGGGTGTTACTGTTAATGGTTCGAATTGATACTTTAA
ATAAAGCAGATGGAAAATTTAGCCACTTTGCGTATGTAAAACCTAACAACCAGTCGTTAA
CTTCTGTGACAGTAACTGGTCAAGTGACATCTGGATATAAACAAAATGTTAAGAATCCAA
CAGTTAAAGTATATAAGCATATTGGTTCAGACGAATTAGCTGAAAGCATATATGCAAAGC
TTGATGATGTCAGCAAATTTGAAGATGTGACTGGGGAACCTAATTTACAATATACAAGTA
ATGGTGGTTATTCTTTAACTTTAATAATTTAGATCAAAGTAAAAATTATGTAATAAAGTA
TGAGGGAGACTATGATTCAAACGCTAGCACCTTAGAGTTTCAAACGCATCTTTTTGGTTAT
TATAACTATTACTATTATAATAACAAGTAATTTAACTTGGAAAAATGGTGTTCATTCTACT
CTAACAACGCTCAAGGCGACGGTAAAGATAAACCAATGATCCTATCATTGAGAAGAGT
GAACCAATTGATTTAGACATTAATCAGAGCCGCCAGTGGAGAAGCATGAATTGACTGGT
ACAATCGAAGAAA

> **tx_universal2**

Function: rho indendent terminator

Best match: tx_universal2_CC008_COL_CP000046.1[2601614:2601654:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 24 ... 65; Length: 41 bp

Sequence:

TTGGGGCCCAAAAAGCTTGTTACAAGCGCATTTTCGTTTCAG

> **sdaA**

Function: protein coding sequence; L-serine dehydratase/iron-sulfur-dependent/beta subunit (core genome, constant)

Best match: sdaA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2612240:2613139:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 510 ... 1410; Length: 900 bp

Sequence:

```
TTAATTATTTTAAACCATATCTTCAGCTGTGCCAAAGATTTTACGTTTAATTGCTTCGCCAG
TTGGTGTGCCTGCTAGTCCACCCAATCCAGTTTCACGTAATGATGCAGGAAGGTTACGAC
CAACCTTATCCATTGCTTCAATAACTTCATCAACAGGGATTCTACTTTCAATACCTGCTAA
TGCTAAATCTGCTGAAATTAAGCGTTACCCGAACCAATTGCATTTCTCATAACACAAGG
AATTTCAACAAGTCCGGCTACTGGATCACAACTAAACCTAATAAATTACTTATCGCTAA
TGCCATAGCGTGCCCGGATGCTTCTGGTGATCCTCCGAATATAGCTACTGCTGCAGCTGC
GGCCATTGCAGATGCTGAACCAACTTCAGCTTGGCAGCCACCTGTTGCACCAGCTACACT
TGCATTGTTTGTACGACACGCCAAACAATGCTGAAGTGAATAAGAAATCAATCATTTG
CTCTTCTGTAAATCATGTGTTTTTTCTAATTTAAAAAGTGCACCGGGAATGGTACCCGAG
GAACCAGCTGTTGGCGTTGCACAAATAATACCCATCGCAGCATTGACTTCATTTGTTGCA
ATGGCACCTTTGACTGCGTCAATCATTTTCATATCCAGACAAAGCATGATGTGTTTCATTAT
AATCACGTAGTTTAGCAGCATCATGACCAGTGTAGCCCGTTACACTTTCAACCCCATCAC
CTGTTCGTCCTTTGATTACTGCGTCTCGCATGACATCTAAATTTGTTTCATTTGCGCTCGC
ACTTCATCACGTGATTTACCGCTTAATTCCATTTCTTCTTTAACCATGATATCCGCAAATG
ACATATTATTTTCTACGGCATAATCTATAGTCTCTCTAATTGAATCAAACAT
```

> **sdaB**

Function: protein coding sequence; L-serine dehydratase/iron-sulfur-dependent/alpha subunit (core genome, constant)

Best match: sdaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2613153:2613833:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 1423 ... 2104; Length: 681 bp

Sequence:

```
CTAATTTATATAGGAAACGTTTACGTCACTGTATTTCTCTTTAATTGTATTTAATGTTGATT
CTGAGATTGCTTTATTTAATGGTATTACAACCAAGCATTATCTTCATCTATCTTAATAAAA
TTCATCTTTACAGTCTAATTTTCATATCGTTGATATCATTGATGAAATGATTTACTTGTGCTT
TAGTCATATTTCCGTCAACAACATAAAATTGGTAATCCATGATTTAAATCTACTTCTAGTCC
ATTTATATGAATACCTTTAATTTAATTGTACCACCACCGATTGAAATACCGATAATTTCA
ATGTAGCGACCATCATTACGAGATGATTTGATATAAGCACAGTTTGGATGTTGACCAATA
CTATCGCCTTCTTCTTCGATGATATCTATTTAATACCATCATCAGCTGCAATTTCTAATGA
AGATTTAATTCGGTTATCAAATGTTGAATATCCATTGCTCCACCCACAATAGCGACATCT
GTACCATGTCCCTGGTGTGTTTGAGCAAATGATTCATAATAATGTATTTCAATATTTTGTAG
GAATATCTCCAATATTGCGCGTGTGAATTCCAATCTTTACTGCACCAGCCGATGAGA
ACTTGAAGGGCCCATCATAACTGGTCCGATAATATCGAAAGCACTTTGATAATCATAGCT
CTTTGCCAT
```

> **aes**

Function: protein coding sequence; esterase (core genome, variable)

Best match: aes_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2677701:2678669:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 5101 ... 6070; Length: 969 bp

Sequence:

```
TTAATTAATAATATTTTCACTTGGTATAAAAAGCGTCGGCGCTCTGGTATCGGAAATACT
GGATAAATATGGAATTGGTAATATCCAGGTATAAAGTCATGTTGATACCTTTTGCACCTC
AACAATTGCGATAAGTTCAAAGCATCTGGGTACAGTACTTCTTTTGTGCCAACAGTTAAT
GTAATACGACCTAAACCATCTAAGTCACCATTAATTGGTGATACTTTGTAGTTATCTAAAG
GTGTGTCCCCTGCCATTGTTTCAGCTAAGAACACACTGCCATCCACACCTACCATTGGGTC
TTTCTTTAAGTAGTCAGGAATTTCAAGGATGCTGCATCGTTGCATCTAAAACCTGGTGAAT
AATACAATATGTCCTGGTTGCACAATATGTTTTTCTTTAACAATTGAGCAAATGATAAAG
```


CAATTTGACCGCCCGCAGAGTCACCCATTACAACGATTTGTTTAGAATCTGCTACTTGATT
CAATAAATCATGGTATAACTTTTCAAAAAGCACATACGTTCGTTGATAATCTTGATGCGG
AATCTTCGGATATACTGGCATGATGACTTTAGCATTGAGTGTCTGCAAGTTCATCAATA
AATTCGAAATGAATTTTGAGTGGGTCTTGGAACCATGCGCCTCCATGTGCGTATAATACA
ACGCGTTGATGCTTATCTTGTATCATTAACGTTATAAACGTTGAACCGTAGTGCTTAT
CCACTGTTACTGGCATCTTAACTGATAATTGGTGCCTCATATTCACCTGCTGTCTGTGG
CGCCATTTTTTCTAATGCTTTCATCGCTTCTTCTTTATACATAAAAACGACGCTTAGCTCTAG
ATAATCGTATACCTTGTCTAACATATAACTTTTCACACTGCGTTTTTCTTTAATTCTAATA
TGTGCGTATGCTGCTACTAAAAATCCAAACGCAAGTGTAGACCATTTTTTACGCAT

> **glcB**

Function: protein coding sequence; PTS system/glucose-specific IIABC component (core genome, constant)

Best match: glcB_CC005_JH1_CP000736.1[2708209:2710275:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 7378 ... 9445; Length: 2067 bp

Sequence:

TTATTTGACTGTCATAATTAGCTTACCTGGATCAGCATCTTGTACATCTTCAATGACAAGT
TCTTTATTTCAAGATTTGTAATAATCATTGGTGTAAACGATGCTTGGTGCCTGTGCTTTCA
AGTATGCTAAATTCACCTTTCATTAATGGTTGGCCTTGTGTTACTTTTTTCATCAACGTTAATC
AGACTTTCGAATCCTTCACCATTCAGTTTCACTGTATCGATACCAATATGAATAAGTACTT
CGACGCCACTTTCAGATTCTAATCCTATCGCATGTTTCGTAGGGAAGATTGTTTTCACTGT
ACCATCAAACGGTGCTACAATTTACCTTTTTTCAGGGATAAAGCCAATACCATCACCCAT
CATTTTACCAGCGAATACTTGATCAGGTAATCTGATAATGGAATGATTTGACCGACACCT
GGTGCATAGATGTCTGTTGTTCCAAGTGCTTCTACGTGAACTGGTTCATCTGACATTTCTT
CAGTCACTGTCGTTTCACTTGGTTTCGTAATTTACCACCTCATAATCTTGGCCATATCATGT
TTAATTTGATCTGATTTTGGACCAAAGATAGCTTGCATATTGTTTCCAACCTTCTAATACAC
CTGATGCGCCTAAAGCTTTAATACCTGCTACATCTACTTTTGATTTATCAACCCTTCTAC
GCGCAGACGTGTAATACATGCATCTAAATGTTAATGTTTTCTTTTCCACCCATTGCATCT
AAGACATCAAATGGTAATTTTGCAGACTAGAGTTACGAATTTCACTTCTTCATCTTCAC
GACCTGGTGTTTTCAATTTAACTTACGAATTGCAAAGTCGAATAAGAAGTAATACACGA
TAGCATATAACAATACCGACTGGAATAACTAATAATGCGTGTGAACGATCCCAGTTTAATA
AACCATATAAAATATAATCTATGAAACCACCTGAGAATGTCATACCAATTTTAACGCCTA
ATAAATGCATTACTAAGAATGATGTACCAGCTAATAATACGTGAATTCATAAAGTACTG
GTGCTACAAATAAGAATGAAAATTCTAATGGCTCAGTGATACCAGTTAAAAATGCAGTTA
ATCCTGCTGATAACATTAACCACCCACGACTTTTTTGCCTTCTGGTCTGTCATTTTTATA
AATAGCAAATGCCGCCGCTGGTAAACCAAACATCATAAATGGATATTTACCAGTAGTAAA
TGCACCAGCAGTAAATGGTACGCCATCTTCAATTGTGCCATCCAAATACGTTGGTCAAC
ACGAACTAATTCACCTGCGTGATTTGTATAACTTCCGAATTCAAACCAGAACGGTGAATA
GAAAATATGATGTAAACCAAATGGAATTAATGAGCGTTCAATAATACCGAATATAAACG
TTGTTAATGTTAAATTTTTATTTAATAAGAAATTCGATAAACTATTTAATCCATCTTGAAT
TGGTGGCCACGCAAAGCTTAAAAGCACACCTGTTGCGATTGCTACGACCGATGTCACAAT
CGGTACAAATCGTTTACCTGCAAAGAATCCTAAAAATGGTGGTAGTGTAAATATTATAAAA
TTTGTGTAACACCATGCGGCTAAAGCACCCATGATAATACCACCAAACACACCCGTTTG
TAACGTTGGAATACCTAATACTAAAGCATGTGCTGGTCTTTTCGCTGCTTGACTTAATTCT
TTTGCCCTTTGGCATATGAGAAAATGTCATCAATTGTAATGTGCAACACTTTCCCCATTG
TTGCATTCATAATTAAGTAACCTACTAGCGCTGCTAATGCTGCAACACCGTCTCCTCCTGC
TAATCCAAGTGCTGTACCAACTGCAAATAATAATGGCAAGTTATCAAATACAACCTTGTC
TGCTGCTTCATGACCGACGAAATCATTACAATGATATCGTTTTTTAACCATGGTGAAT
TCTACTAATTGTTTCGTTGTGCATTGCGTTACCAAACGCTAATAAAAATACCAGCTGCTGGTA
AAATCGCAACAGGTAACATTAATGCTTTACCGATACGTTGCAATTGTCCAAACAATTTCTT
AAACAT

> **cidC**

Function: protein coding sequence; pyruvate oxidase (core genome, constant)

Best match: cidC_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2682345:2684084:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 9745 ... 11485; Length: 1740 bp

Sequence:

```
TTATAAGAAACGTTTTGCTGCAACTGAAATAGGTGGAATTTGATCTAAATCTAAATATTT
ATCTTCAGTAATAGATCTAAATGCCATTTACCATAACCAAGCGCTTCTTCATTTACAATT
TTACCTGGTAATGGCGCAGCATTAGGATCAACATATACATCTACAATCGTTGGTACATCTT
GTGCTAATGCCTCTTCGACTATAGCATCTACTTCGCTAGCACTCTTAATTGTATAACCTTT
ACCACCTGCTGCCTCAGCAAATTTTGCATGATCCATATCAGAAAAATCAACTGCATATTCT
AATTCACCAGCTGCTTGTGTTTCATATTTAATAAATGCTAACTGTTTGTATTAAAGTACAA
ATACAGTTAAAGGTAAATCATATTGTACTGCTGTAGCGAAGTCTTGCATTACCATTTGGA
ATGCACCGTCACCAGCAATGGCAATCGCTTGTCTATTTGGATATGCAATTTTTGATGCCAT
AGCTCCTGGAAGACCGCAACCCATTGTACCTAACCAACTTGAAATGATGAACTTGTTGTT
CACACCAAGATTTAAATAACGTGTAGACCAAACCTGTTGCAGTACCAACATCTGCTGAAAT
TACTGCATCATCTTTAATAAATTTGTTAATTGATGCCATTAACGTTCTGGACGTAATGGT
TTGCTATTATTATTTTTATCTTGTCCATCCATTTATCCCAAACCGCTTTACGTTCTAACGT
TTTGTTTAAAAATGGTCTTTCCGCAACATGTTTAAATTTTTTCAGTTAACTGATGCAATGCA
ATTTACTGTCTCCAACAATTCCTACATTAATATTAACGATGTCCGATATTTTTAGGAT
TTGTGTCGATTTGGATTGCTTTAATATTTTTCTTAGGTAAGTAATCCACATATGGATAGTTT
GTACCAACCATAATTAATAAATCCGCTTCCTGCATTGTTTGATAAGATGTTTTGGTACCAA
TTTTACCTAAGTTACCGATACTATATGGATGATCATCCGGCAAGATTGTTTTAGCTGGTAA
TGAATGAATGACAGGAATTTTAGCCATTTCAATAAATTCACGTAGCTCATCTTTCGCATGT
TTTGCACCTACACCAATTAACATGACAGGCTTTTTACTTTTTATTAATTAGTTAAACCGCTT
TTTGATGTCTTTATATTTTTGGTGATACAACTGTTGGTCTTGATGTATCTACTGGTTTATTTCG
TTGTATCTTTAATTTTTTTCAGTTAATAAGTCGTTAGGACAAATAACAACAGCGACACCTTT
TTGTTCATATGCCGTACGAATTGCTTCGTTAACGATTTCAAACACATTGTCACCTTTTTCA
ATTTGGTGATTATAAACGGCTACATCTTCACATAATTTTTGTAAATTTGTTTCTTGAAATG
CTTTCGTTCCAAGTGCTGTACTATTCGTTTGTCCAGATAATATTAATTGCGGTACATTATC
CATTTTGGCATCGTACATAACCATTTAATAAATGAATTAACCAGGGCCACCGATACTTAA
TGCCACACCGATTTTACCAGTTAATTTTTGTGTAACCAGCAGCCGCTAAGCTTGCTACTTCT
TCATGACGTACATGATAAAATTTAAATTGATCTCTCACTGTACGTAAACTATCGACAACCT
GCGTCGATTGAGTCTCCTGGAATACCATACAAGTGATCTATATCCCATGCTTGTAATGCTT
TAACTAATGCTTCATTTGCTTTTTATTTTTGCCAT
```

> **cidB**

Function: protein coding sequence; pore forming protein (core genome, constant)

Best match: cidB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2623246:2623935:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 11535 ... 12225; Length: 690 bp

Sequence:

```
TTAATAGAATAATAAAAATTAGAACAGGTATTAACACTGAACTAATAACTGCAGTTAAAAT
CATCCCAATTGAACTAAATGCACCGGATTCAATATCCATTTCTAGTGCTTTAGCTGTGCCA
AATGCATGTGACGCATTCCCATACGTTAAACCTTTGGCGATAGAAGATTCAAATCTTCCA
AATCTTAATAACATCGAACCTAAAATACTACCGATTAAACCCGTTGTGATAATAAAAAGT
ACGGTCATCGTATCTGTACCACCTAGTTCATGTGACACTTCGATACCTACTGCGGCTGTTA
TAGATCGGGGCAATAACGTTACAATGACGTCTTTAGAATAGCCAAATGCTTTAAGTGTTA
AGAACACTAACATGAAATTCAGCATGACGCCAGTTAATACACTTGCAAAAATGATAGAG
ACATTGTCTTTAATTTTTCTCTCTATTTTTATAAAGTGGGTACGCTAAACATACGACCGTTG
CGTTTAAAATATGGTTGATCCAACCTGCCACCTTTTCATATACCCGTTATAACTAATTTCCAAA
GATAAGTAAGACAAAATAATTCCTAAAGATGCAATTAATGCTGGATTCAAAAATGGGTT
CGGATATTTTTGTTGTAACCTTTTAGCGAAATAATAAAAACGACAGTCAACAAAATCAT
TAATAAGGCTTGCACGTAATCATTAT
```

> **cidA**

Function: protein coding sequence; pore forming protein (core genome, constant)

Best match: cidA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2684817:2685212:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 12217 ... 12613; Length: 396 bp

Sequence:

TCATTCATAAGCGTCTACACCTTTACGATGTTTATGTTTAAACAGACATTTTTTTCAGCAATA
TAACCTGAAGATAATGCAACGATACATGTTCTATAATAATGACTGCGAAAAAGAGTATA
TAATTTAGCGTAATTTTCGGAAGCAACATCCATAATACCTACAACCTGACGGTATGAAGAAA
AAGACCATCGTCTTTAATAAAAAAGTTTGCACCGTCTTCTACCCAAGTTAGCGGTACAATCT
TAAATTGTAATAGTAAATAAAAAATAGACCAACAATACTGCCGGCTAAGGGAAGA
TGAAAAATCTTTTGAATTTCTGTGCCAATAAAGTAATCACAATGATGATTCCTAGTTGTA
GTAGTAGTTTGATTATTAATTGGACTTTGTGCAT

> **cidR**

Function: protein coding sequence; regulator of cid operon (core genome, constant)

Best match: cidR_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2685425:2686303:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 12825 ... 13704; Length: 879 bp

Sequence:

TTAGCCTAAACGATCTTTCAAAAATTCTATCCATTTTCGTTGTGGCATGACTTAATTGTTTA
TCCTTCTTCCAAACAACACCTAATTCCCAATGTACATGCGCATCTTCAATGCGTAGCAGCT
TCACATCTCCATTTAGTTGCTCTGAAATTGATGTTGGTAAAATACTAATACCTAATTCATT
CGTAACTAAATCTTCTATAACATGCCATTGTGAAATTTGCGCTACAGTATTCGGAACAAA
GCCAACGTTTTTAGCATTTCATAAATTTTATCATTCAAGTAAAAGTCTTTATTAATAAAA
ATGAAGTCTTCACCTGCTAAATCTTCGAGTTTAAACAGTTTCATATTTTGCAGTTCGATGCT
CTCTGCTCACGATAAGTCGCAAATCTTCCTTATCTAGGGTAGTATAATCGAAAATATGAT
GATCGACTGGCAAAGTGGTCACGCCTATATCTACTTCATCATTGATAATTTGCTGCTCAAT
CGTTTTGCCGCCATTTTCTATTAATTATATGTAACATTTGGATATTGCTGATGGAATGCA
CCAAGAATATTGATAAGAATCTTCATATTCATGACTGCCGACATGCCCATGTTTATATGCC
CTGTTTCCAGTCCATTCAAGCGTTCCATTTTCAGATGGTAAATAATCATAACAGTGCAACAAT
TTCTTTACTTTTCTCATAAAAAATTTGACCTGCATCGGTAAGTATTAATGTCTTTTACTTC
TATCAAATAAGGGCGTGCCCATTTTCATTTTCAATATCTTTAATTGCTTTACTAATTGTAGG
TTGTGCAATATATAATGATTTGGAGGCATTAGTCATGCCTCCTTGCTTAAACGACTTCAATA
AAATATTTTCATATGTTTGATATCCAC

> **ssaA4**

Function: protein coding sequence; staph secretory antigen A4 (core genome, variable)

Best match: ssaA4_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2687078:2687509] (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 14478 ... 14910; Length: 432 bp

Sequence:

ATGGAATATAAAAAGATACTAATTCGTTTATTAATTGCTTTTGCAGTACTTTTCTCAGCAG
ATTTCACTTATCAATCCGTCGAACAACGCATCAATCGCATGCCGCAGTTAATTATTATAG
TAAAACCAATGTACATGGTGGGCATTTAAACGTCGCGCACAAGTCGGCAAACCTGTTTC
TAATAGATGGGGCAATGCTAAAAATTGGTATTACAATGCACGTAAATCAAATATGCGAC
TGGTCGTACACCAAGAAAATTTGCTGTCATGCAATCAACTGCAGGATATTATGGACATGT
CGCAGTTGTTGAACAAGTATATAAAAACGGTAGTATTAAGTTTCAGAATACAACCTTTTA
TCGCCCATTAATAACAATACACGTGTACTAAGCAAAAAGGCAGCACGTAACCTTTAACTA
TATTTACTAA

> **mvaA**

Function: protein coding sequence; hydroxymethylglutaryl-CoA reductase/degradative (core genome, variable)

Best match: mvaA_CC008_NCTC8325_CP000253.12630037:2631314:rRC

Position: 064-contig_271_RC: 15048 ... 16326; Length: 1278 bp

Sequence:

CTATTGTTGTCTAATTTCTTGTAATAATGCGTTCAGCTACTTGTGTATTTCGCACGGGGTTCTT
GCTTCAATGCTTCAGCTACTTGCGCAATTTTCATCACCTTTTGCACCTACAACAATAGCTAA
AGATTTATATTGCAAGTCATATGGCCTTGCTGGATACCTTCGGAAACGAGCGCGCGACA
TGCTGCAAAGTTCTGTGCTAAACCAACGGCAGCAACTACATGACCTAATTCTTGTGCTGA
ATCTACATTTAGCAATTCTAAAGAAGCTTTAGCAATTGGTAATACTTTTGTACCACCGCCA

ACGATTGCCAATGTCATAGGCACCTTCTATTGTACCAATTAACGTTGACGTTTTTGTATCGT
ATCTCCATGTTGCAATACCACGATACTGTCCGTCACGACTCGCGTATGCATGCGCACTTGC
TTCTGCACCACGCGTATCATTTCCTGTTGCTAAAACAACGGCATGTATGCCATTATAACA
CCTTTATTATGTGTTGCAGCACGATGAATATCAACTTGTGCCAATACAGAAGCACGTTCC
ATTCGTTTGGCAACCTCTTCTCCAGTTCTCTCGCCCCTTGCTAAATCTTTAACGTCAATTC
GCCTTGAACCTTTAACAACGGACGCTGTTGCATGATTGGATAAAAATACTCATTAAAATGTC
GCTTTGCGGAAATTCATTTTTTAAAAATGCAGTTATGGCCTCTAAAATCGTATTAAGCATA
TTAGCGCCCATAGCATCTTTCGTATCAACAAATACTTTTTAAAGATAGTAAGTGTGCTCAG
GAAATGTATCAATCGCTATACGTTGGTAACCACCACCACGCGCTTTAATAGAAGGATATG
CCTCATCCGCAATTTTATGAATTTGCTTTTCTAAAGCTTTAATGTCTGCTGATAATTTTTCA
GTATCGTCAACGCCATCAAAGACGATTTGACCTATCATAATACGTTTCAAGATACCGTT
TTAAATCCGCCAGTCTGATTCAGCTTTGCACCATAACTAGCTGCAGCGACAACCTGAA
GGCTCTTCCACCATCATAGGTACAACATATGCCTTATCGTCCACAATGATATTCGGTAATA
ATCCAACGGGTAATGCACCTTGCAGGATGACATTTTCAATTAACCTATTGGCTACTTCTTC
ATCGATTAATGGATGATTCAGTAAAATGTCGAATTGTTCTTCTGATAACCATTGCTTATCA
ACCAATTGTTGTAACTTTTCTTTACGAGATAAATGTCGAAAATTCCTTATCTAAATTTTGCA
T

> **mvaS**

Function: protein coding sequence; 3-hydroxy-3-methylglutaryl coenzyme A synthase (core genome, constant)

Best match: mvaS_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[46775:47940] (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 16579 ... 17745; Length: 1166 bp

Sequence:

ATGACAATAGGTATCGATAAAAATAAACTTTTACGTTCCAAAGTACTATGTAGACATGGCT
AAATTAGCAGAAGCACGCCAAGTAGATCCAAACAAATTTTTAATTGGTATTGGTCAAAC
GAAATGGCTGTTAGTCCTGTAAACCAAGACATCGTTTCAATGGGCGCTAATGCTGCTAAG
GACATTATAACAGACGAAGACAAAAAGAAAATTGGTATGGTAATTGTGGCAACTGAATC
AGCAGTTGATGCTGCTAAAGCAGCCGCTGTTCAAATTCACAACCTATTAGGTATTCAACC
TTTTGCACGTTGCTTTGAAATGAAAGAAGCTTGTTATGCTGCAACACCCGCAATTCAATTA
GCTAAAGATTATTTAGCAACTAGACCGAATGAAAAAGTATTAGTTATTGCTACAGATACA
GCACGTTATGGATTGAATTCAGGCGGCGAGCCAACACAAGGTGCTGGCGCAGTTGCGAT
GGTTATTGCACATAATCCAAGCATTTTGGCATTAAATGATGATGCTGTTGCTTACACTGAA
GACGTTTATGATTTCTGGCGTCCAACCTGGACATAAATATCCATTAGTTGATGGTGCATTAT
CTAAAGATGCTTATATCCGCTCATTCCAACAAAGCTGGAATGAATACGCAAAACGTCAAG
GTAAGTCGCTAGCTGACTTCGCATCTCTATGCTTCCATGTTCCATTTACAAAAATGGGTAA
AAAGGCATTAGAGTCAATCATTGATAACGCTGATGAAACAACCTCAAGAGCGTTTACGTT
AGGATATGAAGATGCTGTAGATTATAACCGTTATGTCGGTAATATTTATACTGGATCATT
ATATTTAAGCCTAATATCATTACTTGAAAATCGTGATTTACAAGCTGGTGAACAATCGG
TTTATTAGTTATGGATCAGGTTTCAAGTTGGTGAATTTTATAGTGCGACATTAGTTGAAGGC
TACAAAGATCATTTAGATCAAGCTGCACATAAAGCATTATTAATAACCGTACTGAAGTA
TCTGTTGATGCATATGAAACATTCTTCAAACGTTTTGATGACGTAGACTTTGACGAAGAA
CAAGATGCTGTTTATGAAGATCGCCATATTTCTACTTATCAAATATTGAAAATAACGTT
CGAATATCACAGACCAGAGTA

> **txbi_mvaS**

Function: rho independent terminator of mvaS and adaB

Best match: txbi_mvaS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2629481:2629551]

Position: 064-contig_271_RC: 17769 ... 17799; Length: 30 bp

Sequence:

AATATAACCTAAAAACAGCAGTAAGACAGC

> **adaB**

Function: protein coding sequence; putative methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (core genome, variable)

Best match: adaB_CC008_NCTC8325_CP000253.12632904:2633425:rRC

Position: 064-contig_271_RC: 17916 ... 18438; Length: 522 bp

Sequence:

```
TTACGGCTTCGTA CTGTGTTTAGGTATATAAAGCTTTGACATATCGATATTCTCCA ACTCT
AACAGCTTAATTTTATTATTAATCGTTCCACCGAATCCTGTTAAGCTACCCGTTTTACCGA
CAACACGATGACATGGCAGGATAATTGATAATGGATTACTTCCGACTGCACCTCCAACCG
CTTGGGCTGACATTTTTGGCTTATCAAGCACCTTGCCTACTTTTTTGGCAATAGCACCATA
CGTTGTTAGAGTCCCATAAGGAACCTGTCTTAATTCATTCCAAACACACTGTTGAAAATG
ACTACCTGTTGGCTTTAAAGGTATTGTGATTTTCAGGATTGTCACCTTTAAAATACACGTCT
AACCCTGTGTCGCCTCTCTAAATATCGCTAAAGACGTATTTTCTTCCCTAGTACCATCAC
CTTGTTGATTTTCAAACAAAACAGCGGTACAGACTTACCCATCACTCAAAGTTCCAATC
GTCCTACAGGCGAATCATAGTAACTCTTATACTCCAT
```

> clpL

Function: protein coding sequence; ATP-dependent Clp proteinase chain L (core genome, variable)

Best match: clpL_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2691441:2693546]

Position: 064-contig_271_RC: 18846 ... 20952; Length: 2106 bp

Sequence:

```
ATGAATAACGGTTTTTTTCAATAGCGACTTTGATTCAATTTTTTCGAAGAATGATGCAAGATA
TGCAAGGTTCAAATCAAGTCGGTAACAAAAGTACTATATTAATGGTAAAGAAGTTTCAC
CTGAAGA ACTAGCGCAACTCACACAACAAGGTGGCAATCACTCTGCTGAACAAAGTGCG
CAAGCTTTTCAACAAGCAGCACAAAGACAACAAGGGCAACAAGGTGGCAACGGCAATTA
TTAGAACA AATTGGTCGTAACCTTACGCAAGAAGCACGTGACGTTTTATTAGATCCAGT
CATTGGTCGTGATAAAGAAATTC AAGAACTGCTGAAGTTTTAAGTAGACGAACTAAAA
ACAATCCTATATTAGTTGGAGAAGCTGGTGTGGTAAA ACTGCGATTGTTGAAGGTTTAG
CACAGGCAATCGTTGAAGGAAATGTACCAGCAGCAATCAAAGACAAAGAAATTATTTCT
GTAGATATTTCA TCATTAGAAGCTGGAACGCAATATCGTGGTGCTTTTGAAGAAAATATT
CAAAAATTAATCGAAGGTGTTAAATCTT CACAAAATGCCGTA CTATTCTTTGATGAAATC
CATCAAATTATCGGTT CAGGTGCCACAGGAAGTGATTCAGGTAGCAAAGGGTTATCTGAT
ATTTGAAACCTGCATTAAGTCGTGGTGAGATTTCTATTATTGGTGCAACAACACAAGAT
GAATATCGAAACAATATTCTTAAAGATGCTGCATTAACGCGCAGATTTAATGAAGTACTT
GTTAATGAACCAAGTGCTAAAGATACTGTTGAAATTTTAAAAGGTATTCGCGAAAAATTC
GAAGAACACCATCAAGTAAAATTACCAGATGACGTATTA AAAGCATGTGTTGACTTATCA
ATTCAATATATTCCACAACGATTATTACCAGATAAAGCAATCGATGTGTTAGATATTACA
GCAGCACATTTATCTGCGCAAAGTCCAGCTGTCGATAAAGTTGAAACTGAAAAACGAATT
TCTGAATTAGAAAATGATAAACGTA AAGCGGTAAGTGCTGAAGAATATAAAAAAGCTGA
CGACATTCAA AATGAAATCAAATCATTACAAGATAAATTAGAAAATAGTAATGGTGAAC
ATACTGCTGTTGCTACAGTTCATGATATTT CAGATACTATTCAACGATTA ACTGGTATTCC
AGTTTCTCAAATGGATGATAACGATATTGAACGTTTAAAAAATATTTCTAATCGTTTAAAG
AAGTAAAATCATAGGTCAAGATCAAGCTGTAGAAATGGTTTCACGTGCAATTCGTCGTAA
TCGTGCTGGGTTTGATGACGGCAACCGTCCAATTGGCAGTTTCCTATTTGTTGGCCCTACT
GGTGTGGTAAAACAGAGCTTGCTAAACAATTAGCAATTGATCTATTTGGTAATAAAGAT
GCACTGATTCGACTTGATATGAGTGAATATAGTGACACAACAGCTGTTTCAAAAATGATT
GGTACA ACTGCTGGTTATGTGCGTTATGATGATAATTCAAATACGTTA ACTGAAAAAGTA
CGCCGTAATCCATACTCAGTCATTCTATTTGATGAAATCGAAAAAGCAAATCCACAAATT
TTAACATTGTTATTACAAGTAATGGATGATGGTAATTTGACTGATGGTCAAGGTAATGTC
ATCAACTTTAAAAATACAATTATTATTTGTACATCAAATGCTGGCTTTGGCAATGGCAATG
ACGCTGAAGAAAAAGATATTATGCACGAAATGAAAAAATTTCTTCCGCCCTGAATTCCTTA
ACCGCTTCAACGGCATCGTTGAATTTTACATTTAGATAAAGATGCATTGCAAGATATCG
TCAACTTATTATTAGACGATGTACAAGTTACATTAGATAAAAAAGGTATTACGATGGACG
TTTCTCAAGATGCGAAAAATTGGTTAATTGAAGAAGGCTATGATGAAGAATTAGGTGCAC
GTCCATTAAGACGTATTGTTGAACAGCAAGTACGTGACAAAATTACAGATTATTATCTAG
ATCATA CAGACGTTAAACATGTGGATATAGATGTTGAGGATAACGAATTAGTCGTA AAG
GTAAATAA
```

> **A8Z3E9**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: A8Z3E9_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2632732:2632902:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 21013 ... 21184; Length: 171 bp

Sequence:

```
TTATTTCCCTGGAAAATGATTCGCTGTGTGCTGTTCTGTTCCACAACAATCACGATTAATG
TCACATGTACCACATTTTCCTTGTTCGAACGTTTGAAAAATTTCACTAGTGTATACAAGG
CATATCCGAAAATTGCTAAAAAAATTTAAAATGTTAATAATGACTGACAC
```

> **feoB**

Function: protein coding sequence; ferrous iron transporter B (core genome, variable)

Best match: feoB_AC074026.144845:6839:rRC [4_50ANF10END]

Position: 064-contig_271_RC: 21196 ... 23191; Length: 1995 bp

Sequence:

```
TTAAACAAATAAATGTCCGACTTGATAAAAAATGAATGTTAAGACATATGCAGTGACTAG
AGGATAGGCAACTGCAAGTGCCGTCCATTTCCATGAATAAGTCTCTTTACGGATTGCTGC
CACTGTAGAAACACAAGGAATATACAATAGTATAAATATCATAAATGCATACGCAGATA
GCGGTGTGAATTGATTTTGAATCACATTAACAAGGCCTGCATCACCTGATGAATAGATAA
TCGCCATCGAACTTACGATAACTTCTTTTGCTAAAAATCCTGGCACTAACGTAGCACCTGC
TTGCCATGTTCCAAATCCGAGCGGTTGCACTAACATACCAAAGAAACTACCAACCATATG
TAAAAAACTTTGATTGATATTCACATTGATACCATGTGGCCCTACATAACTTAATAGCCA
AATGACTACTGAGCCGCCAAAAATAAATGTACCTGCTTTACGAACAAAGCCCTTAGCCTT
TTCCCAAGTACTACGCCACAACGTTTTAATGGAAGGCACACGGTATGTTGGCAATTCCAC
AATAAAGATTGCATTATCATTTTTTAAAACCGTCTTAGTAAGTACTGTAAGTACTGACTAAAAT
GCCATAATAATACCTAAAACATACAAGCTTAATACTACTAAAGATTGATTCTCTTTGAAA
AAGATACCTACGAACAACGCATACACTGGCAGTCTAGCAGAGCATGACATGAATGGTGC
AATTAATATCGTTGTTAAACGCTCTTTTTTCATTTTCAATACTGCGCGCAGCCATAATACTC
GGTACATTACAACCAAAATCCGATAATCATCGGTATAAAAGACTTCCCGCTTAAACCGAAC
GATTCCATAAATACGATCCATTAACCAACGCAATACGTGCCATATAACCTGAATCTTCTAAT
AAAGATATAAAGAAAAAGAGCACAACAATTTGTGGTACAAAGACTAATACTGATCCTAC
ACCAGCAATAATGCCATCTGTAATTAATCTTGTAATAAATGGTATAACGCCAAGATAATT
CATAATCGTCTTCACACTATCTGTAATGTACCACCTATAAATGCATCGAGTTGATCCGAC
AAAGGTGTGCCAATCCATGTAATGTAGTTTGAAAGATCAACCACATAATCGCTAGAAAG
ATAGGCATCCCTATATATTTATGTGTTAATATCTTGTCTATTCTAGAGCTGAAATATTGCT
TATCTTCATCTGAATACGTTACCACGTCTTGCAATAACGTCTCAATATAATGATTGCGTAT
ACGCTCCATCTCTCGACGAACAGATACAGCCTCTACTTGTATCAACTTGATCACGTAAA
CTCGACAATTTATTTACAACCTCTGAATTAAGTTCGTTTGCAATTTGCATGTTATTTAATA
AGAATTGAATCGCAATAAATCTAGCTTGATATTTATCATGAGATGTCTCTGCCATTATTAT
TTGACACATATTTTAAATTGTCTCTTCAATCTTCTCACCATAAATTGATTTTAAAATGCGGTT
GATACCTTCCCCTAGATGCTTTATTTGCGCAAGTAAATGTTTAGTTCCCTTGCCTGTACGT
GCCACAACCTGGAAAAATAGGTGTTTTTAACTTTTTTCATCAATTTATGATAATCGATTTTAA
TCCCAGCTTTGTAGCTACATCAATCATATTTAATCCGATGTATATTGGTTGATTAAGTTC
TAACAATTGACTGTTAATTGCATATTTCTTTTTAGTTGACTCGCATCAACAATGTTAATG
ATTCTGAAAATGAATCGTTTAAATAAATAGTCTGTCACTACAGTTTCATCTTTAGAAATCG
GCGATAAATCATATGTACCTGGTAAATCAATTAATTGTCCTACATTTTCTTTAAGCTTCCC
TACTTTTTTCTCTACCGTTACGCCACTCCAGTTGCCTATATATTCATACGAACCAGTTAAA
GCGTTAAACAAAGATGTTTTACCAACATTAGGATTTCCAAAAATACAATAATTTTCCAT
```

> **feoA**

Function: protein coding sequence; ferrous iron transporter A (core genome, constant)

Best match: feoA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2634921:2635148:r]RC

Position: 064-contig_271_RC: 23202 ... 23430; Length: 228 bp

Sequence:

CTATTCTTCTAATGCAATAGAACAAGCATCGCAATGTCTAATACTTAACTGTTGTCCGTTT
ACTTCAATAATGCATGGCCCTTTAAATAAACATTTTTGTTTAATCGTTATGATAGCGTCAT
CTGTTAACCCAAAGGCACTTAGACGATACAACATATTCTCATTAGCAATATCCATTCGCTT
TATTTTATAAGCCTTATTCATTTCCACCATTTTTAATGTTTAAACAT

> tx_mmpL

Function: rho independent terminator of mmpL (core genome, constant)

Best match: tx_mmpL_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2696176:2696246:r]RC (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 23574 ... 23645; Length: 71 bp

Sequence:

CTTCCATGCAAAAACCTCCGCTTCAAATGTCATTGATAGACATTTAAAGCGGAGGCATG
TACATGTTATT

> mmpL

Function: protein coding sequence; putative efflux pump (core genome, variable)

Best match: mmpL_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000043.1[80712:83201]RC

Position: 064-contig_271_RC: 23645 ... 26135; Length: 2490 bp

Sequence:

TTATGATTTATTTTCGTAGATTTTTTTCTAACAATTGATTGAGCTTTTCAATATTTTTATTCA
ACTGTTCTATATTCGTTACTTGTTGTTTTGAATTTAGTTGATGCTTGTTTTGATAATCTATT
AAAGCATCATATAAGAAAAATGAACTTGCTGATTGCTGTTTCACTTCTTGGTACAATGCC
ATCGTTTTATCATCTAGTACTATTGAATGTGCATCATCTTGCCCATGTACATCTTGATGTTT
CGATACATTTGTTGCACCTTGTGGATATACTTTAAAGGTTGTGTCGTATGTTTCCCTTACTAT
CTTTGGCTTCAGATTCCTGTGATTCAACCGTTTTATTTTTTCAAGTGCATGTCCCTTCAATA
TCAACTCGTGGAATAATGCGATTCAACCATGCTGGTAAATACCACGAACCTTTTCCAAAC
AATTTAGTTAATGCAGGAATTAACATCATTCTGACTACGAAGGCATCAAAGAGTACACCA
AACGCTAATGCCATAACCATTGATTTAATCATGACATCTTCTTGGAATACAAATGCAAAG
AAGACACTAAACATGATTAATGCAGCTGCTACAATAACAGGACCGCTTTCTTTCAATCCT
ACTTTGATAGAATAATCATTATCCCCTGTTTTACTATATTCTTCATGAATTCGCGACATAA
GGAAGACTTCGTAATCCATTGCTAAGCCGAATAGTATACCAATTGTAATAACCGGCAAGA
AGGCCAGCATTGGTCCTGTCGTTTCAATAACCAAACAGACCTTTCATAAAACCATCTTGAT
TACTAATGTTGTAATCCTAGCGTTGCCATTAATGACAAGACGAATCCTAAAACCTGCTTTT
AACGGTATTAGAATTGAACGGAAGACAATCATTAAATAAGAAAAATGCTAATACAACAAT
GACTGAGGCAAATAAAGGTATCGCCTCATTTAACTTTTTAGACATATCAATATTAATGAC
ACTTTGTCCCAGAAATCTCCGTTTTGAACCCATATTTATCTTGTGCATCTTTATGATAATCTC
GTAAATCATGCACTAAATCATTGTACTCTCTGCATTAGGCCCTTGCTTAGGTATCACGAC
CATCAAAGCGTAATCATTATCTTTACTCATTGTGGTGGCGTAACGATATCTACATTTTTC
TTATCTTTAATATCTTTATATACAGACTGTAATCTTGTGTAATCCTTGTGGATCATCCTT
TTTATCTTTACATTTATCAACATCGGTATTTGGCCATTAATCCTTACCAAATTTATCCG
AGATAATATCGTAAGCTTTTTTCTGTGTAGAATCTGCTGGTTTAAACCCGTCATCTGGAAT
ACCAAGTCGCATATGACTAACTGGTATTGCAGCTGCTACTAATATGATTAACCTAGTAA
TACTGCCGCAAGTGCATTTCCCTGTAATAAATTTAGACCATGGCGTATCAATATCTTTTTTG
AATTTAGACTGTAATTTATTCATTTAATGCGTTTTATGGAAAATGCTTATTAATGCAGGTA
ATAAAGTTAAAGCGCTAAGTACTGCAAAAACAACACTAATTGCCGAAGCAAATCCCATT
ACCGCTAAGAAGTCAATGCCTACTAATGATAAACCACATACTGCAATTACAACCTGTTACA
CCAGCAAAAACAACCTGCACTACCTGCTGTTCCCTATTGCAAGACCAATGCCTTTAATGTAA
TCTGTTTCAGTTTTTCACTAATTTGTCGATATCTGAATAAAATAAATAATGCATAATCGATAC
CAACTGCTAGTCCAATCATTACGGCTAATGTCAGTGTGACATTTGGTATATCGAATGCAT
AAGTTAACAAACTGATAATACCTACACCAGAGGCTAGACCAATCAATGCACTTATAATTG
GTAATCCTGCAGCAATGACTGAACCGAATGTGATTAACAGTACAACAATGCAACAATA
ATACCAACTAGTTCAGAATTACCGCCTACTTCTGTAGATGTCATTCCTGTACCAGTTAACT
CTGTTTGTACATTATGATTGTCACGTAAGTCTTTCAAATGACTTTTAAACATTATCTCTAGA
GCCATCTTTTAAAGATGTTTACTAACGTCATATGTGATATCTGCAAATGCAGTTGTTTTA
TCTTACTAATTTGCTTATTTTCATAAGGATCTGATATTTTATCAATGTGCTTGTGCATCTTT

TTTAATATCATCTAACGTTTTCTTAATATCTTTAGTAATGTTTCGGTTGCACAATACCATCAT
CTTTAGTCGTCTTAAAGACAACACGATTTTGTGCCTTTTCACTATCTTGATTAATAATGTTTT
TCAATCTTTTTATTTCGTATCTAACGACTCTAATCCTGTCATTTTAATATCATTGTCAAATTT
CGGTGCATTTGTAGCAAGTGGTATCAATATTGCAGCTACAATCACTATCCATGCAATGAC
CGCGGACCATTTATGTTTTGCGATGAATGTCCCCATCTTATATAAAAATTTTGCCAA

> **break**

Function: integration site of chromosomal replacement

Best match: break_ST239_1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2637384:2637433] (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 25665 ... 25715; Length: 50 bp

Sequence:

TTGTCACGTAAGTCTTTCAAATGACTTTTAACATTATCTCTAGAGCCATC

> **Q8NUR3**

Function: protein coding sequence; TetR family transcript regulator (core genome, variable)

Best match: Q8NUR3_CC007_USA300_TCH959_AASB0200023.1[30787:31335] (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 26279 ... 26828; Length: 549 bp

Sequence:

ATGAAAGAGACTGATTTACGAGTTATAAAGACAAAAAAGCATTGTTCGAGTAGCTTGCT
ACAATTGTTAGAACAGCAATTATTCCAAACGATTACTGTCAATCAAATTTGCGACAACGC
ACTCGTACACCGCACAAACATTTTATAAACATTTTTATGATAAATATGATCTTCTAGAGTAT
TTGTTCAATCAATTGACTAAAGACTACTTTGCTAGAGATATCAGTGACCGTCTTAATCATC
CATTCCAAACGATGAGTGATACGATTAATAATAAAGAGGATTTGAGAGAAATCGCAGAA
TTCCAAGAAGAAGACGCTGAATTTAATAAAGTATTAATAAATGTCTGCATTAATAATTATG
CATAACGATATCAAAAATAATAGAGACCGTATCGATATTGACAGCGACATCCAGATAAT
CTCATATTTTATATTTATGACTCGTTGATTGAAGGTTTTATACATTGGATAAAAGATGAAA
AAATTGATTGGCCTGGCGAAGATATTGATAACATTTTCCATAGATTAATCAATATTAAGA
TTAAATAG

> **Q5HCZ7**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q5HCZ7_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2566709:2566876:r]RC

Position: 064-contig_271_RC: 26904 ... 27072; Length: 168 bp

Sequence:

CTATCGTTTTTTATTTTTATCGTGCTTATCGCTATTAATAAATAACTGATACACAACACATAA
ACTATGAAGAAAAAATAAATCCGCTATCTAAATGACTTTGACTCAGTTGTTTAAATGAC
CAAATTGCTAATACAATTGCCATGATTATTAATAAATAACGTATCTCAC

> **rocA**

Function: protein coding sequence; 1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: rocA_CC005_A6224_ACKE0100031.1[78708:80252]RC

Position: 064-contig_271_RC: 27183 ... 28728; Length: 1545 bp

Sequence:

TTAGAACATTTCTGAAACAACCTTTTTGTTCTAAGAAGTGTAATAAGTAGTCTGGGCTACCT
GTTTTAGCGTCCGTACCTGACATTTTGAAACCACCAAATGGATGGTATCCAACAACCTGCT
GAAGTACAACCTCTGTTAAGGTATAAATTACCTACATCAAATTCGTTTACCGCTTTAATCC
AATGCTCGGATTATTTGTAATCACTGCACCAGTTAAACCGTAATCTGTATCATTTGCAAC
CTCAATTGCTTCATCAAAATCGTTAACTTTACAAAGCCAACAACCTGGACCAAAAATTTCT
TTCTTGCATGATTCTATCTTTAGATTTAAGTCCTGAAATGATTGTTGGTTCTACAAAGTAA
CCTTTTGAATCATCAGTGCCGCCACCTTGTCTAATTTACCTTCTTTACCAATCTCAAT
ATAATTTTTAATCTTATCAAATTGTTTTTTATTAATAACTGGGCCCATATACGTATTGTCTA
CAGTATTGCCCAACGTTAATTCCTTTTGTAGTTTGATTGACTTTTCTAATACTTCGTCATAA
ACGTCTTTATGCACAATTGCACGTGAACATGCTGAACATTTTTGACCAGAAAAACCAAAT

GCTGACGTTACAATAGCTTCTGCTGCCATATCTGTATCAATATTTTCATCAACTACAATGG
CATCTTTACCACCCATTTTCAGCGATAACACGTTTCAAGAAGTTTGGACCTTCTTGAACAAC
GGCACTACGTTCAATAATTCTAGTACCTGTGCGACGTGATCCTGTAAATGTAACGAAATG
CGTATCTTTATGATCAACTAAGTAATCACCAATTTCTTTCCGGATCACCAGGAACAAAGTTA
ACTACGCCTTTTGGTAATCCTGCTTCTTCTAAAATTTCCATTAATTTATAAGCGATATAAG
GTGTATCCTCAGCAGGTTTCAATAACACTGTATTACCTGCCACAACCTGGTGCTAAAGTTGT
ACCAGCCATAATCGCAAACGGGAAGTTCCACGGCGGAATTGTAACACCTGTACCAATTGA
TTTATAGAAATATTTATTGTGTTACCTTCACGATCAAGTACTGGCTTACCTTGAGCCAAG
TCCATCATTGAACGTGCATAGTATTCAATAAAAATCAATACCTTCAGCTGCATCACCAACT
GCTTCATCCCATGGCTTACCTGCTTCATAAACCATTAATTGCTGCAATTTCCGCTTTTCGAC
GACGAATAATTGCCGAAACACGTAACATAAGCTCTGCACGATCATTTGCTGACCATGTTT
TCCAAGATTTATAAGCTTCGTTTGTGCTTTAAAAGCATCTTCAACATCTTGTTTTGTGTC
TTTGATGCATTTGCAATCACTTGTGATGTGTCTGCAGGATTGATTGATTTAATTTTGTGCATC
TTTGAAAATCTTCTCTCCATTAATCACTAATGGTATGTCTTGACCTAATTTCTTTTCCACGT
CTTTCAATGCTTTCTTAAACATATCCACATTTTCTTGGACTGAAAAATCGTAACCAGGTTT
ATTTTTAAATTCTACTACCAT

> **maa**

Function: protein coding sequence; maltose O-acetyltransferase (core genome, variable)

Best match: maa_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2640635:2641234:r]RC

Position: 064-contig_271_RC: 28917 ... 29517; Length: 600 bp

Sequence:

CTACTTTATCGTTTCGTCATTTAATGTTTCCGGATGGTAGGTCATTATCAATTTTACGAACG
ACTTTACAAGGGTTTCCAACCGCTAAGCTGTGTGGCGGAATATCTTTAGTGACAACACTA
CCAGCACCAATCACACTGCCTTCTCCAATCGTCACCCCTGGTAACACGGCTACATGACCG
CCAAACCAAGTATTACTGCCAATATGAATGGGTCCGGCTTTTTCAAACCTTCATTTCTAT
GATAAAAATTAAGTGGATGTGTTGCTGTGTAGAATCCACAATTAGGTCCTATAAAAACAT
TATCGCCAATTGTAATCTGTCCACCATCCATAAAAATAACAATTGGTGTTTACATAGACATT
TTTTCTAGTTTAAACGTTCCAACCATAATCTGTATCAAAAAGGAATCGAAATACTTACATTG
TCTGTTGTTGTTTGAATAATTGATCAATTAATTCCTTTCTTTTATTTGTAGCACTCGGTCT
TGTATGATTTAATTCAAAGCAAATATCTTTCGCTCGTGCACGTTTATTGATTAAGTCTTGA
TCAAAGTTTGCATCGTACCATTTTCTGCTAACATTTTTTCTTTTTTTCAGTCAT

> **cwrA**

Function: protein coding sequence; cell wall stress response protein (core genome, variable)

Best match: cwrA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000023.1[34263:34454] (completely identical)

Position: 064-contig_271_RC: 29755 ... 29947; Length: 192 bp

Sequence:

ATGAGAATATTAATTACAGGCACAGTTGCTATCTTAATCATTTTAGGTTTGGTCAAAAACG
ATACAAGATTACGAAATGACAAACGACACGAGTCGTGTCAGTTGTCAGACAACAAAGATGA
TGATAAAGTCATCCATCTTAATAATTTTAAAAATTTACATGCGAAAGAATTTAACCCATCT
GATTTCTTTTAA

> **copA**

Function: protein coding sequence; cation-transporting ATPase (core genome, constant)

Best match: copA_part_AB035451.1[1714:2196]

Position: 064-contig_271_RC: 30186 ... 30669; Length: 483 bp

Sequence:

GTGGCTAATACGAAAAAACAACATTAGATATCACTGGTATGACTTGTGCCGCATGTTCA
AATCGTATCGAAAAGAACTGAATAAACTTGATGACGTTAATGCCCAAGTGAATTTAACT
ACAGAGAAAGCAACTGTTGAGTATAACCCTGATCAACATGATGTCCAAGAATTTATTAAT
ACGATTCAACATTTAGGTTACGGTGTGCTGTAGAACTGTGCAATTAGACATTACAGGT
ATGACTTGTGCTGCATGCTCAAGCCGATTGAAAAAGTGTTAAATAAAATGGACGGCGTT
CAAAATGCAACGGTCAATTTAACAACAGAGCAAGCTAAAGTTGACTATTATCCTGAAGA

AACAGATGCTGATAAACTTGTCACTCGCATTCAAAAATTAGGTTATGACGCGTCTATTAA
AGATAACAATAAAGATCAAACGTCACGCAAAGCTGAAGCGCTACAACATAAATTGATTA
AGCTT

> **STAR**

Function: Staphylococcus aureus repeat element

Best match: STAR_CC005_CF-Marseille_CABA01000081.1[16587:16794]RC

Position: 065-contig_242_RC: 15 ... 45; Length: 30 bp

Sequence:

AAATTGGATTCCCAATTTCTACAGACAATG

> **copZ**

Function: protein coding sequence; copper chaperone (core genome, constant)

Best match: copZ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2644661:2644867] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 122 ... 329; Length: 207 bp

Sequence:

ATGTCACAAGAAATTTAAATGTTGAAGGTATGAGCTGTGGTCACTGCAAAGTGCTGTT
GAATCTGCATTAATAATATTGACGGTGTCACTTCAGCTGACGTTAACCTTGAAAATGGT
CAAGTAAGTGTTCAATATGATGACAGTAAAGTTGCTGTATCTCAAATGAAAGACGCAATT
GAAGATCAAGGTTACGATGTCGTTTAA

> **ddh**

Function: protein coding sequence; D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: ddh_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[63727:64725:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 418 ... 1417; Length: 999 bp

Sequence:

TTAATTTACTCGTAACCTAGTATCTCCAGTCTGCAATACATCTAATGTTGCATCTAATGCA
TCGACAATTAGATTTTTAACTGCAGCTTCAGTATAAAACGCAATATGTGGTGTTAATATG
ACATCTTCCCTGTCAATCAACGATTCTAACAATGGATCGTTCAATGTTTTGCCCTTTGAT
CACTTGGGAAAAGTTTGC GTTCAAATTCATACGTATCAAGTGCTGCACCTTTAATCACACC
ATTGTCTAATGCGTCTAATAACGCCTTAGTATCTACTAAAGAACCTCTCGCACAATTGACA
AATACTGCGCCCTTTTTAAAATGTTTAAATAATTCAGCATTAATAGATAATGATTATATT
TCGTTGCAGGTACATGTAATGTCACGATATCAGCACCTTCAACCGCTTCCCTCAATCGTATC
TTTGTAATCGACATACGTTGCAATTTAGCATTAGGAAACGGGTTCGTATGCGACCACATC
ACTTTGATAACCATTGGCAAATATATCGGCTACTACACGGCCAATTCGACCTGTACCAAT
AACAGCTACTTTTTAAATCTTTAATGGATTTTCGATAAAAATAGTAGGTTCCCATCTAAAATCA
TGCTCTCGCACTTTTCGTTTGAATTTGATTA AAAATGACGAACCACATTAATAGCCTGGTTCA
CAGCAAACCTCCGCAATTGAATTCGGAGAGTATGACGGCACATTTGACACAATCAAGTTAT
ACTTGTTTGCTAACTCCAAATCATATGTATCAAATCCAGCACTACGTTGTGCGATTTGTTT
AATACCTAGTTCATTTAATCGTTTATAAACATGCTCTGATAATGGTATTTGTTGTGATAGC
GATAAGCCATCATAACCAGCGACACCTTCAACATTGTCATCAGTTAATGCTTCTTTAGTAA
TATCTACCTCAACATGATGTTTCTCTGCCACGCCTTGATATAAGGCATATCTTCATCAG
TACTCATGATTTTTAATTTTTGTCAT

> **ywfG**

Function: protein coding sequence; LL-diaminopimelate aminotransferase (core genome, variable)

Best match: ywfG_CC707_21235_AFTQ01000032.1[88757:89911:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 1439 ... 2594; Length: 1155 bp

Sequence:

TTATTCATATAAATATGCTAGTTCTGTAAATCTTATTGCAGCTTCGTCTAATTTCTGGTCAT
CTAACGCCAATGAGATTCTCACATAACGATTACCATTCTCTCAAATGGTTTTCCCTGGAGC
ACAAGTATTGACTTCTTTCACTAAAAATTGCTCAAATTGCTCGCTGTCATAACCAGAC
GGTGGTTCCAACCATACATATATGCCACCTTTAGCATGAACAAATGGCAAATCAGCTTTT
GCAAGCATGGCTTCGAATCGGTCACGACGTGTTTAAATACATTGCTTTGTTCTTCTAAAA

AATCATCATAATGATTCAAAGCATATATTGCGGCATCTTGTAATGCACCAAACATCCCAG
CATTTGTGTGCGTTTTGGTACTTTTTCAAAGCTTGAATCATATCTTTATTACCAACTGCAAA
ACCGACTCTAAAACCTGACATGTTATAACCTTTAGACAAGGAATAAATTTCAATCGCAAC
ATCTTTCCATTTTCCGAAGCAAGTATACTAGGATTTTTAGCGTCGAAACCGAAAGCACC
ATAAGCAAAATCATGCACGATTTTAGTGTCTGTATCTTTAAATTTAGCTATCGCTTCATCA
AAAACCTCTTTCGTAGCTGTCGATCCAGTTGGATTATTTGGATACGTTAAATAAATGAGTT
TTGTTTTATCTATTATTTGTGAATCAACTTTGGACCAATCTGGCAAATAATGTGGCGGTTT
TAAATTAAGCGGAACAGGCTTGCCATCAGCTAAAAGTACACCTGCTAAATAATCCGTGTA
GCCTGGATCAGGTAGTAATACATAGTCTCCTGGATTGATAACACATGTTGGTACTGCCAC
TAATCCATTTTTTGTACCATATAAAAATGCATACTTCATCTTCTTTATCTAACGTACATTAT
ATTGTCTTTGATAAAAATCTACAATAGCTTGCTTGAACGCTTCTTTACCATGAAAAGCACC
ATATTTTTGATTTTCAGGAATAGTTAGTGCTTGTGAAAATGATCAATAATACCTTGTGGC
GTGGGCCCATCAGGGATTCCAACCTGCCATATTAATTAATGGCAATGGTCCATGTTTCGATTT
TACGTCCCATCGTTTTCCCGAAATAACTATCAGGGATATTTGCTAATTTGTTAGAGATCAT

> crtN

Function: protein coding sequence; dehydrosqualene desaturase (genomic island)

Best match: crtN_CC007_TCH959-USA300_AASB0200023.1[40281:41789:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 3020 ... 4529; Length: 1509 bp

Sequence:

TTACACGCCCCGCTCAATATCTTTAATCATTTCGTCTACAGTTATTTTTCGCACTCGTTAAG
ACAATAGGAACGCCTGCACCTGGATGCGTACTTGCACCTGCAAAATATAAATCTTTATAA
TCTCGGATACATTTTGTGGACGATAATAATTACTTTGCGCTAAAGTTGGCATTAAACCAA
ATGCCGAACCAAATTTTCGCATGATACGTTTGTCTCAAATCATTGGCGTAAAGATTGTTTC
TGAAACAATATGCGATTTTATATCTTCAAATACTTCAATCGTTGCTAATTTACGATAAATA
ATTTCTTTATTTGTTGCGTCAAAGCTTCATCTGACCAATCGATTCCGCTACCTGTTTTAAG
TTCCGGCGTCGGCATTAAACACATAAATACCAGTTTTGCCTTCTGGCGCAAGTGATTTATCA
ACGACCGCTGGTACATACATAAATAGAAGGATCATATGATAAACGCCCTCAAATATT
TCTTCAATATTGCCTCTAAAGTCATCTGAAAAAATAACATTATGAAGTCTCACTTGATCTG
TCACATCAATATCTATACCGATATACATTAATAAATGCTGAACAAGAGTAATCTAAGTCTG
CAATTTTATGTGGTGGATACTTTTTAATAGGTGCAAAATCTGGCATTAAATGATTCCGCAAC
ACTAGGGAAATCAGCCGTACATAAAATTTTATCAAATTTTCTTATGTCACCATTCACTTTT
ATCGCATCGGCCCGTTTGAATTTAGGATCAATAATAAATTTGCTCAATTTACGATTTAGTT
CAATATTAACGCCTAAGTCTTTATTTAATTGCGCTAGCCCTTGAGCCATGCCATACATACC
GCCTTTAATAAAATGCACACCAAACATCATTTCATCATAGGAATAATTGAATATAGTGA
CGGGCCTCGTTTTGGATCAATTCCTATGTATAACGTTTGAAACGCTAAAAGCTTTTGTATC
TTTTCGTTATCAATATAATGTTCAATTAGCTGATCTGCATGATTTAACGTTTTTAACTTAGC
ACCTTGCACAAGTGACGTCATATTATAAAAGTCACTCGGTTTTCGATACGTTCTTTCTAAG
AAATAGCGACGTGCAATTTTATATTTTATAAACATCCGTTAAAAGGACATAAAACCA
TGCGTTGAACCAGGTTCTATACTTTCTAGCATTGCTGTAATTCAGCTAAATCTGTAGGCA
CCGTTATACGATCATCGTGGTCAAATAACACATCGTAAATATAACGTAATTGTCTCAATTC
AATATAATCTTCATAATTTTTACCACACGCTGTAATAACATCTTTATAAACATCTGGCATC
ATGACAATTGTGGGACCCATATCAAATGTAAAGCCGCTTTCTTTAATTGATTCATACGCC
CGCCTACATTATTATTTTTTTCAAATATCGTCACTTCATGACCTTGAGAAGCAATACGGGC
TGCCGCTGCTAATCCTGTGACACCTGCACCAATTACTGCAATCTTCAT

> crtM

Function: protein coding sequence; dehydrosqualene synthase (genomic island)

Best match: crtM_CC007_TCH959-USA300_AASB0200023.1[41801:42664:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 4540 ... 5404; Length: 864 bp

Sequence:

CTATATTCTATGATATTTACTATTTATTTTCATGAAACAACCTTTGCTTTTTTCCGCTTATCCA
CAAAAACACGTTTCATGTAATGTATAGTTAGCCTGTCTCACTTCGTCCAGTATTTCAATATA
TATACGTGCTGCTAATTCTATGATTGGTTGTGCTTCAATACTAAATACTTTGATTTGATCC
ATAACATCTTGAAAATCTTTTTCTGCGATAGCTGCATAAATATCCATAAGTCAATATAAT

GATTATTAACACCATTTTGGTACACTTCAGCAATATCAACTTCATATTGCTTTAATCGTTG
CTTACTAAAATATATCCGTTCAATTTTCAAATCTTCACCGACATCTCTTAATATATTAATC
AATTGCAACGATTCACCAAGTCTTCTTGGCAGATCGTATGTCTGATGTGTTTCATGATCAC
TTAAAATCGGCGTCAATACTTCACCTACTGTACCAGCAACACCATAACAATATCCGAATA
ATTCAGCGTCCGTTTCAAACATTGTAATAATGTTGATCTTTATATACAGTATCAATGAGATT
ATAGAAAGATTGAAAGGCGATATTTTTATGTTGTGCGACATGCTGAAGTGCCATCATGAT
TCTACGATCACTTTGAAAGTGATGATGTTTCATATGGGTATTTTTCAATAGATTGTATATCT
TCTTTTATTTGATTTAAAATTGAATATCGCCATAAACATCTATACTGTCATCAATTTTAC
GACACACAGCATAAATTGCCAAACCGCTTTTCTTTGATCTTCTGGTAACAAGTCAAAG
CGTAAGAAAAGCTTTTTGAATGTTTCTTCATGATTTTATGACAATATTTAAAATTCATATC
CATCATTGTTCAT

> **crtQ**

Function: protein coding sequence; glycosyltransferase (genomic island)

Best match: crtQ_part_X73889.1[1:192]RC

Position: 065-contig_242_RC: 5602 ... 5632; Length: 30 bp

Sequence:

ATAAATAAATTGTGTAGTATAGCTCAAGTA

> **crtP**

Function: protein coding sequence; mixed function oxidase (genomic island)

Best match: crtP_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2654320:2655813:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 6573 ... 8067; Length: 1494 bp

Sequence:

TCACTTCTATTCTTCGCTTCTCGCGCGTTTATTTTGTCTGCGACTTGTTGCCCACTTAATG
TAACCATTGGCATGCCACCACCAGGATTTACTGATCCACCTACAAAGTACAAGTTTTCAA
AATACTGACTTTCTTTAGGAAATTTAAACCCTTTGTTTTTCTTTTTATCTGCTACAACACCA
TATATTGCACCACGATTAGAACGATAATTTTTTTCAATATCCTCCGGTGTCCAAACATCTT
CATAAATAATGTGTTTTCTTAAATCAGTAAGTCCCATTTTTTCTAATTTATCCAAAATTTTA
TCCCTAAACTTCGCATAATCTTCAGTTGTAAGGCTGATCTTGAATATATGGAATATGTG
GTAAGACTTTGATATTTTCATAACCTACTGGCGCTTGTGTGTGATCAGTTTTATTCGTATTT
ACTAGATAAATGGTCGGATCATCTGGCAATACCTTTTCATGAAAACTTGTTGATAATTG
AGATAAGCATTTTCCGTAAAAAAGAAATTATGATGTGCTAATTGCGGGTATTGGCAAGCA
ACACCTAAATGCATCACATATCCTGAGCTTGCTGGCTCAAATCCCGCTCTAATTTGTTTA
ATCGTTGAGTATCAAGGTGAAGTAAATATTTATAAGTAGGTATGACTTCCATATTTGAAA
TAATATAATCTGCCTTTACAAACTCACCTGTATCTAATCTGACACCCGTCACACATCTTTG
ATATGTTTTAATATTGTCCACACGTGTACCTGTATGAATTGTGACACCTTCTTCACGCGCT
AGATTTTCCAAGGCATTGGCTAAATGATGGATTCCACCTTCTACATACCAAAGGCCTTGCT
CTTGTTGCATATGGAATAACATAGATAAATACAGCTGGCGCATCGTATGATGAAGAACCTA
CATATTTGATAAAATAGCCTAACATTTGTGCAAGTATGGATTGAGATACGCTTGTCTAT
GGCCTGTTGCATAGTATGTACATAATCATAATTAATAAGAGCATTTAATGGCCATGAAA
TTAATAATTTGAGATAGTGTATCTAAACCATAGTTAAAATACCCTTTTTTCAGTAATACGA
TCGATTGCTGTTGATAATTTCAAATAATTTGTCAGTTCCCTCTATATCCTGTTTCGACAATAT
CGCATTATGCTGACCTGTTTCTTTAATACCTTCATACAAATCGATAGTCGTTCCATCTGGA
AAAAAGCTACGCCATTGATGTGGCAATCGCTTGATTGTAACGTAGTCTGACATTTGCTTCT
TGCTATATTCGAATAATTTTTCAAATAATAAGGCATCGTTAAAATAGATGGACCTAAAT
CAAAGCCAAAGCCATCTGATTCATGACGATTCACCTTGCCTCCTATATGATTATTTTGTTC
ATATAATGAGACCGAATAGCCACTTTGTGCCATTTCGAATTGCTGCAGAAATCCACCTAA
GCCACCACCAATAACGATGATATGTTTAGTCAT

> **crtO**

Function: protein coding sequence; acyltransferase (genomic island)

Best match: crtO_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2652598:2653095:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 8059 ... 8557; Length: 498 bp

Sequence:

TTAGTCATGACGTTACCTCTTCGTTTTAATATGCGTAGTAACTGCGTTAATCTCGGTCGA
TTATAGCGTTGCACAATAATGATTGGAACATTAGCTATCATTGCATAGAAAATATTTATAT
ACTTTACTAAACGAGGGCCTTTATTGAATATGATGACTGGAAGTATCGATATCCAATGAA
TCAACTCTGCCCTCTTTGTCTCTATAATCATTATTTCAATTTTCATCAGTATTGATTGTCATT
AAATGACGCTGATCATATATATTTTGGATTAAGCTGATGACCATCTAAAATCTTATGTTTCC
ATTTTCTTACGTAAAACCATTTGTTCCAAAATTTTCCATGCTTCTCAAAGTTAAATGATTT
AAATATTATGTACTTCTGACGAAAATACTTATCAGGAATTCTTGTACCTAAATTTGCTATA
TTAGTTGAACAATTAACCAATACATACTACAAAAAATGCTGTTTTAATATATTTTTTCA
TGGTTTTTCAT

> **ssaA1**

Function: protein coding sequence; staph secretory antigen A1 (core genome, variable)

Best match: ssaA1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2653261:2654028:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 8722 ... 9490; Length: 768 bp

Sequence:

TTAATGAATGAAATTATATGAACCTGCTTGGTTTTGCTGAAATTGTACGAGACGTAACCAC
ACCAGCACCATGTCCATAGTTCATTTCTGAAACACGAACAGAACCCTTGCTGTTAACGCC
TTCAACGTAAGCAACATGACCGTAATAGCCTTGTGTTGTTTGCATGATAGCACCACCTTTT
GGTGTATTGTTCACTGTATAGCCAGATGATGCAGCTGCGTTAGCCCAATTACTTGCCTTAC
CCCATGTTGAACCAATTTTCCCACCAACACGATCAAATACATAATAAGTACATTGTCCTG
AAGTATATAAGTTACTTCCCTGATGCATAACCATTAGAAATTGAACGACCATTTGAAGATG
GCGCTGCAGTTGTAGTCACATGAACATTATTACTTGTGTGCTATAACTTGCACCTGAACC
ACCAGTATAAATAGTTATTTGTTGCTGTTGGCTATTGTTTGTATAGTTATTGTATTGATATG
AATGATTATAGTAGTTATTGTAAGATGCATTGTTATAACTATAAGTATTGTAGTTGTTGTA
GTAGTATGTGTTGTTTTGCGTTAATTGACTTGGATTCCAATTTCTGTCCAAGTGTAATGA
TAATTACCTTGTGCATCAATTGTATACGTATAGCTGTATGATTGAGCGTCATTAGAATTAT
ATCCATTGTTATTTTGTCTGCAGCTTGTGCATCATGTCTGCAAATGCGATAGTGGCAAG
TCCTGCTGTAGCGATTGTAGCTGTAACGATTTTTTTTCAT

> **tnpIS431-06**

Function: protein coding sequence; transposase for IS431 (mobile element)

Best match: tnpIS431-06_circ_S-epidermidis_GQ900381.1[43799:43807]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 8797 ... 8806; Length: 9 bp

Sequence:

ATAGTTCAT

> **oatA**

Function: protein coding sequence; O-acetyltransferase (core genome, variable)

Best match: oatA_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[73159:74970:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 9850 ... 11662; Length: 1812 bp

Sequence:

TTATTTCTTATTTGTAGCATGTGTTTCCATCGTTTTTACAATCAAATCAGTCAGCGCTTTAC
TACCTGCATATTCTAAGTGAATACCGTCATATGCAAAGTACTCCGGATGACCTGCAGAAG
CTTTATACCAATCGACTAGATGTACATTAGAGCGCTTTTCAGCTGCCTCATAAATTAATTT
ATTTATTCTACCTTCATAATCTCTAGGTACTCTAATAGAACTAAATATATGTCTGCTTTTTC
CAAACTATCCAATAGTTCATTTAATTGATCTTTTCGTAATGCCCATTTGTACCAAGCTC
TACTACAACCTTTTTGACCTTTTTTAGCATAGTCTTTATATTGCGATTTACAAATTGGTGTAG
CATCAACGAGTTGCCGTCCAACCTTACCATCAATTTGTGCATTTGGTATTTTCTTAGTAAA
GACATTACCAATATCCACCATGACCGAGTCACCAATTAATAGTGGTGTGACTTTTTAAT
ATCCTCTTTGCTATTCGCTGTCTGCTTATCCTCTTGCTTATCTTTTTTAACGACTTTTTTCTT
CGTTGTTTTAAATTCCGTCTTCTTCTTCTTCTTCTCGGCTTCATGTTGTTTGCCAAGTGCAT
CAAACGTCCACTGAGCACAACGATAGACGGAACCAATAATAGGATAACTAACACTGTT
CTAGCAAATTGCCCTTCTTTTTAGGTAAAAATGCAAAGCTTTAAATCCTTTTTTACGTA
TAGGTGTTTCAATAAAGCGATACGAAATTTAGCCATTAACGCTGTTAACAAAATTTCTA
TAATATAAACGTATACCGGTATTTGTCTTGTACGTAATAACTGTTACAAAAACAATGA

TAGGATAATGCCATAAATAAGCTATATGATCGTTTACCTATAAATTAGTAAAGGTTTCAT
ACTTAAAAATTTAGCAAATAAACTAGAAGGATGTACCGCAATTGCAATAATGAATAAAG
TTGCAAATGATATAATGTAAAATCCTCCATTATAGATCCATTGATCTTGGTCTCCAACAT
AAAGAACAAAGTCATTAGAACCGCAAACCAGATATCCCTATAATATCTAATGATACGA
CAACCTTTTTAGAAATATCTTTTTTCAAAGCAAACGGAGGCCAAATAAATGCTAATATAC
AACCAAGCAATAAAGTTTGCAGTCGTGTATCTGTCCCAAATAACACACGTGAATTATCTC
CAGTGATGAAATGAATCACTATCATAAGTCCTAAAGAAATCAACGATACAATAAATAGC
GTTTGAATAATATTTCTCGGTTTAAATCTATGTAATAAGAACGTGATAACCAATGGGAAA
AGCAAGTAAAATTGTTCTTCAATGGCTAAAGACCATAAATGTTTGAGTGGTTCAATAGCA
AATTGGTTAAAATAATCTACATTCTGTGAGATGTACCACCAGTTTGAACATAGAATATA
GCTGCAATAGCATCTCGTTTCATTTGTATAATCAATTCCGGTTTAAATATCAGTGTGAACG
TAAGCACGACACAAATTAATAAACAACACTGCCGGAATGAGTCGTTTCAATCGTCGCTTCC
AAAACCTAGCAAATCGATTTTTTGCCTCCGATAATACTCACTTATCAACAACTTGTAT
TAAATAACCTGAAATAACGAAGAATGTATCTACTCCTAAAAAGCCCCACTTAACCATTG
TGCATTCAAGTGATAAATAATGATTCCTATAACTGCGAATGCCCTCAATCCATCTAATCCG
GGTAAGTATCGCGGGGAATACATTTTTTCTAAACGTTTAAAGTCTTTTGTATCCAT

> **isaA**

Function: protein coding sequence; immunodominant antigen A (core genome, variable)

Best match: isaA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2660684:2661385:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 12348 ... 13050; Length: 702 bp

Sequence:

TTAGAATCCCCAAGCACCTAACCTTGTGCTTTGTATGCTTTAACAGCTGCGTTGATTTGT
TGGTCAACAGTGTGTTGGACCCCAACCTGGCATAGTTTGGAAATAAACCTGAAGCACCT
GATGGGTTGTAAGCATTACTTGACCATTTGATTCACGAGCGATGATTGCAGCCCATGTA
GAAGCTGAAACACCAGTACGTTGAGCCATGATTTGAGCTGCTGATGAACCAGTAGCACCT
GCAGTATTACCATTGCTTAATCTCACTGAACTTGAAGTAGTTGAAGTGCTGTAGTTATGGT
AAGTTGGAGCTGAAACAGCTTCAACGTTTGAAGTACTTGATTGTGCATTGTAGCTTACTGA
TTGTACATTTGAACCTTGGTTGTATGAAGTAGTGTAGTCTGCACCTGCAACGTTTGAAGAA
CCAGCAGTTTGAACATTAGCTGCTTCATAGCTCCATGACCATGTAGTACCATTTGAAGTGA
AGTTATATTGGAAACCATCTTTTACAAAGTGGATGTCATATGCACCATCTTTGATTGGAGC
TGCATTTAATTGATCTTGGTGATTATGCGCTAAGTCAACTAAGTGTGCTTGTATCAACGTTT
ACTTCAGCAGCGTGTGCTTGTATGCTGTACCTGCTGCGTAACTGTTACACCTAATGCCA
CTGCTAATGATGATGCCATAATTGTCTTTTTTCAT

> **acrA**

Function: protein coding sequence; TetR family transcript regulator (core genome, variable)

Best match: acrA_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[78430:78999] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 15121 ... 15691; Length: 570 bp

Sequence:

ATGATGGAAAGTAAATCTATAGATCCAAGAATCGTTAGAACCAAACAATTGCTTGTTCGAT
GCTTTTCTTAAAATTTCTAGAGAAAAGAAATTATCTCAAATTACAGTTAAAGATATCACT
GATATTGCTACGCTAAATCGTGCAACATTTTACGCTCATTTCACTGATAAAGAAGACCTCC
TAGACTACACATTATCTGTAACCATTTTAAAAGACTTGAATGATAATTTGAGCATTCTAA
TGTCATTAATGAAAAGTTCTGCGTAATATTTTCATTTCAATTGCGAGTTATATCAAAGAT
GCTGCAAAGTCTTGCGAATTAATAGTGAAGCATTTTGAACAAAGCACATCAACGTATT
AATAATGAATTAGAAGATATTTTTGCGATTATGTTAGAAAACAGCTATCCGGAGCATCAA
CGAGATATCATTGTAATAGTGCAGTTTTTTAGCAGCTGGTATCTCAGGCTTAGCATTAC
ATTGGTTTAAACACGAGTCAAGAGACAGCCGATGTGTTTATCGATCGCAACCTTCCATTTT
AATTCATCATATAGCACATTTTTTAA

> **nrmA**

Function: protein coding sequence; ActVA 4 protein (core genome, constant)

Best match: nrmA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2662524:2663345:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 17383 ... 18205; Length: 822 bp

Sequence:

```
TTACTTATTATAGTTTTGGACTTTAAGCCAATCACTTAATGATAATCTTGTGGATTTATTT
CAGCCATTAATTCAAAGTCTACTTCATAACCTTTTTCTTCCAACCATTGCTTTTCTGCAACA
CCACTAACAAATTCTCCTTCTATAACAGTAGATTTACCTGTCACCTTCACTAAAAATTGTTG
CTGCTTCACTTAATGTAACCTTCATCGGAACCAATCTCTATTGATTGATGCGTAAAGCTTTG
TGGATGTGCAAAAATATACGATGCAATTTTAGCTATATCAATAGAAGAAATCATTGTGAA
TTTTATATTCCGGATTAATAAATTCTGGTAATGTAATACGTTTCATCTTCGACTTTAGCAATG
CGTAAAAAATTATCCATAAAGAATGATGTTTTGATAACTGTTGCATTTATATTAGATTCCA
TTAATCTATTTTTCTATTTTTGCTAGTACTTCAAAGTGTGGGCCAGTTCGATTTTCGATTAACC
CCTCCCGCAGTACTATACACAATATGTTGAATATTTTCTTGCTCAGCTATTTCAATTATCTT
CATACCTTGTCTTAATTCTTCGCTAACATCATCTTTAACGATTGGCTGAATACTGTATAAG
CCATACTTACCTTTCATCGCTGATTGCAAACATAACATTATCACTCAGATCACCTTCAACGA
TTGATAAATGCGGATGTCCTATGTCTGAAAGTTTACGATTATTCTTATTTCTAGTTAATGC
ACTTACATACCATCCATCCTCTAACAACTGTTTTACAACCTGCATTACCTTGCTTCCCTGTTG
CGCCTATTACTAAAATATCTTTTCAT
```

> **Q5HCX0**

Function: protein coding sequence; amidohydrolase 2 (core genome, variable)

Best match: Q5HCX0_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[83315:84325] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 20006 ... 21017; Length: 1011 bp

Sequence:

```
ATGAAAAGTATTACGTTTGAAGAACATTATGTCATTGAAGATATTCAAAAAGAAACGATG
AATGCGATATCAGCAGATCCTAAAGGTGTACCGATGAAAGTAATGTTAGAAGGCCTTGA
AAAAAAGACAGGTTTTACAAATGCCGACGCATTATCACATCATGATGAACGTATCCAATT
TATGAATAATCAAGACGTTCAAATTCAAGTCTTATCTTATGGAAATGGGTCTCCTTCAAAT
TTAGTTGGTCAGAAAGCCATTGAATTATGTCAAAAAGCAAATGATCAATTGGCAAACCTAT
ATTGCACAATATCCCAATCGCTTTGTAGGCTTTGCAACTTTACCTATCAATGAGCCTGAAG
CCGCAGCGCGAGAATTCGAACGTTGCATCAATGATTTAGGATTCAAAGGTGCGCTCATT
TGGGACGTGCACAAGATGGTTTTCTTGATCAAGACAAATATGACATTATTTCAAACAG
CTGAAAATTTAGACGTACCGATTTATCTACATCCCGCGCCAGTTAACAAATGACATTTATCA
ATCATACTATAAAGGAAATTATCCTGAAGTAACTGCGGCAACATTTGCTTGTTTTGGTTAT
GGTTGGCACATTGATGTGCGGTATTCATGCAATACATCTAGTATTATCTGGTATTTTTGATC
GTTATCCAAAGTTAAATATGATTATTGGACATTGGGGTGAGTTTATCCCATTCTTCTTAGA
ACGTATGGATGAAGCTTTATTCGCTGAACATTTGAACCACCCTGTAAGCTATTACTTTAAA
AATAATTTTTATATCACACCGAGTGGCATGTTAACGAAGCCACAGTTTGATTTAGTCAAG
AAAGAAGTAGGTATTGATAGAATTCTTTATGCTGCTGATTATCCATATATTGAGCCTGAA
AAATTAGGTGATTTTTAGATGAACTGGGTTAACAGATGAAGAAAAAGAGAAAATAAG
TTATACAAATGGTGCTAAATTATTAGGTTTATCACCTAACAAATTA
```

> **cobW3**

Function: protein coding sequence; cobalamin biosynthesis protein (core genome, variable)

Best match: cobW3_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[85322:86212:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 22013 ... 22904; Length: 891 bp

Sequence:

```
CTACTGTTCCAAACATTGATAGTCTTCTTTTGAATACCCTTTCCGATAAGCACCAAATAT
TCTGGCACTTTTTTTGAAAATGCTACAGGTGTTAATTCATATTGTCCTTGTGTAAATTGAA
TGAGATACGTATGTGCGGTGTCTTCAAATGTCATAAACCTTTCAACCTATAAATATGAG
ACGGAAGGCATGCTAAACGTTTTATAAACTCTGCTTTAGTACATTTGACTGGTGATTGCAC
AAATTGATGATTAATCATTTGATGTAACGACTTATGTTTTATTGTCAGAAGTTGCTGTCATT
TGTCTAACTGATATTGGCAAAGTGACGCTGCCATGCATACCGACTTGTATATCGGCCTCTG
GGTTAATAACTTCTAAATCTTTCAATAGTTTGTCTGTTGTTTCAACATCTGCTGAATCTATT
TTATTAACAAATAAGACAGAACAATATGCTAATTGCTCATAAAATAAGCCTTGGATGTCT
TTAGGGAATGATTTAATGTGTTTATACATGCTTGCCTTATTACACCAATCATATGTGTAA
TTGTTGTAAACGGAGCTAAAATAGGCGTTAACAAAGCATCTAAAACAGAGACCGGTTCTG
```

CAATCCCCTACTACATTCAATAAACACAATGTCTGGTTGCTCTTTTAAATATAAATTGATGTAA
CTGTTCTGATACATCTGCTTTTCATTGCGCAACAGATACACCCCTCTGTCAGTTCACCTAAA
GGTATGTCTTCAGATACTAAGGCACCATCAACACTCATTTTCCCAAATTCATTCATGATGA
CTGCTGGTTTCAGCGATTCTTTAATGATTGAGCGAGCAAATGATTTAAGACAGTCGTTTT
ACCGCCACCTAAAAACCCACCTATAATAACTATTTTCAT

> **pyrD**

Function: protein coding sequence; dihydroorotate dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: pyrD_CC022_HE681097.1[2688838:2689902]

Position: 065-contig_242_RC: 28327 ... 29392; Length: 1065 bp

Sequence:

ATGTACAAATTAATTAACCTTTCTTATTCAAATCGAACCCGAAAAAGCACACGGACTA
ACTATCGATGCATTAATAAACGTTACAAAAATTTCCGGTTTTATTCCCAGTCGTCGATAAAC
TATTTACTTATAAGAATCCAACGTTATCACAAACGATACAAGGTAATACGTACGACAATC
CAATTGGCTTAGCAGCTGGTTTCGACAAATCTTGCGAAGTACCAAAGCATTGGAACACC
TTGGATTCCGGTGCTTTAGAATTAGGTGGTATCACACCTAACCTCAACCGGGTAACCCCTC
AACACGCATGTTTAGATTATTAGAAGATGACGCCTTGATAAATCGAATGGGCTTCAATA
ATATTGGTATGAACAAAGCACTAAGTCATTTGCGTAAAAATGCTTATCAAGTACCTGTTG
GTATCAATGTTGGTGTGAATAAAATGACACCTTATGAAGCGCGTTATCAAGATTATATAA
AGGTTATTGATACGTTTAAACACGACGTTTCATTTTTTCACAGTCAACATCAGTTCTCCAAA
TACTGAAAATCTTCAAACCTTCCATGATAAAGATGAATTTTCAATGTTATGCCAAGCTTTA
ACAGCATTTAAAAACAACATGATGTAACAGTGCCAATTTATTTAAAACTAACGTCTGAT
ATGGATTTTCGATGGCTTAAAAGCACTATTACCAGCGATTACTGAGACATTTGACGGTATC
ATCTTAGCAAACACAACGCGACAACGAGATGGTTTAACTTCTGCTAATAAAGTCGAAGAA
GGCGGTTTGAGTGGTTCGTCATTATTTGAACGTAATTTAAAATTGATTAAGTATGCTTATC
AGCAAACAAATGGTGAATTTTAAATTATAGGTACAGGCGGCGTATTCAGTACTGAAGATG
CAATCAAATGATGCGTCACGGTGCCTTATTCAAATTTATTCATCACTTGTATTGA
AGGCCAGGTTTAACTAAGAAAATGAACAAAGGCATCGCACGTTACTTAAAAGATCATC
ATTTTGACAATGTCAGTGATATTATAGGACTAGATGCCTAA

> **Q7A3B2**

Function: protein coding sequence; putative DNA-binding protein (core genome, constant)

Best match: Q7A3B2_CC001-ST772_118_AJGE0100055.1[94922:95509:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 31613 ... 32201; Length: 588 bp

Sequence:

TTATTGTATATTTTAAATTATCGTTGCTGGCCCTTGATTGACAATCGTATTAATAATGCCTTA
TTAAGTCAACTTTGTCTATACGGTTTGGATCTTCTACCCAATGTCTTATCAAAGACAATCC
CGCACCTGAAACATAACTCATGAAATAGGAAAATGGTATACCATTAATTTGATCGTTTTT
ATTTTTATAACGTTGTAATGACACATAATTAATCATAAAGTTTTTCGTGGATATTTGAA
TCTTTACCCATACGAAACATCAATTGATAAAATGCGATGTCTTTTTCTATCATTTCTATTA
AAACGGTCATAATTTGATGTATGTTATCCGTGGATAACTTAACTGCTCCATTTAACTTCTC
ATCATGAATGAAGTCTTATTTCTCCAACCTGCTGGTCCCTCTAATTTTTCAAGCAAATCA
TATTTATCATAATAATGCGTATAAAATGTAACGTTAACATCAGCTAAATCTGCAATTT
GTTGCACAGTAATCTTCTAATTGGTGTGATGTAAGTTCAATAAATGCATTTCTCAT
TGCAACTTGTGATTTTCTAATACGTGCATCTATAGTCAT

> **pepX**

Function: protein coding sequence; Xaa-Pro dipeptidyl-peptidase (core genome, constant)

Best match: pepX_CC001_MSSA476_BX571857.1[2656607:2658289]

Position: 065-contig_242_RC: 32343 ... 34026; Length: 1683 bp

Sequence:

ATGAACCAACATTTACTAGGAAATCCAAAATTAAGTGAATCATGTCAATGAAGTGAAA
GCCGGTATTAACCACATCGTTGTGCGACAGTGTTCAATATGGAAATCAAGAAATGATTATG
GAAAAAGATGTCACTGTGGAAATGCGCGATGGCGAAAAATTATATATTAATATTTTCAGA

CCAAATAAAGATGGCAAATTCCTGTAGTTATGTCTGCAGATACTTACGGTAAAGATAAT
AAGCCTAAAATCACAAATATGGGTGCCCTTTGGCCAACATTAGGCGCCATTCCGACATCT
AGTTTTACACCTGAAGAATCACCAGACCCAGGATTTTGGGTGCCAAATGATTATGTTGTA
GTTAAAGTTGCATTACGCGGTAGTGACAAATCAAAGGGCGTCTTATCTCCATGGTCAAAA
AGAGAAGCGGAAGATTATTACGAAGTGATTGAATGGGCAGCAAATCAGTCATGGAGTAA
TGGAATATCGGGACAAATGGCGTTTCTTATCTTGCGGTGACTIONAATGGTGGGTCGCATC
ATTAAATCCACCACATTTAAAAGCAATGATTCCTGGGAAGGCTTAAATGATATGTATAG
AGAAGTAGCCTTTCACGGAGGTATACCGGATACTGGCTTTTATCGTTTCTGGACTCAAGG
TATTTTTGCGAGATGGACAGATAATCCAAATATCGAAGACATGATTCAAGCACAACAAGA
ACATCCTCTGTTTCGATGATTTTTGGAAACAGCGTCAAGTGCCATTATCACAAATTTAAAC
ACCTCTACTAACATGTGCTAGTTGGTCTACACAAGGTTTGCACAACCGTGGCTCTTTTGAA
GGATTTAAACAAGCTGCATCTGAAGAAAATGGCTATATGTGCATGGACGTAAAGAGTG
GGAAAGTTACTACGCTAGAGAAAATCTCGAACGCCAAAAATCATTCTTTGATTTTTACCT
TAAAGAAGAAAATAACGATTGGAAAGATACGCCATCATGTCATTTATGAAGTTAGAGATC
AATTTTATAAAGGCGAATTCAAATCAGCGTCAGCGTTCCTTTACCTAACACAGAATATA
CACCATTGTTTTGAATGCTGAAAATCACACATTGAATCATGCAAAGATTAGTAGCGCGC
ATGTCCGACAATATGACTCTGAAGATAAACGACAAGATGTAAGTTTTAAATATACGTTTG
ACAAAGATACTGAGTTAGTTGGAACATGAACTTAAAATATGGGTAAGCACTAAAGAT
TCAGACGATATGGATTTATTTGCAGGTATTA AAAAGTTAGATCGTCGTGGTAATGAAGTT
AACTTCCCTGATTTTAATCATATTGAAAATGGTCAAGTAGCTACCGGTTGGTTACGCGTAT
CACATCGTGAATTAGATCAAGAAAATCCACAATTGCGCAACCTTGGCATAAACATGAA
ACAGAATTAAGTTGTCACAAGATGAGATTGTACCTGTTGAAATCGAATTGTTACCTTCA
GGCACGCTATTTAAACAAGGCGAAAACATTGGAAGTTGTTGTA AAAAGGTAGTGAAATTGTA
ATTGGTAATAGTACCCCTGGCATGAAAACGCGTTATGAACATGAAGAAACCGTAAATAA
AGGCATGCACATGATTTATACTGGTGGTAAATATGATTCACAATTAATCATTCTATCGTT
AATTGA

> **txbi_A5IW19_panD**

Function: bidirectional rho-independent terminator of A5IW19 and panD

Best match: txbi_A5IW19_panD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2678984:2679047]

Position: 065-contig_242_RC: 34100 ... 34130; Length: 30 bp

Sequence:

AAACCAAGGTGTGGCCCTTTTTATTATTGA

> **sasK**

Function: protein coding sequence; LPXTG-motif cell wall anchor domain protein (genomic island)

Best match: sasK_CC005_04-02981_CP001844.2[2683217:2683852:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 34123 ... 34759; Length: 636 bp

Sequence:

TTATTGATGGCTATTTAATTTTATAAATCTTGTCTCTAACTTACTACAAGCAATATTTAAA
CCACTAAATAAAGCCATAATTGCTGTATTACTTTTCGTTGTTTACTCCTGTTTTTGGCAATTC
TTTCAATTGTTGCTTATGTCCTGACTTGCTCTTGCTATCCAAATGAATACTTTGTTGTTTAG
CCATTTGTTTATTACTTTTTGTGTGAGTATCATTTGCTTTAACCTTGGATTTACAGCACCA
TTATTCGATGTTACATTTGCGTTTTTCAACTGCTTGATAACTTTAGGATCTTTTCGTGCCATC
CATTAAATTATCTGGATGTTTTAGTAAATGTCTACAATCCGATACTATTCCAGATTTTTTT
GCCTTTACCGCATTATTCTGCACCTCATTATCATCTTTCAACTGCTTGATAACATCTGGATC
TTTCGTGCCATCTATTA AATTATCAAGTTTTTTT CACACGTGCTATGTCACTAACTGGCCCA
GGATAATTTGCATCCGGTTGTCTAACTGGTATTA AATTGCTGTTTTT CATTACACCTTCAG
GCTTGTTATTTTTCGGCGTTTCGCATTATCCGTA AAAAATCAACACTGATAAAAATTGCAACAA
ATAAACTTATAACTTTTTTCAT

> **A5IW21**

Function: protein coding sequence; putative peptidase (genomic island)

Best match: A5IW21_CC121_21269_AFTU01000046.1[125757:126833:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 34774 ... 35851; Length: 1077 bp

Sequence:

```
CTATTTTACTACCTTAATATCATTGCTATTAAGTAACCCATCCATCTATTTTTTCGTCGT
ATAAAGAGTAATATTTATACCCATTTGGAATATTGTAATAGAGTTTAGCTGTGTACGCTTT
ATCTTTTTTAATTAATTTATTATCACCCTTTTTTGTAATTTCAATGTTTTTCCAATATATATA
CTTACTTTTAATTAATTTCACTTTCTTATTATATGGATGACTTCTGTACTTACCTATCCAAT
AATTTATGTAATCTAATTTTAAATCATTATTCTCACGCCTGAATTATGATTATATCTGCCG
TATGCATGTAATCCGATGATATTGTTTTTTGAATCTCTTATCGCACTACCACTTTGTCCTGA
AAATGTGTCTACCGTATAATACATTTTCATTCTCATCAAACTTTCTAATTTCCCTTTACCTT
TATATTGTCTGTTGTCTGACTTGTCTCCTGGAAATCCAGAAATTTCAATATTTTCACCTTTG
CTAATGCGTGTGTTCAAAGTTAAGTAACCTGTTTTATTTCCTAAATTACTATTCAACTTAA
TAATTGCTATATCTTCTTTTGTGGGAGCATTATTAATCCAAGATTTAGATACAAAAAACTT
ATGCGAAAATGTCTTTCCTATTGTATATGTTTGCCCATTTACTCCAGCATAGACATCAATC
TTTTTAGCCCAACCTTTATCGTCTTTAGAATAGACATTATGAGCCGCTGTCAATACAATAT
CCTTACCAATCATAGTACCGGTGCCTTTATATACACGGTTATTTGAAAACGTCATATTTAA
TAATACAGTCTGCTTATAAGGTCTTTGTAAAATATTATTAACAACCGTTCTTTGATCTTTA
CCGAAAACCTCGCTCAGTTAAGGGCGTACTATAATCACCTACTTCATAAAGCTCATTTTGTAT
TACGTTCAATTGTTCCCTGATTCAAAAATTATTACTACTACCATTTTCTGAATTGACGATAGG
ATTATTATCAGCTAAGACAAAATTTTCACCATAATAACTGGAAACAATTACTACTAACAA
AATCAAAAATGATATTTTAAAAATTTTGTGCAT
```

> panD

Function: protein coding sequence; aspartate 1-decarboxylase

Best match: panD_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2606953:2607336:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 36194 ... 36578; Length: 384 bp

Sequence:

```
TTATAACACTATCGTATTTTCTTTTTTCATGAATCATTTCATAAATGACATTGTCTTCATTCA
TTACTGCTACTTTAGGTGCATGGTGTTTAATTTCTTCTTCATTCAACTGTGCATAAGTCATG
ATTATGACTACATCGCCTACTTCAACAAGTCTTGATGCTGCACCGTTTAAACAAATTTTAC
CACTACCTCTTTCACCAGCTATTACGTATGTTTCAAACGTCACCATTTATTATTATTCAC
GATGGCTACTTTTTCAATTTGGCAAGATGTCTACCGCTTCCAATATATCTGAATCAATCGTA
ATGCTACCTACATAATTTAAATTTGACTCAGTCACTCTTGCTCTATGAATTTTAGCATTCA
TCATTGTTCTTATCAC
```

> panC

Function: protein coding sequence; pantoate-beta-alanine ligase

Best match: panC_CC030_MRSA252_BX571856.1[2761706:2762557:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 36579 ... 37431; Length: 852 bp

Sequence:

```
TTATTCAGCTCCAATTATTATATTATCTATTAACGCGCTTTTGAAAATTTGACAGCTAAC
GAGATAAATATGCGTCCAGTTATTTTCGTGTTGTTCTACTAATTGAGGATAACTATAAACA
GCAACTTCTTCAATGCGTCCACTTATATGTGATTCAAGATATTGAGTAACCTTGTCTATAA
TTACTTTACTTTGACGTTCCACCGTCTTGATACAACGCTTGTGCTAATAGCAAATTTTACTT
AAATGTACCGCTTCTTGTCGTTCTTGCTCCGTTAAATAAACATTTCTTGAATTTTTCGCCA
AACCATCTGCTTCTCGAACGATATCAATACCAATAATTTCAACGGCATGATTGAAGTCTTT
TACCATTTGCTCGACAATAGCCAATTGCTGGGCATCTTTTTTACCAAATAAGCATAATCC
GGCATAACAATATTAATAGCTTATTAACTACTGTTACCACCCCATCAAAATGCCCTGGA
CGCTTCGCTCCTTCTAACACATCAGCTAATGGACCTACTTTGACATCAATACCTAATTCAC
CTGGATACATATCTTCTACTGCAGGATGAAAAACAATGTCCGCTCCTACTTCTGATACTAA
TTCTAAATCTTTATCAATTTGTCTCGGATAAGCATCGAAATCTTCGTTTGGACCAAATTTGT
AATGGATTAACAATACTCACAATTGTAATATCATTTGTACTAACTGATTTCGCGTACC
ATCGTTAAATGTCCATCATGTAAGGCACCCATTGTTGGGATAAAACCAATCGTTGTGCCT
GAGCGTTTGGCTGCTTTAACAATGTGTTGCATCTCTTTTACCGTAGTAATCAGCTTAGTCA
T
```

> panB

Function: protein coding sequence; 3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase

Best match: panB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2680987:2681805:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 37423 ... 38242; Length: 819 bp

Sequence:

```
TTAGTCATTGTTATTAACCTCATTTCATAATTTTCTTTTTATACGTATATTCTTCTGATGGAA
ATGCACCAGATTTAACTTCTTGATCGTATTGTTTTAAACCATCTACACCAACACTAAAATC
AGCAAATTGCTTCACAAATTCGCTTTATGTTCAACACCATAATTTAACATATCGTGATAA
ACCAATACTTGACCATCTGTACCTTTTCTGCACCAATACCAATGACTGGAATTGTTAAAT
GCTTGCTAATTTCTTCTGCTAAATCATTGGAATTGCTTCAAGTACTAACGCAACTGCACC
AGCTTGTTCTACATTTTTCGCATCTAAAATAAGTTGCTCAGCTGCTTCTTTTCGTTGCACCTT
GTAATTTATATCCCATAACGCCAACACTTTGAGGTGTTAACCCTAAATGTGCAACAACAG
GAATACCAATTGCCGTTGCTTTTTCAATAAATGGTGTAATATGCGCTCCTTCTGCTTTAAT
TGCATTTGCACTCGTCTCCTGATAAAGCTTTAGAGCATGATTTAAGTCTTGTGTCATAGAG
ATGCCTACTGCACCAATCGGCATATCAACAACACTACAAATGATTTGGTGCGCCTCTTCTTA
CTGCACGACCGTGATGAATCATATCTGCTAACGTCACCTGTACGGTACTTTCATAACCTAA
TACAGTCATAACCAAGTGAATCCCCAACAGAATCATATCAATACCCGCTGCTTCCACTTG
TTTAGCACTTGAAAATCATAAGCTGTTACCATAGAAATTTTAGTTTGCTTTTGTTTCATA
TCTATTAATTGACTTACTGTTTTCAA
```

> panE2

Function: protein coding sequence; 2-dehydropantoate 2-reductase

Best match: panE2_CC705_RF122-cow_AJ938182.1[2609073:2609933]

Position: 065-contig_242_RC: 38314 ... 39175; Length: 861 bp

Sequence:

```
ATGTTATCAGTTGCGATTATCGGCCAGGCGCTGTCGGTACAACACTATTGCCTATGAATTAC
AACAAATCATTGCCTCATAACAACGCTTATCGGGAGACACGCCAAAACAATAACATATTATA
CTGTACCACATGCACCTGCACAAGATATTGTTGTGAAAGGTTATGAAGATGTCACAAACA
CATTGATGTTATTATTATTGCAGTCAAAACACATCAACTTGATGCAGTTATTCCTCATT
AACTCATCTTGCACATGAGGACACGCTCATTTTTAGCCCAAAATGGTTATGGTCAACT
CGAACATATTCCATTTAAAACGATGCAAGCAGTTGTCTATATAAGTGGTCAAAAGAA
AGGCGATGTTGTTACGCACTTCAGAGATTATCAATTACGTATACAAGATAATGCATTAAC
TCGACAATTTAGAGATTTGGTCCAAGACAGTCAAATCGACATTGTACTAGAAGCAAATAT
TCAACAAGCTATTTGGTATAAATTGTTAGTTAACTTGGGCATTAATTCTATCACAGCACTC
GGTAGACAGACAGTTGCAATCATGCATAATCCTGAAATACGTACACTGTGTAGACAGCTA
TTACTAGATGGTTGTCGTGTTGCACAGGCAGAGGGGTTAACTTTTCAGAACAAACTGTC
GATACTATTATGACTATATCAAGGTTATCCCGATGAAATGGGAACGAGCATGTATTAC
GACATTGTGCATCAGCAACCTCTTGAAGTCGAAGCGATTCAAGGCTTTATTTATCGACGT
GCACGTGAACACAATCTTGACACCCCATATCTTGATACTATTTATAGCTTTTTACGCGCGT
ATCAACAAAATATGTAA
```

> budA-L2

Function: protein coding sequence; alpha-acetolactate decarboxylase/locus 2 (core genome, variable)

Best match: budA-L2_CC398_SO385-pig_AM990992.1[2736345:2737049:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 39260 ... 39965; Length: 705 bp

Sequence:

```
CTATTCAGCTTCTCTAATTTCTTCTGCCACATCTTTATAGTCTATTTTCGCTTTAACAAACG
TCTCGTTATTTACCGGGAAATGTTGTTGGAATGTTTCAAAGTTTTGTATCTCAACGACAAC
GTCATCCACTTCAAAGTCAAGAACATGTCCACCATAAGCTCTTTCATCATCCGCAAAATG
TATATGAAAACCAGCAGACCCTACGCCATGAAATAATTCTGGTGTAAAAAATCCAACAAT
GGCACCACGAATATCTTGTCTTTTTCTCAGGTTGTCTGCGTGCTGAATCAATCAAACGT
GTATATGGCGGTTGCTGAGCAGGCATCATTTCGTACATGCATATGTTTAAATGTGCCATAA
ATTTTAAACAGCCGAAAATAAATTCTCACTTAAACATTTTCAATTTTTAATTTTTGCGAATACAT
CATCTTGTGATAATTGTTGCAATGGAAATGTCTTACTCGCTTTAAAATAGTAATCGATGC
ATACGGTACTTCTCATCACCTTTTAATTCTATAAATTCTTTATGCTCGTTAGCATGATATG
```

CCTTCCCGTCTAAAAATATTACTTCGCCATCAGACCCTGTAAACGTTGCAATCCCTAAATT
TCCATGTTCTAACAAATTCATTAATTGTAGCTGTTCTTCTAGTAAGCCAGCCATTAACGTA
CCTAATGTACCATGTTGATACAAGACATTCGTCAT

> **ldh2**

Function: protein coding sequence; L-lactate dehydrogenase 2 (core genome, variable)

Best match: ldh2_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[103551:104510:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 40242 ... 41202; Length: 960 bp

Sequence:

TTAGTCTTCTAATAAAATATTTAATTGAATCAAATGTATCTTCTAATGTTTTAACAGATTTAT
CGAACAAACGCTTGTTCTTCGGCACTTAATGGCATTTCATAAAATTTAACTGCGCCATGTTG
GTTAACTAATGTTGGTACACCTAGGTAACGCCTTTGTGACCACCATATTGACCATCTAAT
TGTATAGAAACATTTAAGACATTATTTTCATTATTTAAAATGGCTTTTGAAATGCGCATCA
ATGCTAATGCAATACCATAGTATGTTGACCCTTTAGCTTGGATAATTTTCATAAGCAGCGTC
ACGTGTATTTACATAAAATTTCTTCCGCTTTAGCTTCGCTACCAGTTTGTTCTTTTAAATGTGT
CATATACTGAAATACCTGCTACATTTGCTTGTGACCAAACCTGCAAGTTCAGTATCACCATG
CTCACCAATAATACTAGCGTCAACACTTGAAGGTGCAACACCAAGTTCTTGGCTAATTA
ATATTGTAAACGTGCACTGTCCAATACAGTACCTGAACCGATAACACGCTCTGCTGGTAA
TCCAGTATATTCTTTTACAAATCTTGTTAAAATGTCTACAGGGTTTGCCGCGATTAAGAAA
TATCCATCAAAGCCGCTATCCATAACACTCTTAAACAATGCTCTTCATAATCTTAGTATTTT
TTTCAACTAATTGTAAACGTGTTTCACCTGGCTTTTGAGGTGCACCAGCTGTAATAACAAC
TAAATCTGCATCTTTACAGTCTTCGTATTCACCTGCTTTCACATCAACTGGTGAAGGACTG
TGGACTGTACCATGGTTTAAATCTTGAACATCTGCTTTTACTTTGTCTTTTGCAATGTCAAT
AATTACAAATTCATCAGCAACACCTTGCCTAACCATGCAAAGGCATAGCTTGATCCTAC
AGATCCATCTCCGATTAATACAACCTTTTACCAAATGTTTTTCAT

> **fda**

Function: protein coding sequence; fructose-bisphosphate aldolase class 1

Best match: fda_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2751721:2752611]

Position: 065-contig_242_RC: 45551 ... 46442; Length: 891 bp

Sequence:

ATGAATAAAGAGCAATTAGAAAAAATGAAAAATGGAAAAGGCTTTATTGCCGCATTAGA
CCAAAGTGGTGGTAGTACACCAAAGCACTTAAAGAATATGGTGTAAACGAAGATCAAT
ATAGCAATGAAGACGAAATGTTCCAACCTGTTACGATATGCGTACACGTGTGGTAACTT
CAACTTCATTCTCACCAGATAAAAATTTTGGGTGCTATTCTTTTTCGAACAAACAATGGATCG
CGAAGTAGAAGGCAAATACACTGCAGATTACTTAGCTGATAAAGGTGTTGTTCCGTTCTT
AAAAGTAGACAAAGGTCTTGCTGAAGAGCAAATGGTGTCAATTAATGAAACCAATCG
ACAACTTAGACAGTTTATTAGACCGTGCAAACGAACGTCACATTTTGGTACAAAAATGC
GTTCTAACATTTTAGAATTAATGAGCAAGGTATCAAAGACGTTGTTGAACAACAATTTG
AAGTTGCTAAACAATATTGCTAAAGGTTTAGTGCCAATTATCGAACCAGAAGTTAATA
TTAATGCAAAGACAAAGCTGAAATTGAAAAAGTATTAAGAGCTGAACTTAAAAAAGGT
TTAGATAGCTTAAATGCTGATCAATTAGTAATGTTGAAATTAACAATTCCTACTGAACCA
AACTTATACAAAGAGTTAGCTGAACATCCTAATGTTGTTTCGTGTCGTTGTATTATCAGGTG
GTTACAGCAGAGAAAAAGCAAATGAATTACTTAAAGATAACGATGAACTTATCGCAAGT
TTCTCACGTGCATTAGCTAGTGATTTAAGAGCTGATCAATCTAAAGAAGAATTCGATAAA
GCTTTAGGTGATGCTGTAGAATCAATCTACGACGCATCTGTAAACAAAAACTAA

> **mqoB**

Function: protein coding sequence; putative malate-quinone oxidoreductase 2

Best match: mqoB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2752805:2754301:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 46636 ... 48133; Length: 1497 bp

Sequence:

TTAGTTTTCGTAGTAACCTAATTCTAAGTCTTTTGAAGTTTGTTCACGGATTTTTCTCATT
ATTTTTCGTCTTCAATTAATGATTCACCGTATGATGGAATCATTTTCTTGATTTTAGGTGCC

CATTCAGTTTTGTATTACAGGGAAGTTACGTTCTAATACTTCTAACGCAACTGAAACTGAAG
TTGAAGCCCCTGGTGATTCACCTAATAATGCAATTACAGTGTGGTCTTGTGAGTTAACCAC
TTCTGTACCGAATTGGATGAATCCTTTACCGTGTTACAGGTGTATCTTTGATAACTTGTACA
CGTTTACCAGCAGTGTATAATTGCCAATCTTCATTACGTGCTTCTGGATAGAAAGTACGTA
AGTGGTTCATACAACCTTCTTTTGTGATAATCACTTGATCAAATGAGTATTTAATTAAGG
TAAGTTTTTAACTGCTGCTGCTAATAAAGTTGTAATGTTGTATGTTTTAACAGACTTGAAT
AAATCTAAGTTAGAACCATTTTTCAAGAATTTAGGTCCAACATTAGCAAATGGTCCAAT
AATAATGTTCTTTGACCATCAATGTAACGCGTATCTAAATGAGGTACAGTCATTGGTGGT
GTACCAGGTGGCTCTTTACCATAAACTTTGGCATCGTGTGTTCAATAACTTGTGGGTTTG
TACAAGCTAAGAATTGACCACTGATAGGGAATCCACCCAAATGTTTACTTTACGGGATAC
CTGTTTTTTGTAATAATGGAATCGCTCCACCGCCAGCACCGATGAATACATAGTCAGTTAC
TTGTTTGAATTTCTCACCAGTTAGGCGATTTTTAACAGTAACTTCCCATTGACCATTTGAT
AATTGTTCAAAATCAACAACCTTCATGGTTAAATTGCACTGTAGCATTTGGATGTGCTTCAA
TGCTTTTAGCCATTTTACGTGTTAATTCACCGAAGTTTACATCTGTACCTTCGTCAATTTTA
CTTGCCGCCATGATACCAGGGTTATCTTCACGGCCTTTTCATCATCAATGGAATCCATTTTT
TCATTACTTCGATGTCTTCAGTATATTCGATATTATCGAACATAGGGAAAGCTTTCATCGC
TTCGTAACGATCTTTAAGAATTTAACATTGTTTTTACCTCTAACATAACTGATGTGTGGT
AATGGATTGATAAATTCTCTTGGGTTCTCGATGCTACCGCTTTTCTACTAAGTGACCCAGA
ATTGTTTTGAAATCTCAAACCTCTCGTTAATCACTTTTCGCTTTTTTCGATGTGATAGAACC
ATCAGGTTGTAAACTGTGTAGTTCAACTCACATAATGCTGCATGACCCGTACCAGCATT
ATTTCTTTTCGTTTGAACCTTCGATTGCAGGACGATCCAAGCGTTTCGTAAACGTGGATATTC
CAGTCTGGCTCAATTTCTTTAACATTGAACCAAATGTTGTGCTAAGTACACCGGCTCCAA
TTAAAACGATGTCTTTACTATTAGACTTAGCCAT

> **acsA2**

Function: protein coding sequence; acetyl-coenzyme A synthetase

Best match: *acsA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2*[2692379:2693977:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 48817 ... 50416; Length: 1599 bp

Sequence:

TTATTGATTGCTATCTTTTTGTTGTTGCCATTTGTCTATTTACAGCATCTCGTAGTTCAACAC
GACGAATTTTACCTGAGTTTGTGTTTTGGTAAGTCGTCAACGAATTCATCTCTCTCGGATA
TTTATATGGTGCAACTTCATTTTTAACAAATTGTTGTAGTTCTTTAACTAACGTATCATCAC
CCGAGTATGGTCCTGTAAAATAACGAATGCTTTAACAAATATTTCCCTCGTATATCATGAG
GCTTTGCTACTACAGCACATTCTTTAACGGCTGGATGATTCGTTAACGCATCTTCAACTTC
AAAAGGCCCAATCGTATAGCCTGAACTAATAATAATGTCATCTCGACGTCCTTCAAACCA
GAAATAACCATCATCATCTACATGAGCTAAGTCACCAGTGATGTAGTATTTACCTGTTTGC
GCTTTCGCCGTACGTTCTGGCTCTTTATAAATACCCTTTGAAAAGTGCTGGCAAATCAAGTG
GTACTGCAATATTCCTTTTCGTATTAGCAGGTACGCTATTCCCCTCATCATCTACTACAGT
GACCGAACTACCCGGAATGCCTTTACCCATTGATCCAATCCTCTGTGGTGTATCTTTTTAAA
AAGCCTATAAGCAAGGTACTTTCAGTCTGTCCATATCCATCTCTTACAGTTAAATTAAGT
ATTTCTTGAATTGTTCAACTACTTCTCGATTTAGTGGCTCACCTGCAGAAACGGCACTATG
TAAATGCGTTAAGTCATAATCATTTAAGTTCTGTAATTTAGCCATCATACGATATTCTGTC
GGTGTACAACATAAAACATTAATTTGATATTTTTGAAGCAATTCTAAGTATGTTTCAGGAC
TGAATCTTCCATTAATAACAAAAGCAGTTGCACCTGAACCTAATACAGATAAAAAAGGAC
TCCATACCCATTTTTGCCAACCTGGTGCTGCTGTTGCCCAAACCTAAGTCATCTTCATTAAT
ACATAACCAATGTTTTGGTGCCATTTGTAAATGTGCAAATCCCATCCATGACAATGTGTA
ACGGCTTTAGGATTGCCAGTTGTACCAGATGTATATGACAGAATCGCCATATCATCACGC
GTCGTATCTGCCATTTCTAGTTTGTACTTGCCTTTTCTTTTTTCAGCTTCAAGTGAAATCCA
TCCATCTTTTTGACCGGCAATAACAAATTTAGTTAACGCATCATATTTCTTTAATTTTTCAA
ATTCAACTGTGAATGGCTCTAATGCAATGACTGCATTTATTTACCGTGAGTGATACGGTA
TTGTAAATCTTTAGTTCTTAGCATTTTCAGAACATGGAATGATTGCAACACCTAATTTTTAAA
GCAGCAATATATAATTCATACGTCGCAATAGATCGTGGCATCATAATGAGTACTTTATCG
CCTTTAGATAAACCGTGCGATGCTAAAACATTACCTACTTTATTAGACTGTTCAATGAGCT
GTTGGTAAGTGACTGATATATCTTCGCCTTCAGTATTATGATATAGAATTGCCTTTTTATC
TGGTATGTGGCTATATTTTTCGATTTCCGAAATAATGTTATATTTTTTCAGGCGCGAATAGA
GCTGACTTTTGCAT

> **betA**

Function: protein coding sequence; choline dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: betA_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2757991:2759700:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 51822 ... 53532; Length: 1710 bp

Sequence:

```
TTATTTAGCGTATGGTTTTACTTCGATTGCACCTTCATTTTCATCATGAACACCATGCTTAT
AATAATCAATATATTGTGGCTCTAAAGGCTTTCTGCCACGTATAATGTCTGCTGCTTTTTTC
AGCTAACATTAACAGGTGCATGTATATTGCCATTTGTCGTACGTGGCATAGCTGATGC
ATCAACTACACGTAAATTTTCCATACCGTGGACTTTTCATTGTTAACGGGTCAACTACTGCC
ATTGGATCTGAAGCAGGACCCATTTTAGCACTACAAGATGGGTGTAATGCTGTTTCACCA
TCTCTACGAACCCAATCAAGAATTTCTTCGTCTGTTTGCACCTTCTGGTCCCTGGTCAAATTT
CTCCACCATTGAATGGATCCATTGCTTTTTGAGACAAGATATTTCTTGCTACACGAATTGC
TTCTACCCATTCTTTTTTATCTTCTTCTGTTGATAAATAATTAAGCGGATACTTGGTTTTT
CGAATGGATCTTTAGATTTGATTTTCAAGCTACCACGAGAGTTTGAATACATTGGTCCTAC
GTGAACTTGATAACCATGTGCGACCGCTGCCTTTTGACCATCATATCTTACAGCTATTGGT
AAGAAATGGAACATTAAGTTAGGATAATCAACTTCGTTATTTGAACGTACAAATCCGCCA
CCTTCAAATGGTTAGATGCTGCTGCACCTGTACGTGTGAAAATCCATTGTAACCAATA
AATGGCATGCGCTTGATATCTAAGCTTGGCTGTAATGATACAGGTTCCCTTACATTTATGTT
GAATGTATACCTCTAAGTGATCTTCAAAGTTTTACCCACACCAGGTAATGAACACGTG
GCTCAATGCCTTTTGATTTTAGGAACTCTGAATCACCGATAACCAGATAATTGTAGTAATTG
TGGCGTATTGAATGCCCCACCAGACAAAATGACTTCATTAGCATCGATGGTATGTAGTTT
GCCATTTTTCTTATACGTAACACCAGTTGCTCTTCTACCTTCATAATGAATTTCAAGTTACA
AAGGCACGTGTTTCAACGGTTAAGTTTTTACGCTTCATAGCTGGATGTAATATGCTCTTG
AAGCTGACATTCGGCGACCACGATGTACTTGACTATCGAACGGTCCAAAACCTTCTTGTC
TAAATCCATTCACATCAGGTGTTTTATGATAGCCTGCTTCAACACCTGCATCAAAGAATG
ACTGGAATAAAGGATTCGTTGCTGGCCCTCGTTTTAACTTAATTGGTCCATCATGGCCTCT
AAATTTATCATAAGGCGCTGCACCGTATGTTTTTTCTAATTTTTTAAAATACGGTAAACAG
TGCGCAAAATCCCAAGTTCCATACCTTCTGGTTCTGCCAACCTTCATAGTCCATTGGAT
TACCACGTTGATAAATCATGCCATTAATCGAACTCGATCCACCTAAAACCTTACCTCGGG
CATGTGCTACTTTACGACCGCCCATATGTGGTTCTTCATCTGTTGAATAAATCCAATCGTA
AAATTTATTGCCTGAAGGGAACATTAACGCAGCAGGCATTTGGATAAATAAATCCCAAAA
ATAATCACTGCGACCCGCTTCTAATACTAAGACTTCTTTATCTTTATCTTCACTCAGACGA
TTACCTAGTACAGAACCTGCACTGCCTCCTCCAATGATGACATAATCATATGATTTATTTT
TGTTACTCAT
```

> **betB**

Function: protein coding sequence; betaine aldehyde dehydrogenase (core genome, constant)

Best match: betB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2697354:2698844:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 53792 ... 55283; Length: 1491 bp

Sequence:

```
TTATTTGCTAAACCAATTCACCTAATTGTGGATTTGTATTTGTTAAAATGTGTTTTGAAACA
AGGTAATCTTCTAAGCCTTCTTTGCCTAATTCTCTACCGATACCTGATTGTTTGTATCCACC
CCATGGCGCTTGTGCAAAATATGGATGGAAATCATTAAATCCACACCGTTCCAAGTTTCAA
CTTGTTAGCAACGCGTTGTGCTTTTCCAATATCTTTAGAAAATACAGCACCTGCTAAACCA
TATATAGAATCATTTCGCTAATTGAATCGCTTCTTGTTCAGTTTCAAAGCCTTCTACAGTAA
CGACAGGTCCGAAAACCTCTTCTTGTACAATACGCATTGACGTATCACAATTTGTAATGA
CTGTTGGCTCGAAGAATAGACCATCTTTTAAATCATCTCTATCTGGACGTTTACCACCAAT
AGCAATTGTTGCGCCTTCTGCTTTAGCTACATCCATATAAGATTCGATCTTATTACGATGT
TCTGTTGAAATCACTGGTCCCATTTCCGGTATCAGCATCAAACCATTACCTAATTTGATTT
TTTTACGCGATCAATAAGTGCTTGTCAAATTTGTCTTTAATACTGTTTTGTACTAATATT
CTTGATCCTGCTGAACAACTTGACCTGCATGGAAATATCCACCATTAAACGCTTGGTCTA
CTGCCAATTCAAATCAGCATCATCAAAGATAATGTTTGGATTTTTACCGCCAAGTTCCA
AGGCAATATTCGTAACATTATTAGCAGCATTTTTTCATAAATATGCTTACCAGTCTCAATGCC
ACCTGTAAATGATACAAGGTCAACCTCTTTATGACCTGACATTACGTCACCAACTTCAGA
```

ACCTGCACCTAGAATAAGATTAATTGTTCTTTAGGGAAACCAACTTCTTCCATTAATTCA
AAAACACGTATTGTTGTTAATGGTGAATTTCACTTGGTTTCATAACTAGTGAACAACCCG
TAGCAAGCGCTGGCGCAATTTCCATGATGCTTGTAAATAACGGATAATCCAAGGTGTAA
TTTGTGTAACCTACACTGTTCTTTAAACAATTTGCTTTCTGTATCTGGAATTGGTGAA
TCAATCATTTTCGCCACCGTCTTTATCTGCTAATCCAGCAAAAATACATAAACACATTATGAA
TATCATCCATATCTGCATATGATTCTTCTAACGTTTTTCCAGTATCTAATGTTTCTAATCGT
GCTAACGCTTCGCGATGTTCTTTGATCTTGTCCGCGATGGCACGTAATTTTTTACCTCTTGT
TTCAGCAGTTTCTTGGCACCATTACCAGACTCAAACGCACGTCTTGCAGCTAAGATTGC
ACGTTCTGCATCCTCTTTCGTCCTTCAGAAACCGTAAATATCACTTCTTGATTGTAAGGA
TTGATAATATCTCTTGTATTTTTATTTCGCGCTTCAACCCACTCACCATCAATATATTGACG
CTGAGATAAATGTTTTAAAAGTTCCAT

> **A8Z5A6**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: A8Z5A6_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2761520:2761615] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 55351 ... 55447; Length: 96 bp

Sequence:

ATGAAAAATGTGTCAATTTACAAAACAACTCAAGAATTAAGTTTTGTAAGTTCGTTAGAT
TTTTATTTAACGAAACATTTAACTTTAATGCTTTAA

> **Q79ZX2**

Function: protein coding sequence; putative transcript regulator (core genome, constant)

Best match: Q79ZX2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2699097:2699660]

Position: 065-contig_242_RC: 55535 ... 56099; Length: 564 bp

Sequence:

ATGACTCGTTCTCAGAACAAACAGCAACAATTAGAACAAGCAAAAGATATTGTAATTAAT
TCAATTGGACAAACAATGGATTTGTATGGCACTAATAGAAGTGTAGGAACTTATATGGC
ACTATGGTGTGTTGAAGGCAGTATGACGCTTGATGAAATGCGTCATCAATTGCAAATGAGC
AAACCAAGTATGAGTGCTGGCGTTAAGAAATTGCAGGAATTTGATATTGTTAAACAACAA
TTTACGAGAGGAAGCCGCAAACAACATTTTATCGCCGAGAAAGACTTTTTTCATCTTTTTCC
GAACTTTTTTCACTAAAAAATTTAGCGTGAAATTGACATCAATGTCGAAGCAGTAAAAG
ATGCTCAAGCTATTATCAATCCATTACTTGAAAGCAGTGATTTAACTGAAGCTGAAACAC
AAGAGGCACAAAAAATTAAGCTCAGCTTGATCATAACATGTTTATTACGAATGGTTAG
AACAGTTAACCGAAGCGATTGAAAGCGGTGAAATTTCAAATATTTCCCAATTCCAGAAC
AGCCTTCTGATTCTGAAAATTAA

> **txbi_cudT**

Function: bidirectional rho-independent terminator of cudT and Q79ZX2

Best match: txbi_cudT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2699714:2699777] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 56152 ... 56216; Length: 64 bp

Sequence:

GGTCCACGAAATAAACGGTAATTTCTATCTCAATAAATAGAAATTACCGTTTTTGTTTTAT
ATG

> **A6QKA2**

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: A6QKA2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2699848:2700534:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 56286 ... 56973; Length: 687 bp

Sequence:

TTAGCTATTCTCGCCCTCACGTAATCTATCAATAATTTTTGTATTTGTTACGTTTTTCAT
ATTCATTTTTCTACAAAATAAACTAACGGTTCATCTTTGATAGTAACCCAAGGTACAAGTA
CATCAAAATCTAATTCTTTAACCATCTCTAACTTTGAATAGATTTTTCTCTATCACTTGA
ACCTAATAACTGTACGCCATCTCTCCCTTCAAACATATAAAATCTCCAGTAAATAA
GTAACGATGATGACCATCATCCATAAAAACAGTGTCTGTCCTGGTGTATGTCCAGGCGC

GGGAATAACTTCTAAATCCTTATCCAACATTACACGATTACTAAATTGTTTTTGAACAGAA
ATCTTATGTTTCAGTGCAGCCACATCATTTTCATGTATAAAGTAAGGAGCTTCAACTTGAT
TAGAACCTCCTATAGATTCATGATCATGATTCATCAACTTTTGAACACCACCTAATGA
TGCAAAGTCTTGTTGGGAGTCACCTAAGTGTCCGGAATGATAGATAACAATATTACCTGT
TTCACGTTTTAAATAAAAAGATTTAAATAGAAATCGATTATCAAAGGCAGTCCGAAGT
AGGTGTCGCATATAAGTTTTTTGTGATGGATTCTAAACTGTCATGTAATTTGGACTGTTTA
TTTTAAATTGATTAGTCAT

> **cudT**

Function: protein coding sequence; putative betaine transporter (core genome, constant)

Best match: cudT_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2700793:2702415:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 57236 ... 58859; Length: 1623 bp

Sequence:

TTATAAATTATCGTCTTGTTCTTCTTCTGATACTTGAACGATTTCGCAATGAACGACGTTCA
ACTTCTTTTAATTTTTTTCAGCACGCGTTTCAAGTTTAATTCTATCGCGCCCTAAAATGATTA
AAAATGATATCATCATGAAAATAAAAATAACAATTAATGGCACACTTGCCAGTATTGAAG
CAGTTTTCAATACTTCTAATGCACGTTTCGCCACCAACTAGCATCAATGAAAATGGCAATA
AGCACAATGCAAATGCCCAGAATAAACGATTGGCACGTAATGGTTTCGCTACCACTTTTT
TCTGAGATGCTGCCGCTAAAATATATGAACCCGAATCAAATGTTGTTGCTAAGAATAAGA
AAGCAGATACTAAGAATAGTACAATCATCAATGATGGGAATGGTAAATGATGCACCACT
TCAATAATGGTTGCCTCTGTACCATGTGTATTTAAATATTGTGTTACATTAACCTGTCCAG
AAATTTGTAAATACACAGCATAGTTACCAAAAATACCGAAGAATAATACGCATCCAAGC
GTTCCATAAATAAATTGTTCCCTAGCACGACTTCTTTAAGGCGTCGACCTTTTGAAATTCTAG
CAATAAATAAACCGATAAATGGCGCATATACTAACCACCATGACCAGTAGAATATTGTCC
AGTCTTGTGGGAAATTCGTTTCTTTTCGACCTTTAATACCACCGAATGGTTCTAACCATGT
TGCCATATGGAAAAATCTCTCAACATATTTCCGAACCTGTCACTGTCGTTCCATAATA
AAAACAGTCGGTCCAATAAATAAATAAAAGGCTAAAAGTACAAATGATAACCAAACGTT
GATATCACTTAACCTTTTGAATACCTTTTTTCAATCCTGTATATGAACTAATGGCAAATATA
ACCGTGATTGTTAATAAAATGGCCGAACGTAAAATCATATTTTTACCATCTAAACCAGTT
AATCTTTCTATGCCTGCAGAAATTAATGGCACACCTAACGCTAGTGATGTTGCCGCACCA
CCTAGCAATCCAAAGATAAATAAGATATCTACAACCTTACCTACAAATTTATCTGTTTGAC
CTTTTAAAATCGGGCGACAAGCTTGACTAATTTTATACACCGGTTGTTTTTAAACAAATAC
TAAATAACCAATTGGTAATGCTGGTAGAACATAAATAGCCCAAGCAATTGGTCCCAGTG
GAACATAACCATATTGCGTCGCATATTGGAGTGCTTCATCACTCATACTTTTCGCGCCATTT
GGTGGTACTTGATAGTAAAAGCCATTCAATAACGCCCCAGTATAAAATATCAGAGCCT
ATGCCTGCACAAAACAGCATTGCCGCCATGTAAATGTATTAATTTCTGGTTTATCACTTG
CTTTACCAAGTGTGACATTACCATATTTACCAAATGCGATATACATTACAAAGCAAAAAA
TCGCCAGCCCCATAAATAAATATATCGAACCAATTGAATCAGAAATGGCACTATTAATAC
CAGTGATGATATCTTCACTTGCTTTTGGAAAAGCCATCATAGGTATAACTGCAAAAAGAA
GTACAGCTACTGTCCCTATAAAGGTCGTCCAGTCCATAACTTTCTTTTTTTCAA

> **nrdG**

Function: protein coding sequence; anaerobic ribonucleotide reductase/small subunit

Best match: nrdG_CC030_MRSA252_BX571856.1[2783529:2784065:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 59378 ... 59915; Length: 537 bp

Sequence:

TCAACTAACAATATATTCAATCATACGCGCATGCGAGAGTGATTGTTGTACATCTATAAT
GCGTTGATTTAAAGAACCCTTTATATGGTAAATCAGGTTTGAATAAGTGTGATAAATAG
CCCATCTACTAAAACGTCAATGTATGATAATAACTCTCGACGTTCTGTACAATCATTGCT
AAATATTCATATAAAAATCCAGTCCATACCCAAAGTGTCTTTGTATTTCCAAAACGTGCTC
GAAATGCTTTGACAAGATTTAATGTAATATCCAAATTACAAAATGGTTTCGCCACCTAATA
GACTTAGCCCAGATATATAATCATGATCGCAATCATCTAATATTTCTGCTAATATTTTCATC
AGTGTATTTCTCGCCATATCTGAACTTTTGTGAGGCTTTGTTGTAACATCCAACACAATTA
AATGGACATCCTGATACATAAACACTGCATCTTACTCCTTCACCGTCAACAAAGCTATTTG
ATTCTATTTTAGCAATATAACCTTGCCCTTGTTAATGTCTAAAAGTGCAT

> **nrdD**

Function: protein coding sequence; anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase

Best match: nrdD_AJ292926.1[313:2163]RC

Position: 065-contig_242_RC: 59911 ... 61762; Length: 1851 bp

Sequence:

```
TCATTCTTTAGGCGCTTTCATATGTTTTACTCGTGCGCAAATTTCTTTATGACGGCCTTTAA
TTACTGGACGTTGCACTGGATTGCCTAAGTAACCACATGTTTCGTTAACGACATCAACTGT
TTTAGGATTATCATTGCCACAGTTCGGGCATTTAAATCCTTTTTTCAGTTGCTTCAAATCT
CCATCGTAATCACATTCATAACAATGATCAATCGGAATATTTGTACCTAAGTAACCAACT
TTGTCATAAAGAGTAGTCCCATACCGCTTCTAGTGCTTTCAAATTGTGTTGCAGTTTCGGAT
ACTCACAATAGTGAATGAAACCACCCTCGCATAATAAGGATAATCTTTTTCAAATCTA
ACTTTTTCAAAGGTGTAACATCTTTACGTACATCATAATGGAAAGAGTTTTGGTAATATCC
TTTATCTGTAATGTCTTTAATATCTCCAAATCTCTCTTGGTCTAAACGACAAAAACGATCC
GTTAGCGATTCACTCGGCGTACTGTAAATACTGAACCAAATGTCATATAATTCTGTCCATT
TCGTTTGATAACGTTTCATTTCTTTAAGAATTTCAAGCGTAAAGGCTTTTGCTTCTTGAGA
TGTTTCCAGTCTGGACCATAGAAAACAGTAGCTGTTTCATACAACCCTATATAGCCCATT
GAAATCGTTGCACGTTTATTTTTAAATAACTCAGCAACATCATCTGTTTCTTTAATTTATA
GTAAATGCGCCACTTTTATATAAAAATCGGTGCATTATTCGGCACAGCATCTTTTAAACGG
TGAATACGATAAAGTAATGCATCATGTAACACATCCATGCGTTCATAAAAAGATTTCCAG
AATTCGTCATATTACCAGCAGATTCTAATGCCATTCTAGGTAAATTAAGCGTTACAACAC
CAAGATTACAACGACCATTATTTTCAAATGTCTTCCGCATCTTTCCAACCTGGTAAAAA
TGAGCGACAACCCATTGGCGCTTTGAAATCACCTAATATTTCTACGAGTTTGCATAATTT
AATATATCTGGATACATACGTTTCGTTGAACACTTCAATGCTAGTTGCTTAATGTCATAAT
TCGGATCTTGAGGTCTAAAGTTGGTTCCTTTTTTAATTGAAAATACAAGTTTTGGGAAAAT
CGCTGTCGTGCGGTCTTTTCCCTAAGCCTTTGATACGAGTATTTAAGATAGCTTGTGAAAT
TTGCGACTTAAATGATCTGTACCTAAGCCGAATCCTAATGTTACAAAAGGTGTCTGTCCAT
TAGATGTATATAAGGTATTAATTTTCATATTCTAACTTTCAATCGCATCATTGATGTCTTT
AGTGACTTGTGATCAACATAACGGTTCGATTTTCAGATTTCTTTGACAAATTGCTTTGCGATA
TTCCTATGTTGTTCTTCATTATGTCGTGCATATGTAATAAGTAATTCGTCAACGCGGTC
CCGTACAGCCACCATATTGACTGCTAGAAACATTGGCTATAATTTGTACAAGCTGCGCTG
ATGCAGTTTGTATTGATTTTGGTGAAGTTACATTCGCGTTGCCTATTTCAAATCCATTATG
TAGCATATTTTAGCATCTATTAACAACAGTTTGTAAACGGTTGGAATGGATGATAATCT
AAGTCGTGAAAATGTATGTCCCCTCTTTGATGTGCATCTGCAACGTGCTTTGGTAATAAAT
GATTTAATGCGTAAGATTTAGAAACGATACCTGCTGTTAAATCTCTCATTGTTGAAAATGT
ATCACTATCTTTGTTGGCATTTCGTTAACAATAGCAGGATCTTTAGAAATCAAACCCGTT
AATGCTTCTTCGATTTGATTCAT
```

> **citM**

Function: protein coding sequence; putative magnesium citrate transporter

Best match: citM_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2705563:2706933:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 62007 ... 63378; Length: 1371 bp

Sequence:

```
TTAAATCGTCACAATGCCCATCAACATTGCAATTAACATAACGATGGCGAATCCCCA
AATCCAAAAGAATGCATACTTAATATACGTGCCCATGTTTGCCTCTGCTAAACCAATTGC
CAACCATAAGGCTGGTGAACGACTGACAAATGTACCTATAATATCCCTATAACCAT
TGAATAAGCTGTTGATACAGACGGTACACCAAATTGCCCTGCTGTTTGTTCGACGATCGG
TAACACAGCAAAATAATAAGCGTCTGTGCTAGTTAGTAAATCTAATGGTACGCCAAGTAA
ACCTACAATAATATGCAAGTATGGTCCTACTTCTGCAGGAATCACTTTGATTAATTCGTC
GCAATCGCTTTAAGCATAACCGTTTTCAATTTAGTACACCTAAAAACATACCTGCTGCAATA
ATCACTGCAGCCATCATTAATGCATTCGGCGCATGCGCTCTTAATCGCTCCATTTGTTTCAT
CCACTGATTTAAAATTAATAACAAGCGCCAATGAGACACCTATCATGAATGCAAATTCAG
GTGGCGCAATATTTATTAACATCGCTAGAATAACAGCTAAAGTTAAAGCTGTATTCACCC
ATTTTATCCATGGTTTTGTTTCGTGCACGTCCTTTTACAGGAAACCTTACATCTTGATCTCGT
TCATATACTTCAACTAATTTATGTACATCTATATCTTGTGTTTGGCGTAATTCATTTCTCTC
```

TATTGCTTTTTTAATACGCTTTTGTTCCTTTAAATCCAAGATATAACCGCAAATAACATAACA
AGAATGAAACCTATTATTTGAATAGGTATTAATCCATACCATAAATTCATTGACACTTTTGG
CTTTTAACACTGCAGCTACACGAGCCATTGGACCTCCCCAAGGTACCATGTTCATAATCG
CCGCGCTTAATGCTAATAGTAGAATCAATAAATATTTATTCATATTTAACGCTTTATATAA
AGGTAATAATGCAGGAATAGAAAGCAAAAATGTTACCGCACCGGCACCATCTAATTGGG
CTATTGTGCCAATTAAGCTGTCATTGCACAGACAATAACGACATTGCCTCGTGTCTATTA
ATATTAAGCGTTTGACAAGCGGCTTGAATAAACCACTATCGTTCATGATGCCAAAGAAAA
TAATGGCAAAGATAAACATAATAACAACGTTGATGACTTGATCTAACCCCTTTAGCAAAAA
ATCCAACCAAATCTGTCACACTATATCCTAAAATCATTGCCCTAAGCAAGGTATGATTG
TCATACCAACAACCTGGATTTATCTTTTTGGCAATGAGTAAACCTACAATTGAAATAATAA
TAATGAGCCCCATTACTGTAAACCACATATTATCACTATTCAT

> **cysG**

Function: protein coding sequence; precorrin-2 dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: cysG_CC010_D139-ST145_ACSR01000078.1[68421:69026:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 63853 ... 64459; Length: 606 bp

Sequence:

TTATTTTTTATCTAACCATGCCAAAAATTGAGCTTGTTTAGTATCGTTTAAATATTCTTTTCG
TCACTATTTGTGATAACAATTGCTGCTTTTCGCTGTGATTTCATATCAAGTACTTTTATTTTC
TGTCGGCAAGTATATAAAAAGTCGATATACGAACTGTATGATGGTGGATATAACGCCTCA
AGCTCTGCCATAATTGATTTTGTCAACTTAGGACTCGCACCATCAGTTGATACACTGATAG
TTAGCTTGTGCGGGTGTAGTGCACCTTGAAATACAACATTACCATTTGATGCATCTCCTAC
ATTATTA AAAAGGGCATGCTCAGGTAAGGCTTGTTTTACCGCTTCATTTACACGTGGCTCA
TTGGTTGCTGCAATAACTAGATACGCGTCTACAATATCGCTTGGTTCAAACCTTTTTTCTT
TCCATATGACGACACCGTTATCTACCATATTTTGAAGTTTTTCTGTGATTGTGCGGACTGAT
GACCGTCATATGTTCAATATATTGACTTAATGTTTGTGCCCCGACGACTTGAACGACGCCT
CCACCAACTATGACGACATTTTTATTTGTTAAATCTATCATTAATGGCATATTCAT

> **cysJ**

Function: protein coding sequence; sulfite reductase (NADPH) flavoprotein/alpha-component (core genome, variable)

Best match: cysJ_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2708077:2709957:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 64521 ... 66402; Length: 1881 bp

Sequence:

CTAATAAACATCACGTTGATAGCGTTGTTGCTGTTTCATTTGACGCAATAATAACTCTGCT
TCTTCTTGAGAAATATGACGTTCTTTTACCAATACATCTTTAATGGCTTGATGGACATCTT
TCGCCATACATTTTTTCATCGCCACAAATATAGATTGCTGCGCCTTGCTCAATCCATTCATT
GAAACGTTCACTTTCTTCCATTATACGATGCTGTACATATTCTTTGTGTTCTTGGTCTCTTG
AAAATGCTAAATCTACGCGTGTTAAGTTTCCATTTTCAAGCCATTCTTCTATTCTTCTTCA
TATAAAAAGTCAGAACTACGGTGTTGATCACC AAAGAACAACCATGTTTTTCCAGTCATA
CCAAGTTCTTACGTTCTTGTAATATGCTCTAAAAGGAGCAATTCCAGTACCTGGTCCAA
TCATAATAACCGGTATATCTTGCTTCATCGGAAATTTGAAGTTTCGGATTTTTCTTCAAATA
AATTGGTACTATATCGCCTGGTTAATTCGCTCAGCAAAATGAACCGAGCATAACCTTTT
CTCTCACGTCCATGTGCTTGATAACGAACCGTACCAACGGTAATATGCACTTCATCTGGC
GTTGCCATAAACTACTGGAAATCGAATACTCTCTTGGTGGTAATTTTCTAAGGATTTGAT
ACATATTCTCAGGTTGTAATTCTATAGTTGGAAAATCTGTTATTAATCTATAAAGTCCCG
ATTTATAACATATTCACGCGCCCATGACTCATCTTGAATACGTTTCAGATAATTCTTCATTG
TCAAAATAGATATCTGCATTTTTCAATAATGGCAATGTTAATTTAGTAAATTCAAAATGTG
ATGTTAGTGCTTCAACAATAGGAACTGTATCACCATGATCATTAATTGGCACCGGAGATT
GCGGATCCCAACCTAACATGGATATTAGTTTTTCAACCAATTCAGGGTCGTTTTGCGGTAA
TGCTACTATAACAATCTCCTGGTTCATATGATTCACTAAAATCATCAAGTAAAAATTTCTATA
TGTCGTGTTTCTTTATTTGAATCGGTACCATTTAAATTGATATTCGCTAAAACCTTCTGCTTG
GTATGGATTTGATTTAGAATATTTCTTTTCTTTGGCAGACTTAATTGATTCACTTATCACCG
ATTCACTTTGAATACCTTCTGATGTGGTATCAATAATATTAATGATGTCTGCCATCCACTT
TTCTGCGTCTTCTTCATAATCAATATCACAACTACACGCTTACATATACGCTCAGCGCCT

AGATTTTCCAGTAAAGCATCTACATCTTTACCGGCTTGACAGAAAAATTCATATGTTTGTGAT
CACCTAAAGCTAGTACTGAATATCTCACATGATTAAATTAGGTGCGTTATCGTCTTCTAA
AAATTCAAAGAAATCCCATGCATTATCAGGCGGTTCTCCTTCACCATGAGTAGACGTAAT
AATAAATAAATCTTCTAACTGCGCGATGTTTGTGCGTATCATATTCATCCATTGACATCAA
ACAACTTGATGTCCGATATCACTTAAACGTTCTGAAAAAATTCAGCTAAACGCATGGCA
TTACCTGATTCAGAACCATATAGCACTGTAACATGCCGCTGATTAGCTTCGATATGTGGCT
CTTTATTTTGTAAACATATACGTTGTTGAAGTTGCTTGTCTTCTGATATTTGTGATTGTTGC
CACACTTCTGTCTCTAATTGTTGTTGATTACTATCACTTGTGCGTATCGTTACTATTAGCTAG
TAAAAAACCCTAAGCCACTGTTGTTGGCTCTCTGTTAATGTTTGCAGCAGATTGTTAATC
TCTGTGACTTGTTTTTCTGTAATGGACTATTAGATGTATTTAATTTCAA

> **gpxA-L2**

Function: protein coding sequence; glutathione peroxidase locus 2 (core genome, constant)

Best match: gpxA-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2710352:2710849:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 66796 ... 67294; Length: 498 bp

Sequence:

TTAAGATGAAGATTCTTGCAATAATATTTCTATATTTGTGCGATATATCCAATGGATCTTCC
ATTGGCAAGAATCGATTTACAACATTGCCTTGTGCGATCGATTATAAATTTTGTGAAATTCC
ATTTTATTGGGGACCCAAAGATTCCTGGTTGTTTCTTTAAATGCGTAAATAACGGATG
TTCATCGTTCCCGTTCACAGATATTTTAGCTAACACTGGAAATGTTACACCAAATTTCTCA
CGACTAATTTCAAGATTTCTTATTAGAACCTGGTTGTCGATTGTCAAATTTATTATTCG
GAAACTCAACACTACAAACCCACGATCCTTATATTTTGAACAAAGTCTCTAGTTTTTT
CAATTGTTGCTATATATACATTCTGTTGCAGTATTAACAACCTAAAATCACTTTACCTCTA
AATGCTTCTAATTTATAAGTTAAGCCTTTATAATCACTTACTTCGATATCATACACATTTCT
ATTATTCAT

> **nsaB**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/permease (core genome, variable)

Best match: nsaB_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[132026:134026:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 68717 ... 70718; Length: 2001 bp

Sequence:

TTAATTGCGTTGTTGATGAATAACTTTAGCATAAATATAGGAAGTTATTTTGTACATCGCC
ATATATAGAAACGAAATTATAATGACAGCTAGTACGTAACCTTGTTAAAAATATATGATGG
TTATTAATACCTATCATATTTAGTAACGTATATACAATGTTACTAGAAATTAATGTGTGAA
TCAGTGCTACTGTTATTGGTATTGCGAACAAGAAAGTCATTTGATTTTCGTGTTATCTTTGC
TATTCTTCCATTATCTAAACCAAGTTTTTTTCATAATGTCATAATTGTGCTGATTTGCATAGG
CTTCTGAGACTTGTTTATAGTACATCATTAGAAATATTCCAATGACAAGTACAATTGATAC
TACGCCACCTACAAATATTAGTCCACCTGTCAAACGATCCCAAACCATTAGCATTCTGAT
TTAGAATTTATTGACGCATCGTATTTTTTCGATAGCTTTTGTATTTGTGATGTTGTTAATTT
CGTCTTTCCAAATACATTAAGTTTATCGATATTGTCGAATCCTTTTGTTCATGTGCATAA
AATCCTTTTACTTTTTGTAATTGATTGTTATCTTTAACAATTAACCATACTATCTTGAAT
CATCATCAAATTAACGCATGTGCGTCAAGTTGTTTCACTTTAAAGACTTCATTATTAAGA
CCGACCTTAGACTGCTTTTTAAAAATAGGTACATTCGTAATCATACCTATACTTTGATTGT
CTAAGTGTAATTTGTTTTGGTGATATCGATTATAATCTTGTGCGTAAAAGCTGTAATCAT
TACTGATTGTCTTGAATAATCGCGCCTTCATTACCAATGAAGTCTATTGGAATATCATCA
CTAGCCTGTTTTAACTTGTAAATAAGCACGATTCTTTTCTAAAGAAGCTCTAAATAATGTCG
TTTCATATACTTTGAAGTCTTTTGCATTAACCGAACCCTGTATATCACGTTAATATTCTCA
ATTGTTTGTGACGTTCTATTTGTGACTTAGAATTGTGCGCTAAATGACAAATCATAATCAT
TCGTAATCAATTTGTAATGGTATGATTCATATCACGATAGGTTGTTAATGTCATTGTGAG
CGTTACAATCAAAAATGTACACAGCAAAGTGATTGTTGCAAGACTGACTGCATTCATTTT
AAGACGTACACGCATCCCAACTACCACAAAAAATAACCGTGGATGATAGTAACTTTTGA
TACCTGCTGCAATATACTAATAATTATTTCACTTATACCTACAAAAAATGCATAAGTACCG
ATAATAACTAATCCTATGACAATCCATATTTTAAAAAAGGCACCAAACGTCGATCTTGT
TGTAATGCAATAAAGTAGCCTAAATATAGTGCTGCGCTTCTATAATAATTAACCGTAA
CGCAACCATCGTGATATGACACTAGAATCGGAACGATGTTGATAAGTTATCGGTCGTTGA

AAATTAATACTGAACAAGTTGAATATAAGTAGCATGCCCATTAATACAGCAATGATAATC
AAAGTAATAAACATCGCTACAAAGTCAAATGGATAATACCTTAACGTCGCAACTTCACTG
CCCATTATTTTCTGTATAACAAGAAAAATATCGCACCAAGTAAGTATCCGCCGGAATA
CTAACGACTGAAATTATTATAAATTGTAAGATAGTTTCCATCACTACAATTAACGCATA
CTTTTCTTGGTCATGCCCAATGTCATAAAAAATGCTAAACTCTTTTCGTCTTTGTGACATCAT
AAAGTGATTTGCATAGAAAATAAAAATAAAAGTTAAAAGCGCCATAAAAAAATTAGCTA
TGATAATAAATGGTACTAGGAAGTCATTCTTCTGTTTTATGTAGCTATTTAACCCAATTGA
CACAAGCGTATATTCAATCATGAATAGTACACTTACCGCTAAAATGAATGGAATGATTAC
AAGTCGCTGCGTAATAAATTGACGTCGCACTATGTGCCATAACAATCTTAACTTCAT

> **nsaA**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, variable)
Best match: nsaA_CC001-ST772_118_AJGE01000055.1[134023:134787:r]RC (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 70714 ... 71479; Length: 765 bp

Sequence:

TCATATATTGACACTTCCCTCCATTCAACAAGTGCTAAGCTATCTGTTATTCGTTGTTGAAAA
GCTAATTGACTTTCTTCACCACGATATATTTTCATGATATAGACGCCCATCTTTAATAAAAA
TGACTCGCTCTGCATAAGACGCATCGATATTTGAATGAGTTACCATTAAAATTGTCTGTTC
CAATTGATGAATCTCTTGAAATAACATCATCAATGCCTTTGATGTTTTTGAATCAAGTGCA
CCTGTAGGTTTCATCGGCTAGTAAAATCGTCGGTTTAGTAACATAATGCACGTGCAATGGCA
ATGCGTTGCTTCTGACCCCCGAGATTTGAGAAGGATACTTGTTTAAGAATCCCTCTAAAT
GTAATTGACTGCCAACTGATGTACCCTTTGTTCTATATCTTTTCGTTTAGCACCAGCTAA
AATTAATGGCATCATTATATTTTCTTTATTCGTCATTGTTGGTAAAAGATTAATAATCTTGA
AAAACAAAACCTACCATTGTTGACGATACAATGCTTTACTTTTATTTTTCATATTATTTA
AATGTGCGCCATCCACAATAATGTCACCTTCAGTTAGTCCATCAAAAAGAAGCAATTAAT
TTAGTAGTGTAGACTTCCCTGACCCAGACTCACCCATAAATTGCAACAAATTCACCAGCTC
CAACTGATAAATTCATTTGATTAAGTGCTGTCGTAGCATTCAAACCTTTACCATAAACCTT
TTTTACATGTTTTCACTTCTAGCAACATGGCATGCAC

> **nsaS**

Function: protein coding sequence; sensor histidine kinase (core genome, constant)
Best match: nsaS_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2715133:2716020:r]RC
Position: 065-contig_242_RC: 71577 ... 72465; Length: 888 bp

Sequence:

TTATTCATCTGGAAATTGAATCGTAAATGTTGTACCCTCATTTTGTTTAGATACGACTGAA
ACAGGATGGTTTGTGTGAGTTGAAATTTGTTTTACGATAAATAAGCCAATCCCCTTGAG
TTACTTTGACGCTGGCCATTATAACCTGAATAGCCCTTATCAAATATTTTAGGCAAGTCCG
CTTCACTAATACCGATACCATTATCTTTTACGTATAATTGATTGGATTGCTCATCAAATTC
AATCCATATATCTTTACCTCTCGCATACTTAAGTGCATTATTTATTAATTGTTCTATCATT
AAGAGGTCCATCTAACGTCAGTTAATACTTCGTAATGACAAGGTTTATAATGGATTTTTGT
TTTTGATCAATAAACTGTATTGAATATTTTATAAATAATTGGGCGAATGATATTATTAATC
GAAATTTTAGTGACAGAAATATCAGAAGTTTCATTTAATAACTTTAAATAACTAAGTGCT
AACTTGTATAGTTATCAATTTGAATAACCTCTTGACGAACACGATTCACAACATTAGGC
TCATCTCTTCAAGTAACAGTTGTGCTGCAGTAATGGGTGTTTTTCATTTGATGTACCCATG
TTAAAAGTAGCTCTCTACATCATTTTTTATATTCAATTTGTTTCATTTTTAAGCTGATACAAC
GCAGTTTCTAAGTTTTCAATTTGTTGTTGTTGGCTTATAGTTTTTACAAAACCTTAAATATTT
AATACCTATGAATATGAGTAATAATAATAAAAATAACGCCAAGTGCTAGTAAATATGCTTC
TAATGGCAAATGATACAGGTAACATTAAGCCAAATAAAGCAAAAATAACTATGACTA
TTGCTATTTCTGAGTAATACTTTTAAAGAAAGGTCAT

> **nsaR**

Function: protein coding sequence; DNA-binding response regulator (core genome, constant)
Best match: nsaR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2716031:2716696:r]RC
Position: 065-contig_242_RC: 72475 ... 73141; Length: 666 bp

Sequence:

CTATACTTTATATCCGACATTTTTCTTTGTAATGATAAAAATCATTAAACGCCAATAGTATTT
AATTTTTTACGCAGGCGTGTTCATGTTAACAGCTAATGTGTTATCATCTATGAAGTTTTCTG
ATCCCAACATTTTTCAATTAAGCAGTTCTACTTACATATTTATCTTCATTTTGAAATAAT
AACTTTAATATTTGTAATTCAGTCAAAGATAGCTGTATGTTTTGTTCTTGATACACGACTT
TTGCTTCATCTAATATTAATGTACAACCTTTAACCGTCAATGAATCATTAGCTACTGACAA
GTCATAAGTTCGTCTCAATAATGCTTGTATTTTGGCAATCGTTAATGACAAGTTAAATGGT
TTTTCGATAAAAATCATCTCCCCCATTTGTATTGCCATAATTTGGTCCATATTATCAATAC
GGGAACTAATAAATAAATTGGCACATTAGATGTTTTTTCGGATTTCTTGACACCAATGAA
AACCATTTAACGTTGGCAAATTAATATCTAGCAATACAAGCTGAGGTTGATGTTGGTTAA
AGATAGACAGTATATCATCAAATTGTTCAACGACAATAACACCGTAATTCCATTTTTTAA
GTTTCAGATGCTAAACTTTCTGCTATAACAAAATCATCTTCAACAATTAATATTTTCAT

> **Q5HCS2**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, constant)

Best match: Q5HCS2_CC030_MRSA252_BX571856.1[2797350:2797550:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 73166 ... 73367; Length: 201 bp

Sequence:

TTATCCTTTGTTATCTTTTTGTTCTTTAGCCTGCTGCAATGACGGCTCTTGATTTGAACTTT
CCGTGTCATTTGTATTTGATTTAGTGTATTTGCTTTTTCTTTCTCGAGTTGCTTTTTCTTCG
TACGTTTACGCTCTTCTAAAATAGACAACACTATAAAGAATATGATTAATAATGGAGATA
ACATTACTAGTATCAT

> **phoB**

Function: protein coding sequence; alkaline phosphatase 3 (core genome, variable)

Best match: phoB_CC059_M013-ST59_CP003166.1[2682655:2684079]

Position: 065-contig_242_RC: 73564 ... 74989; Length: 1425 bp

Sequence:

ATGTTATCAGTTAAAAAAGCCACAAAATTTGCAGTTGCTAACCTTATTATCGTGTCAACA
GTTTTTCAGTTCTGTCACACCTGCAATTGCGCAATCCGATAAAAAGTTCTAAAGATGAAAGT
TTCGCGGTTGGTAATACTAAAAATCCAAAAAATGTTATCTTTTTAGTTGGCGATGGTATGG
GTCCATCATTTAACACAGCTTATCGTTATTATAAAAATGATCCGCATGCCAAAGAAATGA
CCCCTACTGCTTTTTGATTCATATTTAAAAGGCACAAATCGTACATATTCAAATGACCCAAA
ACAGAATATTACTGATTCTGCAGCTGGCGGAACAGCCTTTAGTTCTGGTCATAAGACATA
TAATGGTGCCATCGGTGTTGACAGTAACAAGCAGAAAGTAAAGACGGTGCTTGAACGTG
CAAAAGAAAAAGGTAAGTCGACTGGTCTTGTTC AACAGCTGAATTAACAGATGCAACA
CCAGCAGCATATGCTGCACACGTGACTTCTAGAGATGATAAAAACGAAATCGCTAAACA
ATTTTATAAAGATAAAAATCAACGGAAAGCATAAAGTTGATGTTTTATTAGGCGGCGGCGC
TAAATATTTTCGGTAAAAGTAATGGCAATTTAGATAAAAAAATTCAAAAATGATGGTTACGA
CCTTGCCACAAACAGTAAGGAGTTATCAAAATCTGATAAAGATAAAGTTCTTGGTTTGT
TGCAGATAAAAATATGCCACTTGCAATAGATGCTTCTAAAGATGAACCATCATTAGCTGA
TATGCAACAAAGTGCCTTAGTAAGCTTGAGCGTAATAAAAAAGGATTCTTTTTAATGGT
CGAAGGTGCTTCTATAGATAAATCAGCGCATTCCAACGATATTACAGGCGTTATGTCTGA
AATGGAAGGTTTTGAAAAAGCATTGATGACGCCATTCAATATGCTAAGAAACATAAAG
ATACACTTGTGCTTGCAACAGCAGATCACTCTACTGGTGGTCTAACAATTGGTAAAGATA
AAGGATACGAATGGAATCCTCAACCGATTAAATCGATGAAACACTCTGGATCATATATGA
CAGAAAAAATGGCTAAAGGTGAAGACCCTGAAAAAGTTATTAATGAAGTTATGGCTTT
GAATTTTCACAAGATGATATGAAAAAGGTTAAAAAAGAGAATAAAAAGCTAAAAAGACT
ACTTAAAAAAGAAAAAGACGAAAAATCCGCAAAAGTAGAAACGCAAAACAAAAGCCCTA
CAACACGCTATTCAGAAGCCAGTAAATGATAAATCTTATACAGGGTGGACTTCCGATGGA
CATAACAGGCGAGGATGTTAATACCTACGCTTATGGACCTAGATCAGAATCATTTAGTGGT
AATATCGAAAATACAGAAAGCGCAAAAATAATATTTGATATATTCAAGTAA

> **slyA**

Function: protein coding sequence; transcript regulator (core genome, constant)

Best match: slyA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2718827:2719282:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 75271 ... 75727; Length: 456 bp

Sequence:

```
CTAGCTTTCTTTTTTCATCTTTCAAATGCTTAATAAAAATCAAAGCCAGGTCGCCCTTTAGCC
AATGCTTCCATCACATCATACCAATCCGAACCGACTTGTTGATATATATTTTGCAATAATT
CATCTTGCGCCTTGTTCAATTCAGCAATGAGTTGATCGCCTTTATCCGTCGAATATAATTT
TTTGACACGTCGATCAGTCTCTAAAACCTTTTTCAATAATGAGACCTTGCTCTTTTAATTTTT
GAAGTGTTCATGTGATCCTTGTTAGAAATTTCTAATATTTCTAGTAATGATTTAATAGT
AATACCAGGTAATTTATTGATAAAAAACAAAAACGATGATGCTGACGGCTCATACCATA
CTTCTCTATAATTTTCATCAGCGGTAGTAATAAACGTTTTATATGCAAATAAAAACAACAT
ATGCTCATAATCGTTTTTATTGGTTCGACAT
```

> **estA**

Function: protein coding sequence; putative esterase (core genome, constant)

Best match: estA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2719527:2720288:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 75971 ... 76733; Length: 762 bp

Sequence:

```
TTAATCATTACCATCCATGTTATAGCACGCTTAATCGCTTGGTCCCAATATGCATAATCA
TGATCTCCTGGTCCATCTTCAAATTGATAAGGAACATTTTTACGTGATAAATAATCGATAA
AATCTAAGTTGTCTTGATATAAAAAGTCTTGTTTACCACACATAATGAGCAATTTTGGAAAT
TTGTTTATCTTCAGCTACAGCTTTGTCTAGCAAATAATACGGATCATGTTTCAGTTCCTTTA
ACACTTGAAAGATTGCCAATTATGGCCTCTTTTGAAAAATCATTCCACTCTAGATCCATTA
AATTTTGGCGCTTCAAACACAGCAGATAATGGTACAGCTTTGGCAAATTTATCCCCTTGTTG
TAATGCAAATTTAATTGTGCCATATCCTCCCATAGAGTGACCTGCTATAAAAATTGTCATCA
CGCTTTTTGGAAAGTGGAAATATTTGATGAACATAATCATATACTTCCAAAATATAATCA
TAATAGCTATGACCATATGCCATGTTAGCATATGCGCTATGATCCACATTGGGCATAATC
ACAGCTAATTTGTGTTTCATTCGCATACCTTTCTATGCTTGTATATCTCATATATGTCGTTTC
ATCACTTGATAATCCATGTAACAACATTAAGTTTTTAATGGTTTAGCAGTTATATCGTTA
TTAAAGAAGCTTTGATCTTCCGGTAAAATGACTGTCAAATTTTATGATGCATACCAATTGTTG
GTGAATGATAGTTTAAATGAAATATAAGCCAT
```

> **clfB**

Function: protein coding sequence; clumping factor B chv

Best match: clfB-COL_AJ224764.1[28:2769]RC

Position: 065-contig_242_RC: 76848 ... 78918; Length: 2070 bp

Sequence:

```
TTACGCTTTTTCTTTATGATCTTGCTTGCGTTTTCTAAACAATAGTAATGATCCTAATAATG
CCATCATTGCACCAAATAAAGTTGCATTTGTGTTTTCGCTCTTATCTCCTGTTTCTGGTAAA
GCATCAGTTTTGTGTTGTTTTGATACCTTATTAGAATGGTTTACTTCACCTTAGGATTTGA
TGGTGCTTTCTGTTTCAATTTTGGTGGTGTAACTCTTGAATCGGAGTCACTATCTGAATCC
GAGTCGCTATCCGAGTCTGAGTCGCTGTCTGAGTCTGAATCGCTGTCTGAATCCGAATCG
CTATCTGAACCTGAGTCGCTGTCTGAATCCGAATCCGGATCCGGGTCTGGGCTTGGTTCTG
GATCTGGCGTTGGTTCCGGATCCGGGTCTGGACTTGGTTCTGGGTCAACCGGTGGCCCTG
GAGTTGGGTCTTTCCGATTTACTGCTGAATCACCATCAGCACTTCCACCACCATAACGTAC
AACATTCTCATTATTCCAACCGAAAATACTGTAGTCTTTACCTGTCGCTGGGTCAATATTT
TCTTGAATAACCTGTGTTTTCAAGTTTTTACCAGTATTATCATAGTGACCTTCCACTAATA
CAACATACGTTTTAGTAATATCGCCAAAATTAATACTTGCTACATTTTGGTATTTATAAGT
GATTTTATCCTTAAACTCATTTCGTTACTTCTTTAAGGTTAGAGTCATTTGGATCTGCATAGT
AGCTATCTGATAATTTAGATGTATCATTCACTTCAAAAATTCTCAGTTTTGTATCTGTAGC
ACTTACTTTACCGCTACTTTCTTCGATTTTATCTTGGTAACTTTAATATACACCCATGTAT
TACCTAAAACCTCGTTGCTTAGGGTTAAACAATACTGTTTGCTTGTATGTGTTTTGACCTGA
AGCTGTATCTACACCAATAATTTGAGAAGAAATGTTTCGCGCCATTTGGCTTATCAATTCCT
GCAATTGGCGAACTATAGTTATAAGTAATTTTATTATTAACATTTTCATCCGCAATATTAA
```

TATTTGCATCATATGTTCCCTGATTTAGGTGCCTTTGCTCTGTCTGTAAATAATGGTAATGA
AAATTTCCCATTAATATTTTGCTTATCATTACATAATCTGTAAAGACAAATGTATATGTC
TTAGTCAAAATATCATATGTCGCTTTTGCTACAACCTTCATTTTTACCGTTTACTATATCTGC
AATTGGCATCGTATTATTGAATTAGAGTAATCCACGTCTCCATTACCAGTTACACTATCT
GGTAACTTCGCTGTAAAATAATCCCCTGATTTCACTTGTCCAGTCACTGTAAAGTTTGCCG
CCATAAAAGTATTACCACTTTGGTTAGGGTCAAATGTAGTCTTTTCTAATTGAAAATCTTT
TGCCGTAACCTTTATCATTACATTTGTACCTTTAGCATCAGCAGCATTACTACAGGTTCA
GCAACTGCAAGACTACGTACAGCTCTCGTTCTAACACTTGGTTTACTAGTTCCCTTGCGCAT
TGAAATTGTTTGTGGTGATGATTGTGGTAAATCTAATGTTTGAGGATTTTAAAGCTCACT
GTTTGTGCTATGCTATTAGCATCATTTCGTTGTTTATTATCTACTTGAGAATTTGCTTCTT
GAAGAACAGTTTGATCTTGCATTTTTGCAGCAGTTGCTTGATCTTTAATTGCCGTCGGTTG
AGGTGTTTCATTTGTTGAAGCTGGCTCTGTTGTAGTGGTATTGCTCGTTTGTGTAGACATT
GGTTTTGCTGTGCTATCTACATTCGCACTGTTTGTGTTTGCCTAATATCAGATGTATCATT
AGCCGTTGATTTAATTGAGGTGTTTCTATCATATTGTTTTTTTCGGAATCTGCACCTGCAT
TATTTTTCGAAGATTGCGTTGTATCGTTGATTGTTCTGAAGCTTGTGCTTGATGATTGCCT
ATCCCAAATAGTATAGTTGCCCTACTATTACTGATGTGGTACCTACTGTAAAACGTCTAA
TCGAATACTTATTCTGCTTATTTCGACAAATAATCAATTCTTTTTTTCAA

> **arcR**

Function: protein coding sequence; putative transcript regulator (core genome, constant)

Best match: arcR_CC008-ST72_21259_AFTS01000029.1[185553:186257]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 79266 ... 79971; Length: 705 bp

Sequence:

TTAAACACATACATCATTGAATAAATGTTTGCTTACTAACCAATTTTTATGATCTTTAACA
ACAAGTTTTTCATCTTTAAGTTCATGAATAATATGACCAGCTGTTTCCCGGGAAATCCCAG
CCATATCACTCATGAGTTGAATAGTTAAAACTGTTTGATTTCATAAAATTCATCTTGATC
GTACCCTACTGTCTGACATAGATGACATAACAATTTAATAATTCGATCTTTAGCAAATTTA
CTTGTTAATGCCATGTTATAGTTTCATGTGTTGCTGCTCATTATCATTATTAATGCAAAAA
GTGTCAAAAATATATCATCATTAGCTTTGCACAAAAAGGCCATCAATTCTCTAGGCAATC
CAAGAACTGTACAATCGGTTAATGCTGTACACAATTCGTTAACCTCTTTCGGATGAAATA
AGTTACTGATTGGAAATAATACTTGTCTTTATTAATAAATAACGATATACATCTCCATTTTG
ATTGTAATGTTCTCTAATAATGTTACCTTCAATTAATAAAGTAAATATTGCTACTTTCTTGT
GGCGAAAAATAAATAACTTGGCCTTTCGTATAATGTCTGACAAAACATTCACTTTGATAT
GGTTGTAATATACTATATGGGATATTAATGTAATCTGCTAATGCCTTTAGTTCATGTTCTA
ATTTATTATTTCTACCCAAAATAAAGTTTTCTGTCAT

> **arcC-L2**

Function: protein coding sequence; carbamate kinase/locus 2 (core genome, constant)

Best match: arcC-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2724280:2725221:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 80069 ... 81011; Length: 942 bp

Sequence:

CTACATGTGAATGTGTGTACCTTTATTACCAATCAAAGCTTCGTATGCCTGCTCTAAATTG
GTAATGATAACTTTTTTGTTTTCCCACTTTCAACAAATCGTATCGCAGCTTCTATTTTTGG
CAACATCGATCCTTCCGCAAACCTTACCTTGTGCCGCGTATTTTTTCAGTGTGCTACATCA
ATATCATCGATTTGTTGTTGATTAGGTTCAATAAAGTTAATAAATACATTTTCTACATTCG
TAAGAATCATTAAAGGTATCTGCTTCAATCAGCGTTGCTAATTTCTCACTAGCAAATCTTT
ATCTATAACCGCTTCAACACCTTCATAGGTATTTCTTTTTTTATAACTGGAATACCGCCA
CCACCGCATGCAATGACAATATTTTTACCGTCTGCTAAAGTTCGAATTAAGTGGTGTCTA
GTATAGATTGAGGTAGTGGTGACGCAACTACTTTTCTATAACCACGTCCTGCATCTTCTTT
AAAGACTGAGTCTGGCTGTTCTTTTTGTAATTTCTCAACTTCTTCTTTCGTATAAAAAGGA
CCAATTGGTTTGGTTGGGTTATTGAATCGTGGATCATCTTTATCTACTTCCACACGTGTAA
CGATTGTGCCCTACAGTTCTATCACTATTCATTTTCAGTTAAAATGCGATTGATTTTCAGTTT
CAACCAATAGCCTATCATACCCTGTGACATTGCACCACAAGTATCCAATGGCATTGCCGG
CGTTGTGCTACTGTTTCGATTTAGCTTGTGGATTAATAAAGTTCCTCAATTTGTGGGCCATTA

CCATGTGAAATGACAATACGCGCTGGTGAATCAAATAAAGGTTTAAGGTTTTGCATCGCA
CGTCTAATAGCTGTTTGTGTGCTTCAGCTGTTGCTTCTTTTGTCTGTATCGCATTACCGCC
TAATGCAATGACAATTTTCTCTTTCAT

> **arcD-L2**

Function: protein coding sequence; arginine/ornithine antiporter (core genome, constant)

Best match: arcD-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2725238:2726668:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 81027 ... 82458; Length: 1431 bp

Sequence:

TTAAAAAACATTTATCGTTCCCATCAATAACTTAATTAATCCGATAACTGCAAGTACGAT
ATAATCATAAAAAGAATATAGTCTGATTTAATCAAACGTGTCTGATTATTCTTTTGAACG
ATTGAATAACAAGAAGAGCTGGAATATAAAGTAACATCGTCAATAATAAGTAATTGAT
ACCTGCTGCATATATAAGCCATATAGCATAAATTGAGGCTATGATGCCAATCGTCCATTG
CTTAGTAGTTGCTTGCTGTGATGCTCTAAAGTGTATTTAACTTGGTAAAATGCACTGAAC
ATGTAAGGGTATAAAATAGCACTTGATGCTAGTGAAAATGCAAATTGATACGCACTCTGT
GTAAATAGCATACTTATTAATAAATAATTGTACTAATATATTGGTAATAAGCAGTGCATTT
ACAGGTGCTCCATTTTTATTTTCTTTAGCAAACCACTTTGGAAATAATCCATCTTTTGCAA
CAATGAAAGGTAATTCACCAGCAAGCAATGTCCATCCTAACCATGCACCTAGTACCGAAA
TAATTAACAATATTTACAAGTGTAGATCCCCAACCACTACAATAGTTGCAAGCACCT
GTGCCATACTTGGCGAATCTAATTGCGAAATATGATTTTGCAAAATCACGCCTTGAGCTA
ATACAGTTAATAAGAAATAGATAATTAACCGATATAAGTCTATAACCGTGGCACTAC
CTACATCTTTTTTATTTTTAGCTCTACTAGAAAAAATTACTGCACCTTCGATACCGATAAA
CACCCAACTGTCACTAGCATCGTACTTTTAACTTGGCTCATTGTGCTCGCCCACTAAAT
GGCAATACACCCTCTGACGTCATACCGAAAAAGCCTGTTTTAAAAGTGTCAAATTGAAT
GCAATTATCATGCATATGATTACAAGTAAAATCGGTATTAACCTTTGCAACAGTAACAATA
CTATTGATAAATGCTGCTGTTTCAACGCCTTTTAAAATCAAGAAATGGACACCCCAAGAGT
AGTAACGAGGCGACAATAACTTGGTAATGTGTTGCCTCCTTTAAAATCGGGAAAAAG
TTACCTACTGCTGACATCAATAGTGTTCATAGGCAACATTGCCTAAAAACGCTGAGAGC
CAATATCCCAAGCACTGATAAATCCTACAAAATCGCCAAATCCTGCTTGAGCATAACTA
TAAATACCACCGTCTAGCTCCGGCCGTTTATTGGTTAAATTTTGAATAACGAACGCTAAT
GAAATCATTCTATAGCTGTAATAATCCAACCAATAATAATGGCTAATCCACCGGCTTTA
CCGCCCATATCAGACATTATATTGAACGCACCGCCACCAATCATGGATCCTATAACTAGT
CCAATTAAGAAGATTTACTGAGTTTGTATCTCCTGATTTCGTTTCAT

> **arcB-L2**

Function: protein coding sequence; ornithine transcarbamoylase locus 2 (core genome, constant)

Best match: arcB-L2_CC007_TCH959-USA300_AASB02000025.1[5681:6691:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 82548 ... 83559; Length: 1011 bp

Sequence:

TTAACTTCCCAATGTTGCTGCCATTACTGCCTTAATTGTATGCATTCTATTTTCAGCTTGAT
CAAACACTTTTGAATGTTCACTTCTAAATATTTGGTCTGTAACCTCCATTTTCAGCTAATCC
ATATTTTTCATAAATTTCTTGCCATAAAGTGTATTTGTATCATGGAATGCTGGTAAACAA
TGTAAGAATATCGTTGAATCTTTACCTGTTAAATCAAACATCTGTTGATTCACTTGATAGT
CTTTTAATAAATTAATACGTTGTTCAAATTCACCTTCTTCACCCATCGATACCCAAACATC
TGTATATATAGCATCTGTATTTCAACTGCTTCTGCAATATTATCCGTAATCATGACTGAA
CCACCATATTGACTCGCTTTTTCTTTTGAATATCAACATATGCCTCTTTTGGATTTAATGA
TTTAGGTGTACAAATCTTACATTAACACCTAACATAGCACCTGCTACCATTAATGAATGC
GCAATATTATTACGTCCATCTCCAACGTAAGTTAAGTTTATTCCTTCTAGATATCCAAAAT
TCTCTTTTATTGTCATAAAATCAGCTAACATTTGCGTAGGATGCCAATCGTCTGTTAATCC
ATTCCACACCGGTACACCAGAGAACTTCGCTAAATCTTCAACAGCTTGTTGTGAAAAACC
ACGGAATTCAATACCATCGAACATTCTACCTAATACTTTCGCAGTATCCTCTACAGATTCT
TTTTTGCCTAATTGAATATCATTTTTCCCTAAAAATTCTGGATGCGCACCTAAATCAATAG
ACGCAACTGTAAACGCTGCACGCTTCTCGTTCGAATTTCTTTTCGAATAGTAGTGAATATT
TTTTCCAGATAAGTAGTGATGCTTAATACCGTTTTTCTTATACTCTTTTAATGTAATTGCAA

AATCAATAAGTCCTTCGAATTCTGCTTTGGTAAAATCACTTTCTTTTAATAATGATCTGCC
TTTTAAATCATACGGTTTTTTGAATTTCTGTCAT

> **arcA-L2**

Function: protein coding sequence; arginine deiminase (core genome, variable)

Best match: arcA-L2_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[67601:68836]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 83591 ... 84827; Length: 1236 bp

Sequence:

TTAAATGTCTTCTCTGAATAGTGGTTGACTCATACATCTAGGGCCCCCACGTCCACGTACC
AGCTCGCTACCAGATATTTCAATGACTTTTTATGCCTTTTTGTCTCAATAAAATCATTTCGATA
CATAGTTTCTATCGTAAGTCACTACAACGCCTGGTCTTATACATAATGTATTTGAGCCATC
ATTCCATTGCTCTCTAGCACCATCAATGACATCACCATTTCCCTGTTGGAATGAATTGGATA
TCATCTATACCTAGTACGTCTTCTAAAGTATCTTTTAAATGACTAGATTGTTTGATGGCAA
TATCTTTATTTACGTCATCATATTCAATAAATAAATATATTTCATATTGCCTTCTGCCTTTAAA
ATGGCTGAATGCATTGTAAATTTGTCATAATCTATCATTGTAAATACTGTATCTAAGTGCA
TAAAAGTTTCGACTAGTTGGAATTTCAATTGCTACTACTTTTTTAAACGTCGCCTGCGGATT
TTCAAAAATACGTCGCGCTAACTTTTTCAATAGCTTGTGCAGATGTACGTTCTGAAACGCCT
ATAGCCAAGACATCTTTAGATAAAAACAAGTTCATCGCCGCCTTCAATATTGAATGGGCAA
TCTCGATCTAACCAGATTGGAATATTCGCATCTTTAAATCTAGGATGATGCTTTACAATAT
ATTGAATAAATATTGATTCTCGTCGTCGTCTCCAGAACATCCGATTGATTGTTATAACC
GTGTCCTATTGAGGCTTGTGGATCTCTAGTAAAATAAAGGTTTGGCATTGGATCTAAATA
GAATGGATACTTATCATCCATATACTCTACTAGATGTGTACATTTCCGATTAATTTCTTCC
TTACGTACCCTGACATTATTTTATCTACAAGTTCCTTGATTAGAAAGTGTGCGAAAATAATG
CCTTAATTTCTTCTTCATGACCTAATATTGTTTTTTTAGACTCTGCTAATACATCATCAATA
AATTCACCTTCTTACTTGAGGATTTTCAATACTTTCAGCTGCTAACTTCTCAAGGTAAGTA
CTTCAACACCCTCTTCTCTTAGCACCTGTGCAAAAATGGTCATGCTCTTTTTGAGCTACTTCT
AAATATGGAATATCATCAAATAGTAATCCATCTAAATAATCAGGTAATAATTTTCTAAT
TCTTTTCCAGGACGCTTAAGTAACACAGTTTTTAAAGCTCCAATTTTCGCTATTTACTTTAA
TTGGACCATCTGTCAT

> **argR-L2**

Function: protein coding sequence; repressor of ornithine operon (core genome, variable)

Best match: argR-L2_CC012_21266_AFTT01000014.1[8206:8655:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 85173 ... 85623; Length: 450 bp

Sequence:

CTATTTAAATAATTTTGCATATACGTATTCTGCCATATCATTTGAGGCAGTTAAGATTAAT
GTAGTGTCAATTTCCACTCACCGTACCTAATATCTCTTCTATATTTAGCTGATCGATAAAAT
AGTTTATGCCTTGGGCGAAACCAGGTGAGGTTTTGACGATAATGTATGAACCATTGATGA
TTGAACTTAGAACTTCATGTTTACAATAGTGTCTAAACTTTTCTCTCATCTCTTGTCTGTT
TGATTATTAATAGCTTTATAAATCCATGTTTACAATCGATAGGGACACGATATATATTA
GTTCTTTCAAGTCTTTAGCAATTGTTGTTGCACTATATCTTACACCAAATATTCTTCAATA
TATGAAATGATTTGTTCTTTTTATAAATCTTATGCTTTTTAACTATTGTAGAAACAATTC
TAATCGTTTACTTTTCTTCAT

> **tx_aur**

Function: rho indendent terminator of aur

Best match: tx_aur_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2730074:2730143:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 85863 ... 85933; Length: 70 bp

Sequence:

CTAATTACAAAGAGAGGGTATACCTACAAAGTCAATTATCAATGTAGGTATACCCCATAT
ATAAGCTGTA

> **aur-g1**

Function: protein coding sequence; aureolysin/super group 1 (core genome, variable)

Best match: aur-g1_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[64909:66438]RC (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 85989 ... 87519; Length: 1530 bp

Sequence:

```
TTACTCCACGCCTACTTCATTCCATGCTTCATACACCTGTTTCAGCTGTTTGCTCGTCATATA
AATCTTTAGCCGCTTGGTATAATGCATCTTTACAATCTTTGAAGTTTGAATTACTTGTTAA
GTATTCCGTTAATGCTCGGTAGTAAATTTGTTCTGATTTAGATTTCCCTATTGCTTGAATCA
CGTTATAAGCTGCTTTATTTGGAATTCCAGAATTCGTATGTACGCCACCATTATCTTTTTTC
AGTGAATACATAGTCTTTTCATATGAGCTGGTTGACCAAATTGTTCTGGGTTTGACATGCTG
CGTAAAGCGTCCCCCTCTTTTCCAGGTGTGTAGACATCTTCACCCATTAAGAAATCCTCGT
CATCTACAAAGTATCCAAAAACATCTGAAAAGCTTTCATTTAGAGCGCCTGACTGGTCCT
TATATTCTAAGTTCGCAGTCTCTTGTGTCACACCGTGTGTTAATTCGTGTGCCACTACGTC
ATTTGCACCCGATAAACTTGTGAATGTGCGACCATCACCATCACCATAGATCATTTTTGTCA
CCAATCCATGCGGCATTATTTCTGTTATCTTGACCACCGTAGTTATTAACATGCGTTAATG
AAACAATTGGACTACCTTGGTTGTCATATGATTCACGACCAAATGTGTCTTTGTAATAATC
ATATGTTTGTAGCGTAATAATTTGCATCTACGCCAGCACGTTGCTCATCTTTTACGAAG
TTTTCATCTTCATTAGTAATCAATGTTGCTTGACCTGTTTGATCATTAAAGCTAAATGCTG
ATAATTTACCTTGATGCGTTAAATCTTCTAGGCTAAATCCACCGTCAATACTATTGATATT
GATATCTTTTGTATCGCCAAGTACACCTTTTCCCTTACCAGTTTCTGCAGCTTCTTTAACTA
AGTTCATTTTTTCTAAAATTTTCGCCAGTTTGAGCATCAATTTTAACTTTCCAATGTGAAATT
TCTGGTGTCACTGTAATTAACCAACATTATAAACGTATTTATTACTGTCACCATCGATTT
CAACTTTGTTTTCTTTAATGACTTTATCTTTAAGATTTTTTCGCTTTATGCTTATCAATCTTA
ACTGCTTTAAATGCTTTGTGCGGCTGCGTCATCTTTACTTAATGTCACTTTATTCGTTGGCTT
TACTTTCTTCGCATCAGTATCGCCATTGATTAACGACTTTCCCTGATTTGTCTGCGTGT
ACTTTCACTTCTTTGTCAGGTGCATGAACACCATCAACACTCGGTTGCAATGTGTAATGCG
TAAATCCCTTTTTATCAGTTTTTACATCAGTAACAGCGTAATCTTGATAAATATTTTTTACA
TTTTCGGATTTAGGCAATTCTTTAATGCTTTGACCGCATCACTCTTTTGTAGTACCTCAAA
TTTAATATCAGAATTAGCTGGTTTATTGTTTGAATCAATCGCTAATGCTGCTGGTGATAAA
GTGCTCAACAATGTTACTGCTGCCATACTTGTAATGCATATCTTGAAAATTTCCCTCAC
```

> tx_isaB

Function: rho independent terminator of aur

Best match: tx_isaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2732087:2732151:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 87876 ... 87906; Length: 30 bp

Sequence:

```
TTATTTAATAAAAAAGACTAGAAATGCGGTA
```

> isaB

Function: protein coding sequence; immunodominant antigen B (core genome, variable)

Best match: isaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2732153:2732680:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 87942 ... 88470; Length: 528 bp

Sequence:

```
TTATTTACTTGTGTTTGTATGGTGTATGTCCAACCTGTTACTTCGACAACCTCTATTATGATCAA
CGACAAACCAGATGCCTAATGTCTTTTTAGCATTTTGATAGTAAAAAATACCGCTATCAG
CTTCCTTTGTTTTACCATTTTCTTTTTTCAAGTCCTTGCCATAAGCTTTTTGGATATCTTTTA
ATGAAATATTATTTTTAACTACAAATTGCAATTGACTTGCTTCGTTTCCTTTTGCAGAAAC
ACCTTTAAAAGTTTGATCATATTTCTCTACTTTTTTTATCGTATTCGTTTTAGCTAATTTAA
TACCATTGAATTTACATTATCATACTTAATCGCGTTAATAAAAATTCTTATCCAGAATAAA
ATTAGCATTATTACCAATATAACCATTATAAGTATAATATGGGGTTATTGCTGCCTGTGCC
TGTTTACTTGTGGCGCCGAATTTTCAACAACCTGTTACTCCAATCAGTGTGCCCAATGCTA
ATGTTGCTGCTACACAACTTTACTGGTTTTATTCAT
```

> Q6G635

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)

Best match: Q6G635_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2732938:2733396]

Position: 065-contig_242_RC: 88727 ... 89186; Length: 459 bp

Sequence:

```
TTGAAAAAATTCTTATTACCATCGTAATTATCGTATTAATCGGAGCACTTGGGTTTCGCAA
TTTATGCTGCAATAAATCATTCTACATCATCAAGTAATAACCAAGAACAAGAAAATAAAG
CTACGCATAAAAAGACAGAAACCGAAGAAAATGATCAACAAGATGATAGTGCAAACAA
AGCAGATAAAAATCAAATAAATGGCAATAACGATACTAATGACAATCAACCATCTTCAC
CGTCAAATGTTCCCTAACAACCATTCAACAGTACCATCGAATACGCAACCAGCTCAGCCAA
AAGACTCAAATTCAAATAAAAATAATACTCACGATGGTGGCAGTCAATCGTCAACAAAC
AACCAAAATAATCAACAACAGAACACACCACCTGCTAATAAATCAAATAATACCAATAC
GCCTTCTAAACAACACCTCAAGCACAATCACCTAAAAATTA
```

> **txbi_Q6G635**

Function: rho independent terminator of Q6G635

Best match: txbi_Q6G635_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2794946:2795016:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 89220 ... 89291; Length: 71 bp

Sequence:

```
ATAAATTCAGAAAAACAGCAGTGAGATATTTTTCTATTTGAAATATCTTACTGCTGTTCTT
TATTTGCATA
```

> **manA2**

Function: protein coding sequence; mannose-6-phosphate isomerase/locus 2 (core genome, variable)

Best match: manA2_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[58148:59086:r] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 93341 ... 94280; Length: 939 bp

Sequence:

```
ATGGCATTATTTTTACAACCCGTTTTTAAAAACAGAATTTGGGGCGGTCATGCATTA AAA
GCATTTAACTATGATATCCCTAATGAAACA ACTGGTGAATGCTGGGCAATTTCTGCACAT
CCAAATGGTCCTAATAACAATTATCAATGGTCCATACAAGGATATGACCCTAGATCAACTT
TGGTCACAACATCGTGAATTATTCGATAATGATTCACGAGATAGTTTCCCTCTGCTAACTA
AAGTATTAGATGCCAATGATAAATTATCTGTTCAAGTTCATCCAGATGATGACTACGCTTT
AAAACACGAAGGCGAACTAGGTAAAACAGAATGTTGGTATATTTTAGATGCAGCCCCAG
GTGCTGAAATTATATATGGCGTACATGCACATAATAAACAGACGTTAATCGACATGATTG
ATAATCATGAATTTGACAACCTTTTCAAACGTATACCTGTTAAGCCCGGTGACTTTTATTA
TGTTCCCTGCTGGCACTGTCCATGCCATTGGATCGGGTATTTTAATTTTAGAGACACAACAA
TCATCCGATACGACATACCGTATTTATGACTATGATAGACGAGATCAAAAATGGTCAATTG
CGTGATTTGCACTTAGAGCAAAGTAAAGATGTGATTGAATTAGGCAATCATGAACCAAT
ACTACTCCTATAACA ACTCACATCGACACACACTGTA ACTCAATTTGTAGATAATCAA
TATTTTGCAGTATATAAATGGGATATTCATGGAGATTTAAAATTCAATAAACACATGCTT
ATTGCTTAGTTACTATTATCGATGGTACTGGTACTTTAACAGTAAACGATAAGCACTATGA
CATCCAAAAGGTTCTAGCTTTATTTTAACTACGGAAGACGAGGATATTCATTTGTCCGT
AATATTAGTGCTATAGTAAGTCATCCTGGATAA
```

> **txbi_yhgE**

Function: bidirectional rho-independent terminator of yhgE

Best match: txbi_yhgE_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[58031:58095]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 94332 ... 94397; Length: 65 bp

Sequence:

```
CTAAAAACATAAAAATCCACACATTAAGGAGCTATAACCTAATGTGTGGATTTAATTTTT
ATTCT
```

> **yhgE**

Function: protein coding sequence; membrane protein involved in phage infection (core genome, variable)

Best match: yhgE_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[55065:58037]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 94390 ... 97363; Length: 2973 bp

Sequence:

```
TTATTCTGTAACGTTACTTTGGTCAACTTTTTTCAGATACGCGCTTCATCAATGGATCTGTTA
CAGGTTTTAAAATTAACCTACAACGAAGAATCCTATGCCAAATAACGTTAATATAATTA
ATTTTGTAATTAGGATTTCCGGAACAATACCGCCTACTGTTTCACGTAATGAATCAATTGC
ATACGTAATGGTAAGTATGGCGAAATGTTTTGGAAAAATTGTGGCGTAGTTTGAATTGG
GAATGTTCCCTCCACCACCTGCAATTTGTAATACAAGCAATACGATTGCAATGGCTTTACCT
GGATTACCAAGTAATGATACGCACGTATATACGATTGAGTTGAAAATAATCGAACAGAA
AATCGTTATAAGTACAAATAATACAGGTGACTCAACTCCTGCTTTTAGGATTAACAAATC
TCCAACCGATACAATGAGTGCTTGCAACATACCAAGCATTATAAAGAATCCTGCCTTACC
TAAGAACACTTGTCTTGTCTGTTAAGACTGACTCTAGACTCTTATGTTTATTATCAACCGTT
AATAAACTTACCATCAAGAGTGCACCTACCCATACTGACAGTGCAGTATAGAATGGTGTG
ATACCTGAACCATAATCCTTAACTGGGAAAACATCAACAGTCTTCTTATTAATAGGATTT
GCAATAATACCCGCTTGCTTTTTCAAATCATTCTTAAAGTGTGTGCGATTAATTTGTGCGACTG
CATCATCTTTGTCTAATTTCTTGAAAATTTTATTTCGCTTTTTTCAAATCTTTTTCAACATCA
GGCAATTTATTTTGAGAAAAATCAGCTAAATCTGATAAAGCCTTTTTTCGCTTGTGGCTGAT
TTTTATTTAGTAATCCTACCGCTTGATCATAACCATTTAATAACGTTGGTAAATTTTTATTTC
ACACTTGCTGTGCGCATTAGTTAATCGCTGTTCCAACCTGTGGTAAGTCATTGCGCACAAAGT
TAGCAGCTTTAGCTACATCACTTTTCACTTTCGGGAAGTTTGCTTGAGCATTTTTAACAGC
ACTAATGTATTGTTGTTCAATACTTGGTAATACTGTTTGTAAAGCGATCAATACGTGTTTTA
CCATTTTTTAAAATAGCTTGTCCACTGTTAATGACTTGATCAATTGTATTTAATTTAGACT
GAACATTGGATAATGCAGTTTGCCTTTGTTCAATTCATCCATAATACGTTGTGATATTGA
TACTAAAGAGCTGTTAAGATCTTTTTTAAACATAATCTCTAAATGATGATAATGATGAATCT
AGTTTTGAAAGTTGATCTAGTAATTTAGTAGCTTCAGCAGTTCCTGAACTACCATTCTTTA
ATGCATTGCTTAATTGATTAACCTTAATGATTCATTAATTCGATTATTAGCTGCTTTT
ACCTTATCAATTTCTTTTGATAAATCAACATTTTCATTCTTCTCAATCTCTTTTAAATGTATC
GATAAATTGTTGATTATATTGCGTTGTGTATTCTAAACCGGACTTAAACATTATCTAAAGAC
TCTCTAAAATCAGAAGGCTTGCCGATGCTAAAATGCCATACGAAATATTACGTAATGTC
TGACTATCTTTTTGTGCGGCTTTCGCTTGGGTATCTAAATTATTTGATAATGATAATAAAG
AGCCCGTTAATGCCGCTTCCATTGATTTAACATCTTTATCTGTAATGTTTTGTGTGTTCTCG
TTAGCTGTGCTGACTTGTGTTGTTGTTATATCTGCAAACTTTGACCATCTTTTTTCCCGCT
TGTACTTTGTGGTGTAGTCGATACAGGCGCATTATTACTATTTGGTGCGGTATTTTGCGGA
ACATTATTATTTGGTGCAGTATCGCCACTTGGTGGCGTGTGATGCTACACCATTACCAGCTG
CAGGTGCACTATTTGATGTTTCGTTGTTGCGCCGCGCTATTTTGAGGAATCTGTTGCTGGTT
TCTTCGATTTAAATCTTGCGCGCGTCGAATTGCATCTTGATAATCACCGACTCTACTTCTA
ACTTGTGTGACTAAGCCTTTGGCATCATTTAACTGTCCATTAGCTTGATCAATACCTTGAC
TCGCAATGTTAAGTCCTTGATTAATTTTAGGGAACCTGCGCTGGCACGTCATCAGCTGCAA
AATTTAACGCTTTTTCAATTTTCGGCATATAATTATTTAAAGCTAATATCAACTTAGCCTTT
TCATTAAGTTGCGGAATAGCACCATTGACTTCGTTAATTTTTTCTGAGCATCTAAAATAT
CACCTTTATAATTTCTAGTTTTCTAAAATCATTGGCATATTTATCTAAATCCGCTTGGTGG
TTATTCAAATATAACAATTTTATTGCAAAGTCATTAATCTTAGGTAAGCTTTATCTGCTG
AATATACCGCATTTTTTATCTTGTTAATTGTCGGCACATTTTCTTCAATAGTTAAACCTGCT
TTGTTAGCTTCTTCTAATAATGCTCGAGTACTGTTTTATTAATTTGTTCAATTCGCTTTTTTC
AACGACAACCTGACGAACCAGTATCTGTTAGCTTAGACGCAACAGCGTTAATCTTCTGATT
CACCTTAAATTTCTACATCTGCTTTTTGAGGCTGCTTACGTAGTGTCCCGGTAATTTTCATGT
GTAAACTTAGATGGGATGTAAATACCTGCAAAATATTTACCCATTTTTATCTCATGATCAG
CTTCTCTCTACTTACAACTGCCAATCAAACTTTTTATTTTTCTTGAGTGTATTAACCATC
GTATTACCGACATTAACCTTTTTTCCCTCTGATTGTGTGCGCTTTATCTTCATTAACGACTGC
GACCTTGATGTGTCCCGTGTGCCATATGGATCCCACATTGCCCATAAGTTAAACCAAGC
GTAGAACGATGGCAAAATAGCTAAGCCTGCTAAGATAATCCACACAGCTGGCGTCTTAGC
TACTTTCTTCAGATCCATTTTAAATAATTTAAATGCGTTCCTTCAT
```

> Q5HCQ3

Function: protein coding sequence; secreted N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (core genome, variable)

Best match: Q5HCQ3_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[52995:54854:r] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 97573 ... 99433; Length: 1860 bp

Sequence:

```
ATGCCTAAAAATAAAATTTTAATTTATTTGCTATCAACTACGCTCGTATTACCTACTTTAG
TTTCACCTACCGCTTATGCTGATACACCTCAAAAAGATACTACAGCTAAGACAACATCTC
ATGATTCAAAAAAATCTAATGACGATGAACTTCTAAGGATACTACAAGTAAAGATACTG
ATAAAGCAGACAACAATAATAACAAGTAACCAAGACAATAACGACAAAAAATTTAAACT
ATAGACGACAGCACTTCAGACTCTAACAATATCATTGATTTTATTTATAAGAATTTACCAC
AAACCAATATAAACCAATTGCTAACCAAAAATAAATACGATGATAATTACTCATTAAACAA
CTTTAATCCAAAACCTTATTCAATTTAAATTCGGATATTTCTGATTACGAACAACCTCGTAA
TGGCGAAAAGTCAACAAATGATTCGAATAAAAAACAGTGACAATAGCATCAAAAATGACA
CTGATACGCAATCATCTAAACAAGATAAAGCAGACAATCAAAAAGCACCTAAATCAAAC
AATACAAAACCAAGTACATCTAATAAGCAACCAAAATTCGCCAAAGCCAACACAACCTAA
TCAATCAAATAGTCAACCAGCAAGTGACGATAAAGCAAATCAAAAATCTTCATCGAAAG
ATAATCAATCAATGTCAGATTCGGCTTTAGACTCTATTTTGGATCAATACAGTGAAGATG
CAAAGAAAACACAAAAAGATTATGCATCTCAATCTAAAAAAGACAAAAATGAAAAATCT
AATACAAAGAATCCACAGTTACCAACACAAGATGAATTGAAACATAAATCTAAACCTGC
TCAATCATTCAATAACGATGTTAATCAAAGGATACACGTGCAACATCATTATTCGAAAC
AGATCCTAGTATATCTAACAATGATGATAGCGGACAATTTAACGTTGTTGACTCAAAAGA
TACACGTCAATTTGTCAAATCAATTGCTAAAGATGCACATCGCATTGGTCAAGATAACGA
TATTTATGCGTCTGTCATGATTGCCCAAGCAATCTTAGAATCTGACTCAGGTCGTAGTGCT
TTAGCTAAGTCACCAACCATAATTTATTCGGTATCAAAGGTGCTTTTGAAGGGAATTCT
GTTCCTTTTAACACATTAGAAGCTGATGGTAATCAATTGTATAGTATTAATGCTGGATTCC
GAAAATATCCAAGCACGAAAGAATCACTAAAAGATTACTCTGACCTTATTA AAAATGGTA
TTGATGGCAATCGAACAATTTATAAACCAACATGGAAATCGGAAGCCGATTCTTATAAAG
ATGCAACATCACACTTATCTAAAACATATGCTACAGATCCAAACTATGCTAAGAAATTA
ACAGTATTATTAACACTATCAATTAACCTCAGTTTGACGATGAACGCATGCCAGATTTAG
ATAAATATGAACGTTCTATCAAGGATTATGATGATTCATCAGATGAATTCAAACCTTTCC
GCGAGGTATCTGATAATATGCCATATCCACATGGCCAATGTACTTGGTACGTATATAACC
GTATGAAACAATTTGGTACATCTATCTCAGGTGATTTAGGTGATGCACATAATTGGAATA
ATCGAGCTCAATACCGTGATTATCAAGTAAGTCATACACCAAACGTCATGCTGCTGTTG
TATTTGAGGCTGGACAATTTGGTGCAGATCAACATTACGGTCATGTAGCATTGTTGAAA
AAGTTAACAGTGATGGTTCTATCGTTATTTCAGAATCCAATGTTAAAGGATTAGGTATCAT
TTCTCATAGA ACTATCAACGCATCTGCCGCTGAAGAATTATCATATATTACAGGTAAATA
A
```

> **sasF**

Function: protein coding sequence; Staphylococcus aureus surface protein F (core genome, variable)

Best match: sasF_CC022_21310_AFP01000033.1[23533:25440:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 100427 ... 102335; Length: 1908 bp

Sequence:

```
TTATGCTTTATTTTTCAACTTATTGCGTCGTGATAACCAAATCATTAGTACACCCATTGCA
CCAACAATTACAGATATCGGCAACCAATGTTCTTTTATCGTTTCCCCCGCTTTAGGCAAAG
ATACATTACCATCAGCATTTAATAATCCACTTAACAATCCATTACCTTTACCAAGTGTTAA
CGTCTTTTCTGGCTTTGGTGTGGGTATATCTGGAATACTGTCTAATAAATTTGATCCTTGA
TTCATTAAATTTGCTAACTTATTTAAATCTGTCTGTTTTCCATTTTTATTCAATCGATCTAG
TAAACTTGACGATTTACTATTGGTGATAAAAATATAGTCTATATCTTTTTTTCGTTTGATTG
AGTCTCTTTTGTAATTCATAAATCATCCGCTTTACCATTCAATGCCGATTTAACTAAAT
TAAAAATTTTTATTTTGATCTGTTTCTATTTTAGTAATTAATCTGCCAGTAATTTTGCCTTT
TGCTTTTCTATACGTGTTGCTAAAATCGTTTCAATTGCTTGTTTTTTATCTTTGGCATTATT
CAAAATTGCTTTTAATATATCATCTGAAGACGTGTCGCCAGTTGATGCAAAAATGTTTCTTC
AATTGGTCAACGATTTGGCGATTTGATAATCCTTTATTCGTCCAATCTTTAGCCAATTTAT
CTGCTTCAGATTTTCCCTAATTTCTGTTTGTAAAATTTGAGAAATCAATAGCGACTTATCTTG
TGATTGATCAATCAATGACGTTAATAAATCATCACTCGTTGTCAGAGATAGTTGATCAAT
ATGACGAGTAATTTGATCTGCAATTTGTTTATCCGTTTTACCATCAACACGTATATCTTTT
AGAATTTTATCTGCCTCGTCTTTATTAATATACTTTCTAAAATGCTTTTGTGTAGCATACTT
TTTATCATCAGTACGTGCAAGTTCTTCCAAAATAAATTTTCGTTGACTTTTTATACGCTCTT
```

TCGTCTTATTTACTTCGCTCATTAAAGTCTGATTTTTGATTTTTAGGAAGTTGCGTATTTGCA
ATACGTTGATCTAAAGATTGTAACGTATTTAGTTTATGATATGTGTAATGTTGCGTTGAGG
CATTACTTTTAGCCAATTTTTCAATCATAGCATGATTAATTTATCGCTTCCTTGTAATTTA
TCAGTGAGTCGATTACTATGGCTTTGATTCTCTTCATTTGAAAGAAATTTATTTAACACAA
CATGTCCAGAACCATCATTATTTGGCGTTTTAGCTACTTCATGATTATTATCTGTTGTAGA
CACTGCTGGATCTTCCGATGTATCTTTCAATGCATCTTTTCGATTTGTGTATTTGCTGATTCA
AATGGTCTAGGTCTTCTAACGCCTTATTTACCTTTGCTTCATCATTTTTTATCATCTTTTTCTC
CATGTTTTGTTGTAGCCGTTTGTGACATATCATTTTTTATTGCATTAAGATTGTCCCTCGCCA
CTTTGTTGACTCCTATCAACATTTGAAGAAACCTCATTTAAATCTTTAAGCAATTGATCTA
ATTTACTGTCTATATCACTTTGACCGTTCAATTCAGTGTGAGAACTTTTATTGTCTTTGCTA
TCCAACCTCATTAGCTCGTTTTATGATTTTCATCTATTTGCGATGCTGTTTTCGCTTCATTTAG
TTGTGCTTTATAATGTGCTTTAGATGAAGCCGATAACTGTTTTAATTGCTCAATTTGACGA
ATTGCTTTGTCAACTTTGTCTAATAAATCTTGCTTAGATAATATCTCTTTTCAAATTTTCAGT
ATCCTTTTCAGATGCAGCTTGGGCATCGTACGGCAAGATATTCGTTAAAATGATACTTGTG
GCCATCATTGTCGAACACGATAACTTTACATATAATTGAAACGGTTTTCCCTCGATATTTAG
CCAT

> **gtfB**

Function: protein coding sequence; glycosyltransferase B (core genome, variable)

Best match: gtfB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2808310:2809668:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 102575 ... 103934; Length: 1359 bp

Sequence:

TTAGCTTTCGAGCGCCTGTTTAAAACTTGCTCGAATTGTTACGCGAGATTTTCGTGTGCA
TGTGCTTTTTGTGCTAATAAAGCATCTCGAAACTGTTGTTGATCTTTCAAACCTCTCTAACA
TTTGTATTAATTGGTCTTTACTTTCCATTGTTATCTCATCATTATGCTCAAATAAGTGCTCT
GATAGTGTTACTTTAGCATGGTGTGCTGTTTGACGATAACCTAAAATCAACAACCTCATAG
TCAAACGCTTGTCCACCGCATTTAAAATTTCAATTACCCTCATTAAATATCAAGATAAATAT
CACATAACTGGTATAGTTCATTTACCCTATCTATATTAATAGATGGGTATAAATGCACATT
AGCATATTGATCAAGTTGCATTAGCTTATCAGACATCTCTGTAATAGCAGCGATGTGAAA
ATTAATACTGGTAAAGTTTCAACCAATACCTTGATGTTACGAAGTTGATCCGAGTTAGTT
AATATTACAATTTCTTTAGTATATCTATTACTACTACGATAGTTATATAGATATCCGCCTT
GTAAAATACGAGATTGAACCTTTGCGTCTGCTATATTGAGCATCGTTTCATATTTTCGTTTTT
ATCTGGAATAATAATATTACAATGTCGTTTCATATCACCTTTACACATCAATTGCATATTT
CCCGGGACATTACCATTACAGTGTTCTTGCCATACCAAACATCACTACCTTTTGATGGCA
AATTATATAACACTGAAAATGGTAGGGCTAGTGAGTTAATAACGAAATGATGTTCCGTAA
TTTCAAGTTGCTTGATAAAAAATAATACGAATGCGAGCTTTGAAGGGAAAAAGTAAGACT
TCCCTTGCCAATCCAATATGACATCCGATGTTACAAAATTTTCATAAATCACTTCTTTACC
TTCTGCTGTCATATATTTCTTCAAGATCGCTTTACGATTTAAATCGTAAACAGTTTGTGCA
AATTTAATACCATTCTTAGAATAATAATCGACAAATCGGACACGTTGTTGGTCATCAAAC
CATTCGACACGACTAACAATTCTAGGGCGCTCTCCACTTTGATAAAAATATTTTGCTCGTA
GACGTCCCATATCATTAAATTGTAGCCGAATTGTTGTTACCTTTAATTTCCCAAAAAGCTGG
TACAGTAACCTGATTAAAAAATCGTGGTTTCATATTTTCTGAATTATGATTATCTGCAAAA
AATTGATACGGTGATATAACATCGTCCGGTAAAAAGCCGTTGTCATTGAGTACAATTGTT
AAATCTTCCTCCAACCTTACTGGCTTTAAAAGACTCATATAACTTTTCGTGAATGATCGTTAA
AGTAATCAAATAATTTAATCAT

> **gtfA**

Function: protein coding sequence; glycosyl transferase A (core genome, variable)

Best match: gtfA_CC007_TCH959-USA300_AASB02000025.1[27069:28577:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 103926 ... 105435; Length: 1509 bp

Sequence:

TTAATCATGCAGCACCTCTTGAACATAATGTTTCCCATTTTTAAAATAATATCTTGAGTCATA
AATTGCTGTGCCACTTCATAAGAGATGTCATGTGGTGTCTGGGGACCATTGTTAAAATAC
ATTACAATGGCATGAGCTAGTTTTGCGACAACATCATCCACACTATCTTCATCGGTATCAA

AAGGTACCAAGTAGCCATTTTCCCCATCTCGAATAAAGGTTGGGTTACCATAAATTCACAT
TTAATCCAATCATACTAGTCCTGAGCCTACCGCTTCCATTAGTGTTAACCCAAAACCTTC
GCTAGTTGATGCAGAAAGAAATAACTCATAATCATTATAAATTTTCATCAAGTTAACATG
CCCTAGTAAACGAATATAATCTTGTGCGCGGTGTGTATCAATAATTTTACGCAGTCGCGTC
TTCTCGCTACCTTCTCCATAAATATCAAATGTTAATTCTGGCACTTGTGCTTTAGCCACGA
TAACCGCTTTGACAAGCCAATCAATATGTTTCTCATTTCGCTAAACGAGATGCACTAATCAT
CGCATATGGCTTTCTTGATAATGTTGGATATGATAATGCATCAATGCTTCCCACAGGAATA
GTATAAACACGTGGGCGATAACCTTGATATTGCTCAAATTGTCGACAAACCATATGATTT
TGAATATCTGTTGCTGTAATAAAGAAATCAATGTATTTAGCTTTTGAAAATTGATATTCAT
AATAATTGTTCCATAGTATATGCTGCTCACTCATCATATTATTACTATAATGATCAGCATG
AATCACAACACCAACTTTACTATCACCTTTATGCTGCAAAACAGCCTGACCAATATCAGA
AGCGCGGTCTAATATGACAATATCGTCTCGGGTTAAATTCAATCGTTGTAAAAAGTATGC
AATAAATCCGTTTTGTTATACAACACCGCATCTTCAAACACATATATAGAGCTGTCTCCA
TCAATATATTCGTTATAAGCGATGGAACCATCTTCATTATAGAATTGTCGCATATATAATT
TCGCTTTATTATCAGCTGGTGCATAATACTCAGAAAATATACGCGTATAACTATAAAAAT
CTTTACGTAATAACTACTATTAATTACAAATCTGCACGATCCACAACATCTTTTTGTTC
ATTTTGTAGATAACATGTTACAAATGATGATTTCCCATTAATAATAGACGGACTATCTTA
CCATTTCTTCTCTAAAATAATTTTCATGACCAAGCTCACGTTCAATGTCATCTAACGTGT
ACGTTGTTGGTGCTATAGAAATATCACTAAAATACTGATACAACCAAATAACTTCTTGAT
CTTTAAACCAATGTTTTGCGTTAATGTCTGTATGTTCTCTGACTGTATAAAATCTAAAAA
CACAAATTTAGTGTCTTGATTTGTACGTCTCAATAATTTAGCACGGTAAGCTTGTGCATAT
TCAACACCGCTACTCGCCAGCCTATACCAAAGTTTATATTATATATTGTCAT

> **secA2**

Function: protein coding sequence; accessory secretion system translocase subunit SecA2 (core genome, variable)

Best match: secA2_CC005_A6224_ACKE01000033.1[101327:103717]RC

Position: 065-contig_242_RC: 105452 ... 107843; Length: 2391 bp

Sequence:

TTATGGAAAATGTATAACTGGCATAACCCTCTTTATCAAATGTAATCATGCTTTGACAAATA
TTTTTCACCATTCTTTTTTTGATATTTGCTGTCATAACTTCAAATGAATCTAATGCAACTCT
ATGGTATTCAAAAATAGCGTTACGTTGCCATTTTGTGCTTGATTAACGCTTGCTTTAAT
TGTTGTAAATAGTCGACTTGTCTAACCAACATGAATCAATTGCTTTCAAAAAGACTTTTT
GAACGAAAATATTATAATAATATGCACTTTGCATGTTTTTACGATTCAAAGCTAATTGCTT
TTCAAATTGCTCTAATAAAAATGTCACTACTGCTTGCTTATCTTTAAAATTAACACAAGCC
ACATCTTTATTAATTTGGAACTTAAATTTTGTAAATATACTCGACAACACGCGATTTTG
TTAGCACCTTTTCCTCATTACAAACATTTCAAATACATCTTTAGCTAACGCTTTAAAATC
TTGATTCTCAGCATCATCTATTTCTAAAACCTCGATTGCGTTCCCTCGTATAACAAGATCTCGC
TGTATACTAATGCTTTTTTTCAAATTCATTAGCCATTTACGAGCTTTAACCCCTTGTTCTTC
CGAGATACGCTGCGCTTTAACTACAATTTGCTTAACTTTGCGATTAAACAAATTACTTTGC
GATAATCGTTGTGCATCTAATGAATATAATTGATTATTTCCGCTAAATTAATCTATCGCTCC
ATCGCTTAACTAAATAATCATCTAGTGAATATATATAACAAGATGATCCCGGATCCCTT
GTCTACCAGAACGACCACGTAATTGCCTGTCTACACGGCTATTTCCATATGTTTCATGAAT
AATAACAGCTAATCCACCTAATGCTTCGACACCTTCACCAAGTTTAAATATCTGTGCCTCGA
CCTGCCATACTAGTCGCAACAGTCATGGAACCAATTTGCCCTGCTTCAGCTATCATCTGCG
CTTCTTTTGCAACATTTTGCGCAATGAGTAAATTATTAGGAATATCCATTTGGAATAATAC
TTTCGAAAAGTATTCAGCCGCTTCAGCAGTTCTCGTTATGAGTAAACCGGTGCCCCGTT
TCATGAAGTTCAACTATATCATGAATCATCGCGATGTTTTTCTCATCAACTGAACGAAACA
CTTTATCTGGTTCATCGATACGTTGAATCGCTTTATCAGTTGGTACTTGTACGACTATTTTT
GAATACAAATCAAAGAACTCTGATTCGCCATAATTTTCCCTGTAGCTGTCATACCTGAAAAT
GATTCAAAAAGTTTAAATAAATTTCTGGAAGGTAATTGTTGCCATAACACTTTTATCTGTTG
AAACCTCCATACCTTCTTTGCTTCAATAGCTTGGTGAAGTCCAGCTTGCAACTTAGTTCC
CGGTAACATACGACCTGTAATACGGTCAATTAACAATATCACCATTATATACAAAGTA
ATCGACATTAGATTCAAACAAATATTGTGCGCGCAGTGCTAAATTAATATTACGCACTAG
GACCATCGCTTGTTCGCTATATAAATCTTCAACATTAAGTATGATTGTGCCGCTTCAATA
CCTTGATTTAACAGCCATATTTCTTTTTTGGTCTTCTTCATTTTAAAATGCACGTCTTCAAT

CAATGTATCTACAAACTCTTTCACAATATGAAATAGATTTGATTGTAATCTTGGTGCACCC
GAAATAACTAATGGTGTGTTGAGCAGCATCTAAAATGATTGAATCCACTTCATCAATAATA
CCGTAATTTAATTGTGGTAAAAATTTCCCTTCCGCACTATCAGCCAAATTATCAATTAAT
AATCAAAACCGAGACGTCCATTAGTTGTATATATAATATCATGTTTCATATATATTACGTTT
TTCCCCTTTTTGATACTCATAATCCACAATATCAACAAAACCTAATGAAGCAGTTAAACCT
AACCATTTCATATAATGGTTGCATCTCTTCAAAATCTCGCTTCGCTAAATAATCATTTCGTTG
TAATTAATATGTTTCCTTTTCCCGAAAGAGCATTTAAATATAAAGGCATCGTTGCCGTTAA
TGTTTTACCTTCGCCTGTTTGCATCTCCGCAATGTTACCTTCATGCAATACAATCGCTCCG
ATTAAGTGAACCTCTTTAGGATACATACCTAATACTCTCCAGCTCGCTTCACGTGCCACTG
CATAAGCTTCAGGTAACAATGTATCTAGTGTATCAACTCCTGATGCTAAACGTTCTTTAAA
TTCTATTGTCTTTTGTTTTAAACGCATCATCAGAATATGATTTAACTTCATCGCTCCATGTAT
TGATGCGTTTCACTATTTTTCTAATCGACTTTAGTCTTAATTTCGTTTATCGTAACATCTAGT
TTATGTTTCAT

> asp3

Function: protein coding sequence; accessory secretion system subunit Asp3 (core genome, variable)

Best match: asp3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2752054:2753013:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 107832 ... 108792; Length: 960 bp

Sequence:

TTATGTTTCATTTACTTCCCCACCATTTCAGTTTCGATACATCTAAGTAATCTAAAAATCGT
ACTGGATTCATTAACGTGACATATAATTTAGATGTTTGTCTTGCTCTTCTTTAAAATAAA
CCTCGACATTTGTATCTTTTAGTTCATGATTTCCCTGGGACATGTTCTGTAAGCCATCCTTTT
AAATCATCATCTTCATGGCTTGTACGATACACTTTGCAATCCAAATGCTGAGCGACATAA
GTTGCAAAAACATTTGACTTTGACCCATAACTAATCAAATTAATAGCCGTTAGGGTATCTT
GACTTTGCAAATCATCCTTTAGTTGCTTAATATTTCCCTCGATATTGTCGTCCATCCAACGT
TCAACGAGCCAAACATGACCAACAGTTTCAAAAAATCATTTCGAAATAGTTGGATAGGT
GTCAGATGGTTCTGCAATAATGACATTGATCATATCATTTCCATATTGGTCATCGCCTATC
TTCGTCACCCGCATGCTTTTATACTCTAAATCATCTTGATGCGTCATCTCTGTGATTGTTAA
ACATCTAAATATAAGACTCGTCGATGCTGCATTCATCATTTTTATTTATAAGCATAGGCT
TCATCAGGATATTGAATCGTAATACTATTTGACTTTACAATCTCAGTACTTAGTTTTGTGC
CATTTTTATTATAAAAAATGATGATAAAAATACACTGAACCAGCAGGCGTTGCATCAAAAT
CAAAATGCAATTTATAATGCTGTCTCTACGCAAAATTGGTAAACTTGGCGCACTTTTATA
TTTTGAAAATTGCTTTAACATCAACCACTCATGAATCGGTAATCCAGAGGGCATCAAAGA
ATTTATAAAAGTCACTTCACCATTTGAAAATGATACTTTAGAGCCATACATAAATGTAGTT
TGTGAAATATAATCCAAGTAACTTTAAATGTTTTTGTTCAGCAT

> asp2

Function: protein coding sequence; accessory secretion system subunit Asp2 (core genome, variable)

Best match: asp2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2752991:2754559:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 108769 ... 110338; Length: 1569 bp

Sequence:

TTAAATGTTTTGTTTTTCAGCATGTTGAACTCTCCCAAACCTTGTCTTCCAAAATAATGTTGT
AAAAATTAACAAACCAACTTGCAATGGTAGGTGAATCATCATTATGTCGCCCAGGAATAC
TGCGATTCATCACTCTTGCTTGGTGTGCTGTCAATACAGGTAATAGCTCTTGAAATGCATG
TGGATCATAATCATCATGTTGCATATATGCTATGGCAAAAACAGTTTGTGACAATGATTTT
TTTTGAAATGTTTGCCAAAATTTTTGATTTAATGCCTGTATCGACGCTTGAGATGTATCAC
CTTCATTAGACACCAGGACGTCTAATGCTGTACCGAACTCTTCTGGTCTAAGTAATCGCAT
ATGTTTCAGCAATCGTTCCAATATTAACAAGTGGTTTACCAACAATAATTGCCTGAGGATTT
AACTGAGCACCATAATACAAGGCACCAATGAACCCATAGATAAACCAGATAATATTA
TTCATGTGATTTAAAATTCAGCTTTTCTAATGTCTCGTCAATAACATTGATAATACCTTGTT
CATATTCAGATGAACCGATATAAAAACCTTCAACACGAGGATCGCCGATAAGTA
AAAACGGTGCATTCATACGTTTCATCATATAATATCCTTCGAAACCTTCCGCTGTTTCGATA
ACCACTAAAATATACGTTTAGTGGCGGTTTCATATCACCAGGGTGGAAATAATAAATAAA
TTCCTGTCGTTGACTATCTACGAAACGACTACCACCAAGTAAAAATTGACCCATGTCTAA
TCTAGACCATCGTTTGTGTATAGGTCCTAAATGTACCGTCCCGTTCACGCGCCTTAACA

GTTACACTTATATAAGCATCAAATGGTTTCGCAGGTATCTCTAAAGGACTGTCTAACATAT
CATCAGTCAATACGATTTGTTCAATTAATGCACCATCAGCGCCAGTCTGAATCAATCTAA
ATGTATATTGCAACTCGACCGCACCATCAATATCAAATTCTGGCCATATTTGAATGACTTT
ATCTTTATCGTAAACGAGATTATTTTGCCAAGATGCGATAGGTTTAAATTCTTTTCCAAAT
TCTCCACTCAATGTGAGCTCTGAATTACCTTGGTAAACGACATCTCCTTTAAAATTTCGGAT
GCACAAGTGCTAACTTAGGAGAAACCTTATCTCCATACTGTCCTGAGAAGCTAACTGCCT
CTAATTTATTATTACGTTCTTCAATATTCCGGTAATGTAATGGTTGAACAACGTATTTTTG
GACATTTTCGTCCTTGTTTCATATTCAACTGACCAAAATGATTCATCAACATACGTATTGTAT
GGTTCACTTATCATTTGTAATAAATTCGTTAATGTCTCCGAGTATGGTGCTTGAATATAGA
TAAATCAAAGCGCCCTTCTGCTTCAACAATCGCTTCAATAGCCTCTACATAACCACTATC
AAATTCAAACAATCCAATATCGAAGTAATCCCAACTCACACCTTTTTGTGTTGAAAAAT
AGGTTCTAAATCGTCTCCTCCAATTTGCAAACTCTAAATTTACGTGGCAT

> **asp1**

Function: protein coding sequence; accessory secretion system subunit Asp1 (core genome, variable)

Best match: asp1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2754549:2756102:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 110327 ... 111881; Length: 1554 bp

Sequence:

TTACGTGGCATCATTTTTACCTTCTATTAACTCATCGAGCTGATTAATAATATTCTTAGAA
GCATATGCATCTATTAATTTTAAAGAATAGGCGTACGCATAAATCCAATTTTTCAAATAAA
ATAATAATAATTTAACGCATCATCTAATTCATCAACTGTATTTATAATACGGCCATTGTC
ATAATCAGAGACGTAATCTGTTTGTGACCATTAATTTGTGGAATCCCAGCGCTAATTGCA
CTAATTTGTAATAACAAGTCAGGTTCTTTGACATATCTATCACAAGTCGCAACGTCCGCA
ATGCTTCTACAACATCATGTTTCAGCATGTATCGTCTTAACAGCAATGATGTCATCTTGATC
TTCAGGTGTCATTAATGCTGAAACATTAACATCCGCATTCTGTTTAGCTTGGTATTCTCA
TTTACCGACGTAATACATTCACGAAGCCACATCGGTATGTCATTTTGATGGCGCGATAAT
AAAATTAACGGTAATAATCTTCTGTGCGATATAATCCACAAGTCGTTGCATCATTTGTT
GCAAATCAGCGTCACTCATACCATCTATCCATACACCTATAAATGTTCCATCAATTGACT
ACTTATATTAGGTGATTGTCCTCGTTTCAAATGGTGTGATTTCGAATCATTGTATTCTCCCGC
TGATACTTCTTIGATGACTAATTAATCACGTTCTAGTTGCACACTATCAACAATTAAT
GGGCATTCTTTACGATAGATTGATATTCCTCATCTGACACAGTTTCATTTCTATTTTTAAA
AATGAATAACTTAATGATTTTCGCTGGAATATGATTGGCTATTTGTGCGATTGTGCCTAGCA
TCTGAAGCCACAATCACATGATCATCTTCATGTATTTGTTGTGCAATCATTGCTTGAATTT
TTTCTTCAATTAGTTGAGCCATATTGTTATATTCTGTTTGTGATAGTGATGTTGATATCTT
TTTGAAACAGTGAATCTGCCATTTTTCAAATCTTCATGAAGTACACAATCTCCATTAATCG
TTAAATATTCTTGGTAAGAAGCCTCTCCCTGATCATCAAATAACGTATCGCTGATAAAT
AACCTCTGTCATCAAAAATATAACGCCGTTGTAAGTATCTTTCAAATTTCTTCAAACCA
AATTGAATACCCTTCTTGACTAAAATAAATATTTGTATAGGTCTGTTCACTCGTCACACAT
TTAATAAATACGGTGTGTACACAACTCAACATCATCCGGCCATTTTAAGTGATGATAA
TTAATCGCTTGTGGCGCATGGTGGCTGAATCCTTGAATTTTCATCAAACACAGACGAATAC
TTTGTCTCATATAAGTCATATCGATGTAAAAATGTTCTTAAATTTGGTGCATGATTGAGAA
CAATCAGTTGATAATCTAAGTCATTTTCAAGGTGCATTCCCATTAATACTAATCATATCGTC
AAATTCGCTTATTTTGTAGTTGATAATACGGCACAGTCGTGTCTTGCCACCATCGTTGG
TCATCGTACCAAGCTGGAATAAAGTATTTTCAT

> **secY2**

Function: protein coding sequence; accessory secretion system translocase subunit SecY2 (core genome, variable)

Best match: secY2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2756113:2757324:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 111891 ... 113103; Length: 1212 bp

Sequence:

TTACCAATACTGGCTTAAAAATGGCTTATATTTATCAAATATAAATATGTACGAATTGTT
TCTGCAATATTAATACTGATGTAACTAATACAATTAGTTGTACTGAGAAATAAATTTCA

GTAGATAAATGCGGTACAAACAATGTGAAATAAAGCGGTATACCAATAATGATTGTAAC
TAATGCCGATCCAAACCAACATACGCGTCGTGCTTGATAATTTAAATAACGTTCTGTATCC
TTACCAGGTTTAACTCCTGAAAAATAATTGCCACTCTTTAAGAAATCTTTGGATTTTTGTT
TAGTATTGATTA AAAATCTCGATAAAAAATAACCCAATAACATTTGAATCACTAAATACA
CCGAAATACCAATTGGACTATCAAATGTCAGCATTGGCATGTCATCTGATATGCTTTTATT
AAACATAGATAAAAATAAAATGAATGCCACTTTTTAAGAAAACAAAAGCTGAAATGCTCA
TCATTAAGTAATACTGCCTGCAGGGTTAACTTTCCAAGATAAATAAGATTTTCATATTTGT
TGCGGAAACGTTTCATTAATCGATATATGGTATTCTCACTTCTACTAATTCAATAAATAAT
AAGATAACAATGTGATTATCACAAGGATGATTAACAACGCAATCACAATATGACTTGCA
TCTATATATTCCATTTTTTGTATGCATCATTGATTTAATAATGCTAACCAATTACAATCGGCA
TTGGTCCTGCAATGCCGTAACGACTATTTTTGTGAGCTAACCAAATAATAACATCGTTCC
AGTAACCAAATCAATATTGTTAAGTAAATATTGTCTTGATGAACACGTTCTTTCGAAAC
ATATTCATGAATCACAAAATAACTTTGAATAACACTTAAAATTAATGTTAAGATGCGCTC
TTTATAATGCTTCTCAAGACTTGTGTTGTTTCATGTATTTATCCATATTCCGATAAGAAATCA
GCATCAAGATAATCATTGATGTTAACCACGGACCTAATCCTAAAGTAAAATGTTTAAAG
TATTAACGTCTCCACCCATATTAGAAATAGCTATTTTAAAAAATGACTCATGTTTTACTTG
CATATCGTTATAGGAAACGATGGAAATGTTTGTGCCTAATATATAAATAAACAAGATAAA
ACATGTGTATAGCATACGTTTATATATAATTTTATATTCGTATTGTTGTAAGTTTTAAC
AT

> **sasA**

Function: protein coding sequence; Staphylococcus aureus surface protein A chv

Best match: sasA_CC005_JH1_CP000736.1[2847070:2853885:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 113232 ... 118392; Length: 5160 bp

Sequence:

TTATGCTTGAGAATCATCTTGATCATTTCATCTTTCTTTTTCTTTCTTTCATTAAACCTAA
ACCAACTAATAATGTCATAACGCCACCTAGTAATCCATTTTGTGTTTATTGAGTCACCTGTA
TCTGGCAATCTTTTTTCACTTTGTGCTGGCGTGCCATTATGTTTAGTCACTTCAGATGTTGC
ACTTAATGTAGACTGAGATTCCTCGTGCTCGTTGTTGCTTCACTTGATAAGCGAGATGTG
CTCGTGCTGTGAGTATGATGCATACTCATTGAGTCTGACGGATGCATTGAGTTAGATTCA
GATGTACTTGTGAGCCGGACATACTTGTGATGTCGAGTCAGAAATGCTTTGTGAACCA
GACATAGATGTACTCAGTGATTCGGATGTGCTTGTGCAATCGGATGTGCTCAATGACGTT
GATGTGCTTGTGACACTGATTCTGAGTCGCTCACTGAAGTCGAGTTGTACGTTGAGCCG
GACATACTTTGTGACATTGAAACACTTGTGAAATCGGATTCCTCATTGATGTTGAGTCAG
ATACGCTCGTTGAACCTGAACCAGACGTAATGATTGAGATATGCTTGTGAAAGTTG
AACCCTTGTGAGTCCGATGTACTTGTGATGTCGAGTCTGAATCTGATGTACTCAATGA
TTCTGAGTCACTGATAGAAGTTGAATCACTTGTAGATTCTGATTCTACTGTACTTTGTGAA
CCACTGATACTTATTGAAGTAGAATCACTGATACTGTCTGATGTTGATAATGATGTCGAC
ACCGATGTGCTTTGTGATGACGATGTACTAGCACTCATTGACATTGATGTTGATATCGATG
TACTTAAGGAACCAGATGCACTTGTACTTGTGACTGGCTTTGTGACATTGAATCACTTAA
TGATGTAGATGTGCTTGTGAGCTCGAGTCACTTAACTTGTGAACTGATATTGAGTCA
CTTAACTTGTGATGTTGAACTGATACGCTTCCGCTCATTGAGTCAGATGTTGAAAGTG
ATGTACTCGTTGAATTTGATCCACTGATGCTAGACGAATCACTTGTAGACATTGAGTCGCT
TTCTGATGCACTGATGCTCATAGAGTCAAATTGACTATTACTTGTGAGCTTGACTGCGAA
TCGCTCACACTTGTGACGTTGATTCTGATCCACTCATACTTTGCGAGCTACTCAATGATT
TTGAATCACTTAAATGAATCCGAAGTGCTAAGACTTGTGGAACCACTTAAAGATATTGATC
CACTTAAATGAGTCGGAGTCACTTGTACTAGTAGAATCACTCATTGATATTGAATCACTTAG
CGAGGTAGACTCGCTTACGCTTTCTGAACCACTTAAATGATGTTGAGGTACTCAATGAACC
AGATGTACTTGTGAAAGTCGAACCACTTGTGCAATTTGAATCACTTAAATGAATCAGATTCA
CTCACGCTTTCCGAACCTTCTTAGTGACGTCGATACACTTAAATGATGACGAATCGCTTGTGC
TTACTGAATCGCTCATCGATTGTGAGCCACTCAATGAACTAGACTCGCTTACACTTTCTGA
TTTTCTTAAATGACGTTGAGACGCTCAATGAGCCAGAATCACTTACGCTTGTGAAACCACTC
ATCGATTTTGTGAGTCACTTTCAGAATTAGATTGCTTACACTTTCTGAATCATTTACAGATT
CTGACATACTTTGTGAATCAGATATGCTTGTGCTCATTACTTCACTAGCCGATGTTGATGT
GCTTGTGCAATCACTTAAACGATATAGACACACTCATCGAACCAAGATGTACTCGCACTTGT
TGAGTCTGATGTTGAATCACTAACACTATCAGATAATGACGTTGAATCACTCATACTTGT

GATGTACTTGTGAAAGCGACATACTTTGTGAATCACTAGTACTTGTACGCATCGAAGTA
CTAGTTGAAGCTGATGTACTACGAGAGTCACTTGTGATGTTGATGTACTTGTGATCCTG
ATGCACTTGTACTTCTTGATGTGCTTTGTGAATCGCTTAATGATGTTGATGTTGAATCGGA
TTCCTTGTACTTTCTGATGTTGAGCCAGATTCTGATGTACTTACCGATGTAGATAAACTT
GCAATGGTCGACATGCGGTTTGAAGTTGATGTACTTAGCGAATCACTTAATGATGCTGAT
GTGCTTTGTGAATCGGATTCCTGCTTTGCATTGACGCAGATGTTGAATCACTTAAAGATG
TTGACGACGAATCGGATTCCTGCGCTTGTGACGTACTGAGCGATGTTGACGTACTTGT
ATGATCCTGAGTTACTTGTACTTGTGAGTCACTGAGTGTGATGTTGACGCACTTTCTGATGT
TAATTCCTTGCCTTGTGAGATACTTTGTGAATCAGATTCCTCTCTGAACCACTTAAT
GATGCTGATGTACTAGACGACCCTGATATACTCGTTGATAAGCTTTGTGACTTAGACAAG
CTTCTGATGTACTCATACTTAATGAGTCACTGAGTGTGATGTTGATGTACGCAATGAATCAG
ATGTACTTGTGATAGACTTTCGGATTTTTCAGTACTGCTAGAGTTCGAAATAGAATCGCT
TAATGATGTTGATTTACTAACTGAACCTGACATGCTTGTGATACACTTTGTGAATCCACT
AACTTGTGCTTGTGAGCTTGTACACTATTACTTTCAGATGTGCTTAATGACTTAGATG
CACTCACAGAATCAGATAGGCTTACACTTGTGCGATTTGAGGTTACTAGCTGATGTAGATA
CCACAATCGATCCTGATGTGCTCGTTGATGCACTTTGTGAGTCAGCTTTACTTGTGACAC
ACTTTGGGATTGTTGTGACTTCTGATGTTGATACGGAATCACTCATGCTATTTCTTGTTA
CTTCATATTTAAAAGTTGTTGTGCTTTTGTACCGCTCGCATCTGTAGAAACGATTGTTAT
AGTACTTGTACCAATGTTTGTGTTGGTGTACCACTAATGGTATTATTTGTACTATCGAATGTT
AGTCCAGATGGCAATCCAGTCACTGTATTCGTACCCGATTTCCACTGTTGTCCTGCGTAG
CAATTTTAATCGGTGATATTGGTGAATACACTTCTGATGATTGATCTCCTATTGGTGTAC
TGTTGGTGTGCTGTCGATCCACAACATTTATTGTAAGTTGTCGTCGATTTGTTATTTGCTT
GGTCAGTAGACACAACCTGTCACTGTTGATTGACCAATTTTGTGGTGTCCCAATGATTGA
ATTCGTTGCACTATCGTAACTTAATCCGCTTGGTAATCCTGTAACCTGTAATTTGTCACAGTC
CCAGTACCATTATCCGTTGTAGTCAATACAATAGGATTCATTGTTTTACCCACTTCTATGG
TTTGATTGCCTACAGTTACAGTTGGTGTCTTTACATCAGTAAAATAATATGCACTGATTG
TCCAGCATTTCGTCAATTTTACAGTTTTATTGTATCATTATAAGTTGACGCATATGAACTAT
CGACGGACGTGTAGTTATATCCTTTAGCAGTCAATGCAGATTGCTGATTATCGATTGTCAC
GACTTGATCAACATTTCTGAATATGTTTTTGGTGAATAATATCTTTACCTGTTGTTACA
TCAACGTATCTCACTTGTGTAACAGCAGACTCTGTATATTCGAATGTTCCAAATTGTA
GTTGTAATTTGTCGCGCCACCTGTTGAGGCTGTCAATTGATAATGAAAAGTTGGTGTGAC
ACTTTTCGCAATCCAATCTGAAATATTACGTGTCCATGTTTGACCTGCATATTTGACAGTC
ATAACCTTTGCATCACCATTATAGTTAATATCAAAATCTTGGAACGTGTTATTTGTAGGTT
GAACATTTAACTTCGCAGCATTATCAGCTGTTGAACTTGATGTATACGTTGTGCGCAACACC
ATAACTATCTGTTGTTACAAATGCACCAACGCACCTCCACCAGCTACATTAGATGGGTC
AGCATTTCGCTTTGCAGCTGAATTTGGTTTAGATGTATTGTGATACGTATCCAATTTGAAG
CCAAATGCGTTACTTAAGCCACCAATACCTACTGCGGCACCGTTTAACCTGTTTCACCTA
ATACACCTGGTAAAAGGCCAAAACCGATACCATCTCCACCATTCCATGCCCTTCATATTT
GTTACCTAAATTTACTTTTCCAGAAAATGAAAACCTTATTAGAGTCAATACGTGTTCCCT
AATGTAATGGCACCTTTTGGCTTGTGATCTTGCCTAACGTTACGACCCCTGTACTTT
GGTCATAAGTGGCATTTCCTGAAGTTGTATATATTGCTTTAAGTTATCTTTATTA
AATTGTATTAGCAGTTACTGCAGTTGTCGTCGCTGCTGACGCAAATGTTGACATAGCTAA
GCGACTGAAAGTTCGAAGTTTTACTGGTGCCTGCTAGTTGACGTTGTGCTAGTTTTGTTT
AAGTTGACCGAAGATGGCGTTGTGCTTTGTGAAGTGTATTTGATGCAGTACTTTGATTTG
TTGATGTATTAATTGGTTGTTCTGTACTTGAAGTTGAAGCTATAGATTTAGTATCAGA
ACTTGATGTAGTATTCTTTGAGGATGTTGATTCTGATGTAGATGTCAATTTTTCTTGTG
TTGACTATTAGTTGTCGAAGTGACCTTTTTCAGACTTTTCACTTGTGACTGTGCACTATTT
GATGTTTGTACCGAATACTATTTTTCGTTACACTTGTGGAATCGGCTGTTGATGTTGATG
CTTCGATTGTGCTTGTGAGTTTTGATTACCTACTGTTTCACTTTGTGTTGTTAATTCAGA
AGTTAATGGTGCATCAGAAGCCGCAAAAGCTTGTGTCATGCAACATATTTACCGTGAATGCA
CCACCAATAACCGCCGTAGTTTTTCAGTCCGTATCCCGTCATTTTTTTACTAATGCTTTG
ATTCTTTGACTCACTAACTATGACTAATAAATGGTAGCCCCATAATTTGAACATTTCTATT
TCTTTAATTCGGATTTTACCCAATTTTTTCCAGATTTATAAAGTCTTACTCTTGTTTTTTC
GTTTGCTAAGCTGTCATGAAATGCTTTCTGTCTTTACTCAT

> A6U540

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)
Best match: A6U540_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2826326:2827018:r]RC
Position: 065-contig_242_RC: 118936 ... 119629; Length: 693 bp
Sequence:

```
TTATCTCTTTTCATCTGATTGATTATCGAAATTTCTTCCTTCTAAACCTGCTAACTCTTCTTT  
AGAAGCTGCAGGTGCTTTTCATTTCAAATATCTCATTCACTACTGTGTAATCGTAATATCCT  
AATCTGGCAATAGGTTTAATCGACTTAATGTCCAATTTACCATTATCAAGAATAACCTTAT  
CGTCAATATGAACTTGGGCAACTCTTCCTATAACAATATCTACGGTAGATACTGGGTCTCC  
TGTCGGAATACGAATCGTTTGAACGTACTCACATTCAAATGTACTGGCGATTCTTTGACT  
CGATAACCTGGTGCTTCTATACATGCTTCTTTTCGTCACACCTGCATATTCAAATTCATCCT  
CTTCAGGTGGTAGTGCCTTCGACGATAAATTAACAGCTTCTCTTAAATCATACTGGCCAT  
GTTCCATACAAACCACCCTGTCTCTTCTGCATTTTTTTACTGTATCTTTACGCTCATGATCAC  
CAAGAACAGATTGATTTGCTGCGAACATAACCATAGGCGGATCCCAAGTTAAGTTTTGAT  
ACTGACTATAAGGCGCTAAATTATCTTTCCCATCTTTTCGATACAGTAGAGATCCACCCTAT  
TGGACGTGGTACTGTACTACTTTTAAATGGATCGTGCGGTAACCATGACTTCTTACACCT  
TGTTTTGGCGAATAATTCAT
```

> **ywrF**

Function: protein coding sequence; putative FMN-binding flavin reductase (core genome, variable)
Best match: ywrF_CC001_MSSA476_BX571857.1[2747002:2747613:r]RC (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 121744 ... 122356; Length: 612 bp
Sequence:

```
TTATTTTTCTGGTCTCTTTATCGTAAATATTCCCCCTAATTTAGCATAATCATTTCGGGCTA  
AACGAGAAACAGCCTGTAATGCGTGTGGATTGATTTTTAAAATCACCCCTATAAATACTGT  
CATCAATATGATAAGTTACAATTTACCTATTATTAATCAGCCCCATCTAATACATCTCC  
AAGCAATATCATTTCGATAGTTTACATTCGAATCTCATTTCGCATCTTTAATTCCTGGC  
GTCTTAATCGTTGTAGATGTTAAAAGTGATAATTCTGTACGACTCAACTCACTGTCACCAT  
ATGCTAACGGCGCTGCAGTCTCATTAAATATCTTGAACATTATCTTCGTCTGTAATATGCAC  
AACAAAGTCTCCAGTCCGTTCTATATTTAATGCAGTATCTTTTCTTACCTCCTGCACGTT  
GAACTGCAATAGCAATCATTGGCGGATGATTATTAACAATATTAATAAAGCTAAATGGTG  
CTGCATTTACTGATGCATCTTGATTTAATGTTGTAACAAAAGCTATAGGTCGTGGAATAAT  
TGAACCAATTAATAATTTATAGTTTTCTCTAGCAGTTAATGATTGTGCATCAAACGTATAC  
AT
```

> **msrA3**

Function: protein coding sequence; peptide methionine sulfoxide reductase A3 (core genome, variable)
Best match: msrA3_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2770252:2770728:r]RC (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 122434 ... 122911; Length: 477 bp
Sequence:

```
TCACTTGTATTTATTTAGCAAATCTTTTGAAATATGACACATATGCATATCTTCTGGATAT  
TTTTCTAAATGTTGCTGATGTTCTTCAGCACTTTTAATGTAGTTAGACAGCGGTAAGACTT  
CCACTGCAATTTGATCTCTGTCTTTACGTCGTTCAATGAACTGACGCGCTTCAATTAAGTG  
GTCATCTACACA ACTATATAAACCCGTTTCGATACTTTTGTCCAATATCATTTCCTTGTTGA  
TTCACACTGTAAGGATCAATGATTTCAAATAAATAATTCATAATGTCTGTAATTGTTAACA  
TACGATCATCGAAATGAAGTTTGACACATTCAGCATAACCATCATACGGACCGTCTAATT  
TAGAGCTTCTTCCATTTGCTCTTCCTGCTTCTGTATGTATAATTCAGGTATTGTTGCAAAA  
AATGCTTCAACACCCATAAACATCCTCCTGCTACATAAACA ACTGCCAT
```

> **txbi_capC-L2**

Function: bidirectional rho-independent terminator of capC-L2
Best match: txbi_capC-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2769507:2769558:r]RC (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 123589 ... 123641; Length: 52 bp
Sequence:

AAGCATACTCAAAAAGACTGGTACATGTATACCAGTCTAATTCGAAAAATA

> **capC-L2**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein C/locus 2 (core genome, variable)

Best match: capC-L2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2771466:2772233:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 123648 ... 124416; Length: 768 bp

Sequence:

```
TTAAAACCATTTCAAAAACGACTTCACTTTTCCTGGCTTAGTCCGGTCTGTCTAAATAAACA
AAATTATCATTGATTACTGAACTGGCATTTCGAAGTAATGCTTCAATATCATTTCGAATATT
TCTTCAATTTATGATTGTGAAATAATTCTTGCATCAAAAATGGTCTTTGGTCCACATGAATG
TGCATCTGAAGCTACAAAATGAGCCAAATTACATTCTATAAATTGTAATGATAACTTTTG
AATGTTTTTACCAAATCCACCAACTAAAGAACTCGATGTTAATTGACTCAGTGCCCCATT
GCAACCAATTCATATAATATTTCCGGATTTTTGGCGATACTTCTATTTCTTTCAGGATGTG
CAATGATTGGTATGTAACCTCTCGATTGTATTTCAAAAAACAATTGTTTTGTATAATGTGG
TACTTCGCCCGTTGGAAATTCAATTAATAAATATTTCGAACGATTAATACCTTGAATACTA
CCATTATCTAAGCCTTTCAGAATCGAATCTGTAATTCTAATTTCTTGCCCGGAAATAATT
TAATATCCAATGCTTGAACCTTCTGGATGCGTCTTAACTCCGCCAATTCACAAGCACTTG
TTGAAATGTATTATCATATCTCGGATGCAAATGATGAGGTGTCGCTACAATACTTGTTACA
CCTTCATCCTTAGCTTGTAAATAGTGCAATACTCTTTTCAATTGTTTTAGGACCATCATC
TATATCAACTAATATATGGTTATGAATATCAATCAT
```

> **capB-L2**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein B/locus 2 (core genome, variable)

Best match: capB-L2_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2772230:2772922:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 124412 ... 125105; Length: 693 bp

Sequence:

```
TCATGATTCATCAGTCCCATAATATGCATAGTAACTAGCACTTTTATCTTTAGGCATTCTA
TTTAAGACTACACCTAATAATTTAGCACCTGTTGCTTCAATAAGTTCTTTTCCTTTTTTAAC
TTCATCTCTATTATTATTTCCGAATTAACCTACGTAGACAACATTGCCGGTAAACTTTGAA
AATAATTGCGCATCTGTAACCTGTGTTCACTGGTGGCGTATCGATAATTACAAAGTTATAAT
TCATCAATAATGTGTCATACAAATTTGCAAATGCCCTTGATGTAATTAACCTGACGGATT
CGGTGGGATTGGCCAGACGTCAAGACGTCTAAATCTTGAATTTAGTTGAGATAAACT
GTCTTGATAAGTTGACCAATTTAGCAATAAACTTGATAGGCCTTCATTGTTTGCCAAATTA
AAAATATAATGCTGCGTAGGTTTACGCATATCCCCGTCTACGATTAGTGTTTTATAACCTG
CTTGCGCATATGCAACTGCTAAATTTGCTGCAATTGTAGACTTACCTGCGCCTGGTGCCTC
TGAAGTGATTACAATGCTTTGAACTGCACTGTCAGGATTTGCAAACATAAATTTGATCTT
ATGCCTCGAAATTTCTCGCTAATAGGTGACTTTGGTTGTTTCATGGACAATTAACCTTGATG
TACTTCTTCGTGTATTTCGTCAT
```

> **capA-L2**

Function: protein coding sequence; capsular polysaccharide biosynthesis protein A/locus 2 (core genome, constant)

Best match: capA-L2_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2771039:2771701:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 125121 ... 125784; Length: 663 bp

Sequence:

```
TTAAAATTTTTGTATTGAACCTAAAATAGGTAATCCTAGTTGCGATTCAACATCTTCTTCT
GTCTTAATACGCTTATCTAATAATTCTTTTAAGAAAATAATCAATATTGCTAAAACAATAC
CAACAATAATGCTGATAACTAAGTTGACAGATACTATTGGAGATACTTTTACAGCATTAT
CATGTGCTGAGGAAAGTATCGTAACATTATCAACACTCATAATTTAGGCATGTCATGAG
CAAAAACCTTAGATATTTTATTAACAATTTTGTGTCAGATTCAGATTTATTCCCAGTGGTAAC
```

TGATACAGTAATAATTTGAGAGTTTGTGGATTGGTTACTTTTAAAAATGAATTCAACTCA
GCTGTTGAATACTGACCATCAAATTCTCTAGATACTTTATCTAGAATTCTAGGACTTTTGA
TAATTTCCGTATATGTATTAACAGACTGCAAACACTTTTGAACATTTTGGAAAGCTAAATC
ACTTGAGGACTTTTTTCATGTTCACTAATATTTGAGTAGAAGCAGTATATTTGTCAGGCATA
ACAAAAAGGTTAATGCCGCACTTACTACAAGACATATTGCCGGTAAAATAAGCAATAA
TTAATATTCTTCTTTAGAATATTTAATAGTTTTACTAAATCAAACCTTTTCTTTCAT

> **icaR**

Function: protein coding sequence; transcript regulator of intercellular adhesion protein operon (core genome, constant)

Best match: icaR_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2772550:2773110:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 126632 ... 127193; Length: 561 bp

Sequence:

TTATTTCTTCAAAAATATATTTAGTAGCGAATACACTTCATCTTTGAATTGACTTTTACTTT
CTTCCACTGCTCCAAATTTTTGCGAAAAGGATGCTTTCAAATACCAACTTTCAAGAAACA
GCAATATTAATTTCTGAAAGTCTTCTTTTGTCACTTTATCTTTGATTCATCATAGAATTTT
GCTATCTCTTTACTTAATGATTGATTTAAATCTTGTATTTGTCCGTAAATATTTCCAGAAA
ATTCCTCAGGCGTATTAGATAATTGAACGTACATTCTAATATACCTTTCTTCGATGTCGAA
AATAAACTCAAATAAGAATTGATATAAAGCATCAATTGAATAGTTCGATTTATTTTGATT
CATCATAATAATATTATTAAGGTAATCAAACAACATTTAACACTTTGTTTCGTAAATACTT
TTTTTCGAGTCAAATGGTAATATAAACTCGCTTTCTTTATATTTACTTTTAGCTATATC
ATCAAGTGTGTACCGTCATACCCCTTCTCTGAAAATAAGGTTATTGCGTTATCAATAATC
TTATCCTTCAA

> **icaA**

Function: protein coding sequence; intercellular adhesion protein A (core genome, constant)

Best match: icaA_CC008_NCTC8325_CP000253.1[2775174:2776412] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 127356 ... 128595; Length: 1239 bp

Sequence:

TTGCAATTTTTTAACCTTTTTGCTTTTTTATCCTGTATTTATGTCTATTTACTGGATTGTCGGT
TCAATTTATTTCTATTTTACCAGAGAAATTAGATATTCATTGAACAAGAAGCCTGACATAA
ATGTGGATGAATTAGAAGGCATTACATTTTTACTTGCCTGTTATAACGAAAGTGAAACGA
TTGAAGATACGTTGTCTAATGTTCTTGCCTCAAATACGAGAAGAAAGAAATATTATCA
TTAATGATGGAAGTTCAGATAATACAGCAGAACTCATCTATAAAATCAAAGAAAATAAT
GACTTTATTTTCGTCGATTTACAAGAAAACAGAGGTAAAGCCAACGCACTCAATCAAGGC
ATTAACAGGCTTCATATGATTATGTAATGTGCTTGGATGCAGATACTATCGTTGATCAA
GATGCACCATATTATATGATTGAGAATTTCAAACATGATCCAAAACCTTGGTGCAGTTACA
GGTAATCCTAGAATTCGAAATAAGAGTTCTATTTAGGTAAAATTCAAACGATAGAATAT
GCAAGTTAATTGGCTGTATTAAGCGAAGTCAGACACTTGCTGGCGCAGTCAATACTATT
TCGGGTGTCTTCACTCTATTTAAAAAAGTGCAGTTGTGCGACGTTGGCTACTGGGATACTG
ATATGATTACCGAAGATATTGCAGTTTCTTGGAAATTGCATTTACGTGGATATCGTATTAA
GTATGAACCGCTTGCCATGTGTTGGATGTTGGTTCCAGAAACATTGGGAGGTCTTTGGAA
GCAACGCGTGAGATGGGCTCAAGGGGGACACGAAGTATTACTACGAGACTTTTTTAGCAC
AATGAAAACGAAAAGGTTTCCTTTATATATTTGATGTTGAGCAAATCATCTCGATTTTA
TGGGTATATATAGTGCTTCTATATTTAGGCTATTTGTTTCATAACAGCAAACCTTCTTAGACT
ATACATTTATGACATATAGTTTTTCAATATTTCTACTATCATCATTTACTATGACTTTTATA
AACGTTATTCAATTTACAGTCGCACTCTTTATTGATAGTCGCTACGAGAAAAAGAATATG
GCTGGACTCATATTTGTAAGTTGGTATCCGACAGTATACTGGATTATTAACGCAGCAGTA
GTTCTTGTGCGCATTTCCAAAAGCATTAAAACGTAAGAAAGGTGGTTACGCAACATGGTCA
AGCCCAGACAGAGGGAATACCCAACGCTAA

> **icaD**

Function: protein coding sequence; biofilm PIA synthesis protein D (core genome, constant)

Best match: icaD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2774476:2774781] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 128558 ... 128864; Length: 306 bp

Sequence:

```
ATGGTCAAGCCCAGACAGAGGGAATACCCAACGCTAAAATCATCGCTAAATATTGTAAG
AGAAACAGCACTTATCGCTATATCTTGTGTCTTTTGGATATATTGTTTAGTTGTTCTACTCG
TTTATATTGGTACTATATTTGAAATTCATGACGAAAGTATCAATACAATACGTGTTGCTTT
AAACATTGAAAATACTGAAATTTTAGATATATTTGAAACTATGGGCATTTTCGCGATTATC
ATTTTTGTATTTTTTACAATTAGCATATTGATTCAAAAATGGCAGAGAGGAAGAGAATCG
TGA
```

> **icaB**

Function: protein coding sequence; intercellular adhesion protein B (core genome, constant)

Best match: icaB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2774778:2775650]

Position: 065-contig_242_RC: 128860 ... 129733; Length: 873 bp

Sequence:

```
GTGAAGTATAGAAAATTTATAATTTTAGTGTTGAGTATCTTGATCATATTGCCTGTAAGCA
CACTGGATGGTCATCATATTGCAAATGCAGATGACGATTCACCTAAAAAACTGAAATATA
AAGAAAATAGTGCTCTGGCATTAAATTATCACCGTGTAAAGAAAAGTGAATTTTCTGAATA
ATTTTATTTACTTCTTTTCTAGTAGTAAAGAAATTAATAATATAGTGTTAGTCAATCACA
ATTTGAATCTCAAATAAAATGGCTAAAATCACATGATGCTAAATTTTTAACCTTGAAAGA
ATTTTTATATTACAAGAAAAAAGGTAAGTTTCCAAAACGAAGTGTATGGATTAACCTTGA
TGATATGGATGAAACTATTTATGAAAATGCTTATCCAATCTTAAAAAAATATAAAATACC
GGCAACTGGGTTTATTATCACAGGTCATGTTGGGGAAGAAAACCTTCACAACCTCGATAT
GATTAGTAAAAAAGAACTAAAAGAAATGTATAAAACTGGGTTATGGGAATTTGAAACAC
ATACCCACGATTTGCATAACTTATCTAAAAATAATAAGTCAAAATTAATGAAAGCTTCTG
AAGCTACAATCATAAAAGATTTAAACAAAAGTGAAAAATATCTAACTAAAAACTTTAAA
AAGTCGCAGAAAACCTATAGCCTATCCTTATGGCTTGATGAATGACGATAAATTACCGGTA
ATCAAAAAGCTGGGTTAAAATACGGTTTTTTCATTAGAGGAAAAAGCAGTCACTCCGAAC
TCCAATGATTATTACATCCCTAGAATATTAATTAGTGATGATGCTTTTGAGCATTTAATTA
AGAGATGGGACGGATTCCATGAAAAAGATTAG
```

> **icaC**

Function: protein coding sequence; intercellular adhesion protein C (core genome, constant)

Best match: icaC_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2775637:2776689] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 129719 ... 130772; Length: 1053 bp

Sequence:

```
ATGAAAAAGATTAGACTTGAACCTCGTATATTTACGTGCTATTATATGTGCAATTATTATTA
TCACACATTTACTTACACAAATTACTTTAAAACATGAAAATATGGAGGGTGGATCCTTAG
TGTTACAATTTTACATTCGTAATATTGTGATTTTTGGTACACCTTGCTTTATTATCTTGCA
CAGTTACTGACAACCTTGAATTACCAAAAAGTCACCTATAGATACTTAACTACACGCGTA
AAATATATACTTATTCCTTACATATTAATGGGATTGTTTTACAGTTATAGTGAATCATTAT
TAACAGATTCAAGTTTCAATAAACAATTCATTGAAAATGTCCTATTAGGTCAATGGTATG
GCTATTTTATCGTTGTTATCATGCAATTCCTTATTTTGAGTTATATCATTTTTAAAATTAAC
TATAACCTATTCAACAGTAAAATATTATTATTGTTATCTTTATTTTACAGCAATCATTTTT
ATATTACTTTACGAACAACACAGCGTTTACGATACCGTGCTACACTATTATCCATTAAGT
GAAAATACTATAATATTCGGATGGATTTTTTATTTCTTCTTAGGTGCATATATGGGTTATA
ACTACGAACGTGTATTAATTTCTTAGAACGTTATTTAGTTATTATGATTGTATTAGCTGT
AGCTACTTATTTTGTGTTTATTGCGTTAGCAAATGGAGACTATTGGAACGTTACCAGCTTT
TCATATTCATTAACACCATATAATAGTATTATGTTTATTGTTATCTTGGGTATTTGCACGC
ATTTTAAAACAATGTTATTTAATACGATTCAAATGATTAGTGCTTTCTCATTCTTTATTTAT
TTATTACATCCAATCATTCTAGACTCATTGTTTGCATATACAAATATATTTGAGGATAATA
CAATGGTCTTTCTAGCGATATCACTACTATTCATTTTAGGATTATGTATAGGTGTCGGCAT
GATATTGCGTGAATTCTATATCTTTAGGTTTATTATTGGAAAACAACCATATAAATTGAAC
ATTAATGCTTATTA
```

> **repeat_nyS**Agamma

Function: repeat element

Best match: repeat_nySAGamma_CC008_COL_CP000046.1[2766913:2767025]

Position: 065-contig_242_RC: 130950 ... 131119; Length: 169 bp

Sequence:

CCAACCTTGCACATTATTGTAACCTGACTTTCCGCCAGCTTCTATGTTGGGGCCCCGCCAAC
TTGCACATTATTGTAAGCTGACTTTCCGCCAGCTTCTTTGTTGGGGCCCCGCCAACTTGCA
TTGTTTGTAGAATTTCTTTTCGAAATTCTTTATGTTGGGGCCTCGCC

> Q2FZB6

Function: protein coding sequence; putative protein (genomic island)

Best match: Q2FZB6_CC008_COL_CP000046.1[1182242:1182414]RC

Position: 065-contig_242_RC: 131006 ... 131036; Length: 30 bp

Sequence:

CCAACCTTGCACATTATTGTAAGCTGACTTT

> lip1

Function: protein coding sequence; lipase 1 (core genome, constant)

Best match: lip1_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2777135:2779180:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 131218 ... 133264; Length: 2046 bp

Sequence:

TTATGCTTGGCTTAGTATCAGTCAGCTTTTCAGTTTTCACTAAATCGTCTGCTAAATGATGC
CAAAAATCTTGTAATTCTTCTCTTGTGCGCACTGTATCAGAACTGTCTTGTCTTACAAAGT
CAACATGATCCCAATCATGTTTTGTAGGCGTCACTTGCCAAATGCCTTTTTGAATTTTATC
TGTCGCTTTTGTATAAGCTTGATTAAATGGATGTTGAGAAGAAATAACGGATACTAAACC
ATCGTTTTCTCGCCATTCTTTTTCAGTAGCTTTACCGATTAAGTTACCAGTAATCACAAAT
GGGAAAACATATTTAAGTCTGCTTTTTGTCTATCGCTATTTAATGCTTTGTGCGTTGCTTC
ACCAGTGTATGTTTTATACACAATGTTAGGGTTCAACGACGTTTTACGATTTAAATCTGTT
GCACCCTCACGCGTCAGATCGTAAAATCCATTATCTTTTGATTTCCATAAATTAGATTGTT
TAACGCGTTTGACATAATCAATATATGATTCATTTGGCTTCTGTTTTAGACCCCATTTGAGC
CAACCCGAAGTCTACTCTTGAATTTTTATTACCAAACATTTTACCGATATCAAATACGATT
TGCTCTACTAAAGCTTCATTACCAGCTAAATCTGATGCGTGTGTACCATTATGTGGTGTTC
CTAAAGTAGTAATTGATGAAATCATATTGTCATGATTACCTTTGAATAGTGGAGAAATTT
CGCCACCATGTTTCTTTTGATACTCTATTTCTTCACGATTACCATTACGCAGTAATTTCTTCT
AGTTGACCTATCGTTTGACCGCCATACTATGTCCAAGTGGTGTACCTTCTGTCTGCTGTT
TCCAGTCTTTGTAAATTCCTTCGTATGTTTTTCCATAACGTTTCATGTCCATATTTTGTGCA
TGTGCTGCACCATAATCTACACGACCGCCTTTGATATAATAATAAAGTTCAACTGCGCGG
TCATAGTTACTTCCAAAAGCACTTATACTTGTCTCATAAGCTTTGTAACCATTTTCTTCTAA
ATCTTGGCGAATGTTCAATTTTATTACCGCCCAATAATGAGCTAACACTGAAGGATTAAT
ATCATCTGTAAACCCATTGAAACCATGCCTAAAACGATAGGATCCTGATTTTTTATACTG
CCCTTGTGTTGGCAACTTTATTCGTTTGTATCATCTTTTCGCTTTTGCAGTAAGTTCCTTTGTCC
CTTTGTTTGGTAACGTTGCTACTGCACTACTTTTTAATAAATTTAATCCATTTTTCTTGTC
TTGTCCTTTGTTGGTTCTACTGGTGTATTTTTGATTGTTTTTAAATCTGAAACTGATAGTGT
TTTTTCGCTTTTTGAGGTTTCACTTCTTGTTCATTGTTAAAATTGTAGTTAGTAATTTTATC
ATTCGCTTGATTATTTTGTGTTGTGGTTGTACTTTCTCTATTTCTGTCTCATTAAACAATTTCTCG
TTGACTTGTGTTGATCTAACTTATTTAATGATGGTGCTTCCTTTATTTGACTTTGTGAAGGTA
GATTGTTATTAGCGTTTGAATCTTGACTATTATCTGCCTCTTTTACTGTTGCTGTGACGCC
ACTTTACTTTGTTTACCATCATTAAATAGCCTGTTCTAACCTTGATTTACATCGCTAGGATT
AGCATTGTTATTTTTTGTGATACAGTTGAATATTTTTATTATTAAGCGATGATTTTTTAT
CATCCTTTAGTTGATCTTTATTCAAATCATCTGTTTTACGATGATTTTCTTCTGATATTGTT
TTATCATTATGCAAGTTCTTAGTTAAATTTTCAGTATGTTGCTGTTTCGTCAACACCGTTTTTC
ACGTTGATAATTAGCATTTTCCCTAGTTTGTGATCCCCAATAGATTGTGCTGTAACCTGTA
TCCTCCTGTGAATTTCCCATATTCCTTGTCTCAGCTGCTTGTGCTTGTCCACCACTTAA
AAATAGTAATGTAGCTATTTAAATGGAAGATGCACCTACACTAAATTTACGAATACTATA
CTTATTTTACTTTTTCATCAT

> **hisI**

Function: protein coding sequence; histidine biosynthesis bifunct protein (core genome, constant)
Best match: hisI_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2780270:2780902:r]RC (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 134353 ... 134986; Length: 633 bp

Sequence:

```
TTACCACTGTTTCGATATTTTGTCTGTTTCGCTTTAAAGTTATTGCGCTTATGATGTCTACGCG  
CTAATTCTGCCTCAATTTCTGAAAAATCGACGCCTAGCGCATGCATCAAGACAAATAAAT  
GATAAAGTTCATCTGCTACTTCACTTACAAATGCTTTTTTGTACCTTTAATTGCTTCAATT  
ACGACTTCAAAGCTTCTTACCATATTTTTTCGTAATCTTTTCTATACCTTCTGTTAATAA  
ATATTTTGTATATGACTTTTCATTATTGGATTGGGCACTATCTTGAACGTGCTGCGCTAAT  
GTTTGCCTGAAAATGGAACCTTCTGTGTTGAAACAACCTTGGACTGCCTGTATGACATGTTG  
GTCCATTTGGTATGACATCAATTAATAAGTATCATTGTCGCAATCTACATGAATATCTTT  
AACACGTTGCGTATGACCAGATGTTTCACCTTTTGTCCATAGACGTTGTTTCGACCGCGAA  
TAGAAACATACTACACCATCTTCTATCGTTTTATCAAAGCTTCTTGATTCATATAACCCA  
ACATCAATACTTGTGTTTGTGTTGATTATCTTGTAATAATTGCTGGCACTAAACCTTTGCTAAA  
ATCAATTTTGTAATTGGTCAT
```

> **hisF**

Function: protein coding sequence; imidazole glycerol phosphate synthase subunit F (core genome, variable)

Best match: hisF_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2780899:2781657:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 134982 ... 135741; Length: 759 bp

Sequence:

```
TCATCTTACTGCTATACCTCCTTGCCGATCACTTCTTTAATAGATTGAACCGTCGTTTCTC  
GATCATGTAATACTTGCAGCTAAACCTGCAGAAACATCCGTCTGATCAAATAATTCTA  
CAAAGTGGTGTGCATTGCCACCACCAGAAAGCAATGATTGGAATATTTACAAGAGACT  
TAATATTTGCTAGGTGTTCAATATCAAATCCTTGCTTCATACCATCATGTCCCATACTTGT  
AATGAGGAGCTCACCTGCACCTAACTGTTCTACTTGTGTACCCAGTCATATACTTTAATA  
TTTGTCACTTTTTTACCACCATGCGTACAACAATAATGTGCTTTTTCTTTCAGGATCATAAT  
AGCTATCAATTGCTATACAGATGCATTGTCTACCGAATTTATCACTCGCTTGTTTAATGAG  
CTGTGGATTTTTTAAAGCACTTGAATTTAATGATACTTTATCTGCACCATGATTTAACAAT  
TGGGTAATATCATCGAGACTTTGAATCCCACCCCTACAGTAAGAGGGATAAACAAGCGT  
GACGCTGTCTGTTCAATCACTTCTAGCATTAAAGCTATGACCCTCTTCCGTCTTAGAGATGT  
CTAAAATACTAATTCATCAGCACCCGCTTCATTGTAATACATTGCTAAATCAACAGGAT  
TCCCAATATCCCTTAATCCTTTAAATTGAATCCCTTTAACGACACGACCATCTTTGACATC  
TAAACATGGAATGATACGTTTTTTAATCAT
```

> **hisA**

Function: protein coding sequence; phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (core genome, variable)

Best match: hisA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2781654:2782358:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 135737 ... 136442; Length: 705 bp

Sequence:

```
TCATTTTAGCCCCTCCCAAAAAGATGCTTGATGTGCAGCCTTTCCTATAATAGCAGCGTGA  
ACATTTAGCGACGCTAATCGTTGAATATCTTGCTGATGTCTAATACCACCGGAAGCAATG  
ACAGGAATCGTCGTTGCCTTTACTAATTGACCAGTTAATTCAAAGTTAGGTCGGGACATTT  
TGCCATCTTTAGCAATATCAGTATATATAATGCCTCCAAGAGGTATATCCGATAACTGTCT  
CACAAAATAAATAAATTTAACTCTGTGTCTCTTCCCATCCGTTCACTTTAATATCTTCTC  
CATAAGCATCAACAGATAAATAAATGCGACCTGGAAATGTATGTGCCATCACTTTAAGCC  
AATCAGTATCTTGAATGCCTTTCGTTCCAATATGCAATAATTAATCCCTGCGGCAAAGTA  
GTCCATGATTTGTGACTTCGTACGAATGCCACCACCTACTTCAATATCTTTGGTTGTTAAT  
CTCCTCAATGACTTAATATAATCAAATCTCGGGCATGCTGTGCCTTAGCACCTATCAAGT  
CGACGATATGAATACGATTCACACATTCAAATTGACTATAGTAAGCAATACTTTCTTTCAG  
CCGAGCGTGACATTTTTTCTTCACTATCATATTTACCCTCTGTAAACCTCACACTTGTTGAC  
CCAATCAAATCAATCGCTGGCCATAATTCAATCAT
```

> **hisH**

Function: protein coding sequence; imidazole glycerol phosphate synthase subunit H (core genome, variable)

Best match: hisH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2782351:2782929:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 136434 ... 137013; Length: 579 bp

Sequence:

```
TCAATCATTATATAAATCCCCCTTGTATTGCCTGACGCAAATTTGCAACCCATATGTACCG
CTTTTTTCAGGATGGAATTGAATACCAATATAATTGTTAAATTGAACAATTGCTGGAATAT
CAGTACCATACTGCGCATATGCAATGACATTTTCTGACATCGGCGCTTGATAAGAATGTA
CGAAATAAACATCTTGATTTAACATAGGGTGCTTACTCACTAAATTATTCCAGCCTAAGT
GTGGCACTGGGTATTCTGTTTGGATACGCGAAATATTTCCCTGGGATAAACCCCTAATCCAG
ATGCATCGCCTTCATCACTATGCTCATACTAATTGTCATGCCTAAACAAATACCAATCAT
CTTCTTATCAGTATTCTTAGCCAATATTGCATTGAGATTTAATCGTTTTATCTCTGACATCG
CATCTTTAAAATGGCCGACACCGGGCAATATGATTGTTTCTGCTTGATCGATTATTTTTGA
GGTATTTGAGACAACCACCTCATACCCTAAATGTTCAATAGCGCGTTTTACACTAATA
TTCCCTAATCCATAATCAACGATGACAATCAT
```

> **hisB**

Function: protein coding sequence; imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (core genome, variable)

Best match: hisB_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2843752:2844330:r]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 137009 ... 137588; Length: 579 bp

Sequence:

```
TCATTCAATCACACCTTTTCGATGACGGCACACGCTGATCATCAGTTGCAGTTAGCGCTATG
CCTAATGCACGGGAAAACGCTTTGAATATAGCTTCAATTTTCATGGTGTGTATTACCTCCAC
GAATTAATCAATATGCGTTGTTAATCTTGCATTGATTACGACCGCTCTAAAAAATTCTTC
TACTAACTCCGTATCAAACGTACCAACTTTTTCTTTACTTAATGATGCATTGAATGATAGG
TATGGGCGCCACTTATATCCACAACGACACGTGCTAATGTTTCATCCATTGGAATGTAC
ATCGTTCCATAACGAACGAAATGCTTTTTATCTTTAATCATTTCAAGTAACAATTGGCCAA
TGACAATGCCGATATCTTCAGTTACATGGTGATCATCTACGTCAATATCACCTTGTGCCTC
AATGTTTAATGACAGACCGCTATGAAATGTAAACAATGTTAACATATGATTTAAAAAGCC
CACACCTGTATTAATATGCGATGGTGACTGGTCATCTGATATTGAAATATTTAGTTGTGT
TCAGCTGTGTTTCGTTGTTTTTGATAAATCAT
```

> **hisC1**

Function: protein coding sequence; histidinol-phosphate aminotransferase locus 1 (core genome, variable)

Best match: hisC1_CC008-ST72_TCH130_ACHD01000027.1[77805:78818]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 137556 ... 138570; Length: 1014 bp

Sequence:

```
TCAGCTGTGTTTCGTTGTTTTTGATAAATCATATTTTGCCTCCATTCTTTAACAATTTCTT
CTAATTGCTTTAACTGCGATGCTGTTGCAATTGAGTATCTTACATAGCCCTTCATCACCGG
CTCACCATAAAAAGCGAGGTTTAAATCCTTGTTTCATATACGTATTGTCCTAATTGTTGCGCT
GCTGAACCTTTAGTAAGTACAAAATTGGCATTGATGGGAATACTGACATTTTATCTGCA
ACATGTGTATCAAATATTTGTTTTAACTGCTCAGCTAACTGTCGTTGCATCGTTAAAAATA
CTCTTGCTCTTCTCTATGTCTAAAAATATAAGTCGCAATATTTAGCGTAAATACATTTAA
TGGATATGGATGTTCTATTTTTTTGAATATGCTTTATCGTTCCAGCAGTACTAATTAAGACA
CCTAATCTTAAGCCGGCAATTCCAAACGCCTTTGATAATGTACGCATTCTTAAGATGTGTG
GTGCCAGTTCCACGTATATGCCGTACCATAATCTAAATATGCTTCATCAATGACAAAGT
ATCCGTTTAATGCTTTCATCTTATCTGCAATAGCTGTTAAAAATGCCGTATCAAATTGCTT
GCCTGAAGGGTTATGTGGATTACTCATAATAAAAAATGATGGTTGTACTTCATCGATTTTC
GTTAAAAATGGTTTCAAATCAAACGTTAAATCTGATCCTGCATCTACAAATGCAATTTAC
GATTTACTTGTGCCGCATATGCTTGATACATAAAAAAATCAGGATTTAGCGTTAATGCCG
GACCTTCTGGCATGATCAGCATTAACTTTTGAATCAATTCATCAGATCCATTTCTGCAAT
```

AATTTGTTTCAGGCGATAATCCGTAAAACCTTAGCATAAGCTTCCTTGAATTGTTTCATATGCT
GCATCAGGATATAAATTATATGGCGTTGCACTAATAATAGACGTCATTGTTTTTTCATCCA
ACGGCGTAACTGGACTTTCATTTTTATCAATATAAATCAT

> **hisD**

Function: protein coding sequence; histidinol dehydrogenase (core genome, variable)

Best match: hisD_CC025_21193_AFEG01000009.1[450253:451509]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 138585 ... 139842; Length: 1257 bp

Sequence:

CTAAGACTGACGTATTAATAATAGACTGCTGGTGATTGTATAATGCTTCAACATGAGCAAT
ATGTTGTGCTGAATCAGCAATTTGTTCAAACGTATCTTTTGATAAATGGATGACCGTGTTC
CGTGTTAAGAAATCATTGACCGATAACCCATTGGTAAATCTAGCTGTTCTATTTGTAGGTA
ATACATGACTTGGACCTGCAACGTAATCTCCTATGACCTCTGGCGAATAATGTCCAATAA
ACAATGCACCCACATATTTCACTTTTTCAATATATGGTTGAGGATTTACTGTTTGAATCGA
CGCATGTTTCAGGCGCGATTGTATTCATGACATGGCATGCTTCATCAAATAACTAGCATG
GATAAGATAGTGTGATTAGCGATACTTTTAGAAACAATGTCGTATCTGTCCACATTAGG
CAATGCTTTAGCAATACGTGATTCTAAATCTTTAAGGACTTGCGCATCTTCACTAATGACA
TATGTACGTGCTAATTCATCATGTTCTGCTTGCGCAAATACATCATATACGATGGCATCTA
AATCTGCGGTGTCGTCATAAATCAGTGCTATTTCTGTTGGTCCTGCAATTTGATCAATACC
TACCTGTCCAAATAAATAATTTTTTGGCATATGCAACAAATTGGTTACCTGGACCTACAATC
TTATCAACTTTAGGTATCGTTTCTGTTCCATAAGTCAATGCAGCAATACTTTGAGCACCAC
CAACTTGAAACACTTGATTAACTTGCCTAATAACATGCAGCTAATACCTCTTGGGATA
CTCCGTTAGGTTGAGGTGGTGTCAACAACAATAATTTTCTACACCTGCTACTTGTGCTAA
AGTCGCTGTCATTAGAACCGTTGATGGATAACTTGCTTTGCCACCAGGCACATAAATACC
CACACTTTCTAGTGGATGGTATATTTTATAACACTCCACTGATTCTTCTAACTGTTGATT
GTCTGTTAATACTTTCTTGATATGCTTTAATTCTTTTATAACTTTGTTGTAATGCTTGT
TTTTTTTCATCTAATGTGTCAAATGCTGCTTTAATTTGTTTCATGACTAATTTCTAAATGATC
TGTTTTCGTATGATCGAATGTTAGATTATACATTTTCAAAGCCTTATCTCCATGAACCTTA
ACTTCCTGACAAATATCGCGAATAATTGGATACAATGACTCATCTAATGGTGCTTCTAAT
GAAAATTGATTTAAAATTGTTGTGCATTAAGCATTGGCAA

> **hisG**

Function: protein coding sequence; ATP phosphoribosyltransferase (core genome, variable)

Best match: hisG_part_CC008_930918-3_ABFA01000732.1[1:60]RC

Position: 065-contig_242_RC: 139828 ... 139888; Length: 60 bp

Sequence:

TTAAGCATTGGCAATAGACACCTCCAAAGAGCGAATAAATTGCTCTATTAATTGTGATTT

> **hisZ**

Function: protein coding sequence; ATP phosphoribosyltransferase regulatory subunit (core genome, constant)

Best match: hisZ_CC007_TCH959-USA300_AASB02000026.1[9364:10182:r]RC

Position: 065-contig_242_RC: 140460 ... 141279; Length: 819 bp

Sequence:

TTAAAGTGTTAATCCTAATCCAAACCCTTCGATGCTTCCTTTGTAATAACCACCTGTAAA
ACTCGAGATTCATTTTCAGCAAAAATGACATTGAATAAATAAACCTGTGTAATAGGATCTA
GGTGGCTGCGCAGTAATATCTAAATGGATGTCTTTGTAACCTTGTGTATGTAACCAACGTT
CCCATATTTTTAATTCAACGAGTGCTGGATGGTCATTTGGAATATAGTGTTCCAATACATT
TAATTGTTGTTGCGTATTCTCTTTCAAGATTTGCACGATTGGATGTTTCAGTCGACAAATAT
GTAACCAGTCCCGATAAATTACGTTCCCTCAATCATTGATAGTATGTCTGGTGTGTTGTAACG
ATTTATCGAGTAAGGCATCAAGCAATTGATAATGTCCCAATACAACAAAATGCACGTTGT
CTCTCAACTGCTGTTGAATAAACTGAATAAATAGCTTTAAGCTCTGTTGTACATTTCGCTAA
TGATGGTGCATAGTTTTCCAAACCCACTTGTACAGCCGCTTCATTATTCCGAATGATTTAA
CCTGTGTATGCCACTTTTGTGCTGCAGTTGGATACATTGAGTAATAACGCAATAATTGAT
CTGTAATAATCATTTTCGAAGTGCATAAATTTGATGCTCATGTTGCCAAAATTTTCGCTCACC

CATCTGCTGCAAATCCTCATGGTTCAATTGTTTCCAGTCCAACCTTTTCAACCACACTAAAA
TCAACTAACTCATAATCCGCTTTATTAATAAATATTTTAAAAATGCTGTTTCCGATTCTTTTA
ACGCAATTAATTGTTCTGAATTATTCAC

> **cbiQ**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/permease protein (core genome, constant)

Best match: cbiQ_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[8225:9058]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 143369 ... 144203; Length: 834 bp

Sequence:

CTAATACCACGGGTTGAAATATCGACTATTATTTAAAAAGAATAATGTAACACTAACAT
CAGAAGTATTAACGTCAAACACAAAACAACATAATCATCTTTTTTTAATTGTTTTTTGACG
TACCAGGTTCTCCTTTTATACTGTCCGAATTGTCTTAACTCCATAGCAGTACTAATAGTGT
CAATTCCTTCGATACTAGAAAATATTAAGATAACACAATGCGTTTGATACCTTTAACAC
GGCTAGTAAATTCGCCTTTTTCGAATTATCATATCCTCTTGCTTGTGCGCTTGTGAAATA
TTAAAATATGTTTCTTGAATATCTGGAATATACCTTAATGCTAGTGAGACTGCGTAACTGA
TTTTATAATTCACACCTAGCTGATTTAACTTGCAGCAAAATGACTCGGATTCGTTGTGAA
TAAAAATATTAACGCTAAAGGAACTGTACTAATATATTTTAAATATTAGATTA AAAAGATA
GAATAATTCCTGTGATGTTAGCGTAAATCGACCAATACCATTGATTA ACTCTGTACGCTG
ATTATAAATCTTCACACCATATTCAGGATCAAATATGTATACGGCAATAATATTTAATATT
GTGAAAAACAGAATGAATTTAACAACAAAACGAACTTGTTCATTCAATATGAGCATAT
TTGAACAATAAAAATAGATGAAACACTAATTA AAAATTAATATCTTGTGTCATAAGTCACC
ATTGCAGAAATAGAAACA ACTAATAAGAATAAAAAGTTTAAACAGTCTCATTTAATTGATGA
ATACGACTATTTCCCGGGTGAAAACCTATAGTATTATATTGATTCAT

> **ccmA**

Function: protein coding sequence; ABC transporter/ATP-binding protein (core genome, constant)

Best match: ccmA_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[6516:8228]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 144199 ... 145912; Length: 1713 bp

Sequence:

TCATTGGCGTCTCACCTTCTATCATGGTTAATAAATAATTGTACTAATTTCTGTGGCTCG
CTAATCCCTATATATTCGGCCATTTCAAATAGCGATGTTTGTCTCAATGATGCAATCTCAC
AGATTTTTTTATCATTAAACCAATACTGGCGTGGTATCAGCAACGACTTGACCTTTTGA
TAATAACA ACTGTTCTTGA ACTATACTCAGACAATAAATGCATATCATGCGTAATCATAAT
AATCGTCTTCCCTTGTCTGTTTAGCTCAATTA AAAATGACATTATCTCATTATAATGATAG
AAATCTTGACCAGCAGTCGGTTCATCCAATATGATTATTTCCGGATTTAAGACTAAAACA
GATGCTATAGTGACCCTCTTTTTTTGACCATAGCTTAAAGCTACAATTGGCCAATTCCGAA
ATGCATAAAGTCCGCATATTTT GAGCACATTCTCTACCCGTATCTTTATATCTGATTCTTTC
ATACCTCGTGCTCTTAACCCTAATGCTACTTCATCGTAAATCATTTTTTTCGGAAATCATAT
GATTTGGATTTTGCATCACATAACCTACGAATTCAGATCGTTCGCTAATTGACAATTGATT
AAATCCCCTATTACAAAATTGGATATTACCTGTTATATCTAAAAATCCACAAATTGCTTTA
GCAAGTGTTGATTTGCCGGCACCATTGTGACCAACTATACTAAGCATTCTCTTTCTATAAAA
CATTTAATTGAACATTATTAAGTACACTATTACTATAGTCACTATATTGAACACATACTC
ATTTAATTCTAATAGCGGTT CAGATTTGACTTATTATCATTATTTGCAGATGTTTCATCTA
TCCATTTTTTCACTTTAAATTTAACATGTTCACTCATACAAACGTCACGTA AATTCGCTAA
GTTATCAATGGATTCGACATCTACTTCTGCATATTTAAGCGCTGTACAGTATAATGGTTCA
CGTATGCCTGCTTCTTTAAGCTTAGATGATTTTAGCAAATCACTAGGCGTTGTATTAGCGA
TGATTTTTCCATCTTTAAAAAGAAGAACTCTATCAAACGTATCATCTAATGATTCTTCTAA
TCGATGTTTCGACAATAATCATCGTTGACTTTGTTTCTTCATGAATATTGTTTAAACAATCTC
AGCGTTTCATGTCCTGTGCGCAGGATCTAAATGGCCAGTGGCTCATCCAATATTA AAAATA
GGCGTACGATGGATTAATATACCACCTAATGAAACGCGTTGTTTTT GACCTCCAGATAAA
TCTTGCGGTTCGGTGATTTAAATGTTCTATCATGCCAACTTTTT CAGCCCAATAACTTACAT
TTTTCTTCATATCATCTTGTTC AACACAATTATTTTCTAATAAAAAGGCCATATCTTCAGCT
GCTGTTAAGCCTATGAACTGTCCATCTGTATCTTGTA AAAACTGTACCAACAACATTAGATC
TATCATGTAAACA ACTAACGGTTGCATCTTGATTATTTATATATAGTTCCCGGTTATGTT
ACCTTTAGTTTTAAATGGAATTAATCCGTTTATGCAATTTGCAAAAAGTCGATTTACCACTA

CCTGAAGCACCAACTACTAGCACTTTTTCTCCTGGATAAATATCAACATTTATATTCTGTA
ATGTAGGTGTTGCTTGACTATGATATTGAAAACCTAAAGTCTTTGAACGAGATAATTGGTT
CAGTCAT

> **yceI**

Function: protein coding sequence; lipid/polyisoprenoid binding protein (core genome, variable)

Best match: yceI_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[4137:4652:r] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 147775 ... 148291; Length: 516 bp

Sequence:

ATGACTAACTTTACTTTTTGATGGTGCACACAGTAGTTTAGAATTCCAAATTAACATTTAA
TGGTTTCTAAAGTGAAAGGTTCAATTTGATCAATTTGATGTAGCTGTTGAAGGAGATATTA
ATGACTTCAGTACTTTGAAAGCTACTGCAACAATTATTCCAAGCTCAATTAACACTAAAA
ACGAAGCACGTGATAACCCTTAAAATCTGGTGATTTCTTTGGTACTGACGAATTTGATA
AAATTACATTTGTGACAAAATCAGTATCTGAAAGCAAAGTTGTTGGTGATTTAACAATTA
AAGGCATCACTAACGAAGAAACATTCGATGTTGAATTCAACGGAGTAAGTAAAAATCCA
ATGGATGGTTCTCAAGTAACAGGTGTTATTGTTACTGGTACAATCAATAGAGAAAACCTAC
GGCATTAACTTTAACCAAGCACTTGAAACTGGTGGCGTAATGCTAGGCAAAGATGTGAAA
TTCGAAGCATCAGCTGAATTCTCAATCTCAGAATAA

> **drp35**

Function: protein coding sequence; lactonase (core genome, variable)

Best match: drp35_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[3017:3988]RC (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 148439 ... 149411; Length: 972 bp

Sequence:

TTATTGAAACTGAAAACCTTTGATGACCTTTTGCAAAGCCATTAAGTGTATAAAGCATAGA
TCCTCCGCCCATTTCTATATCATTGGAACAAATGATGAGTTGATTTGTTCCAGGTATAAAT
TGCGGATGAGTAGAACGTAACATATGCCCTTCATCTCGGCCTGGTATCAATATTTGTCCTA
TTGATAACCCCTTTTATTAATAAACTAACACTCGACCTTGACCATACATTGCTACGTATAA
ATTATCGTCACTATCAATACAACATGAGTCTGGTCCTTCATGACCTGTAAAATAGTACGGT
ATAGTAGCTCCAAATGGTTGTATCGTCACACCATCATCTTCAAGTGCAATGCGATGTAAT
CGATTGGCTGTAGTTTCTGTTACCCATAGTACTTTTTTCATCTGTACTTAAAGCAATACCAT
TTGCTACGCTAATATTTTGAATGATAGGCGTCACTGTTCTAAAGTCCGGCGCAACATAAT
AAACGCCCCCTAGTGGATTGGTAGAGTATCCTCTAAAATCTGTAAAATAAAATCCACCTT
TAGAATCAAATACCATGTCATCAATACAATAAGTTGTTGAAAAATCTTCAATAATATCTT
GTATGTTGTCACCATTTTCTGTAGCTGCAAAAATGCCTCCTGTAGATTTAAAATCTCCTAA
ATAACAAACGAATAATCGGCCATCTTTATGTATTTTGATTGCTGCAGGATTCGCTTTATGG
CTTACAAAAGGTCGTTTGATTTCCCTTCGTTTCAGGATTGATTTTGAAAATATTGCCTTCGA
ATACATCCAATAAAAAGAGTTGTCCCTGCCGATCAAAGTTCAATCCTTCTAGCTGCAATC
CTTTTTTGAAATTTCAAGCCATGGTTTCAGCTGTAATTGTTTGAATTCACTTTCAGATAT
AATTGGAACAGCACTATTGGACTTCCCGCTATAAAAATAATGTAGGTAATCTTGTTGTGA
CAT

> **Q5HCK8**

Function: protein coding sequence; rhodanese domain-containing protein (core genome, variable)

Best match: Q5HCK8_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[1817:2773:r] (completely identical)

Position: 065-contig_242_RC: 149654 ... 150611; Length: 957 bp

Sequence:

ATGAACTATCAAGTTCTTTTATATTATAAATATACGACGATTGATGACCCTGAACAGTTTG
CTCAGGATCACTTAGCGTTTTGCAAAGCACACCATTTAAAAGGTAGAATTCTTGTTTCTAC
AGAAGGTATTAACGGCACATTATCTGGTACAAAAGAAGAAACCGAACAATATATGGCAC
ATATGCATGCCGATGAACGATTCAAAGATATGGTGTTTAAAATTGATGAAGCTGAAGGAC
ATGCTTTTAAGAAAATGCATGTACGTCCTCGAAAAGAAATCGTTGCTTTAGATTTAGAAG
ATGACGTCGATCCAAGACACAACTGGCCAATATTTATCACCTGTAGAATTTAGAAAAG
CTCTTGAAGATGATGACACAGTCATTATTGATGCACGTAATGATTATGAATTTGATTTAGG
TCATTTCCGAGGTGCAATTCGTCCAAATATCACGCGCTTTAGAGATTTGCCTGACTGGATT

AAAGAGAATAAAGCGTTATTTGCAGATAAAAAAGTGGTTACGTACTGTACTGGTGGCATT
CGATGCGAAAAATTTTCTGGATGGCTTTTAAAAGAAGGTTTCGAAGATGTAGCACAACCTT
CATGGCGGTATTGCTACATATGGTAAAGATTCTGAAACAAAAGGTGAATATTGGGACGGT
AAAATGTACGTATTTGATGACCGTATCAGTGTTGATATCAACCAAGTTGAAAAACGATT
ATTGGTAAGGATTGGTTTGGATGGCAAACCATGTGAACGTTATATTAATTGCGCTAACCCA
GAATGTAATAAACAAATATTAGTTTCTGAAGAAAACGAAACTAAATATTTAGGTGCATGC
TCTTATGAATGTGCTAAACATGAGCGTAATCGTTATGTTCAAGCAAATAATATTAGTGAT
AATGAGTGGCAACAACGTTTAAACAACTTTGATGATTTACATCAACATGCTTAG

> **pcp**

Function: protein coding sequence; pyrrolidone carboxyl peptidase (core genome, variable)
Best match: pcp_CC001-ST772_118_AJGE01000017.1[1027:1665:r] (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 150762 ... 151401; Length: 639 bp

Sequence:

ATGCACATTTTAGTAACAGGGTTTGCGCCTTTTGACAATCAAATATTAATCCCTCTTGGG
AAGCTGTGTCTCTACTCGAAAATATTATTGGCACACATAACAATCGATAAATTAACACTAC
CAACCTCTTTAAGAAAGTAGATACTATGATAAATAAACGTTGGCATCTAATCACTATG
ATGTTGTAAGTACTAGCTATAGGACAAGCTGGTGGTAGAAATGCCATTACCCAGAACGTTGTCG
CCATTAATATTGATGATGCACGTATCCCAGATAATGATGCCTTTCAACCTATTGATCAAGC
CATTCATTTAGACGGTGCGCCAGCTTATTTTTCAAATTTACCAGTTAAAGCAATGACTCAA
AGTATTATTAATCAAGGACTTCCTGGAGCACTTTCAAATAGCGCAGGTACGTTTCGTATGT
AATCACGTACTTTATCACTTAGGCTATTTACAAGATAAGCACTATCCTCATCTTCGCTTTG
GATTTATCCATGTGCCATACATACCAGAGCAGGTCATTGGTAAACCCGATACACCATCTA
TGCCATTAGAAAAGATAGTTGCAGGTTTACTGCAGCCATTGAAGCTATTTCTAATGATG
AGGATTTACGTATAGCTCTAGGCACAACGGAATAG

> **Q2FUS3**

Function: protein coding sequence; putative protein (core genome, variable)
Best match: Q2FUS3_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2797751:2798215] (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 151504 ... 151969; Length: 465 bp

Sequence:

ATGACTACAAAAACGGTATTTGATGTCATTGATATGGGTTTAGGATATTTAGTAAATGTG
TATGATACTTGGAAAGTTGAAAAGATACTTGATGATTATCATAAGCCTTTTTCTAATACCA
TTCATTGGCAATTTGGGCATGTATTAACAATTTTTGAATCAGCCTTAGCTGTTACTGGTAA
AGAGAATATTGATTTAAATATATATAGACCTTTATTCGGAAATGGTTCGTCTCCAGATGA
ATGGAAGGGCGAAGTACCGAGTATTGGAACGATTTTAGAAGGTCTTCAAACATTACCTGA
ACGTGCACGAAAATACTGAAGATGATTTAGCAATTGAATTGAAACAACCAATTGTTGG
TTGTAATAACTTAGAAGAGTTATTAGTATTAATGCCATTCATATCCCACTTCATGCTGGT
AAAATTGAAGAAATGTCTCGTATATTAATAAAATTTAAATAA

> **txbi_Q2FUS3**

Function: bidirectional rho-independent terminator of Q2FUS3 and cna
Best match: txbi_Q2FUS3_CC012_21266_AFTT01000014.1[76022:76071] (completely identical)
Position: 065-contig_242_RC: 151969 ... 152019; Length: 50 bp

Sequence:

ATATTAGCTTATTAACCGTTAACAACACGTTAACGGGTTTTTATTTGTTT

> **cna**

Function: protein coding sequence; collagen-binding adhesin (genomic island)
Best match: cna_CC001_ATCC51811-ST1_ADVP01000042.1[125333:128884]RC
Position: 065-contig_242_RC: 152128 ... 152278; Length: 150 bp

Sequence:

TTATGAGTTAAATCTTTTTCTTAAAATTAATACAATCCCAATATACCTATAAATACCCAT
GTAATCCATGAAGTTATAATCTTCATACCAGTTTTTGGTAATTCTTTTAGAGGATTTTCAG
GTTTGGTTTTATTATCTTTAGGTTGATC

> **cna**

Function: protein coding sequence; collagen-binding adhesin (genomic island)

Best match: cna_part_CC030_58-424_ACUT01000078.1[1:860:r]RC

Position: 066-contig_195_RC: 2 ... 301; Length: 299 bp

Sequence:

```
TTTGCTTTTTCATCTAATCCTGTCCACGTATGTGTCCAGTTATTAGATTCATTTAATGTTGC
TGTTTTTCCTGTTGCTTTTCCATCTTGATATAACTCAACTTTGATTTTCAGTTGGTCGTTTTCC
GTCTTGGTTATTATTGTCATCCCAATTTTTTGTACTGTTGCCGATGTCTCTCCTGGTGTAT
ACTTGTTGTTATTGTTCGTACCGTTGATGTCTGTTGTGTAGTCTTTTACGTGATCTTCGGTC
ACTGTATATTCTATTTTCTTTCCCTTCATCATACTTCGGTAAGTCTTTAAA
```

> **Q7WS08**

Function: protein coding sequence; sodium-sulfate symporter (core genome, constant)

Best match: Q7WS08_CC012_21266_AFTT01000014.1[79549:80967] (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 2424 ... 3843; Length: 1419 bp

Sequence:

```
ATGGAAAACACGGTTAAATATCGTAAGTTTATACTCCCTATCGTTGTAGGTCTCCTTATTT
GGGCACTTACACCTTTTAAACCGGATGCTGTGGATCCAACAGCATGGTATATGTTTCGCAA
TATTCGTCGCGACAATCATTGCTTGTATTACACAACCGATGCCAATTGGGGCCGTCTCTAT
AATTGGATTTACAATCATGGTACTCGTTGGCATTGTTGACATGAAAACGGCTGTCGCTGG
TTTTGGTAATAATAGCATTGTTAATTGCTATGGCATTTTTCATTTTCGAGAGGATTTGTG
AAAACAGGTCTTGGTAGACGTATCGCACTTCATTTTCGTCAAATTATTTGGTAAAAAAACA
TTAGGCTTAGCATATTCTATCGTCGGTGTAGATTTAATTCTAGCGCCTGCTACACCAAGTA
ATACCGCGCGTGTGGTGGAAATCATGTTCCCAATTATCAAATCACTTTCTGAATCATTTGG
TTCGAAACCGAAAGACGGATCAGCACGCAAAATGGGTGCATTTCTTGTTTTCACAGAATT
CCAAGGTAATTTAATTACTGCAGCTATGTTTTTAACTGCAATGGCCGGTAACCCCCTTGCA
CAAAATTTAGCATCTAGCACATCTAATGTTTCACATTACATGGATGAATTGGTTCCTAGCTG
CTTTAGTTCCCTGGACTTGTTCCTTAATTGTTGTACCTTTTATTATTTATAAAATTTATCCA
CCAAGTAAAGAAACACCAAAATGCTAAGAGTTGGGCTGAAAATGAATTAGCGACTAT
GGGTAAAATCGCTTTAGCTGAAAATTTATGATTGGTATTTTTTGTCAATTGCTCTAACACTA
TGGATTGTCGGAAGTTTCATTCATATTGATGCAACTTTAACGGCCTTTATTGCGCTAGCAT
TGTTATTATTGACAGGTGTCTTAACATGGCAAGACATTTTAAACGAAACAGGTGCTTGGGA
ACACATTAGTATGGTTCTCAGTATTAGTGTTAATGGCCGACCAATTAACAAGCTTGGAT
TTATTCCTTGGTTAAGTAAATCCATTGCTACAAGTCTTGATGGCTTAAGCTGGCCTATAGT
ACTGGTCATTTTAAATATTGTTCTACTTCTATTACATTACTTATTTGCAAGTTCTACAGCAC
ATATCAGTGCATGATATGCAGCATTACTAGGCGTTGCCATCGCAGCCGGTGCACCACCAT
TATTCAGTGCATTAATGTTAGGTTTCTTCGGTAACCTATTAGCTTCAACAACACACTATAG
TAGTGGTCCAGCGCCGATTCTATTCTCTCAGGTTACGTGACTCAAAAACGTTGGTGGAC
AATGAACTTAATATTAGGTTTCGTCTACTTTATTATCTGGATTGGTTTAGGATCACTTTGG
ATGAAAGTAATTGGTATATTTTAA
```

> **txbi_Q7WS08**

Function: bidirectional rho independent terminator of Q7WS08

Best match: txbi_Q7WS08_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2803722:2803778] (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 3841 ... 3898; Length: 57 bp

Sequence:

```
AAAATATTTAAATTAGCGCTCGAATCTCATTGATTTGGGCGCTTTTAAATTTGTATT
```

> **rarD**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: rarD_CC001-ST772_118_AJGE01000046.1[7081:7989]RC (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 4244 ... 5153; Length: 909 bp

Sequence:

TTATAGGGTTTTTGCACCGGATGTTTCTTCAATTTAATGTATTGAGAAAGACTATATAAC
ACAATACCTGTCCAAATAAATATAAACGTAATTAATTGATCTATACTAAAAGGCTCTTTG
AAAACAAATATGCCGAGTACAAACATTATTGTTGGTCCAACGTATTGAATAAATCCTATT
AACGAAAGTGGAATACGTTTTGCCCGGCTGAGAATAGGATTAGTGGTATTGCCGTAATA
GCACCAGAAAATAACAACCAAAATGATGACATGTTCAATCCAAATGACATCTGATGTTGC
TGCCATAAATAAATAACGTATATTAGTCCAGCAGGTGCGGTAACAATACATTCAATCGTA
ATACTGCTGATGGCATCAATATGTACTACTTTTTTCAATAATCCGTATGTACCAAAGGATA
ACGCTAATATAATAGAAACGATTGGGAATTCTCCAATCTTGAGCGTCATATATAATACAC
CGATGAATGCGAATAAAATGGCTAGCCATTCAAATTTATTGAATCTTTCTTTTAAAAAGA
TAAGTGCGAGCAAAATGCTAACAAGTGGATTTATATAATAACCTAAACTTGTTTGTAGGA
CGTGACCGTTCGTTACAGCCCAAATAAATGTACCCCAATTTAATGTAATGACATAGCCTG
CTACAACAATTGCTAATAGCTGAATGGGCTTGCCTAACAATTGATTCATATCTCGTTGAA
ATGCATTGCGTTGTTTTGTCCAACCGCGAGTATGAAAATCATGAATATTGCTGAAAATAT
AATACGAAAGGCTAAAATTTCAAATGCGCCTATTGCATCAACGAACTGCCAATATATAGG
TAGTATGCCCCACAGAATGTATGACTAAGTGCTAAAAATATACCTTTTTTATATTCTGTA
TTCAC

> **Q5HCK1**

Function: protein coding sequence; putative DNA-binding protein (core genome, variable)

Best match: Q5HCK1_CC001-ST772_118_AJGE0100046.1[6284:6859:r] (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 5374 ... 5950; Length: 576 bp

Sequence:

ATGACTTTACCTAAAATTGGAAAGCCTGCAACACGCGCGCTAAATTCACAAGGTATATAC
ACATTAGAAGCAGTATCACAATATACGAAGTCATCTCTAATGGAGATGCATGGCGTTGGT
CCTAAAGCTATATCAATATTGGAACAAGCTTTATTTACAGCACCAACTACATTTTAAAACG
GAAGTTCAGTCATCATTACCTTTAAGTTAACAGGAGATGTGTCATGCAATCATGCGCCT
AAACGTCAACAAATGATAGATTTTATAGTTGCTACAGCAGCATTAGATATTGAATTATTA
CGTTCCTGGTTACAACAGAATTTATTTGGTCTGTGCCTGGACACTTTGACATTTATGGAC
CTCAAATTTTAAATTCAAGAACTATCTAACTATTACAATCAGGTTGCTAGTCTCAATATCCA
TTCCAGCATCACACATGGGTGCTTAGGTTCCATGCATGGTATTGAAATATTTAAAACCTGG
TAAAGAGATTCATTTTGCTCATTTTTTTGAATTTGAAAATCATAAAAAGGATGCCAAGTTA
AGCAAAGTGACATCTTACATTGTTGTTGGTTAA

> **nixA**

Function: protein coding sequence; high-affinity nickel transporter (core genome, constant)

Best match: nixA_CC001-ST772_118_AJGE0100046.1[5103:6119:r] (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 6114 ... 7131; Length: 1017 bp

Sequence:

TTGACTGTTTTTAAAATGAGCGCTTAAGCTGGTTACCATACATAGCTATTGTCATTTTGT
TACACGTTATTGGGTTTAGTTTTTATGGATTGCTGGAAAAGACCATCATATCTTATTTGG
TATGGGGATTCTTGCATATACATTAGGTTTACGTCATGCATTTGATGCAGATCACATTGCT
GCAATAGATAATACGGTTCGCAAATTATTACAGCAACGCAAAGATCCATCTGGTGTGGT
TTCTACTTTTCAATTGGACATTCATCTGTTGATTTTTTAATGGCTGTTTTTTTAGGGGTGTC
TGTAATGAGGCTAAAGATGAATTACCACATTTCCAAGATATTGGTGGAACGATTGGTAC
ACTAGTTTCAGGTTTCTTTTTAGTGCTTATCGGTGTGTTGAATCTAATTATTTAATCTCTT
TAATTAACCTTGTTTCGCTAAATTACGTCGTGAACACATTGAAGAAGCTGAAGTCGATGTAT
TACTTGAATCTAGAGGATTTGTTTCTCGATTTGTAGGACCTTATTTCAAGTTAATCACGCG
TAGTTGGCACGTATTGCCACTTGGCTTTTTATTTGGACTTGGTTTTTGATACAGCTAGTGAA
ATTGCGTACTCGCTCTTTCTTCAGGCGCATCACACAAGCCATTTCAATTTATCGGAATCT
TATCTTTACCAATTTTATTCGCATCAGGTATGAGTTTATTGGATACATTAGATGGTGTGT
AATGAAGTATGCCTATAATTGGGCATTCTTCAATCCTATTCGCAAAATCTATTACAATATA
ACGATTACTGCGATATCAGTCATGGCAGCATTAGTGATTGGGATGATTGAATTGCTACAA
ATTCTTGCTGATAAGCTAGATTTACATGGTGCCTTTTGGGCATTCATTGGTTCGATCGAAT
TTGATTATTTAGGCTATATTTTAGTTGCATTATTTTTAATTAATTAATTTGCTTATTTCAAGTTA
ATTTGGAAGTTTGGTTCGCATAGAACACAAATGGTCTAAATAA

> **Q5HCJ9**

Function: protein coding sequence; N-acetyltransferase (core genome, variable)

Best match: Q5HCJ9_CC001-ST772_118_AJGE01000046.1[4087:4881:r] (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 7352 ... 8147; Length: 795 bp

Sequence:

```
ATGAATATTGCGAAGTTAGAGAATTATTTACAAATTGATTCATCTCGTTATAATCGACCG
AGTATTGAAGCATTAAATTATTATGCAACACGTTTTATGTTAACTGTACCTTTTGAAAATA
TTGATGTTCAAAATAGTAAGCCGATATCTATAAAATATCGATGCACTTTTTAATAAAAATTGT
TCATGATAAACGTGGTGGTTTTTGTATGAGTTAAATACATTTTTCAAAGCCTATTTACAA
CAAAAAGGATTTAATCCTGAATTAATGTCAGCTACTATTCACACACCCGGTGGCGGTCGT
AGTCTGAACGGTTCACATGCTTCACTTGTGTTTCTATAAATGATGTATTCTATGTAAC TG
ATGTTGGCTTTGGAGACTTACCTCTACATGCCATTCCCTATTACTTCATCTGAGCATA CACA
ACCAATTACTGATATCAGTGGTACATTCCGCGCTATTTTTAACAACGAAGACAAGGATAT
TTTCTATGTTCAAAAATTCGAAAATGATCATTGGCATAACAAAATATGAAGCTGAATTCAA
ACCTAAACAAATAGAAGATTTTAATAGCAACATCGAATATAATCAAACGCATCCAGATTC
AATATTTGTACAGCATTTATTAATTACAATGCCACAATCATTTGGCCGTGCTACAATGTCT
GAAAATCATTTAACTTTAACAAGGAATGGTAGCTCAGAAAAATTTGATGTCACTAAAGAT
AACTATAAACATTTTTTTAGAAAAATATTTTGGACTAAATGTAACTATTAATCGTATTGAAA
ACAATAA
```

> **tx_hdeD**

Function: rho independent terminator of hdeD (core genome, constant)

Best match: tx_hdeD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2808126:2808184:r]RC (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 8212 ... 8271; Length: 59 bp

Sequence:

```
TAAACACAACAAAAAGGATATGACACAAACTTCATGTCACACCCTTCTTTTGAACCGCT
```

> **hdeD**

Function: protein coding sequence; putative membrane protein (core genome, variable)

Best match: hdeD_CC005_Mu50-VRSA_BA000017.4[2866111:2866623:r]RC (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 8280 ... 8793; Length: 513 bp

Sequence:

```
TTAAGCAAGTGCATCTACAACATAAATGACACCTACGAATACAAATGCAATAGCAATCAT
CGTCGAAATAAAGACGATACCCATTAATGGATTAATAATAAAAATGACACCGAAAACAA
TACCTAATAAATTA AAAATCACTGAAATTAGTTTTAAGCTACCACTACCCGTAAACGTAA
ATAATCCTGCAATAGA ACTAAAAATGAACCAGAATGCAAACATGTAGATAAAAAATGCC
GAGCTAGCGCCAACATTA AAAATGACAATAAGACCAAAGAGAATATCTACAATCCCAT
AAACAGAATCCAATTTTGGTTACCACCTACTAAAGCTTTTGCTTTTCTACGGTAAATGATT
TGAATCACACCGTTAATTAATAACAAACAGTCCAATCAACCAGGTAATAGCATAAAAATTT
TCAATTGGAAATGTAAAAATAACGACTGCCAACATTAATAATAATACACCATTATTA AA
CTAGACCATTTAATACCTTGATTTCCCTTTTCCAT
```

> **vraD**

Function: protein coding sequence; ABC transporter ATP-binding protein/up-regulated in vancomycin-resistant strains (core genome, constant)

Best match: vraD_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2808989:2809747] (completely identical)

Position: 066-contig_195_RC: 9075 ... 9834; Length: 759 bp

Sequence:

```
ATGACAATATTATCAGTGCAACATGTTTCAAAAACATACGGTAAAAAGCACACATTTCAA
GCACTTAAAGATATTAAC TTTGACATACAAAAAGGCGAATTCGTTGCGATTATGGGGCCT
TCTGGATCAGGTAAGACAACCTTATTAATGTACTAAGTTCAATTGACCAAATTTCTAGC
GGTAGCGTGATTGCTAACGGACAAGAGCTTAATAAACTTAATCAAAAAGCACTTGCCAA
ATTCCGTAAAGAATCATTAGGTTTCATCTTCCAAGATTACAGTATTCTGCCGACATTA ACT
```

GTAAAGAAAACATTATGTTACCTTTATCTGTTCAAAAAATGTCGAAGGCAACAATGGAA
GAAAATTACAAAGCGATCACGACAGCATTAGGTATTTATGACCTAGGAAATAAATACCCT
AGCGAATTATCTGGTGGTCAACAACAAAGAACTGCAGCAGCGAGAGCATTGTTCACAA
ACCACAAATCATATTTGCAGATGAGCCAACAGGCGCACTCGACTCGAAAAGTGCAAATG
ACTTATTACAACGTTTGGAAAGAAATGAATAAATCGTTTGATACAACACTATTGTCATGGTTA
CACATGATCCGGTTGCAGCAAGTTTTGCAGAACGTGTCATCATGCTAAAAGATGGCCAAA
TTCATACACAACCTTTATCAGGAAGGACGTTCTAAACAGGCCTTTTATGAAGACATTGTAC
ATCTTCAATCAGTATTAGGTGGTGTCTCAAATGACATTTAA

> **vraE**

Function: protein coding sequence; ABC transporter permease/up-regulated in vancomycin-resistant strains (core genome, constant)

Best match: vraE_CC005_ED98-hen_CP001781.1[2813529:2815409]

Position: 066-contig_195_RC: 9823 ... 11704; Length: 1881 bp

Sequence:

ATGACATTTAACCATATCGTTTTCAAAAACCTTACGACAAAACCTTAAAACATTATGCAATG
TATTTATTTTCATTATTTTTTAGCATCGTCTTATATTTTCAGTTTTACAACCTTACAGTTTACT
AAAGGTGTAAATAATGACGACTCGATGGCCATCATTAAAGAAAGGTGCTTTAGTCGGATCA
ATATTTTTATTTATCATTATTGTCATCTTTTTAATGTATGCCAATCATTATTCGTGAAACG
CCGTACACGTGAATTTGCGCTATTTCAAGTTGATTGGTTTAAACACGACAAAACATTTTGAAA
ATGTTAGCACTTGAACAAATGATTGATTTTTAATCACAGGTGTTGTCGGTGTATTATGTG
GCATTGCAGGTGCACAATTATTGCTTTCCATAGTATCTAAATTGATGTCGTTATCGATTAA
CTTATCGATACATTTCGAACCTATGGCCCTTGTTTTAACTATTTTCATGCTAATTATTGCGT
ATGTACTGATTTTATTTCAAAGTGCTTTATTTCTAAAAAGACGTAGTATCTTATCAATGAT
GAAAGATTCAATTAACCTGATGCCACAACCTGCTAAAGTAACGACTGCAGAGGTTATTTTC
AGGCGTATTAGGTATTGCTATGATTGCACTAGGCTATTATATGGCGACAGAAATGTTTGG
TACGTTCAAAGCACTAACTATGGCTATGACATCACCGTTTATCATTATTTTAAACGGTT
GTAGGCGCCTATTTATTCTTCAGAAGTCCGTGTCACTTATTTTTAAAACATTGAAAAAAT
CAAAAAATGGACGCGTATCTATTACCGATGTTGTATTCACATCGTCTATTATGTACAGAAT
GAAGAAAAATGCGATGTCTTAACTATCATTGCAATTATTTCTGCAGTTACAGTAACTGTA
TTGTGTTTTGCGGCATTATCTAAATCAAATACAGATCAAACCCTTACATCTATGGCACCAA
ATGAATTTAACGTGGTCGCTACTCAAGATGCTAAACAATTTGAAACTAACTAAGCCAAC
AACAAATTACATTTTCTAAAAATGCTTACGAACTATTACTGTAGATAATGTTAAAGATC
AGGTTATTACTTTGGAAAATGGTAGTGATTTCAGGTCGCACGAATTCTATTTTAAAGTGCAA
ATAACAAGTTAACAGGCAACAATGCCATCATTACAAATACAAAATCGCTGCCTAACGTGA
TTAATATTCATTTAAACAAAGATTTAGTAGTAAAAGGTACAAAGAATGAGACTTTCCGTG
TTACACAAGAAGACAAAGACAAGGTTTATCCTTTAAATCTAAGCTTCAACTCACCTGTCA
TCGAAGTAAGTCTGAAAAGTATCAGCAGTTGAAAACACAAAATAACGTTTCATACTTTTT
ATGGATATGATATTAACAAACATCACAAAAGGAAAAAGCTCAAGCAATTGCAAAACAG
TTTGGAGACAAAGTCATCACGTATGATGAAATGAAAAAAGAGGTCGATGCTACTAACGG
TATTCTAATATTTGTTACATCATTTTTTAGGATTAGCATTTTTTAGTAGCAGCTGGATGTATTA
TTTATATTAACAAATGGATGAACTGAGGATGAACTAAGTAACTTCAGAATATTAAAAC
GCATAGGCTTTACGCATACAGATATGCTTAAAGGATTATTATTAAAAATTACTTTCAACTT
CGGTTTACCATTATTGATTGCTATATTACATGCAGTATTCGCCGCCATAGCATTATGAAA
TTGATGGGTAATATTTCTTCATGCCGGTTATTGTAGTAATTGTTGTATACACCCTCATTTA
CATTACTTTTGCTTTAATTGCTTTTGTACATTCAAACAAATTGATTAAGAAAACCATTTAA

> **cspB**

Function: protein coding sequence; cold shock protein B (core genome, constant)

Best match: cspB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2812294:2812494] (completely identical)

Position: 067-contig_254_RC: 501 ... 702; Length: 201 bp

Sequence:

ATGAATAACGGTACAGTAAAATGGTTTAAACGCAGAAAAAGGTTTTGGTTTCATCGAACAA
GAAAATGGCGGAGACGTATTCGTACATTTCTCAGGTATCGCTAGCGATGGCTACAAAAC

TTAGAAGAAGGTCAAAAAGTTACTTTCGAAATCACTGAAGGTCAACGTGGAGACCAAGC
AGTTAACGTACAAACTGTTTAA

> **noc**

Function: protein coding sequence; nucleoid occlusion protein (core genome, constant)
Best match: noc_CC001-ST772_118_AJGE01000004.1[39539:40378]RC (completely identical)
Position: 067-contig_254_RC: 2782 ... 3622; Length: 840 bp

Sequence:
CTAACGTTTATATATTCGAATTTTTATTTTCATAATAATCTTCATGATCTTTGTCTTTATGCT
CAACATGTAATCCTGTTTGTGAATCGCTTGGATACTTTTGCCTACCTCATCTCGTGCTTG
AGTGACATCTTGTGCAAAGCGAAGGTTTTGTGCTTTGACTTTTTTCGGGCCCGTTTTTGG
CGTACTCTATCTTCAGTCTGTTTCACATTTAGCTTTTGTGCAATGACTTGTCAATCAACGC
TTCTTGTTTCGCTATCAGACAATGATAATACCGCTCTCGCATGGCGTTCAGTAATTTTACCT
TCTCTTAAGCGAAGTAGTACTTTTCGGCGCCAACCTCAATAAACGCAACTTATTTGCAATA
AAGCTTTGACTTTTACCTAAACTTTTTGCCAATTCACTTTGCGTTGTATCACCAATTTCCAA
TAATTTCTTATAGGCTTCCGCTTCTTCAACAACAGACAAATTTTCTCTTTGAATATTCTCAA
TTAATGCCACAACAGCCGTCTCTTCATCATCCATATCACGAATAATAACGTCTGCTTGAGG
TAAATTTAGTGATTGTATTGCTCTAAATCGGCGCTCTCCAGCAATAATTTCAAACATATCT
TCTTCAATCGGTCTTACAACAATAGGTTGTAGTAAACCATGTTTCATGTATTGATTCAGCAA
GTTCTTTAATTTTATTTGGTTCAAACACCTGTCTTGTTGATAACGGTTGGGAACGATACG
TTCAATTTGAATGGATTCAACATTACTATTGCGATCTTCTTCAATATGTCCAATGATGTCA
TCTTTGTTTTTCAAACCAAATAATTTTGAAAAGGTTTTTTCAT

> **gidB**

Function: protein coding sequence; glucose-inhibited division protein B (core genome, constant)
Best match: gidB_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2815456:2816175:r]RC
Position: 067-contig_254_RC: 3664 ... 4384; Length: 720 bp

Sequence:
TTATTTTTCAAGTAAAGGAGTCTTATTAGGCGTCCCTGGTTTTCTTGGATACTTTTTTCGGCG
TCTGTCTTTTTTATCAATAATGAACATCTGGCGCTCTCCAGCATCTTCTGGCAATTCAAA
GGTATGTGTTTCTGTAACATTACCACCTAACACACTAATTGCAAATTTTGCTTCTTCTAAT
TCTTCTTCACCTTTTGAAGATTTTAATGCAACAACTGTCCACCTTTTTTAACTAGCGGTA
AACACAATTCACTTAAACACGGATAATCTAGCTACTGCTCTTGCAGTAACAACATCATAAG
ACTCCCTGTAGACACCCTTACCAATGTTTCTGCTCTATCGTGTATAAAGCTGACATCCTG
TAATTGTAATTCTGACGCTAAATGGTTTAAAAATTGAATACGCTTATTTAATGAATCAACA
ATCGTCACTTTTAACTGCGGAAACATTATTTTAAACGGAATACTTGGAAAACCAGCTCCA
GCGCTACATCACATATACTTATAGGCTGATTAATAAATCAAATAAAAACTAGGTGCAATG
GAATCATAAAAAATGTTTCAAATATACATCGTGTTCATCTGTAATACTTGTCAAATTCATCT
TTTCATTCCATTCAACAAGTAAACGATAATATGTTTGAACCTGTTGTTTTGAGTCTCAGT
TAATTC AATATTATGTTCTTTTAAATTGTTCTGCTAACCATTCTACAGTCAT

> **gidA**

Function: protein coding sequence; glucose-inhibited division protein A (core genome, constant)
Best match: gidA_AC025948.16[37833:39709:r]RC
Position: 067-contig_254_RC: 4383 ... 6261; Length: 1878 bp

Sequence:
TTAGTCACTCACCTTTGGAGTTTACCTTGTCTAAGTAAATCAATAATATAGATATGTCT
GCTGGATTTACCCCTGATATTCTAGAAGCTTGTGCAATATTTAAAGGTTTTACTTCTGATA
ATTTTTCTCGCGCTTCAGTCGCCAACTATCAATCTTACTATAATCTAAGTCTTCTGGAAT
TTTCTTCTTCCATACGCTTAACTTTCTCAACTTGTGTAGTGATTATTGATATAACCTT
CATATTTGTTTTGATTTCTACTTGTCTTCAACATCTGCATTCAATTGATGTTCTTCTTCTA
AAATTTCTAAAATTATATCGTAAGTCATTTTCAAGTCTGCGTAATAAATCGATAGCTAAAA
TACCATCTTTTAAAGCGAGAACCACCATGTTGTTCAATAATCGCTTGCATGTTTCGTTTGG
TTAATACGAATATCTGATAAACGCTTAAATTTCCGCATCAATTTGCTGACGTTTTTTCATTA
AAACGTGCATATCGTTCTTCAGAAATCATACCAAGTTCATATCCCATATCCGTCAATCTCA

AATCAGCATTATCATGACGTAGTAACAAACGATATTCTGCACGTGATGTTAGTAAACGAT
AAGGTTTCATTAGTACCTTTAGTTACAAGATCATCGATTAAGACACCAATATATGCATCTG
AACGACTTAATATCTTTTTCGCCTGTGTTAAACACTTTACCTGCAGCGTTAATACCTGCCAT
CAATCCTTGTCTGCTGCTTCTTCATAACCAGATGTACCATTAATTTGACCTGCAGTATAT
AAGTTTTTAATCATTTCGTTTTCAAGTGTAGGCCATAACTGCGTTGGCACAATCGCATCAT
ATTCAATTGCGTAGCCGGCACGCATCATATCTGCTTTTTCAAGACCTGGTATCGTCTCTAA
CATTTGACGTTGCACATGTTCAAGGAAGACTTGTAGACAATCCTTGCACATATACTTCATTT
GTATTACGACCTTCAGGCTCTAAGAAAAGTTGATGTCGCGGCTTATCATTAAATCGAACA
AATTTATCTTCAATTGAAGGGCAATAACGTGGCCCGTTTCCTTTAATCATCCCTGAATACA
TTGCAGATAGATGTAAATTATCATCGATAACTTTGTGTGTTTCAGCATTAGTATACGTTAG
CCAACATGGCAATTGATCTAATATATATTCTGTTGTTTCAAAGCTGAATGCACGACCTACA
TCGTCACCTGGTTGATTTTCAAGTCTTCAAGTCAAGTCAATTGTTTTTGAATTTACACGCGGTG
GTGTACCTGTTTTAAAACGAACAATATCAAAACCAAGTTCTCTTAGATTATCTGATAATGT
GATTGATGGTAATTGGTGATTTGGTCCACTTGAATACTTCATATTACCTAAAATGATTTCA
CCACGTA AAAATGTTCCCGTTGTAATAATTACTGCTTTAGATAAAATACTCTGTACCAATAT
TTGTACGTACACCTTTAACTTCATTATCTTCTATAATAAGTTTCGTCTACCATACTTGCATT
ATATGCAAATTTTCTTCATCTTCAATCACGCGTTTCATTTCTTGTGATAAAGTACTTTATC
TGCTTGCCTCTTAGTGCTCTTACAGCAGGTCCTTTACCAGTATTTAACATTCTCATTGTA
ATGTGTGTTTTATCGATTGTTTTTGCCATTTGTCCACCTAAAGCATCAATTTACGAACAA
CGATACCTTTAGCTGGTCCACCTACAGATGGGTTACATGGCATAAATGCAATATTATCTA
AATTTATTGTTAGCATTAAATGTTTTAGCACCACGTCTTGCAGATGCTAAACCTGCTTCTAC
ACCTGCATGTCCCGCACCTATAACGATTACATCATATTCTTGAACCAC

> **trmE**

Function: protein coding sequence; tRNA modification GTPase (core genome, constant)

Best match: trmE_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2818119:2819498:r]RC

Position: 067-contig_254_RC: 6327 ... 7707; Length: 1380 bp

Sequence:

CTATTTACCTAAGCAGAATTGACTGAATAACTGATCGATGAGTTCATCACTTGCAGTCTCA
CCAATAATTTCTCCTAATATTTCCCAAGTTCTAGTTAAATCAATTTGTACCATATCCATAG
GCACACCAGATTCTGCTGCATCAATCGCATCTTGTATCGTTTGTCTTGTCTGTTTTAATAAT
GAAATATGTCTTGAATTAGAAACATAAGTCAATATCTTGATTTTGTACTTCTCCACCAAAGA
ACAAATCTCGAATTTGTATTTCTAATTCATCAATACCTTCTTGTTTTAAACATTGAAGTTTGA
ATTAATGGCGTATCACCTATCATATCTTTAACTTCATTAATATCTATGTTTTGCTCTAAATC
CATTTTATTAACAATTACGATTACATCTTCATTTTTTAACTACTTCATATAATGTGTAATCTT
CTTGAGTCAATGCTTCGTTATTGTTTAAATACAAATAAAATTAAGTCTGCTTGGCTAAGAGC
CTTTCTAGAGCGTTCAACACCAATCTTCTCTACTATATCTTCTGTCTCACGTATAACCAGCA
GTATCAACTAATCTTAATGGCAGCCACGAACATTGACGTACTCTTCTAAGACATCTCTA
GTAGTACCTGCTACCTCAGTTACAATCGCTTTATTATCTTGTATTAAATTATTTAACATCG
ATGATTTACCTACGTTTGGTTTACCAACAATAACTGTAGATAAACCTTACGCATAAATTTT
ACCCTGCGCACC GGATCTAATAAACGATTAATTTCCCTGTTTGTATTTCTTTAGACTGCTCT
AAAAGAAATTCAGTAGTCGCATCTTCAACATCATCGTATTCAGGATAATCAATATTCCT
TCCACTTGAGCGAGTATCTCTAATATAGATTGACGTTGTTTTTTGATTAAGTCACTTAGAC
GACCTTCAATTTGATTCATCGCAACTTTAGAAGCTCTATCTGTCTTCGAGCGAATAAAGTC
CATAACTGCTTCAGCTTGAGATAAATCAATACGACCATTTAAAAGGCACGTTTTGTAAA
TTCACCTGGCTCAGCCATTCTAGCGCCATATGTCATAGTAAGTTCCAGCACTCTATTAATC
GTTAAAATACCACCATGACAATTAATTTCTATAATATCTTCGCGTGTAATGTTTTTGGCG
CTCTTAACACAGACACCATAACTTCTTCAACCACTTCTTTAGATTCTGGATCAATAATATG
ACCGTAATTAATCGTATGTGATGGAACATCATTTAAAAGATGTTTTTCTTTATATAATTTG
TCAGCAATTTCAACGGCTTGGCGTCCAGACAATCGAACAATTCCAATTGCCCTTACCC
ATTGGTGTTGAAATACTCGTAATTGTATCTAAATCCAT

> **rnpA**

Function: protein coding sequence; ribonuclease P protein component (core genome, constant)

Best match: mpA_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2819637:2819984:r]RC (completely identical)

Position: 067-contig_254_RC: 7845 ... 8193; Length: 348 bp

Sequence:

```
TTACTTAATCTTTTTATTAAAACTTTGGCAATTTTAAGTACGTGCTCAAGACTATTCTGT
ATTTGTAAAGTCGTCATATCTTTAGCTGGCTGTCTTGCTATTACAATAATATCTTTGGCCA
ATATATGCGACTTATGTACTTTGAAATTTTCACGTATTGCTCTTTTAATCTTGTTTCTTAAC
ACTGCATTACCTAGTTTTTTTAGAAACACTAATACCTAAGCGAAAATGGTCTATTTCTTTAT
TATTACAAGTGTATACAACAAATTGTCTGTTGGCTACAGAATGACCTTTTTTATATATTCT
CTGAAAATCTGCATTCTTTTTAATTCGGTAAGCTTTTTTCAA
```

> rpmH

Function: protein coding sequence; 50S ribosomal protein L34 (core genome, constant)

Best match: rpmH_CC001_MW2-USA400_BA000033.2[2820111:2820248:r]RC (completely identical)

Position: 067-contig_254_RC: 8319 ... 8457; Length: 138 bp

Sequence:

```
TTATGCAGATAAACTTTACGGCCTTTACGACGACGGCGCGCTAAAACCTTTACGGCCATT
TTTTGTGCTCATGCGTTTTCTGAAACCATGAACTTTACTATGTTTACGTTTATTTGGTTGAT
AAGTACGTTTTACCAT
```

> Q9FDP9

Function: protein coding sequence; bacitracin ABC ATP binding cassette transporter, membrane protein pla

Best match: Q9FDP9_CC001-ST772_118_AJGE01000063.1[220:957:r]RC (completely identical)

Position: xx1-contig_57: 198 ... 936; Length: 738 bp

Sequence:

```
TTAACTTATATCAGTTTTTTTTAAAGTATGAGAATAATATAATTACACTGAATATAGATGTA
ACAATTATGATAATTAAGATAATAGAAATGGATAAGTATTAGGTAATGTTCTCTAGAT
ATGTCTCCAAGTGCAGCCCAAGGAAATAATCCTCTATGTTTCAAGATTAGCAGTCATTA
TTTATCAAAGTAATTATTATGGTTAAAACAATTGTGGGAACATAATTTTTAAAATATATCG
ACAAAATAATTATTGGTGGAGATAATATCCATAATAACACTCCGCCAATAACAAATGTAA
AGAATGAATCAATTATTAACCTCTGGCTTAACCCCTGAAAATGCAATAGCATACTAGCA
TTAAAGTTAGCAACCATGCAATAACAGATAGTGTGTTGAATCCACAAGAATAATAATTA
TTTTACTTACTAAAAAACTTTCTCTAGATATAGGTATAATTAATAAGTTTTTTAAAGTATC
TTCTATATATTCTCTTCCAAACAAATAGGCTATTATAACCCCATATAGAGGAGGTCCAATA
ATTAGCATATGATATAAACTGACTTCTTCAAATAACTGTTTAAATACAATATTAGGAGTC
GGTACTTTCGTCCGCATACTAATAAAGAAGCTACAACCACATAAAAGGTGCTACGCAT
GTACCTAAAATACTTATTAGAAACATATATGATCTTTTTAACTTAATAAATTCTGTACGGA
GTAGATTATCCAA
```

> Q9FDP8

Function: protein coding sequence; bacitracin ABC ATP binding cassette transporter, ABC protein pla

Best match: Q9FDP8_CC001-ST772_118_AJGE01000063.1[950:1870:r]RC (completely identical)

Position: xx1-contig_57: 928 ... 1849; Length: 921 bp

Sequence:

```
TTATCCAATTGTGCCACCTCCTACTAAGTCTTCGAAATAAGTTTCTAGATTATCTTCTATC
ACTCTCATCTGGAAAACATCAATATTGTTAATACTAATAATCTATTAATTTCTTGTTGTCT
ATCAATATGTGAATAAATTTTAAATTCGCCATTTTCTTTAATTTTATAGTCATAAATTCGG
AAGTTAGTTTCCAACAAACATGCAACTTTTTCTTCATCTGATACTGATATACTTATAAATT
GTCTGTTCTTTTTTTTTTAAATCTTCATACATAATTTCTTCTAACAAAACCTCCGTTATGAATA
ATACCCACCTTGTCTACTAAGTCTCTATTTCTGACAATATATGACTTGAAATTAATGTTG
TTATATTTCTAGATTGAGCCAGATCCTTAATCAACTTTCTAATTTCTTTTATGCCAATAGG
ATCTAATCCATTCGTCGGCTCATCAAGTATCAATAATTCGGGATTGTGCAATAAAGCTCTC
GCAATCCCTAAACGTTGCTTCATACCTAAAGAATAATTTTTAAACAATTTTACTTTTTTTCAG
```

AAGCTAGTCCTACTATTTCTAACACTTCTTCAATTGCATTTTCTTTTTGTATACCTAATATT
TTAGCATTTATAGTTAAGTTCTCTTTAGCTGTCAAATTACTATAAAAAACCTGGCGTTTCAA
CCATAGCACCAATATTTTTTAAAATTTTCAGTTTTATTACTTTTCGAACTCTTTTTCAAATATT
TTAATATTACCTTTCGTAGGTTTAATTAAGCCTAAAAGCATTCTTATAGTAGTTGTTTTGC
CTGCACCATTTCTTCTTAAAAAACATAAATTTGTCCACTTTCAACAGTTATACTCAAATT
ATTAAGTCTATCTGACTTCCATATTGCTTTGTAAAGTTATTTATTTCAATTATATTATTCA
A

> **Q7WU33**

Function: protein coding sequence; putative acetyltransferase/GNAT family protein pla

Best match: Q7WU33_part_X53952.1[1342:1406]

Position: xx2-contig_61_RC: 8 ... 38; Length: 30 bp

Sequence:

TAATATGGTTTTTGATATTGATAATTTAAA

> **aacAaphD**

Function: protein coding sequence; bifunct enzyme Aac/Aph pla

Best match: aacAaphD_CC005_CIG1165_AHVE01000013.1[1014:2453:r] (completely identical)

Position: xx2-contig_61_RC: 378 ... 1818; Length: 1440 bp

Sequence:

ATGAATATAGTTGAAAATGAAATATGTATAAGAACTTTAATAGATGATGATTTTCCTTTG
ATGTTAAAATGGTTAACTGATGAAAGAGTATTAGAATTTTATGGTGGTAGAGATAAAAAA
TATACATTAGAATCATTAAAAAAACATTATACAGAGCCTTGGGAAGATGAAGTTTTTAGA
GTAATTATTGAATATAACAATGTTCTTATTGGATATGGACAAATATATAAAATGTATGAT
GAGTTATATACTGATTATCATTATCCAAAACTGATGAGATAGTCTATGGTATGGATCAA
TTTATAGGAGAGCCAAATTATTGGAGTAAAGGAATTGGTACAAGATATATTAATTTGATT
TTTGAATTTTTGAAAAAGAAAGAAATGCTAATGCAGTTATTTTAGACCCTCATAAAAAT
AATCCAAGAGCAATAAGGGCATAACAAAAATCTGGTTTTAGAATTATTGAAGATTTGCCA
GAACATGAATTACACGAGGGCAAAAAAGAAGATTGTTATTTAATGGAATATAGATATGA
TGATAATGCCACAAATGTTAAGGCAATGAAATATTTAATTGAGCATTACTTTGATAATTC
AAAGTAGATAGTATTGAAATAATCGGTAGTGGTTATGATAGTGTGGCATATTTAGTTAAT
AATGAATACATTTTTTAAAACAAAATTTAGTACTAATAAGAAAAAAGGTTATGCAAAAAGA
AAAAGCAATATATAATTTTTTAAATACAAATTTAGAACTAATGTAAAAATTCCTAATAT
TGAATATTCGTATATTAGTGATGAATTATCTATACTAGGTTATAAAGAAATTAAGGAAC
TTTTTTAACACCAGAAATTTATTCTACTATGTCAGAAGAAGAACAAAATTTGTTAAAACG
AGATATTGCCAGTTTTTTAAGACAAATGCACGGTTTAGATTATACAGATATTAGTGAATG
TACTATTGATAATAAACAAAATGTATTAGAAGAGTATATATTGTTGCGTGAAACTATTTA
TAATGATTTAACTGATATAGAAAAAGATTATATAGAAAAGTTTTATGGAAAGACTAAATGC
AACAACAGTTTTTTGAGGGTAAAAAGTGTATTGCCATAATGATTTTAGTTGTAATCATCTA
TTGTTAGATGGCAATAATAGATTAACCTGGAATAATTGATTTTGGAGATTCTGGAATTATA
GATGAATATTGTGATTTTATATACTTACTTGAAGATAGTGAAGAAGAAATAGGAACAAAT
TTTGGAGAAGATATATTAAGAATGTATGGAAATATAGATATTGAGAAAGCAAAAAGAATA
TCAAGATATAGTTGAAGAATATTATCCTATTGAACTATTGTTTATGGAATTAATAATATT
AAACAGGAATTTATCGAAAATGGTAGAAAAGAAATTTATAAAAGGACTTATAAAGATTG
A

> **msrA**

Function: protein coding sequence; energy-dependent efflux of erythromycin (mobile element)

Best match: msrA_CC001-ST772_118_AJGE01000057.1[7708:9174:r] (completely identical)

Position: xx3-contig_202: 405 ... 1872; Length: 1467 bp

Sequence:

ATGGAACAATATACAATTAATTTAACCAAATCAATCATAAATTGACAGATTTACGATCA
CTTAACATCGGTCATCTTTACGCTTACCAATTTGAAAAAATAGCACTTATTGGGGGTAATG
GTACTGGCAAAACCACATTACTAAATATGATTGCTCAAAAAACAAAACCAGAATCTGGA
ACAGTTGAAACGGTTGGCGAAATTCATATTTTGAACAGCTTAACATGGATGTGGAAAAT

GATTTTAACACGTTAGACGGTAGTTTAATGAGTGAACCTCCATATACCTATGCATACAACC
GACAGTATGAGTGGTGGTGAAAAAGCAAAATATAAATTAGCTAATGTCATATCAAATTAT
AGTCCGATATTACTTTTTAGATGAACCTACAAATCACTTGGATAAAATTGGTAAAGATTAT
CTGAAAAATATTTTAAAATATTACTATGGTACTTTAATTATAGTAAGTCATGATAGAGCA
CTTATAGACCAAATTGCTGACACAATTTGGGATATACAAGAAGATGGCACAATAAGAGT
GTTTAAAGGTAATTACACACAGTATCAAAATCAATATGAACAAGAACAGTTAGAACAAC
AACGTCAATATGAACAGTATATAAGTGAAAAACAAAGATTGTCCCAAGCCAGTAAAGCT
AAACGAAATCAAGCGCAACAAATGGCACAAGCATCATCAAAACAAAAAACAAAAGTA
TAGCACCAGATCGTTTAAAGTGCATCAAAACAAAAAGGCACGGTTGAGAAGGCTGCTCAA
AAACAAGCTAAGCATATTGAAAAAGAATGGAACATTTGGAAGAAGTTGAAAAACCACA
AAGTTATCATGAATTCAATTTCCACAAAATAAAAATTTATGATATCCATAATAATTATCCA
ATCATTGCACAAAATCTAACATTGGTTAAAGGAAGTCAAAAACACTGCTAACACAAGTACG
ATTCCAAATACCATATGGCAAAAATATAGCGCTCGTAGGTGCAAATGGTGTAGGTAAAGAC
AACTTTACTTGAAGCTATTTACCACCAAATAGAGGGAATTGATTGTTCTCCTAAAGTGCA
AATGGCATACTATCGTCAACTTGCTTATGAAGACATGCGTGACGTTTCATTATTGCAATAT
TTAATGGATGAAACGGATTCATCAGAATCATTGAGTATGAGCTATTTTAAATAACTTGGGT
TTAAATGAAGCACTTGATCGTTCTTGTAATGTTTTGAGTGGTGGGGAAAGAACGAAATTA
TCGTTAGCAGTATTATTTTCAACGAAAGCGAATATGTTAATTTTGGATGAACCAACTAATT
TTTTAGATATTAACACATTAGAAGCATTAGAAATGTTTATGAATAAATATCCTGGAATCA
TTTTGTTTACATCACATGATACAAGGTTTGTAAACATGTATCAGATAAAAAATGGGAAT
TAACAGGACAATCTCTTCATGATATAACTTAA

> mpbBM

Function: protein coding sequence; macrolide 2'-phosphotransferase II pla

Best match: mpbBM_CC001-ST772_118_AJGE01000057.1[6710:7609:r] (completely identical)

Position: xx3-contig_202: 1970 ... 2870; Length: 900 bp

Sequence:

ATGACTCGACATAATGAAATTATTAATGTGCAGAAAAATATCAATTACACATCCAACCT
CAAACAATCTCATTGAATGAATCGGGACTTGATTTTCAAGTTGCATTTGGAAAAGATAAA
CATGGAGTAGAATGGGTTTTGAGACTACCAAGAAGACCTGACGTTTATAAACGAACAAA
ACCCGAAAAACAAACGGTAGACTTCTTACAGAAGAATGTTTCATTTGAAATACCGAAGTG
GAAAGTACATGCAAAAGACCTTATTGCTTACCCAAAACCTTACAGGTAAACCCGCAGCCAC
AATAGATCCAGAAATACAAAATTATGTATGGGAAATTGAACACAAACCATTACCAGAAA
ACTTTATTAACACATTAGCTGAAACACTCGTAGATTTACACAACATACCAGAAGAAAACA
TTAACGTTTCAGCATATAAATATCAAAACCATACAAGAAATAAAAAATGACTTTCAAAGA
AGAATGAATAAAGTTAAAGAACTTATGGCGTATCAGATGAATTATGGAACAGATGGAA
ACAATGGTTAGAAAACGACGAACTATGGCCTCGACATGCGACCATGATACATGGGGACT
TACATCCAGGACATATAATGGTAGATAACCAAGCAAACGTCACAGGTCTCATAGACTGG
ACTGAAGCAACCCACTCCGACCCATCAATGGACTTTATAGGACACCATCGTGTATTCGAC
GACGAAGGATTAGAGCAACTTATAACAGCATACGGTAAAGCTGGAGGTGAAATATGGCC
ACGAATGAAAGAGCATATAATAGAACTCAATGCAGTATCCCAATGTTTATCGCTGAGTT
TGCTATGGAATCAGGAGAATCGGCGTATGAAACGATGGCATTGAAAGAGTTAGGTATGA
AAGAGTAG

> txbi_blaZ-2

Function: bidirectional rho-independent terminator of blaZ

Best match: txbi_blaZ-2_ref_CC001_MW2-USA400_AP004832.1[4907:4963:r]RC (completely identical)

Position: xx3-contig_202: 3330 ... 3387; Length: 57 bp

Sequence:

TAATAAATGAGAAAAGCAACGCACTATATTAATGCGTTGCTTTTTCTATTATCGA

> P18179-Tn552

Function: protein coding sequence; ATP-binding protein P271 (mobile element)

Best match: P18179-pWBG756_BX571858_MSSA476_BX571858.1[10560:11375:r]RC

Position: xx3-contig_202: 3380 ... 4196; Length: 816 bp

Sequence:

```
TTATCGAATACCTATAACTAACTATCTCTAGCTGTTTCTACAACCTTCTGTACTTATTTTAT
CTAAACCATTATATCCATAATTCTGTCTATCTGCGCAAATAAACGATGAATCAGCCTAA
AATTCCCTTTTGTAATTTTAATAATCGTCGTTATTGCTCATAATCAGTAAAGTCTTCGAG
TTTTAAATCAAATCCTAAGTCTTGCCACTTACATTCTAATATATGATGCGTCTCATCTTTAC
TTAGATTATCAAATTCATGCGCAAACCTATACGCGAATATAGTTGAGGATAACGAGATA
GTTTTTCTCTATACCCGGCATAACCAATAAATATCATTGCTAAATTATGTTTCATCATAAAT
AGCTCTTAATTGCTCTAAATGTTGCACTTTAAGGCGATCAATCTCATCTACTATAATTA
TCAAATATATTTAAACATATCACTATAATGTTTACTATGTTTCATGTCCATACTTATTTACAA
CATGTAATTTTTGACCCAAATCAATGATTGCAGTAATACTATATAAATCATTCCTTAATTT
AGTTTGTTTTTCTGCTGGTGCATTATAAAATATTTTATCCACCGATAGTATGTCATCGGTC
GTTTTACTAGCTAAATCTTCCCAACCTCTATGGTAACTTGTTTTTCAATAGTATCCCAATT
TGTGTAATACCTAGACGATAAAGTTTTTCCGACACCAGGTTGACCATAACATATACCAAT
ATACTGATATTTAATACAAGCATCACAAAATTCAGCAAAGCGTTTATACTCTTTCGTTTCA
ATGAAATTTTGATTTTTAGTCAT
```

> **tnpTn552-2**

Function: protein coding sequence; transposase for transposon Tn552 (mobile element)

Best match: tnpTn552-2_CC001_AP004832.1[5765:7208:r]RC

Position: xx3-contig_202: 4188 ... 5631; Length: 1443 bp

Sequence:

```
TTAGTCATTACGATATCTCTTTAATTTTTTGACGTTTTTGTGAGGTGAATAAC
CACAATTTTTTCTTCCTTAATTAATTCCGTGGTACTTGGACTAGCAATATTTTGTTTAAG
TGTTTTCTTCTCTGACTACGAGCGTGCTGTATGTCTTTTATATCTATGGAGTAATCAGCTAT
TTCTGGACATATAGCAGTACAAAGAAATTCATCTCTATAAAACATACGTATTTTCAGCCAT
ATCATTGGGGTATAACGAATCAGTACATATTCACCTACATAAGCTTCTAGATTAGTATTA
CTGTATCGAAAACCTTGAAAATGAATGCCATCTGAATGAACTTTTCTAGATTTAGGTATTT
CCAACAATAAATAAATCAAGTTGTTCTAAGCTACTTGGCATATTAGGGAAAAAGTGATTAC
TATCCAATGACTGATAGGCGTGGTATGAATAGTACTATGTTCTTTTTGATTATAATCTTC
AATAAAAAGTAACGTAATTTTTCTTCAAATTTGTGAAAATTTATTAGATTACTAGGAGT
ATCATTATTGTTTATATATCCAGGCAGTTGTTCTAAGAAAGTTTGATTAAGTGTCTGAAAG
AATCGTTCTATTTTTCCACGACCACGAGGAACACCAACTTTCGAAAACATCAAGTTAATTT
TCAAATCAATAGCGACTTGTTCATATGATGTGAAGTAAAGTCACTTCCATGATCTGTGTA
GAATTTTTCGGGTATACCACACACTGGCCAATTGGTATCATTTTTATTCCATATTGCTTGG
TGTAGTGTTAATGCTGTGTTTTGAGCATTGGGGGCATCAAACCTTAAGAAATAGCCTGCA
ATTGCACGACTATAGTCATCCATAATAATAGTTAGCCATGGTCTATTGATATTACCTTTTT
GGTCTAATAAAGATATCTAGCAAAGTATGGTCTGCTTGCCATATTTCAATGGGTCTCGA
GGATTCTCTAATTTGTATTAATCGTACTTATTTTTGATAGTATTTTTACCCTGATGAGAG
AAATCAATAACAGACTTAGGCATCGCTTAATAACACTATAAATTTGTTTATAACTTGGTA
TATCAAATTTATTTTTCTTTACAGTAATTAGTGATTTTCCATGAATTGTGGCTATACTATTT
CTTTTATTCATAAGCGCAAGGCGTTCAATTTTCATCAATTATCTTTGGTTCTATTTTACGTGT
TCCTTTATCAGCTCTTGTGCGCATAGATTAGTCCTTTAAGTCCTTGTCTTTATATGACTTAT
TCCACCTATAAAGGGTGCTTAACGCAATCCCTTTACTTTTAGAAATACTTGATAAAGATTG
TTCGCCTAGGATAAAAGGTTTTATAATATTGTACTTTTGAGTAGCTTTTTTACGTTTGGCTT
CAGAAAAATTAGTTAGATACTTCTCCTTGTTTTTTCAT
```

> **res2-Tn552**

Function: protein coding sequence; plasmid resolvase (mobile element)

Best match: res2-Tn552_CC001_MW2-USA400_AP004832.1[7180:7773:r]RC (completely identical)

Position: xx3-contig_202: 5602 ... 6196; Length: 594 bp

Sequence:

```
TTAGTTAGATACTTCTCCTTGTTTTTTCATCTTCCTTGTCCCTCCAATTTATTGAGGTAACGAT
AAATTGTTGTACGTGAAACATGCCACTGTTCTGCAATTGTCTTAATTGGCGTGCCATTATC
ATAAAGGGTCTTAAGTAAGTTAAATCTTTTTGATTTAATTTTTCTGGTCTGCCTCCATATC
```


GGCCTCTAGCACGTGCTGCAATTCGGCCAGCTGAAGAACGCTCTAAAATTAATTACGTT
CAAATTCTGCAAATGCTGCGAATAAATGAAATAATAATTGTCCAGTTGAACTTGATTTAT
CCATTGTTATATTTTCTTCTAAACTATGGAACTTACACCTCGTTTCGTTAAGCTCATTA
AATGTGATTAAATCCTCCATATTACGTCCCAATCTATCTAATCTCCAAACAACAATCGTAT
CTCCTGACCTCGCAAATTCAATTGCTTTATCTAAACCAGGTCTTTTACTTTTTGAACCACTC
ATATGGTCATTAAATATCTTTTCAACAACCATATGTATTTAATCGATCCTCCTGTAAATTA
AATTTTGTAATCCAGTTGAAACTCTTGCATAACCTATTTTCAA

> **tx_blaI**

Function: rho-independent terminator
Best match: tx_blaI_CC001_MW2-USA400_AP004832.1[7888:7955]
Position: xx3-contig_202: 6310 ... 6340; Length: 30 bp
Sequence:
ATTTAGACATAAAAGAAGAGTGTACAGAAA

> **blaI**

Function: protein coding sequence; beta lactamase repressor inhibitor pla
Best match: blaI_CC005_21172_AFEF01000030.1[1352:1732:r]RC (completely identical)
Position: xx3-contig_202: 6459 ... 6840; Length: 381 bp
Sequence:
TTACTTTTTACTAATATCATTAAAATGTCTCGCAATTCTTCAATTTCTTTGTTATTTAATT
CTTCATTTTTTCGCAAAATTCAGCACTAAACTTTTCATGTCCCTCCATACAGTTTATTAAG
AAAGGTTTTAGCAGTTTTTCATTTAATATCGTCTTCTTTAATATTTGATGAGTAAAAATAA
ATATTCTCTGATTTGTATCGTTTTATAATCTCTTTTTTATATAGTCTTGTGATTAATGTTCTA
ATCGTTTTATCGCTAACTTCTTTATATTTTTGAATTTCAACTACAATTTTCATTAGCTGATAC
TGATTTTTTATCCCATATTATATTCATAACATCCCATTTCAGCCATAGATATTTCAACTTGCT
TATTGGCCAT

> **blaR**

Function: protein coding sequence; beta-lactamase regulatory protein pla
Best match: blaR-MRSA252_S-haemolyticus_AJ400722.1[1112:2869]RC
Position: xx3-contig_202: 6829 ... 6979; Length: 150 bp
Sequence:
TTATTGGCCATTTAAAACACCCATTTCTTTAATATTTTTTCACTGATTAATTCAGCATTTT
TCCCAGACGGCTTTCCATCTGATAAATGTGTAGCAAATAATACTTATCATGATTTGTAAT
TACGTAACCTACAAACCACCCATTATT

> **aadE**

Function: protein coding sequence; streptomycin aminoglycoside 6-adenyltransferase pla
Best match: aadE_trunc_TCH1516_CP000731.1[15611:16247:r]
Position: xx4-contig_279: 80 ... 717; Length: 637 bp
Sequence:
GCTATTTGATGATTACAATAAAATTGATCTTACCTTATTGCCCTTGGAAGAGTTAGATAAT
TACCTAAAGGGCGATAAATTAATAAAGGTTCTAATTGATAAAGATTGTAGAATTAAGG
GACATAGTTCCGACTGATATAGATTATCATGTAAGAAAGCCAAGCGCAAGGGAGTATGA
TGATTGCTGCAATGAATTTTGAATGTAACACCTTATGTTATTAAGGATTGTGCCGTAAG
GAAATTTTATTTGCTATTGATCATTTTAATCAGATTGTTTCGCCATGAGCTGCTGAGAATGA
TATCATGGAAGGTCGGCATCGAAACAGGCTTTAAATTAAGTGTAGGCAAGAACTATAAGT
TTATTGAAAGGTATATATCCGAGGATTTGTGGGAGAACTTTTGTCCACCTACCGGATGG
ATTCCTATGAAAACATATGGGAAGCATTATTTCTATGCCATCAATTGTTTCAGGGCGGTATC
CGGTGAGGTGGCGGAAAGGCTTCATTATGCCTATCCGGAGTATGATAGGAATATAACAA
AATATAACAGGGACATGTATAAAAAATACACTGGTAAAACCGGCTGCCTGGATAGCACA
TATGCCGCTGATATAGAAGAGAGGGCGGGAACAGTGA

> **sat**

Function: protein coding sequence; streptothricine-acetyltransferase pla

Best match: sat_CC001-ST772_118_AJGE01000034.1[1090:1613:r] (completely identical)

Position: xx4-contig_279: 725 ... 1249; Length: 524 bp

Sequence:

```
ATGAAAGCAGGGCACCTGAAAGATATCGATAAACCCAGCGAACCATTTGAGGTGATAGG
TAAGATTATACCGAGGTATGAAAACGAGAATTGGACCTTTACAGAATTACTCTATGAAGC
GCCATATTTAAAAAGCTACCAAGACGAAGAGGATGAAGAGGATGAGGAGGCAGATTGCC
TTGAATATATTGACAATACTGATAAGATAATATAATATATCTTTACTACCAAGACGATAA
ATGCGTCGGAAAAGTTAAACTGCGAAAAAATTGGAACCGGTACGCTTATATAGAAGATA
TCGCCGTATGTAAGGATTTCAAGGGGCAAGGCATAGGCAGCGCGCTTATCAATATATCTA
TAGAATGGGCAAAGCATAAAAACTTGCATGGACTAATGCTTGAAACCCAGGACAATAAC
CTTATAGCTTGTAATTCTATCATAATTGTGGTTTCAAATCGGCTCCGTCGATACTATGT
TATACGCCAACTTTGAAAAAGCTGTTTTCTGGTATTTAAGGTTTTAG
```

> **aphA**

Function: protein coding sequence; 3'5'-aminoglycoside phosphotransferase pla

Best match: aphA_AY701528_C-jejuni_AY701528.1[18315:19109] (completely identical)

Position: xx4-contig_279: 1341 ... 2136; Length: 795 bp

Sequence:

```
ATGGCTAAAATGAGAATATCACCGGAATTGAAAAAACTGATCGAAAAATACCGCTGCGT
AAAAGATACGGAAGGAATGTCTCCTGCTAAGGTATATAAGCTGGTGGGAGAAAATGAAA
ACCTATATTTAAAAATGACGGACAGCCGGTATAAAGGGACCACCTATGATGTGGAACGG
GAAAAGGACATGATGCTATGGCTGGAAGGAAAGCTGCCTGTTCAAAGGTCCTGCACTTT
GAACGGCATGATGGCTGGAGCAATCTGCTCATGAGTGAGGCCGATGGCGTCCTTTGCTCG
GAAGAGTATGAAGATGAACAAAGCCCTGAAAAGATTATCGAGCTGTATGCGGAGTGCAT
CAGGCTCTTTCACTCCATCGACATATCGGATTGTCCCTATACGAATAGCTTAGACAGCCGC
TTAGCCGAATTGGATTACTTACTGAATAACGATCTGGCCGATGTGGATTGCGAAAACCTGG
GAAGAAGACACTCCATTTAAAGATCCGCGCGAGCTGTATGATTTTTTAAAGACGGAAAAG
CCCGAAGAGGAACTTGTCTTTTCCCACGGCGACCTGGGAGACAGCAACATCTTTGTGAAA
GATGGCAAAGTAAGTGGCTTTATTGATCTTGGGAGAAGCGGCAGGGCGGACAAGTGGTA
TGACATTGCCCTTCTGCGTCCGGTCGATCAGGGAGGATATCGGGGAAGAACAGTATGTCGA
GCTATTTTTTGACTIONTACTGGGGATCAAGCCTGATTGGGAGAAAATAAAATATTATTTTA
CTGGATGAATTGTTTTAG
```

> **tnpIS431-04**

Function: protein coding sequence; insertion sequence IS257e (mobile element)

Best match: tnpIS431-04_CC005_CIG1165_AHVE01000014.1[1655:2329]RC

Position: xx4-contig_279: 2368 ... 2398; Length: 30 bp

Sequence:

```
TTAACTTGCTAGCATGATGCTAATTCGTG
```