

```

gi|840909 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|126256597 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519269989 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|397701761 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|323434337 -----AATAAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|314950527 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|345523130 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519270180 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519270103 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519270063 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519269852 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|322688145 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|584592999 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|584592998 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|584592997 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|126256599 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|339282410 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|339282411 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|323434336 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519269887 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519269930 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|1519270146 TCGGCACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTAATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
gi|840914 -----AATGAATTTCTACAGTGTGGCTAACTCTAACTGTTTGTGCGAATGGTCATTGTCAAATATTGTGATAATCCCATTTTAGTTAAGAATAATAC
*** *****

```

SUPPLEMENTAL FIGURE 1. Alignment of 23 sequences of internal transcribed spacer 2 region for *Trichostrongylus* spp. obtained by ClustalW. Underlined are forward Tricho-F and reverse Triho-R primers, and in bold the probe region used in real-time polymerase chain reaction; highlighted is the mismatch present only for the sequence gi | 323434337. Asterisks indicate identical nucleotides.

SUPPLEMENTAL TABLE 1  
Primers and probe used to amplify part of 5.8S-ITS2 region by real-time PCR

Organism	Target gene	Primer/probe	Sequence	Final conc. (nM)	Amplicon size (bp)	Reference
<i>Trichostrongylus</i>	5.8S-ITS2	Tricho-F	5'-CACGCTCGGTTTCAGGGTTGTTA-3'	300	76	5
		Tricho-R	5'-GACAATGACCATTCGACAAACAG-3'	300		
		Trichoprobe	FAM-5'-ACAGTGTGGCTAACTCTAA-3'-MGB	300		
PhHV-1	gB gene	PhHV-267s	5'-GGGCGAATCACAGATTGAATC-3'	80	89	17
		PhHV-337as	5'-GCGGTTCCAAACGTACCAA-3'	80		
		PhHV-305tq	Cy5-5'-TTTTATGTGTCGGCCACCATCTGGATC-3'-BHQ2	200		

BHQ = black hole quencher; F = forward primer; ITS2 = internal transcribed spacer 2 region; MGB = minor groove binder; PhHV = phocine herpes virus type; R = reverse primer.