

		ST1	ST2	ST3	ST4	ST5
GTAG-1	<i>P. syringae</i> B728a	GCGAGC	GCGAAC	GCGGAC	GTGAGC	
	<i>P. syringae</i> 1448A	88	218	44	33	-
	<i>P. syringae</i> DC3000	31	56	49	8	-
		9	16	46	4	-
		GCGAGC	GCGGGC	GCCAGC	GCCGGC	GCTGGC
	<i>P. fluorescens</i> pf05	69	29	27	447	326
	<i>P. fluorescens</i> pf01	59	46	11	2	40
	<i>P. fluorescens</i> SWB25	1	41	0	5	56
		GCGGGT	GCGGGC	GCGGCT	GCCGGC	
	<i>P. putida</i> W619	3	5	0	250	
GTAG-2	<i>P. putida</i> F1	589	410	30	4	
	<i>P. putida</i> KT2440	400	341	22	3	
	<i>P. putida</i> GB1	105	97	20	3	
		GCGCAC	GCGCCC	GCGCGC	GCGGGC	
	<i>X. campestris</i> 85-10	6	43	7	6	
	<i>X. campestris</i> B100	29	40	205	29	
	<i>X. campestris</i> ATCC-33913	27	45	207	29	
	<i>X. campestris</i> 8004	26	37	168	29	
		GCCGGAT	GTCTGAT	GCCGGGT	GCCCGT	
	<i>S. enterica</i> ser Typhi Ty2	215	54	16	56	
GTAG-3	<i>S. enterica</i> ser Typhimurium LT2	209	60	16	51	
	<i>S. enterica</i> ser Paratyphi A ATCC9150	227	62	18	55	
	<i>S. enterica</i> ser Paratyphi C RKS4594	218	59	20	56	
	<i>S. enterica</i> ser Choleraesuis	216	59	19	53	
	<i>S. enterica</i> ser Dublin	222	52	16	52	
	<i>S. enterica</i> ser Enteritidis	215	54	16	54	
		GCCGGAT	GCCTGAT	GTCGGAT		
	<i>E. coli</i> K-12 MG1655	206	196	58		
	<i>E. coli</i> K-12 W3110	206	195	57		
	<i>E. coli</i> O157:H7 EC4115 (EHEC)	139	132	46		
Cyanobacteria	<i>E. coli</i> O157:H7 EDL933 (EHEC)	135	132	48		
	<i>E. coli</i> O6:K2:H1 CFT073(UPEC)	150	136	52		
	<i>E. coli</i> O6:K15:H31 536 (UPEC)	137	141	53		
	<i>E. coli</i> SMS-3-5 (environmental)	102	91	24		
	<i>E. coli</i> O152:H28 SE11 (commensal)	134	95	33		
	<i>E. coli</i> O7:K1 IAI39 (ExPEC)	82	80	24		
	<i>E. coli</i> O17:K52:H18 UMN026 (ExPEC)	133	130	47		
		GTAG-12	GTAG-15	GTAG-16		
	<i>A. variabilis</i>	39	31	102		
	<i>N. punctiforme</i> PCC 73102	24	25	3		
Bradyrhizobium	<i>N. punctiforme</i> PCC 7120	20	27	77		
	<i>Cyanothece</i> sp. PCC 7424	-	114	239		
	<i>Cyanothece</i> sp. PCC 7425	-	-	-		
	<i>Cyanothece</i> sp. PCC 7822	-	10	17		
	<i>Cyanothece</i> sp. PCC 8801	-	12	122		
	<i>Cyanothece</i> sp. PCC 8802	-	14	125		
	<i>Cyanothece</i> sp. 51142	-	25	40		
		GTAG-3	GTAG-14	CGTC-1	CGTC-3	
	<i>Bradyrhizobium</i> sp. ORS278	160	0	126	86	
	<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	26	0	60	33	
R. palustris	<i>Bradyrhizobium</i> sp. BTAi1	39	0	25	82	
	<i>R. palustris</i> CGA009	11	-	-	111	
	<i>R. palustris</i> HaA2	-	20	-	138	
	<i>R. palustris</i> BisB18	118	31	-	76	
	<i>R. palustris</i> BisB5	15	2	-	36	
	<i>R. palustris</i> BisA53	12	28	-	197	
	<i>R. palustris</i> TIE-1	-	-	-	108	
	<i>R. palustris</i> DX-1	-	3	-	82	
		GTAG-3	GTAG-15	CGTC-1		
	<i>C. burnetii</i> RSA 493	206	32	40		
C. burnetii	<i>C. burnetii</i> G(Q212)	199	31	44		
	<i>C. burnetii</i> K (Q154)	194	39	41		
	<i>C. burnetii</i> Dugway (SJ108-111)	240	42	47		
		GTAG-1	GTAG-4	GTAG-13		
	<i>P. mendocina</i> ymp	59	136	20		
	<i>P. mendocina</i> NK-01	256	108	28		
		CGTC-1	CGTC-4			
	<i>R. conorii</i>	168	65			
	<i>R. akari</i>	126	71			
	<i>R. bellii</i> OSU_85	99	128			
Rickettsiae	<i>R. canadensis</i>	56	28			
	<i>R. prowazekii</i>	-	-			
	<i>R. typhi</i>	-	-			
	<i>R. felis</i>	211	74			
	<i>R. massiliae</i>	181	61			
	<i>R. peacockii</i>	173	66			
	<i>R. rickettsii</i> Iowa	160	66			