

Additional file 2 - Protein sequence alignment of conserved proteins in genomes of *M. abscessus* ATCC 19977 (CU458896.1), *M. avium* 104 (CP000479.1), *M. avium* subsp. *paratuberculosis* K10 (AE016958.1), *M. bovis* subsp. *bovis* AF2122/97 (BX248333.1), *M. bovis* BCG Pasteur 1173P2 (AM408590.1), *M. bovis* BCG Tokyo 172 (AP010918.1), *M. gilvum* PYR-GCK (CP000656.1), *M. intracellulare* ATCC 13950 (ABIN000000000), *M. kansasii* ATCC 12478 (ACBV000000000), *M. leprae* Br4923 (FM211192.1), *M. leprae* TN (AL450380.1), *M. marinum* M (CP000854.1), *M. parascrofulaceum* BAA-614 (ADNV000000000), *M. smegmatis* MC2 155 (CP000480.1), *Mycobacterium* sp. JLS (CP000580.1), *Mycobacterium* sp. KMS (CP000518.1), *Mycobacterium* sp. MCS (CP000384.1), *M. tuberculosis* CDC1551 (AE000516.2), *M. tuberculosis* H37Ra (CP000611.1), *M. tuberculosis* H37Rv (AL123456.2), *M. tuberculosis* KZN 1435 (CP001658.1), *M. ulcerans* Agy99 (CP000325.1) and *M. vanbaalenii* PYR-1 (CP000511.1).

1/ Protein sequence alignment of *atpE* gene coding ATP synthase subunit C in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv1305 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	M D P	- T I A G A L I G G G L I M A G G A I G A G I G D G V A G N A L I S G V A R Q P E A Q G R L F T P F F I T V G L V E A A Y F I N L A F M A L F V F A T P V K						
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (172)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. leprae</i> (Br4923)	.	- M . Q	M	V . I	S	.	.	.
<i>M. leprae</i> (TN)	.	- M . Q	M	V . I	S	.	.	.
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	.	.	.		.	.	.	.
<i>M. marinum</i> (M)	.	.	.		.	.	.	.
<i>M. avium</i> (104)	L . . - Q V . . A	G	I	V . I	.	.	.	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	L . . - Q V . . A	G	I	V . I	.	.	.	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	.	- - - - - G	I	V . I	.	.	.	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	L . . N A I . T	G	I	I	.	.	.	G L
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. abscessus</i> (19977)	A V	.		.	.	.	.	G A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	L . . - - -	.		.	.	.	.	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	L . . - Q V . . A	G	I	V . I	.	.	.	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	I . . N A I . T	G	I	A . I	.	.	.	G L
<i>M. JLS</i>	.	.	.		.	A . I	.	A
<i>M. KMS</i>	.	.	.		.	A . I	.	A
<i>M. MCS</i>	.	.	.		.	A . I	.	A

2 /Protein sequence alignment of unnamed gene coding small secreted protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv0236A in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	MDP	- T I A G A L I G G G L I M A G G A I G A G I G D G V A G N A L I S G V A R Q P E A Q G R L F T P F F I T V G L V E A A Y F I N L A F M A L F V F A T P V K						
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (172)	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. leprae</i> (Br4923)	.	- M . Q	M	V . I	S	.	.	.
<i>M. leprae</i> (TN)	.	- M . Q	M	V . I	S	.	.	.
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	.	.	.		.	.	.	.
<i>M. marinum</i> (M)	.	.	.		.	.	.	.
<i>M. avium</i> (104)	L . - - Q V . A	G		V . I	.	.	.	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	L . - - Q V . A	G		V . I	.	.	.	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)		G		V . I	.	.	.	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	L . N A I T	G		.	I	.	.	GL
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	.	.		.	.	.	.
<i>M. abscessus</i> (ATCC 19977)	A V	.		.	.	.	.	GA
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	.	.	.		.	.	.	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	L . - - Q V . A	G		V . I	.	.	.	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	I . N A I T	G		A . I	.	.	.	GL
<i>M. JLS</i>	.	.	.		A . I	.	.	A
<i>M. KMS</i>	.	.	.		A . I	.	.	A
<i>M. MCS</i>	.	.	.		A . I	.	.	A

M. tuberculosis H37Rv).

[illegible]

M. tuberculosis H37Rv).

M. tuberculosis H37Rv).

[illegible]

3.d/ Protein sequence alignment of unnamed gene coding hypothetical oxidoreductase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv0197 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	I R S L T Q T P S R L T T P Q L P I V L S V G E R R A Y T A N D I F R D P S W R K R D A N G A L R V S V E D A Q A L G L A D G C L A R I T T A A G S A E A T V E V T E T M L A G H A A L P N G F G L D Y									
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	X
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (172)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	.	A D L K M S .	T E .	.	D .	.	T .	R .	A .	V . P . S .
<i>M. marinum</i> (M)	.	A D L K M S .	T E .	.	D .	.	T .	R .	A .	V . P . S .
<i>M. avium</i> (104)	L A K .	S S G . P .	E E F .	.	E .	.	.	R .	S .	I S .
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	L A K .	S S G . P .	E E F .	.	E .	.	.	R .	S .	I S .
<i>M. intracellulare</i> (13950)	L A A .	A R . A E .	D F .	.	D .	.	.	V .	R .	S . I .
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	. A .	R N Q Q A P .	S S E F .	A .	I .	A .	R .	P E .	P H .	E E . G R . T V R . I S D A . P . S . . L .
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	A R A S G A .	E .	.	D .	.	.	V .	V .	G R . I . P .
<i>M. abscessus</i> (19977)	. K G .	V S R . A Q .	E F .	A .	L .	.	Q Q .	I .	P Q .	Q . V . E R V . A . . A . I S D M . Q P . S .
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	. A .	A D A A D A .	D D E F .	A .	I .	A .	T .	P D .	H .	A V . V . G R . T . I S A . P . S . . V . H .
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	L A G .	A . A . P .	E F .	.	.	.	.	E .	.	T . T . G R . S . I .
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	V A A .	S A A . A A R .	A D F .	A .	M .	A .	.	S D .	.	A . S . G R . I S A S . P . S . . Y . V . F .
<i>M. JLS</i>	V . A .	A E R E A .	S A E F .	A .	L .	G .	.	T D .	.	I . A . N . R T . D R . . . G . S . A . P . S .
<i>M. KMS</i>	V . A .	A E R E A .	S A E F .	A .	L .	G .	.	D .	.	I . A . N . R T . D R . . . G . S . A . P . S .
<i>M. MCS</i>	V . A .	A E R E A .	S A E F .	A .	L .	G .	.	D .	.	I . A . N . R T . D R . . . G . S . A . P . S .

	710	720	730	740
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T G D D G R T V V A G V A P N A L T S T R W R D P Y A G T P W H K H V P A A I R R A D A E S P I W			
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (172)	.	.	.	.
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	V D G .	P .	K .	R . E A C R . D A S H I
<i>M. marinum</i> (M)	V D G .	P .	K .	R . E A C R . D A - -
<i>M. avium</i> (104)	V .	P .	Q .	R . E A L A D A R R - -
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	I .	P .	.	.
<i>M. intracellulare</i> (13950)	L D .	H .	P .	G . R . E A L T P V . S R S
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	R D G .	V .	P .	E . R L E A V - - - -
<i>M. kansasii</i> (12478)	. D .	L R T P .	T .	Q . R . E P C P . G G T T R
<i>M. abscessus</i> (19977)	. D E S .	E . H I P .	.	S A . E . R L E T L T . A I - -
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	L R P .	E S L S P .	T .	S G R . A . R . E . V C . D G - L V
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	V D G .	Q .	P .	D . R . E V C R . D A E S H
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	A D G A .	G A A . P .	S A .	A . R . E K V L . D D G L R
<i>M. JLS</i>	L D A .	T . R . P .	S .	S D . A . R . E N V S S A V G G -
<i>M. KMS</i>	L D A .	T . R . P .	S .	S D . A . R . E T V S S A V G G -
<i>M. MCS</i>	L D A .	T . R . P .	S .	S D . A . R . E T V S S A V G G -

4.a/ Protein sequence alignment of *lppM* gene coding hypothetical lipoprotein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv2172c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100																		
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	MTLNTIALELVPPNLEGGKERAIEDARKVVQYSAASGLDGRIRHVMPGMI	AEDDDRP	IPMQPKLDVLD	FWS	IKPELAGVHGLCTQVTAFMDEPSLHRR																							
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)																												
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	V																											
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	V																											
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)																												
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)																												
<i>M. bovis</i> BCG (172)																												
<i>M. leprae</i> (Br4923)		DAQ	V	C	E	S	I	VE	K	VRPNAG																		
<i>M. leprae</i> (TN)		DAQ	V	C	E	S	I	VE	K	VRPNAG																		
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	R	VD	L		DF	L	I	V	Q	QMPINTAAR																		
<i>M. marinum</i> (M)	R	VD	L		DF	L	I	V	Q	QMPINTAAR																		
<i>M. avium</i> (104)		ADE	R	LEH	RH	E	I	I	V	KVVPIKQ																		
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	V	ADE	R	LEH	RH	E	I	I	V	KVVPIKQ																		
<i>M. intracellulare</i> (13950)		ADE	R	LEH	RH	EA	I	I	V	KVVPIKRG																		
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	VP	I	R	ASY	VEH	LAIA	ET	IE	I	D	E	K	M	EY	N	R	P	LR	S	LG	EA	RE						
<i>M. kansasii</i> (12478)		VD	H	L	H	LLR	E		I		V				R	PSIS					ST	G						
<i>M. abscessus</i> (19977)	-M	V	M	VD	LD	A	EL	LR	F	EF	I	R	A	I	S	V	G	LE	K	V	Y	RA	PA	R	S	S	T	RG
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	VS	V	R	R	Q	L	E	LRC	EA	A		I	E	G	E	K		M	PD	K					ET	RG		
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	V	ADE	R	L		E	T	L		I	I	V	E	T	K		MV		M				S	T	RK			
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	S	V	R	R	Q	M	E	LRC	EA	A		I	E	G	E	K		NM	R	P	IK				AT	RG		
<i>M. JLS</i>	P	V	VD	R	H	L	H	LRC	EA	IE	G	I	E	SG	E	K	M	Q	P	R				L	A	RQ		
<i>M. KMS</i>	P	V	VD	R	H	L	H	LRC	EA	IE	G	I	E	SG	E	K	M	Q	P	R				L	A	RQ		
<i>M. MCS</i>	P	V	VD	R	H	L	H	LRC	EA	IE	G	I	E	SG	E	K	M	Q	P	R				L	A	RQ		
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200																		
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	LVDLSDAGMEGIVFVGVPRTMQDGE	GSGVAPT	DALS	LYRQLVAN	RGVIV	IPTRDGE	QGR	LNFKCS	RGATY	GMTQLLYSDA	IVGFLREFARTTEHRPEILL																	
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)																												
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	V																											
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)																												
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)																												
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)																												
<i>M. bovis</i> BCG (172)																												
<i>M. leprae</i> (Br4923)	A	A	V	N		M	E		D	NQ		R	T	KH	D	L												
<i>M. leprae</i> (TN)	A	A	V	N		M	E		D	NQ		R	T	KH	D	L												
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)		V	N		I	D	LP			NQ		T	K	T	YS	D	L											
<i>M. marinum</i> (M)		V	N		I	D	LP			NQ		T	K	T	DS	D	L											
<i>M. avium</i> (104)	TE	CS	V	N		I	D	T	L	FS	D				Q	D												
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	TE	CS	V	N		I	D	T	L	FS	D				Q	D												
<i>M. intracellulare</i> (13950)	TE	S	V	N		I	E	T	L	F	DQ			S	Q	D												
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	TA	G	FD	S	K	E	AD	P	A	L	E	F	DQ		T	K												
<i>M. kansasii</i> (12478)	AE	CA	V	N		I	E				NQ				TA	EA	D											
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	T	V	D	VI		N	D	A	IP	K	FDD	I	Q	A	L	A	FS	DK	N	F	A	V	H	H	SD	V	
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	AL	G	S	F	A	LN		T		IFD	GV	E	L	E	H	F	D			M	T		DK	D				
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	T	R	V	N		I	D	P	L		H	F	DQ		I	D	P					KN	D					
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	TE	R	S	F	A	LS		IFD	V	E	L	E	H	F	D					K	AS	D						
<i>M. JLS</i>	TE	T	FD	A	N		I	EG	D	A	L		FT	KQ						T	ANN	F						
<i>M. KMS</i>	TE	T	FD	A	N		I	EG	D	A	L		FT	KQ						T	ANN	F						
<i>M. MCS</i>	TE	T	FD	A	N		I	EG	D	A	L		FT	KQ						T	ANN	F						

4.b/ Protein sequence alignment of *lppM* gene coding hypothetical lipoprotein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv2172c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

[illegible]

5/ Protein sequence alignment of *esxG* gene coding hypothetical PE family protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv0287 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	M S L L D A H I P Q L V A S Q S A F A A K A G L M R H T I G Q A E Q A A M S A Q A F H Q G E S S A A F Q A A H A R F V A A A A K V N T L L D V A Q A N L G E A A G T Y V A A D A A A A S T Y T - G F									
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. bovis</i> BCG (172)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. leprae</i> (Br4923)	.	V	E	A	S Q N C E I	S	Q	T	E I A I	Q H E T T T L
<i>M. leprae</i> (TN)	.	V	E	A	S Q N C E I	S	Q	T	E I A I	Q H E T T T L
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	.	A	G	S	L	A S	.	.	.	A
<i>M. marinum</i> (M)	.	A	G	S	L	A S	.	.	.	A
<i>M. avium</i> (104)	- M	A	S	A	S S E V	.	E V R	I	D	G - A
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	- M	A	S	A	S S E V	.	E V R	I	D	G - A
<i>M. intracellulare</i> (13950)	- M	.	S	A L S S E	.	E V R	I	D	G	- A
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	.	I	E A N G	A S A	S	M A	E V S A	I L I D S S Q	.	I
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	.	.	.	S S	A	E GR A	I	D	S
<i>M. abscessus</i> (19977)	.	A	A E G T	T A	S S S L	V V	E V A	I V D A E	R V - V	
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	.	M I	E A G	S A A	Q M	A G V	E T S I A	I V D A E	P - A V	
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	- M	A	S A	S S E	.	A V	E R	I	D	G - A
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	- M	E A G	S A	Q M	.	.	E S I A	I I D A S E S	N - V I	
<i>M. JLS</i>	- M	I E A G	A S M A	Q S M	.	.	I E V S I A	I V D E G	- A I	
<i>M. KMS</i>	- M	I E A G	A S M A	Q S M	.	.	I E V S I A	I V D E T	- A I	
<i>M. MCS</i>	- M	I E A G	A S M A	Q S M	.	.	I E V S I A	I V D E T	- A I	

6/ Protein sequence alignment of *esxH* gene coding hypothetical PE family protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv0288 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80	90
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37	MSQIM	YNYP	PAML	GHAG	DMAG	YAGT	LQSL	GAEI	AVEQ
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> H37									
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> KZN									
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> CDC									
<i>Mycobacterium bovis</i> AF2122/97									
<i>Mycobacterium bovis</i> BCG str. P									
<i>Mycobacterium bovis</i> BCG str. T									
<i>Mycobacterium leprae</i> Br4923	T	D	N	SAC	A	GV	ID	A	AC
<i>Mycobacterium leprae</i> TN	T	D	N	SAC	A	GV	ID	A	AC
<i>Mycobacterium ulcerans</i> Agy99	A	S	M	G	D	SA	S	V	QS
<i>Mycobacterium marinum</i> M	A	S	M	G	D	SA	S	V	QS
<i>Mycobacterium avium</i> 104	S	A	S	M	G	D	S	T	SN
<i>Mycobacterium avium</i> subsp. par	S	A	S	M	G	D	S	T	SN
<i>Mycobacterium intracellulare</i> A	S	A	S	M	G	D	SA	T	SN
<i>Mycobacterium smegmatis</i> str. M	A	AE	NT	S	A	HAV	D	A	H
<i>Mycobacterium kansasii</i> ATCC 12				S	M	G	SD	A	S
<i>Mycobacterium abscessus</i> ATCC 1	TF	A	E	NT	S	V	TA	DL	AQ
<i>Mycobacterium gilvum</i> PYR-GCK	F	N	E	SS	A	AI	D	A	K
<i>Mycobacterium parascrofulaceum</i>	S	A	S	G	SD	S	T	SN	M
<i>Mycobacterium vanbaalenii</i> PYR-	A	E	NS	A	HAV	D	A	T	L
<i>Mycobacterium</i> sp. JLS	A	E	SS	AMH	AV	D	S	AG	M
<i>Mycobacterium</i> sp. KMS	A	E	SS	AMH	AV	D	S	AG	M
<i>Mycobacterium</i> sp. MCS	A	E	SS	AMH	AV	D	S	AG	M

7/ Protein sequence alignment of *esxR* gene coding hypothetical PE family protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3019c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80	90
M. tuberculosis (H37Rv)	M S Q I M Y N P A M M A H A G D M A G Y A G T L Q S L G A D I A S E Q A V L S S A W Q G D T G I T Y Q G W Q T Q W N Q A L E D L V R A Y Q S M S G T H E S N T M A M L A R D G A E A A K W G G								
M. tuberculosis (H37Ra)	.	.	.	.	.	.	.	.	.
M. tuberculosis (KZN 1435)	.	.	.	.	.	.	.	.	.
M. tuberculosis (CDC 1551)	.	.	.	.	.	.	.	.	.
M. bovis (AF2122/97)	.	.	.	.	.	.	.	.	.
M. bovis BCG (1173P2)	.	.	.	.	.	.	.	.	.
M. bovis BCG (172)	.	.	.	.	.	.	.	.	.
M. leprae (Br4923)	T	L D	N S A C	A G V I	A A Q A C G	S A V	T E M	H A A N	Q N L T Q
M. leprae (TN)	T	L D	N S A C	A G V I	A A Q A C G	S A V	T E M	H A A N	Q N L T Q
M. ulcerans (Agy99)	.	L	S	M G	S A	V A A	M	A	T S T
M. marinum (M)	.	L	S	M G	S A	V A A	M	A	T S
M. avium (104)	.	L S	A S	M G	T N	M V A	E M S	A S	S Q
M. paratuberculosis (K10)	.	L S	A S	M G	T N	M V A	E M S	A S	S Q
M. intracellulare (13950)	.	L S	A S	M G	S A	T N	M V A	M S	A S Q
M. smegmatis (MC2 155)	.	L	A E N T S A H A V	A H A A	M A A	M E	R A A T	Q S Q G	-
M. kansasii (12478)	.	.	S	H	T	A N	L S Q A A	A S M Q E S	A
M. abscessus (19977)	T F	L N	E N T S V T A	L A Q S Q A V H	S M S Q A A	A T M E I	R A G S	T L S N M G	A
M. gilvum (PYR-GCK)	F	L N	E S S A A I	A A K	V A A	T M E	R A A S	M T S A Q G	-
M. parascrofulaceum (BAA-614)	.	L S	A S	G S	T N	M A A	M S	A A S	A S Q
M. vanbaalenii (PYR-1)	.	L	E N S A H A V	A T A Q	L A A	G M E	R A A A	M T S A Q G	-
M. JLS	.	L	E S S A M H A V	A A G	M A A	A S E	R A A S	M S S Q G	-
M. KMS	.	L	E S S A M H A V	A A G	M A A	A S E	R A A S	M S S Q G	-
M. MCS	.	L	E S S A M H A V	A A G	M A A	A S E	R A A S	M S S Q G	-

8/ Protein sequence alignment of *PE5* gene coding hypothetical PE family protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv0285 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

[illegible]

M. tuberculosis H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	V T A P V W L A S	P P E V H S A L L S	A G P G P G S L	Q A A A A G W S	A L S A E Y A A V A Q E L S	V V V A A V G A G V W Q G P S A E L F	V A A Y V P Y V A W L V Q	
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	M							
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	M							
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	M							
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	M					A		
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	M					A		
<i>M. bovis</i> BCG (172)	M					A		
<i>M. leprae</i> (Br4923)	M S . I M	R . S P L V . E A R S S V . E M D .	V A L L V V . P V S S . D S A . A Y . I . L . L G . R .					
<i>M. leprae</i> (TN)	M S . I M	R . S P L V . E A R S S V . E M D .	V A L L V V . P V S S . D S A . A Y . I . L . L G . R .					
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	M . . L M . A . A	L . Q T T E . . . L . E .	T A I L T G . Q . A . D	Q C C I . . . L . L S . M .				
<i>M. marinum</i> (M)	M . . L M . A	L . Q T T E . . . L . E .	T A I L T G . Q . A . D	Q C C I . . . L S . M .				
<i>M. avium</i> (104)	M . . I M	S . A V F . A . G	S A E . G L L S A Q . A	A S Y . H G . L . T R .				
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	M . . I M	S . L . G A N S	S T E . A . L S A Q . A . G	S Y . H A . L . T .				
<i>M. intracellulare</i> (13950)	M . . M	S A F . A S M	S A E . G A L L T S T Q . A	S Y . H A . L . T .				
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	M . . I M . L	S . S . L . G A Q S	A A . T S . L S . Q . S . E	S Q Y . H A . L Q . A .				
<i>M. kansasii</i> (12478)	M . . I	S . S . P L V . S . T S I	S E . T A L L G G Q I A R	V A . H . L . L R .				
<i>M. abscessus</i> (19977)	L A . . M	S . P L . E . S G H S T	R A I L . T H S A H	T Y . H T . L E . N .				
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	. . S . M . L	T M . S . L . G V A Q S	S A A . T S I L G Q S A E	S Q Q Y . H T . L . A .				
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	M . M . I A F	A S . L . E Q A Q	D T A . G D L L . Q . T	A Y . H . L . L .				
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	M S S . M . L	S . M L . T Q S	A A . S I L D Q A E	S Q Y . H T . L . A .				
<i>M. MCS</i>	M V P . I M . L	S . L . G A Q S	S A A . T G I L G S Q A E	Q Y . H T . L . A .				
<i>M. KMS</i>	M V P . I M . L	S . L . G A Q S	S A A . T G I L G S Q A E	Q Y . H T . L . A .				
<i>M. JLS</i>	M V P . I M . L	S . L . G A Q S	S A A . T G I L G S Q A E	Q Y . H T . L . A .				

10.a/ Protein sequence alignment of *atpB* gene coding ATP synthase subunit A in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv1304 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. bovis</i> BCG (172)	TC	ACTT	CTGG	CAGGT	GA	ACT	GGT	TG	AC	GT
<i>M. leprae</i> (Br4923)	TG	CCA	A	C	A	AG	C	TC	G	G
<i>M. leprae</i> (TN)	TG	CCA	A	C	A	AG	C	TC	G	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	GCT	CA	C	G	CTC	CT	G	G	T	A
<i>M. marinum</i> (M)	CG	CCAG		A	C	G	GCCG		C	T
<i>M. avium</i> (104)	G	C	GGTCAG	T	CGC	G	G	CTCA	G	GG
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	C	GGTCAG	T	CGC	G	G	CTCA	G	GG
<i>M. intracellulare</i> (13950)	T	CCA	C	CA	G	C	CC	GGCG		C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	CT	GCCAG		A	G	C	G	GCG	T	A
<i>M. kansasii</i> (12478)	CT	CA		G	TC		G	T		C
<i>M. abscessus</i> (19977)	CT	T	C	AACC		CC	G	TTCC	G	ACC
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	CT	GC	AGA	CA	G	G	CTC	GTG	G	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	CT	CCAG		C	G	A	G	CTGC	G	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)		CCAGA		CA	T	G	G	TC	G	GA
<i>M. JLS</i>	CT	C	AGC		C	C	G	G		G
<i>M. KMS</i>	CT	C	AGC		C	C	G	G		G
<i>M. MCS</i>	CT	C	AGC		C	C	G	G		G
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	ATTG	CAGC	GC	GAT	GGC	CT	TG	TT	GGC
<i>M. leprae</i> (Br4923)	C	G	TG	C	T	TT	T	C	GTCTG	C
<i>M. leprae</i> (TN)	C	G	TG	C	T	TT	T	C	GTCTG	C
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C	A	T	TT	C	T	ACGAA	T	C	G
<i>M. marinum</i> (M)	C	A	C	T	C	T	CG	CG	T	GG
<i>M. avium</i> (104)	C	G	T		C	T	GCG	CGC	C	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C	G	T	A	C	T	GCG	CGC	C	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	G	T		C	T	GCG	CGC	C	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	G	TTGCG	CA	A	C	T	G	G	AT
<i>M. kansasii</i> (12478)	C	G	T		C	T	G	GC		T
<i>M. abscessus</i> (19977)	C	A	C	AA	T	C	T	CA	GA	GC
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	G	T		G	CAT	CGACG	A	C	AT
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	G	TG		CCG	GCGA		CG	G	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C	G	T	CA	G	C	T	C	CGTTTGC	GT
<i>M. JLS</i>	C	G	TT		C	T	GCG	CGT	C	G
<i>M. KMS</i>	C	G	TT		C	T	GCG	CGT	C	G
<i>M. MCS</i>	C	G	TT		C	T	GCG	CGT	C	G

10.b/ Protein sequence alignment of *atpB* gene coding ATP synthase subunit A in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv1304 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100																			
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. leprae</i> (Br4923)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. leprae</i> (TN)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. marinum</i> (M)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. avium</i> (104)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. JLS</i>	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. KMS</i>	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G
<i>M. MCS</i>	T	C	A	C	T	T	C	T	G	G	C	A	G	G	T	A	C	T	C	T	G	A	G	A	C	T	C	T	G

	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200																			
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. leprae</i> (Br4923)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. leprae</i> (TN)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. marinum</i> (M)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. avium</i> (104)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. kansasii</i> (12478)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. JLS</i>	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. KMS</i>	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. MCS</i>	G	A	T	T	C	G	A	G	G	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T

10.c/ Protein sequence alignment of *atpB* gene coding ATP synthase subunit A in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv1304 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. bovis</i> BCG (172)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. leprae</i> (Br4923)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. leprae</i> (TN)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. marinum</i> (M)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. avium</i> (104)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. intracellulare</i> (13950)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. JLS</i>	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. KMS</i>	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A
<i>M. MCS</i>	T	G	A	C	G	T	C	G	T	A

	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. leprae</i> (Br4923)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. leprae</i> (TN)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. marinum</i> (M)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. avium</i> (104)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. kansasii</i> (12478)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. JLS</i>	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. KMS</i>	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C
<i>M. MCS</i>	G	A	G	A	T	C	G	A	T	C

10.d/ Protein sequence alignment of *atpB* gene coding ATP synthase subunit A in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv1304 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	810	820	830	840	850	860
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	AAGTCGTCGGACAGGTCGTAGTGC	GCCTGCACGTTGGCGAAGTGC	GGCTTCAGCTCGTCGGGCAT			
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)						
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)						
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)						
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)						
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)						
<i>M. bovis</i> BCG (172)						
<i>M. leprae</i> (Br4923)	A	T	A	G	T	T
<i>M. leprae</i> (TN)	A	T	A	G	T	T
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	A	T	A	T	CAT	AC
<i>M. marinum</i> (M)	A	T	A	T	C	T
<i>M. avium</i> (104)	C				C	T
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C				C	T
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	A	G			
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C		A	A	T	G
<i>M. kansasii</i> (12478)		AA			C	T
<i>M. abscessus</i> (19977)	A		G	T	CC	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	A	A	A	G	CAT
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	A	A	G	T	TC	A
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)			A	G	CTT	A
<i>M. JLS</i>	C	G	G		C	T
<i>M. KMS</i>	C	G	G		C	T
<i>M. MCS</i>	C	G	G		C	T

11.a/ Protein sequence alignment of *cmaA1* gene coding cyclopropane mycolic acid synthase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3392c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

Sequence logos for the 1000 Genomes Project, showing nucleotide conservation across 1000 individuals. The y-axis represents information content in bits, ranging from 0 to 4. The x-axis represents the position in the genome. The sequence logos are color-coded by nucleotide: A (green), C (blue), G (red), and T (orange). The top panel shows positions 1-100, and the bottom panel shows positions 110-200. The sequence logos are color-coded by nucleotide: A (green), C (blue), G (red), and T (orange). The top panel shows high conservation at positions 1-100, with a peak at position 100. The bottom panel shows lower conservation at positions 110-200, with a peak at position 150.

11.b/ Protein sequence alignment of *cmaA1* gene coding cyclopropane mycolic acid synthase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3392c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

[illegible]