

Additional file 3 - DNA 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.a/ DNA sequence alignment of *atpE* gene coding ATP synthase subunit C in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv1305 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

Sequence logos for the 200 bp region of the IS6110 family. The figure is divided into two panels, each showing sequence logos for 100 bp segments. The top panel covers positions 1-100, and the bottom panel covers positions 110-200. Each panel lists 15 Mycobacterium species and their corresponding sequence logos. The logos show the conservation of nucleotides at each position, with the most conserved positions being the start of the IS6110 family (positions 1-100).

Top Panel (Positions 1-100):

- M. tuberculosis* (H37Rv)
- M. tuberculosis* (H37Ra)
- M. tuberculosis* (KZN 1435)
- M. tuberculosis* (CDC1551)
- M. bovis* (AF2122/97)
- M. bovis* BCG (1173P2)
- M. bovis* BCG (172)
- M. leprae* (Br4923)
- M. leprae* (TN)
- M. ulcerans* (Agy99)
- M. marinum* (M)
- M. avium* (104)
- M. paratuberculosis* (K10)
- M. intracellulare* (13950)
- M. smegmatis* (MC2 155)
- M. kansasii* (12478)
- M. abscessus* (19977)
- M. gilvum* (PYR-GCK)
- M. parascrofulaceum* (BAA614)
- M. vanbaalenii* (PYR-1)
- M. JLS*
- M. KMS*
- M. MCS*

Bottom Panel (Positions 110-200):

- M. tuberculosis* (H37Rv)
- M. tuberculosis* (H37Ra)
- M. tuberculosis* (KZN 1435)
- M. tuberculosis* (CDC1551)
- M. bovis* (AF2122/97)
- M. bovis* BCG (1173P2)
- M. bovis* BCG (172)
- M. leprae* (Br4923)
- M. leprae* (TN)
- M. ulcerans* (Agy99)
- M. marinum* (M)
- M. avium* (104)
- M. paratuberculosis* (K10)
- M. intracellulare* (13950)
- M. smegmatis* (MC2 155)
- M. kansasii* (12478)
- M. abscessus* (19977)
- M. gilvum* (PYR-GCK)
- M. parascrofulaceum* (BAA614)
- M. vanbaalenii* (PYR-1)
- M. JLS*
- M. KMS*
- M. MCS*

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

	210	220	230	
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	CCTGGCGTTTATGGCGCTGTTTCGTCTTCGCTACACCCG			
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)				
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)				
<i>M. tuberculosis</i> (CDC1551)				
<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	C	
<i>M. leprae</i> (TN)	A	T	C	
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)			C	G
<i>M. marinum</i> (M)			C	G
<i>M. avium</i> (104)	C		C	
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C		C	
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	C	A	
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	C	C	T
<i>M. kansasii</i> (12478)	C	C	C	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	C	C	T	G
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	C	C	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA614)	C		C	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C	C	C	T
<i>M. JLS</i>	C		A	C
<i>M. KMS</i>	C		A	C
<i>M. MCS</i>	C		A	C

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

Sequence logos for the 100 bp region upstream of the start codon for the Rv1296c gene. The logos are color-coded by nucleotide: A (blue), C (green), G (red), and T (orange). The y-axis represents the information content in bits, ranging from 0 to 1.0. The x-axis represents the position in the sequence, with major ticks every 10 positions. The top panel shows the sequence logos for positions 1-100, and the bottom panel shows the sequence logos for positions 110-170. The logos are aligned with the reference sequence: C TAGCTACGGTTACCGTACTCGACCCGGTTGAGCACTGATGACGACGGATCGCCCCCGGGGAGTGGCGGTTTCTTGTCCTGCTGCACCATCAGGGTCACT.

2.b/ DNA sequence alignment of unnamed gene coding hypothetical oxidoreductase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv0197 in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

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

410 420 430 440 450 460 470 480 490 500

M. tuberculosis (H37Rv) GCCTGGGTGCAGCTTCCAGCTGTACGGCGGTTCACACGCGCGGCGAGTTTCGAGAACGCCGAGGTGTCTGGTGTTCGTCTGGGAAGAACCATGGATGTCGAGA

M. tuberculosis (H37Ra)

M. tuberculosis (KZN 1435)

M. tuberculosis (CDC 1551)

M. bovis (AF2122/97)

M. bovis BCG (1173P2)

M. bovis BCG (172)

M. ulcerans (Agy99)

M. marinum (M)

M. avium (104)

M. paratuberculosis (K10)

M. intracellulare (1395)

M. smegmatis (MC2 155)

M. kansasii (12478)

M. abscessus (19977)

M. gilvum (PYR-GCK)

M. parascrofulaceum (BAA-614)

M. vanbaalenii (PYR-1)

M. JLS

M. KMS

M. MCS

510 520 530 540 550 560 570 580 590 600

M. tuberculosis (H37Rv) GCTTCCCGCGGGGCCCGGGTCTGCTCAACGAGATCGCCAAGGATCCCGGCCGGTCTGATGATCTGATGATCGATCCCGTCTGTCACCGACACCGCGAAGATGGC

M. tuberculosis (H37Ra)

M. tuberculosis (KZN 1435)

M. tuberculosis (CDC 1551)

M. bovis (AF2122/97)

M. bovis BCG (1173P2)

M. bovis BCG (172)

M. ulcerans (Agy99)

M. marinum (M)

M. avium (104)

M. paratuberculosis (K10)

M. intracellulare (1395)

M. smegmatis (MC2 155)

M. kansasii (12478)

M. abscessus (19977)

M. gilvum (PYR-GCK)

M. parascrofulaceum (BAA-614)

M. vanbaalenii (PYR-1)

M. JLS

M. KMS

M. MCS

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

	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	GCCTGGGT	CGACTTCC	CAGCTGT	ACGGCGGT	CACACGCG	GGCGAGTT	CGAGAACG	CCGAGGTG	TCGGTGTTC	GTCTCGGGA
<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)	G	A	A	GGGA	C	T	C	T	T	AC
<i>M. marinum</i> (M)	G	A	A	GGGA	T	C	T	T	AC	A
<i>M. avium</i> (104)	T	A	GG		C			CG		T
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	T	A	GG		C			CG		T
<i>M. intracellulare</i> (1395)	T	A	GGG		CA	G	A		C	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)		GCG	C	C	G			C		T
<i>M. kansasii</i> (12478)	A	A	T	GG	A	T		C		T
<i>M. abscessus</i> (19977)		A	AAGA	T	A		T	T	G	C
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	CA	A	ACA	T	T	AAC	C		AC	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)		A	GG	G			G	T	A	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	TA	A	GC	CT	C		C	G	A	GC
<i>M. JLS</i>	CA		G	GCG	C	C		G		C
<i>M. KMS</i>	CA		G	GCG	C	C		G		C
<i>M. MCS</i>	CA		G	GCG	C	C		G		C
	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	GCTTCCCG	CGGGCCCG	GGTCTG	TCAACG	AGATCG	CCAAGG	ATCCCG	GGCCGG	TGCGAT	GATCGAT
<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)		CA		G		G		A		C
<i>M. marinum</i> (M)		CA		G		G		A		C
<i>M. avium</i> (104)		T		C		G		G	CG	
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)		T		A		C		G		CG
<i>M. intracellulare</i> (1395)		T		C		G		G		CG
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)		T		T		G		C	T	CG
<i>M. kansasii</i> (12478)				T		A		G		C
<i>M. abscessus</i> (19977)		T		T		T		G		T
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)		T		T		A		G		T
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)				C		G		C		CG
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)				C		G		C		CG
<i>M. JLS</i>		T		A		C		C		GA
<i>M. KMS</i>		T		A		C		C		GA
<i>M. MCS</i>		T		A		C		C		GA

3.c/ DNA 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)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. bovis</i> BCG (172)	C	G	A	C	T	T	C	C	A	T
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	T	C	G	C	C	G	C	C	A	G
<i>M. marinum</i> (M)	T	C	G	C	C	G	C	C	A	G
<i>M. avium</i> (104)	C	G	G	T	C	C	A	C	G	C
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C	G	G	T	C	C	A	C	G	C
<i>M. intracellulare</i> (1395)	C	G	G	T	C	C	A	C	G	C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	A	T	C	G	T	G	C	C	A
<i>M. kansasii</i> (12478)	A	T	T	G	G	C	C	A	C	T
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	T	T	C	A	G	C	C	A	C
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	A	C	G	C	C	G	C	C	A	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	G	G	C	C	A	C	G	C	T
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	A	T	C	G	G	C	C	A	C	T
<i>M. JLS</i>	C	A	G	C	G	T	C	A	C	T
<i>M. KMS</i>	C	G	C	G	T	C	A	C	G	T
<i>M. MCS</i>	C	G	C	G	T	C	A	C	G	T

	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	C	G	C	G	C	A	C	G	T
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	A	T	G	T	A	G	A	C	A	G
<i>M. marinum</i> (M)	T	A	T	G	T	A	G	A	C	A
<i>M. avium</i> (104)	A	G	T	C	C	G	C	C	A	T
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	A	G	T	C	C	G	C	C	A	T
<i>M. intracellulare</i> (1395)	A	G	T	C	C	G	C	C	A	T
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	A	C	A	A	C	C	G	A	G	T
<i>M. kansasii</i> (12478)	A	G	A	A	C	C	G	A	G	T
<i>M. abscessus</i> (19977)	A	A	C	A	C	A	G	A	G	T
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	A	T	C	A	C	C	G	A	G	T
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	A	T	C	A	C	C	G	A	G	T
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	A	C	C	C	G	G	T	A	G
<i>M. JLS</i>	G	C	T	C	A	C	C	G	A	G
<i>M. KMS</i>	G	C	T	C	A	C	C	G	A	G
<i>M. MCS</i>	G	C	T	C	A	C	C	G	A	G

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

	810	820	830	840	850	860	870	880	890	900			
M. tuberculosis (H37Rv)	GTGCCGCGGCCCGGC	GCATCGGCACCGCCGCGAGCGTGT	CGGTGTTCTGAAGACCTGGGAATCCAGCAGGCGCCCAACAGCACCGTCTGCTCCTATCTGAA										
M. tuberculosis (H37Ra)													
M. tuberculosis (KZN 1435)													
M. tuberculosis (CDC 1551)													
M. bovis (AF2122/97)													
M. bovis BCG (1173P2)													
M. bovis BCG (172)													
M. ulcerans (Agy99)	C	G	C	G		GG	C	CG		A	GC	GGTT	C
M. marinum (M)	C	G	C	G		GG	C	CG		A	GC	GGTT	C
M. avium (104)	CA		G		G	AC	G	T	C	CG	G		C
M. paratuberculosis (K10)	CA		G		G	AC	G	T	C	CG	G		C
M. intracellulare (1395)	C	G		G		G		C	G	T	C	CG	G
M. smegmatis (MC2 155)	C		G		ACGG	A	T		G	T	C	TG	G
M. kansasii (12478)	A	G		G		G	GC	C		G	C	G	
M. abscessus (19977)	G	CGG		C	GG	T	C	GG	G	A		G	C
M. gilvum (PYR-GCK)	GT	G	C	G	C	G		GC	T	CG		G	C
M. parascrofulaceum (BAA-614)	C	G		G		G		C		C	CG	G	
M. vanbaalenii (PYR-1)	G	A	C	G	C	G		TG		GC	T	CG	
M. JLS	G		TG	C	T		CGG		A		C		G
M. KMS	G		TG	C	T		CGG		A		C		G
M. MCS	G		TG	C	T		CGG		A		C		G

	910	920	930	940	950	960	970	980	990	1000
M. tuberculosis (H37Rv)	CAAGCTGCTGTGGATCCTGACCGGCAAC	TTGCGCGAAAAAGGGTGGCCAAACACCTGCATTTCGTCGTTTCGCTCCGCTGTTTCAGCCAGGTCT								CCGGCCGC
M. tuberculosis (H37Ra)										
M. tuberculosis (KZN 1435)										
M. tuberculosis (CDC 1551)										
M. bovis (AF2122/97)										
M. bovis BCG (1173P2)										
M. bovis BCG (172)										
M. ulcerans (Agy99)		A		T	C		A	T		C
M. marinum (M)		A		T	C		A	T		C
M. avium (104)	T						G			CGC
M. paratuberculosis (K10)	T						G			CGC
M. intracellulare (1395)			C	G	T	C				G
M. smegmatis (MC2 155)							C		CCC	
M. kansasii (12478)		A					C			G
M. abscessus (19977)		A		C			C		G	CGC
M. gilvum (PYR-GCK)		A					G		C	CGT
M. parascrofulaceum (BAA-614)							C			G
M. vanbaalenii (PYR-1)		A					C		CGC	
M. JLS		T					C		CGC	
M. KMS		T					C		CGC	
M. MCS		T					C		CGC	

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

	1010	1020	1030	1040	1050	1060	1070	1080	1090	1100																								
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	ACACCGGTCACCGGTGCGCCTATTATCGCGGGCCTGATCCCGGGCAACGTGGTGCCCGAGGAGATCCTGACCGAGCACCCGGATCGGTTTCGGGCGATGA																																	
<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)	C		G	TA	GG	CG		C	A	G	G				T		T	C		C		C	C	A	C	C	C							
<i>M. marinum</i> (M)	C		G	A	GG	C		C	A	G	G				T		T	C		C		C	C	A	C	C	C							
<i>M. avium</i> (104)	C		G		C		C	C		T	C		G	G		TCG				T		C		C	C	C	C							
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G		G		C		C	C		T	C		G	G		TCG				T		C		C	C	C	C							
<i>M. intracellulare</i> (1395)	C		C		C		C	C		T	C		G	G		CA			C		A		C	T	C	C	C	C						
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G		C		C		G	C		C		G	G		CA					C		T		C	C	C	C							
<i>M. kansasii</i> (12478)	G		C		T		C	C		C		A	G		T		C		G		A			T	T		C	C	T					
<i>M. abscessus</i> (19977)	C		G		C		C	GC		C		GT		T	G		G		CTC		T	CA	C	G		A		C						
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)		G		G		C		G		C		GC				G	CA				A	A		C		C	C	C	AC					
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G		G		C		G	C		C		G		G		A				C		C		C		C	C	C						
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C			G		C		C		G		C		GC		G	CA		G		A	C			AC		T		C	C	T	C	C	C
<i>M. JLS</i>	C		C		G		C	C		GG	G		GC		G		G		A				C			C		C	C	G				
<i>M. KMS</i>	C		G		G		C	C		GG	G		GC		G		G		A		A			C			C		C	C	G			
<i>M. MCS</i>	C		G		G		C	C		GG	G		GC		G		G		A		A			C			C		C	C	G			

	1110	1120	1130	1140	1150	1160	1170	1180	1190	1200																								
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T	CGTAGAGAGGGGCAATCCGGCTCACTCGCTGGCCGATTTCAGCCGCCTGCCGGGCGGCATTCCAGGCGCTGGAAC																																
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)																																		
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)																																		
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)																																		
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	C		C																															
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	C		C																															
<i>M. bovis</i> BCG (172)	C		C																															
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C		C	C		C				T	G	G			CA		G	G				A				G	G							
<i>M. marinum</i> (M)	C		C	C		C				C		T		G	G		CA		G	G			A				G	G						
<i>M. avium</i> (104)	G		CA		C		G				A		G	G	G		A		C		GC	T			A		C	G	G					
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G		CA		C		G				A		G	G	G		A		C		GC	T			A		C	G	G					
<i>M. intracellulare</i> (1395)	G		A	CA		C					GA					C	AA		C		T				A		C		G					
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C		C	CA		C		C	A	T	G	C		CC	G		AGGGTG		C		GC	G		A		C		C						
<i>M. kansasii</i> (12478)	C		A	C	CT		T		T	C	T	T			G	A	T	A		A		G		GCAA		T		G	AC		C	G		
<i>M. abscessus</i> (19977)	C		TA		C		A	T	C	T	G				G	CGGG		AA		A		C		GCT		C		CT		G		G		
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C		A	CA		C		C	G		G	T		C	G	A	GGTT		CCGC		G		TCC	AA		C		G	T		A	C	G	
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G		C	CA		C		G			A	C		G	G		C	A		C		G		C			C		A		C		G	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C		A	CA		C		G		T	A			G	C		T		GT		CGC		C		GCC	AC		C		G		C	G	G
<i>M. JLS</i>	C		CA		C		C		C		C			G		G	T	C	A		G		TC		C		G		CC		C		C	G
<i>M. KMS</i>	C		CA		C		C		C		C			G		G	T	C	A		G		TC		C		G		CC		C		C	G
<i>M. MCS</i>	C		CA		C		C		C		C			G		G	T	C	A		G		TC		C		G		CC		C		C	G

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

	1210	1220	1230	1240	1250	1260	1270	1280	1290	1300
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	A	C	C	G	A	G	A	C	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C	T	A	C	T	A	C	T	C	G
<i>M. marinum</i> (M)	C	T	A	C	T	A	C	T	C	G
<i>M. avium</i> (104)	C	G	T	C	C	C	C	G	C	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C	G	T	C	C	C	C	G	C	G
<i>M. intracellulare</i> (1395)	C	G	T	A	T	A	C	A	C	A
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	G	T	A	T	A	C	A	C	A
<i>M. kansasii</i> (12478)	A	C	T	T	T	T	G	T	C	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	C	G	A	C	C	A	A	G	T	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	C	G	T	C	A	G	T	C	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	G	T	C	C	C	C	A	T	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	G	C	G	C	C	C	A	C	C
<i>M. JLS</i>	C	G	C	G	C	C	A	G	C	G
<i>M. KMS</i>	C	A	C	G	C	C	A	G	C	G
<i>M. MCS</i>	C	A	C	G	C	C	A	G	C	G

	1310	1320	1330	1340	1350	1360	1370	1380	1390	1400
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. bovis</i> BCG (172)	T	T	C	A	G	T	T	G	C	C
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	G	T	C	A	G	A	C	A	C
<i>M. marinum</i> (M)	G	G	T	C	A	G	A	C	A	C
<i>M. avium</i> (104)	C	C	C	C	G	A	G	C	G	C
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C	C	C	C	G	A	G	C	G	C
<i>M. intracellulare</i> (1395)	C	A	T	C	C	G	A	G	T	C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C	G	A	C	G	C	A	A	C
<i>M. kansasii</i> (12478)	G	G	C	C	A	C	A	C	A	C
<i>M. abscessus</i> (19977)	A	C	A	A	C	A	C	A	C	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	C	G	A	C	A	G	A	C	A
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	C	G	A	C	A	G	A	C	A
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C	C	G	A	C	A	G	A	C	A
<i>M. JLS</i>	C	C	G	A	C	A	G	A	C	A
<i>M. KMS</i>	C	C	G	A	C	A	G	A	C	A
<i>M. MCS</i>	C	C	G	A	C	A	G	A	C	A

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

	1410	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	C	G	G	A	C	T	G	C	G	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. marinum</i> (M)	A	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. avium</i> (104)	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. intracellulare</i> (1395)	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	A	C	A	T	C	A	G	C	G
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	G	C	G	C	T	C	A	G	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G	A	C	C	G	C	C	C	C	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	C	G	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. JLS</i>	C	A	C	G	C	A	C	C	C	C
<i>M. KMS</i>	C	A	C	G	C	A	C	C	C	C
<i>M. MCS</i>	C	A	C	G	C	A	C	C	C	C

	1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	A	C	G	C	C	T	A	T	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. marinum</i> (M)	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. avium</i> (104)	A	C	T	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	A	C	T	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. intracellulare</i> (1395)	A	C	T	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. kansasii</i> (12478)	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	T	C	G	C	C	C	C	C	C
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	T	G	C	G	C	C	C	C	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. JLS</i>	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. KMS</i>	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C
<i>M. MCS</i>	C	T	T	C	C	C	C	C	C	C

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

Genomic alignment tracks for *M. tuberculosis* H37Rv and other strains across a 1700 bp region. The tracks show sequence variations and gaps (indicated by dots) for the following strains: *M. tuberculosis* (H37Rv), *M. tuberculosis* (H37Ra), *M. tuberculosis* (KZN 1435), *M. tuberculosis* (CDC 1551), *M. bovis* (AF2122/97), *M. bovis* BCG (1173P2), *M. bovis* BCG (172), *M. ulcerans* (Agy99), *M. marinum* (M), *M. avium* (104), *M. paratuberculosis* (K10), *M. intracellulare* (1395), *M. smegmatis* (MC2 155), *M. kansasii* (12478), *M. abscessus* (19977), *M. gilvum* (PYR-GCK), *M. parascrofulaceum* (BAA-614), *M. vanbaalenii* (PYR-1), *M. JLS*, *M. KMS*, and *M. MCS*. The alignment is shown in a grid format with columns representing genomic positions and rows representing individual strains.

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

	1810	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900																														
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	C	G	G	T	T	G	A	C	C	G	C	T	C	A	A	C	T	C	T	T	C	G	T	G	A	C	C	G	T	C	T	G	G	C	G	A	A	C	G
<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)	T	C	.	.	.	.	.	.	C	A	.	A	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G		
<i>M. marinum</i> (M)	T	C	.	.	.	.	.	.	C	A	.	A	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G		
<i>M. avium</i> (104)	.	C	.	.	.	.	.	.	.	C	G	A	A	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C		
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	.	C	.	.	.	.	.	.	.	C	G	A	A	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C		
<i>M. intracellulare</i> (1395)	C	G	A	.	.	.	.	.	.	C	G	A	A	G	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C		
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	A	C	T	.	.	.	.	.	.	C	C	.	G	.	A	.	T	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	A	
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	G	C	T	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C		
<i>M. abscessus</i> (19977)	A	A	C	.	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	A	G	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	T		
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	G	C	C	.	.	.	.	.	C	C	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	T	C	C	T
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	A	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	G	G	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	G	C	C	C	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	G		
<i>M. JLS</i>	G	C	A	C	.	.	.	.	.	C	T	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	G	A	
<i>M. KMS</i>	G	C	A	C	.	.	.	.	.	C	T	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	G	A	
<i>M. MCS</i>	G	C	A	C	.	.	.	.	.	C	T	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	G	G	A	

	1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970	1980	1990	2000																															
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	C	G	C	C	A	A	C	G	G	G	G	C	G	T	C	G	T	A	T	C	A	C	G	A	C	C	G	C	G	G	G	G	C	A	G	T	G	C	G
<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)	.	.	G	.	T	.	.	.	.	G	.	T	.	.	.	T	.	C	.	G	.	T	A	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. marinum</i> (M)	.	.	G	.	T	.	.	.	.	G	.	T	.	.	.	T	.	C	.	G	.	T	A	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. avium</i> (104)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. intracellulare</i> (1395)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. abscessus</i> (19977)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. JLS</i>	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. KMS</i>	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		
<i>M. MCS</i>	.	.	T	.	G	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	G	.	.	.	.	C	.	A	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	C		

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

	2010	2020	2030	2040	2050	2060	2070	2080	2090	2100
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	AGGCGACGGTGGAGGTCACCGAGACGATGCTGGCCGGACACGCCGCGCTGCCCAACGGCTTTGGGCTGGACTACACCGGCGACGACGGGCG-CACCGTCG									
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)										
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)										
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)								S		
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)										
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)										
<i>M. bovis</i> BCG (172)										
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)			GT	C	G	T	T	T	C	C
<i>M. marinum</i> (M)			GT	C	G	T	T	T	C	C
<i>M. avium</i> (104)										
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)										
<i>M. intracellulare</i> (1395)										
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C	G	C	A	T	C	G	A	G
<i>M. kansasii</i> (12478)										
<i>M. abscessus</i> (19977)										
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)										
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)										
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)										
<i>M. JLS</i>										
<i>M. KMS</i>										
<i>M. MCS</i>										

	2110	2120	2130	2140	2150	2160	2170	2180	2190
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	TCGCCGGT-GTCGCCCCGAACGCACCTTACTTCGACGAGATGGCGCGACCCCTACGCCGGGCACCCCTGGGCACAAGCACGTGCCCGCCGCCATC								
<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)	TC	A	A						
<i>M. marinum</i> (M)	TC	A	A						
<i>M. avium</i> (104)	TC		G	G					
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	TC		G	G					
<i>M. intracellulare</i> (1395)	GC		A	G					
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	AC	G	C	G					
<i>M. kansasii</i> (12478)	C	C	G	C					
<i>M. abscessus</i> (19977)	AC		G	G					
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C		GC						
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	TC		C						
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	GC		G						
<i>M. JLS</i>	C								
<i>M. KMS</i>	C								
<i>M. MCS</i>	C								

4.1/ DNA 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														
M. tuberculosis (H37Rv)	C	T	A	G	T	C	C	G	G	C	T	T	G	C	C	G	T	C	G	A	T	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)	.	C	C	.	A	.	G	T	.	A	C	G	C	A	A	A	.	C	.	G	.	.	T	A
M. leprae (TN)	.	C	C	.	A	.	G	T	.	A	C	G	C	A	A	A	.	C	.	C	.	.	T	A
M. ulcerans (Agy99)	.	.	.	A	.	G	T	T	G	T	G	.	C	C	.	.	.	.	G	.	.	.	T	A
M. marinum (M)	.	.	.	A	.	G	T	T	G	T	G	.	C	C	.	.	.	.	G	.	.	.	T	A
M. avium (104)	.	.	.	A	.	T	.	C	G	.	.	C	.	C	.	G	.	.	G	A	.	C	.	G
M. paratuberculosis (K10)	.	.	.	A	.	T	.	C	G	.	.	C	.	C	.	G	.	.	G	A	.	T	.	G
M. intracellulare (13950)	.	.	.	A	A	.	T	.	G	.	T	G	.	C	.	G	.	.	G	.	.	.	T	A
M. smegmatis (MC2 155)	.	.	.	T	.	A	G	C	C	.	G	T	.	C	.	.	.	.	C	T	G	.	C	.
M. kansasii (12478)	.	.	.	T	.	A	.	T	.	T	T	G	.	C	C	.	.	.	T	C	.	.	C	.
M. abscessus (19977)	.	.	.	T	.	A	G	.	A	G	.	C	.	C	.	.	.	.	C	T	C	.	C	.
M. gilvum (PYR-GCK)	.	.	.	T	.	A	G	.	T	A	T	G	.	C	.	C	.	.	C	.	C	.	C	.
M. parascrofulaceum (BAA614)	.	.	.	A	A	G	.	C	C	.	G	C	.	G	.	C	.	.	C	.	C	.	C	.
M. vanbaalenii (PYR-1)	.	.	.	T	.	A	.	T	.	T	T	G	.	C	.	.	.	.	C	.	C	.	C	.
M. JLS	.	.	.	T	.	A	G	A	C	.	G	.	T	G	.	C	.	.	T	.	C	.	C	.
M. KMS	.	.	.	T	.	A	G	A	C	.	G	.	T	G	.	C	.	.	T	.	G	.	C	.
M. MCS	.	.	.	T	.	A	G	A	C	.	G	.	T	G	.	C	.	.	T	.	G	.	C	.

	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200																												
M. tuberculosis (H37Rv)	A	T	G	C	T	T	A	G	C	G	G	A	A	A	A	C	C	A	G	A	T	C	G	G	C	G	C	A	T	G	C	C	G	C	A	A	T	
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)	.	.	C	.	.	G	.	T	.	C	.	A	.	A	.	.	.	T	.	G	.	G	.	.	G	A	.	G	.	.	T	T	T	T	.	A	.	
M. leprae (TN)	.	.	C	.	.	G	.	T	.	C	.	A	.	A	.	.	.	T	.	G	.	G	.	.	G	A	.	G	.	.	T	T	T	T	.	A	.	
M. ulcerans (Agy99)	.	.	G	.	.	G	.	G	.	.	C	.	A	.	.	.	.	C	.	T	T	T	C	.	.	G	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. marinum (M)	.	.	G	.	.	G	.	G	.	.	C	.	A	.	.	.	.	C	.	T	T	T	C	.	.	G	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. avium (104)	.	.	C	.	.	G	.	G	.	G	.	G	.	C	.	.	.	G	.	T	G	.	G	.	.	G	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. paratuberculosis (K10)	.	.	C	.	.	G	.	G	.	G	.	G	.	C	.	.	.	G	.	T	G	.	G	.	.	G	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. intracellulare (13950)	.	.	C	.	.	C	.	G	.	G	.	G	.	C	.	.	.	G	.	T	G	.	G	.	.	G	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. smegmatis (MC2 155)	.	.	C	.	.	C	.	A	G	.	G	.	C	.	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. kansasii (12478)	.	.	C	.	.	C	.	A	G	.	A	.	.	.	.	.	.	G	.	T	G	.	G	.	.	G	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. abscessus (19977)	.	.	C	.	.	G	.	.	C	.	C	.	.	.	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. gilvum (PYR-GCK)	.	.	C	.	.	C	.	A	G	.	G	.	C	.	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. parascrofulaceum (BAA614)	.	.	C	.	.	C	.	C	G	.	T	G	.	G	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. vanbaalenii (PYR-1)	.	.	C	.	.	C	.	C	G	.	T	G	.	G	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. JLS	.	.	C	.	.	C	.	C	G	.	T	G	.	G	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. KMS	.	.	C	.	.	C	.	C	G	.	T	G	.	G	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.
M. MCS	.	.	C	.	.	C	.	C	G	.	T	G	.	G	.	.	.	G	.	G	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	T	.	T	T	T	.	A	.

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

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

	410	420	430	440	450	460	470	480	490	500												
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	GTTGCGCCCCGACTGCACTTTGAAATTGAGCCGGCCCTGCTCGCCGTC	TCGGGTGGGGATCACGATCACACCACGGTTGGCCACCAGCTGGCGATACAGCG																				
<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)	C	T	T	C	AT	C	T	G	A	AT	CA	G	T									
<i>M. leprae</i> (TN)	C	T	T	C	AT	C	T	G	A	AT	CA	G	T									
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	T	GT		T	A		G	G	G	AG	CA	A	T								
<i>M. marinum</i> (M)	G	T	T		T	A		G	G	AG	CA	A	T									
<i>M. avium</i> (104)	G	G	GTC	GC	AG	T	G	G	G	G	T	G	C	G	G	T						
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	G	GTC	GC	AG	T	G	G	G	G	T	G	C	G	G	T						
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	T	GTC	G	A	T	G	C	G	T	C	G	G	T								
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	T	GTC	G	A	C	T	A	T	G	C	C	G	G	G	T						
<i>M. kansasii</i> (12478)	C	T	T	T	A	A		A					CC	G	T							
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	C	TTGTC	T	TGA	AT	C	C	G	A	C	G	G	T	G	A	CTGA	G	TG	CATCGA	TT	
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	G	GTC	G	AG	G	T	C	G		G	G	G	G	CT	G	G	CGCC	TCGA	G	T	
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA614)	C	T	GTC	G	A	G	T	G	A	G		G	G	G	AG	C				G	TG	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	G	GTC	G	A	G	C	T	G	T	C	G	G	T	G	CT	G	G	C	TCGA	G	T
<i>M. JLS</i>	C	A	T	CT	CG	AG	A	G	G	G	C	T	G		ACCTTCG	G	T					
<i>M. KMS</i>	C	A	T	CT	CG	AG	A	G	G	G	C	T	G		ACCTTCG	G	T					
<i>M. MCS</i>	C	A	T	CT	CG	AG	A	G	G	G	C	T	G		ACCTTCG	G	T					

	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600													
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	ACAGGGCATCCGTCGGCGCGACTCCGGAGCCCTCGCCGTCCTGCATCGTGCGCGGTACACCGACGAATACGATGCCCTCCATGCCGGGCATCGGACAGATC																						
<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	G	G	T	T	A	A	A	A	C	CA				G	T							
<i>M. leprae</i> (TN)	A	G	G	T	T	A	A	A	A	C	CA				G	T							
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	AC	G	G	G	T	A	C	T	C	G	T	G	C	G	A	G	C	C	A	G	A	A	
<i>M. marinum</i> (M)	AC	G	G	G	T	A	C	T	C	G	T	G	C	G	A	G	C	C	A	G	A	A	
<i>M. avium</i> (104)		G	G	G	G	C		G	T	G		C	G		C	C	C	T		CGA	C	C	
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)		G	G	G	G	C		G	T	G		C	G		C	C	C	T		CGA	C	C	
<i>M. intracellulare</i> (13950)		G	G	G	G	G		G	T	G		C	G		C	C	C	T		CGA	C	AC	
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)		C	G	G	T	G	CTCC			T	G	G	G	C	CGA	G	G	AA		GC	CTG	CG	
<i>M. kansasii</i> (12478)	AT	G	G	T	G		T	G	T	G	C	C		C	CA		C		GG	AC	C	C	
<i>M. abscessus</i> (19977)	C	G	G	GT	TG	C	C	A		G	T	G	T	C	G	A	G	TC	C	G	T	A	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	G	G	G	G	G	T	T		G	TG	GG		G	G		CG		G	AA	CTG	CCG	CAG
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA614)		G	G		C	G	C		C	G	T		T	G	G		G	C	C		G	CG	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C	G			C	G	C		G	CTG	G		G	C		CG	C		G	A	CTG	CGG	C
<i>M. JLS</i>	C	G	G	G	G	G	CT		G	T		G		G		G	G	AC	C	GGT	CT	C	
<i>M. KMS</i>	C	G	G	G	G	G	CT		G	T		G		G		G	G	AC	C	GGT	CT	C	
<i>M. MCS</i>	C	G	G	G	G	G	CT		G	T		G		G		G	G	AC	C	GGT	CT	C	

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

	610	620	630	640	650	660	670	680	690	700
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. leprae</i> (Br4923)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. leprae</i> (TN)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. marinum</i> (M)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. avium</i> (104)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. kansasii</i> (12478)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA614)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. JLS</i>	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. KMS</i>	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
<i>M. MCS</i>	G	A	C	C	G	C	G	G	T	G
	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. leprae</i> (Br4923)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. leprae</i> (TN)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. marinum</i> (M)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. avium</i> (104)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA614)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. JLS</i>	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. KMS</i>	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G
<i>M. MCS</i>	T	C	G	A	T	A	C	C	A	G

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

	810	820	830	840	850	860	870	880	890	900																															
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	A	T	G	C	A	G	C	G	A	G	T	A	C	T	T	G	C	A	G	C	A	T	T	C	G	A	T	C	G	T	G	T	T	G	A	G					
<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)		T	G	-	G				T	G			AC				C								GA			GG	G		C			A	A	G					
<i>M. leprae</i> (TN)		T	G	-	G				T	G			AC				C								GA			GG	G		C			A	A	G					
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)		GT	C								T		C				C	A						T			G	A			CA	G		C			CGT				
<i>M. marinum</i> (M)		GT	C								T		C				C	A						T			G	A			CA	G		C			CGT				
<i>M. avium</i> (104)		CT	C	G		A	G	C			T		T	C	C			G								CGA	TT	G		GC		G			G	A	G				
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)		CT	C	G		A	G	C			T		-	C	C											CGA	TT	G		GC		G			G	A	G				
<i>M. intracellulare</i> (13950)		CCT	C	G		A	G	C			T		T	C	C											CGA	TT	G		GC		T			T	G	A	G			
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)		TCT	G		G	C	ATT	GCG	G				T	G	C			CC		GTA	GAGGC					G		T		C		A	G			G	C				
<i>M. kansasii</i> (12478)		T	G					C	G		AT		T	C	G			C	GC		T	G	G			C	G		C	C			A			G	A	C	T		
<i>M. abscessus</i> (19977)		CT	G	G		A	AC	CG		GT		C	CAGT		C		AGC			TA	GAG				G	A		C	A		G		A		T	A	A	CG	A	C	T
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)		CCT	G		A	AC	GC		G				CTCG		G		C		GG		T				GCG		G	G		C	CA		C		G	T	A	A	G	C	
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA614)		T	C										T	C	G			C	GC							CG	TT	G		GC		G		C		G	A	G			
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)		CCT	G		AC		C	G					CTCG		G		C		C					T		ACGC		G	G		C	C		G		G		G	C		
<i>M. JLS</i>		CCT	G			C	GC		G				T	G	G			GC		AT	T			ACGA		GG			C	G		C		G		T	G		CG		C
<i>M. KMS</i>		CCT	G			C	GC		G				T	G	G			GC		AT	T			ACGA		GG			C	G		C		G		T	G		CG		C
<i>M. MCS</i>		CCT	G			C	GC		G				T	G	G			GC		AT	T			ACGA		GG			C	G		C		G		T	G		CG		C

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

Genomic alignment of *M. tuberculosis* H37Rv and other strains across the 1000 bp region. The figure shows two panels of sequence alignments. The top panel covers positions 10 to 1000, and the bottom panel covers positions 110 to 1000. Strains are listed on the left, and their corresponding DNA sequences are shown as rows. Gaps are indicated by dashes. The alignment shows high conservation across most strains, with some variations in the 1000 bp region.

Top Panel (Positions 10 to 1000):

- M. tuberculosis* (H37Rv): ATGAGCCTTTTGGATGCTCATATCCACAGTTGGTGGCCCTCCAGTCGGCGTTTGC CGCCAAAGCGGGGCTGATGCGGCACACGATCGGT CAGGCCGAGC
- 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): G T AC . . . C . . . GG . . . C . T . . . T C T . . . CAG CA . . TAA . . . T . T
- M. leprae* (TN): G T AC . . . C . . . GG . . . C . T . . . T C T . . . CAG CA . . TAA . . . T . T
- M. ulcerans* (Agy99): T . . . A . C . T . . . G . G . G . A . . . GT . G . . . C . AT . . . C . . . C . A . C . .
- M. marinum* (M): T . . . A . C . T . . . G . G . G . A . . . GT . G . . . C . AT . . . C . . . C . A . C . .
- M. avium* (104): A . G . . . C . . . C . T . G . . . A . G . A . A . . . CAG . . . C . . . CAG . . . A . C . .
- M. paratuberculosis* (K10): A . G . . . C . . . C . T . G . . . A . G . A . A . . . CAG . . . C . . . CAG . . . A . C . .
- M. intracellulare* (13950): A . G . . . C . . . T . G . . . T . . . G . . . CAG . . . C C T . C . . CAG . . . A . C . .
- M. smegmatis* (MC2 155): T . . . C . C . C . . . C . . . C . A . C . . . G . . . G . CAAC . . . C . G . . . C . CC . . . CAG . . . C . . CC . .
- M. kansasii* (12478): G T . G . . . C . C . T . G . . . G . A . . . C . . . C . T . . . T . . . TCC
- M. abscessus* (19977): TT . GC . T . . C . A . C . T . CGCTC . . . G . G . GGCA . C . C . A . . . A . C . T . . . TTCG . . . TTCG . . . G . T
- M. gilvum* (PYR-GCK): C C . T . C . A . A . C . . . GG . G . . . C . C . G . . . G . . . C . . . CAG . . . C . . CC . .
- M. parascrofulaceum* (BAA-614): A . G . . . C . . . C . . . G . . . G . G . A . . . CAG . . . C . CC . . . CAG . . . C . A . C . .
- M. vanbaalenii* (PYR-1): A . GC . C . . C . . . C . T . G . AC . . . C . . . G . G . . . A . C . GT . G . . . T . C . . . CAG . . . CA . . .
- M. JLS*: A . GC . C . C . C . C . . . C . C . A . C . . . GG . G . C . . . C . G . . . C . C . . . CAG . . . C . G . CC . . . A .
- M. KMS*: A . GC . C . C . C . C . . . C . C . A . C . . . GG . G . C . . . C . G . . . C . C . . . CAG . . . C . G . CC . . . A .
- M. MCS*: A . GC . C . C . C . C . . . C . C . A . C . . . GG . G . C . . . C . G . . . C . C . . . CAG . . . C . G . CC . . . A .

Bottom Panel (Positions 110 to 1000):

- M. tuberculosis* (H37Rv): AGGC GGCGATGTC GGCTCAGGC GTTTT CACCAGGGGGAGTCGTCGGCGGGCGTTT CAGGCCGCCCATGCCCGGTTTGTGGCGGGCGGCCGCCAAAGTCAACAC
- 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): GT . A C AGC . . C . A . A . . . T . . G . . . T . A . . . CA . C . . . A . AG . . A . . G
- M. leprae* (TN): GT . A C AGC . . C . A . A . . . T . . G . . . T . A . . . CA . C . . . A . AG . . A . . G
- M. ulcerans* (Agy99): T . . . C . . . G . . . T C . . . CG . . . AT . T . . . C . G . T . C . C . . . A . . . G . G . .
- M. marinum* (M): T . . . C . . . G . . . T C . . . CG . . . AT . T . . . C . G . T . C . C . . . A . . . G . G . .
- M. avium* (104): AA . G . C . . . C . . . C . . . C . . . C . . . A . C . . . G . . . C . C . . . AA . TC . . . CGG . . .
- M. paratuberculosis* (K10): AA . G . C . . . C . . . C . . . C . . . A . C . . . G . . . C . C . . . AA . TC . . . CGG . . .
- M. intracellulare* (13950): AA G . . . C . C . . . C . . . C . . . G . . . C . G . . . C . A . TC . . . ACGG . . .
- M. smegmatis* (MC2 155): C AGTT . G . . . C . C . AT . . T . G . C . C . . . C . C . . . G . . . T . C . C . A . TCT . G . . . G . TG . .
- M. kansasii* (12478): AT G T . . . T . A . CG . C . . . A . . . G . . . C . GA . . . A . T . G . G . GG . . . G .
- M. abscessus* (19977): C T TGT . T . . C . T . . . C . . . T . . . T . . . A . TA . G . . . G . . G . .
- M. gilvum* (PYR-GCK): C . . . CA . . C . G . . . C . C . AT . . C . . . CG . C . GC . . C . . . G . . . G . . . C . C . AAA . TT . G . . G . GA . . . G .
- M. parascrofulaceum* (BAA-614): A . . . C . . . G . . . C . . . C . . . G . C . . . TC . . . C . . . G . . . C . G . C . C . C . A . . . C . . . GCGG . . .
- M. vanbaalenii* (PYR-1): C . . . CA . . . G . . . C . . . AT . . A . . . C . . . C . . . T . G . . . C . . . A . . . CT . G . . G . GA . . . G .
- M. JLS*: C . . . CA . . . CT . A . . . C . C . AT . . C . . . T C . . . CA . C . A . TCT . G . . G . GA . . . G .
- M. KMS*: C . . . CA . . . CT . A . . . C . C . AT . . C . . . T C . . . CA . C . A . TCT . G . . G . GA . . . G .
- M. MCS*: C . . . CA . . . CT . A . . . C . C . AT . . C . . . T C . . . CA . C . A . TCT . G . . G . GA . . . G .

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

	210	220	230	240	250	260	270	280	290																																							
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	C	T	T	G	T	G	G	A	T	G	T	C	G	C	G	A	G	G	C	C	G	G	T	T	C	T	G	A																				
<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)	T	C	.	C	.	A	.	T	.	.	.	C	A	.	C	.	T	.	.	.	A	.	A	.	A	G	.	G	.	.	A	.	.	A	.	T	.	C	.	A	C	C	.	C	G	.		
<i>M. leprae</i> (TN)	T	C	.	C	.	A	.	T	.	.	.	C	A	.	C	.	T	.	.	.	A	.	A	.	A	G	.	G	.	.	A	.	.	A	.	T	.	C	.	A	C	C	.	C	G	.		
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	.	.	C	.	.	A	.	.	.	.	.	C	.	.	C	.	A	.	.	.	C	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	C	.	.	T	G	.	G	.	C	.	.	.	T	.		
<i>M. marinum</i> (M)	.	.	C	.	.	A	.	.	.	.	.	C	.	.	C	.	A	.	.	.	C	.	.	C	.	.	.	.	.	T	.	.	C	.	.	T	G	.	G	.	C	.	.	.	T	.		
<i>M. avium</i> (104)	.	C	.	C	.	C	A	.	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	.	C	.	C	.	.	.	.	.	.	C	.	C	.	.	.	C	.	.	C	.	.	C	.			
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	.	C	.	C	.	C	A	.	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	.	C	.	C	.	C	.	.	.	.	C	.	C	.	.	.	C	.	.	C	.	.	C	.			
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	C	.	C	.	A	.	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	.	G	.	C	.	G	.	.	.	.	G	.	C	.	G	.	.	C	.	C	.	C	.	.	C	.		
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	C	.	C	.	C	A	.	.	C	T	C	.	C	A	.	C	.	C	.	C	.	G	.	T	C	G	.	.	.	.	C	.	C	.	.	G	.	C	.	C	.	C	.	G	.		
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	C	.	.	.	A	.	.	.	C	.	C	.	C	.	T	.	T	.	.	G	.	T	.	C	.	T	.	T	.	A	.	C	.	.	T	.	G	.	.	G	.	C	.	.	A	.	
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	C	.	C	.	A	.	.	..	T	C	.	C	.	C	.	T	.	.	.	G	.	C	C	.	.	.	.	.	.	.	A	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	C	..	C	.	C	A	.	.	..	C	..	C	.	C	.	C	.	C	.	..	G	..	C	.	C	.	.	.	.	C	.	C	.	.	..	A	..	G	..	..	C	.	..	C	..		
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	.	C	.	C	.	C	A	.	.	A	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	C	.	.	.	.	.	.	.	C	.	C	.	.	..	A	..	C	.	C	.	C	.			
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	C	.	C	.	C	..	G	..	A	..	C	..	C	..	C	..	C	..	C	..	T	..	G	..	G	..	C	C	..	..	C	..	C	..	..	A	..	A	..	A	..	A	..	T	..		
<i>M. JLS</i>	G	C	.	C	.	C	A	.	.	C	.	T	.	C	.	C	.	C	.	C	.	G	..	C	.	C	.	.	.	.	.	..	C	..	G	..	..	C	..	G	..	..	C	..	..	C	..	
<i>M. KMS</i>	G	C	.	C	.	C	A	.	.	C	.	T	.	C	.	C	.	C	.	C	.	G	..	C	.	C	.	.	.	.	..	A	..	C	..	G	..	..	C	..	G	..	..	C	..	..	C	..
<i>M. MCS</i>	G	C	.	C	.	C	A	.	.	C	.	T	.	C	.	C	.	C	.	C	.	G	..	C	.	C	.	.	.	.	..	A	..	C	..	G	..	..	C	..	G	..	..	C	..	..	C	..

6.a/ DNA 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	100																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																						
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	A	T	G	T	C	G	C	A	A	T	C	A	T	C	A	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A	T	C	A

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

	210	220	230	240	250	260	270	280	290
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	GGCCTATCATGCGATGTC	CAGCACCCATGAAGCCAA	CACCATGGCGATGATGG	CCCCGCGACACGGCCGA	AAGCCGCCAAAT	GGGGCGGC	TAG		
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	GT	TG	GT	T	T	A	TGG	G	
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)									
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	GT	TG	GT	T	T	A	TGG	G	
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)									
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)									
<i>M. bovis</i> BCG (172)									
<i>M. leprae</i> (Br4923)	T	C	A	G	A	T	CC	AA	TT
<i>M. leprae</i> (TN)	T	C	A	G	A	T	CC	AA	TT
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)		C	GT	TG	A	C	C	T	C
<i>M. marinum</i> (M)		C	GT	TG	A	C	C	T	C
<i>M. avium</i> (104)	C	C	GT	G	C	G	T	C	T
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C	C	GT	G	C	G	T	C	T
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	G	C	GT	G	C	G	T	C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C	GC	G	C	G	C	GCAG	GC
<i>M. kansasii</i> (12478)		AT	G	G	G	C	C	CA	T
<i>M. abscessus</i> (19977)	C	C	GC	C	GG	TC	C	A	T
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	GC	C	G	T	C	GATG	C	T
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	T	C	G	C	G	C	T	C	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)		C	G	G	GC	C	GATG	C	T
<i>M. JLS</i>	C	C	GC	G	G	C	GATG	T	GC
<i>M. KMS</i>	C	C	GC	G	G	C	GATG	T	GC
<i>M. MCS</i>	C	C	GC	G	G	C	GATG	T	GC

7.a/ DNA 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	100																		
M. tuberculosis (H37Rv)	CTAGCCGCCCCACTTGGCGGGCTTCGGCCCCATCTCGAGCCAACATCGCCATGGTGTGGACTCATGGGTGCCAGACATCGACTGATAGGCCCGCACCAGA																											
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			A	TTGG	G	G	TG	G	A	AA	TTT	GG	A	TTG	C	T	CA	G	A		T						
M. leprae (TN)	T			A	TTGG	G	G	TG	G	A	AA	TTT	GG	A	TTG	C	T	CA	G	A		TC						
M. ulcerans (Agy99)	T		T	T	A	GTG	G		G	G		CT	G		T				G			G						
M. marinum (M)	T		T		A	GTG	G		G	G		CT	G						G			G						
M. avium (104)		T			TGG	G	G		G	A		C	G		TG	C			G		G	G						
M. paratuberculosis (K10)		T			TGG	G	G		G	A		C	G		TG	C			G		G	G						
M. intracellulare (13950)					TGG	G	G		G	A		C	G		TG	C			G	C	G	G						
M. smegmatis (MC2 155)	-	-	T	AT		C	TGG	G	C	GCT		CTG	G	C	GTG	C		CGC	G		A	G	T					
M. kansasii (12478)		T	T		A	TGG	C		T	T		C		T	G		TT	C	G		C	AG						
M. abscessus (19977)	T	TG			TC		ATG	G	G	GTT	A	A		TT	G		GAGCC		G	CGC	G	G	TG	T				
M. parascrofulaceum (BAA-614)	TC	A				TGG	G	G	G	G	A		CT	G		TG	C		G	C	G		A	G				
M. gilvum (PYR-GCK)	-	-	T	A		C	C		TG	C	C	GGC	A	G		CAT	G		A	TG	C	G	CGC	G	T			
M. vanbaalenii (PYR-1)	-	-	T	A		C			TG	G	T	GGC	A	G		CAT	G		G	G	C		CAC	G	A	G	T	
M. JLS	-	-	T	A		C	C		TG	G	T	GCT	A			CAT	G		TC	C		CGC	G		G		T	
M. KMS	-	-	T	A		C	C		TG	G	T	GCT	A			CAT	G		TC	C		CGC	G		G		A	T
M. MCS	-	-	T	A		C	C		TG	G	T	GCT	A			CAT	G		TC	C		CGC	G		G		A	T
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200																		
M. tuberculosis (H37Rv)	TCCTCTAGGGCCTGGTTCCTCACTGGGTCTGCCAGCCCTGATACGTGATCCCAGGTATCACCTGCCAAGCACTGGACAGCACGGCCTGCTCACTGGCGATAT																											
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	CGT			CAC		G		AC	A		A		G	CC	GCA	GCTTG	A	G	A	T		GGCA		G			
M. leprae (TN)	T	CGT			CAC		G		AC	A		A		G	CC	GCA	GCTTG	A	G	A	T		GGCA		G			
M. ulcerans (Agy99)	T	C	TC			C	C		CG		G	C	C		G		G	G		A	G			GGC	A	G		
M. marinum (M)	T	C	TC			C	C		CG		G	C	C		G		G	G		A	G			GGC	A	G		
M. avium (104)	CT	C	T		C		C	C	CA		G	G	C		G		G	GT		GGT				G		G		
M. paratuberculosis (K10)	CT	C	T		C		C	C	CA		G	G	C		G		G	GT		GGT			T	G		G		
M. intracellulare (13950)	CTT	C	T			C		CA		G	G	C	A		G		G	GT		GT		T	GGC	A	G			
M. smegmatis (MC2 155)	C	T			C		CG		G	G	C	A		G	G		G	G	C	C		G	TG		GGC		G	
M. kansasii (12478)		G	C	A			C	C	C		CG		G	C	CA		G	T	C		G			G	C		G	
M. abscessus (19977)		T	C	T		GGT		C		G	GGCC	GGC	C	GA		G		G	CGCCTG		GGA			GGGC	C	GG		
M. parascrofulaceum (BAA-614)	CT	C	TC			C		CG		G	G	C			G	G		G	GT	C		GTC			G		G	
M. gilvum (PYR-GCK)		C	T		GGT		C	C		TG	T	G	G	C	CA		G		C		CTT			GGC			G	
M. vanbaalenii (PYR-1)		C	T		GCC		C	C		G	G	G	C	GG		G	G		CTG		GG		TT		GGC		G	
M. JLS		G		CTGGC		C		G		G	G	C	A		G			G		C	C		G	C			G	
M. KMS		G		CTGGC		C		G		G	G	C	A		G			G		G	C	C		G	C			G
M. MCS		G		CTGGC		C		G		G	G	C	A		G			G		G	C	C		G	C			G

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

	210	220	230	240	250	260	270	280	290
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	CGGCCCCCAAGCTCTGCAGCGTGC	CCGCATAACCGGCCATGTCCCCGGCATGAGCCATCATCGCCGGATAGTTGTACATAATCTGCGACAT							
<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)	ATG	CC C	AA C	G GC GG T A	A T	G GT A T	G	T T	
<i>M. leprae</i> (TN)	ATG	CC C	AA C	G GC GG T A	A T	G GT A T	G	T T	
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	A	GC C	T	G G G C A		G G G	G	T	
<i>M. marinum</i> (M)	A	GC C	T	G G G C A		G G G	G	T	
<i>M. avium</i> (104)	G	G C	T	G G C A	GG	G GCT G	G	T	
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	G C	T	G G C A	GG	G GCT G	G	T	
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	G GC C	T	G G G C A	GG	G GCT A	G	T	
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	G C GCG	CA	G AG GGT TT	C G	G C G G	G	T	
<i>M. kansasii</i> (12478)	A	A T	T	G T C A	A A	G C	G A	T	
<i>M. abscessus</i> (19977)	A	A GTGCGGT	ACA	AG GGT TT	C A	G G	G A AG		
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	AA G GC C	G	G G C A	GG	G GCT A	G	T	
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	G TCGC	CA	G CGAC A	C A	G GTTG G	G A	T	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	G C GCA	CT	G G T TT	C G	G C G G	G	T	
<i>M. JLS</i>	G	G C GCA	T C	T G G TC A	C A C	G C G	G	T	
<i>M. KMS</i>	G	G C GCG	T C	T G G TC A	C A C	G C G	G	T	
<i>M. MCS</i>	G	G C GCG	T C	T G G TC A	C A C	G C G	G	T	

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

[illegible]

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

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300																																										
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	A	G	G	T	G	T	C	G	A	A	G	A	G	C	T	G	G	A	C	T	G	G	C	G	G	C	T	A	C	G	G	G	T	C	G	T	G															
<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)	.	.	.	T	.	.	.	C	.	.	.	.	.	T	A	.	C	.	.	.	.	A	T	A	G	C	A	.	T	G	C	A	A	T	A	.	T	T	A	.												
<i>M. leprae</i> (TN)	.	.	.	T	.	.	.	C	.	.	.	.	.	T	A	.	C	.	.	.	.	A	T	A	G	C	A	.	T	G	C	A	A	T	A	.	T	T	A	.												
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	.	.	.	.	T	.	.	A	.	.	T	C	C	.	C	.	T	G	.	.	T	G	.	.	T	C	.	C	.	.	T	T	.	C	.	A	.	CA													
<i>M. marinum</i> (M)	G	.	.	.	.	T	.	.	A	.	.	T	C	C	.	C	.	T	G	.	.	T	G	.	.	T	C	.	C	.	.	T	T	.	C	.	A	.	CA													
<i>M. avium</i> (104)	G	.	C	.	G	.	G	.	C	.	G	.	G	.	.	.	GG	.	.	.	.	T	C	.	C	.	CA	.	A	.	G	.	T	G	.	T	.	A	.	C												
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	G	.	C	.	G	.	G	.	C	.	G	.	A	.	.	.	GG	.	.	.	.	T	C	.	C	.	CA	.	A	.	G	.	T	G	.	T	.	A	.	C												
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	.	C	.	G	.	.	.	C	.	.	T	C	C	.	C	.	G	.	.	.	A	.	T	C	.	G	.	CA	C	.	G	.	T	G	.	T	.	A	.	C											
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	.	.	.	G	.	.	.	C	.	C	.	GT	.	.	T	C	.	A	.	.	G	.	.	.	T	T	.	GC	.	A	.	C	.	CCAG	.	G	.	G	.	GT	.	CT	ACG	CC							
<i>M. kansasii</i> (12478)	.	G	.	.	.	.	A	.	C	.	C	.	GT	.	.	T	C	.	.	.	C	.	T	GG	.	.	T	.	T	.	GC	.	TT	.	C	.	C	.	A	.	G	.	G	.	C	.	CT	CGTCC				
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	.	C	.	.	G	.	.	C	.	C	.	G	.	.	AC	.	C	.	.	TCG	.	G	.	.	CG	.	.	ACCA	.	G	.	CAT	CAG	.	.	GG	.	.	AT	A	.	A	.	C							
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	.	.	.	G	.	.	C	.	C	.	GT	.	.	G	.	C	.	G	.	C	.	G	.	CG	.	G	.	G	.	CG	.	G	.	.	G	CAG	.	C	.	ATG	.	GA	.	GT	.	TCT	A	.	CC		
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G	.	C	.	G	.	.	.	C	.	.	A	.	.	G	.	C	.	C	.	.	GG	.	.	T	.	.	.	CA	.	C	.	.	.	.	G	.	.	G	.	T	.	AT	.	GC							
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	.	.	.	G	.	.	.	C	.	GT	.	.	.	A	.	C	.	C	.	C	.	.	.	.	G	.	CA	.	GTC	.	.	GCC	.	G	.	.	C	.	ATG	.	G	.	T	GT	.	C	.	CT	A	.	CC
<i>M. JLS</i>	G	.	C	.	.	C	.	G	.	.	C	.	CA	.	AT	.	.	C	.	.	C	.	C	.	G	.	.	GCC	.	A	.	C	.	.	ATGAA	.	AT	.	GG	.	A	.	AT	.	A	.	CC					
<i>M. KMS</i>	G	.	C	.	C	.	G	.	.	C	.	CA	.	AT	.	.	C	.	.	C	.	C	.	G	.	.	GCC	.	A	.	C	.	.	ATGAA	.	AT	.	GG	.	A	.	AT	.	A	.	CC						
<i>M. MCS</i>	G	.	C	.	C	.	G	.	.	C	.	CA	.	AT	.	.	C	.	.	C	.	C	.	G	.	.	GCC	.	A	.	C	.	.	ATGAA	.	AT	.	GG	.	A	.	AT	.	A	.	CC						

9.a/ DNA sequence alignment of *PPE48* gene coding hypothetical PPE family protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3022c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

9.b/ DNA sequence alignment of *PPE48* gene coding hypothetical PPE family protein in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3022c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	210	220	230	240
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	AATGCACCTCCGGCGGCGACGCCAACCACACCGGCGCCGTCAC			
<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)	G	T	T	AC
<i>M. leprae</i> (TN)	G	T	T	AC
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	CA	A	T
<i>M. marinum</i> (M)		CA	A	T
<i>M. avium</i> (104)	G		T	T
<i>M. Jaratuberculosis</i> (K10)	G	T	G	T
<i>M. intracellulare</i> (13950)	G	G	T	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	AGA	T	TA
<i>M. kansasii</i> (12478)		T	A	G
<i>M. abscessus</i> (19977)		A	T	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	G	AGG	T
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)		G	GA	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G		AG	T
<i>M. JLS</i>	G	T	AGG	T
<i>M. KMS</i>	G	T	AGG	T
<i>M. MCS</i>	G	T	AGG	T

10.a/ DNA 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)	ATGACTGAGACCA	TCCTGGCCG	CCC	AAATCGAGGTCGGCGAGCACCACACGGCCACCTGGCT					CGGTATGACGGTCA	
<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	AT	GAGGT			CA	T		T	G
<i>M. leprae</i> (TN)	A	AT	GAGGT			CA	T		T	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C	T	G	G	T	C	G		GT	C
<i>M. marinum</i> (M)	T	G		G	T	C	G		G	C
<i>M. avium</i> (104)	C	G	CGT	AAT	GCC	A	A	CAC	T	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K-10)	C	G	CGT	AAT	GCC	A	A	CAC	T	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	G	CGT	AAGGTGCG		A	A	CAC		C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	CTG	CCG	TG	AAGA	GT	GCG	AGCC	C	C
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	G		T	G					A
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	AC	AT	A	G	AAG	GCC	TC	C	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G	CCTC	CCG	TG	AGGAA	G	GTG	CG	C	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)		G	CGT	AAT	GCG		A	CAC		T
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	C	CCTC	CCG	AG	AGGAA	GT	GCC	GCC	C	C
<i>M. JLS</i>	GC	GTTCC	GCC	AGAG	GGT	TC	C	C	ACGGA	A
<i>M. KMS</i>	GC	GTTCC	GCC	AGAG	GGT	TC	C	C	ACGGA	A
<i>M. MCS</i>	GC	GTTCC	GCC	AGAG	GGT	TC	C	C	ACGGA	A
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	ACACCGACACCGTGTGTGTCGACGGCGATCGCCGGGTTGATCGTGATCGCGTTGGCCTTTTACCTGCGCGCCAAAGTGACTTCGACGGATGTGCCAGGCGG									
<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)	T	G	C	C	C	T	G	C	GC	A
<i>M. leprae</i> (TN)	T	G	C	C	C	T	G	C	GC	A
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	C								
<i>M. marinum</i> (M)	G	C								
<i>M. avium</i> (104)	GA	TC								
<i>M. paratuberculosis</i> (K-10)	GA	TC								
<i>M. intracellulare</i> (13950)	A	CA								
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	TGG	A	TC	CG	C	T	CG	A	CCG	
<i>M. kansasii</i> (12478)	A	CC	C							
<i>M. abscessus</i> (19977)	GTG	A	TG	CG	A	C	CC	G	A	G
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	GGG	GA	CC	CG	C	C	A	C	G	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G	GA	CC	C	C	G				
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	GG	A	CC	CG	C	C	A	C	G	C
<i>M. JLS</i>	GA	CC	C	C						
<i>M. KMS</i>	GA	CC	C	C						
<i>M. MCS</i>	GA	CC	C	C						

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

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	GGTGCAGTTGTTTTT	GAGGCGATCACCATT	CAGATGCGCAATCAGGT	CGAAAGCGCCATCGGGAT	GCGGATCGCACCCCTTC	GTGCTGCCGCTGGCGGT	G			
<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)	CA	C GG	GG A	C	A	G	T	C	T	C G
<i>M. leprae</i> (TN)	CA	C GG	GG A	C	A	G	T	C	T	C G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C	C C A	C	GGC	A	A	G	G		C
<i>M. marinum</i> (M)	C	C C A	C	GGC	A	A	G	G		C
<i>M. avium</i> (104)	C C	C GG	C	GG C	G	A	G	GG	C	G G
<i>M. paratuberculosis</i> (K-10)	C C	C GG	C	GG C	G	A	G	GG	C	G G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	T T	C GG	A C	GG C	G C	A	G	GG	C	G G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C C	C GG	C G C	TC G	A	GG	T G	C	AA
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	A	C C	C	G C		G	T	G	
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	C	C C A	G	G	T C	T C	GT CG	C	AA
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	C C	C GG	A C C	G G C	GG A	A	GC AG	G	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	C	C	C GG	A C	G C	G	A	GG T	G	A
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	C	C GG	A C C	C	TGG	A	GC AG	G	C
<i>M. JLS</i>	C	T	C	C GG	A C G	GG G		C	A	G
<i>M. KMS</i>	C	T	C	C GG	A C G	GG G		C	A	G
<i>M. MCS</i>	C	T	C	C GG	A C G	GG G		C	A	G
	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	ACCATCTTCGTGTT	CATCCTGATCTCCA	ACTGGCTGGCAGTCT	CCCGGTGTCAGTAC	ACCGGATAAACACG	GGGCACACCCACCG	AGTTGCTCAAATCG	G		
<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)	G			CT G	G G	C	A	CGC G	T	G
<i>M. leprae</i> (TN)	G			CT G	G G	C	A	CGC G	T	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)		C	T	G	T	G		CG		G
<i>M. marinum</i> (M)		C	T	G	T	G		CG		G
<i>M. avium</i> (104)				T G	G T	C		G C	GTC	
<i>M. paratuberculosis</i> (K-10)				T G	G T	C		G C	GTC	
<i>M. intracellulare</i> (13950)		T		T	G	G	C	CGCCTC		
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G			C	G	G	C	GG	GAGCCG	CGC G
<i>M. kansasii</i> (12478)				CT C				G	GA	C G
<i>M. abscessus</i> (19977)	G	C	G G	G	A	TT G	GT G	C	G	CACG
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	G G	C		G	G	C	G	GGG	GCTCCG	TGCGG
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)				T	G	G	C	A	TC	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G G	C		G	G	G	C	GGG	G	TCCG
<i>M. JLS</i>	GC G	C		G		T	G	G	G	C
<i>M. KMS</i>	GC G	C		G		T	G	G	G	C
<i>M. MCS</i>	GC G	C		G		T	G	G	G	C

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

The figure displays two panels of genomic alignment data. The top panel covers positions 410 to 500, and the bottom panel covers positions 510 to 600. Each panel shows the reference sequence for *M. tuberculosis* H37Rv at the top, followed by other *M. tuberculosis* strains (H37Ra, KZN 1435, CDC 1551), *M. bovis* strains (AF2122/97, BCG 1173P2, BCG 172), *M. leprae* (Br4923, TN), *M. ulcerans* (Agy99), *M. marinum* (M), *M. avium* (104), *M. paratuberculosis* (K-10), *M. intracellulare* (13950), *M. smegmatis* (MC2 155), *M. kansasii* (12478), *M. abscessus* (19977), *M. gilvum* (PYR-GCK), *M. parascrofulaceum* (BAA-614), *M. vanbaalenii* (PYR-1), *M. JLS*, *M. KMS*, and *M. MCS*. The alignment shows the presence of specific SNPs for each strain, indicated by letters (A, C, G, T) above the reference sequence. The reference sequence for the top panel is: CAGCGGACATCAATTACGTGCTGGCGCTGGCGCTTTTCGTGTTCTGCTGCTACCACACGGCCGGTATTTGGCGGCGCGGTATTGTGCGGACACCCGATCAA. The reference sequence for the bottom panel is: GTTGCTGAAAGGGCACGTGACGCTCCTCGCGCCGATCAACCTTGTCGAAGAAGTCGCCAAGCCAATCTCGTTGTCGCTCCGACTTTTCGGCAACATTTTC.

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

	710	720	730	740	750	760	770
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. bovis</i> BCG (172)	T	C	C	A	G	C	T
<i>M. leprae</i> (Br4923)	T	A	C	T	A	A	T
<i>M. leprae</i> (TN)	T	A	C	T	A	A	T
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. marinum</i> (M)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. avium</i> (104)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. paratuberculosis</i> (K-10)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. intracellulare</i> (13950)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. kansasii</i> (12478)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. JLS</i>	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. KMS</i>	T	C	C	C	C	C	C
<i>M. MCS</i>	T	C	C	C	C	C	C

11.a/ DNA sequence alignment of *cmA1* gene coding cyclopropane mycolic acid synthase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3392c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

[illegible]

11.b/ DNA sequence alignment of *cmA1* gene coding cyclopropane mycolic acid synthase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3392c in genome of *M. tuberculosis* H37Rv).

	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	C	G	G	T	G	A	A	G	C	G
<i>M. leprae</i> (Br4923)	A	C	T	T	T	A	A	G	A	G
<i>M. leprae</i> (TN)	A	C	T	T	T	A	A	G	A	G
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	G	A	G	G	T	A	A	G	A	G
<i>M. marinum</i> (M)	G	A	G	G	T	A	A	G	A	G
<i>M. avium</i> (104)	A	C	T	T	T	A	A	G	A	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	A	C	T	T	T	A	A	G	A	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	A	C	T	T	T	A	A	G	A	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	G	A	G	G	T	A	A	G	A	G
<i>M. kansasii</i> (12478)	G	A	G	G	T	A	A	G	A	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	T	G	G	T	A	A	G	A	G
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	T	T	G	G	T	A	A	G	A
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	G	C	T	T	G	G	T	A	A	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	G	C	T	T	G	G	T	A	A	G
<i>M. JLS</i>	A	C	C	G	G	G	G	G	G	G
<i>M. KMS</i>	A	C	C	G	G	G	G	G	G	G
<i>M. MCS</i>	A	C	C	G	G	G	G	G	G	G
	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (H37Ra)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (KZN 1435)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. tuberculosis</i> (CDC 1551)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. bovis</i> (AF2122/97)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. bovis</i> BCG (1173P2)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. bovis</i> BCG (172)	G	A	A	G	T	G	A	A	C	G
<i>M. leprae</i> (Br4923)	A	T	C	T	C	T	A	A	G	A
<i>M. leprae</i> (TN)	A	T	C	T	C	T	A	A	G	A
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	C	G	C	A	C	G	T	A	A	G
<i>M. marinum</i> (M)	T	T	C	T	C	T	A	A	G	A
<i>M. avium</i> (104)	C	T	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C	T	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	T	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	T	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. kansasii</i> (12478)	C	T	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. abscessus</i> (19977)	T	C	G	T	G	T	A	A	G	A
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	C	T	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	T	C	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)	T	C	T	C	T	C	T	A	A	G
<i>M. JLS</i>	C	T	G	G	T	G	T	A	A	G
<i>M. KMS</i>	C	T	G	G	T	G	T	A	A	G
<i>M. MCS</i>	C	T	G	G	T	G	T	A	A	G

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

[illegible]

11.d/ DNA sequence alignment of *cmaA1* gene coding cyclopropane mycolic acid synthase in *Mycobacterium* genome (locus tag Rv3392c 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

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

	610	620	630	640	650	660	
<i>M. tuberculosis</i> (H37Rv)	AAGTCGTCGGACAGGTCGTAGTGC	CGCTGCACGTTGGCGAAGTGC	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	TCTA . A	G	GCA . . A . .	
<i>M. leprae</i> (TN)		A . T	A . G . T . T	TCTA . A	G	GCA . . A . .	
<i>M. ulcerans</i> (Agy99)	A	T	A	T	CAT . . AC	GCT . . A . GT . T . C . .	
<i>M. marinum</i> (M)	A	T	A	T	C . T . . . A	T T . T . C . .	
<i>M. avium</i> (104)	C		T . G	C . T . . . A	T . G . . AG . T . A . .	CATC	
<i>M. paratuberculosis</i> (K10)	C		T . G	C . T . . . A	T . G . . AG . T . A . .	CATC	
<i>M. intracellulare</i> (13950)	C	A	G				
<i>M. smegmatis</i> (MC2 155)	C	A	A . A . T . G . .	C . C . T	T . . T . GT	TTC TG	
<i>M. kansasii</i> (12478)		AA		C . T . . . A	G	GTC . A . C . .	
<i>M. abscessus</i> (19977)	A		G	T	CC . A . . C . TT .	AG T . TTGACAT . . .	
<i>M. gilvum</i> (PYR-GCK)	T	A	A	A	G	CAT G . . . A . CG . A . AGCC	
<i>M. parascrofulaceum</i> (BAA-614)	A	A	A	G . T	TC A	G . G . . . GCA . A . A . .	
<i>M. vanbaalenii</i> (PYR-1)			A	A	G	CTT A . . . G . . A . CG . T . AGCC	
<i>M. JLS</i>	C	G	G	C . T		T	C . . GTC
<i>M. KMS</i>	C	G	G	C . T		T	C . . GTC
<i>M. MCS</i>	C	G	G	C . T		T	C . . GTC