

Additional file 1 Phylogenetic analysis parameter list.

Software	Arguments
checkM	lineage_wf -t -x -f qa -f -o 2 --tab_table gunc run --input_fasta --db_file --threads --out_dir --detailed_output --contig_taxonomy_output
GUNC	--use_species_level --gene_calls gunc plot --diamond_file --gunc_gene_count_file --out_dir gunc merge_checkm --gunc_file --checkm_file
GTDB-tk	gtdbtk classify_wf --genome_dir --out_dir --cpus
OrthoMCL	-f -t -i
PEPPAN	PEPPAN -p PEPPAN --match_identity -t PEPPAN_parser -g -p -t
Roary	roary -e --mafft -p -i -r -p -f
PanX	PanX -sl panx -t 20 -dme 0.00001 -dmi
PanOCT	-t -f -g -P -i -S Y -L 1 -M Y -H Y -V Y -N Y -F 1.33 -G y -c 0,25,50,75,100 -T
OrthoFinder	-b -t
PPanGGOLiN	ppanggolin workflow --anno -o -f
Panaroo	-i -o --clean-mode sensitive -f -t
blastp	-query -db -outfmt 6 -num_threads -evaluate 1e-5 -out
diamond	diamond blastp -d -q -e 1e-5 -p --max-target-seqs 1 --id --query-cover --subject-cover --sensitive -o
KSNP	-k -ML -vcf -CPU -core -min_frac 0.5
Jspeices	ANI.pl --fd --bl --qr --sb --od nucmer -p
MUMmer	delta-filter -q show-coords -r
eggNOG	emapper.py -d bact -i --output_dir --cpu --usemem -o -m diamond --seed_ortholog_evalue 0.00001 --data_dir
RNAmmmer	rnammer -S bac -multi -h -gff -f
tRNAscan-SE	tRNAscan-SE -qQ -Y -o -m -B
Rfam	--cut_ga --cpu --rfam --nohmmonly --tblout --fmt 2 --clanin
prokka	--outdir --prefix -force --cpus