

Table S1. Predicted *ERMAP* alleles with posterior probability of > 0.10

Allele number	Sequence ^a	Posterior probability	Status	GenBank number
Reference	ATTGGCACCAGGCCGCCGCCCTGCTTAAGCCCTGGCGTGGTACTCGTCACGGTCCGCCGGGGCCGGATTAAA	1	Observed	KX265235
SPA01	-----G-----TG--G--G--T-----C-----	0.849	Predicted	na
SPA02	-----G-----A--G-----T-C-A-A-A--GT-T-----	0.841	Predicted	na
SPA03	-----G-----G-----T-----	0.792	Predicted	na
SPA04	-----G-----G-----	0.747	Predicted	na
SPA05	-----G-----A--G-----T-C-ACA-A--GT-T---T-C-----G	0.671	Predicted	na
SPA06	-----G-----A--G-----T-----T-T-----	0.669	Predicted	na
SPA07	-----G-----TG--G--G--T-----	0.626	Predicted	na
SPA08	G-----G--A-----TTG--G-----T-----A-----A-----	0.615	Predicted	na
SPA09	-----G-----A--G-----T--A-A-----T-T-----	0.608	Predicted	na
SPA10	-C-----G-----A--G-----T--A-A-----T-T-----	0.594	Predicted	na
SPA11	-----G-----G-----T-----A-GT-----	0.532	Predicted	na
SPA12	-C-----G-----G-----T-----CT---G-----	0.521	Predicted	na
SPA13	-C-----G-----A--G---T--T--A-A-----T-TC-----	0.492	Predicted	na
SPA14	-CC---G---G---AT--G---T--T--A-A-----T-TC-----	0.451	Predicted	na
SPA15	-C-----G-----A--G---T--T--A-A---C-T-TC---G-----	0.416	Predicted	na
SPA16	-C-----G-----A--G---T--A-A-----T-----	0.399	Predicted	na
SPA17	-----G-----G-----T-----T-----	0.294	Predicted	na
SPA18	-----G-----G-----T-----T-----	0.235	Predicted	na
SPA19	-----G--A-----TTG--G---T-----A-----A-----	0.226	Predicted	na
SPA20	-----G-----TG--G---T-----	0.148	Predicted	na
SPA21	-----G-----A--G-----T-C-A-A---GT-T---T-C-----G	0.140	Predicted	na
SPA22	G-----G--A-----TTG--G--G--T-----T-C-----A-----G	0.117	Predicted	na
SPA23	-----G--A-----TTG--G--G--T-----	0.110	Predicted	na
SPA24	-----G-----G-----T-----T-T-----	0.110	Predicted	na
SPA25	-----G-----A--G-----T-C-A-A---GT-T-----	0.107	Predicted	na

na — not applicable

a The nucleotides at the 72 SNP positions with variations are shown in 5' to 3' orientation (Table S2 in Srivastava et al. [21]).

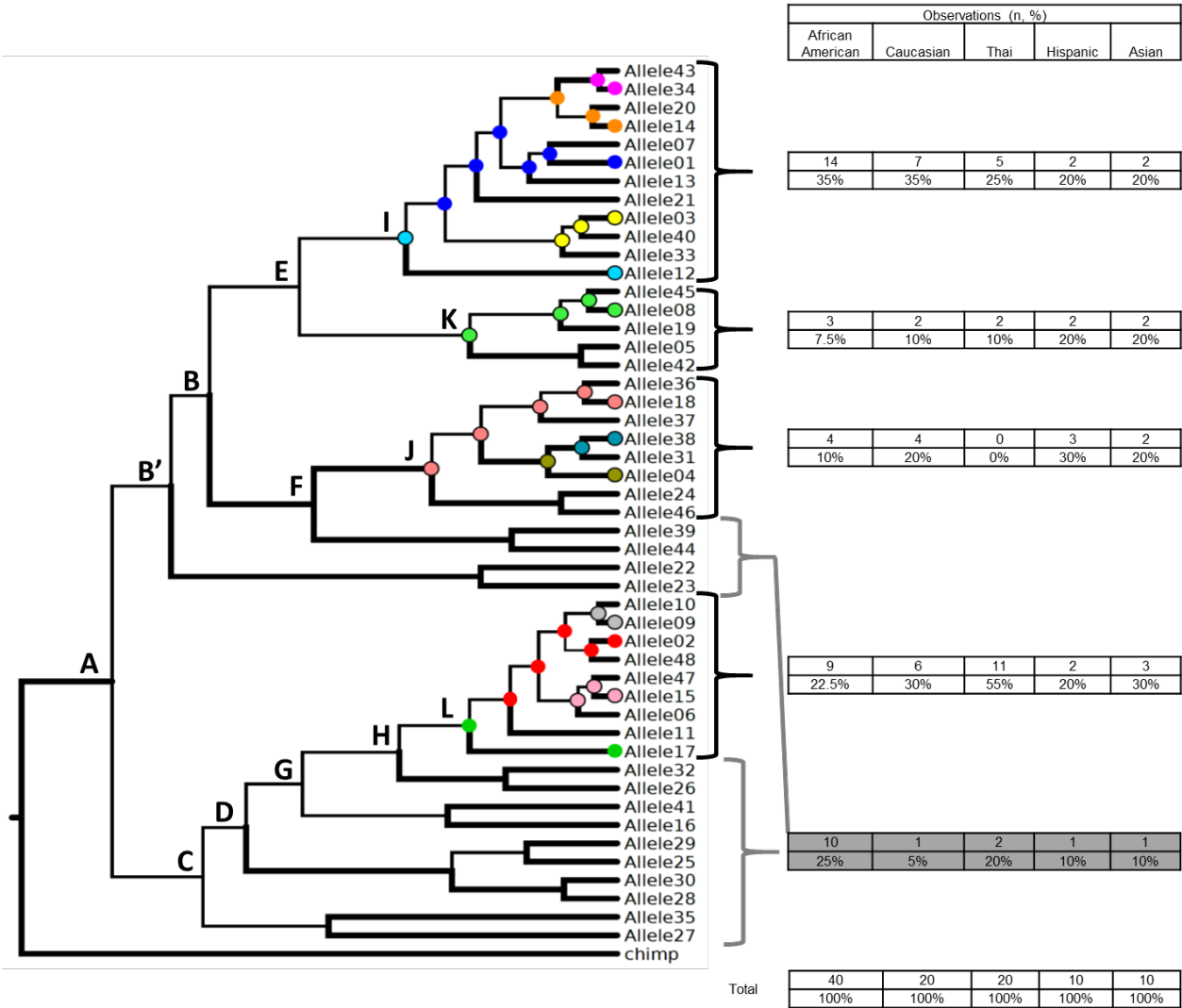


Figure S1