

Supplementary Figure 5; PCR sequence analysis of *phzS* and *hmgA* in three independent red pigmented isolates and three independent brown pigmented isolates.

phzS

Red isolate 1

PA14	ATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGGCCTCAGCTGCGCC	60
F1	-----GCC	3
F2	-----GCC	3

PA14	CTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAGCAGCAGCGAGATA	120
F1	CTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAGCAGCAGCGAGATA	63
F2	CTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAGCAGCAGCGAGATA	63

PA14	CGCC-CCCTTGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGGTTCGAGGCCCTCGCCGAACT	179
F1	CGCC C CCCTTGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGGTTCGAGGCCCTCGCCGAACT	123
F2	CGCC C CCCTTGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGGTTCGAGGCCCTCGCCGAACT	123
	**** *****	
PA14	GGGCCTCGGCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGCTGCGCTACATCGA	239
F1	GGGCCTCGGCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGCTGCGCTACATCGA	183
F2	GGGCCTCGGCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGCTGCGCTACATCGA	183

PA14	CCAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCGGCAACGCCTATCC	299
F1	CCAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCGGCAACGCCTATCC	243
F2	CCAGAGCGGCGCCACGGTATGCTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCGGCAACGCCTATCC	243
	***** *****	
PA14	GCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAACTGCAGATGATCCTGCTCGCCGCGGTGCGCGAGCG	359
F1	GCAGTACTCGATCCATCGCGGCGATCTGCAGATGATCCTGCTCGCCGCGGTGCGCGAGCG	303
F2	GCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAACTGCAGATGATCCTGCTCGCCGCGGTGCGCGAGCG	303
	***** *****	
PA14	TCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCGAAGAGCGCGACGG	419
F1	TCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCGAAAAGCGCGACGG	363
F2	TCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCGAAGAGCGCGACGG	363
	***** *****	
PA14	CCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGCTCGGTGCCGATGT	479
F1	CCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGCTCGGTGCCGATGT	423
F2	CCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGCTCGGTGCCGATGT	423

PA14	GCTGGTTCGGCGCCGACGGCATCCATTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGCATCCCGACCAGGG	539
F1	GCTGGTTCGGCGCCGACGGCATCCATTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGCATCCCGACCAGGG	483
F2	GCTGGTTCGGCGCCGACGGCATCCATTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGCATCCCGACCAGGG	483

PA14	GCCGCTGTCCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGGGCGTCACCGAGTTCGACCGCTTCCT	599
F1	GCCG-----	487
F2	GCCG-----	487

Red isolate 2

```
PA14 ----- 0
F1 CTCGGAGCCGGGCCGTAGGGCGAATAACGCCACCGGCGTTATCCGCCGCTGCGCCGACGT 60
F2 CTCGGAGCCGGGCCGTAGGGCGAATAACGCCACCGGCGTTATCCGCCGCTGCGCCGACGT 60

PA14 ----- 0
F1 TTCATCGCGGTAGACGGTCATCCGCCCCAGCCGAACACCCATCGATTCTGAACACTCGAGA 120
F2 TTCATCGCGGTAGACGGTCATCCGCCCCAGCCGAACACCCATCGATTCTGAACACTCGAGA 120

PA14 -----ATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGG 47
F1 AAAGGAAGCACCCATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGG 180
F2 AAAGGAAGCACCCATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGG 180
*****

PA14 CCTCAGCTGCGCCCTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAG 107
F1 CCTCAGCTGCGCCCTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAG 240
F2 CCTCAGCTGCGCCCTGGCCCTGCACCAGGCCCGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAG 240
*****

PA14 CAGCAGCGAGATACGCCC-CCTTGGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGCGGTTCGAGG 166
F1 CAGCAGCGAGATACGCCCCCCTTGGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGCGGTTCGAGG 300
F2 CAGCAGCGAGATACGCCCCCCTTGGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGCGGTTCGAGG 300
*****

PA14 CCCTCGCCGAAGTGGGCCTCGGCCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGC 226
F1 CCCTCGCCGAAGTGGGCCTCGGCCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGC 360
F2 CCCTCGCCGAAGTGGGCCTCGGCCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGC 360
*****

PA14 TGCCTACATCGACAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCG 286
F1 TGCCTACATCGACAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCG 420
F2 TGCCTACATCGACAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCG 420
*****

PA14 GCAACGCCTATCCGCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAAGTGCAGATGATCCTGCTCGCCG 346
F1 GCAACGCCTATCCGCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAAGTGCAGATGATCCTGCTCGCCG 480
F2 GCAACGCCTATCCGCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAAGTGCAGATGATCCTGCTCGCCG 480
*****

PA14 CGGTGCGCGAGCGTCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCG 406
F1 CGGTGCGCGAGCGTCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCG 540
F2 CGGTGCGCGAGCGTCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCG 540
*****

PA14 AAGAGCGCGACGGCCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGC 466
F1 AAGAGCGCGACGGCCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGC 600
F2 AAGAGCGCGACGGCCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGC 600
*****

PA14 TCGGTGCCGATGTGCTGGTGGCGCCGACGGCATCCATTGGGCGGTCCGCGCGCACCTGC 526
F1 TCGGTGCCGATGTGCTGGTGGCGCCGACGGCATCCATTGGGCGGTCCGCGCGCACCTGC 660
```

F2	TCGGTGCCGATGTGCTGGTCGGCGCCGACGGCATCCATTTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGC	660

PA14	ATCCCGACCAGGGGCCGCTGTCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGCGGCGTCACCGAGT	586
F1	ATCCCGACCAGGGGCCGCTGTCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGCGGCGTCACCGAGT	720
F2	ATCCCGACCAGGGGCCGCTGTCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGCGGCGTCACCGAGT	720

PA14	TCGACCGCTTCCTCGACGGCAAGACCATGATCGTCGCCAACGACGAGCACTGGTCGCGCC	646
F1	TCGACCGCTTCCTCGACGGCAAGACCATGATCGTCGCCAACGACGAGCACTGGTCGCGCC	780
F2	TCGACCGCTTCCTCGACGGCAAGACCTTGATCGTCGCCAACGACGAGCACTGGTCGCGCC	780

PA14	TGGTCGCCTATCCGATCTCGGCGCGCCACGCGGCCGAAGGCAAGTCGCTGGTGAAC TGGG	706
F1	TGGTCGCCTATCCGATCTCGGCGCGCCACGCGGCCGAAGGCAAGTCGCTGGTGAAC TGGG	840
F2	TGGTCGCCTATCCGATCTCGGCGCGCCACGCGGCCGAAGGCAAGTCGCTGGTGAAC TGGG	840

PA14	TGTGCATGGTGCCGAGCGCCGCCGTCGGCCAGCTCGACAACGAGGCCGACTGGAACCGCA	766
F1	TGTGCATGGTGCCAAGCGCCGCCGTCGGCCAGCTCGACAACGAGGCCGACTGGAACCGCA	900
F2	TGTGCATGGTGCCAAGCGCCGCCGTCGGCCAGCTCGACAACGAGGCCGACTGGAACCGCA	900

PA14	ACGGACGCCTGGAAGACGTGTTGCCGTTCTTCGCCGACTGGGACCTGGGCTGGTTCGACA	826
F1	ACGGACGCCTGGAAGACGTGTTGCCGTTCTTCGCCGACTGGGACCTGGGCTGGTTCGACA	960
F2	ACGGACGCCTGGAAGACGTGTTGCCGTTCTTCGCCGACTGGGACCTGGGCTGGTTCGACA	960

PA14	TCCGCGACCTGCTGACCCGCAACCAGTTGATCCTGCAGTACCCGATGGTCGACCGCGATC	886
F1	TCCGCGACCTGCTGACCCGCAACCAGTTGATCCTGCAGTACCCGATGGTCGACCGCG---	1017
F2	TCCGCGACCTGCTGACCCGCAACCAGTTGATCCTGCAGTACCCGATGGTCGACCGCG---	1017

Red isolate 3

PA14	-----ATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGGC	48
F1	AAGGAAGCACCCATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGGC	60
F2	AAGGAAGCACCCATGAGCGAACCCATCGATATCCTCATTGCCGGCGCCGGCATCGGCGGC	60

PA14	CTCAGCTGCGCCCTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAGC	108
F1	CTCAGCTGCGCCCTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAGC	120
F2	CTCAGCTGCGCCCTGGCCCTGCACCAGGCCGGCATCGGCAAGGTCACGCTGCTGGAAAGC	120

PA14	AGCAGCGAGATACGCCC-CCTTGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGGCGGTTCGAGGC	167
F1	AGCAGCGAGATACGCCC C CCTTGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGGCGGTTCGAGGC	180
F2	AGCAGCGAGATACGCCC C CCTTGCGTCGGCATCAATATCCAGCCGGCGGGCGGTTCGAGGC	180

PA14	CCTCGCCGAAC TGGCCTCGGCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGCT	227
F1	CCTCGCCGAAC TGGCCTCGGCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGCT	240
F2	CCTCGCCGAAC TGGCCTCGGCCCGGCGCTGGCAGCCACCGCCATCCCCACCCATGAGCT	240

PA14	GCGCTACATCGACCAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCGG	287
F1	GCGCTACATCGACCAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCGG	300

F2	GCGCTACATCGACCAGAGCGGCGCCACGGTATGGTCCGAGCCGCGCGGGGTGGAAGCCGG	300

PA14	CAACGCCTATCCGCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAACTGCAGATGATCCTGCTCGCCGC	347
F1	CAACGCCTATCCGCAGTACTCGATCCATCGCGGCGAACTGCAGATGATCCTGCTCGCCGC	360
F2	CAACGCCTATCCGCAGTACTCGTTCCATCGCGGCGAACTGCAGATGATCCTGCTCGCCGC	360

PA14	GGTGCGCGAGCGTCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCGA	407
F1	GGTGCGCGAGCGTCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCGA	420
F2	GGTGCGCGAGCGTCTCGGCCAACAGGCGGTACGCACCGGTCTCGGCGTGGAGCGCATCGA	420

PA14	AGAGCGCGACGGCCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGCT	467
F1	AGAGCGCGACGGCCGCGTACTGACCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGCT	480
F2	AGAGCGCGACGGCCGCGTACTGATCGGCGCCCGCGACGGACACGGCAAGCCCCTGGCGCT	480

PA14	CGGTGCCGATGTGCTGGTTCGGCGCCGACGGCATCCATTTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGCA	527
F1	CGGTGCCGATGTGCTGGTTCGGCGCCGACGGCATCCATTTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGCA	540
F2	CGGTGCCGATGTGCTGGTTCGGCGCCGACGGCATCCATTTCGGCGGTCCGCGCGCACCTGCA	540

PA14	TCCCGACCAGGGGCCGCTGTCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGCGGCGTCACCGAGTT	587
F1	TCCCGACCAGGGGCCGCTGTCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGCGGCGTCACCGAGTT	600
F2	TCCCGACCAGGGGCCGCTGTCCACGGTGGGATCACCATGTGGCGCGGCGTCACCGAGTT	600

PA14	CGACCGCTTCCTCGACGGCAAGACCATGATCGTCGCCAACGACGAGCACTGGTCGCGCCT	647
F1	CGACCGCTTCCTCGACGGCAAGACCATGATCGTCGCCAACGACGAGCACTGGTCGCGCCT	660
F2	CGACCGCTTCCTCGACGGCAAGACCATGATCGTCGCCAACGACGAGCACTGGTCGCGCCT	660

PA14	GGTCGCCTATCCGATCTCGGCGCGCCACGCGGCCGAAGGCAAGTCGCTGGTGAAGTGGGT	707
F1	GGTCGCCTATCCGATCTCGGCGCGCCACGCGGCCGAAGGCAAGTCGCTGGTGAAGTGGGT	720
F2	GGTCGCCTATCCGATCTCGGCGCGCCACGCGGCCGAAGGCAAGTCGCTGGTGAAGTGGGT	720

PA14	GTGCATGGTGCCGAGCGCCGCCGTTCGGCCAGCTCGACAACGAGGCCGACTGGAACCGCAA	767
F1	GTGCATGGTGCCGAGCGCCGCCGTTCGGCCAGCTCGACAACGAGGCCGACTGGAACCGCAA	780
F2	GTGCATGGTGCCAAGCGCCGCCGTTCGGCCAGCTCGACAACGAGGCCGACTGGAACCGCAA	780

PA14	CGGACGCCTGGAAGACGTGTTGCCGTTCTTCGCCGACTGGGACCTGGGCTGGTTCGACAT	827
F1	CGGACGCCTGGAAGACGTGTTGCCGTTCTTCGCCGACTGGGACCTGGGCTGGTTCGACAT	840
F2	CGGACGCCTGGAAGACGTGTTGCCGTTCTTCGCCGACTGGGACCTGGGCTGGTTCGACAT	840

PA14	CCGCGACCTGCTGACCCGCAACCAGTTGATCCTGCAGTACCCGATGGTCGACCGCATCC	887
F1	CCGCGACCTGCTGACCCGCAACCAGTTGATCCTGCAGTACCCGATGGTCGACCGCAAT--	898
F2	CCGCGACCTGCTGACCCGCAACCAGTTGATCCTGCAGTACCCGATGGTCGACCGCAAT--	898
***** **		

hmgA

Brown isolate 1

F	GCTGCCCCACTCCCCGGAGGCCTCAGATGAACCTCGACTCCACTGCCCTCGCCTATCAAT	60
PA14	-----ATGAACCTCGACTCCACTGCCCTCGCCTATCAAT	34
R	-----	0
F	CGGGCTTCGGCAACGAATTCAGCAGCGAAGCGCTCCCCGGCGCCCTGCCGGTCGGCCAGA	120
PA14	CGGGCTTCGGCAACGAATTCAGCAGCGAAGCGCTCCCCGGCGCCCTGCCGGTCGGCCAGA	94
R	-----	0
F	ACTCCCCGCAGAAAGCGCCCTACGGCCTGTACGCCGAAGTGTCTCCGGCACC GCCTTCA	180
PA14	ACTCCCCGCAGAAAGCGCCCTACGGCCTGTACGCCGAAGTGTCTCCGGCACC GCCTTCA	154
R	-----	0
F	CCATGGCTCGCAGCGAGGCCCCGGCGCACCTGGCTATACCGCATCACGCCGTCGGCCAAGC	240
PA14	CCATGGCTCGCAGCGAGGCCCCGGCGCACCTGGCTATACCGCATCACGCCGTCGGCCAAGC	214
R	-----	0
F	ATCCGCCGTTCCGCCGCCTGGAACGACAGATCGCCGGTGCCGAAGTGGATGCGCCGACCC	300
PA14	ATCCGCCGTTCCGCCGCCTGGAACGACAGATCGCCGGTGCCGAAGTGGATGCGCCGACCC	274
R	-----	0
F	CCAACCGCCTGCGCTGGGACCCGCTGGCACTGCCCCGAGCAGCCCACCGACTTCCTCGACG	360
PA14	CCAACCGCCTGCGCTGGGACCCGCTGGCACTGCCCCGAGCAGCCCACCGACTTCCTCGACG	334
R	-----	0
F	GCCTGCTGCGCATGGCCGCCAACGCGCCCGGCGACAAGCCCGCCGGCGTGAGCATCTACC	420
PA14	GCCTGCTGCGCATGGCCGCCAACGCGCCCGGCGACAAGCCCGCCGGCGTGAGCATCTACC	394
R	-----	0
F	AGTACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGTTGCTTCTACGACGCCGACGGCGAACTGCTGC	480
PA14	AGTACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGTTGCTTCTACGACGCCGACGGCGAACTGCTGC	454
R	-----ACGGCGAACTGCTGC	15

F	TGGTCCCGCAGTTGGGCGGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCTGAAC	540
PA14	TGGTCCCGCAGTTGGGCGGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCTGAAC	514
R	TGGTCCCGCAGTTGGGCGGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCTGAAC	75

F	CGCTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCG	600
PA14	CGCTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCG	574
R	CGCTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCG	135

F	AGGCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCGACCTCGGCC	660
PA14	AGGCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCGACCTCGGCC	634
R	AGGCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCGACCTCGGCC	195

F	CGATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCCCCCGGTGGCGCGCTAC	720
PA14	CGATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCC-CCGGTGGCGCGCTAC	693

R	CGATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCC-CCGGTGGCGCGCTAC	254

F	GAAGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGAGCTGTGGGCCTGC	780
PA14	GAAGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGAGCTGTGGGCCTGC	753
R	GAAGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGAGCTGTGGGCCTGC	314

F	GAGCTTGACCACTCGCCGCTTGGACG-----	806
PA14	GAGCTTGACCACTCGCCGCTGGACGTGGTCGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAG	813
R	GAGCTTGACCACTCGCCGCTGGACGTGGTCGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAG	374
	***** *	
F	-----	806
PA14	TACGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCGGACCCGTCG	873
R	TACGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCGGACCCGTCG	434
F	-----	806
PA14	ATCTTCACCGTGCTGACCTCCC-CCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGT	932
R	ATCTTCACCGTGCTGACCTCCCCCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGT	494
F	-----	806
PA14	GATCTTCCCGCCGCGCTGGATGGTGGCCGAGAACACCTTCCGTCCGCCATGG T TCCACCG	992
R	GATCTTCCCGCCGCGCTGGATGGTGGCCGAGAACACCTTCCGTCCGCCATGG C TCCACCG	554
F	-----	806
PA14	CAACCTGATGAACGAGTTTCATGGGCCTGATCCAGGGCGCCTATGACGCCAAGGCCGGCGG	1052
R	CAACCTGATGAACGAGTTTCATGGGCCTGATCCAGGGCGCCTATGACGCCAAGGCCGGCGG	614
F	-----	806
PA14	CTTCGTGCCTGGCGGCGCCTCGCTGCACAGTTGCATGAGCGCCACGGCCCGGACGCGGA	1112
R	CTTCGTGCCTGGCGGCGCCTCGCTGCACAGTTGCATGAGCGCCACGGCCCGGACGCGGA	674
F	-----	806
PA14	AAGCTGCGACAAGGCCATCGCCGCCGACCTCAAGCCGCACAGGATCGACCAGACCATGGC	1172
R	AAGCTGCGACAAGGCCATCGCCGCCGACCTCAAGCCGCACAGGATCGACCAGACCATGGC	734
F	-----	806
PA14	CTTCATGTTTCGAGACCAGCCAGGTCTCCGGCCGAGCCGTGCCGCCCTCGAGACGCCGGC	1232
R	CTTCATGTTTCGAGACCAGCCAGGTCTCCGGCCGAGCCGTGCCGCCCTCGAGACGCCGGC	794
F	-----	806
PA14	CCTGCAGAATGACTACGATGCCTGCTGGGCGTCGCTCGTATCCACCTTCAACCCGCAACG	1292
R	CCTGCAGAATGACTACGATGCCTGCTGGGCGTCGCTCGTATCCACCTTCAACCCGCAACG	854
F	-----	806
PA14	GAGATAA-----	1299
R	GAGATAACCCCATGAACCAGCCAACCCCACT	886

Brown isolate 2

R	-----	0
PA14	-----ATGAACCTCGACTCCACTGCCCTCGCCTATCAATC	35
F	CTGCCCCACTCCCCGGAGGCCTCAGATGAACCTCGACTCCACTGCCCTCGCCTATCAATC	60
R	-----	0
PA14	GGGCTTCGGCAACGAATTCAGCAGCGAAGCGCTCCCCGGCGCCCTGCCGGTCGGCCAGAA	95
F	GGGCTTCGGCAACGAATTCAGCAGCGAAGCGCTCCCCGGCGCCCTGCCGGTCGGCCAGAA	120
R	-----	0
PA14	CTCCCCGCAGAAAGCGCCCTACGGCCTGTACGCCGAAGTCTCTCCGGCACCGCCTTCAC	155
F	CTCCCCGCAGAAAGCGCCCTACGGCCTGTACGCCGAAGTCTCTCCGGCACCGCCTTCAC	180
R	-----	0
PA14	CATGGCTCGCAGCGAGGCCCGGCGCACCTGGCTATACCGCATCACGCCGTTCGGCCAAGCA	215
F	CATGGCTCGCAGCGAGGCCCGGCGCACCTGGCTATACCGCATCACGCCGTTCGGCCAAGCA	240
R	-----	0
PA14	TCCGCCGTTCCGCCGCCTGGAACGACAGATCGCCGGTGCCGAAGTGGATGCGCCGACCCC	275
F	TCCGCCGTTCCGCCGCCTGGAACGACAGATCGCCGGTGCCGAAGTGGATGCGCCGACCCC	300
R	-----	0
PA14	CAACCGCTGCGCTGGGACCCGCTGGCACTGCCCCGAGCAGCCACCGACTTCCTCGACGG	335
F	CAACCGCTGCGCTGGGACCCGCTGGCACTGCCCCGAGCAGCCACCGACTTCCTCGACGG	360
R	-----	0
PA14	CCTGCTGCGCATGGCCGCCAACGCGCCCGGCGACAAGCCCGCCGGCGTGAGCATCTACCA	395
F	CCTGCTGCGCATGGCCGCCAACGCGCCCGGCGACAAGCCCGCCGGCGTGAGCATCTACCA	420
R	-----CGAAGTCTGCTGCT	12
PA14	GTACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGTTGCTTCTACGACGCCGACGGCGAAGTCTGCTGCT	455
F	GTACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGTTGCTTCTACGACGCCGACGGCGAAGTCTGCTGCT	480

R	GGTCCCGCAGTTGGGCCGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCGAACC	72
PA14	GGTCCCGCAGTTGGGCCGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCGAACC	515
F	GGTCCCGCAGTTGGGCCGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCGAACC	540

R	GCTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCGA	132
PA14	GCTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCGA	575
F	GCTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCGA	600

R	GGCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCACCTCGGCCC	192
PA14	GGCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCACCTCGGCCC	635
F	GGCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCACCTCGGCCC	660

R	GATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCCCCGGTGGCGCGCTACGA	252
PA14	GATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCCCCGGTGGCGCGCTACGA	695
F	GATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCCCCGGTGGCGCGCTACGA	720

R	AGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGAGCTGTGGGCCTGCGA	312
PA14	AGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGAGCTGTGGGCCTGCGA	755
F	AGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGAGCTGTGGGCCTGCGA	780

R	GCTTGACCACTCGCCGCTGGACGTGGTGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAGTA	372
PA14	GCTTGACCACTCGCCGCTGGACGTGGTGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAGTA	815
F	GCTTGACCACTCGCCGCTGGACGTGGTGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAGTA	840

R	CGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCCGGACCCGTCGAT	432
PA14	CGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCCGGACCCGTCGAT	875
F	CGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCCGGACCCGTCGAT	900

R	CTTCACCGTGCTGACCTCCCCCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGTGAT	492
PA14	CTTCACCGTGCTGACCTCCCCCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGTGAT	935
F	CTTCACCGTGCTGACCTCCCCCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGTGAT	960

R	CTTCCCGCCGCGCTGGATGGTGGCCGAGAACACCTTCCGTCCGCCATGG C TCCACCGCAA	552
PA14	CTTCCCGCCGCGCTGGATGGTGGCCGAGAACACCTTCCGTCCGCCATGG T TCCACCGCAA	995
F	CTC-----	963
	**	
R	CCTGATGAACGAGTTCATGGGCCTGATCCAGGGCGCCTATGACGCCAAGGCCGGCGGCTT	612
PA14	CCTGATGAACGAGTTCATGGGCCTGATCCAGGGCGCCTATGACGCCAAGGCCGGCGGCTT	1055
F	-----	963
R	CGTGCCTGGCGGCGCCTCGCTGCACAGTTGCATGAGCGCCACGGCCCGGACGCGGAAAG	672
PA14	CGTGCCTGGCGGCGCCTCGCTGCACAGTTGCATGAGCGCCACGGCCCGGACGCGGAAAG	1115
F	-----	963
R	CTGCGACAAGGCCATCGCCGCCGACCTCAAGCCGCACAGGATCGACCAGACCATGGCCTT	732
PA14	CTGCGACAAGGCCATCGCCGCCGACCTCAAGCCGCACAGGATCGACCAGACCATGGCCTT	1175
F	-----	963
R	CATGTTTCGAGACCAGCCAGGTCCTCCGGCCGAGCCGTGCCGCCCTCGAGACGCCGGCCCT	792
PA14	CATGTTTCGAGACCAGCCAGGTCCTCCGGCCGAGCCGTGCCGCCCTCGAGACGCCGGCCCT	1235
F	-----	963
R	GCAGAATGACTACGATGCCTGCTGGGCGTCGCTCGTATCCACCTTCAACCCGCAACGGAG	852
PA14	GCAGAATGACTACGATGCCTGCTGGGCGTCGCTCGTATCCACCTTCAACCCGCAACGGAG	1295
F	-----	963

R	ATAACCCCATGAACCAGCCAACCCCACTGAG	884
PA14	ATAA-----	1299
F	-----	963

Brown isolate 3

F	TGCCCCACTCCCCGGAGGCCTCAGATGAACCTCGACTCCACTGCCCTCGCCTATCAATCG	60
PA14	-----ATGAACCTCGACTCCACTGCCCTCGCCTATCAATCG	36
R	-----	0
F	GGCTTCGGCAACGAATTTCAGCAGCGAAGCGCTCCCCGGCGCCCTGCCGGTCGGCCAGAAC	120
PA14	GGCTTCGGCAACGAATTTCAGCAGCGAAGCGCTCCCCGGCGCCCTGCCGGTCGGCCAGAAC	96
R	-----	0
F	TCCCCGCAGAAAGCGCCCTACGGCCTGTACGCCGAAGTCTCTCCGGCACCGCCTTCACC	180
PA14	TCCCCGCAGAAAGCGCCCTACGGCCTGTACGCCGAAGTCTCTCCGGCACCGCCTTCACC	156
R	-----	0
F	ATGGCTCGCAGCGAGGCCCGGCGCACCTGGCTATACCGCATCACGCCGTTCGGCCAAGCAT	240
PA14	ATGGCTCGCAGCGAGGCCCGGCGCACCTGGCTATACCGCATCACGCCGTTCGGCCAAGCAT	216
R	-----	0
F	CCGCCGTTCCGCCGCCTGGAACGACAGATCGCCGGTGCCGAAGTGGATGCGCCGACCCCC	300
PA14	CCGCCGTTCCGCCGCCTGGAACGACAGATCGCCGGTGCCGAAGTGGATGCGCCGACCCCC	276
R	-----	0
F	AACCGCCTGCGCTGGGACCCGCTGGCACTGCCCCGAGCAGCCCACCGACTTCCTCGACGGC	360
PA14	AACCGCCTGCGCTGGGACCCGCTGGCACTGCCCCGAGCAGCCCACCGACTTCCTCGACGGC	336
R	-----	0
F	CTGCTGCGCATGGCCGCCAACGCGCCCGGCGACAAGCCCGCCGGCGTGAGCATCTACCAG	420
PA14	CTGCTGCGCATGGCCGCCAACGCGCCCGGCGACAAGCCCGCCGGCGTGAGCATCTACCAG	396
R	-----GCATTTCACCAG	11

F	TACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGTTGCTTCTACGACGCCGACGGCGAACTGCTGCTG	480
PA14	TACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGTTGCTTCTACGACGCCGACGGCGAACTGCTGCTG	456
R	TACCTGGCCAACCGCTCGATGGAGCGT-TGTTCTACGACGCCGACGGCGAACTGCTGCTG	70

F	GTCCCGCAGTTGGGCCGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCGAACCG	540
PA14	GTCCCGCAGTTGGGCCGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCGAACCG	516
R	GTCCCGCAGTTGGGCCGCCTGCGCCTGTGCACCGAACTCGGCGCGCTGCAGGTCGAACCG	130

F	CTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCGAG	600
PA14	CTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCGAG	576
R	CTGGAGATCGCGGTGATCCCGCGCGGGATGAAGTTCCGCGTCGAGCTGCTCGACGGCGAG	190

F	GCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCACCTCGGCCCG	660

PA14	GCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCGACCTCGGCCCCG	636
R	GCACGCGGCTATATCGCCGAGAACCACGGCGCGCCGCTGCGCCTGCCCCGACCTCGGCCCCG	250

F	ATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCCCCCGGTGGCGCGCTACGA	720
PA14	ATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCC-CCGGTGGCGCGCTACGA	695
R	ATCGGCAGCAATGGCCTGGCCAATCCGCGCGACTTCCTGGCC-CCGGTGGCGCGCTACGA	309

F	AGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGGAGCTGTGGGCCTGCG	780
PA14	AGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGA-GCTGTGGGCCTGCG	754
R	AGACAGCCGCCAGCCGCTGCAACTGGTGCAGAAATACCTCGGCGA-GCTGTGGGCCTGCG	368

F	AGCTTGACCACTCGCCGCTTGGACGTGGTCGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAG	840
PA14	AGCTTGACCACTCGCC-GCTGGACGTGGTCGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAG	813
R	AGCTTGACCACTCGCC-GCTGGACGTGGTCGCCTGGCACGGCAACAACGTGCCCTACAAG	427

F	TACGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCCGGACCCGTCG	900
PA14	TACGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCCGGACCCGTCG	873
R	TACGACCTGCGCCGCTTCAACACCATCGGCACGGTCAGCTTCGACCACCCGGACCCGTCG	487

F	ATCTTCACCGTGCTGACC-----	918
PA14	ATCTTCACCGTGCTGACCTCCCCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGTG	933
R	ATCTTCACCGTGCTGACCTCCCCACCAGCGTCCATGGCCTGGCCAACATCGACTTCGTG	547

F	-----	918
PA14	ATCTTCCC GCCGCGCTGGATGGTGGCCGAGAACACCTTCCGTCCGCCATGG T TCCACCGC	993
R	ATCTTCCC GCCGCGCTGGATGGTGGCCGAGAACACCTTCCGTCCGCCATGG C TCCACCGC	607
F	-----	918
PA14	AACCTGATGAACGAGTTCATGGGCCTGATCCAGGGCGCCTATGACGCCAAGGCCGGCGGC	1053
R	AACCTGATGAACGAGTTCATGGGCCTGATCCAGGGCGCCTATGACGCCAAGGCCGGCGGC	667
F	-----	918
PA14	TTCGTGCCTGGCGGCGCCTCGCTGCACAGTTGCATGAGCGCCACGGCCCGGACGCGGAA	1113
R	TTCGTGCCTGGCGGCGCCTCGCTGCACAGTTGCATGAGCGCCACGGCCCGGACGCGGAA	727
F	-----	918
PA14	AGCTGCGACAAGGCCATCGCCGCCGACCTCAAGCCGCACAGGATCGACCAGACCATGGCC	1173
R	AGCTGCGACAAGGCCATCGCCGCCGACCTCAAGCCGCACAGGATCGACCAGACCATGGCC	787
F	-----	918
PA14	TTCATGTTTCGAGACCAGCCAGGTCCTCCGGCCGAGCCGTGCCGCCCTCGAGACGCCGGCC	1233
R	TTCATGTTTCGAGACCAGCCAGGTCCTCCGGCCGAGCCGTGCCGCCCTCGAGACGCCGGCC	847
F	-----	918
PA14	CTGCAGAATGACTACGATGCCTGCTGGGCGTCGCTCGTATCCACCTTCAACCCGCAACGG	1293

R CTGCAGAATGACTACGATGCCTGCTGGGCGTCGCTCGTATCCACCTTCAACCCGCAACGG 907

F ----- 918
PA14 AGATAA----- 1299
R AGATAACCCCATGAACCAGCCAACCCCACTCGTG 942