**Supplementary file: Alignment of isolates with *M. kansasii* reference sequence showing mutation in drug resistant loci.**

**Alignment of *eis* gene between *M. kansasii* and NT16.**

```
NT16              1 MYFLAAASFPDFMGPRPANTWRSLVPADGAVVSCDGGDVVGMALYLDLRL       50
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii        1 MYFLAAASFPDFMGPRPANTWRSLVPADGAVVSCDGGDVVGMALYLDLRL       50

NT16             51 TVPGGAVLPAAGLSFVAVAPTHRRRGLLRLMCAELHRRISDSEYPMAALY      100
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii       51 TVPGGAVLPAAGLSFVAVAPTHRRRGLLRLMCAELHRRISDSEYPMAALY      100

NT16            101 ASEGGIYGRFGYGPATVLQELTLDRRFARFHLDAPDGGRVRLVNPAEHRD      150
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      101 ASEGGIYGRFGYGPATVLQELTLDRRFARFHLDAPDGGRVRLVNPAEHRD      150

NT16            151 EFAAIYERWRQQVPGGLARPDVLWEDALGECTNSPRGDTRLFAFLHTDGY      200
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      151 EFAAIYERWRQQVPGGLARPDVLWEDALGECTNSPRGDTRLFAFLHTDGY      200

NT16            201 ALYRVDATDQKLARVEELRAVTADAHISLWRALLGLDSMERVRVITHPDD      250
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      201 ALYRVDATDQKLARVEELRAVTADAHISLWRALLGLDSMERVRVITHPDD      250

NT16            251 PLPFLLTDTRLASPTFRQDGLWLRIMDIPAALEARGYCADLATVIGISDG      300
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.|||:|||
M.kansasii      251 PLPFLLTDTRLASPTFRQDGLWLRIMDIPAALEARGYCADLAMVIGVSDG      300

NT16            301 GRYRLQIRDGRALCSPTDASADVVLGRDVLGSLYLGVHRASTLAAANRLR      350
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      301 GRYRLQIRDGRALCSPTDASADVVLGRDVLGSLYLGVHRASTLAAANRLR      350

NT16            351 TRDSGLVNRLDAAFASDVPAQTAFEF       376
                    |||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      351 TRDSGLVNRLDAAFASDVPAQTAFEF       376
```

**Alignment of *embB* gene between *M. kansasii* and NT22.**

```
NT22              1 MSMTTASRDVRVTRWVATIAGLVGFVLSVATPLLPVVQTTAMLNWPQNGQ       50
                    |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii        1 MSMTTASRDVRVTRWVATIAGLVGFVLSVATPLLPVVQTTAMLNWPQNGQ       50

NT22             51 LNSVTAPLITLTPVDLTATVPCEVVRGMPPQGGVVLGTAPKQGKDANLQA      100
                    ||||||||||||||||||||||||||||:||||||||||||||||||||
M.kansasii       51 LNSVTAPLITLTPVDLTATVPCEVVRGLPPQGGVVLGTAPKQGKDANLQA      100

NT22            101 MFVVVSSQRVDVTDRNVVILSVPRDQVVGAANAPGCSSIEVTSTHAGTFA      150
                    ||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||||||||||
M.kansasii      101 MFVVVSSQRVDVTDRNVVILSVPRDQVVGGANAPGCSSIEVTSTHAGTFA      150

NT22            151 TFVGLKDPGGQPLRGGFPDPNLRPQIVGVFTDLTGPAPPGLKLSATIDTR      200
                    |||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      151 TFVGLKDPAGQPLRGGFPDPNLRPQIVGVFTDLTGPAPPGLKLSATIDTR      200

NT22            201 FSTTPTTLKLLAMVGAIVATVVALVALWRLDRLDGHRMRRWIPQNWRTFT      250
```

```
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      201 FSTTPTTLKLLAMVGAIVATVVALVALWRLDRLDGHRMRRWIPQNWRTFT      250

NT22            251 LLDGVVIFTFLLWHVIGANSSDDGYILGMARVADRAGYMSNYFRWFGSPE      300
                        |||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      251 LLDGVVIFAFLLWHVIGANSSDDGYILGMARVADRAGYMSNYFRWFGSPE      300

NT22            301 DPFGWYYNLLALMTHVSDASIWMRLPDLFAGLVCWLLLSREVLPRLGPAV      350
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      301 DPFGWYYNLLALMTHVSDASIWMRLPDLFAGLVCWLLLSREVLPRLGPAV      350

NT22            351 TSSKAANWAAATVLLTAWMPFNNGLRPEGIIALGSLVTYVLIERSMRYSR      400
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      351 TSSKAANWAAATVLLTAWMPFNNGLRPEGIIALGSLVTYVLIERSMRYSR      400

NT22            401 LTPAALAIIAAAFTLGVQPTGLIAVAALVAGGRPILRIFVKRHRLVGTLP      450
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      401 LTPAALAIIAAAFTLGVQPTGLIAVAALVAGGRPILRIFVKRHRLVGTLP      450

NT22            451 LLSPMLAAGTIILTVVFADQTLSTVLEATRVRGKIGPSQAWYTENLRYYY      500
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      451 LLSPMLAAGTIILTVVFADQTLSTVLEATRVRGKIGPSQAWYTENLRYYY      500

NT22            501 LILPTVDGSLSRRFGFLITALCLFTAVFIMLRRKRIPGVARGPAWRLMGV      550
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      501 LILPTVDGSLSRRFGFLITALCLFTAVFIMLRRKRIPGVARGPAWRLMGV      550

NT22            551 IFATMFFLMFTPTKWVHHFGLFAAVGAAMAALTTVLVSPSVLRWSRNRMA      600
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      551 IFATMFFLMFTPTKWVHHFGLFAAVGAAMAALTTVLVSPSVLRWSRNRMA      600

NT22            601 FLAAVLFMLALCWATTNGWWYVSSYGVPFNSAMPKIAGITVSTIFFALFA      650
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      601 FLAAVLFMLALCWATTNGWWYVSSYGVPFNSAMPKIAGITVSTIFFALFA      650

NT22            651 IAAVYAAWLHFAPRGSGEGRLTRALTWPSQAPVPLAAGFMAVVFVASMVA      700
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      651 IAAVYAAWLHFAPRGSGEGRLTRALTWPSQAPVPLAAGFMAVVFVASMVA      700

NT22            701 GIVRQYPTYSNGWSNLRAFVGGCGLADDVLVEPDPNNGFMTALPGDYGPL      750
                        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||
M.kansasii      701 GIVRQYPTYSNGWSNLRAFVGGCGLADDVLVEPDPNYGFMTALPGDYGPL      750

NT22            751 GPLGGTNPTGFTPNGVPEHTVAEAIVMKPNQPGTDYDWDAPTKLKTAGIN      800
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      751 GPLGGTNPTGFTPNGVPEHTVAEAIVMKPNQPGTDYDWDAPTKLKTAGIN      800

NT22            801 GSTVPLPYQLDPARVPLAGTYTTGAQRQSKLASAWYLLPTPDDGHPLVAV      850
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      801 GSTVPLPYQLDPARVPLAGTYTTGAQRQSKLASAWYLLPTPDDGHPLVAV      850

NT22            851 TAAGKIAGHSVLHGYTPGQTVVLEYARPGPGALVPAGRLVPDDLYGEQPK      900
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      851 TAAGKIAGHSVLHGYTPGQTVVLEYARPGPGALVPAGRLVPDDLYGEQPK      900

NT22            901 AWRNLRFARDKMPADAVAVRVVAEDLSLTPEDWIAVTPPRVPDLRSLQEY      950
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      901 AWRNLRFARDKMPADAVAVRVVAEDLSLTPEDWIAVTPPRVPDLRSLQEY      950

NT22            951 VGSTQPVLLDWAVGLAFPCQQPMLHVNGVTEIPKFRITPDYNAKKLDTDT     1000
                        |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii      951 VGSTQPVLLDWAVGLAFPCQQPMLHVNGVTEIPKFRITPDYNAKKLDTDT     1000

NT22           1001 WEDGVNGGLLGITDLLLRAHVMATYLSRDWARDWGSLRKFDTLVDAPPAQ     1050
```

```
                     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
M.kansasii   1001 WEDGVNGGLLGITDLLLRAHVMATYLSRDWARDWGSLRKFDTLVDAPPAQ   1050


NT22         1051 LDLGTATRSGLWSPGKIRIGP   1071
                  |||||||||||||||||||||
M.kansasii   1051 LDLGTATRSGLWSPGKIRIGP   1071
```

**Alignment of *aftB* gene between *M. kansasii* and NT12.**

```
M.kansasii      1 MGPLLPSASSRFKALRASALARRPAVRRARWPVFPYEPVVRISLWVSVAV     50



NT12            1 --------------------------------------------------      0

M.kansasii     51 VCMLFGWGAWQRRWIADDGLIVLRTVRNLLAGNGPVFNMGERVEANTSTV    100
                                                      ||||||||||||.
NT12            1 -------------------------------------MGERVEANTSTA     12

M.kansasii    101 WTYLLYVASWVGGPMRLEYVALAVALMLSLLGAALLMLGTGRLYAPSLRG    150
                  ||||||.||||||||||||||||||||:|||||.||||||||||||||||
NT12           13 WTYLLYAASWVGGPMRLEYVALAVALVLSLLGVALLMLGTGRLYAPSLRG     62

M.kansasii    151 RRAIMLPAGALVYIAVPPARDFATSGLESGLVLTYLGLLWWMMVCWAQPL    200
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||||||
NT12           63 RRAIMLPAGALVYIAVPPARDFATSGLESGLVLTYLGLLWWLMVCWAQPL    112

M.kansasii    201 RVRPHGRVFIGALAFVAGCSVLVRPELALMGGLALIMMLVAARTWRRRVL    250
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT12          113 RVRPHGRVFIGALAFVAGCSVLVRPELALMGGLALIMMLVAARTWRRRVL    162

M.kansasii    251 IVVAGGFLPVAYQIFRMGYYALLVPGTALAKDAAGDKWSQGMIYLSNFNR    300
                  ||||||.||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT12          163 IVVAGGLLPVAYQIFRMGYYALLVPGTALAKDAAGDKWSQGMIYLSNFNR    212

M.kansasii    301 PYALWVPIVLLVPLGLVLMLARRRPSFLRPMVAPDYGRVARAVQSPAAVV    350
                  ||||||||||||||||||||||||||||:||||||||:||||||||||||
NT12          213 PYALWVPIVLLVPLGLVLMLARRRPSFLRPVVAPDYGRLARAVQSPAAVV    262

M.kansasii    351 AFMIGSGLLQALYWIRQGGDFMHGRVLLAPLFCLLAPVAVIPVLLPDGKD    400
                  |||:||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:.||||:|
NT12          263 AFMVGSGLLQALYWIRQGGDFMHGRVLLAPLFCLLAPVAVIPLSLPDGRD    312

M.kansasii    401 FSKETGYWLAGGVSILWLGVAGWSLWAANSPGMGDDATHVTYTGIVDERR    450
                  ||||||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT12          313 FSKETGYWLAGVVSILWLGVAGWSLWAANSPGMGDDATHVTYTGIVDERR    362

M.kansasii    451 FYAQATGHAHPLTAADYLDYPRMAAVLTALDNTPEGALLLPSGNYNQWDL    500
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||
NT12          363 FYAQATGHAHPLTAADYLDYPRMAAVLTALDNTPDGALLLPSGNYNQWDL    412

M.kansasii    501 VPMIPPGTAPGIPATQKPQHAVFFTNLGMLGMNVGLDVRVIDQIGLANPL    550
                  |||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||||:||||||
NT12          413 VPMIPPGTAPGIPASQKPQHAVFFTNLGMLGMNVGLDVRVLDQIGLANPL    462

M.kansasii    551 AQHTERLKHGRIGHDKNLFPDWVIADGPWVKWYPGVPGYLDPAWVAQAEA    600
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT12          463 AQHTERLKHGRIGHDKNLFPDWVIADGPWVKWYPGVPGYLDPAWVAQAEA    512

M.kansasii    601 ALKCPATQAVLNSVRAPLTLRRFVSNVVHSFEFTRYRIDRVPLNELIRCG    650
                  ||:|||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||||||||||
```

```
NT12          513 ALRCPATQAVLNSVRAPLTVRRFVSNVVHSFEFTRYRIDRVPLNELIRCG     562

M.kansasii    651 LEVPDVSPAPARE      663
                  ||||||.||||||
NT12          563 LEVPDVPPAPARE      575
```

## Alignment of *rrl* loci between *M. kansasii* and NT47.

Drug resistant location with A2089G mutation found in one of our isolate NT47 results highlighted in blue rectangle, mutation is marked in red color.

```
M.kansasii      1 TTGTAAGTGTCTAAGGGCGCATGGTGGATGCCTTGGCATCGAGAGCCGAT     50
                  ||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||||||||||||||
NT47            1 TTGTAAGTGTCTAAGGGCGCACGGTGGATGCCTTGGCATCGAGAGCCGAT     50

M.kansasii     51 GAAGGACGTGGGAGGCTGCGATAAGCCTCGGGGAGCTGTCAACCGAGCGT    100
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47           51 GAAGGACGTGGGAGGCTGCGATAAGCCTCGGGGAGCTGTCAACCGAGCGT    100

M.kansasii    101 GGATCCGAGGATTTCCGAATGGGGAAACCCAGCACGAGTGATGTCGTGTT    150
                  |||||||||||||||||||||||||||||.||||||||.|||||||||||
NT47          101 GGATCCGAGGATTTCCGAATGGGGAAACCCAACACGAGTTATGTCGTGTT    150

M.kansasii    151 ACCCGCATCTGAATATATAGGGTGCGGGAGGGAACGCGGGGAAGTGAAAC    200
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.|||||||
NT47          151 ACCCGCATCTGAATATATAGGGTGCGGGAGGGAACGCGGGGAACTGAAAC    200

M.kansasii    201 ATCTCAGTACCCGTAGGAGAAGAAAACAAAAGTGATTCCGTAAGTAGTGG    250
                  ||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          201 ATCTTAGTACCCGTAGGAGAAGAAAACAAAAGTGATTCCGTAAGTAGTGG    250

M.kansasii    251 CGAGCGAACGCGGAACATGGCTAAACCGCACGCATGGGTAACCGGGTAGG    300
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          251 CGAGCGAACGCGGAACATGGCTAAACCGCACGCATGGGTAACCGGGTAGG    300

M.kansasii    301 GGTTGTGTGTGCGGGGGTTGTGGGATCGATACGTCTCAGCTCTACCCGGCT    350
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          301 GGTTGTGTGTGCGGGGGTTGTGGGATCGATACGTCTCAGCTCTACCCGGCT    350

M.kansasii    351 GAGGGGCAGTCAGAAAGTGTCGTGGTTAACGGAAGTGGCCTGGGATGGTC    400
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          351 GAGGGGCAGTCAGAAAGTGTCGTGGTTAACGGAAGTGGCCTGGGATGGTC    400

M.kansasii    401 TGCCGTAGACGGTGAGAGCCCGGTACGTGAAAACCCGGCACCTGCCTTGT    450
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          401 TGCCGTAGACGGTGAGAGCCCGGTACGTGAAAACCCGGCACCTGCCTTGT    450

M.kansasii    451 ATCAATTCCCGAGTAGCAGCGGGCCCGTGGAATCTGCTGTGAATCTGCCG    500
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          451 ATCAATTCCCGAGTAGCAGCGGGCCCGTGGAATCTGCTGTGAATCTGCCG    500

M.kansasii    501 GGACCACCCGGTAAGCCTAAATACTCCTCGATGACCGATAGCGGAATAGT    550
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          501 GGACCACCCGGTAAGCCTAAATACTCCTCGATGACCGATAGCGGAATAGT    550

M.kansasii    551 ACCGTGAGGGAATGGTGAAAAGTACCCCGGGAGGGGAGTGAAAGAGTACC    600
                  |||||||||||||.||||||||||||||||||.|||||||||||||.||.||.
NT47          551 ACCGTGAGGGAAAGGTGAAAAGTACCCCGGAAGGGGAGTGAAATAGAACT    600

M.kansasii    601 TGAAACCGTGTGCCTACAATCCGTCAGAGCCCTTTCGTGGGGTGATGGCG    650
                  |||||||||||||.|||||...||||||||||||.||..| ||||||||||
```

```
NT47          601 TGAAACCGTGTGCTTACAAGTAGTCAGAGCCCGTTAAT-GGGTGATGGCG      649

M.kansasii    651 TGCCTTTTGAAGAATGAGCCTGCGAGTCAGGGACATGTCGCGAGGTTAAC      700
                  ||||||||.|||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          650 TGCCTTTTGTAGAATGAACCTGCGAGTCAGGGACATGTCGCGAGGTTAAC      699

M.kansasii    701 CCGTGCGGGGTAGCCGCAGCGAAAGCGAGTCTGAATAGGGCGTATCGCGC      750
                  ||||||||||||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          700 CCGTGCGGGGTAGCCGTAGCGAAAGCGAGTCTGAATAGGGCGTATCGCGC      749

M.kansasii    751 GCGAGCGTGTGTAGTGGCGTGTTCTGGACCCGAAGCGGAGTGATCTACCC      800
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          750 GCGAGCGTGTGTAGTGGCGTGTTCTGGACCCGAAGCGGAGTGATCTACCC      799

M.kansasii    801 ATGGCCAGGGTGAAGCGCGGGTAAGACCGCGTGGAGGCCCGAACCCACTT      850
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          800 ATGGCCAGGGTGAAGCGCGGGTAAGACCGCGTGGAGGCCCGAACCCACTT      849

M.kansasii    851 AGGTTGAAGACTGAGGGGATGAGCTGTGGGTAGGGGTGAAAGGCCAATCA      900
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          850 AGGTTGAAGACTGAGGGGATGAGCTGTGGGTAGGGGTGAAAGGCCAATCA      899

M.kansasii    901 AACTCCGTGATAGCTGGTTCTCCCCGAAATGCATTTAGGTGCAGCGTTGC      950
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          900 AACTCCGTGATAGCTGGTTCTCCCCGAAATGCATTTAGGTGCAGCGTTGC      949

M.kansasii    951 GTGTTTCACCACGGAGGTAGAGCTACTGGATGGCCGATGGGCCCCACTAG     1000
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47          950 GTGTTTCACCACGGAGGTAGAGCTACTGGATGGCCGATGGGCCCCACTAG      999

M.kansasii   1001 GTTACTGACGTCAGCCAAACTCCGAATGCCGTGGTGTATAGCGTGGCAGT     1050
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47         1000 GTTACTGACGTCAGCCAAACTCCGAATGCCGTGGTGTATAGCGTGGCAGT     1049

M.kansasii   1051 GAGACGGCGGGGGATAAGCTCCGTACGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGATC     1100
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.|
NT47         1050 GAGACGGCGGGGGATAAGCTCCGTACGTCGAAAGGGAAACAGCCCAGACC     1099

M.kansasii   1101 GCCGGCTAAGGCCCCAAAGCGTGTGCTAAGTGGGAAAGGATGTGCAGTCG     1150
                  .||.||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47         1100 ACCAGCTAAGGTCCCAAAGCGTGTGCTAAGTGGGAAAGGATGTGCAGTCG     1149

M.kansasii   1151 CAGAGACAACCAGGAGGTTGGCTTAGAAGCAGCCACCCTTGAAAGAGTGC     1200
                  |||||||||||||||.|||||||||||||||||||||.|.||.|||||||
NT47         1150 CAGAGACAACCAGGATGTTGGCTTAGAAGCAGCCATCATTTAAAGAGTGC     1199

M.kansasii   1201 GTAATAGCTCACTGGTCAAGTGATTGTGCGCCGATAATGTAGCGGGGCTC     1250
                  ||||||||||||||.|||.||||||...||||||||.||||||.||||||
NT47         1200 GTAATAGCTCACTAGTCGAGTGACACTGCGCCGAAAATGTACCGGGGCTC     1249

M.kansasii   1251 AAGCACACCGCCGAAGCCGCGACAACCGCAAGGTTGGGTAGGGGAGCGTC     1300
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47         1250 AAGCACACCGCCGAAGCCGCGACAACCGCAAGGTTGGGTAGGGGAGCGTC     1299

M.kansasii   1301 CCTCATTCAGCGAAGCTGCCGGGTGACCGGTGGTGGAGGATGGGGGAGTG     1350
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47         1300 CCTCATTCAGCGAAGCTGCCGGGTGACCGGTGGTGGAGGATGGGGGAGTG     1349

M.kansasii   1351 AGAATGCAGGCATGAGTAGCGATAAGGCAAGTGAGAACCTTGCCCGCCGA     1400
                  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47         1350 AGAATGCAGGCATGAGTAGCGATAAGGCAAGTGAGAACCTTGCCCGCCGA     1399

M.kansasii   1401 AAGACCAAGGGGTTCCTGGGCCAGGCCAGTCCGCCCAGGGTGAGTCGGGAC     1450
                  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
NT47        1400 AAGACCAAGGGGTTCCTGGGCCAGGCCAGTCCGCCCAGGGTGAGTCGGGAC       1449

M.kansasii  1451 CTAAGGCGAGGCCGACAGGCGTAGTCGATGGACAACGGGTTGATATTCCC        1500
                 ||||||||||||||||.|||||||||.||||||||.|||.||||||||||||.
NT47        1450 CTAAGGCGAGGCCGATAGGCGTAGGCGATGGATAACAGGTTGATATTCCT        1499

M.kansasii  1501 GTACCCGTGTGTGGGCGCCCGTGATGAATCAGCGGTACTAACCACCCAAA        1550
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1500 GTACCCGTGTGTGGGCGCCCGTGATGAATCAGCGGTACTAACCACCCAAA        1549

M.kansasii  1551 ACCGGATCGATCACTCCCCTTCGGGGGCGTGGAGGTCTGGGGCTGCGTGG        1600
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1550 ACCGGATCGATCACTCCCCTTCGGGGGCGTGGAGGTCTGGGGCTGCGTGG        1599

M.kansasii  1601 AGCCTTCGCTGGTAGTAGTCAAGCGATGGGGGTGACGCAGGAAGGCAGCCG       1650
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1600 AGCCTTCGCTGGTAGTAGTCAAGCGATGGGGGTGACGCAGGAAGGCAGCCG       1649

M.kansasii  1651 TACCAGTCAGTGGTAATACTGGGGCAAGCCAGTAGGGAGAGCGATAGGCA        1700
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1650 TACCAGTCAGTGGTAATACTGGGGCAAGCCAGTAGGGAGAGCGATAGGCA        1699

M.kansasii  1701 AATCCGTCGCTCACAAATCCTGAGAGGTGACGCATAGCCGATTGAGGCGA        1750
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1700 AATCCGTCGCTCACAAATCCTGAGAGGTGACGCATAGCCGATTGAGGCGA        1749

M.kansasii  1751 ATTCGGTGATCCTCTGCTGCCAAGAAAAGCCTCTAGCGAGCACACACACG        1800
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1750 ATTCGGTGATCCTCTGCTGCCAAGAAAAGCCTCTAGCGAGCACACACACG        1799

M.kansasii  1801 GCCCGTACCCCAAACCGACACAGGTGGTCAGGTAGAGAATACCAAGGCGT        1850
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1800 GCCCGTACCCCAAACCGACACAGGTGGTCAGGTAGAGAATACCAAGGCGT        1849

M.kansasii  1851 ACGAGATAACTATGGTTAAGGAACTCGGCAAAATGCCCCCGTAACTTCGG        1900
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||||
NT47        1850 ACGAGATAACTATGGTTAAGGAACTCGGCAAAATGACCCCGTAACTTCGG        1899

M.kansasii  1901 GAGAAGGGGGACCGGAATACCGTGAACACCCTTGCGGTGGGAGCGGGATT        1950
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1900 GAGAAGGGGGACCGGAATACCGTGAACACCCTTGCGGTGGGAGCGGGATT        1949

M.kansasii  1951 CGGTCGCAGAAACCAGTGAGAAGCGACTGTTTACTAAAAACACAGGTCCG        2000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        1950 CGGTCGCAGAAACCAGTGAGAAGCGACTGTTTACTAAAAACACAGGTCCG        1999

M.kansasii  2001 TGCGAAGTCGCAAGACGATGTATACGGACTGACGCCTGCCCGGTGCTGGA        2050
                 |||||||||||||||||||||||||||.||.|||||||||||||||||||
NT47        2000 TGCGAAGTCGCAAGACGATGTATAGGGGCTGACGCCTGCCCGGTGCTGGA        2049

M.kansasii  2051 AGGTTAAGAGGACCCGTTAACCCGCAAGGGTGAAGCGGAGAATTTAAGCC        2100
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2050 AGGTTAAGAGGACCCGTTAACCCGCAAGGGTGAAGCGGAGAATTTAAGCC        2099

M.kansasii  2101 CCAGTAAACGGCGGTGGTAACTATAACCATCCTAAGGTAGCGAAATTCCT        2150
                 |||||||||||||||..|||||||||||||||..||||||||||||||||
NT47        2100 CCAGTAAACGGCGGCCGTAACTATAACGGTCCTAAGGTAGCGAAATTCCT        2149

M.kansasii  2151 TGTCGGGTAAGTTCCGACCTGCACGAATGGCGTAACGACTTCTCAACTGT        2200
                 |||||||||||||||||||||.||||||||||.|||||||||||||||||
NT47        2150 TGTCGGGTAAGTTCCGACCCGCACGAAAGGCGTAACGACTTCTCAACTGT        2199

M.kansasii  2201 CTCAACCATAGACTCGGCGAAATTGCACTACGAGTAAAGATGCTCGTTAC        2250
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
NT47        2200 CTCAACCATAGACTCGGCGAAATTGCACTACGAGTAAAGATGCTCGTTAC       2249

M.kansasii  2251 GCGCGGCAGGACGAAAAGACCCCGGGACCTTCACTACAACTTGGTATTGG       2300
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2250 GCGCGGCAGGACGAAAAGACCCCGGGACCTTCACTACAACTTGGTATTGG       2299

M.kansasii  2301 TGTTCGGTACGGTTTGTGTAGGATAGGTGGGAGACTGTGAAACCTCAACG       2350
                 |||||||||||||||||||||||||.....||||||||||||||||||||
NT47        2300 TGTTCGGTACGGTTTGTGTAGGANNNNNGGGAGACTGTGAAACCTCAACG       2349

M.kansasii  2351 CCAGTTGGGGTGGAGTCGTTGTTGAAATACCACTCTGATCGTATTGGACA       2400
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2350 CCAGTTGGGGTGGAGTCGTTGTTGAAATACCACTCTGATCGTATTGGACA       2399

M.kansasii  2401 CCTAACGTCGAACCCTGAATCGGGTTCACGGACAGTGCCTGGCGGGTAGT       2450
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2400 CCTAACGTCGAACCCTGAATCGGGTTCACGGACAGTGCCTGGCGGGTAGT       2449

M.kansasii  2451 TTAACTGGGGCGGTTGCCTCCTAAAATGTAACGGAGGCGCCCAAAGGTTC       2500
                 ||.|||||||||||.||||||||||..||||||||||||||.||||||||.
NT47        2450 TTGACTGGGGCGGTCGCCTCCTAAAGAGTAACGGAGGCGCTCAAAGGTTT       2499

M.kansasii  2501 CCTCAACCTGGACGGCAATCAGGTGGCGAGTGTAAGTGCACAAGGGAGCT       2550
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2500 CCTCAACCTGGACGGCAATCAGGTGGCGAGTGTAAGTGCACAAGGGAGCT       2549

M.kansasii  2551 TGACTGCGAGACCTACAAGTCAAGCAGGGACGAAAGTCGGGACTAGTGAT       2600
                 ||||||||||||.|||||||.||||||.||||||||||||||||||||||
NT47        2550 TGACTGCGAGACTTACAAGTCGAGCAGGGTCGAAAGTCGGGACTAGTGAT       2599

M.kansasii  2601 CCGGCACCTCTGAGTGGAAGGGGTGTCGCTCAACGGATAAAAGGTACCCC       2650
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||.|||||||
NT47        2600 CCGGCACCTCTGAGTGGAAGGGGTGTCGCTCAACGGATAAAAGCTACCCC       2649

M.kansasii  2651 GGGGATAACAGGCTGATCTTCCCCAAGAGTCCATATCGACGGGATGGTTT       2700
                 |||||||||||||.|||||.||||||||||.||.|||||||||..|||||
NT47        2650 GGGGATAACAGGCTTATCTCCCCCAAGAGTTCACATCGACGGGGAGGTTT       2699

M.kansasii  2701 GGCACCTCGATGTCGGCTCGTCGCATCCTGGGGCTGGAGCAGGTCCCAAG       2750
                 ||||||||||||||||||||.||||||||||||||||.||..||||||||
NT47        2700 GGCACCTCGATGTCGGCTCATCGCATCCTGGGGCTGTAGTCGGTCCCAAG       2749

M.kansasii  2751 GGTTGGGCTGTTCGCCCATTAAAGCGGCACGCGAGCTGGGTTTAGAACGT       2800
                 ||||||||||||||||||||||||||||.||||||||||||.||||||||
NT47        2750 GGTTGGGCTGTTCGCCCATTAAAGCGGTACGCGAGCTGGGTTCAGAACGT       2799

M.kansasii  2801 CGTGAGACAGTTCGGTCTCTATCCGCCGCGCGCGTCAGAAGCTTGAGGAA       2850
                 |||||||||||||||||.|||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2800 CGTGAGACAGTTCGGTCCCTATCCGCCGCGCGCGTCAGAAGCTTGAGGAA       2849

M.kansasii  2851 ACCTGTCCCTAGTACGAGAGGACCGGGACGGACGAACCTCTAGTGCACCA       2900
                 |||||||.||||||||||||||||||||||.|||||..||||||.|||.||||
NT47        2850 ACCTGTCCTTAGTACGAGAGGACCGGGATGGACATACCTCTGGTGTACCA       2899

M.kansasii  2901 GTTGTCCCACCAGGGGCACCGCTGGATAGCTACGTTCGGACAGGATAACC       2950
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2900 GTTGTCCCACCAGGGGCACCGCTGGATAGCTACGTTCGGACAGGATAACC       2949

M.kansasii  2951 GCTGAAAGCATCTAAGCGGGAAACCTTCTCCAAGATCAGGCTTCTCACCC       3000
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47        2950 GCTGAAAGCATCTAAGCGGGAAACCTTCTCCAAGATCAGGCTTCTCACCC       2999

M.kansasii  3001 ACTTGGTGGGATAAGGCCCCCCGCAGAACACGGGTTCGATAGGCCAGACC       3050
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
NT47            3000 ACTTGGTGGGATAAGGCCCCCCGCAGAACACGGGTTCGATAGGCCAGACC      3049

M.kansasii      3051 TGGAAGCTCAGTAATGAGTGAAGGGAACTGGCACTAACCGGCCGAAAACT      3100
                     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
NT47            3050 TGGAAGCTCAGTAATGAGTGAAGGGAACTGGCACTAACCGGCCGAAAACT      3099

M.kansasii      3101 TACCAACACAAATAATCG      3118
                     ||||||||||||||||||
NT47            3100 TACCAACACAAATAATCG      3117
```