

DQ507381.1	-----ATGACAGAATACTTATTAAGTGCTG	25
MN166565.1	ATGAAAATTAACTAAAAAGAAAGAGGTGTAGTTATGACAGAATACTTTTAAAGTGCTG	60
KJ748637.1	-----ATGACAGAATACTTTTAAAGTGCTG	25
KJ748638.1	-----ATGACAGAATACTTTTAAAGTGCTG	25
KJ748639.1	-----ATGACAGAATACTTTTAAAGTGCTG	25
OE998560.1	-----ATGACAGAATACTTTTAAAGTGCTG	25

DQ507381.1	GCATATGTATGGCAATTGTTTCAATATTACTTATAGGGATGGCTATCAGTAATGTTTCGA	85
MN166565.1	GCATATTTACGGCAATTGTTTCATTAGTACTTGTAGTGATGGCTATAAGTAAATTTTCTA	120
KJ748637.1	GCATATTTACGGCAATTGTTTCATTAGTACTTATAGTGAAGGCTATAAGTAAACTTTCTC	85
KJ748638.1	GCATATTTACGGCAATAGTTTCATTAGTACTTATAGTGATGGCTATAAGTAAACTTTCTC	85
KJ748639.1	GCATATTTACGGCAATAGTTTCATTAGTACTTATAGTGATGGCTATAAGTAAACTTTCTC	85
OE998560.1	GCATATTTACGGCAATAGTTTCATTAGTACTTATAGTGATGGCTATAAGTAAATTTTCTC	85

DQ507381.1	AAGAACAATACGCAAAGAGGTTTTTCTTTTTTCGCTACTAGTTGCTTAGTGTTAACTTTAG	145
MN166565.1	AAAGGCAAACAGCGAAAAGATTTTTATTTTTCTCTATTAGTTGCTTAGTGTTAACATTAG	180
KJ748637.1	AAAGGCATACAATGAAAAGATTTTTATTTTTTATCTACTAGTTGCTTAGTGTTAACATTAG	145
KJ748638.1	AAAGGCAAACCGCGAAAAAATTTTTATTTTTCTCTACTAGTTGCTTATTGTTAACATTAG	145
KJ748639.1	AAAGGCAAACCGCGAAAAGATTTTTATTTTTTCTCTACTAGTTGCTTAGTGTTAACATTAG	145
OE998560.1	AAAGGCAAACCGCGAAAAGATTTTTATTTTTTCTCTACTAGTTGCTTAGTGTTAACATTAG	145
	** ** * * ***** *** ***** ***** ****	
DQ507381.1	TTGTAGCTTCAAGTCTAAGTAGCTCAGCAAATGCATCACAAACAGATAATGGCGTAAATA	205
MN166565.1	TTGTAGTTTCTAATTTTAATCAATCTGCAGGAGCATCCCAACTAACTGATGAAGAG----	236
KJ748637.1	TTGTAGTTTCTAACTTTAATCAATCTGCAGGAGCTGCTCAACTAGCTGATGAAGAT----	201
KJ748638.1	TTGTAATTTCTAACTTTAATCAATCTGCAGGAGCTGCCAAACTAGCTGATGAAGAT----	201
KJ748639.1	TTGTAATTTCTAATTTTAATCAAACCTGCTGGAGCTTCCCAACTAACTGATGAAGAT----	201
OE998560.1	TTGTAATTTCTAATTTTAATCAAACCTGCTGGAGCTTCCCAACTAACTGATGAAGAT----	201
	***** *** * * * * * * * * *	
DQ507381.1	GAAGTGGTTCTGAAGATCCAACAGTATATAGTGCAACTTCAACTAAAAAATTACATAAAG	265
MN166565.1	-----GGAAATAGCAATGCAACTGAATACAGTAAATCAGCAACGACTAAATTACATAAAG	291
KJ748637.1	-----GGAAATAGCAATACAACCTGAATACAGCAAATCAGCAACGACTAAATTACATAAAG	256
KJ748638.1	-----GGAAATAGCAATACAACCTGAATATAGCAAGTCAGCAACGACTAAATTACATAAAG	256
KJ748639.1	-----GGAAATAGCAATGCAACTGAATATAGCAAGTCAGCAACGACTAAATTACATAAAG	256
OE998560.1	-----GGAAATAGCAATGCAACTGAATATAGCAAGTCAGCAACGACTAAATTACATAAAG	256
	** * ** ***** * *** ** * ***** *****	
DQ507381.1	AACCTGCGACATTAATTTAAAGCGATTGATGGTGATACTGTTAAATTAATGTACAAAGGTC	325
MN166565.1	AACCTGCGACATTAATTTAAAGCGATCGATGGTGATACGGTTAAGTTAATGTATAAAGGAA	351
KJ748637.1	AGCCTGCGACATTAATCAAAGCAATTGATGGTGATACTGTTAAGTTAATGTACAAAGGAA	316
KJ748638.1	AGCCTGCGACATTAATCAAAGCAATTGATGGTGATACTGTTAAGTTAATGTACAAAGGAA	316
KJ748639.1	AGCCTGCGACATTAATCAAAGCAATTGATGGTGATACTGTTAAGTTAATGTACAAAGGAA	316
OE998560.1	AGCCTGCGACATTAATCAAAGCAATTGATGGTGATACTGTGAAGTTAATGTACAAAGGAC	316
	* ***** ***** * ***** ***** *****	
DQ507381.1	AACCAATGACATTGAGACTATTATTGGTTGATACACCTGAAACAAAGCATCCTAAAAAAG	385
MN166565.1	AGGCAATGACATTTAGATTGTTATTAATTGATACGCCTGAAACGAAACATCCTAAAAAAG	411
KJ748637.1	AACCAATGACATTTAGATTGTTATTAATTGATACGCCCGAAACGAAACATCCTAAAAAAG	376
KJ748638.1	AACCAATGACATTTAGATTGTTATTAATTGATACGCCCGAAACGAAACATCCTAAAAAAG	376
KJ748639.1	AACCAATGACATTTAGATTGTTATTAATTGATACGCCCGAAACGAAACATCCTAAAAAAG	376
OE998560.1	AACCAATGACATTTAGATTGTTATTAATTGATACGCCCGAAACGAAACATCCTAAAAAAG	376
	* ***** *** * ***** ***** * ***** ***** *****	
DQ507381.1	GTGTAGAGAAATATGGTCCTGAAGCAAGTGCATTTACGAAAAAGATGGTAGAAAATGCAA	445
MN166565.1	GCGTTGAAAAAATATGGCCCAGAAAGCAAGTGCATTTACGAAGAATATGGTAGAGAATGCTA	471
KJ748637.1	GCGTTGAAAAAATACGGACCAGAAAGCAAGCGCATTTACGAAAAAATGGTAGAGAATGCTA	436
KJ748638.1	GCGTTGAAAAAATACGGACCAGAAAGCAAGCGCGTATACGAAAAAATGGTAGAGAATGCTA	436
KJ748639.1	GCGTTGAAAAAATACGGGCCAGAAAGCAAGCGCGTTTACGAAAAAATGGTAGAGAATGCTA	436
OE998560.1	GCGTTGAAAAAATATGGACCTGAAGCAAGTGCGTTTACAAAAAATGGTAGAGAATGCTA	436
	* * * * ***** * * * * * * * *	
DQ507381.1	AGAAAATTGAAGTCGAGTTTGACAAAGGTCAAAAGAACTGATAAATATGGACGTGGCTTAG	505
MN166565.1	AGAAAATAGAAGTGGAATTTGACAAAGGTCAAAAGACAGATAAATATGGACGTGGCTTAG	531
KJ748637.1	AAAAAATTGAAGTTGAATTTGACAAAGGACAAAAAACTGATAAATATGGACGTGGATTAG	496
KJ748638.1	AGAAAATTGAAGTTGAATTTGACAAAGGACAAAAAACTGATAAATATGGACGTGGATTAG	496
KJ748639.1	AGAAAATTGAAGTTGAATTTGACAAAGGACAAAAAACTGATAAATATGGACGTGGATTAG	496
OE998560.1	AGAAAATTGAAGTTGAATTTGACAAAGGACAAAAAGACAGATAAATATGGACGTGGATTAG	496
	* ***** ***** * ***** ***** * ***** ***** *****	
DQ507381.1	CGTATATTTATGCTGATGGAAAAATGGTAAACGAAGCTTTAGTTTCGTCAAGGCTTGGCTA	565
MN166565.1	CTTATATCTATGCTGATGGTAAGATGGTTAACCAAGCTTTAGTGCGTCAAGGTCTAGCAA	591
KJ748637.1	CTTATATTTATGCAGATGGCAAAATGGTTAATCAAGCGTTAGTACGTCAAGGATTAGCAA	556
KJ748638.1	CTTATATTTATGCAGATGGTAAATGGTTAACCAAGCATTAGTGCGTCAAGGATTAGCAA	556
KJ748639.1	CTTATATTTATGCAGATGGCAAAATGGTTAATCAAGCGTTAGTACGTCAAGGATTAGCAA	556
OE998560.1	CTTATATTTATGCAGATGGTAAATGGTTAACCAAGCATTAGTGCGTCAAGGATTAGCAA	556
	* ***** ***** ***** * ***** * ***** ***** ***** * * *	
DQ507381.1	AAGTTGCTTATGTTTATAAACCTAACAATACACATGAACAACTTTAAAGAAAAAGTGAAG	625
MN166565.1	AAGTTGCGTATGTTTATAAACCTAATAACACACATGAACAACATTAAGAAAAAGTGAAG	651
KJ748637.1	AAGTTGCATATGTATATAAACCTAATAATACACACGAACAACATTAAGGAAAAAGTGAAG	616
KJ748638.1	AAGTTGCATATGTATATAAACCTAATAATACACATGAACAACACTAAGAAAAAGTGAAG	616
KJ748639.1	AAGTTGCATATGTATATAAACCTAATAATACACATGAACAACATTAAGGAAAAAGTGAAG	616
OE998560.1	AAGTTGCATATGTATATAAACCTAATAATACACATGAACAACACTAAGAAAAAGTGAAG	616
	***** ***** ***** * ***** ***** ***** ***** *****	
DQ507381.1	CACAAGCGAAAAAAGAGAAATTAAATATTT-----	655
MN166565.1	CACAAGCGAAAAAAGAACATTTAAATATTTGGAGTGAAGGTAACGCAGAAATAAGTTACT	711
KJ748637.1	CACAAGCGAAAAAAGAACATCTAAATATTTGGAGTGAAGGTAACGCAGAAATAAGTTACT	676
KJ748638.1	CAAAAGCGAAAAAAGAACATCTAAATATTTGGAGTGAAGGTAACGCAGAAATAAGTTACT	676
KJ748639.1	CACAAGCGAAAAAAGAACATCTAAATATTTGGAGTGAAGGTAACGCAGAAATAA-----	669
OE998560.1	CACAAGCGAAAAAAGAACATTTAAATATTTGGAGTGAAGGTACGCAGAAATAA-----	669
	** ***** ***** *	
DQ507381.1	-----	655
MN166565.1	GACATTTAACATAAAGTGCCACTGCTGCTAGTGGCACTTTTATAATTTTATAGAT	765
KJ748637.1	G-----	677
KJ748638.1	G-----	677
KJ748639.1	-----	669
OE998560.1	-----	669

Supplementary Figure S1: Alignment of *nuc* sequences. Nuc sequences (GeneBank accession numbers in brackets) of *Staphylococcus aureus* (DQ507381.1), *Staphylococcus argenteus* (MN166565.1), *Staphylococcus schweitzeri* (KJ748637.1, KJ748638.1, KJ748639.1) and *Staphylococcus roterodami* (OE998560.1) were aligned using the Clustal Omega multiple alignment tool (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/>). The primer binding site of the nuc-PCR suggested by Brakstad et al. (J. Clin. Microbiol. 1992) are underlined and shaded in grey.