

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
MsaA _{FG} 76	3,451	12	AGTTTTATGACT
MsaA _{FG} 79 _{bde}	3,064	69	AGGTAGTTTCATGTTGTTGGGGTCCATTTCTAACTCTG CAACATGAAACTGTCTTAATTGCCCCAGTTA CACGTGTGTCTGCTACCCAATAGCATGGCAGCCTGAC TCCCCATTACTAGCCCACTGTAGTTCTCTGTGGGGCC AAGTTGCTACTTGATTTCTCCACATTGTTATTTTGCGA GGCTGGGTTTACTGC
MsaA _{FG} 93 _{abcdef}	222	127	TGTTAGCTGTATACAGCCATAAAAAGACAATTACCGCT ATAACCTTTTATGGGGTGCAAAGCGCTGCGAGGCGAG AGGACACAAAACAAAAAAGACATCGAGGGCTTCGA CAGCTG
MsaA _{GI} 99 _{abcde}	2,714	116	GCAGATGGACACAACTTCAAAGGCTCGACCAGAGA CAGTGCAATAAAAACGCCTGGTCTGCTATACTGTCTGG CATTCCAGTTTAAATGGCTTTATGGCCGTCCAGACAC AATTAGGCCGTTTCCAGAATGGCACCCATTGTTTTTT CTTCTCTTCTGTGAGACTGCGCTCTGGACAAAAGGC CGAGCGAAATGATCAGCTTTATTGGATCCTCCCCGA CGGGACGCACAGGACTCACGGTCATTGGAGCGAT CCTTTGTTTCTACCTGGGAACCTTCCGCCC
MsaA _{GI} 103 _{bcd}	2,111	288	TAACTTTTAGCTGGTATTTTAT AGTATATTTATTGTCATTATTATTTTTAGTATTATTAGT AATAAT GTTTGGTGTAATCTAGGGTGTATTGCTGTCATATATC ACACTACCTCGTAAAAACGACACTGAGGATTCTGGGC CAACAAATC
MsaA _{GI} 107	1,620	22	CGTCCAGACACAA
MsaA _{GI} 108	943	45	TGTCATACGTGTTTTTAA ATAAAATCCGTTGTTGTTAGTGAAAATTTACAACAG TGGTCAATACAACCTTAAACGACCCGGCTCGACATCA TATTGGCCCAGCTGTGTCACGTGACACCGAGCCGTGA ACATGAACCTTTTCTATATATAATTTCCAATAGAGGAG ATAGAGC
MsaA _{GI} 111 _b	97	84	GAAAAATTCATTGGATGGTGGCCAGA
MsaA _{GI} 115	2,012	13	ATTTTTACATTAACATTTTAAA
MsaA _{IK} 117	4,578	18	TGGCGCACCACGACAATTCAAACACCCAAGCCCTG GCTCTGAGTTTGCCCTAGCCACGAGCGCATGGAGGCG CGCACCTTCACATCCACCCAGTATTTCTCTGTGC ACGAGTTTACCTCTGGAGGTCACCAAGCAGGATTAC GACTGGTCAACAAAAGCACGTGATTCTCCGCCGTACC CCATATTTGGGTGCCTACGTAAGAGAGAATCAAGTCC ATGTCCCACTCATTTCCATAATTCATCATAAATTGTGC AAGGGTGCTATAGGACGCGCTAAACCATAAGAGCCA CAAATCAAGCACACAGGTTTATGCTATTTTACCTCTA AAAACAATAAAAAACAACAACAATACCTACAACGA GCAAACGGTGAATTGTCAAC
MsaA _{IK} 119 _{bcd}	3,891	155	
MsaA _{IK} 123	3,033	26	
MsaA _{IK} 128	1,229	23	
MsaA _{IK} 132 _{abcd}	391	389	

			AAACTTTATTAGGGCCGATTCTGGCTCTCTGACATTTG GGTGCTAAATGAATGGGGGGTTTTGTCTATGAATTAA ATCGTAAAAATCATCCGGAGCGCGGCCAGATAGGCT CACTGGCCATAAACGGTCACGTGGTAGCCATTAAGT AAGTTTTATGGTTTTTGGGGAGTTGACAGTATATTGCAC
MsaA _{KL} 136 _{abc}	7,562	206	ATAACATATAATCGCACTGA CAAATTCGCTCATTGTCATGCAAAGATGTCTCCCTC
MsaA _{KL} 139	5,859	46	TTAACAAAA GGTTCATCTGGAGGTCAGCCACAGCACCAAGATAAAT CTGCATCTTCTCAGAGCCACCAGCAGAGCTCGCTTTA
MsaA _{KL} 140 _{abcde}	5,621	84	GGCCAAGTTC
			GGTCAAAAAGTTTACGCGCTGAACAAGTCTCCGTCATC TGTTCACTCGGAGCTTGATGCCAGCCTTATAATAGCG ATCTTGACTCTCCGCACAAAAGACAGAATAGCTTTGA ATTACATATGTTGCACGGTGCCTCCAGGTGAACCT GAAAGCGCGGTGACCTCGCGTTTGGGACCGGGGGAG GGGACCCCCACCCGTCCCCAGCAACAAGATTGAGT GGCTGGCGTTTTATTAGGGCGGTTGATTGGTGAATTC CTTTGAATAAATGCATTTGATATGTTTGACGAGGGA
MsaA _{KL} 143 _{bcd}	4,952	315	CGGAGGCACAATTTGCATTT
			TCCAAGTCCGGGGTGAACCCAGGTCCTGCGTCTAAC AGATATGAAAATGTCGCCTCTTTGGAAAAAAGGGCA CGCCTTGTTGTTTAACAAAGACTGTCAATGGGCAAGA TTAATCAGAAACAAAATGGAAACGGTGTACGTTGGG
MsaA _{KL} 149 _{bcd}	1,855	170	GTCAGGCAGAAGTTATCTCTGT
			CCATTGGTTCCTGTTTACATGATGCCACAGGACACG CGGTGATTGGTGGCGCTTCACACGTGACCAGGCAACT TTGTACATTTGACAGGGAGTAGGAGGGTTTTGTGGAG ATCAGAAAAACGACAGCGGATAAAAAATTAGTATTGT
MsaA _{KL} 157 _{abc}	164	164	TGCACTTCACAAATTA