

PFC	Dist to 3' gene	Length	Sequence
TniBA _{AC} 1	3,439	36	AAACAATATGGTGTAAATGCTCAAATGGTATTCCAG
TniBA _{AC} 2	13,381	26	AAACAAAGGCAGCTTTTTTGAGAAAT
TniBA _{AC} 4	908	23	TTAATAATACATAATAATACAT
TniBA _{CG} 5	30,138	38	AACCAGTAATCAACATGTAGCGCAACAACTAATAAATT
TniBA _{CG} 7	11,747	19	TTGTTGCTCCTGCCTGCCTG
TniBA _{CG} 8	15,031	19	ATTAATACCTGTGTATCAC
TniBA _{CG} 9	12,637	18	TCACAGTCCCGTGAGAC
TniBA _{CG} 10	6,064	25	CTTACAGATTGGGAGACATATTTAA
TniBA _{CG} 11	5,598	12	CATGAATCACA
TniBA _{CG} 13	2,578	81	AATTAAGGCGCTGTTTGGTTGGCTGCTCGGCTGCAGGGTGA GGCCCTCCATAGATTAATAATCCACAGCCTGCGGTCTG
TniBA _{CG} 14	2,238	26	AAAGCGATCTTGTTTTTGTCTTTTTTC
TniBA _{CG} 15	686	118	AGCAAAGGGCAGAAGAGAGAAGGAGAAATAGACAGAGGGA AAGAGTAAAATCTCGTAATGTCTCTCTGCTTGTCTCTGTCTA GTAAAATCGCGGTGCGTCGCAGATAATGTCCGAGA
TniBA _{CG} 27	4,461	37	TAGATAAAAACTAATATTTTACAATAATTAACATTAT
TniBA _{CG} 28	22,698	22	CATAAAGATTTCAACTTGGGCC AGAAAGAAAACCGCAGCTGTGCGCTGGACAGAAATGCAGAA
TniBA _{GH} 39	9,294	66	ACAGATGCTTTTTGGTTATTATTG
TniBA _{GH} 44	10,338	20	TCATTATTGGAAGAAAAATG
TniBA _{GH} 45	4,408	83	GCAATAAAAAGAAATATGACGGCAATAAAAAGTTTATAGCGTATA AATTTCTGAAGGTTAAGAATAAACGGCTGTAAAGCAAACA
TniBA _{GH} 47	9,023	13	CAGTCGTCCTTCA
TniBA _{GH} 53	260	214	CGCTGTCGGTGTGCTGGTGTGGTGGTCTACTCTTGCCGGC AGCCGTCACCTTTACGCGCCCCGCTCCTCTGTTGTGGCCGCG GGGGAAACACCACAACACCAGCGGTAGACCTGCTCCACTT TCTCTTTCTCCCTCCCTCCGTCTCCCTCTTTTCGTGCCCGAG TCTCTCCGCTTCCAACAGCCTCTTCTTCACTTCTACTCTGAC TC
TniBA _{HJ} 54	9,170	28	AAAAGAAATAGTGCATTACCGCCATCAG
TniBA _{HJ} 55	17,063	28	AGTGTTTACGATCTCTTGCTGTATCAA
TniBA _{HJ} 56	16,665	31	TAGTTTCTCTTTTGTGGAAGCATTTTTAA
TniBA _{HJ} 58	6,599	27	TTGGTGTCTCAAATATCAAACAACCTGA TTGAATTCAAATATGTCACTGTATCCCGAGGAAGACGTAATT
TniBA _{HJ} 67	2,551	47	ACCCC
TniBA _{HJ} 68	1,652	27	TATTTTGAAGGCCTATTTTCTCAAAAA
TniBA _{HJ} 69	373	26	CCCGCACTGGCACTCAGCCACCCAGA
TniBA _{HJ} 70 _{ab}	257	76	CCAATCTGCGATCAACTAAGTGATAGCGGCAGCAGCAGCCC GGCGGACTGTCGGCTATAAAACACAACAAATCATA CTGAAATGCATCTCATCCAGGAATCAACAAATCATAAATCA
TniBA _{JK} 75	1,161	44	GC TTTATGGTTTATGGTAGCATTTTCTAATTTCTGCCAAAGTAAA
TniBA _{JK} 76	694	69	GGTAAATTAACAGCTCTGAGTGATGA

TniBA _{JK} 77	1,137	54	TCAACAAATCATAAATCAGCAGATTTCCGTGCACGGATCAGG TTTAACATTCCT
TniBA _{KL} 87 _{bcd}	14,162	193	TGACATTTACATGTCAAACGGAAGAGGGTTTTATCTCCAAG TTGGCTCGTAAAGATCAGGCAAGGCCTCAAAATGATACCTCT CACTGGCTCTCCGCTTGTACGTGGGGTCCATAAAAGTTAGTT TTATGGTTTTGGGGAGTTGACAATGTACTATATATTTACATT CTAGAAAAGCAAGTGACGGTTTAAC
TniBA _{KL} 91	8,415	19	CAGAGCCCGCTTCAGACCA
TniBA _{KL} 95	4,712	20	ATTTTTTAGCAGTCTGTTC
TniBA _{KL} 102 _b	6,232	118	GGTGAAAGAGAGGTCAGCGCTCTCACCAATATTAATAATGTG TACCGGGGACGCGGGGTGACACGCCTCGCCGTTAAACAA AGAGTATGCCAAACTGGCAGATTAATTTGAAAAT TCTATATCTACCCTGTAGATCCGGATTTGTGTAACGATCATT AAGCAATCACAATTCGCTTCTAGGGGA GAATTAGTTGATGAATTTTCTATCGATCCTAAACAAGGCAGA TTTATCTCTG
TniBA _{KL} 104 _{abcd}	2,012	71	GAATTAGTTGATGAATTTTCTATCGATCCTAAACAAGGCAGA TTTATCTCTG
TniBA _{KL} 105 _{bc}	840	52	TTTATCTCTG
TniBA _{KL} 110 _{bc}	29,183	44	CATCTTTAATCACGCCAAACTCGGCTCCCATTTCGTCATGTTA C
TniBA _{LM} 109	27,710	191	ACACAAATATTTTCATTAATAATTTCAATGTTGGTTTTGTCTATA GCCTGTCTTGAGAAATCAGCAGCCTGCGATGATTAATCTGTG CCGGCCTTGAGTGATCTTGGTACATTACGTCCAGTAATCTCG TTTTAAATCACAGACCGTCCCTTCGTTTCACTCTCGTTCTCCC GTAAATTAACGGTGCTCAG
TniBA _{LM} 113 _{bc}	27,288	104	ATAGCTCAAACCCTGACAACCAATAGATAATCAACAAGAC GAATGGCTTCTTTTGTAAGGAGCGGCTCCTGTATTAATTTTCA TTTTCTTTTCTTAGAGCAGG
TniBA _{LM} 118 _{bc}	18,479	120	TCACGTGATTCATTAATAATTAATGTGGAGGTGGCAGAATG GATGTGTATCGTCAGAAATATAACGGTAAGACATGCGGCTGC TTCAGCGGGTCTGACGTGCAAAATCCAACCTGTCCTT
TniBA _{LM} 121	6,383	235	GAATCAATAACATCTGAGATCACTTTAACCCCGGCTTCATC CTTCTTCCTTTCTTATTAGCCTACTTTTACTCCGAGATTTGG CCTGGAATATAACCATCAGCATTACCTGTCAGTGGTCCGGC TGTCCTGTGCGTTCGATCGGACTACCAGAGGTCTGCCTCTTT ATCGGATTTTTACCGAGACCTTTCTGATTGTATATCTTCTTC CCTCTTTCTGCCCTCTTTATC
TniBA _{LM} 122	5,673	15	ACTCGTGCTAATGTA
TniBA _{LM} 123	2,833	204	GGAGAATGGGACCGTGAGCGCGGACGATCACCGCAAATA AATAAGATGGGGTAATATTTTGTGGAGTTTTTTTTTTTTTTT CCTCCACAAACGCACGCCGGCTCTGTCGTGTGGCCGCGGTGG ACATTTTAAGGCCATTGTTGTCGGTAAGCAGCGGTGCAGGCA GCGCTGGTGCTGGGGCGAGGGTGGAGGTGGAGGG CCGTTATGCCCCACGGTGTCCGGCCCGCTGCGCCGCTG CCGCCGCGCTGGCTCCCGAGGTGTCGTTGTGGTGGCGGTG
TniBA _{LM} 124	3,117	96	CGTCCGCTGCT
TniBA _{LM} 125	2,837	24	CCACCGTGCTAGAGAAGGTAAGG

TniBA _{LM} 126	2,236	435	TTAATGCATTCTGGGTGCTTCCCTGCCCCGATTGCTCCTTAT GGCAGGCGCCATTTGTAATTTTATATCCCAGGATAAAACAGA CACTGGACACCAAGGCCGACCCCTCTCTCTCTTTCTGTGT CTTCTCTCTCTCCCTCCTTCCCTGTGTTTTGTTTGGGTGGC TGTTTCTCGGTGGTGAAGTAGATTATCCGGGAGGCGTCA CAGTGAAGTTGGTGATTGTATTAGATGTGGCCCTACAAGCA GGGCAGAGACATTACGTGTCCCGTTAATGGTGAACAGCG ATATGATTTAATAACATATTCCTCCTACACTCGCGACGCCAC TCCCCTGCCCCCTCTCCTTGGGACTATTCCTCAGAGTAAA TAATTAGGATTCCAGCTTGTCTACGAGAAAAGATAAATGGGTG ACATGTGTGACG
TniBA _{LM} 127	204	147	CTATTCATGTCATGGTGCCTTTCAGTGCTGGAAGATGGATTTA TCTCTCTCATTTCTTTATTCTGCGTCTCCTAACCTTTCAGGTCA GATTGCAGGGGACCGTTGGAGAGATACAGTACGTGACACC CGGTACCAAATGGTCTTCC
TniBA _{LM} 134 _{bc}	2,766	78	CAGTTTGTTAGCGGCGGAGTGGCTGGCTCAGTGATTTATGGC CCGTATGACTCCAATCCCGTTCAAGAAGAGTTCAC
TniBA _{MN} 136	5,567	20	AATCAATGATGGGCTTTTCT
TniBA _{MN} 137	5,354	299	AGCTCTCCTGCCTGGTAAATGAAATAGTTGAGCTTTTAATGG GCAGTTAACGAGGTGCTTAGATTTATGACACCGAGCTCGCTC CCCCCAGGCAACACATGTTGTTGTCAGCCTAGCTAAGCTA TGTGGCGGCTCTTGCTCTCCATCAGCCAAAGAGAGCAAGGGA GAGCAGAAAATGGATGTGTGGAGCTGCGGCTAACACTTGCTT TCTCTCTTCAAAAAACCACTGGGCGCTCTTTCGCTGCGCCGT GTCTTTCTGCCTGCTGCCCGTCTCCATCAGTACGACCCCTGT CTGT
TniBA _{MN} 138	4,889	268	AACAGGGTTTAAGAAGCTACGAGCTAAGCTAGCTCCAGTAG AACATGCATAGGCAGTGTGAGCTAGCCACTGCTTTATACACA CATTCAATGCTAAGCTAGCCTTCTTTTGGTTGACACACAACT ATAGCCAGGTTGCTCTGGCTGTTGACTTGTGACTTGTTCAAA TAAACACATAAAAAGGACATGGAAAAGACATTTTTATGTTGTT ATTTAGCACATCATCGACACAGGGTAATAAGAAGAGCAGA GAACACTATTTATTTA
TniBA _{MN} 139 _{acde}	4,482	53	TCTTGACTTTTAATATGGATACAGGGTATATATTTGAACAAA AATGCATGTCC
TniBA _{MN} 140 _{abc}	3,765	255	TCTGGGCATCATTGTTGCACTTAGAGTTTACATTTGATGGTT AAAGTTAAGAAAATAATAATAATGAAATCTTATTTGAAGAC GGGAGACCCTCCAATCAAAGCGTCTTTCGCCAATGTGTGTTT ACGTGAACATTCATATATAAATATTTATTTGTTATAGCCAGTT TAAAAAGACTTTCTGTTTTGTATTATTTATCCTCCATGTA TTTATATATAGAAAAAATGTACTTTTTTAGCATTTACCTG
TniBA _{MN} 141	3,289	17	AACAATCTTTAATAAA
TniBA _{MN} 142	1,393	128	GCTGCTGTCAGGCTCTTGGAGGGAGAGAAAGATTGATCACC GCACTCTTTTTTTTAAACCCGCTCTCCTCGGGCCCTCCCCAAA AATAGGCTATCCTCTGCTAAACTACTTTAGATCTTTTCCCCAAA

			CATATTGTAAACGGTGCTGGCTAGCTTCGTTACCTAATGTTA ATTGTCATTACATACCCAGTTCCCCAAGGAGGAAAAAAAAA AAGATCCAGAGATGCTCTTTTGTGTGCGTAACACTGGACC AGGATGCGCCAGCCCGCCGCCACACAGCGCACATGGCGAC CGATCGCCTTCCCGTTTTTTTTTCTTCCAGAATTTACCCCC GTTTAGACAAAACAAAAGTAAGTACCCCTGTGATGGAGCCTC TTTTGCCACAGCATTGGTTAAAAAAAAAAAAAAAAAATAACG CTGCTTCCACAGCCATCACCGCCGCCAGGCCCGACCCCGC GATTGGTGAGTTGAATCACGTGACCAGGAATTGGCTGCAAT TTCGCCCCATAGTTCTTCATTTTAGCCTACCCAGGTCCCAT CGCTATATCACCAATATACACAATTATTATATAGTCACCGCA TTACGCCATTGCGTTCGGGAGACAGCGCTCGTGCCTGTAT TTATTTATTTATTTATTTGTACGAAGCCATGCCGCGCTGTGT GTGTATGTATGCCCTGAGTGTGCGTGCCTTATGTGGTTGCTT TTTTTATTTTGGGGTAGGGATTGTCTGGGGTCTTGGCATT
TniBA _{MN} 143	661	639	GAGG GGCTGCTGTCAGGCTCTTTGGAGGGAGAGAAAGATTGATCAC
TniBA _{MN} 144	1,394	43	C
TniBA _{MN} 145	929	16	ATAAAAAGCAAAACAA
			CCAGGCCCGGACCCCGGATTGGTGAGTTTGAATCACGTGAC CAGGAATTGGCTGCAATTCGCCCCATAGTTCTTCATTTTAGC CTACCCAGGTCCCCATACGCTATATCACCAATATACACAATT ATTATATAGTCACCGCATTTACGCCATTGCGGTTCGGGAGACA GGCGCTCGTGCCTGTATTTATTTATTT
TniBA _{MN} 146	341	196	TATTTATTCAGATTCTTTAATAGTGCAAAATCCAAATTATTTA
TniBA _{NO} 154 _{ab}	10,101	63	TTGTACATATATTTTCATAG
			GCTCCTCTTTTCTTCTCTGCTTCTCTTTGCTCTGACAGATCCG CGCTGATATCAGATTGATGGCCCCGTTTGATTGAAGTCTCTTT GTCGTGCTAATGTCACGGCGATTGATGGATGAGGCGCTGCG TCCGGGCAGCCGCGCGCACACACCCAACTTAAAACCGA ATAGGTCCCCTCCCTTAATGCACACACACACTACTCCCC CGTCCCTGTGACCGGCTGACAACTTGTGGCCTCCGGTCACC
TniBA _{NO} 156	838	293	AGGCGACGTAACGTGACCCACGTGACTCAGGACAGAGGT
TniBA _{NO} 157	4,128	20	TAAATAAAACAAACAAATAAA
TniBA _{NO} 158	1,185	33	TTGTATTTTTTAAATGGATATTAACCTTTTTATT
TniBA _{NO} 161 _{ab}	787	38	TCAGATTGATGGCCCCGTTTGATTGAAGTCTCTTTGTC