۲۰ 11 ²¹ 11 ²¹ 11 ² 1.2 1.4 112 ² 11 ² 11 ² 11 ²	
I-1	1>ataggtaatacaaattcattagacacgataaatgtaggagcaggtacagccacgttagggggagcggttattaaag>76
I-2	1>ataggtaatac <mark>ggcag</mark> cattag <mark>ca</mark> ac <mark>agtg</mark> aatgtaggagcaggtacagccacgttaggggggagcggttattaaag>76
I-3	1>ataggtaatacaaattcattagacacgataaatgtaggagcaggtacagccacgttaggggggagcggttattaag>76
I-4	1>ataggtaatacaaattcattagacacgataaatgtaggagcaggtacagccacgttaggggggagcggttattaag>76
Ha-1	1>ATAGGTAATACAAATTCATTAGACACGATAAATGTAGGAGCAGGTACAGCCACGTTAGGGGGAGCGGTTATTAAAG>76
Ha-2	1>ATAGGTAATACAAATTCATTAGACACGATAAATGTAGGAGCAGGTACAGCCACGTTAGGGGGGAGCGGTTATTAAAG>76
ПЬ-1	1>ATAGGTAATAC <mark>GGCAG</mark> CATTAG <mark>CA</mark> AC <mark>AGTG</mark> AATGTAGGAGCAGGT <mark>TT-</mark> GCTAC <mark>AA</mark> GT <mark>ACA</mark> AGGCGGAGTGG-TAAAAG>76
ПЬ-2	1>ATAGGTAATAC <mark>GGCAG</mark> CATTAGCAACAGTGAATGTAGGAGCAGGTTT-GCTACAAGTACAAGGCGGAGTGG-TAAAAG>76
ПЬ-3	1>ATAGGTAATAC <mark>GGCAG</mark> CATTAGCAACAGTGAATGTAGGAGCAGGTTT-GCTACAAGTACAAGGCGGAGTGG-TAAAAG>76
ПЬ-4	1>ATAGGTAATAC <mark>GGCAG</mark> CATTAGCAACAGTGAATGTAGGAGCAGGTTT-GCTACAAGTACAAGGCGGAGTGG-TAAAAG>76
I-1	77>CTACTACGACTAAA-TTAACAAATGCTGCGTCGGTATTAACCCTTACAAATGCAAATGCAGTATTAACAGGTGAGATTGA>155
I-2	77>CTACTACGACTAAA-TTAACAAATGCTGCGTCGGTATTAACCCTTACAAATGCAAATGCAGTATTAACAGGTGAGATTGA>155
I-3	77>CTACTACGACTAAA-TTAACAAATGCTGCGTCGGTATTAACCCTTACAAATGCAAATGCAGTATTAACAGGTGAGATTGA>155
I-4	77>CTACTACGACTAAA-TTAACAAATGCTGCGTCGGTATTAACCCTTACAAATGCAAATGCAGTATTAACAGGTGAGATTGA>155
Ha-1	77>CTACTACGACTAAA-TTAACAGATGCTGCGTCAGGAGTGACATTTACGAATGCTGTAGTGGTAACGGGAGGGGTAGAA
Ha-2	77>CTACTACGACTAAA-TTAACAGATGCTGCGTCAGGAGTGACATTTACGAATGCTGTAGTGGTAACGGGAGGGGTAGAA
ПЬ-1	77>CGAATGC AATAAACTTAACGGATAATGCGTCAGCAGTGACATTTACGAATCC TGTAGTGGTGACCGGAGCGCTAGA>152
ПЬ-2	77>CGAATGC AATAAACTTAACGGATAATGCGTCAGCAGTGACATTTACGAATCC TGTAGTGGTAACCGGAGCGCTAGA>152
ПЬ-3	77>CGAATGC AATAAACTTAACGGATAATGCGTCAGCAGTGACATTTACGAATCC TGTAGTGGTAACCGGAGCGCTAGA>152
ПЬ-4	77>CGAATGC AATAAACTTAACGGATAATGCGTCAGCAGTGACATTTACGAATCC TGTAGTGGTAACCGGAGCGCTAGA>152
I-1 I-2 I-3 I-4	156>TAACACCACAGGTGGTGATAATGTAGGTGTCTTAAATTTAAATGGTGCATTAAGTCAAGTAAGT
Ha-1	153>TAATACC <mark></mark> GGTAATG <mark>CA</mark> AATAATGGTAT <mark>AGC</mark> AA <mark>CG</mark> TTTACCGGT <mark>-A</mark> AT <mark></mark> AGTACAGTAACTGGCAAT>216
Ha-2	153>TAATACC <mark></mark> GGTAATG <mark>CA</mark> AATAATGGTATAGCAACGTTTACCGGT <mark>-A</mark> AT <mark></mark> AGTACAGTAACTGGCAAT>216
IIb-1	153>TAATACCGGTAATGCAAATAATGGTATAGCAACGTTTACCGGT-AATAGTACAGTAACTGGCAAT>216
IIb-2	153>TAATACCGGTAATGCAAATAATGGTATAGCAACGTTTACCGGT-AATAGTACAGTAACTGGCAAT>216
IIb-3	153>TAATACCGGTAATGCAAATAATGGTATAGCAACGTTTACCGGT-AATAGTACAGTAACTGGCAAT>216
IIb-4	153>TAATACCGGTAATGCAAATAATGGTATAGCAACGTTTACCGGT-AATAGTACAGTAACTGGCAAT>216

Supplementary Figure 1. Sequence alignment of the repeat units in the *rompA* gene

of *R. heilongjiangensis* strain Sendai-29.

The units are classified into type I, type II-a, and type II-b. Nucleotides that differ from

those in type I-1 are highlighted in orange.