

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ  
ХАРКІВСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ  
ім. В. Н. Каразіна

**Хімічний факультет**  
**Біологічний факультет**

УДК 541.35

До захисту допускаю



Завідувач кафедри

«17» травня 2025 р.

Олег ЮРЧЕНКО

**ВИЗНАЧЕННЯ ВІДПОВІДНОСТІ ВИДОВОГО СКЛАДУ ПРОДУКТІВ БІОЛОГІЧНОГО  
ПОХОДЖЕННЯ У ТОРГІВЕЛЬНИХ МЕРЕЖАХ НА ПРИКЛАДІ УСТРИЦЬ (Bivalvia;  
Ostreida)**

Кваліфікаційна робота магістра II курсу  
хімічного факультету

**ШМИРЬОВА ДМИТРА  
ВОЛОДИМИРОВИЧА**



Науковий керівник:

к.б.н., доцент.



А.Ю. Утєвський

ХАРКІВ 2025

## РЕФЕРАТ

Робота складається з 37 сторінок, 3 розділів, 26 рисунків, 2 таблиць 12 джерел використаної літератури та 8 додатків на 88 сторінках

**Мета:** вирішення ідентифікаційних завдань судово-біологічної експертизи зоологічних зразків з комерційного ринку України.

**Об'єкт дослідження:** біологічне різноманіття двостулкових моллюсків.

**Завдання:** напрацювання методики молекулярно-генетичних досліджень судово-біологічної експертизи для ідентифікації представників моллюсків родини *Ostreidae*.

**Методи:** морфологічні, молекулярно-генетичні, філогенетичний аналіз, делімітація видів.

Відпрацьовано методики ідентифікації зоологічних зразків, а саме представників ряду *Ostreidae*, морфологічними та молекулярно-генетичними методами для завдань судово-біологічної експертизи об'єктів наявних у роздрібній торговельній мережі. Доведено можливість практичної ідентифікації зразків до виду за допомогою аналізу мітохондріальної 16S рРНК як більш достовірне у порівнянні з морфологічними методами. Надано пропозиції щодо необхідності розширення обсягу молекулярно-генетичної експертизи для схожих біологічних об'єктів з високою складністю визначення.

Результати дослідження підтверджують думку щодо доцільності виконання молекулярно-генетичної експертизи та баркодингу біологічних об'єктів для підвищення рівня надійності ідентифікації зразків. Акцентовано увагу на необхідність розширення кількості використаних локусів при дослідженні окремих груп біологічних об'єктів які є близькими видами чи такими, таксономія яких часто або швидко змінюється завдяки науковим дослідженням. Результати досліджень представлених в роботі може бути використано як наукова та практична база для створення відповідних офіційних методик експертизи зоологічних об'єктів, створення бази баркодів біологічних зразків, що перетинають митний кордон України.

Ключові слова: СУДОВА ЕКСПЕРТИЗА, ДНК, ПЛР, МОЛЕКУЛЯРНО-ФІЛОГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ, ДЕЛИМІТАЦІЯ ВИДІВ

## ABSTRACT

The report consists of 37 pages in 3 sections, 26 images, 2 table, 12 literature references, 8 supplements on 88 pages.

Scope: describing of the process of developing a method for isolating and performing PCR in the

analysis of 16S rDNA for barcoding and identification and determination of taxonomic relationships of representatives of the Ostreidae family.

Object: biological diversity of aquatic molluscs – bivalves.

Methods: morphological, molecular-phylogenetical, taxonomic determination.

The results of the study approved the feasibility of performing molecular genetic analysis and barcoding of biological objects to increase the reliability of sample identification. Attention is made to the importance of the number of loci used in the study of individual groups of biological objects that are close species or those whose taxonomy often or quickly changes due to scientific research. The results of the research presented in the work can be used as a scientific and practical basis for creating appropriate official methods of examination of zoological objects, creating a database of barcodes of biological samples crossing the customs border of Ukraine.

Key words: FORENSIC EXPERTISE, DNA, PCR, MOLECULAR-PHYLOGENETIC ANALYSIS, SPECIES DELIMITATION

## ЗМІСТ

ВСТУП.....	4
1. ОГЛЯД ОБ'ЄКТУ ДОСЛІДЖЕННЯ .....	5
1.1. Роль об'єкту у світовому ринку харчових продуктів .....	5
1.2. Фінансова значущість об'єкту у світі .....	8
1.3. Загальний огляд комерційних видів .....	9
1.4. Таксономічні проблеми.....	14
2. МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ .....	16
2.1. Відбір зразків.....	16
2.2. Відбір матеріалу молекулярно-генетичних досліджень.....	19
2.3. Лізіс м'язів молюсків. ....	19
2.4. Підготовка та проведення полімеразно-ланцюгової реакції (ПЛР). ....	19
2.5. Очистка зразків та підготовка до секвенування. ....	22
2.6. Секвенування та отримання хроматограм .....	22
2.7. Побудова матриці близьких видів.....	24
2.8. Побудова філогенетичного дерева.....	27
2.9. Перевірка філогенетичного дерева методом «p-distance».....	27
2.10. Делімітація видів за ABGD .....	28
2.11. Делімітація видів – РТР модель Пуассона. ....	28
3. РЕЗУЛЬТАТИ.....	29
3.1. Створення матриці послідовностей фрагментів гену 16S .....	29
3.2. Реконструкція філогенетичного дерева досліджених видів .....	29
3.3. Делімітація видів та перевірка філогенетичного дерева .....	31
ВИСНОВКИ.....	36
ЛІТЕРАТУРНІ ДЖЕРЕЛА .....	37
ДОДАТКИ.....	38
Додаток А. Морфологія зразків у живому стані .....	38
Додаток Б. Морфологія та виміри мушлів .....	46
Додаток В. Хроматограми зразків .....	54
Додаток Г. Розподіл видів по групах за ABGD .....	88
Додаток Д. Розподіл видів по групах за ABGD - таблиця .....	120
Додаток Е. Документи надані постачальником зразків.....	121
Додаток Ж. Електрофорезограми зразків .....	123
Додаток З. Послідовності 16S рРНК зразків.....	124

## ВСТУП

Судова експертиза відіграє важливу роль у правовій системі держави. Це процес, за допомогою якого фахівці з різних областей знань завдяки верифікованим методам досліджень надають суду об'єктивну та науково обгрунтовану інформацію для прийняття обгрунтованих рішень у справах.

Окремим напрямком судової експертизи є судово-біологічна експертиза [1]. Її основними завданнями є:

- встановлення належності об'єктів біологічного походження до конкретного біологічного таксона (родини, роду, виду тощо), а також виявлення мікрооб'єктів зазначеного походження в будь-якій масі або на предметах обстановки місця події;
- встановлення спільної родової (групової) належності декількох порівнюваних об'єктів;
- установа належності об'єктів біологічного походження до одного цілого;
- визначення біологічних характеристик стану об'єкту (стадії розвитку організму, причин та часу змін його стану, механізму пошкодження тощо).

Для вирішення питань класифікаційної, діагностичної, ідентифікаційної експертизи як підмножини судово-біологічної експертизи [2] застосовуються морфологічні, анатомічні, гістологічні та молекулярно-генетичні методи досліджень.

Слід зазначити наявність відмінностей застосування молекулярно-генетичних методів дослідження у судово-медичній та біологічній експертизі, перш за все пов'язаних з різним правозастосуванням та формалізацією методики. Існує певна кількість офіційно визнаних рутинних методів та протоколів визначення батьківства та ідентифікації людини. Для досліджень біологічних об'єктів більш важливі методи ідентифікації і визначення таксономічних зв'язків, які швидко розвиваються і тому значно ближчі до науково-дослідної діяльності [2].

Враховуючи майже повну відсутність затверджених методик окрім загальної 9.5.01. «Методика проведення молекулярно-генетичних досліджень», 18.01.2019 [3] для проведення досліджень є потреба залучати загально-наукові, та спорідненні підходи з різних галузей експертиз. Розвиток методологічного забезпечення потребує створення та державної реєстрації нових методик, що може бути виконано шляхом наукового та практичного підтвердження достовірності та застосовності таких протоколів. Представлене дослідження присвячене саме відпрацюванню методики ідентифікації біологічних об'єктів з торгівельної мережі України.

Одним з частих питань, що постають перед судово-біологічною експертизою є ідентифікація та/або підтвердження тотожності біологічних об'єктів заявленим супроводжуючим документам чи

маркетинговим\торговим деклараціям. Поширені випадки невідповідності фактичних видів\родин тим, під якою назвою або описом вони реалізуються у торгівельній мережі. Протиправна діяльність приносить набагато більше прибутку при великій різниці у вартості фактичного та декларованого товару, тому має сенс для товарів які мають більшу вартість продажу, за змоги фальсифікувати їх дешевшими. Одним із видів товарів що збільшують свою популярність серед споживачів при досить малій обізнаності щодо особливостей та характеристик є двостулкові молюски устриці (Oysters). Досить велика мінливість та складність ідентифікації може дозволити недоброчинним постачальникам та продавцям здійснювати фальсифікацію та вводити споживача в оману. Окремо слід зазначити більш вузьке та складне питання: відповідність декларованого регіону вилову наявним там популяціям. На більшому масштабі, вилов, вирощування та інтродукція устриць може впливати на екологічні умови певної водойми чи регіону в цілому, тому доцільність визначення належності набуває великого значення.

Мета: вирішення ідентифікаційних завдань судово-біологічної експертизи зоологічних зразків з комерційного ринку України.

Об'єкт дослідження: біологічне різноманіття двостулкових молюсків.

Завдання: напрацювання методик молекулярно-генетичних досліджень судово-біологічної експертизи для ідентифікації представників молюсків родини Ostreidae: проведення морфологічного опису зразків, проведення молекулярно-філогенетичного аналізу для ідентифікації зразків, проведення делімітації видів для верифікації результатів молекулярно-філогенетичного аналізу.

## 1. ОГЛЯД ОБ'ЄКТУ ДОСЛІДЖЕННЯ

### 1.1. Роль об'єкту у світовому ринку харчових продуктів

На відміну від більшості продуктів, споживання яких з часом зростає (яловичина, свинина, курятина), споживання устриць з часом зменшилося – середньостатистична людина сьогодні вживає менше устриць, ніж кілька століть тому. У давнину устриці були основною їжею для багатьох цивілізацій, таких як римляни, корінні американці та навіть жителі Нью-Йорка ще в 19-му сторіччі.

Устриці та близькі види, такі як гребінці, мідії, відомі як двостулкові молюски - Bivalvia. Двостулкові молюски є одними з найдавніших істот на Землі та існували вже понад 500 мільйонів років, у кембрійський період. Дослідження скам'янілостей показують, що двостулкові молюски не дуже морфологічно змінились за цей час, оскільки скам'янілості нагадують сучасних устриць, мідій та інших молюсків, хоча тоді вони були помітно більшими. Скам'янілі устриці досягали довжини 1 метр та важили більше 10 кг.

Спочатку устриці готували на вогні, оскільки ранні люди мали примітивні інструменти, за допомогою яких було важко відкривати стулки молюсків для споживання сирими. Археологи вважають, що устриць ставили на вогонь або розігріте каміння і запікали, доки устриці не розкриються. На устрицях періоду мезоліту (10-7 тис. до н.е.) є сліди від вогню.

Кам'яний вік, який тривав від 2,5 мільйона років тому до 10 століття до нашої ери, залишив скам'янілі мушлі устриць багатьох прибережних цивілізацій, які продемонстрували, що устриці були важливою частиною раціону людини. Оскільки устриці ростуть на мілководді, то збирати їх було легше, ніж полювати на інших тварин. Крім того, устриці залишаються в одному місці все життя і не рухаються, коли вони прикріплюються до поверхні [4].

Устриці були делікатесом для заможного класу під час Грецької (13-9 століття до н.е.) і Римської цивілізацій (8 століття до нашої ери - 5 століття нашої ери). Устриці були настільки важливі для греків, що вони першими почали вирощувати устриці. Це робили рибалки, які розкидали уламки кераміки там, де росли устриці, щоб молюски мали можливість до них прикріпитись. Потім шматочки кераміки збирали та пересаджували. Устриці були настільки важливі, що раковину устриць навіть використовували під час голосування. Окрім голосування, грецькі міфи показують, наскільки важливими були устриці – грецька богиня краси та кохання Афродіта, народилася з моря в устриці. Отже, ідея про те, що устриця є афродизіаком, прийшла від Афродіти. Устриці все ще були частиною екстравагантних обідів римської еліти. Устриці стали дефіцитом через надмірний вилов за часів Римської імперії та виснаження устричних банок [4].

В епоху Відродження устриці були такими ж популярними серед аристократії. Вичерпання устриць і надмірний видобуток у той період не спостерігався.

Період з 18-19 століття був відомий як Золотий вік устриць, оскільки різке зростання видобутку устриць зробило їх надзвичайно доступними для широких верств населення в США та Європі. Зі сплеском виробництва устриць стало дешевше купувати, ніж м'ясо, птиця та риба. У 1885 році устриці коштували 0,03 долара за кожну (що еквівалентно 0,73 американського долара сьогодні) і у 1889 році ціна впала до 0,01 долара (еквівалентно 0,25 сучасного долара). Винайдення залізничного транспорту в 19 столітті призвело до того, що устриці почали доставляти по всій Європі та США. Розвиток залізничного транспорту, технологій консервування та охолодження сприяли торгівлі устрицями [5].

У США вилов устриць досяг свого піку між 1880 і 1910 роками. Протягом цього періоду США виловлювало до 16 мільйонів кг щорічно (сьогодні виробляється приблизно чверть цієї кількості). Це більше, ніж усі інші країни разом узяті. Є припущення, що Гавань Нью-Йорка, де колись містила більше половини світової популяції західної устриці *Crassostrea virginica*. Під час розквіту виробництва устриць вони коштували дешевше, ніж яловичина, птиця чи риба, тому їх навіть

продавали вуличні торговці. Устриць було спожито так багато, що жителі Нью-Йорка навіть вимощували Перл-стрит устричними мушлями та використовували їх у фундаментах будівель.

І в США, і в Європі устриці стали стандартною частиною раціону завдяки своїй великій кількості, доступності та низькій вартості. Устриці їли сирими або вареними, а також використовували для приготування пирогів, рагу або варили з іншим м'ясом. У Лондоні в 19 столітті устриці продавалися на кожному розі. Устриці також були дуже популярні в барах, оскільки їх вважали дешевою їжею, яку подають разом із алкогольними напоями та пивом.

До 20-го століття надмірний вилов устриць у США та Європі був помітним, і було важко підтримувати запаси устриць, необхідні для задоволення попиту. У США ситуація ще більше загострилася, оскільки основні ринки устриць у Нью-Йорку та Нью-Джерсі закрили свої устричні ділянки через надмірний видобуток. Збір перемістився в Чесапікську затоку та інші райони, але згодом також був закритий через надмірний видобуток. До цієї затоки мають виходи такі великі міста як Нью-Йорк, Балтімор та Вашингтон. Тим часом у 1970-х роках устриці вразили хвороби, які поставили різні види устриць на межу зникнення. Немісцеві види устриць були інтродуковані на устричні ділянки, щоб сприяти зростанню їх популяцій. За даними Monterey Bay Seafood Watch, «вирощені устриці складають 95 відсотків від загального світового споживання устриць. Більшість операцій з вирощування устриць дуже добре керовані та виробляють стійкий продукт» [5].

Ще у 1658 році, Нью-Йорк (Новий Амстердам) мав населення від 6 000 до 9 000 осіб, існували правила, які регулювали, коли і звідки можна добувати устриці через побоювання щодо виснаження цього джерела їжі. Зараз устриці вимерли в гавані Нью-Йорка (за оцінками, колись устриці вкривали 22 000 акрів гирла річки Гудзон) [4].

Устриці стали відносно дорогим продуктом харчування і швидко втратили свої позиції серед малозабезпечених. Згідно зі статистичними даними, середній американець сьогодні з'їдає лише 3 устриці на рік, тоді як жителі Нью-Йорка в 1800-х роках їли близько 600 устриць на рік. Сьогодні устриці відносно доступні, хоча й не такі дешеві, як раніше [4]. Вартість однієї штуки в Україні зараз становить від 50 до 250 грн. в залежності від торгової марки. Люди вживають устриць через їх солоний або солодкий смак (залежно від регіону) різними способами: сирими, приготованими на пару, смаженими або тушкованими з іншими інгредієнтами.

Однак, потрібно дуже обережно ставитися до якості устриць, за невеликого місця вилову вони можуть містити небезпечні речовини у тому числі важкі метали, добрива, органічні речовини що біоакумуються із забрудненої води. Те що устриця є фільтратором та сприятливі до забруднення навколишнього середовища є однією з причин, які спонукають вирощувати устриці в контрольованих умовах аквакультури. Але вирощені на фермі устриці також сприйнятливі до деяких із тих самих патогенів, що й вирощені в природних умовах. Бактерії *Vibrio vulnificus* та *V.*

*parahaemolyticus* можуть викликати серйозні захворювання (або навіть смерть) у людей, які їдять моллюсків або плавають в океанських водах, де присутні бактерії. Вібріон є однією з причин старої приказки: «їжте устриць лише в місяці з «р», тобто в холодніші місяці року, оскільки теплі води можуть спричинити легше поширення вібріону. Сьогодні проводиться чимало досліджень щодо того, як мінімізувати ризик зараження комерційного продукту, але завдяки підвищенню температури Світового океану вони просуваються далі на північ і ризик стає значущим у регіонах де його раніше не було [6].

Якість устриць та їх смак визначається так званим Мерруар (як «терруар» для вина) — клімат, геологія, якість, склад та температура води у якій росте устриця. Ці фактори змінюються залежно від місця її вирощування та пори року, коли її збирають.

## 1.2. Фінансова значущість об'єкту у світі

Розведення устриць - це діяльність щодо вирощування та збирання устриць для їжі. Протягом століть це було важливим джерелом засобів до існування для прибережних громад у всьому світі. Однак у зв'язку зі зростанням попиту на морепродукти та інтересу до сталого виробництва продуктів харчування, в останні роки устричне господарство знову привернуло увагу.

Розведення устриць – стійка та прибуткова галузь, яка може зробити значний внесок в економіку. У 2022 році устриці були 3185-м найбільш продаваним продуктом у світі із загальним обсягом торгівлі в 381 мільйон доларів. Найбільшими експортерами устриць (Рисунок 1.1) були Франція (140 млн доларів), Канада (71,7 млн доларів), Ірландія (51,1 млн доларів), Нідерланди (23,5 млн доларів) і США (17,8 млн доларів). Найбільшими імпортерами устриць були США (\$76,3 млн), Франція (\$50,5 млн), Італія (\$47,4 млн), Гонконг (\$34,2 млн) і Китай (\$21,3 млн) [7].

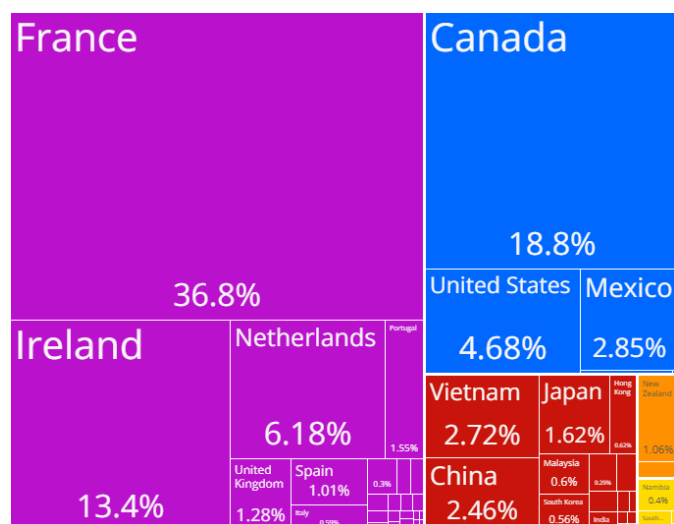


Рисунок 1.1. Експортери устриць, частина ринку, фінансові обсяги, за (<https://oec.world/en/profile/hs/oysters>)

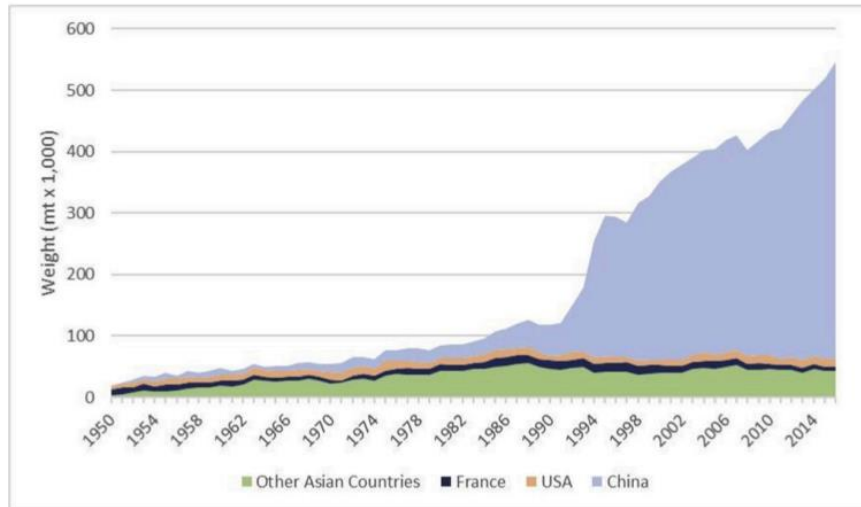


Рисунок 1.2. Виробництво устриць у аквакультурі, за вагою.

Спостерігається значне зростання виробництва устриць у світі (Рисунок 1.2). Окремо слід приділити увагу тому факту, що Китай значно випереджує за обсягом виробництва при відносно малому експорті, що дозволяє оцінити таке виробництво як потребу свого локального ринку. Втім, беручи до уваги значні виклики сьогодення щодо продовольчої безпеки світу та беззаперечні пошуки джерел та поточні зміни ринків збуту слід не виключати значного збільшення виробництва устриць у азійських країнах також і на експорт.

### 1.3. Загальний огляд комерційних видів

Устриці — група молюсків (близько 50 видів), що належать до класу двостулкових, ряду Ostreoida. У цьому порядку дві родини: Ostreidae і Pteriidae.

Ostreidae - їстівні «справжні устриці» з кількома родами, такими як *Crassostrea* та *Ostrea*. Цей тип устриць може змінювати стать, досить добре адаптуватися до навколишнього середовища. Кальциновані раковини захищають їх від хижаків і стихій. Любителі морепродуктів розрізняють їх за різноманітними смаками, які залежать від місця проживання та раціону.

Pteriidae включає перлинні устриці лише з одного роду *Pinctada*. Вони живуть у теплих водах Індо-Тихоокеанського регіону і мають гладку круглу зовнішність і райдужний перламутр. Перлові устриці мають жорстку м'якоть, і зазвичай їх у їжу не вживають [8,9].



Рисунок 1.3. Тихоокеанська устриця *Crassostrea gigas*

Тихоокеанські устриці *Crassostrea gigas* (Рисунок 1.3), японські устриці або устрицями Міягі, походять з тихоокеанського узбережжя Азії. Це найбільш культивована устриця у світі завдяки її солодкому, м'якому смаку та кремовій текстурі. Він також відомий своєю адаптивністю до різних умов навколишнього середовища, що робить його популярним в марікультурі. Тихоокеанська устриця швидко росте і може змінювати стать на різних етапах свого життя, що сприяє збільшенню її популяції на фермах. Однак надмірний вилов і хвороби загрожують популяціям тихоокеанських устриць.



Рисунок 1.4. Устриця Кумамото *Crassostrea sikamea*

Устриця Кумамото *Crassostrea sikamea* (Рисунок 1.4) - невеликий, але популярний вид. Існує таксономічна проблема, чи слід вважати його як самостійним видом *Crassostrea sikamea*, чи підвидом *Crassostrea gigas*. Він має солодкуватий і м'який смак, маслянисту текстуру та присмак дині. Основний сезон триває з осені до весни. Нерест відбувається в тепліших водах, ніж інші

устриці. Їм потрібно до трьох років, щоб вирости за протистояння поширеним хворобам устриць [9].



Рисунок. 1.5. Устриця атлантична *Crassostrea virginica*.

Атлантична устриця *Crassostrea virginica* (Рисунок 1.5). також відома як східна устриця, зазвичай зустрічається в лиманах і приливних зонах уздовж східного узбережжя Північної Америки та узбережжя Мексиканської затоки. Вони формують великі устричні рифи. Вони також є гермафродитами – можуть змінювати стать протягом життя. Атлантичні устриці відомі завдяки своєму насиченому солоному смаку та твердій текстурі.



Рисунок 1.6. Устриця Оупрія *Ostrea lurida*.

Устриця Оупрія або *Ostrea lurida* (Рисунок 1.6) - єдина устриця, яка поширена на північно-західному узбережжі Тихого океану, від Аляски до Нижньої Каліфорнії, з виразним мідним смаком і солодким металевим відтінком, тому ферми рідко її вирощують. Вони є критично важливими фільтраторами, очищаючи до 95 літрів води на день. На жаль, надмірний видобуток, забруднення

та інвазивні види призвели до зменшення їх популяції. Природоохоронці наполегливо працюють над відновленням їх чисельності [6].



Рисунок 1.7. Європейська плоска устриця *Ostrea edulis*.

Європейська плоска устриця *Ostrea edulis* (Рисунок 1.7) походить із європейських вод і відома своєю виразною раковиною та тонким смаком. Ці устриці також відомі як устриці Белона. Це гермафродит, комерційно вирощується незважаючи на їх повільний ріст порівняно з іншими сортами устриць, але надмірний вилов риби та хвороби загрожують їхнім популяціям. Устриці відіграють важливу роль в екосистемі, забезпечуючи середовище існування для морських мешканців і допомагаючи у фільтрації води.



Рисунок 1.8. Сіднейська устриця *Saccostrea glomerata*.

Сіднейські устриці *Saccostrea glomerata* (Рисунок 1.8), які зустрічаються в Австралії та Новій Зеландії, характерні для солонуватих вод. Мають солодкий і насичений мінералами смак. Задіяні у промисловій аквакультури Австралії.

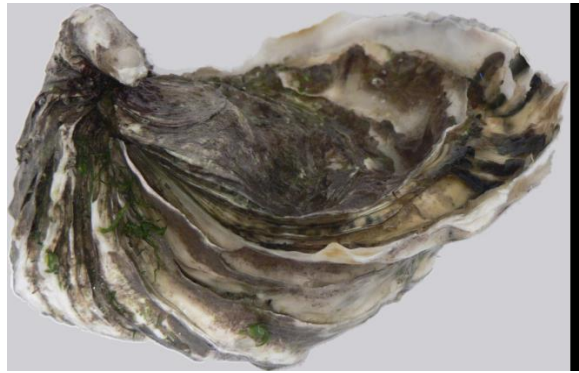


Рисунок 1.9. Новозеландська кам'яна устриця *Crassostrea gigas*.

Новозеландські кам'яні устриці *Crassostrea gigas* (Рисунок 1.9) були завезені в Нову Зеландію в 1970-х роках. Зараз вони є одним з основних об'єктів аквакультури Нової Зеландії. Ці устриці можуть жити в припливно-відливних і приливно-відливних зонах і адаптуватися до різних температур. Вони мають шорсткі та неправильні черепашки, які є домом для інших морських істот. Смак устриць солодко-солонуватий з мінеральними відтінками. Хвороби та надмірний вилов риби загрожують їхньому виживанню.



Рисунок 1.10. Устриця португальська *Crassostrea angulata*.

Португальська устриця *Crassostrea angulata* (Рисунок 1.10) - вид устриць, який зазвичай зустрічається вздовж узбережжя Європи та Північної Африки. Він добре відомий у промисловості морепродуктів і популярний у Португалії завдяки своєму унікальному смаку. Смак устриці відображає її середовище проживання, приливну та приливну зони, де вона процвітає на мулистих або піщаних субстратах [9].



Рисунок 1.11. Устриця пір'янка *Pinctada margaritifera*.

Устриця пір'янка *Pinctada margaritifera* (Рисунок 1.11) – відносять до перлинних, у їжу не використовують.

#### 1.4. Таксономічні проблеми

Устриці (родина *Ostreidae*) поширені по всьому світу вздовж берегів усіх континентів (крім Антарктики) і деяких океанічних островів (Gunter 1950). Враховуючи їхнє економічне значення та значну роль у прибережних екосистемах (Ruesink та ін. 2005), устриці є одними з найбільш детально вивчених морських тварин. Однак види устриць довгий час кидали виклик систематиці. Оскільки устриці є одними з найбільш мінливих тварин у світі щодо форми мушлі (Gunter 1950), класифікація та ідентифікація на основі морфологічних ознак призвели до численних помилок і плутанини в таксономії устриць. Наприклад, до 1970-х років було визнано понад сто існуючих видів устриць, але Гаррі(1985) перекласифікував їх і припустив, що дві третини можуть бути синонімами. Крім того, навмисне або випадкове антропогенне переміщення (див. огляд Ruesink та ін. 2005) загострює проблему.

Швидке зростання індустрії аквакультури устриць, а також навмисна інтродукція або трансплантація устриць настійно вимагає точної ідентифікації видів. Постійна плутанина в таксономії та ідентифікації устриць також стала перешкодою для подальших досліджень генетики та забезпечення збереження природних популяцій устриць.

В останні роки молекулярні інструменти сприяли вирішенню деяких питань щодо ідентифікації устриць і таксономічних зв'язків. *Crassostrea hongkongensis*, наприклад, є першим видом *Ostreidae*, який описано генетично, на додаток до ознак мушлі (Lam & Morton 2003). Взаємозв'язки та ідентифікацію видів устриць досліджували за допомогою алозимів (Бенкс та ін., 1994), випадково ампліфікованої поліморфної ДНК (RAPD) (Клінбунга та ін., 2001), поліморфізму довжини рестрикційних фрагментів (RFLP) (Клінбунга та ін., 2003). , 2005) і послідовності ДНК, такі як

мітохондріальні та ядерні гени (Littlewood 1994; Jozefowicz & O' Foighil 1998; Lam & Morton 2003; Yu та ін. 2003; Lopez-Flores та ін. 2004, 2010; Wang та ін. 2004, 2008a; Reese та ін. 2008 ; деМело та ін. 2010).

Мультиплексні ПЛР дослідження з набором видоспецифічних праймерів також мають використовуватися для ідентифікації устриць, як такі, що підтвердили просту, швидку та ефективну ідентифікацію.

У роботі J. LIU ET AL [10] було наведено ефективність досліджень за допомогою двох методів: за використання мітохондріальних генів цитохром-с-оксидази I (COI) та великої рибосомальної субодиниці (16S рДНК), при чому кожен з них має як переваги так і недоліки. Показано, що дослідження за COI дають більшу точність ідентифікації на тих самих зразках ніж аналогічні за 16S, втім мали більше невдалих секвенувань, тобто потребують розробки більш слушної методики та прискіпливого її виконання.

Таким чином, для ідентифікації устриць у деяких випадках судово-біологічної експертизи пропонується для опрацювання та удосконалення така методика:

## 2. МАТЕРІАЛИ І МЕТОДИ

### 2.1. Відбір зразків.

Враховуючи те, що такий продукт як устриця споживається у більшості у сирому вигляді, зазвичай він постачається у живому охолодженому стані. Мертві особини використанню не підлягають. Пошкоджені, роздавлені мушлі можуть призвести до зайвої контамінації, тому відбраковуються. За наявного вибору з партії відбраковуються такі, що значно не відповідають вигляду загалом за розміром, кольором, будовою як помилкові при постачанні.

Живі об'єкти зберігають та транспортують за умов постачання – у охолодженому стані, без заморожування у термін, що не перевищує зазначений як термін споживання. За неможливості зберігання та отримання зразку при живому стані об'єкт заморожується, з дотриманням умов запобігання контамінації – у окремій ємності для уникнення витоку мушлевої рідини при розморожуванні.

За викладеною методикою отримано 15 зразків устриць доступних у роздрібній мережі, з фіксацією (за можливості) інформації про торгову назву, вказаний виробником регіон вилову чи вирощування, біологічного виду (Рисунок 2.1).



Рисунок 2.1. Зразок FDB2, задекларований опис.



Рисунок 2.2. Зразок FDB2, розташування промірів.



Рисунок 2.3. Зразок FDB2, зовнішній вигляд.

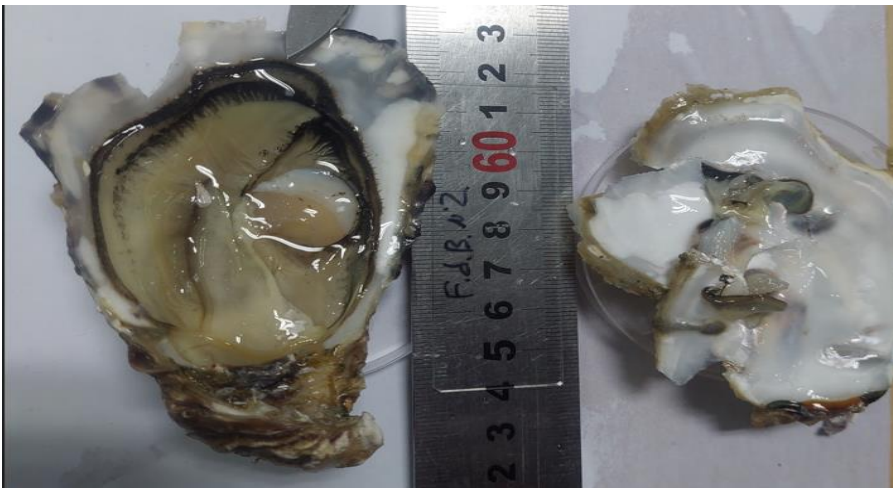


Рисунок 2.4. Зразок FDB2, внутрішній вигляд.

Перед відкриттям стулок та після відкриття стулок зразки фотографувались в різних ракурсах на фоні масштабної лінійки (Рисунок 2.2-2.4), Додаток А

Відомості щодо промірів мушлів наведено у Додатку Б та таблиці 2.1, зразок розташування точок проміру - рисунок 2.2

Зразок	flat, length	flat, width	cup, muscle	flat, tip	cup, length	cup, width	cup, muscle	cup, tip	top, angle
позначка	1	2	3	4	5	6	7	8	9
dim	mm	mm	mm	mm	mm	mm	mm	mm	deg
cry2s6	81,01	51,32	15,24	22,8	104,62	68,57	14,56	25,4	54,81
fdb1	102,07	47,53	13,88	27,98	114,24	63,17	16,55	29,91	58,97
fdb2	79,95	79,95	13,83	25,29	106,52	67,26	14,16	30,84	52,8
fdc1	93,74	47,3	13,76	25,53	121,75	58,73	13,04	29,33	74,59
fdc2	77,15	39,33	12,74	21,61	108,52	57,71	11,19	22,68	52
fdc2s4	84,56	35,44	8,54	17,83	105,48	44,43	8,47	19,57	63,77
gill2s7	82,21	49,32	20,65	22,01	100,88	60,78	20,55	27,11	70,18
moa8	61,93	40,93	9,99	0,42	87,02	52,14	13,35	23,17	81,25
or2e1	93,08	56,09	20,21	24,08	114,96	79,53	20,57	25,86	65,29
oua9	66,37	37,63	8,96	17,57	75,8	48,81	7,14	17,08	86,65
pf1	82,86	53,84	14,35	23,55	103,56	103,56	14,7	29,07	67,68
pf2	85,04	53,96	17,81	22,55	107,43	66,89	14,31	31,1	80,2
ro3s3	75,93	45,52	13,72	19,87	95,27	54,31	15,2	24,12	69,12
sa3s5	87,4	87,4	16,45	21,45	103,94	62,37	17,92	25,08	67,19
sa3s2	88,08	37,53	8,08	18,4	108,56	45,07	4,99	23,32	55,8

Таблиця 2.1. Досліджений матеріал із умовними позначеннями

У таблиці 2.2 наведено данні щодо зразків, та маркувань на фото електрофорезограм та .

	Фото	Маркування коротке	Маркування	Постачальник	Торгівельна марка	маркування Macrogen
Група 1						
1	1-b2	1	FDC1	Metro	fin de claire n1	7/AB
2	1-a	2	FDC2	Metro	fin de claire n2	8/AB
3	1-b2	3	FDB2	Metro	fin de bretagne n2	9/AB
4	1-b1	4	FDB1	Metro	fin de bretagne n1	5/AB,10/AB
5	1-a	5	PF1	Metro	petit france n1	11/AB
6	1-b1	6	PF2	Metro	petit france n2	12/AB
Група 2						
1	2-c1	1/2	OR2E1	Egersund	ostra regal n2	5/CD
2	2-c1	2/2	SE3S2	Silpo	selin n3	6/AB
3	2-b	3/2	RO3S3	Silpo	rons n3	4/CD
4	2-c1	4/2	FDC2S4	Silpo	fin de clair n2	4/AB
5	2-a	5/2	SAN3S5	Silpo	santinel n3	3/AB
6	2-c1	6/2	CRY2S6	Silpo	crystal n2	3/CD
7	2-b	7/2	gill2S7	Silpo	gillard n2	2/AB
8	2-b	8/2	MOA8	Ashan	mar oler	2/CD
9	2-c1	9/2	OUA9	Ashan	ouster	1/AB,1/CD

Таблиця 2.2. Досліджений матеріал із умовними позначеннями

## 2.2. Вiдбiр матерiалу молекулярно-генетичних дослiджень.

У якостi джерела геномної ДНК використовується частинка привiдного м'язу. Вiдбiр з внутрiшньої частини м'язу виконується стерильним iнструментом для уникання забруднення.

Для подальших та контрольних дослiджень частина м'язу окремо консервується у чистому 96% етиловому спиртi з подальшим зберiганням у замороженому станi при  $-20^{\circ}\text{C}$ . Стулки, що пiдлягають подальшому морфологiчному опису, зберiгаються у сухому виглядi.

## 2.3. Лiзiс м'язiв молюскiв.

Реактиви – Lysis Buffer C, Proteinase K (Sigma-Merck<sup>TM</sup>). Обладнання – термошейкер JOAN LAB<sup>TM</sup> DBS100-C, вортекс, центрифуга лабораторна. Для видiлення геномної ДНК приблизно 100 мг нефiксованої м'язової тканини молюска стерильним iнструментом переносять в конiчну пробiрку 1,5 мл типу Eppendorf. В пробiрку додають 100 мкл Lysis Buffer C та 5 мкл Proteinase K. Пробiрки встановлюють у термошейкер для iнкубацiї при температурi 55 оС та частотi перемiшування 600 об/хв. Тривалiсть iнкубацiї не менше 3 годин до повного розчинення тканин. Пiсля розчинення тканин, пробiрку iнтенсивно встряхують на вортексi i центрифугують при 1000 об/хв. 60 сек. З середньої частини пробiрки дозатором забирають 5 мкл розчину i розчиняють високоочищеною водою для молекулярних дослiджень (ThermoScientific<sup>TM</sup>) в пропорцiї 1:19. Всi пробiрки вiдповiдним чином маркують. Маркування записуються у лабораторний журнал. Всi розчини зберiгаються у морозильнiй камерi при  $-20^{\circ}\text{C}$ .

## 2.4. Пiдготовка та проведення полiмеразно-ланцюгової реакцiї (ПЛР).

Реактиви – праймери (16Sar1, 16Sbrh) MacroGene<sup>TM</sup>; високо очищена вода для молекулярних дослiджень (ThermoScientific<sup>TM</sup>), мастермiкс FireHot BentoLab Bento Lab<sup>TM</sup> (до складу входить буфер, Таq-полiмераза, розчин 4-х нуклеотидiв,  $\text{MgCl}_2$ ). Обладнання – дозатори, центрифуга-вортекс, ПЛР-бокс, амплiфiкатор Applied Biosystems<sup>TM</sup> AB9700. Праймери перед пiдготовкою реакцiйної сумiшi розводять у пропорцiї 1:9. Об'єм реакцiйної сумiшi розраховують на кiлькiсть зразкiв та негативний контроль.

Сумiш на 1 зразок:

- Мастермiкс FireHot – 2,4 мкл
- Праймер 16Sar1 – 0,6 мкл
- Праймер 16Sbrh - 0,6 мкл
- Вода – 6,0 мкл

Розчин по 9,6 мкл розподіляють по ПЛР-пробірках 200 мкл і додають по 2,4 мкл геномної ДНК від кожного досліджуваного зразка. В пробірку з негативним контролем додають 2,4 мкл очищеної води замість ДНК. Всі пробірки зі зразками перемішують та осаджують на центрифугі-вортексі.

Пробірки встановлюють в ампліфікатор та проводять полімеразно-ланцюгову реакцію за програмою:

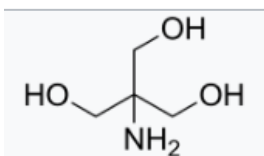
- Денатурація ДНК –94 °С - 14 хв.
- 30 циклів ампліфікації
- Денатурація ДНК –94 °С – 60 сек.
- Відпал - 52 °С – 90 сек.
- Подовження - 72 °С 60 сек.
- Припинення реакції - 72 °С – 10 хв.
- Охолодження до 10 °С.

Електрофорез продуктів ПЛР фрагменту гену 16S.

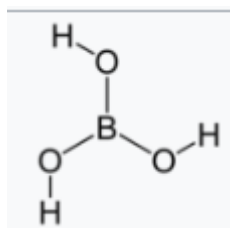
#### Реактиви:

Буфер для електрофорезу – 10X TBE Electrophoresis Buffer (ThermoScientific™):

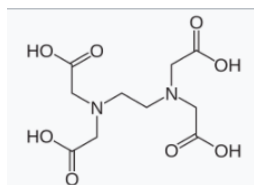
Tris - tris(hydroxymethyl)aminomethane (HOCH<sub>2</sub>)<sub>3</sub>CNH<sub>2</sub>.



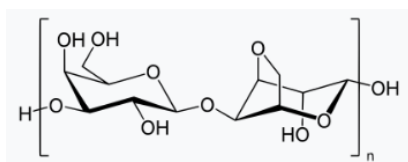
Borate – борна кислота B(OH)<sub>3</sub>.



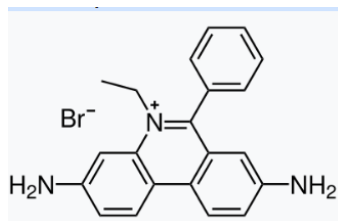
EDTA - Ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA) [CH<sub>2</sub>N(CH<sub>2</sub>CO<sub>2</sub>H)<sub>2</sub>]<sub>2</sub>.



Агароза (C<sub>12</sub>H<sub>18</sub>O<sub>9</sub>)– Higel-Agarose Cleat™ (DNase-RNase free), Німеччина



Флуоресцентний барвник – бромистий етидій (3,8-діаміно-5-етил-6-фенилфенантридіум бромід  $C_{21}H_{20}BrN_3$ ).



DNA-ladder – Bento Lab™ (UK)

**Обладнання:** мікрохвильова піч, термометр, ваги, мірний циліндр, термостійка колба, автоматичне лабораторне джерело живлення, кадоочка KODAK™ BioMax QS710 для електрофорезу, дозатор.

Для виготовлення агарозного гелю готується буфер. Для цього первинний розчин TBE-буферу розводиться у мірному циліндрі дистильованою водою у співвідношенні 1:9. Готується 500 мл такого розчину. Розчин зберігається у неактивній пляшці. Ємність кадоочки для електрофорезу складає 250 мл, з них об'єм буферу – 200 мл. Ємність пляшки для агарозного гелю складає 50 мл. Для приготування 50 мл 1% агарозного гелю відміряється 0,5 г порошку агарози, яка пересипається у конічну термостійку колбу. До колби додається 49,5 мл приготованого розчину TBE-буферу. Колба закривається зворотним холодильником та встановлюється у мікрохвильову пічку. Колба розігрівається до закипання та повного розчинення ага рози в буфері. Розчин мусить стати гомогенним. Після повного розчинення та відключення печі, в колбу встромляється термометр. Треба дочекатись зниження температури розчину до 55°C. Після цього розчин виливається в пляшку кадоочки і в нього дозатором додається 4 мкл бромистого етидію. Барвник ретельно перемішується у гелі до рівномірного забарвлення останнього. Після цього в пляшку встромляється гребінка для формування лунок в гелі. Температура гелеутворення 45 °C. Ячейку залишають на 60 хвилин до повного застигання. Після цього гребінка видаляється, а пляшка переноситься в кадоочку для електрофорезу і заливається завчасно підготовленим TBE-буфером до повного занурення гелю. Дозатором в лунки вноситься DNA-ladder (1,5 мкл), та отримані продукти ПЛР (2 мкл). Контакти кадоочки підключаються до джерела живлення постійного струму. Напруга розраховується з співвідношення 10V на 1 см довжини пластини гелю. Таким чином встановлюється 60 V. Електрофорез триває не менше 30 хвилин, або до досягнення забарвлених в зелений колір смужок ПЛР-продуктів середини пластини гелю.



Отримані від лабораторії сиквенси (Додаток В) є хроматограмами окремо для кожного місця плашки і підлягають попарному об'єднанню прямої та відповідної зворотної послідовності. У залежності якості результатів відбору, ампліфікування та секвенування отримані хроматограми можуть бути автоматично або з незначною обробкою попарно об'єднані за допомогою спеціалізованого ПЗ ChromasPro (<https://technelysium.com.au/wp/chromaspro/>) (рисунок 2.5). Як видно з хроматограм, деякі пари дають досить повний, достовірний збіг прямого та зворотного проходу (Додаток В, зразки *212DSAA001\_A12\_premix*, *212DSAA001\_A11\_premix*) у той час як деякі (Додаток В, зразок *212DSAA001\_B08\_premi*, *212DSAA001\_B03\_premixx*) для аналізу використовувати не можна у зв'язку з можливою контамінацією а деякі можна допустити до аналізу за умови не автоматичної обробки первинних даних.

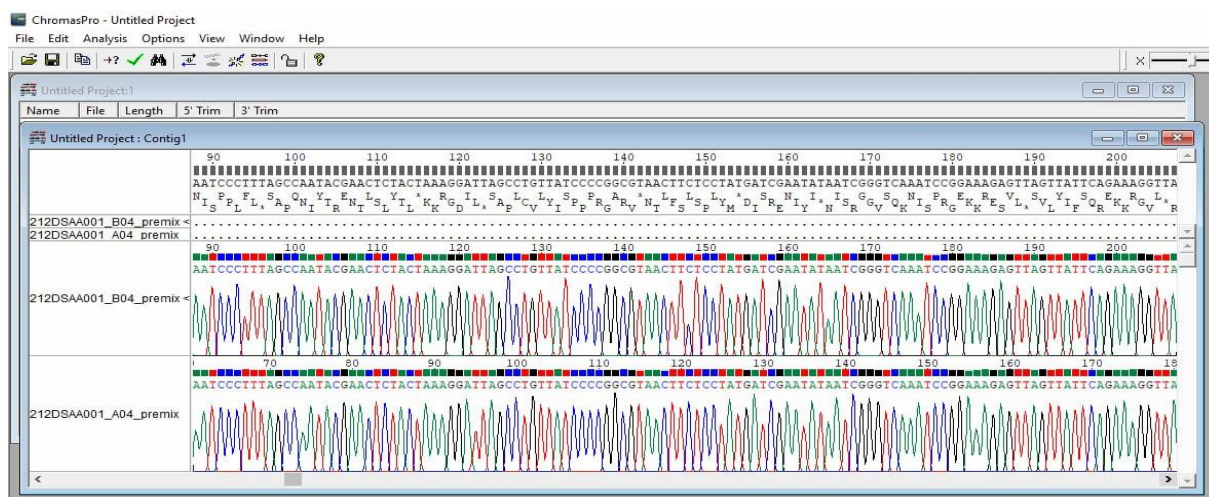


Рисунок 2.5. ПЗ ChromasPro.

Процедура отримання контигу:

- Для кожного зразку створюється окремий проект (New project...).
- До проекту додається обидві (пряма та зворотна) хроматограми
- Виконується автоматичне створення контигу.
- За умови вдалої обробки деякі позиції сиквенсу у яких автоматично не можуть бути прийняті рішення щодо нуклеотиду мають бути підтвердженні дослідником.
- У разі невдалої спроби об'єднання та видимого дефекту тільки одного з напрямків для подальшого аналізу може бути допущений один з них з урахуванням зниженої достовірності отриманої послідовності.

Отримані послідовності зберігаються у стандартному текстовому файлі (Додаток З) та як проект за потреби.

## 2.7. Побудова матриці близьких видів.

Отримані текстові послідовності можуть бути порівняні з відомими зразками у GenBank для визначення групової належності. Одним із вдалих інструментів що може бути використаний в автономному чи онлайн режимі є ресурс National Center for Biotechnology Information (NCBI) (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) (рисунк 2.6). Для аналізу треба обрати необхідний механізм пошуку, надати пошуковий критерій (послідовності) - окремо або завантажити з файлу, вказати базу даних для пошуку, допоміжні та уточнюючі параметри за потреби.

The image shows the NCBI BLAST web interface. At the top, there are tabs for different BLAST programs: **blastn**, blastp, blastx, tblastn, and tblastx. The **blastn** tab is selected.

**Enter Query Sequence**

Enter accession number(s), gi(s), or FASTA sequence(s) [Clear](#) Query subrange [?](#)

From  To

GGGCTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAAT  
TTCAATAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCCTCGTTAAACCATTCATGCAG  
GCCACAATCAAAAAGGCAAGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCAGGCT  
AGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTGCACTGGGCAGGTATTGCT

Or, upload file  Файл не выбран [?](#)

Job Title

Enter a descriptive title for your BLAST search [?](#)

Align two or more sequences [?](#)

**Choose Search Set**

Database  Standard databases (nr etc.)  rRNA/ITS databases  Genomic + transcript databases  Betacoronavirus  Experimental databases

Core nucleotide database (core\_nt) [?](#)

Organism Optional   exclude

Enter organism common name, binomial, or tax id. Only 20 top taxa will be shown [?](#)

Exclude Optional  Models (XM/XP)  Uncultured/environmental sample sequences

Limit to Optional  Sequences from type material

Entrez Query Optional  [YouTube](#) [Create custom database](#)

Enter an Entrez query to limit search [?](#)

**Program Selection**

Optimize for  Highly similar sequences (megablast)  More dissimilar sequences (discontiguous megablast)  Somewhat similar sequences (blastn)

Choose a BLAST algorithm [?](#)

**BLAST** Search database core\_nt using Megablast (Optimize for highly similar sequences)  Show results in a new window

**Algorithm parameters**

**General Parameters**

Max target sequences  [?](#)  
Select the maximum number of aligned sequences to display [?](#)

Short queries  Automatically adjust parameters for short input sequences [?](#)

Expect threshold  [?](#)

Word size  [?](#)

Max matches in a query range  [?](#)

Рисунок 2.6. ПЗ NCBI BLAST вихідні данні.

У результаті пошуку система надає перелік зареєстрованих у відповідний БД нуклеотидних послідовностей що частково збігаються з пошуковим критерієм.

[← Edit Search](#)   Save Search   Search Summary ▾   
 [How to read this report?](#)   [BLAST Help Videos](#)   [Back to Traditional Results Page](#)

**Job Title**   **Nucleotide Sequence**  
**RID**   [23RG6U4X016](#)   Search expires on 05-13 19:39 pm   [Download All](#) ▾  
**Program**   BLASTN   [Citation](#) ▾  
**Database**   core\_nt   [See details](#) ▾  
**Query ID**   lcl|Query\_7582201  
**Description**   None  
**Molecule type**   dna  
**Query Length**   447  
**Other reports**   [Distance tree of results](#)   [MSA viewer](#) ⓘ

**Filter Results**  
**Organism**   only top 20 will appear    exclude  
 Type common name, binomial, taxid or group name  
[+ Add organism](#)  
**Percent Identity**    to    
 **E value**    to    
 **Query Coverage**    to   
  

**Descriptions**   Graphic Summary   Alignments   Taxonomy

**Sequences producing significant alignments**   Download ▾   Select columns ▾   Show 100 ▾ ⓘ

select all   100 sequences selected   
 [GenBank](#)   [Graphics](#)   [Distance tree of results](#)   [MSA Viewer](#)

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas 16S ribosomal RNA gene, partial sequence, mitochondrial</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	487	<a href="#">JF808180.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas isolate CG-RU 16S ribosomal RNA gene, partial sequence, mitochondrial</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	500	<a href="#">AY632650.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas isolate CG38 16S ribosomal RNA gene, partial sequence, mitochondrial</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	511	<a href="#">FJ478033.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Saccostrea palmula strain Saqa18sH3 large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence, mitochondrial</a>	<a href="#">Saccostrea palm...</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	530	<a href="#">OQ551179.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Magallana gigas isolate CGSC1b 16S ribosomal RNA gene, partial sequence, mitochondrial</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	540	<a href="#">MF663018.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas isolate YK01 mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18225	<a href="#">KJ855243.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Magallana gigas isolate CGSC1a 16S ribosomal RNA gene, partial sequence, mitochondrial</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	532	<a href="#">MF663017.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Magallana gigas mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18224	<a href="#">MZ497418.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Alectryonella plicatula mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Alectryonella plic...</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18225	<a href="#">NC_058354.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas isolate CoJap23 mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18225	<a href="#">KJ855241.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas isolate YK05 mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18225	<a href="#">KJ855244.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Magallana gigas genome assembly, organelle, mitochondrial</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18225	<a href="#">OY970765.1</a>
<input checked="" type="checkbox"/>	<a href="#">Crassostrea gigas isolate WF34 mitochondrion, complete genome</a>	<a href="#">Magallana gigas</a>	826	826	100%	0.0	100.00%	18225	<a href="#">KJ855245.1</a>

Рисунок 2.7. ПЗ NCBI BLAST - результати.

Система надає можливість обмежити пошук по певним критеріям – за ступенем збігу, генетичної відстані, належності чи виключення певних таксонів. З отриманого результату можна вивантажити данні щодо спільних послідовностей з урахуванням початкової точки та довжини збігу та (або) відповідні повні записи з системи GenBank (рисунок 2.7).

Подальший аналіз даних доцільно проводити при високому ступені збігу даних зразка з даними GenBank, щонайменше > 90% за параметром Perc.Identity. У разі низького проценту збігу можна говорити про недостовірність первинних даних та відповідно недоцільність їх подальшого аналізу.

Таким чином для кожного зразку було отримано набір даних щодо генетичного матеріалу споріднених з ним зразків з GenBank.

Подальший аналіз передбачає створення спільної матриці геномної інформації та включає:

Виключення повторів рядків, що можуть бути за рахунок отримання однакових даних для різних зразків.

Додавання даних окремих генетично споріднених видів подальшого для використання у якості кореню філогенетичного дерева.

Видалення даних що не стосуються досліджуваному сегменту, наприклад з повногеномних

наборів.

Аналіз матриці для виявлення спільних груп нуклеотидних послідовностей.

Вирівнювання матриці за спільними ознаками послідовності.

Для вирівнювання матриці та її редагування було використано ПЗ MEGA (<https://www.megasoftware.net/>).

Для виконання вирівнювання матриці створюється відповідний проект, у який додаються дані первинних зразків, дані споріднених зразків, дані зразків для створення кореню дерева. За наявності інформації щодо початку та довжини зони збігу задовгих послідовностей вони можуть бути попередньо обрізані до регіону зацікавленості. Повністю дубльовані послідовності що належать одному зразку мають бути виключені як такі, що не несуть додаткової корисної інформації та будуть примусово виключені з подальшого аналізу.

Виконується вирівнювання алгоритмом MUSCLE з параметрами аналізу за замовченням. Отримана матриця містить строки різної довжини, центральну – інформаційно корисну, головні та хвостові частини в залежності від напрямку секвенування та зазвичай не є досить достовірними, не несуть забагато корисною інформації та підлягають виключенню (Рисунок 2.8).

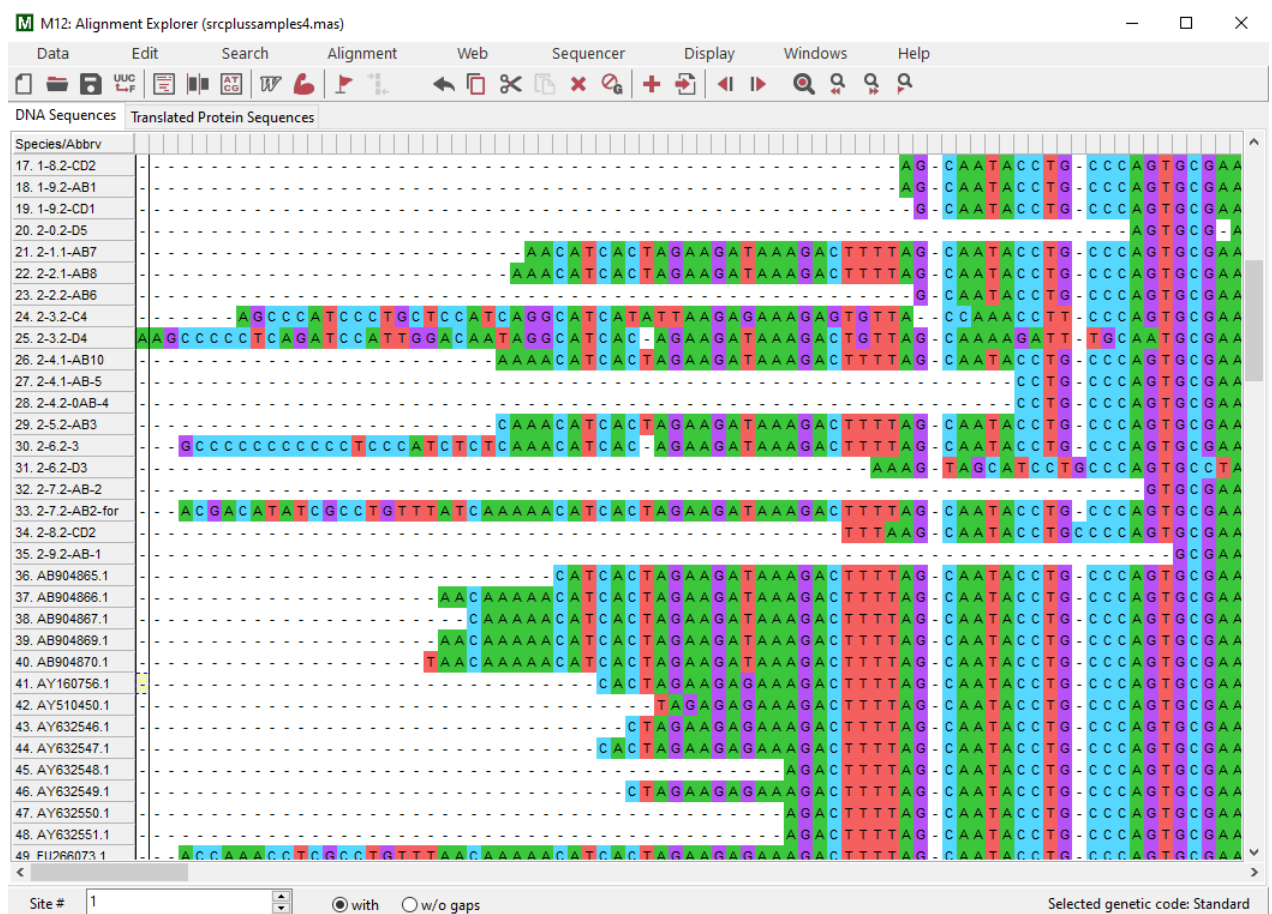


Рисунок 2.8. «Хвости» праймерів у послідовностях.

## 2.8. Побудова філогенетичного дерева.

Вирівняна матриця близьких зразків містить інформацію щодо відмінностей між послідовностями, які можуть вказувати на певну генетичну розбіжність чи спорідненість. Враховуючи те, що 16S рРНК відносять до повільно змінюваних з часом, розбіжності у наборі послідовностей відображає міжвидову а не між особисту відмінність. Як для аналізу других локусів, важливими є зміни у наборі – мутації що проходять постійно та з певною швидкістю, як то інсерції, делеції, дуплікації, заміни. Таким чином, використовуючи теорію молекулярного годинника [11], відповідне ПЗ та алгоритми обробки можна сподіватися на отримання уявлення про філогенетичні відмінності зразків та їх еволюційну послідовність.

Для побудови дерева використовувалося ПЗ iqtree (<https://iqtree.github.io/>), з наступними параметрами:

```
iqtree2 -s ./scmnewoutcomplete32.fas -m TEST -bb 1000 -alrt 1000 -nt 6 -abayes -ancestral -nm 5000
```

А саме, у якості файлу даних використовується файл у FAS форматі ./scmnewoutcomplete32.fas, що був отриманий у попередньому етапі, автоматичне обрання та використання найліпшої моделі, кількість початкових кореневих реплік бутстрепа 1000, кількість потоків виконання 6, виконання баєсовського (Anisimova et al. 2011) та родового аналізу, максимальна кількість ітерацій пошуку оптимального дерева (сходження >0.99) 5000 циклів, у якості первинного кореню дерева – данні послідовності 1 рядку файлу.

За використання онлайн ресурсу <http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/> (multicore version 1.6.12) побудовано філогенетичне дерево представників роду *Crassostrea* Sacco, 1897 (Bivalvia; Ostreida; Ostreidae) із включенням досліджуваних зразків та зразків з підродини *Crassostreinae*. Всього в дерево включено 224 послідовності фрагменту мітохондріального гену 16S. Дерево побудовано за методологією Maximum Likelihood, з 1000 ітерацій філогенетичних дерев та 1000 генерацій байєсівського бутстрепа. Дерево візуалізоване та укорінено відносно аутгрупи з використанням пакету FigTree (Tree Figure Drawing Tool) Ver. 1.4.4. У якості аут групи, відносно якої укорінено дерево, використано 9 видів з підродини *Ostreinae* родини *Ostreidae*.

## 2.9. Перевірка філогенетичного дерева методом «p-distance»

Для перевірки надійності отриманого філогенетичного дерева та підтвердження приналежності досліджених зразків до *C. (Magallana) gigas* застосовано кілька методів.

Перший – розрахунок генетичних відстаней (p-distance). Для розрахунку використано програмний пакет MEGA X. Результати розрахунку наведено в таблиці Додатку Д. Генетична

відстань між фрагментами сіквенованих генів визначається у долях від 1,0 до 0,0. Мінімальний показник 0,0 означає відсутність генетичних відмінностей, 1 – повна відмінність. Однак показник «1» в цих розрахунках недосяжний, оскільки розраховуються показники відстаней між близькими видами. Загальноприйнятим гепом CO1 для видового рівня у еукаріот визнано відстань 0,05. Для рівня роду ~ 0,10-0,12. Для послідовностей мітохондріального гену 16S дослідженої групи молюсків розмір гепу видового рівня не відомий. В різних групах тварин ці гепи можуть відрізнятися. Необхідно визначити гепи характерні для дослідженої групи молюсків.

## 2.10. Делімітація видів за ABGD

Для розрахунку генетичних гепів використовується сервіс ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdold.html>). Метод чутливий до нещодавніх еволюційних подій, видоутворення, великої кількості видів. (N Puillandre, A Lambert, S Brouillet and G Achaz [ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation](#), Mol Ecol. 2011.)

До аналізу залучено 1032 послідовності фрагменту (32 послідовності досліджених зразків включно) гену 16S представників родини Ostreidae. Застосовано модель субституції Kimura K80, відносна довжина гепу 0,5.

## 2.11. Делімітація видів – РТР модель Пуассона.

РТР – Пуассонівський аналіз вхідного філогенетичного дерева для визначення передбачуваних меж видів. Застосовується пуассонівська модель розподілу регулярних нечастих подій – субституцій. (A General Species Delimitation Method with Applications to Phylogenetic Placements. Zhang, Jiajie, Kapli, P., Pavlidis, P., and Stamatakis, A. Bioinformatics (Oxford, England)(2013), 29 (22): 2869-2876)

Для виконання аналізу використано сервіс Species Delimitation Server (<https://species.hits.org/>). Сервіс додає значення байєсівської підтримки (BS) до розділених видів у вхідному дереві отриманого методом ML (Maximum Likelihood). Більше значення BS на вузлі означає, що всі нащадки з цього вузла, швидше за все, належать до одного виду. В сервіс було завантажено оригінальне філогенетичне дерево, що раніше було отримано через сервіс IQ-tree.

### 3. РЕЗУЛЬТАТИ

#### 3.1. Створення матриці послідовностей фрагментів гену 16S

Отримано матрицю послідовностей фрагментів гену 16S. Матриця містить 224 послідовності: аутгрупа включає послідовності 9 видів з підродини *Ostreinae*, 34 послідовності досліджених зразків, 181 послідовність представників підродини *Crassostreinae*. На рисунку 3.1 зображено частину отриманої матриці, при цьому: рядки 18-33,41 – досліджувані зразки, рядки 34-40,42-47 – послідовності споріднених зразків, стовбці з зірочкою зверху – повний збіг всіх зразків в усіх рядках, колір та буква – відповідний нуклеотид у послідовності. Довжина послідовностей фрагменту мітохондріального гену 16S після «обрізання хвостів» складає 420 bp.

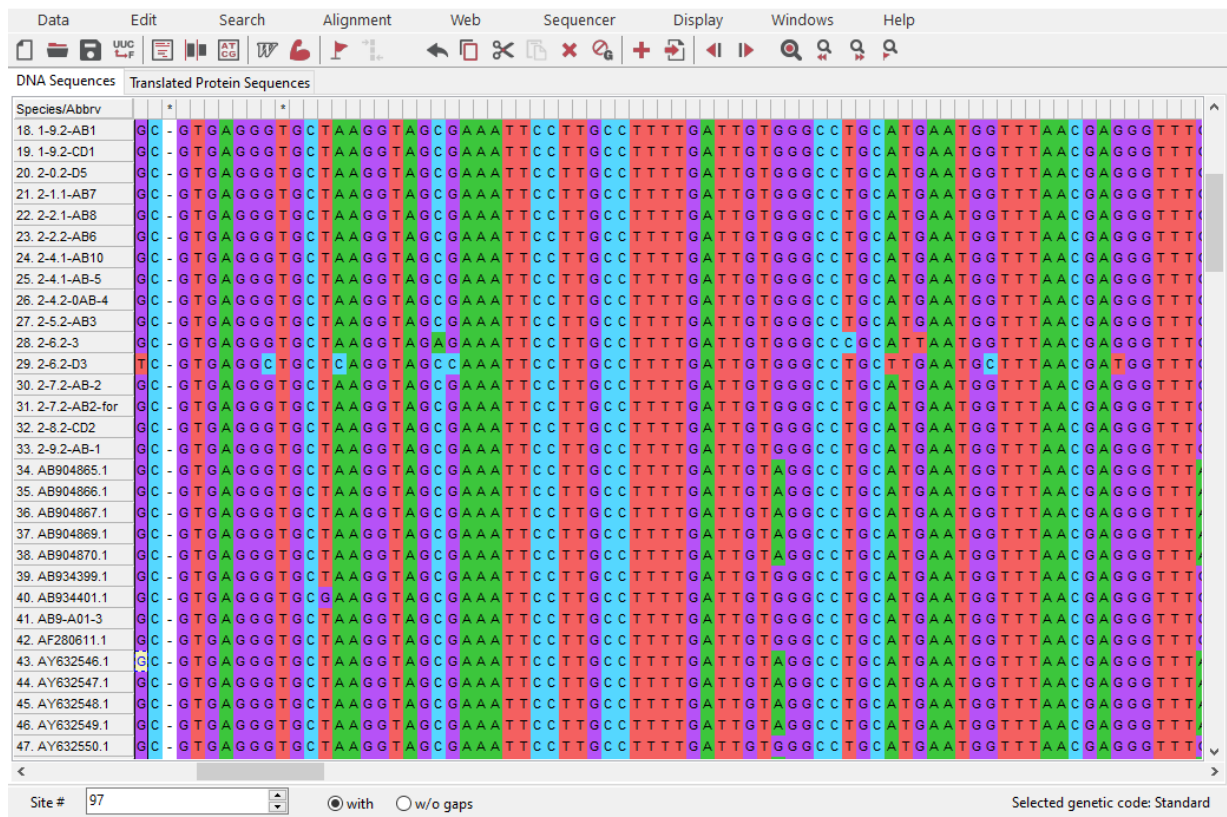


Рисунок 3.1. Фрагмент вирівняної матриці фрагменту мітохондріального гену 16S (MEGA X).

#### 3.2. Реконструкція філогенетичного дерева досліджених видів

Отримано філогенетичне дерево (Рисунок 3.2), у якому більшість первинних зразків згруповані у одному місці, на невеликих генетичних відстанях між собою і зразками видів *Crassostrea gigas* та *Magallana gigas* :



(Корейське та китайське узбережжя, Тихий океан).

*C. nippona* з японських вод формує власну кладу, яка обіймає базальне положення відносно всіх досліджених видів з малим бутстрепом 28. Окрему кладу з бутстрепом 100 утворили види, що поширені уздовж американського та європейського узбережжя Атлантичного океану, Тихого океану – *C. rhizophorae* (Південна Атлантика), *C. virginica* (атлантичне узбережжя США), *C. gassar* = *C. brasiliiana* (Бразильське узбережжя), *C. corteziensis* (Тихоокеанське узбережжя від Каліфорнії до Колумбії; Європейське узбережжя Північної Атлантики). Сестринську кладу з малим бутстрепом 28 до зазначеної класи утворює тихоокеанський вид *C. sikamea*, поширений у берегів Японії, Кореї, Тайваню та південного Китаю. Сестринською кладою з малим бутстрепом 28 до зазначених видів є тихоокеанський вид *C. (Magallana) gigas* та атлантичний вид *C. angulata* (Іберійський півострів, Атлантичний океан). Всі досліджені зразки потрапили в кладу *C. (Magallana) gigas*.

### 3.3. Делімітація видів та перевірка філогенетичного дерева

Отримано матрицю генетичних відстаней методом p-distance (MEGA X) (Додаток Г). Матриця демонструє різні відстані між дослідженими зразками та зразками, що були використані для побудови матриці послідовностей. Розрахунок гепів генетичних відстаней сервісом ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery (<https://bioinfo.mnhn.fr/abi/public/abgd/abgdold.html>) представлений на Рисунок 3.3.

Межа видового розподілу гепів полягає на рівні 0,0028. Відповідно до гепу на межі 0,002-0,0028 виділено 365 груп видів, що були представлені 1032 послідовностями фрагменту гену 16S.

До «Групи 0» потрапило 65 зразків, *Crassostrea (Magallana) gigas*, в тому числі більшість досліджених нами зразків: 1-1.1-AB7; 1-1.2-CD5; 1-2.2-AB6; 1-3.1-AB9; 1-3.2-CD4; 1-4.1-AB10; 1-4.1-AB5; 1-4.2- AB4; 1-5.1-AB11; 1-6.1-AB12; 1-6.2-CD3; 1-7.2-AB2; 1-8.2-CD2; 1-9.2-AB1; 1-9.2-CD1; 2-1.1-AB7; 2-2.1-AB8; 2-2.2-AB6; 2-4.1-AB10; 2-4.2-0AB4; 2-5.2-AB3; 2-7.2-AB2; 2-7.2-AB2; 2-0.2-D5; 2-9.2-AB-1.

Зразки 1-2.1-B8; 1-5.2-B3; 2-3.2-C4; 2-3.2-D4; 2-4.1-AB5; 2-6.2-3; 2-8.2-CD2 поділились по групах 1-7 відповідно. Видова приналежність відповідно до цього розподілу не визначена. Інші види представників розподілились по монофілетичних групах, або по кількох групах, що може відображати особливості популяційної структури виду, інші еволюційні події.

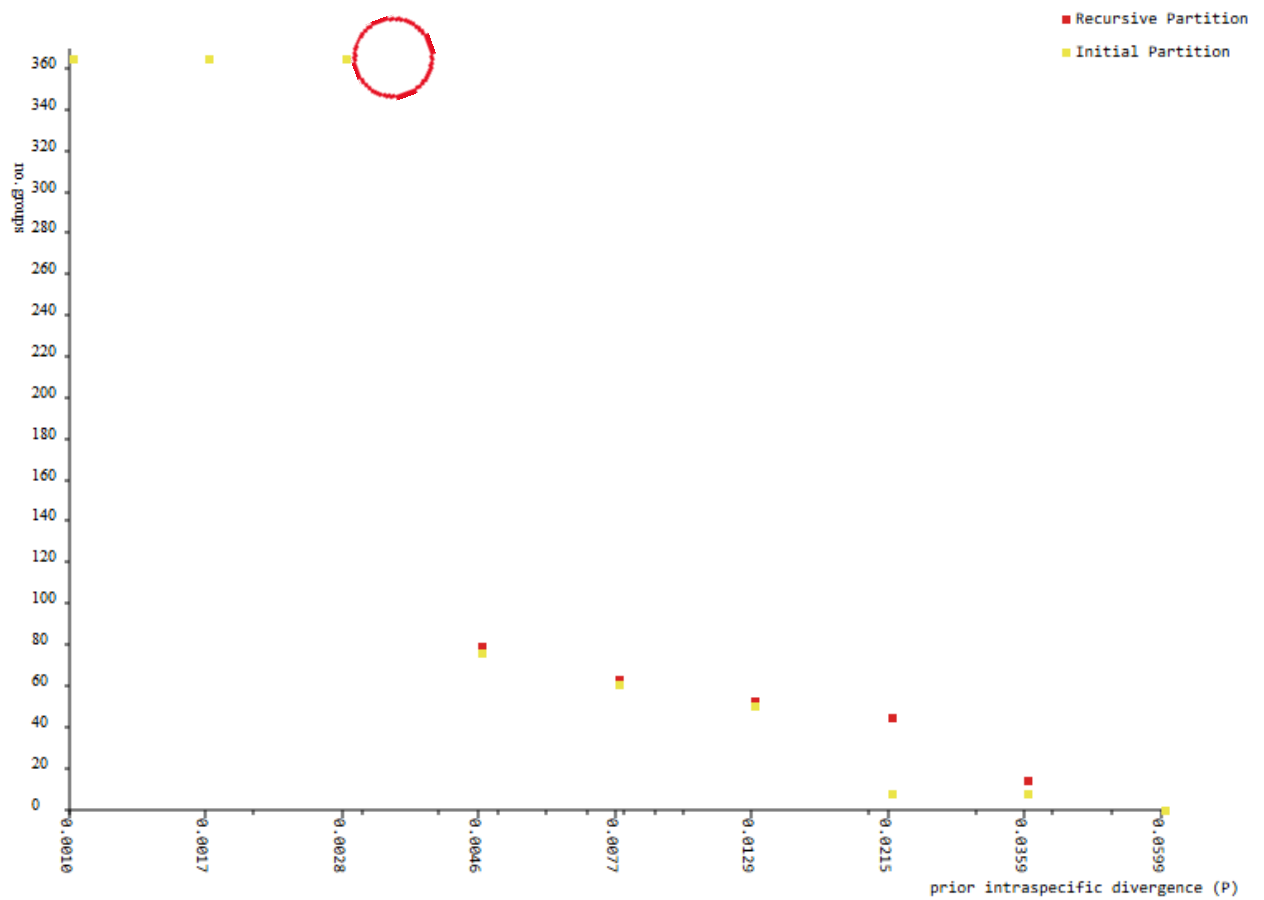


Рисунок 3.3 Розподіл варіантів гепів по групах видів

Пуасонівський аналіз (РТР) вхідного філогенетичного дерева для визначення передбачуваних меж видів показано на Рисунку 3.4.

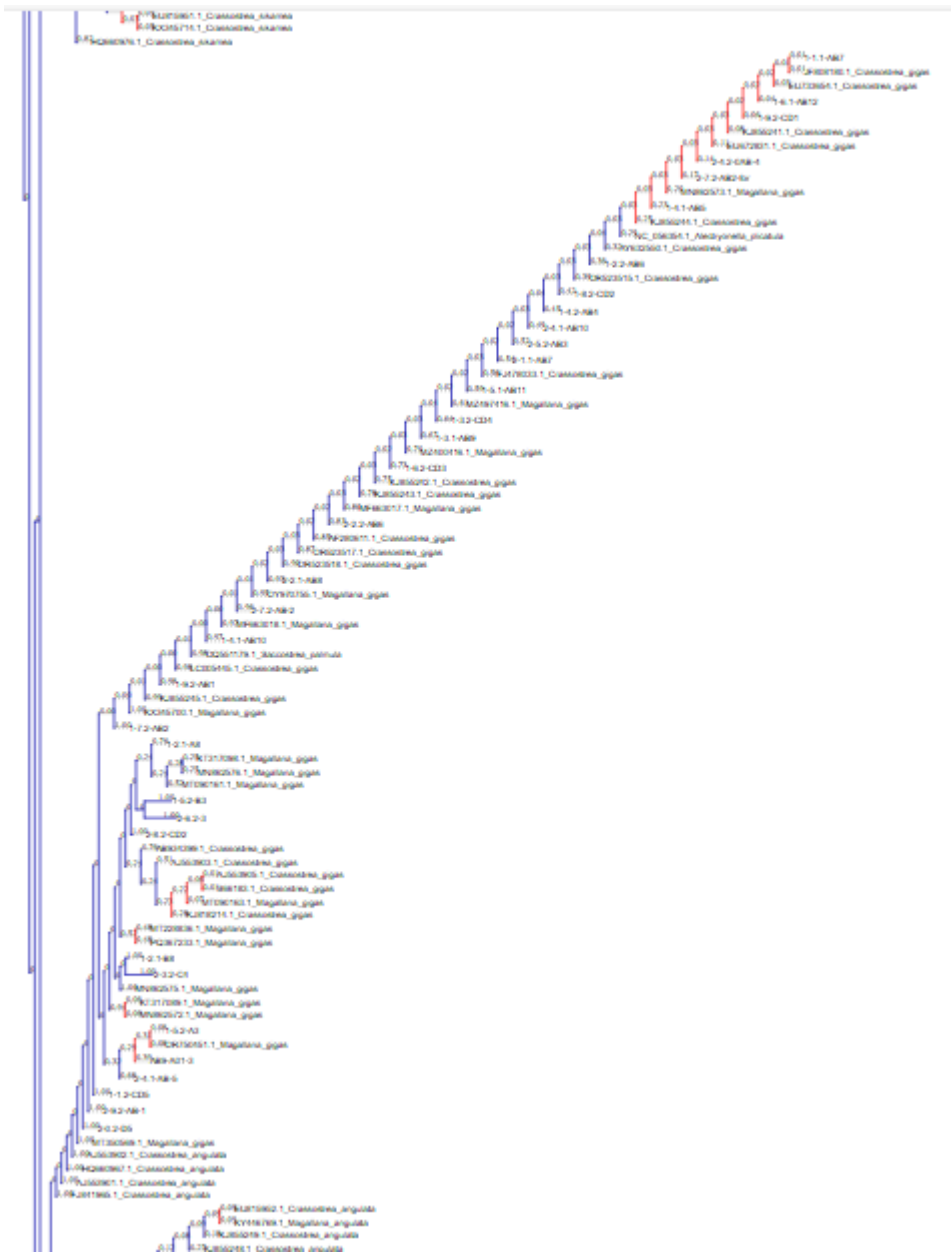


Рисунок 3.4 Фрагмент філогенетичне дерево побудоване за протоколом ВРТР, що демонструє положення досліджених видів.

Всі досліджені зразки потрапили до клади, що містить вид *Crassostrea (Magallana) gigas*. Клада має складну топологію, що свідчить про складну популяційну структуру, оскільки вид має поширення уздовж майже всіх континентів. Окремі субклади утворили тіж самі зразки: 1-2.1-A8, 1-5.2-B3, 2-6.2-3, 2-4.1-AB5; 2-8.2-CD2, 1-2.1-B8, 2-3.2-C4, 1-5.2-A3, AB9-A01-3, 1-1.2-CB5, 2-4.1-AB5, 2-9.2-AB1, 2-0.2-D5.

Для візуалізації та виявлення зв'язків великих клад застосовано інструмент PhyloMap-PTP, який базується на інструменті Principal Coordinates Analysis (PCoA) [12], <https://doi.org/10.1186/1471-2105-12-24> Кожне коло на малюнку представляє таксони, різні види забарвлені по-різному. Довжина ліній відображає генетичні відстані між дослідженими

таксонами. (рисунки 3.5-3.6)

### PhyloMap-PTP: PhyloMap visualization of PTP species delimitation result

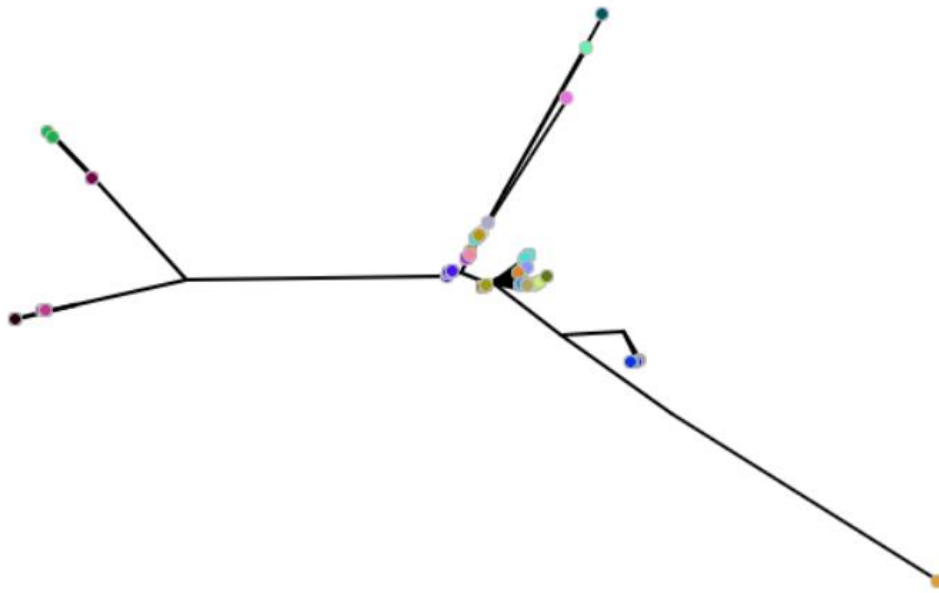


Рисунок 3.5 Візуалізація зв'язків великих клад

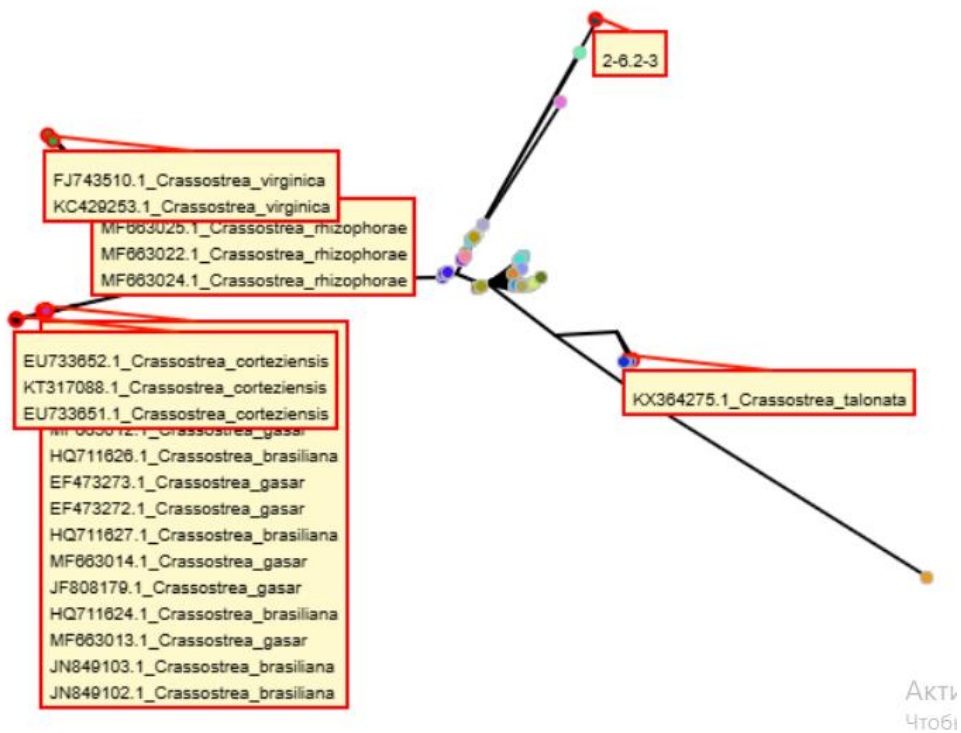


Рисунок 3.6 Візуалізація зв'язків великих клад – візуалізація «американських» клад

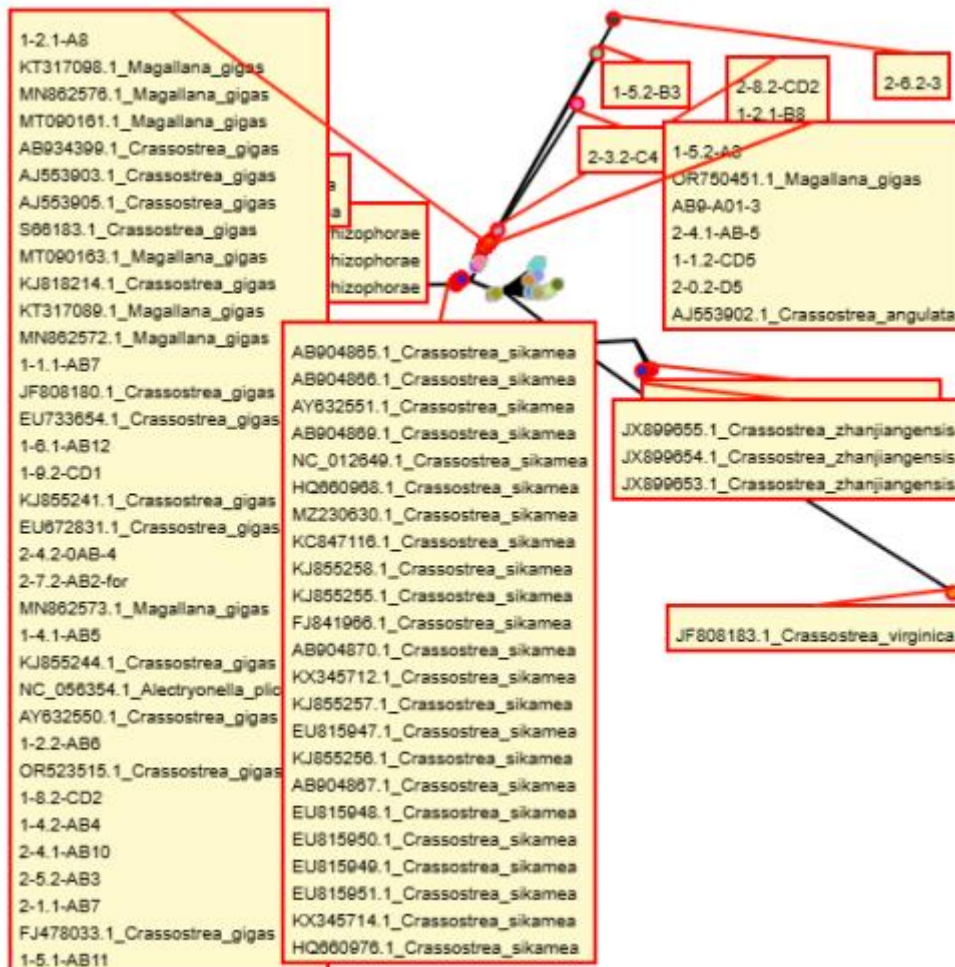


Рисунок 3.7 Візуалізація зв'язків великих клад – візуалізація тихоокеанських клад.

Досліджені зразки лежать на одній гілці (рисунок 3.7), що демонструє їх еволюційні зв'язки. Наявність відстаней між точками, що відповідають групам зразків *Crassostrea (Magallana) gigas* свідчить про складну популяційну структуру та, можливо, наявність кріптичних видів.

## ВИСНОВКИ

За результатами філогенетичної реконструкції та делімітації видів встановлено приналежність більшості досліджених зразків до *Crassostrea (Magallana) gigas*

Встановлено геп баркодингу для мітохондріального гену 16S представників Bivalvia; Ostreida, який можна використовувати для делімітації видів дослідженої групи молюсків.

Відпрацьовано протокол полімеразно-ланцюгової реакції для фрагменту мітохондріального гену 16S

Створено ваучерну колекцію мушлей, тканин та геномної ДНК

*Подальші поглиблені дослідження для визначення класу, підвиду, за регіональним принципом чи належності до аквакультури чи природного середовища є важливою втім вартісною та кропіткою роботою із для потреб ідентифікаційних задач у експертній діяльності, проте вони мусять відповідати зрозумілому практичному сенсу*

Дослідження виконано в молекулярно-філогенетичній лабораторії державного природничого музею НАНУ (м. Львів) та

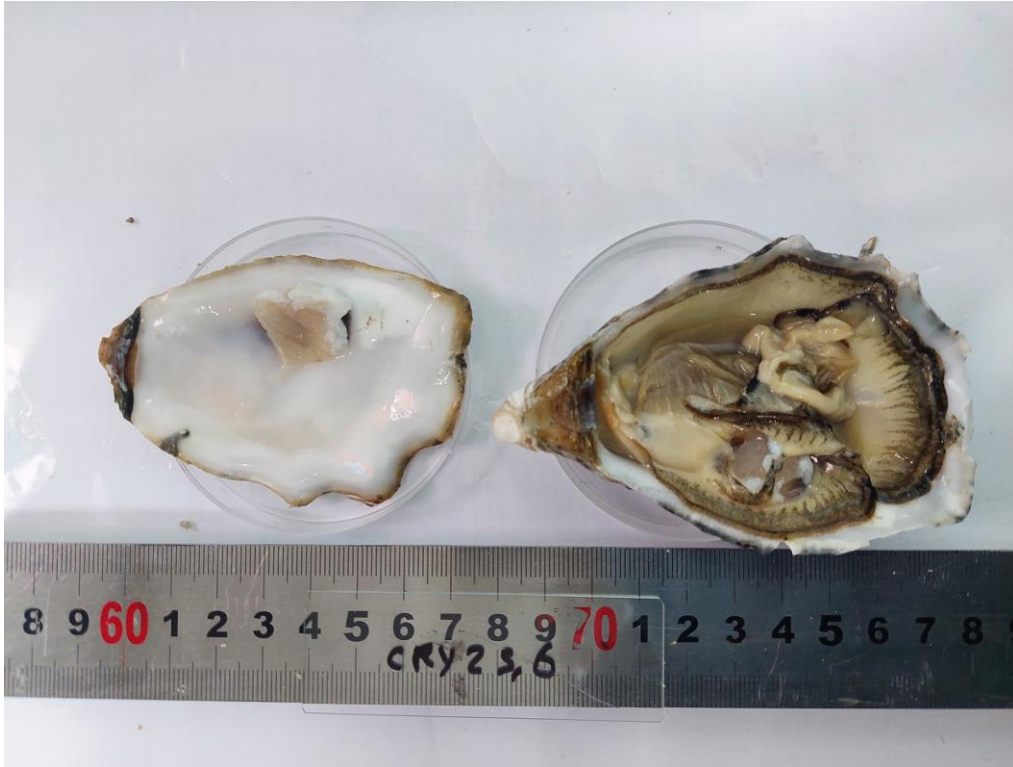
Лабораторії молекулярної філогенетики та систематики біологічного факультету Харківського національного університету імені В.Н. Каразіна

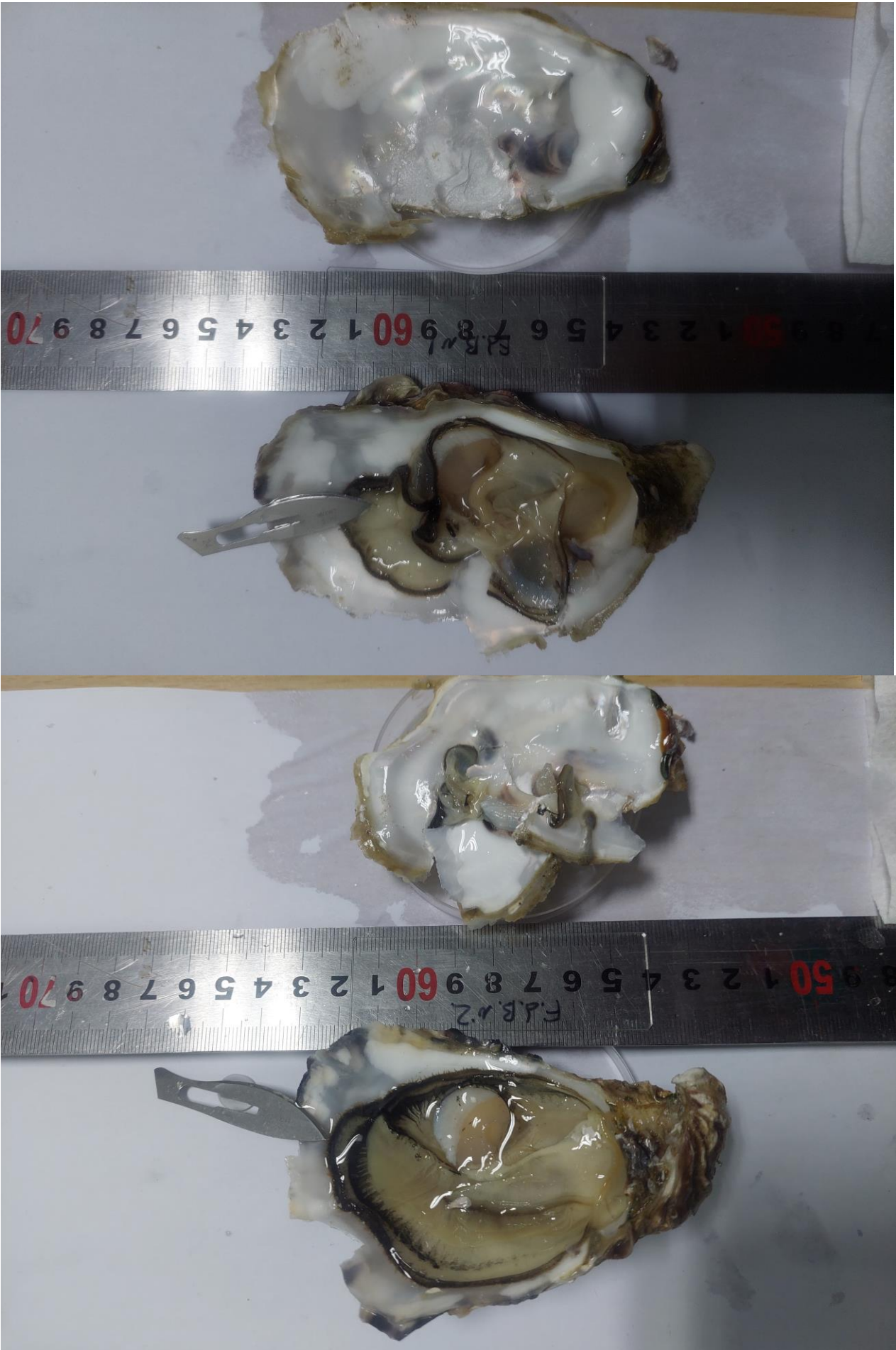
## ЛІТЕРАТУРНІ ДЖЕРЕЛА

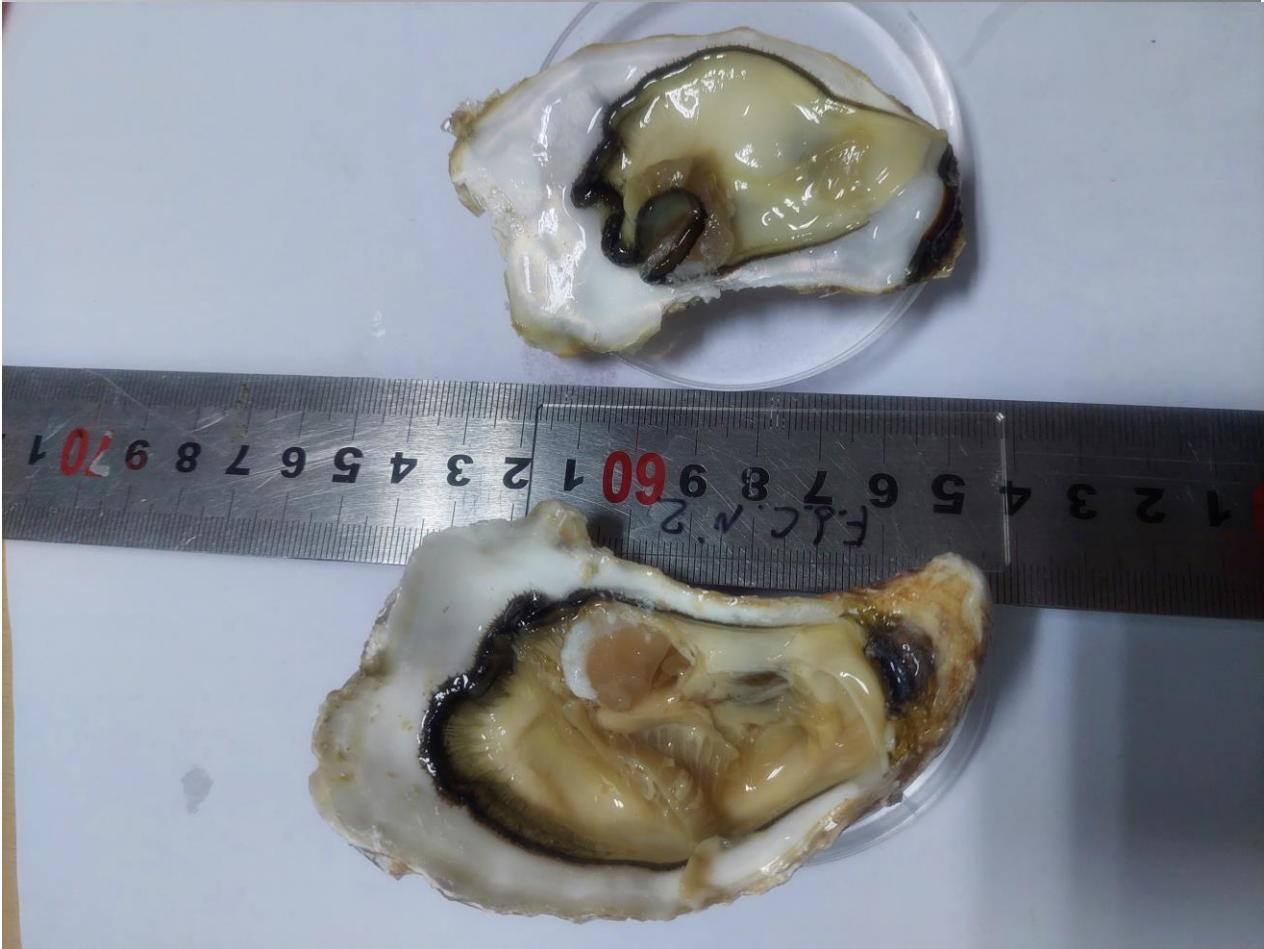
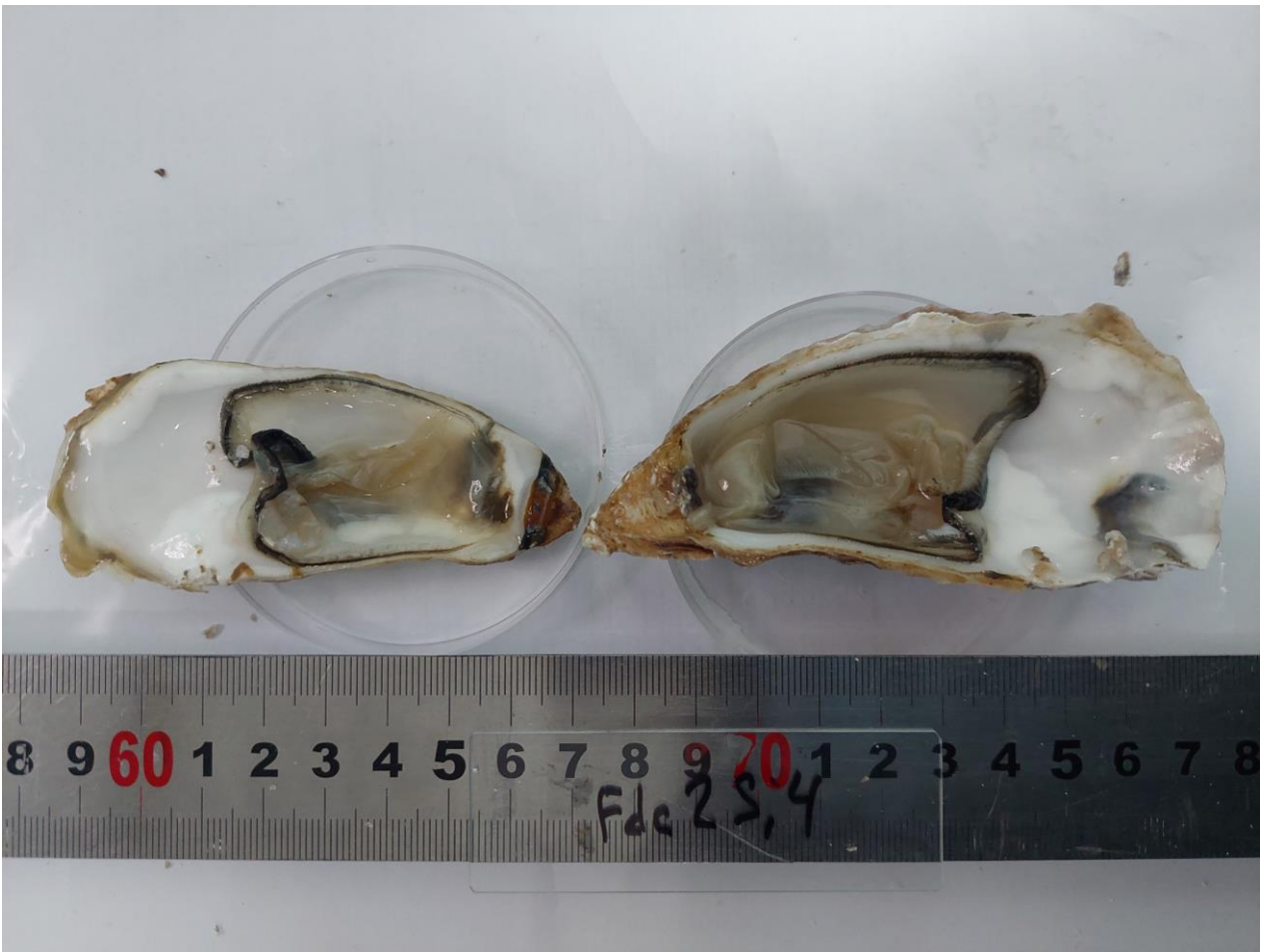
1. Кофанов А.В., Кобилянській О.Л., Давидова О.О. КРИМІНАЛІСТИЧНІ ДОСЛІДЖЕННЯ БІОЛОГІЧНИХ ОБ'ЄКТІВ. Київ, КНУВС, 2011, 48 с.
2. Жеребко О.І. (2024) Судово-біологічна експертиза: предмет, об'єкти, завдання. Криміналістика і судова експертиза. Випуск 69, с. 762-773. DOI: 10.33994/kndise.2024.69.68
3. Реєстр методик проведення судових експертиз  
URL: <https://rmpse.minjust.gov.ua/>
4. MacKenzie, Jr. , Clyde L. (1996) History of Oystering in the United States and Canada, Featuring the Eight Greatest Oyster Estuaries. Marine Fisheries Review, 58(4), pp. 1-78.
5. Oyster History, URL: <https://simplyoysters.com/oyster-history>
6. Shaw, K.S., J.M. Jacobs, B.C. Crump. 2014. "Impact of Hurricane Irene on *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus* concentration in surface water, sediment, and cultured oysters in the Chesapeake Bay, MD, USA. Frontiers in Research Topics. 5.204.
7. Oysters 030710 (Harmonized System 1992 for 6-digit)  
URL: <https://oec.world/en/profile/hs/oysters>
8. [Mike Gomez](#), BA·02·11·24. 11 Types of Oysters: Species, Facts and Photos  
URL: <https://www.trvst.world/biodiversity/types-of-oysters/>
9. Nagai, K. (2013). [A history of the cultured pearl industry](#). Zoological Science, 30(10), 783–793. URL: <https://bioone.org/journals/zoological-science/volume-30/issue-10/zsj.30.783/A-History-of-the-Cultured-Pearl-Industry/10.2108/zsj.30.783.full>
10. [Liu J.](#), [Li Q.](#), [Kong L.](#), [Yu H.](#), [Zheng X.](#) (2011) Identifying the true oysters (Bivalvia: Ostreidae) with mitochondrial phylogeny and distance-based DNA barcoding  
URL: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/j.1755-0998.2011.03025.x>
11. Margoliash E. (1963) Primary structure and evolution of cytochrome C // Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. Vol. 50, issue 4. P. 672–679.
12. Zhang, J., Mamlouk, A.M., Martinetz, T. et al. (2011) PhyloMap: an algorithm for visualizing relationships of large sequence data sets and its application to the influenza A virus genome. BMC Bioinformatics 12, 248

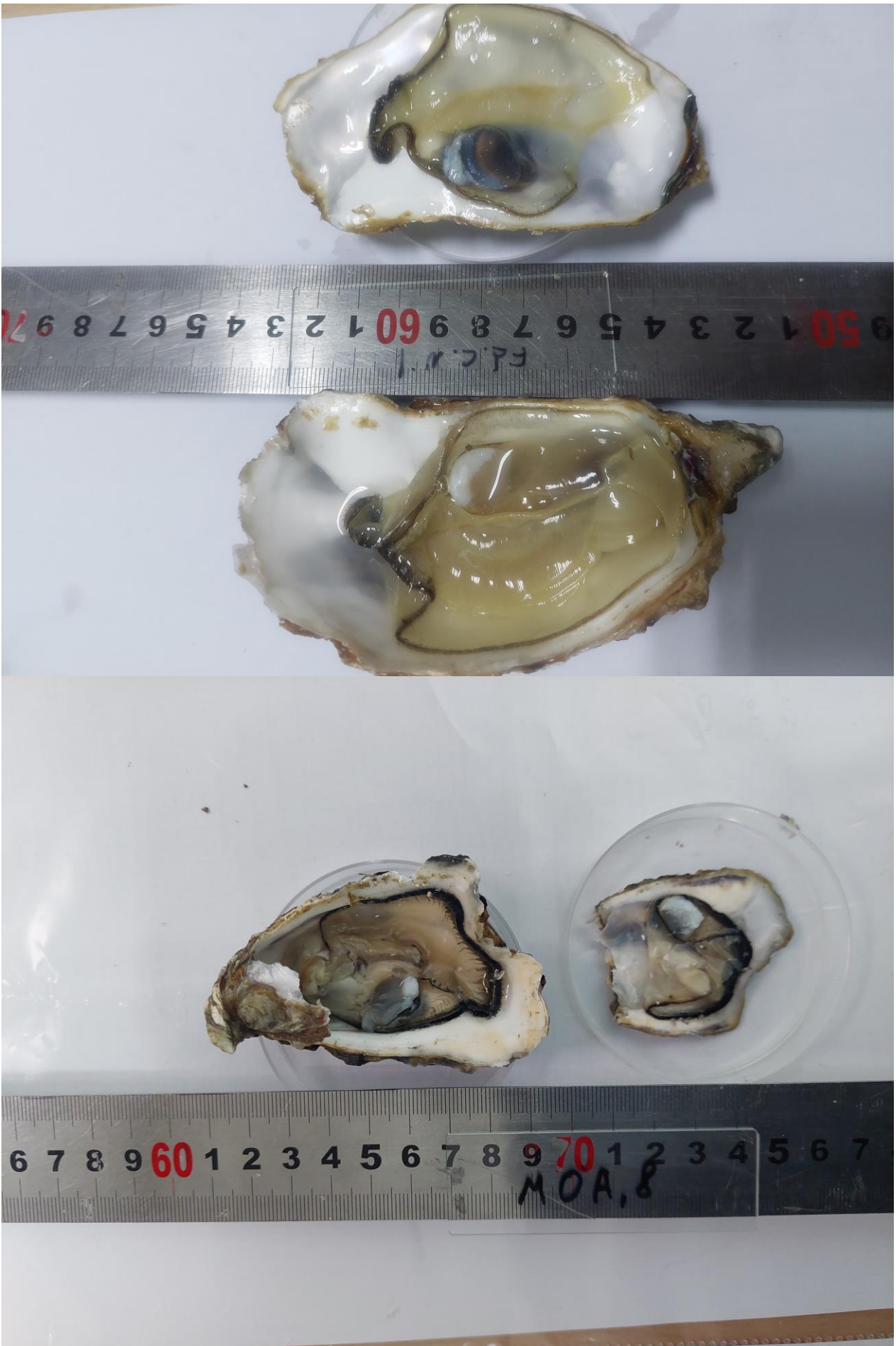
ДОДАТКИ

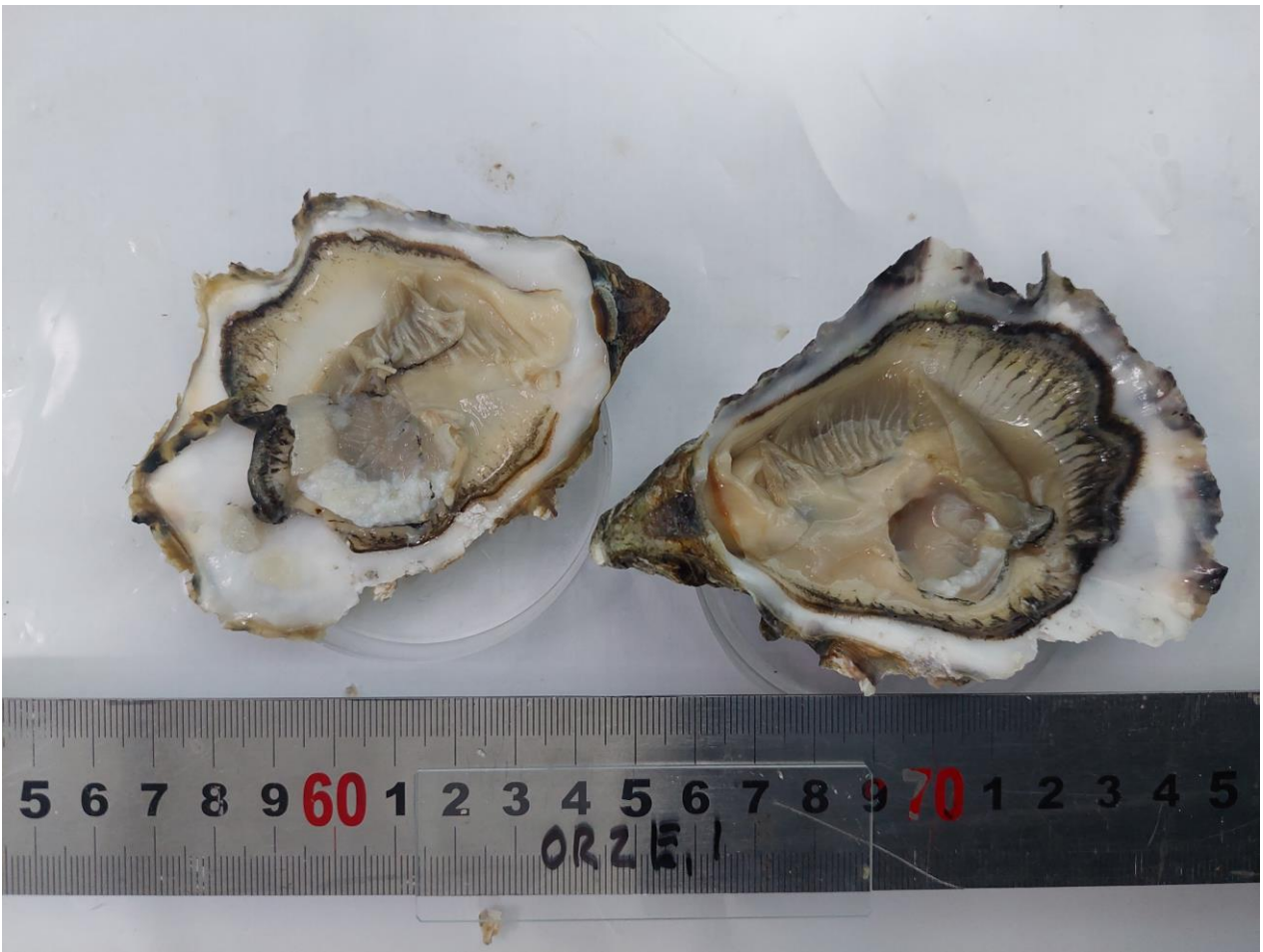
Додаток А. Морфологія зразків у живому стані

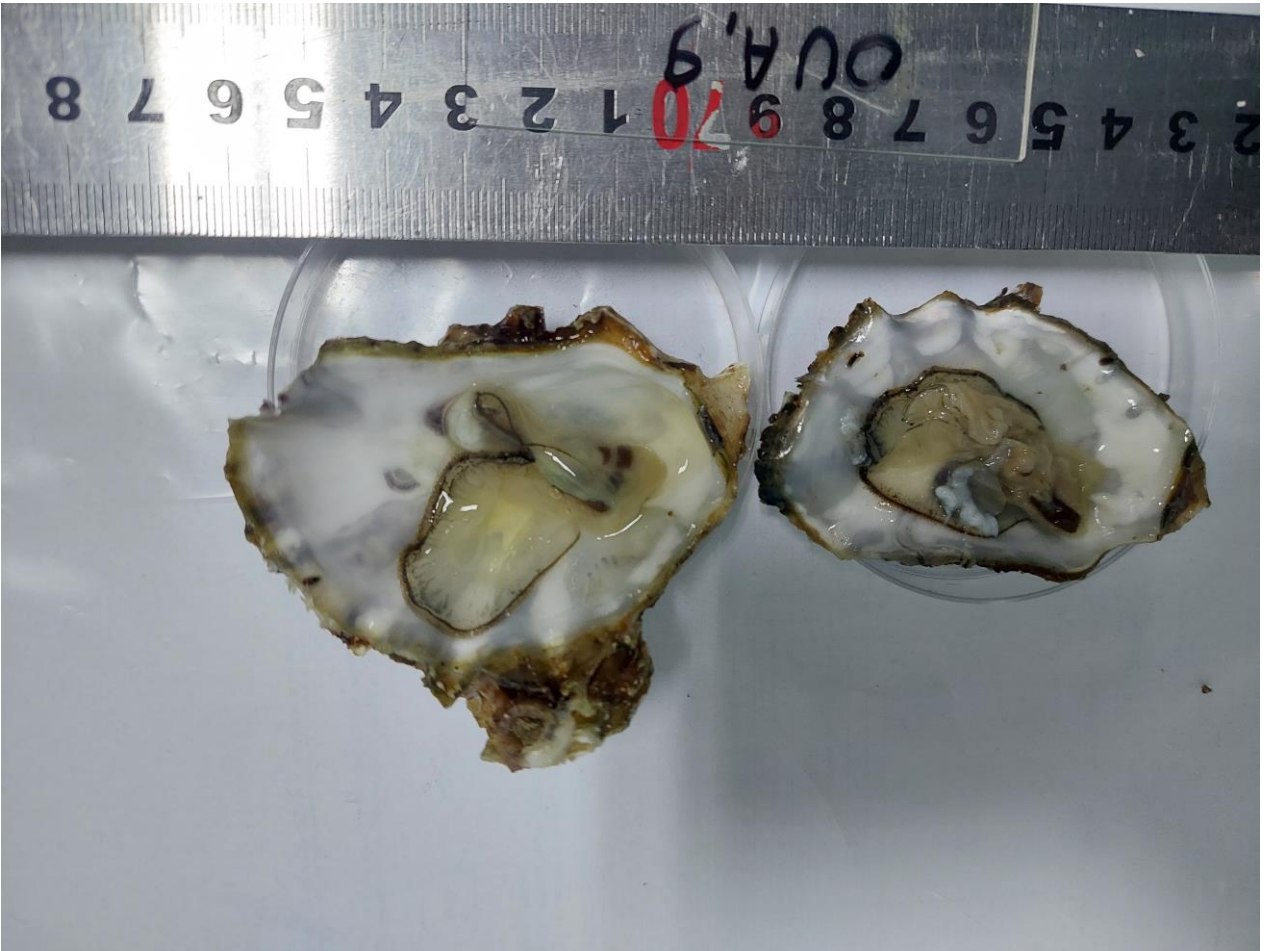


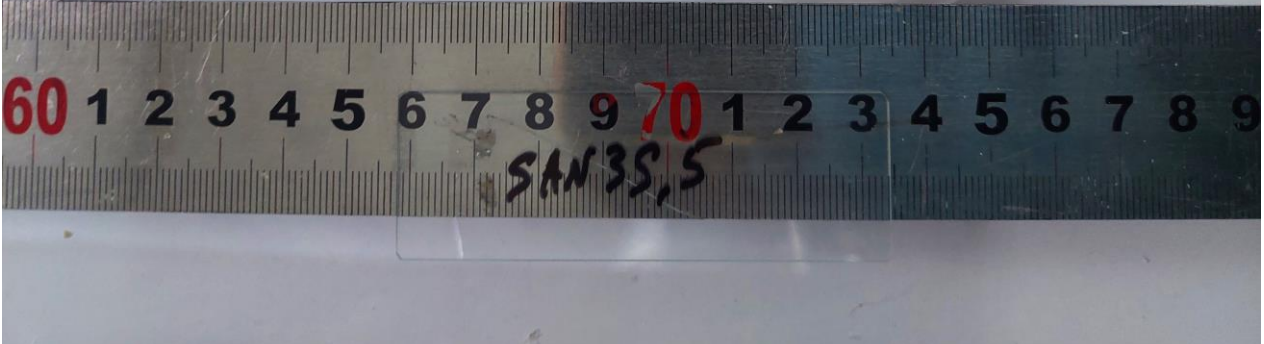






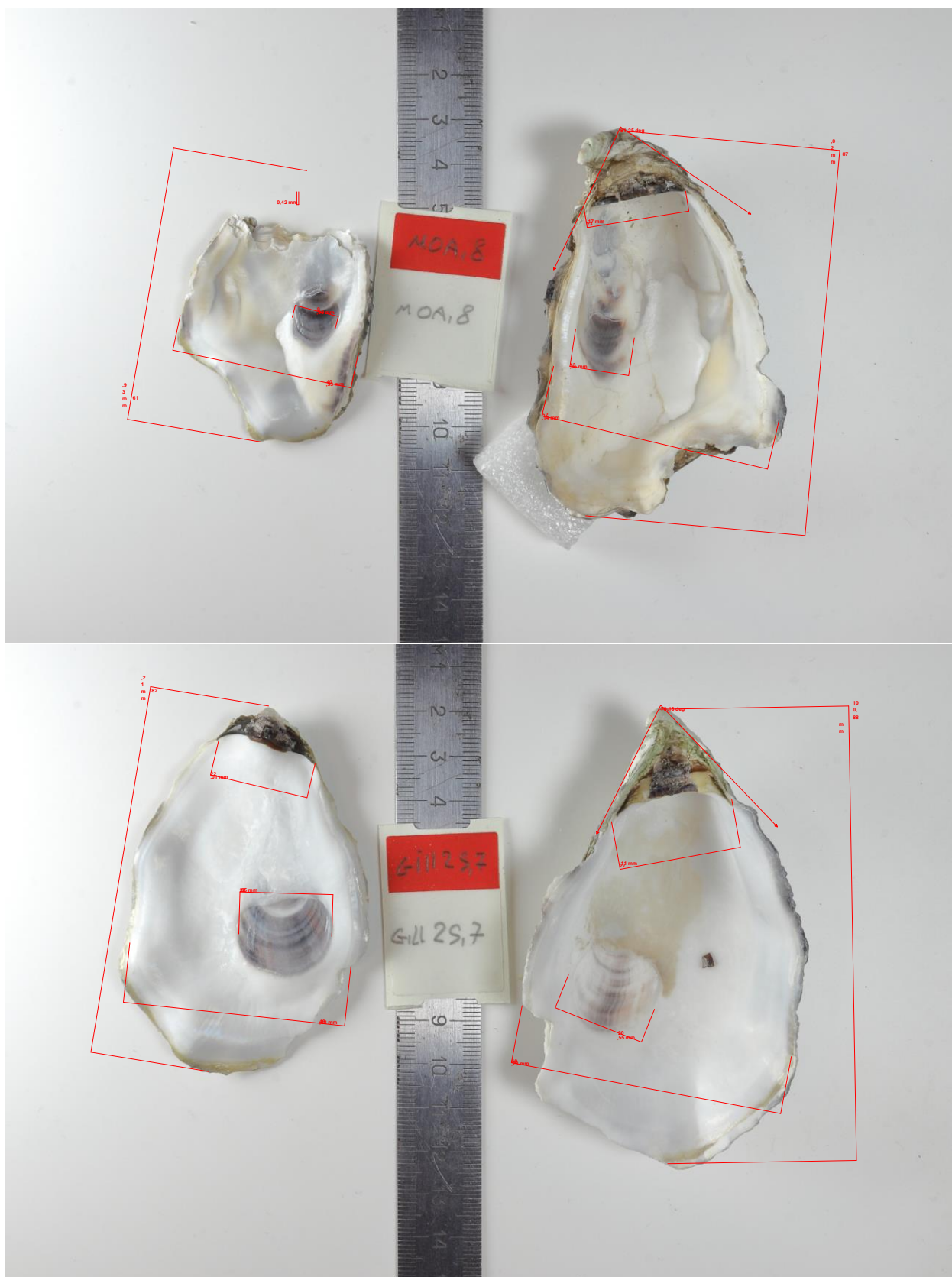


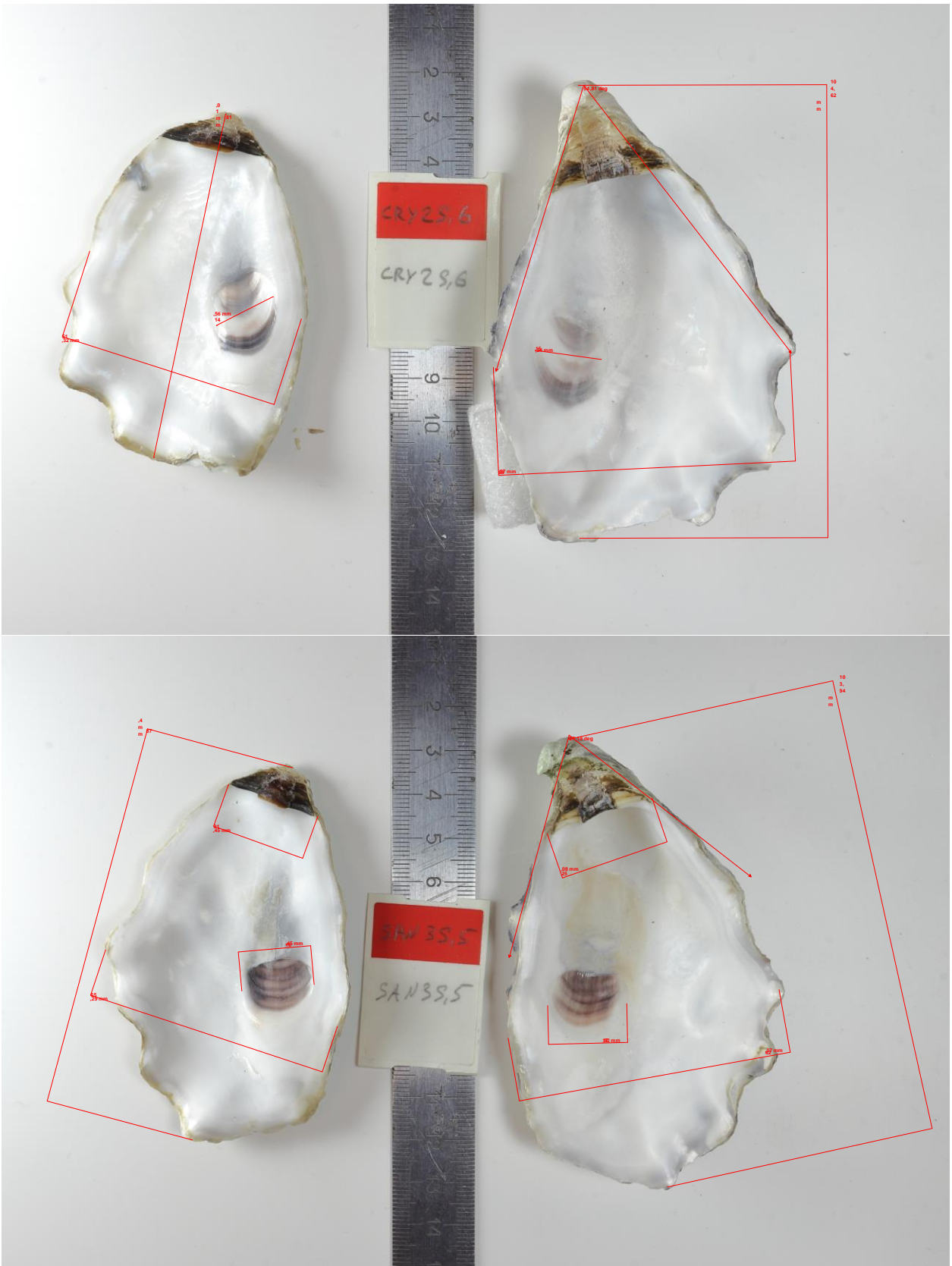




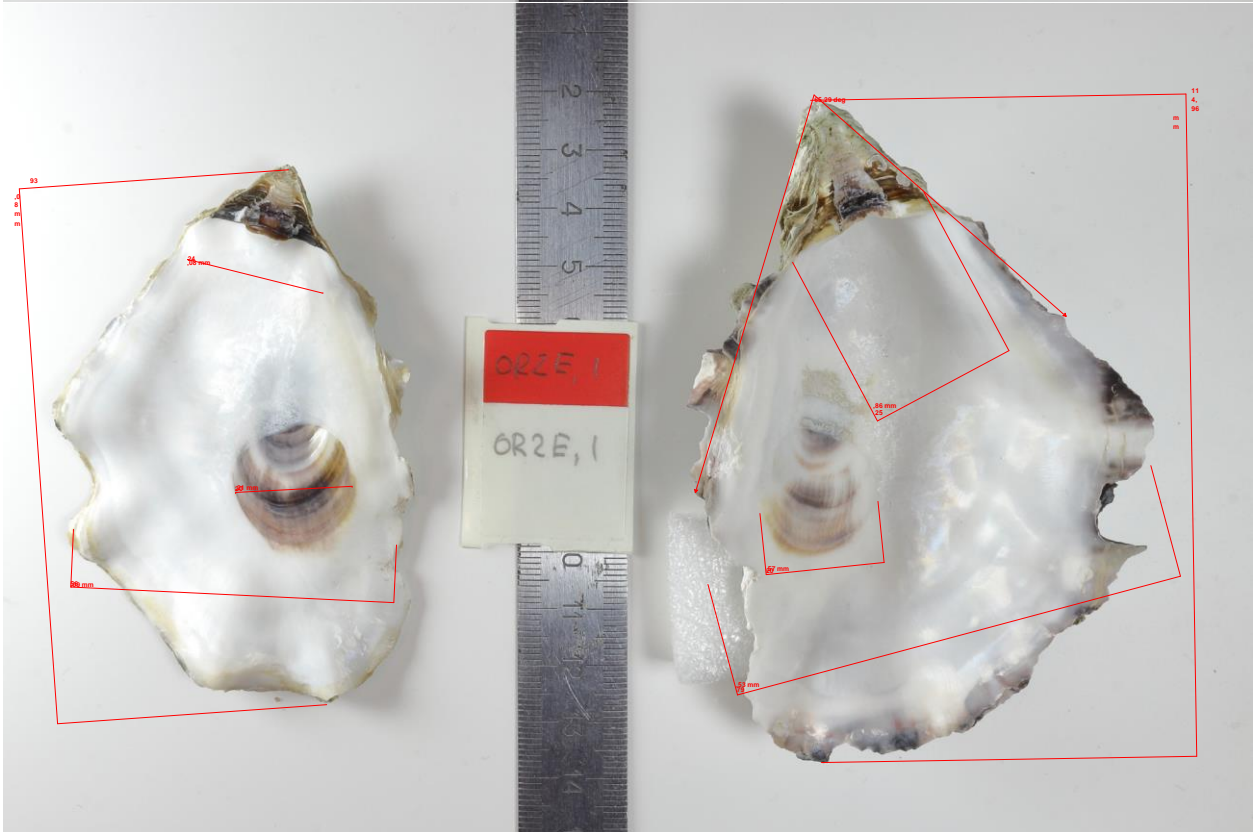
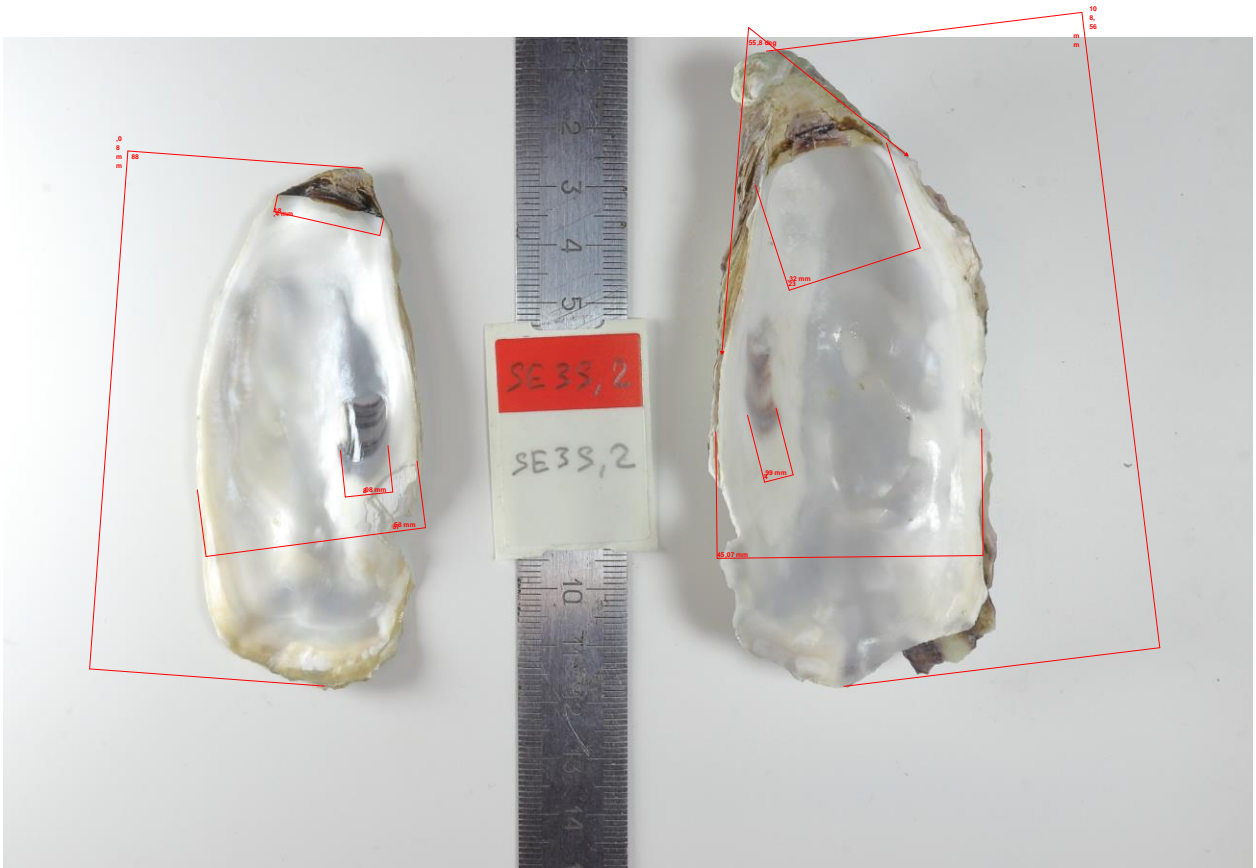


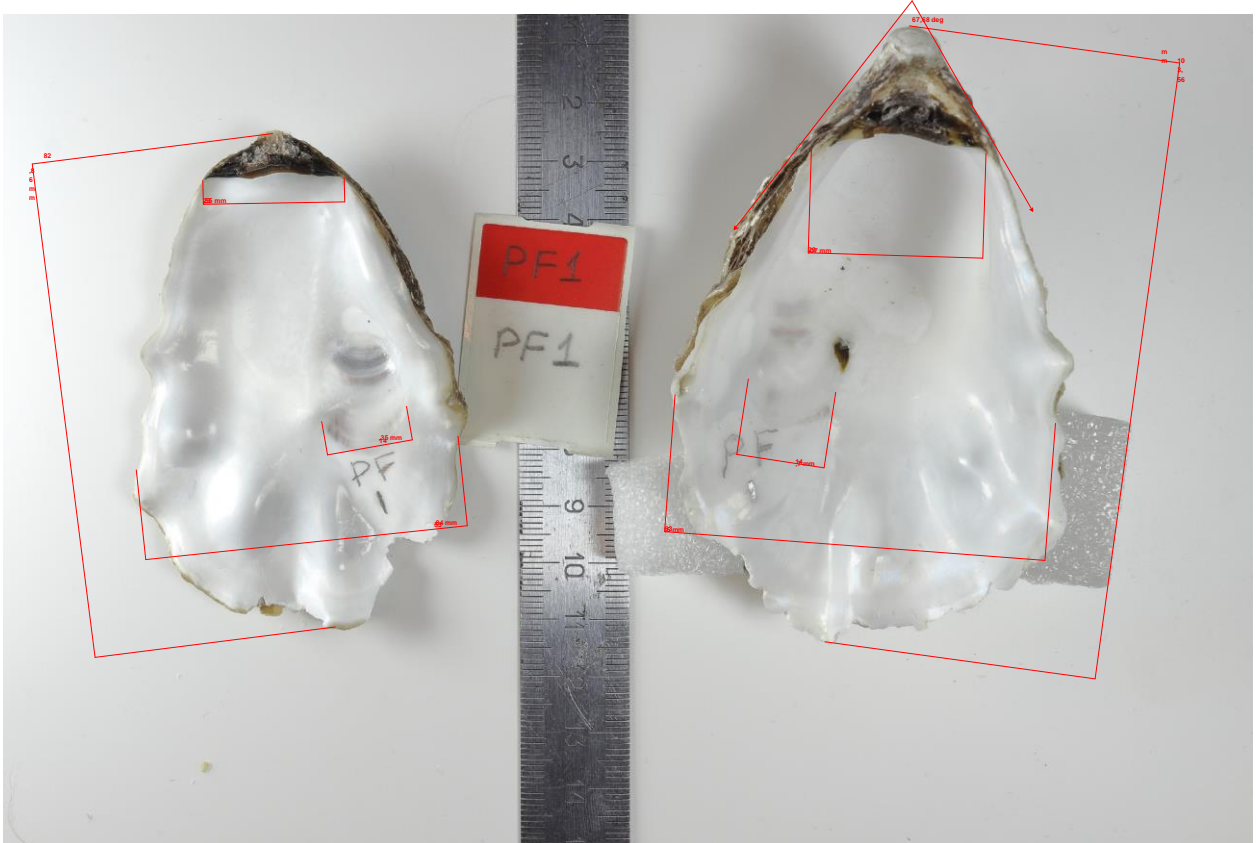
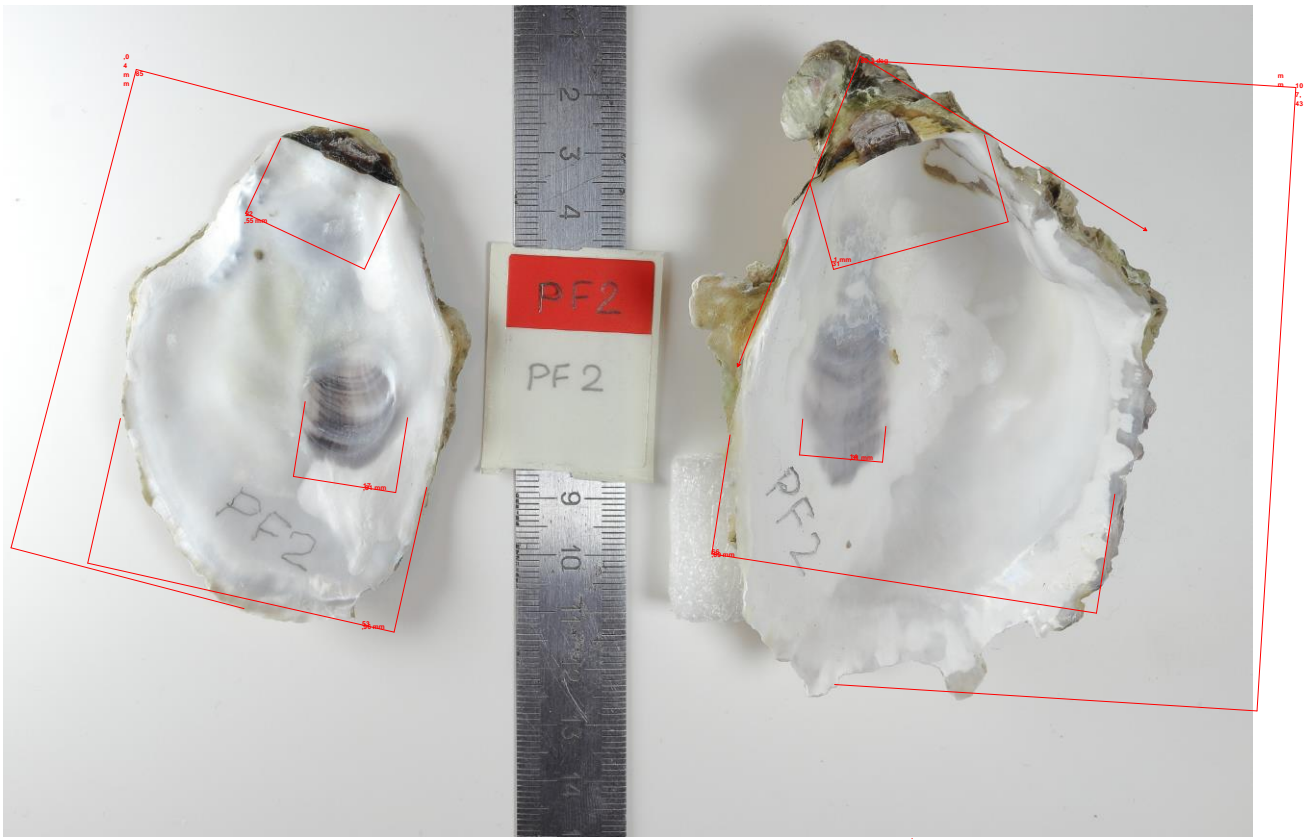
## Додаток Б. Морфологія та виміри мушлів

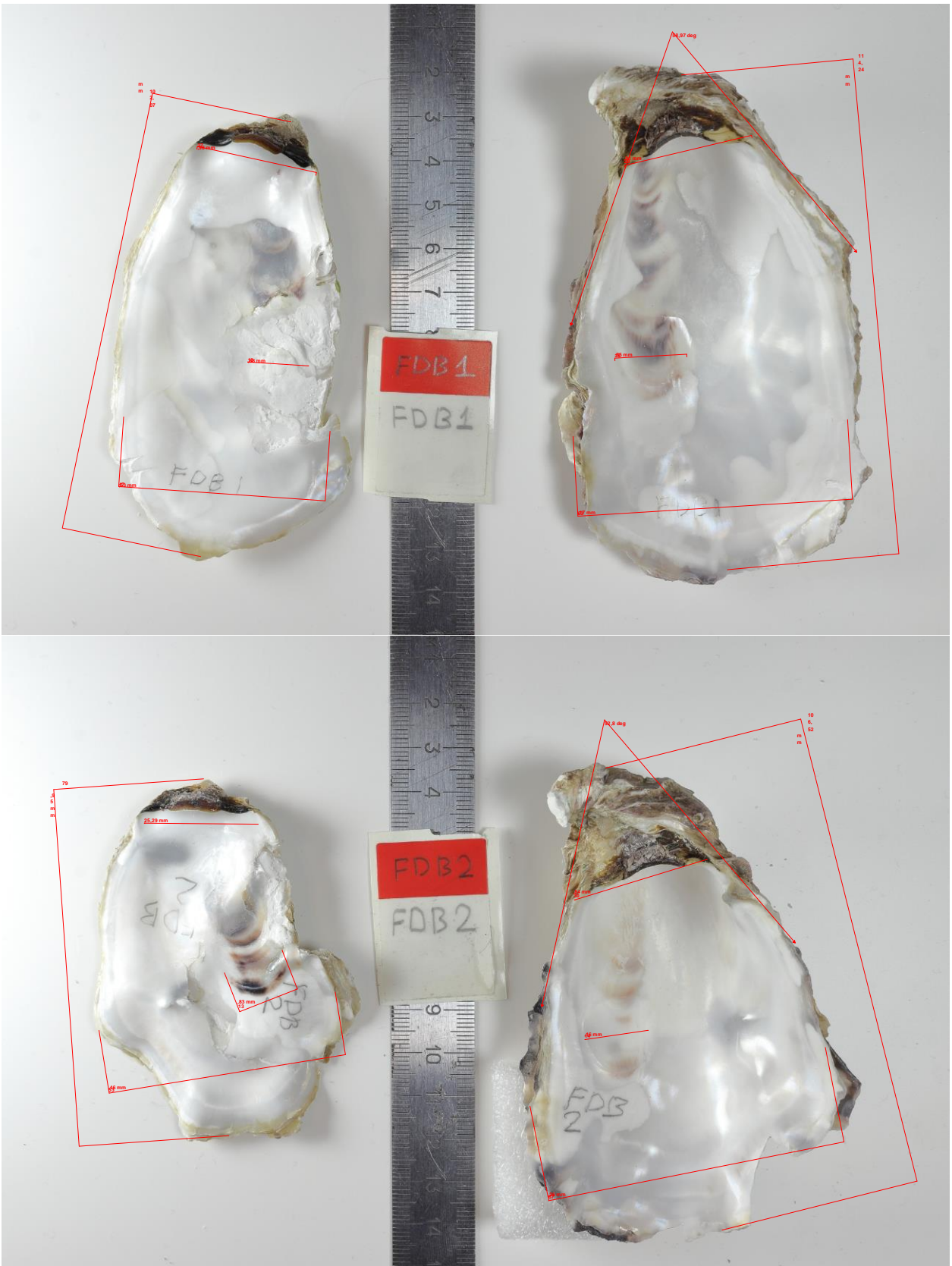


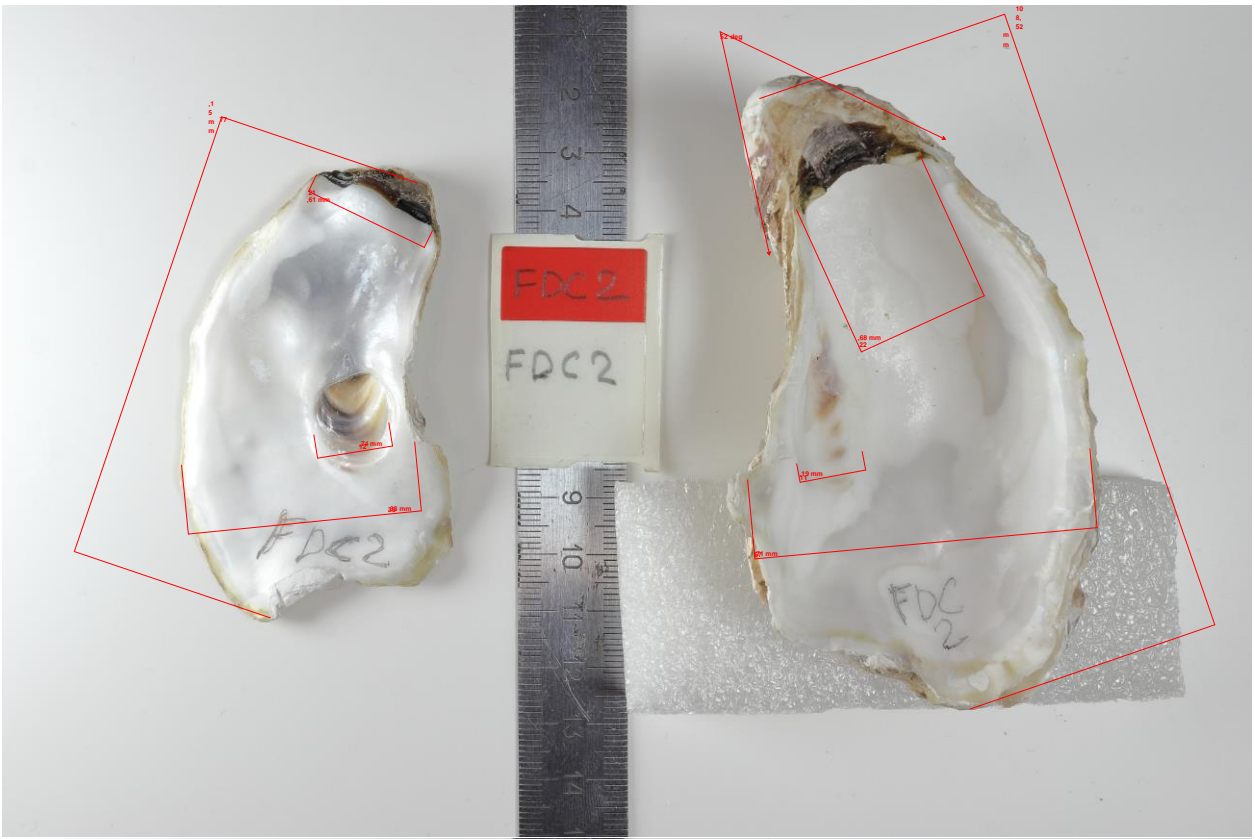








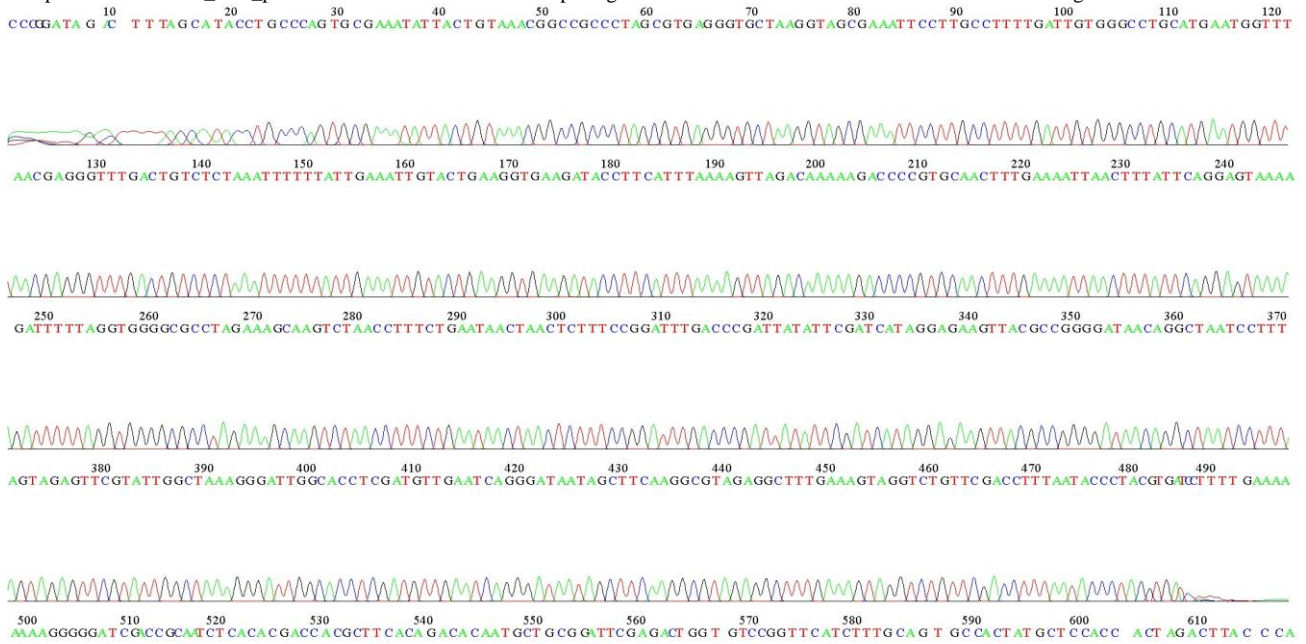




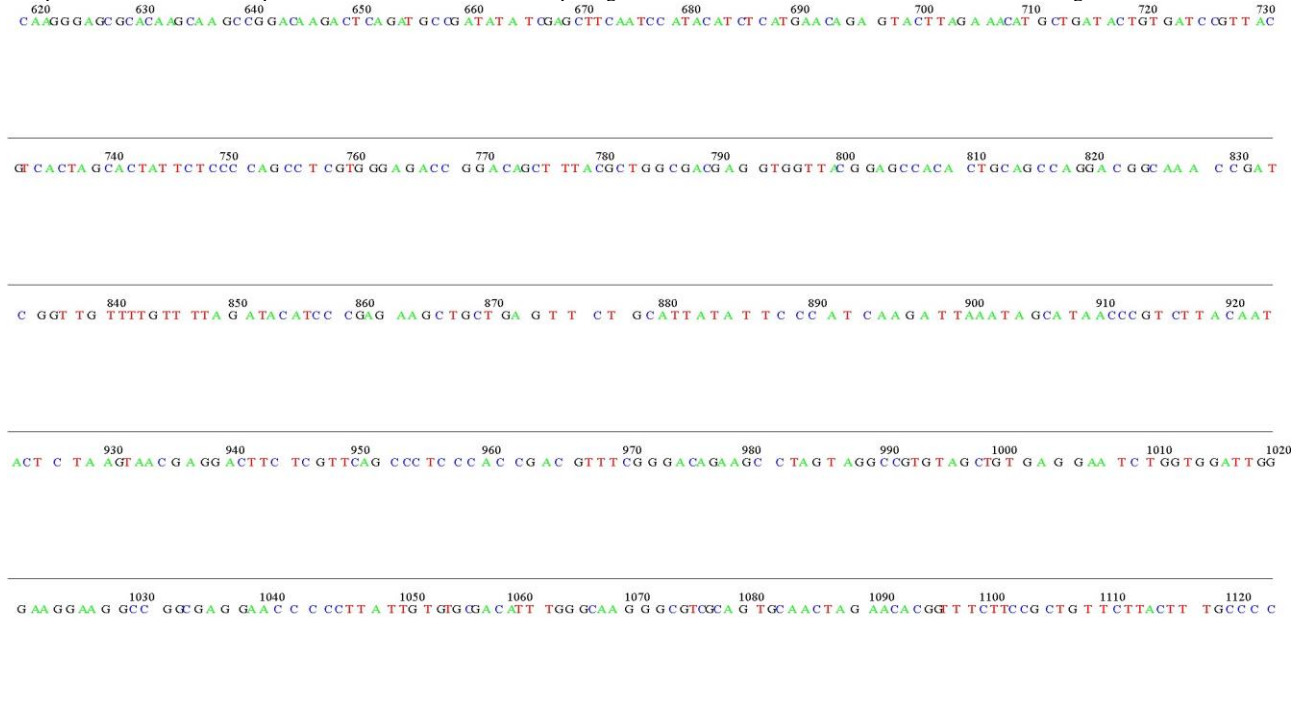


# Додаток В. Хроматограми зразків

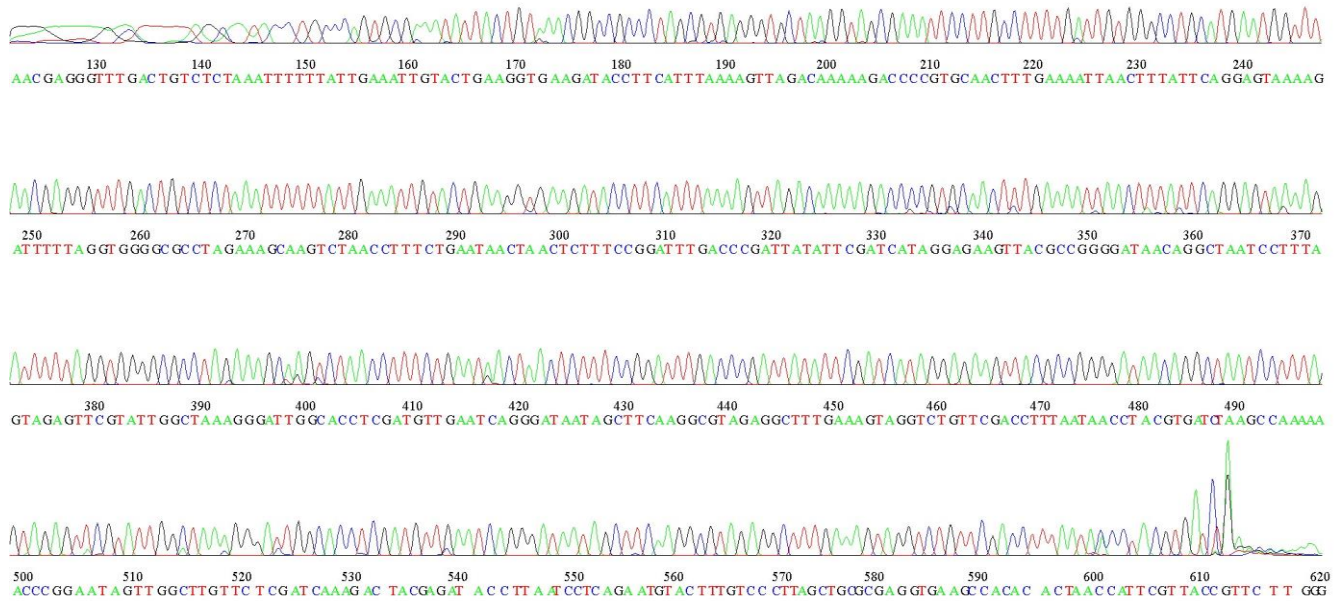
File: 212DSAA001\_D04\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3571 A:6327 C:6430 T:7871  
 Sample: 212DSAA001\_D04\_premix Lane: 26 Base spacing: 14.755552 1231 bases in 24574 scans Page 1 of 2



File: 212DSAA001\_D04\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3571 A:6327 C:6430 T:7871  
 Sample: 212DSAA001\_D04\_premix Lane: 26 Base spacing: 14.755552 1231 bases in 24574 scans Page 2 of 2



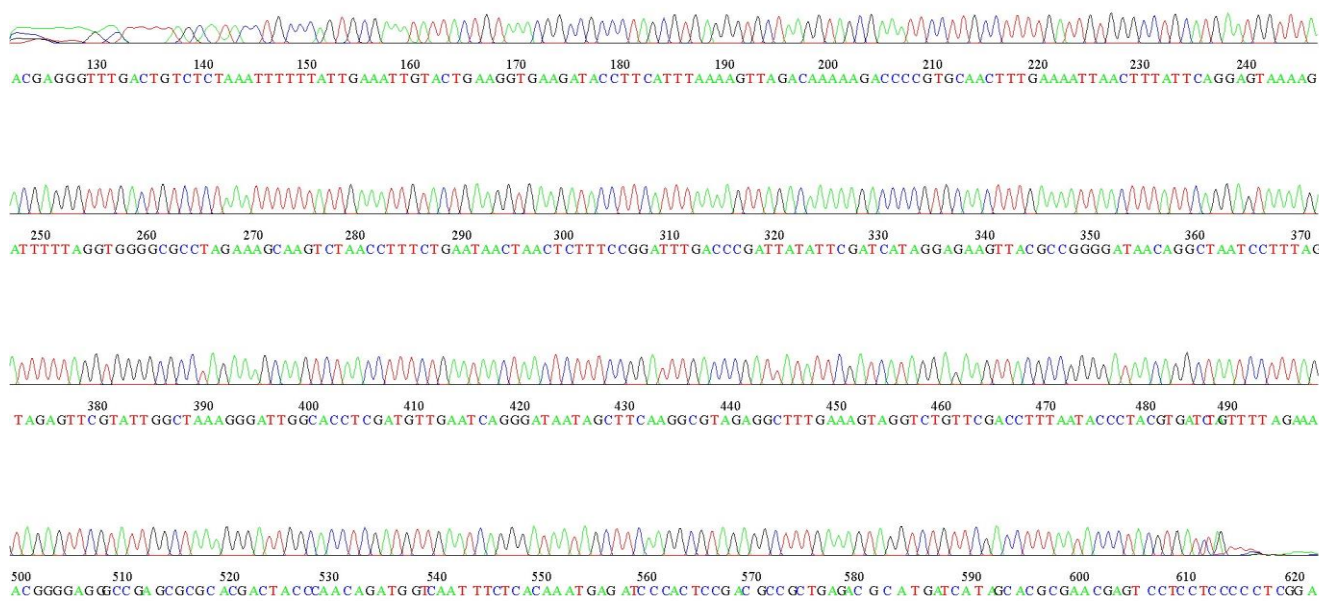
File: 212DSAA001\_D05\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1257 A:3279 C:3904 T:3188  
Sample: 212DSAA001\_D05\_premix Lane: 41 Base spacing: -16.163063 1453 bases in 18330 scans Page 1 of 2  
GGGGC AA G E TTT TAG C A TAC C T GCCCA GTGC AAAAT AT TACTGTAAACGGCCGCCCTAGCGTGAAGGTGC TAAGGTAGC GAAATTCCTTGCCTTTTGATTGTGGCCCTGCATGAATGGTTT



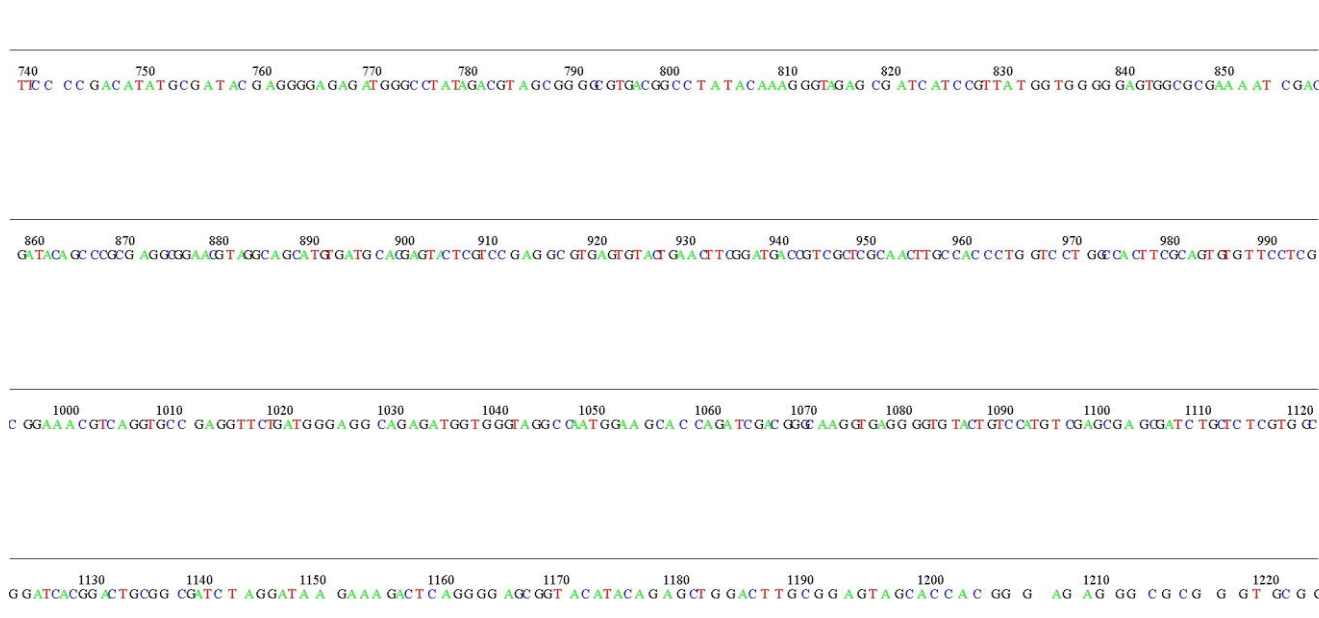
File: 212DSAA001\_D05\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1257 A:3279 C:3904 T:3188  
Sample: 212DSAA001\_D05\_premix Lane: 41 Base spacing: -16.163063 1453 bases in 18330 scans Page 2 of 2  
CAC TTC CC GTC AC GCT T A C T A G T A T C C C T G C A G G C G C T A C C T C T T G T T G G A A C C A G A A A T G A T C A A G G C G A G C G A G A G A G A C A A C A T G G C T C G A G T G G C C T G T A T G



File: 212DSAA001\_D03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2541 A:5107 C:5356 T:6473  
 Sample: 212DSAA001\_D03\_premix Lane: 25 Base spacing: 14.841862 1583 bases in 22018 scans Page 1 of 2

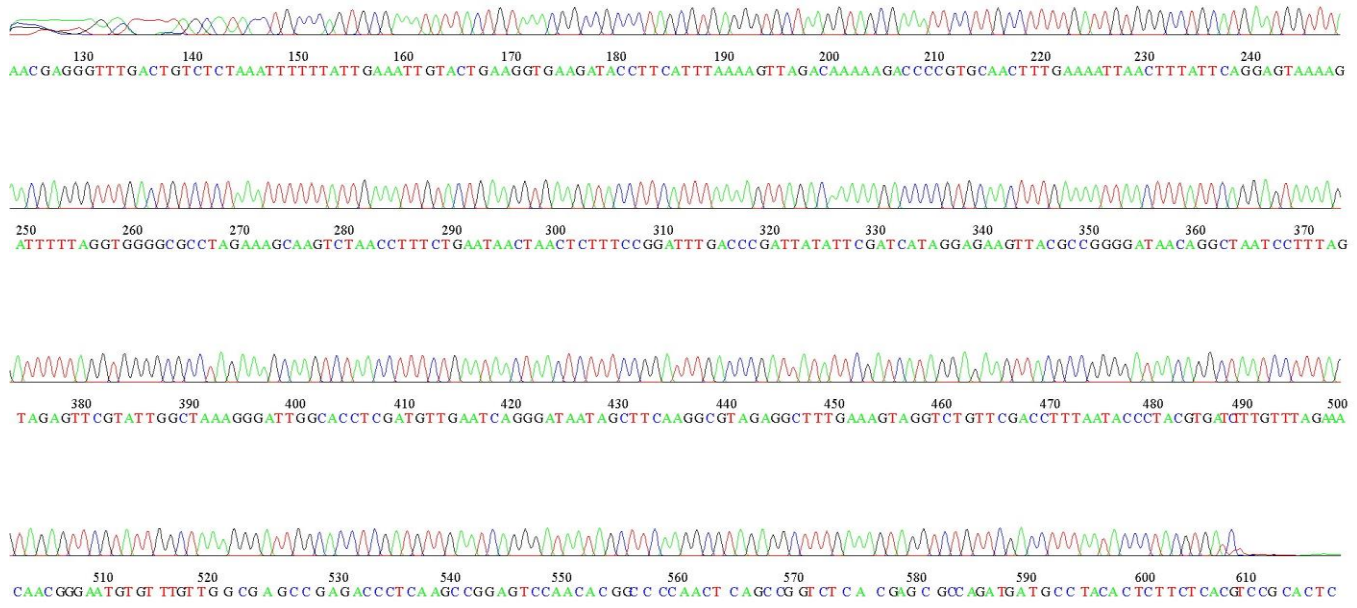


File: 212DSAA001\_D03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2541 A:5107 C:5356 T:6473  
 Sample: 212DSAA001\_D03\_premix Lane: 25 Base spacing: 14.841862 1583 bases in 22018 scans Page 2 of 2





File: 212DSAA001\_D01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3154 A:6646 C:6794 T:8164  
Sample: 212DSAA001\_D01\_premix Lane: 9 Base spacing: 15.075909 1678 bases in 22915 scans Page 1 of 2  
GGCTATTAGCTTCTAAGCATACCTGCCAGTGCAGAAATATTAAGTAAACGCGCCCTAGCGTGAGGGTCTAAGGTAGCGAAATTCCTTGCCTTTTGTATTGTGGCCCTGCATGAATGGTTT



File: 212DSAA001\_D01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3154 A:6646 C:6794 T:8164  
Sample: 212DSAA001\_D01\_premix Lane: 9 Base spacing: 15.075909 1678 bases in 22915 scans Page 2 of 2  
AGTTCTGATCTCCATGACGAGATTCGGGACCCCGAGCGTACGCATTAATGACCCCAAGCAGGAGCCTCTACTCAGCGGCTCGGCAAGCTTCACAGAACTAGACATCTCAGCATCGGCAGGC







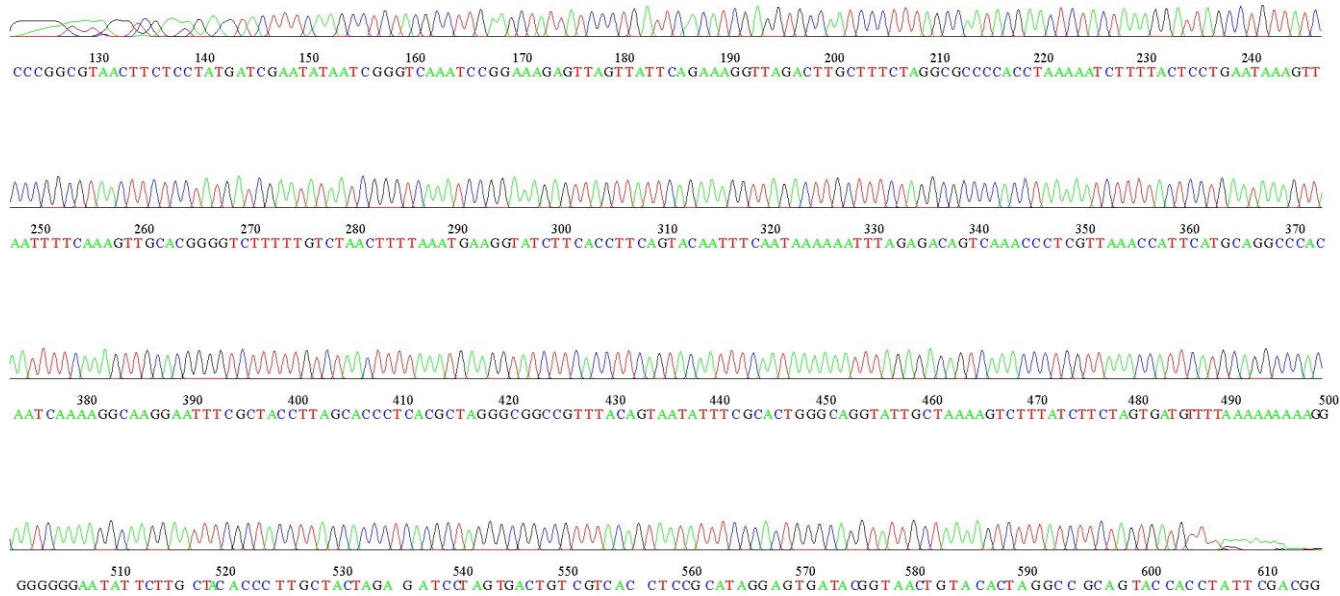
File: 212DSAA001\_C03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1638 A:3992 C:5571 T:5140  
Sample: 212DSAA001\_C03\_premix Lane: 27 Base spacing: 14.823951 2084 bases in 25063 scans Page 1 of 2  
G GAC T TC G G TCG AC G ACC TACTTTC AAG CCTCTACGCC TTG AAGCTATTATCCCTG ATTC ACATCG AGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTAT



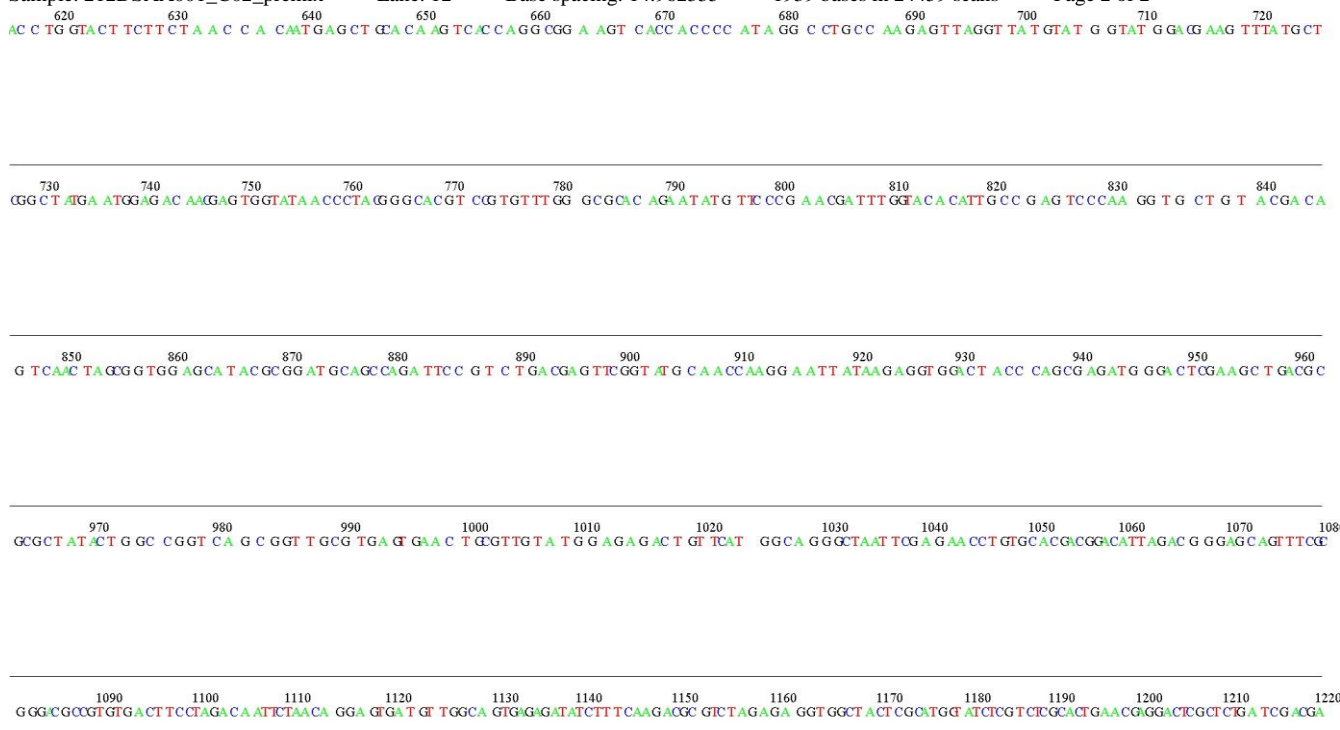
File: 212DSAA001\_C03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1638 A:3992 C:5571 T:5140  
Sample: 212DSAA001\_C03\_premix Lane: 27 Base spacing: 14.823951 2084 bases in 25063 scans Page 2 of 2  
TTGGAGCGGTTACGACGCACTATGAACTCGTGTGTCAAGCTCAGCTTGACCCTACGAGATCAATTGCAAGCAAGTAAATAGCGCATAGAAACAAAGGATGGGAAGACAGTTATACGT



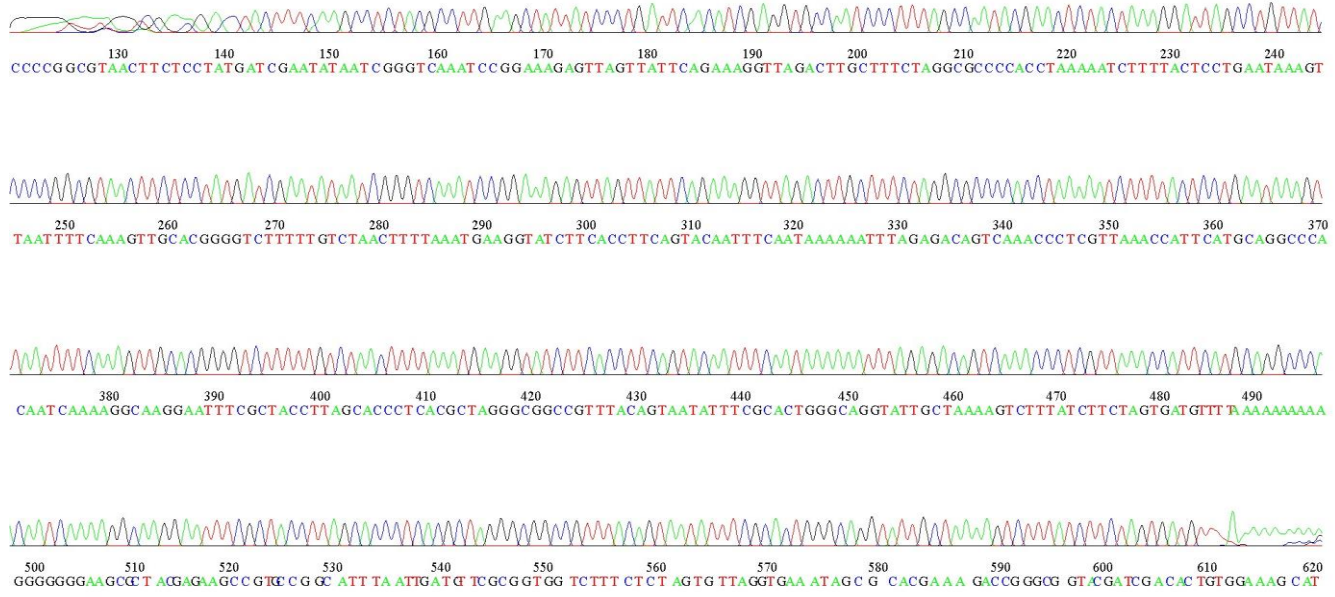
File: 212DSAA001\_C02\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2799 A:6217 C:8739 T:7905  
 Sample: 212DSAA001\_C02\_premix Lane: 12 Base spacing: 14.962335 1939 bases in 24459 scans Page 1 of 2



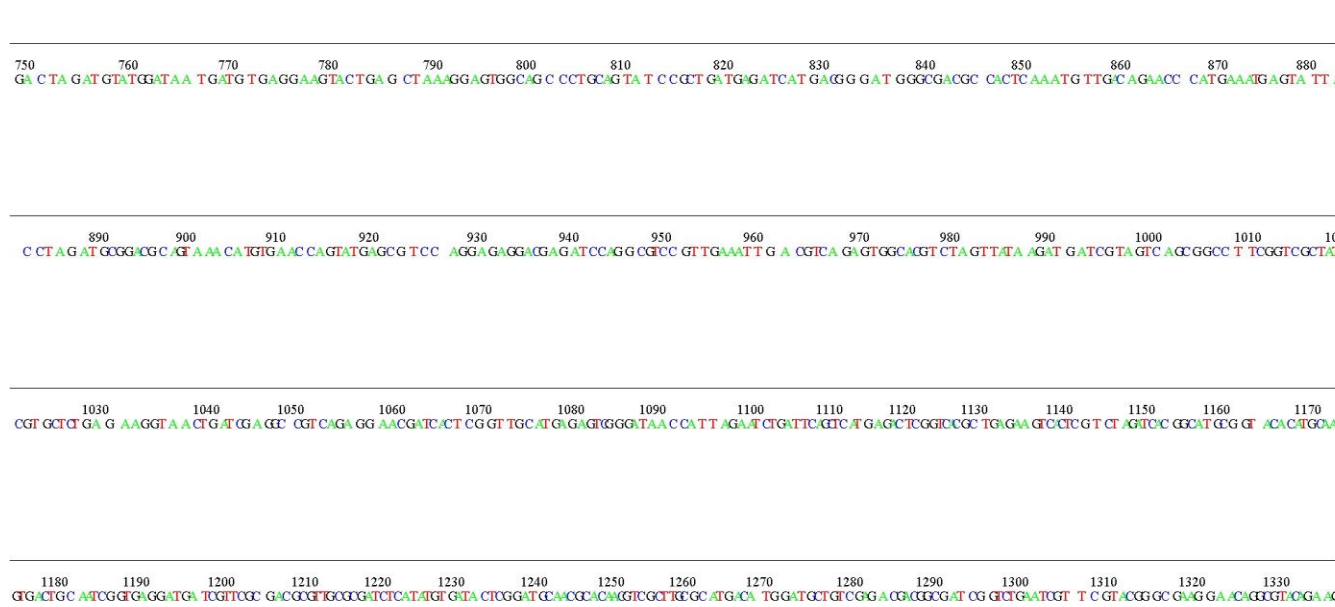
File: 212DSAA001\_C02\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2799 A:6217 C:8739 T:7905  
 Sample: 212DSAA001\_C02\_premix Lane: 12 Base spacing: 14.962335 1939 bases in 24459 scans Page 2 of 2



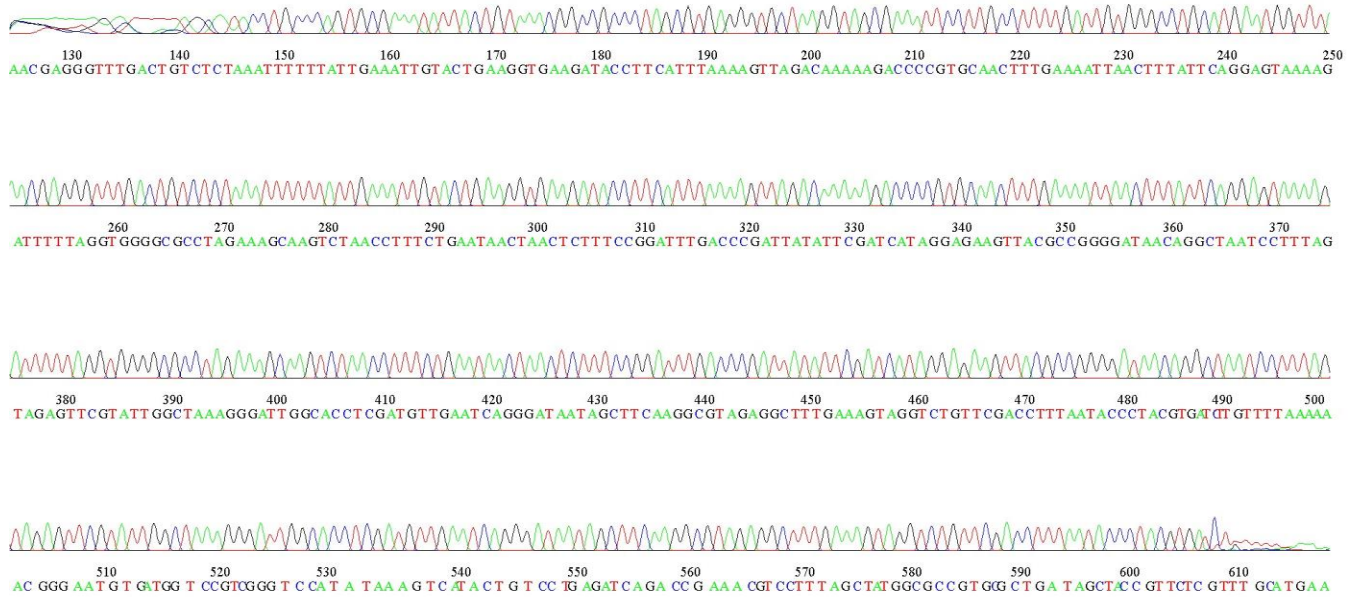
File: 212DSAA001\_C01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2613 A:6094 C:8382 T:8079  
 Sample: 212DSAA001\_C01\_premix Lane: 11 Base spacing: 14.995122 2185 bases in 23927 scans Page 1 of 2



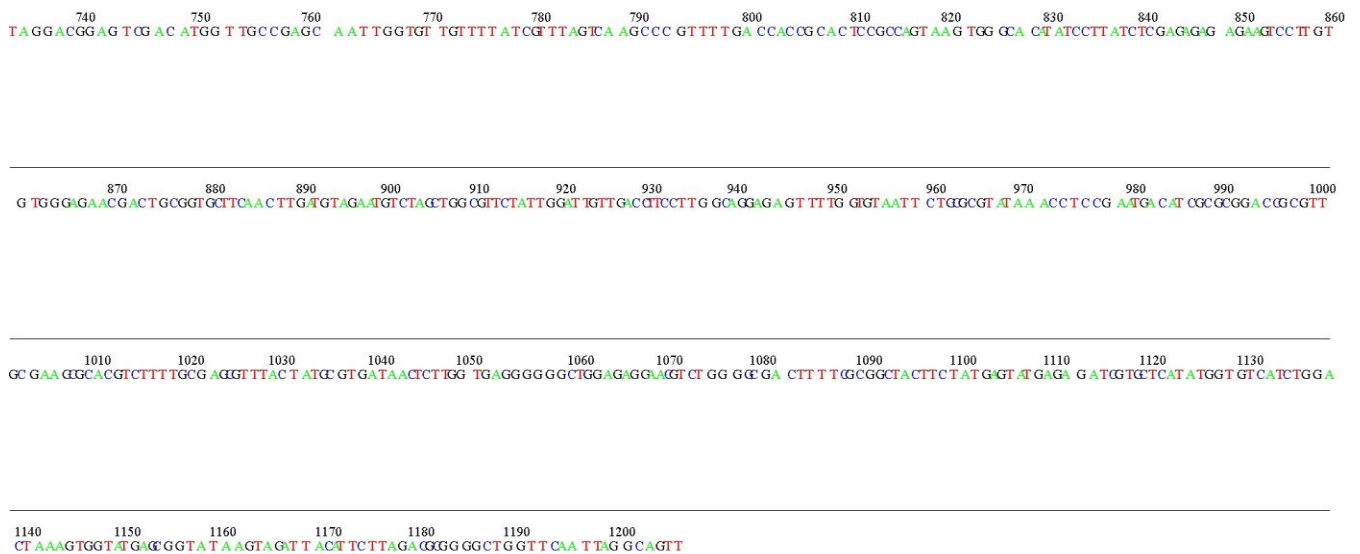
File: 212DSAA001\_C01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2613 A:6094 C:8382 T:8079  
 Sample: 212DSAA001\_C01\_premix Lane: 11 Base spacing: 14.995122 2185 bases in 23927 scans Page 2 of 2



File: 212DSAA001\_B12\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3520 A:6663 C:7080 T:7267  
Sample: 212DSAA001\_B12\_premix Lane: 94 Base spacing: 15.391045 1206 bases in 20854 scans Page 1 of 2  
A GGA T T A G A C T T T C T A G C A T A C C T G C C C A G T G C G A A A T A T T A C T G T A A A C G G C C G C C C T A G C G T G A G G T G C T A A G G T A G C G A A A T T C C T T G C C T T T T G A T T G T G G C C T G C A T G A A T G G T T T



File: 212DSAA001\_B12\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3520 A:6663 C:7080 T:7267  
Sample: 212DSAA001\_B12\_premix Lane: 94 Base spacing: 15.391045 1206 bases in 20854 scans Page 2 of 2  
TGAGGGGCAGTATGTCGGCAGGC ACTCTTTCGTATAGAGCTATAGGTTTGTCTACCTATAC TTGCTATCAATGAAAGCTTACGACTTGGTGTATGTCGGAG TATATATCA T



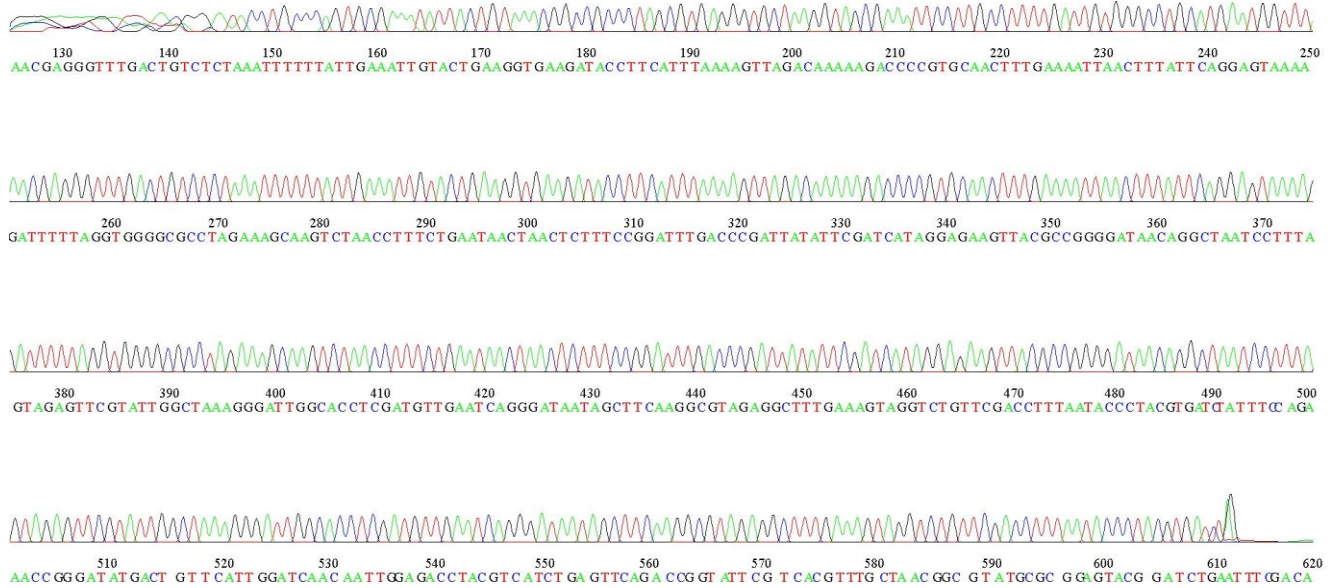
File: 212DSAA001\_B11\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2438 A:4291 C:4403 T:4282  
Sample: 212DSAA001\_B11\_premix Lane: 93 Base spacing: 15.188685 1724 bases in 19743 scans Page 1 of 2  
C CG TAA G ACTT ACAGCA TACCTG CCCAG TGC GAAATAT TACTGT AAACG GCCGCCCTAG C GTG AG GGTGCTAAGGT AGC GAAATTCCT TGCCTTTT GATTGT GGGCCTGCATGAATGTTT



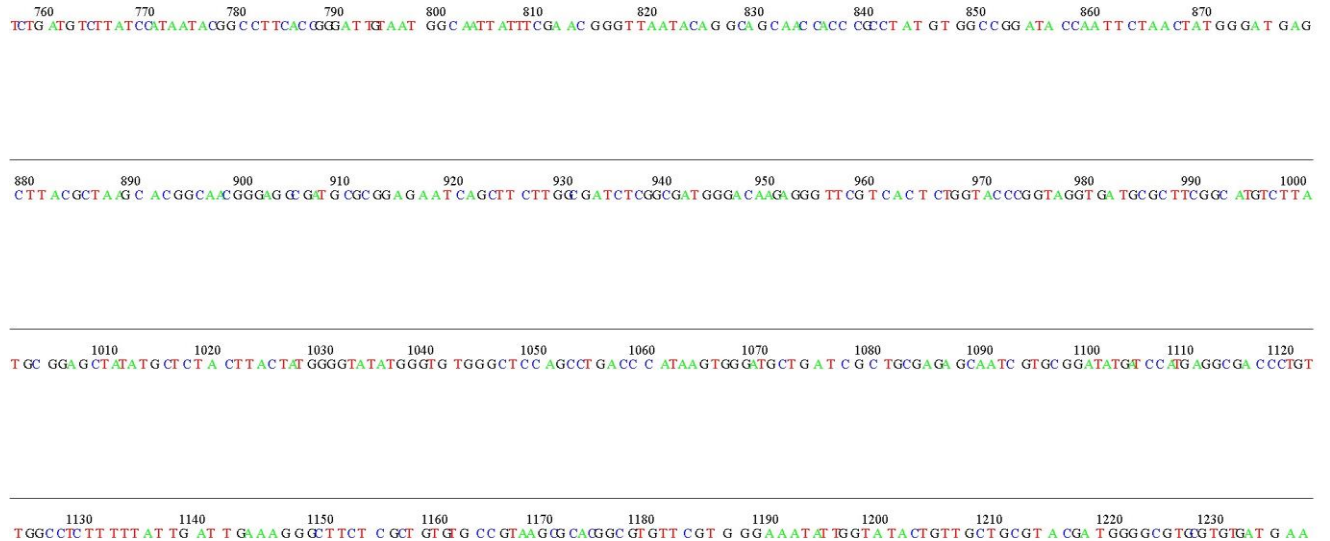
File: 212DSAA001\_B11\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2438 A:4291 C:4403 T:4282  
Sample: 212DSAA001\_B11\_premix Lane: 93 Base spacing: 15.188685 1724 bases in 19743 scans Page 2 of 2  
TGCAAGAGGCGGGTAAACCGGCAAGGAGGATTCGATGC AATCAAATGACATTCG CCGCATCC TATTCATATGGGATACGGTTCCTTGGGACTTACATCATGATATAGTTATAGTTT



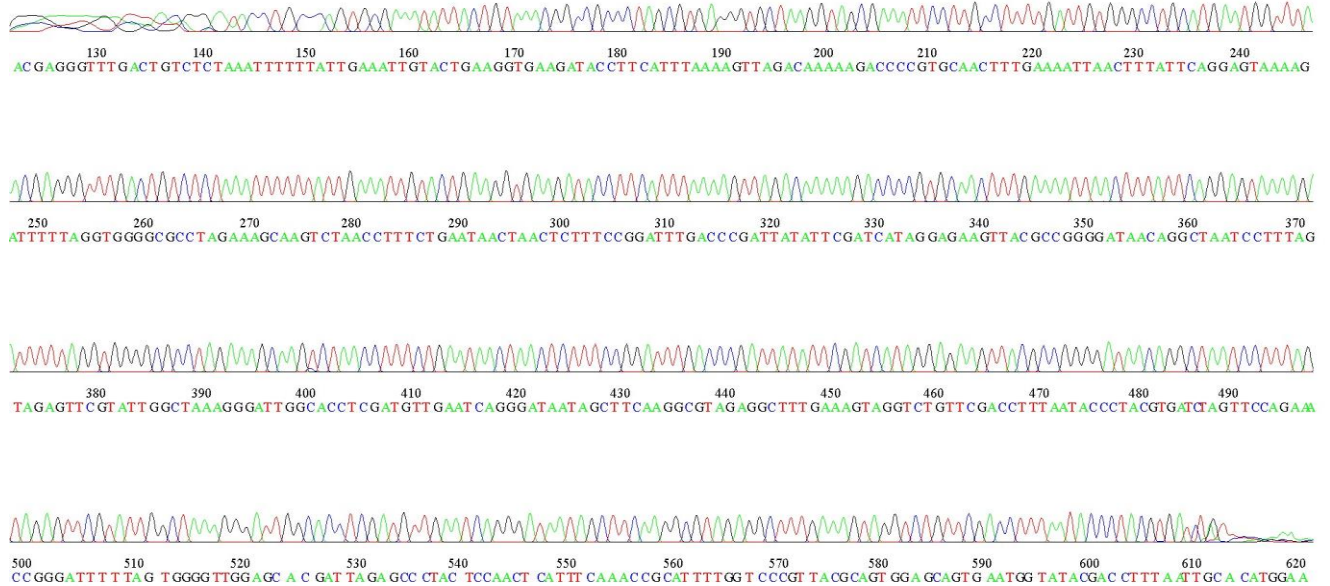
File: 212DSAA001\_B10\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2672 A:4883 C:4766 T:5311  
Sample: 212DSAA001\_B10\_premix Lane: 78 Base spacing: 15.022866 1718 bases in 21886 scans Page 1 of 2  
G CTATCTG TCGTTCGGA TACCTGCCAG TCGAAATATTACT GTAACGGCCGCCCTAGCGTG AGGGTGTAAAGTACGCAAAATTCCTTGCCTTTTGTATTGGGCTGCATGAATGTTT



File: 212DSAA001\_B10\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2672 A:4883 C:4766 T:5311  
Sample: 212DSAA001\_B10\_premix Lane: 78 Base spacing: 15.022866 1718 bases in 21886 scans Page 2 of 2  
GGGGTAGAGATGCAAGGCTCTCTGTAAGGCTCACTACAGGTGACGTTAAGATCTCTTTCCATGCGTCAATTTGACAACCGCGAGAGTGTAGTTGCAAGGCCATTTCTGAGTGTGCAGTTAGGGCGC



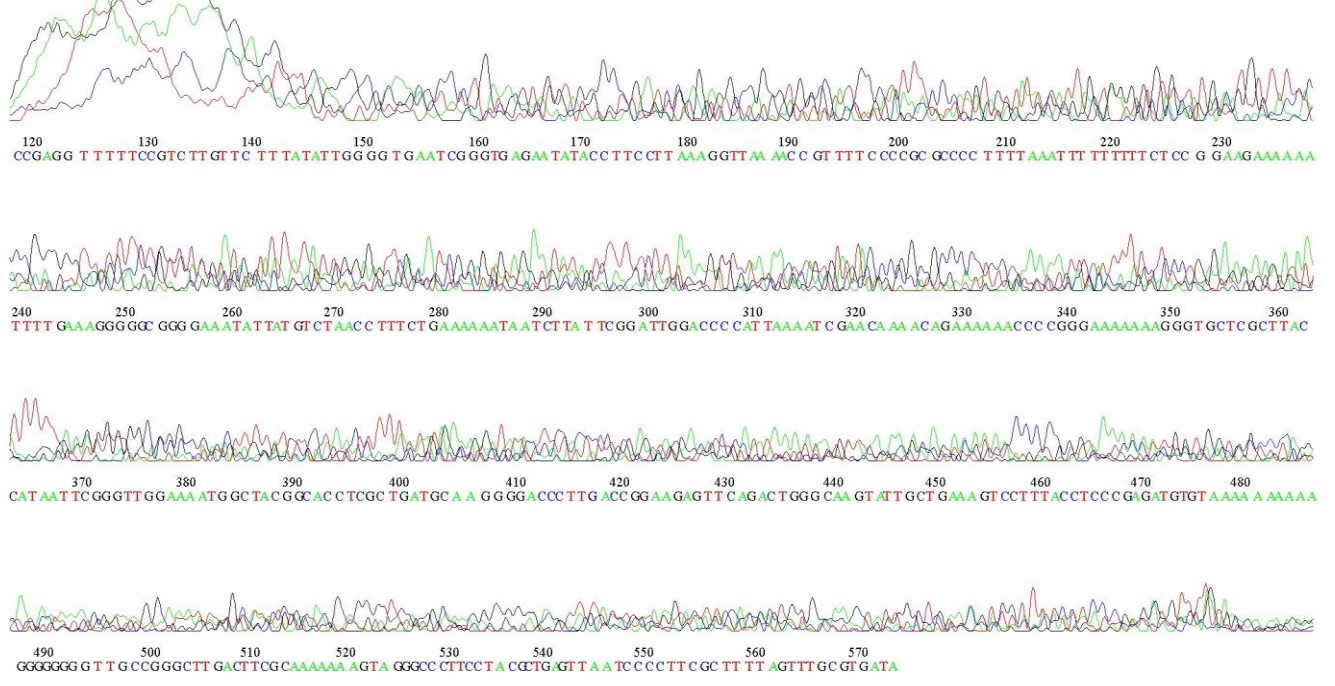
File: 212DSAA001\_B09\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1738 A:3687 C:3743 T:3310  
Sample: 212DSAA001\_B09\_premix Lane: 77 Base spacing: 15.016962 1430 bases in 18667 scans Page 1 of 2  
G CG C TAG AC G A TAG C A T ACC T G C CA GT CG G A A A T T T A C T G T A A A C G G C C C C T A G C G T G A G G T G C T A A G T A G C G A A A T T C C T T G C C T T T G A T T G T G G G C C T G C A T G A A T G G T T T A



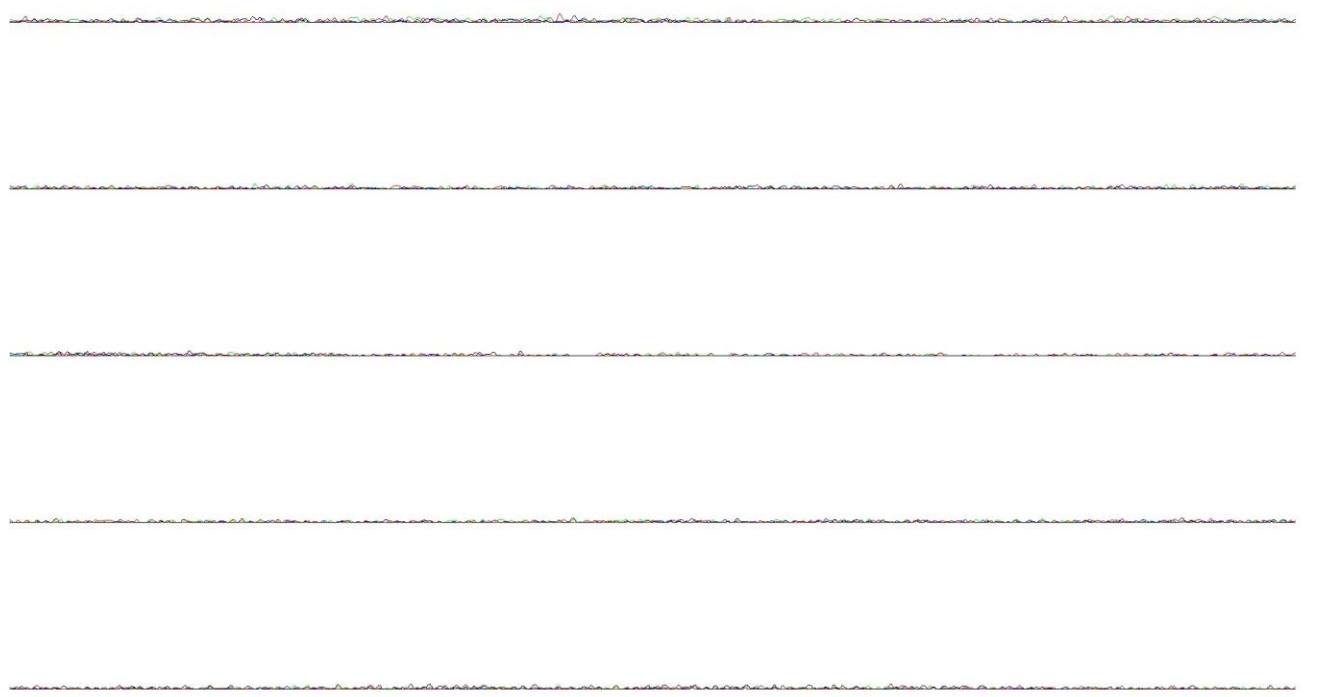
File: 212DSAA001\_B09\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1738 A:3687 C:3743 T:3310  
Sample: 212DSAA001\_B09\_premix Lane: 77 Base spacing: 15.016962 1430 bases in 18667 scans Page 2 of 2  
A A G G T T C A A T G T G C G G T A A G T T T A A A T A C A A A G G A G T A C G A G T C C G T C G A C C T A A G T T C G A G A C A A G A A A G T C T A G G C G G C G T T A T A T T C G A A A T G A C T A C A G T G T



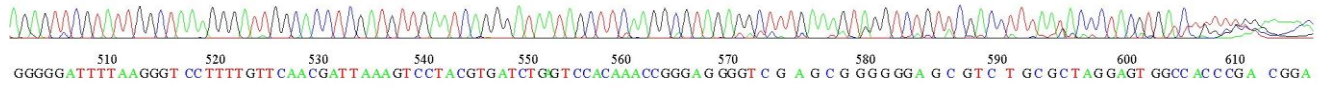
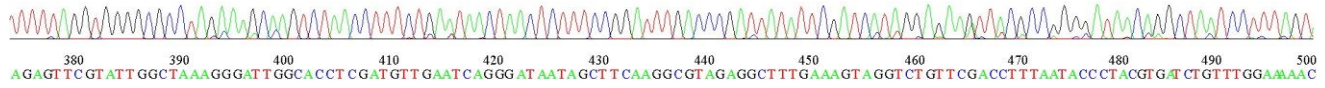
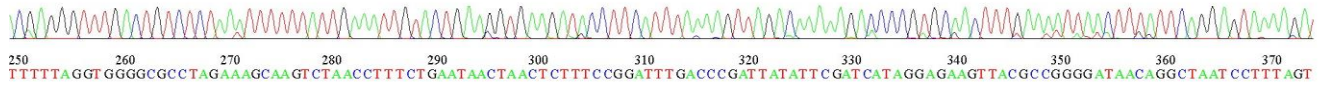
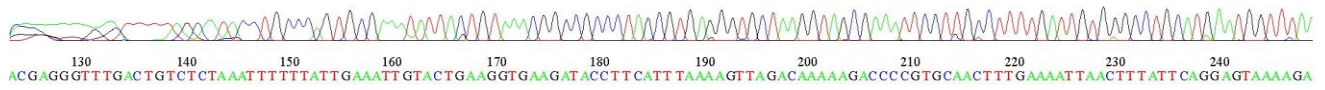
File: 212DSAA001\_B08\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:59 A:84 C:115 T:107  
Sample: 212DSAA001\_B08\_premix Lane: 62 Base spacing: 14.978384 574 bases in 16299 scans Page 1 of 2



File: 212DSAA001\_B08\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:59 A:84 C:115 T:107  
Sample: 212DSAA001\_B08\_premix Lane: 62 Base spacing: 14.978384 574 bases in 16299 scans Page 2 of 2

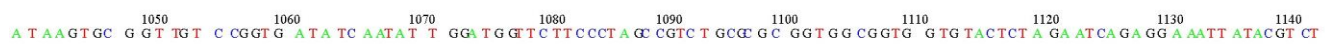


File: 212DSAA001\_B07\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3799 A:7218 C:7714 T:8066  
 Sample: 212DSAA001\_B07\_premix Lane: 61 Base spacing: 14.858148 1607 bases in 22991 scans Page 1 of 2  
 G C A G A A G G C G T T T A G C A T A C C T G C C C A G T G C G A A A T A T T A C T G T A A A C G G C C G C C T A G C G T G A G G T G C T A A G G T A G C G A A A T T C C T T G C C T T T T G A T T G T G G C C T G C A T G A A T G G T T A

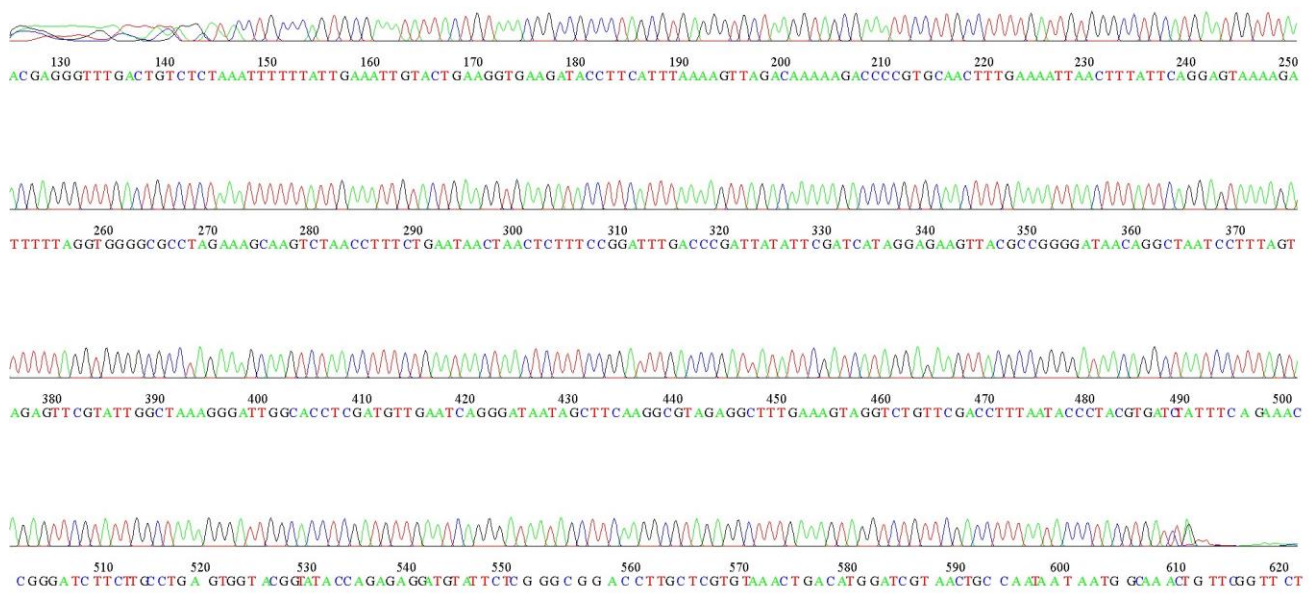


File: 212DSAA001\_B07\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3799 A:7218 C:7714 T:8066  
 Sample: 212DSAA001\_B07\_premix Lane: 61 Base spacing: 14.858148 1607 bases in 22991 scans Page 2 of 2

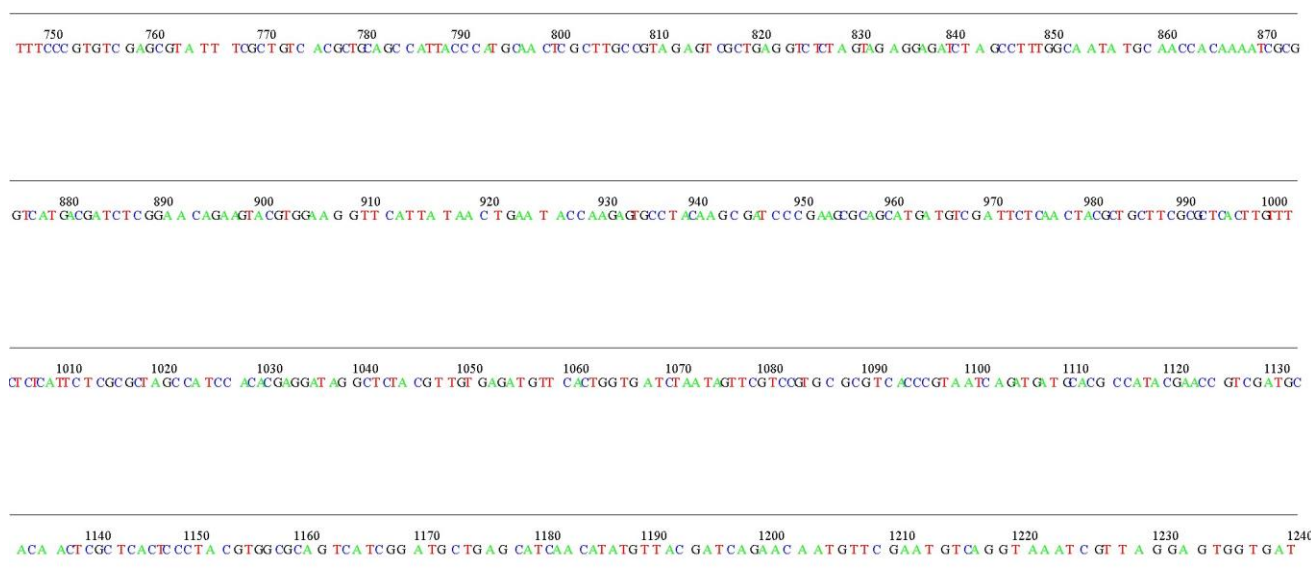
C G T G T A T A A T G C A A A A G G C G G G A G C G A C T A G T G C G C C T T G T G A T A T T C C T T A C T T C T C A T A C A T G T A C G A A A G A C T G T T T G C T A A C C T T C A T A T T C T G A A C A G



File: 212DSAA001\_B06\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2852 A:4768 C:4881 T:5236  
 Sample: 212DSAA001\_B06\_premix Lane: 46 Base spacing: 14.99057 1694 bases in 23131 scans Page 1 of 2



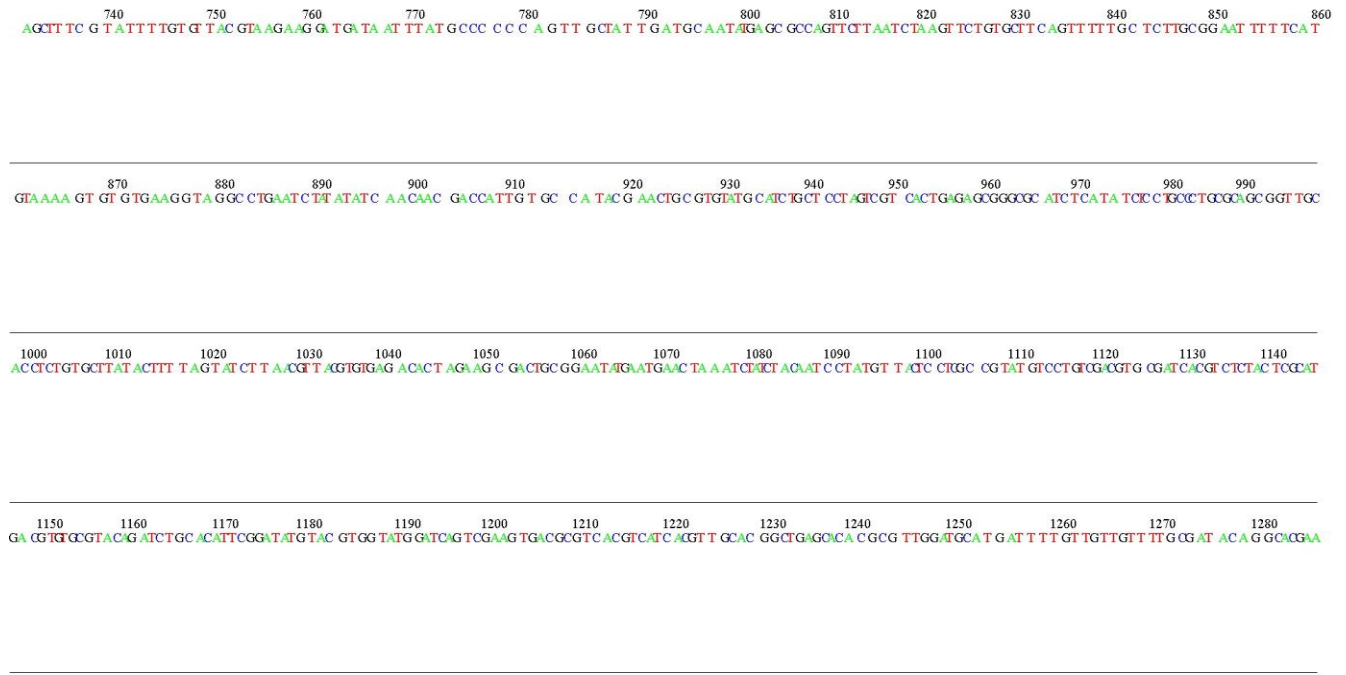
File: 212DSAA001\_B06\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2852 A:4768 C:4881 T:5236  
 Sample: 212DSAA001\_B06\_premix Lane: 46 Base spacing: 14.99057 1694 bases in 23131 scans Page 2 of 2



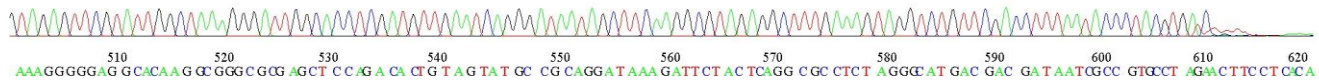
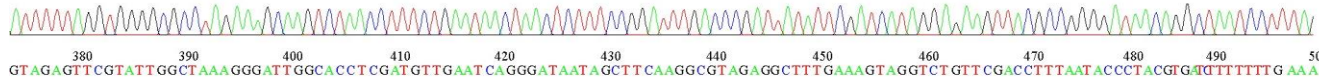
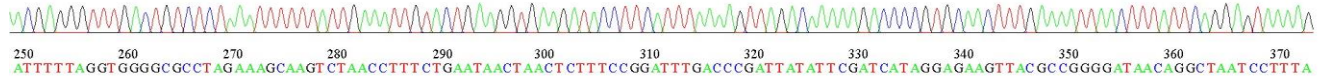
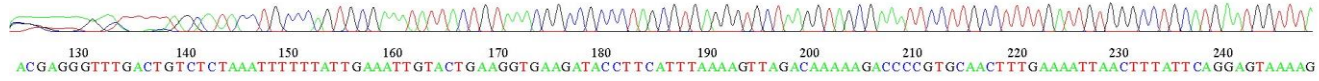
File: 212DSAA001\_B05\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1624 A:1981 C:1853 T:1742  
Sample: 212DSAA001\_B05\_premix Lane: 45 Base spacing: 14.904281 1830 bases in 20910 scans Page 1 of 2  
T A TT AATT CTT TT ATCC GTACCT G CCGAG T GCGA ATAT TACT GTAAACG GCGCCCTAG CGTG AGGGTGCTAAGGTAGCGAAATTCCTTGCCTTTTGATTGTGGCCCTGCATGAATGGTT



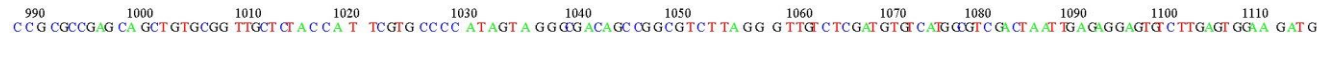
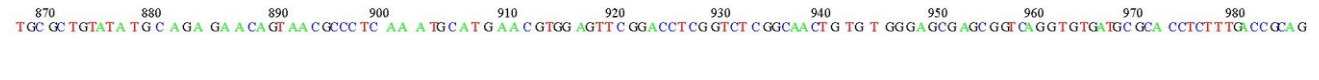
File: 212DSAA001\_B05\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1624 A:1981 C:1853 T:1742  
Sample: 212DSAA001\_B05\_premix Lane: 45 Base spacing: 14.904281 1830 bases in 20910 scans Page 2 of 2  
C ATCT CAGATG GTA C CC AGATT CG GAGAC T CTACGTTTACACC A T CA CCCC GGGCT C CCA C C AT ACGCC TATC AT GC GC GTA G C C T C T C G T A T G C C T A C G G T G T G C G A T T A A G A A A



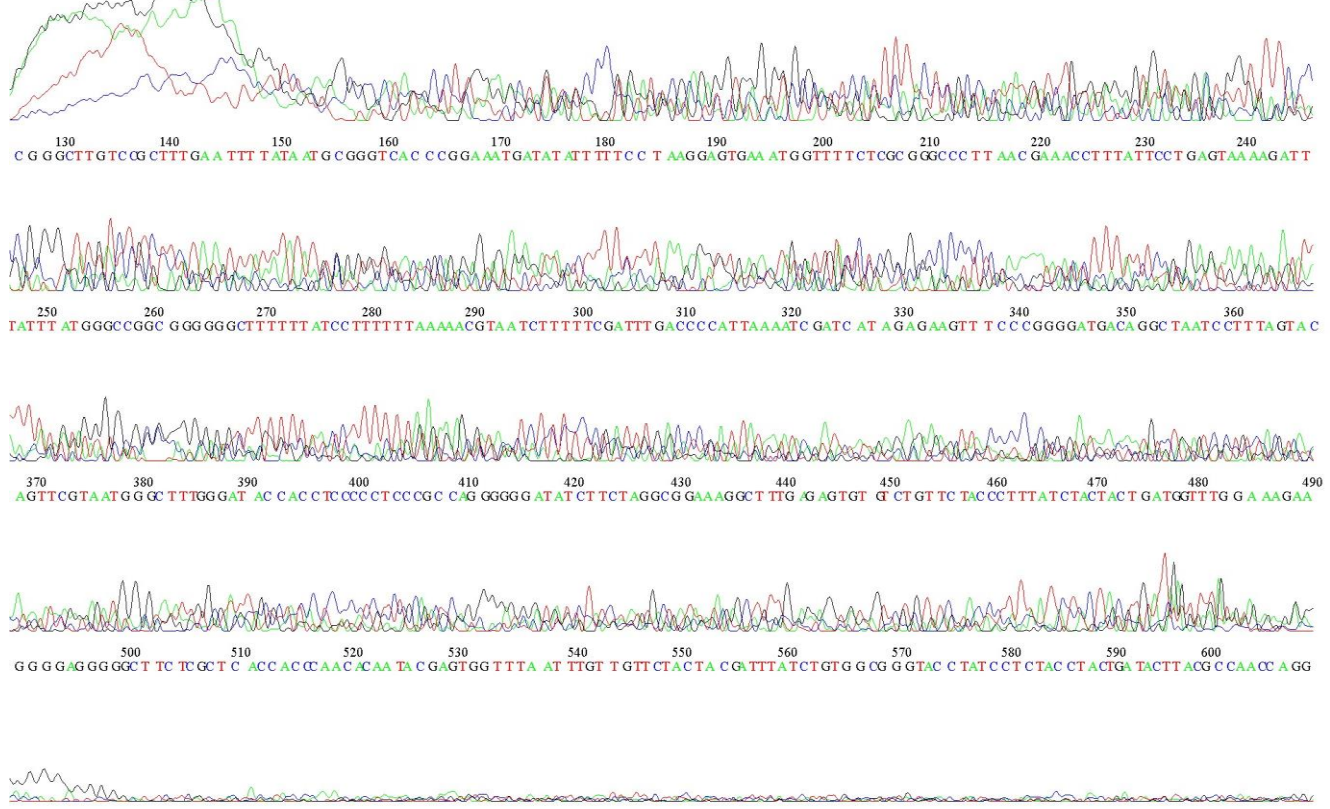
File: 212DSAA001\_B04\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:4152 A:8147 C:8201 T:10286  
Sample: 212DSAA001\_B04\_premix Lane: 30 Base spacing: 14.809306 1395 bases in 24597 scans Page 1 of 2  
CCATTGA G A C T T T T A G C A T A C C T G C C C A G T G C G A A A T A T F A C T G T A A A C G G C C C C T A G C G T G A G G T G C T A A G G T A G C A A A A A G A C C C C G T G C A A C T T T G A A A A T T A A C T T T T G A T T G G G C C T G C A T G A A T G G T T T A



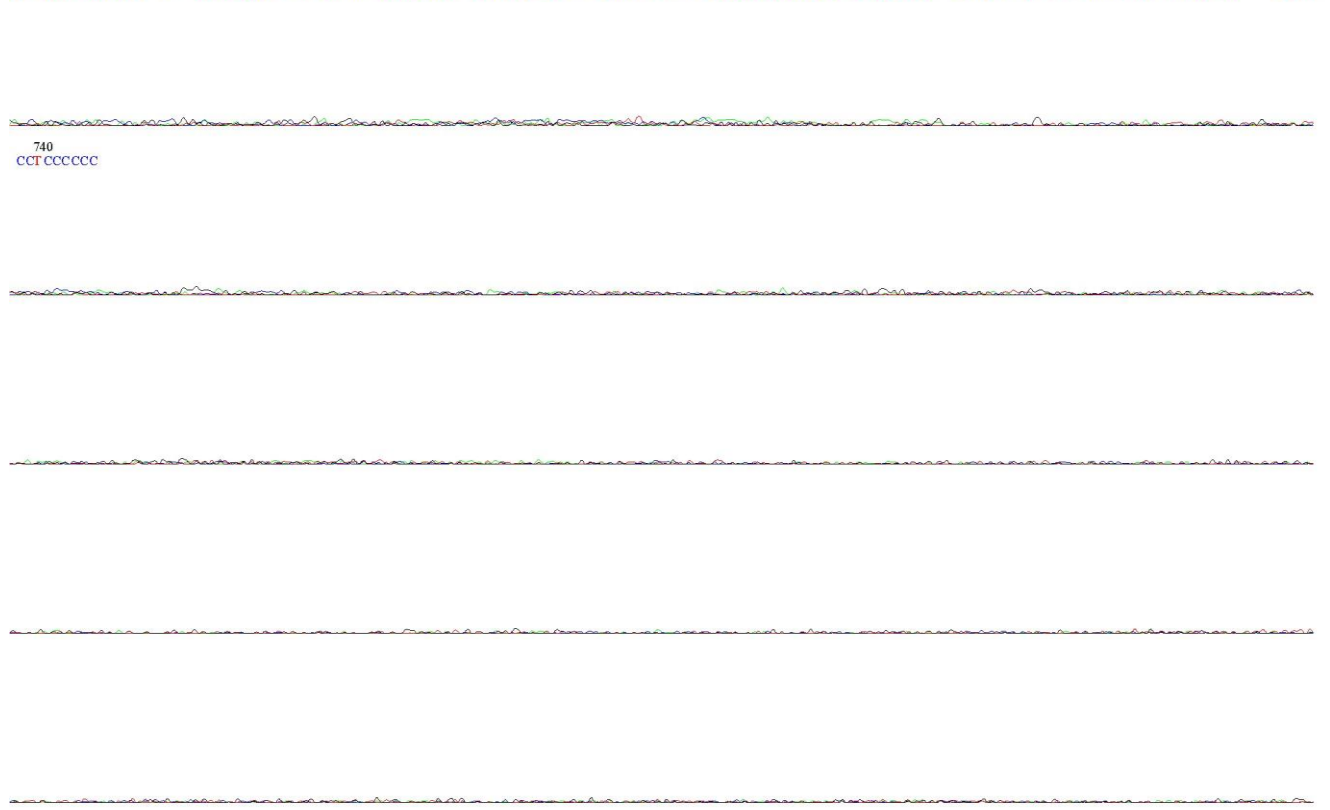
File: 212DSAA001\_B04\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:4152 A:8147 C:8201 T:10286  
Sample: 212DSAA001\_B04\_premix Lane: 30 Base spacing: 14.809306 1395 bases in 24597 scans Page 2 of 2  
T C A G T G G G C G G C C C A G T G A C C G G G A T C A C A C T A G T A G C G G T T A C A C T A G G C A C T A G C G C A C C A G T T T T C G A G A G G T A A A T A A G C C C A A G G G C C A G C T A T A G A G G G A T A T A G G T



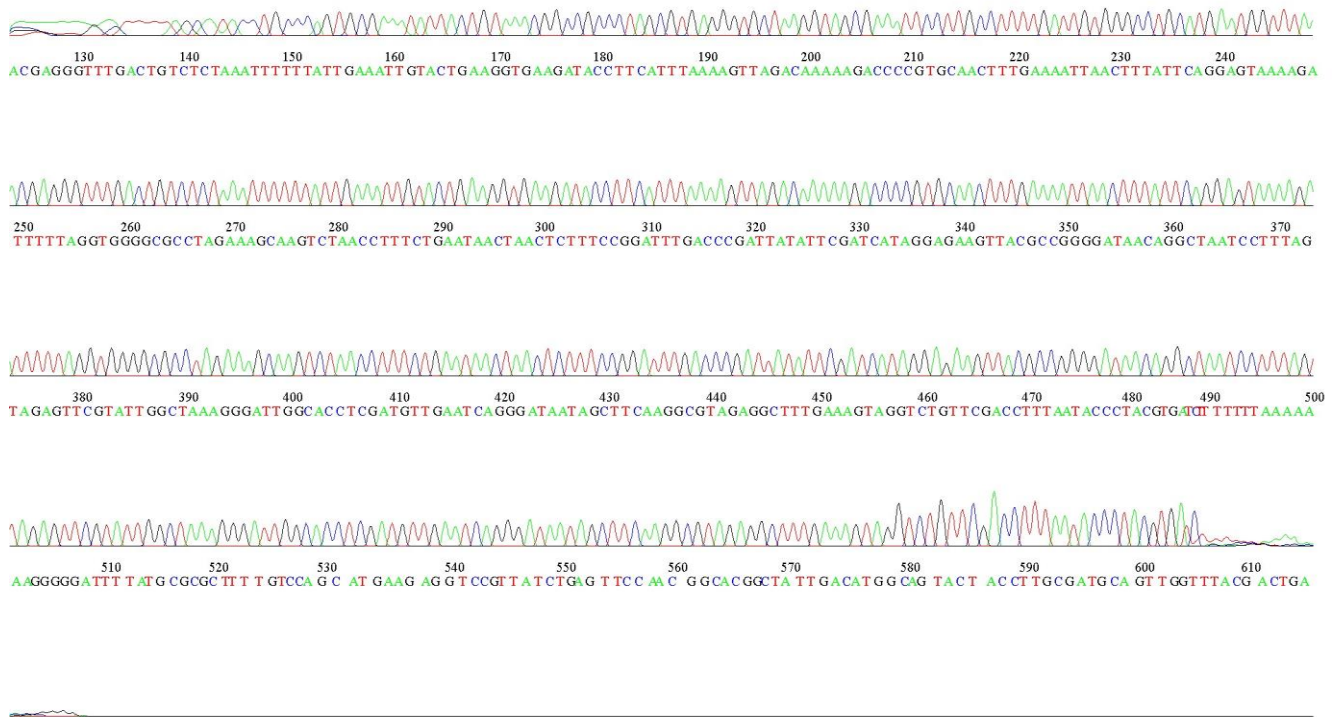
File: 212DSAA001\_B03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:55 A:92 C:126 T:111  
Sample: 212DSAA001\_B03\_premix Lane: 29 Base spacing: 15.015794 746 bases in 16303 scans Page 1 of 2



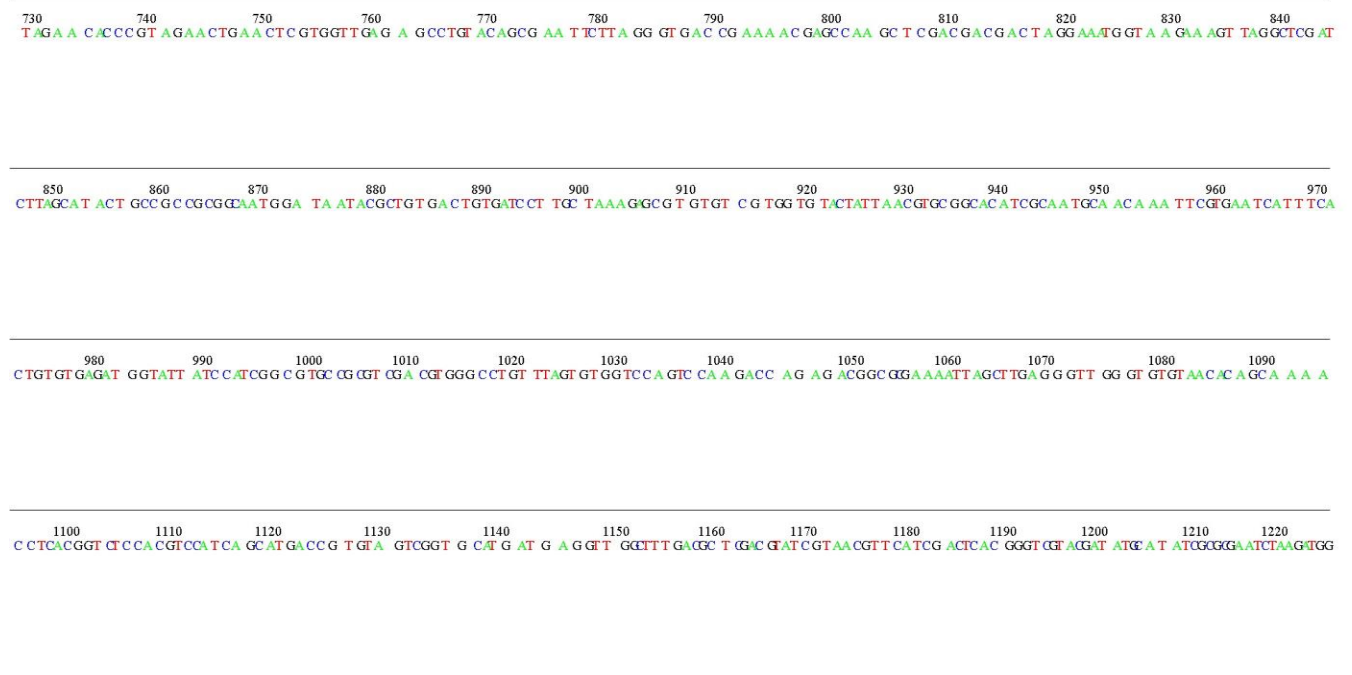
File: 212DSAA001\_B03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:55 A:92 C:126 T:111  
Sample: 212DSAA001\_B03\_premix Lane: 29 Base spacing: 15.015794 746 bases in 16303 scans Page 2 of 2



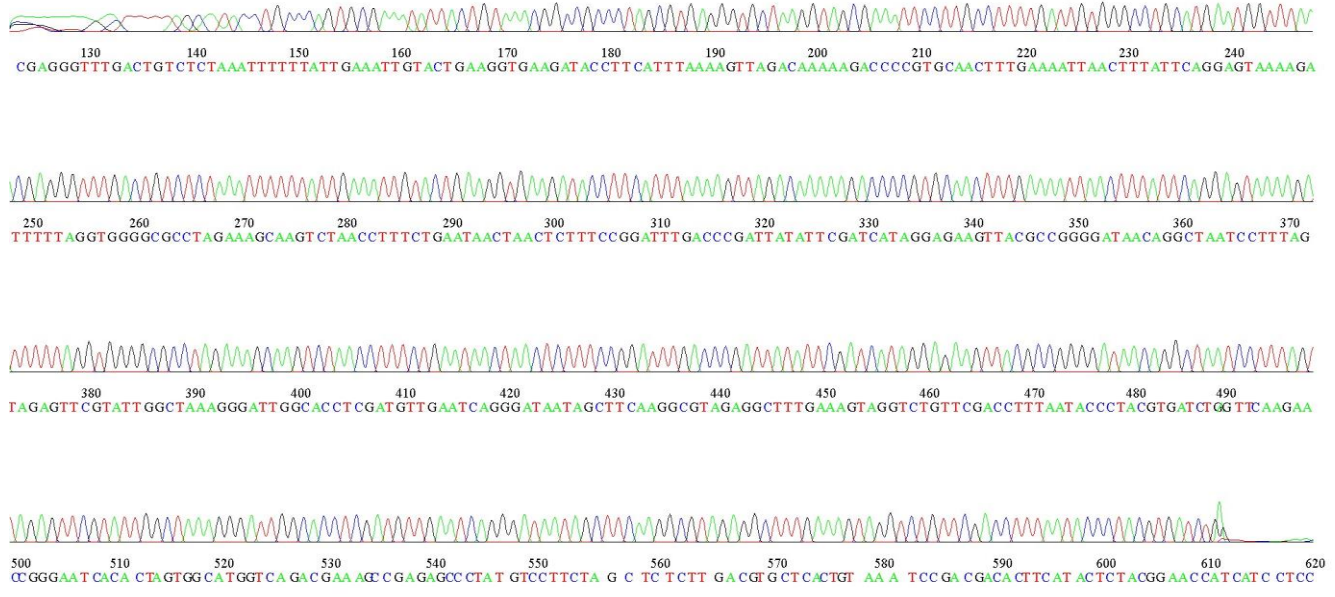
File: 212DSAA001\_B02\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:4667 A:7283 C:7589 T:8459  
 Sample: 212DSAA001\_B02\_premix Lane: 14 Base spacing: 14.913888 1769 bases in 23221 scans Page 1 of 2



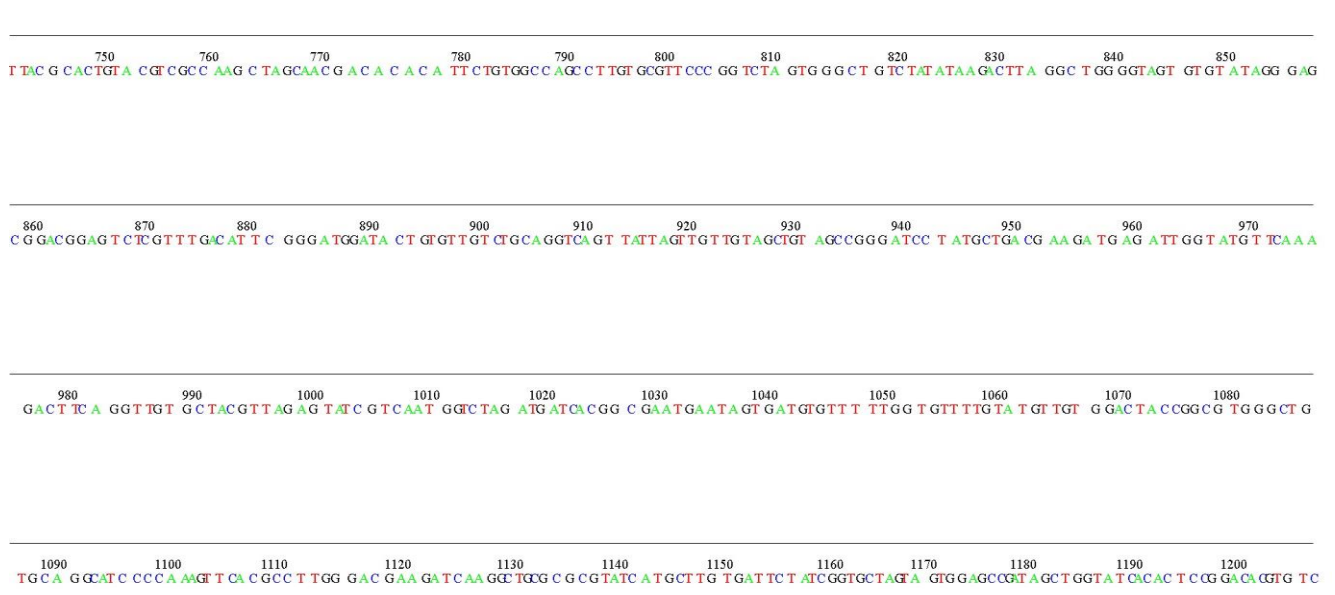
File: 212DSAA001\_B02\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:4667 A:7283 C:7589 T:8459  
 Sample: 212DSAA001\_B02\_premix Lane: 14 Base spacing: 14.913888 1769 bases in 23221 scans Page 2 of 2



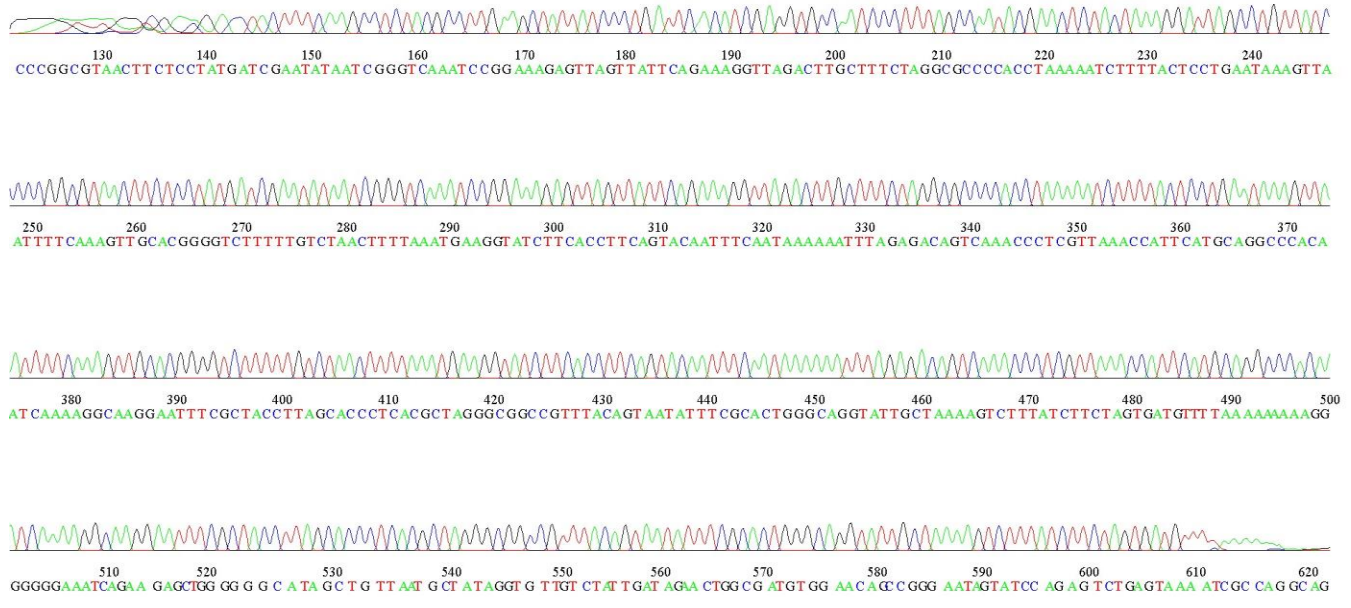
File: 212DSAA001\_B01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2204 A:4096 C:4221 T:4056  
 Sample: 212DSAA001\_B01\_premix Lane: 13 Base spacing: 15.093826 1580 bases in 19115 scans Page 1 of 2



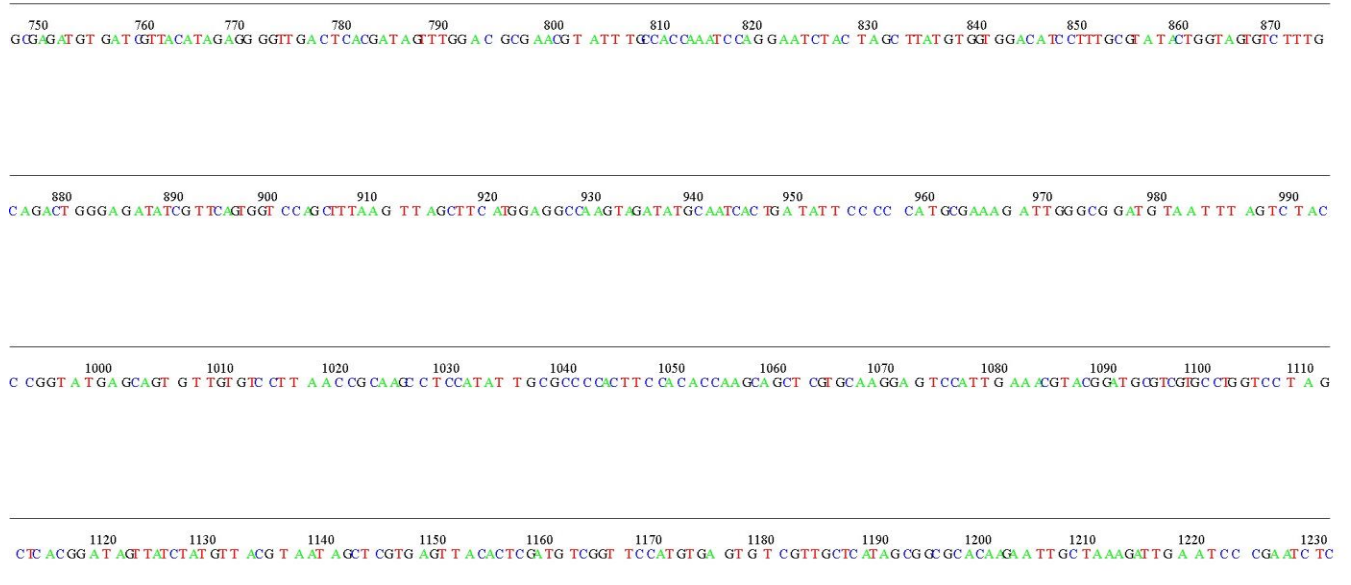
File: 212DSAA001\_B01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2204 A:4096 C:4221 T:4056  
 Sample: 212DSAA001\_B01\_premix Lane: 13 Base spacing: 15.093826 1580 bases in 19115 scans Page 2 of 2



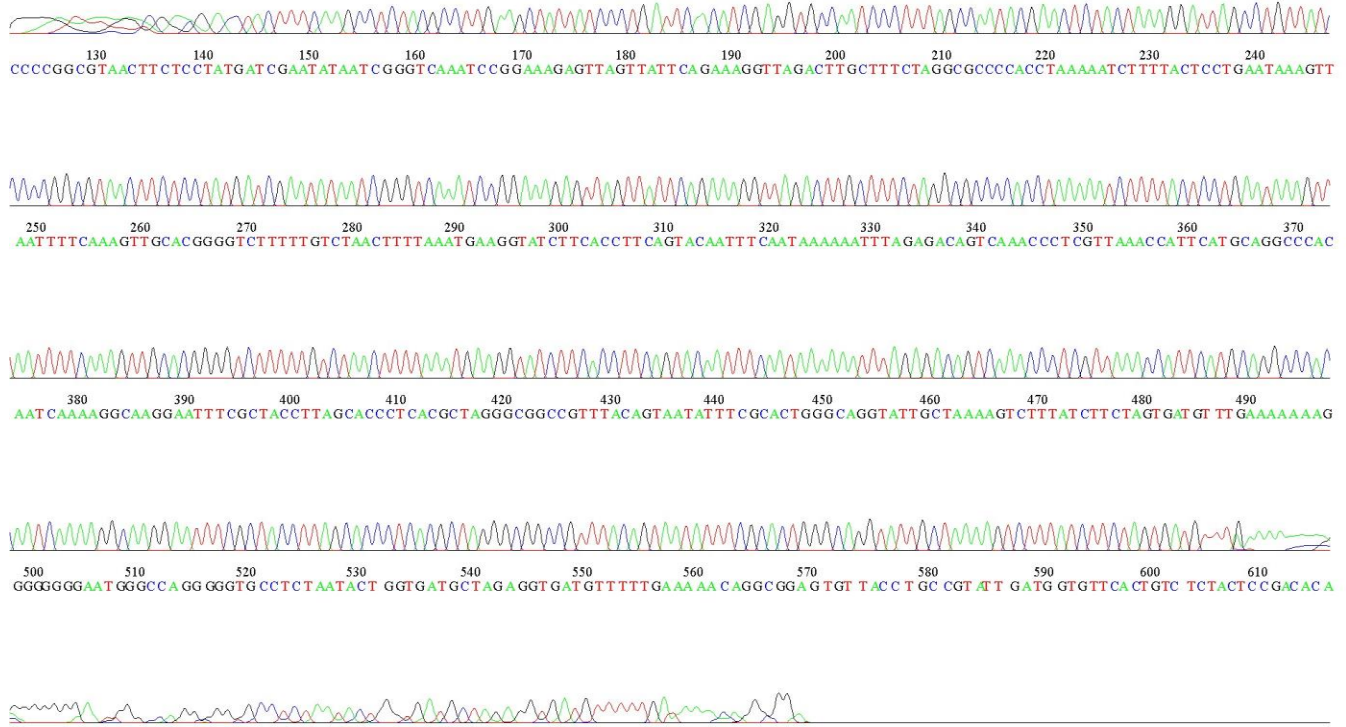
File: 212DSAA001\_A12\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2978 A:6360 C:9358 T:7563  
Sample: 212DSAA001\_A12\_premix Lane: 96 Base spacing: 15.8606615 1688 bases in 21688 scans Page 1 of 2



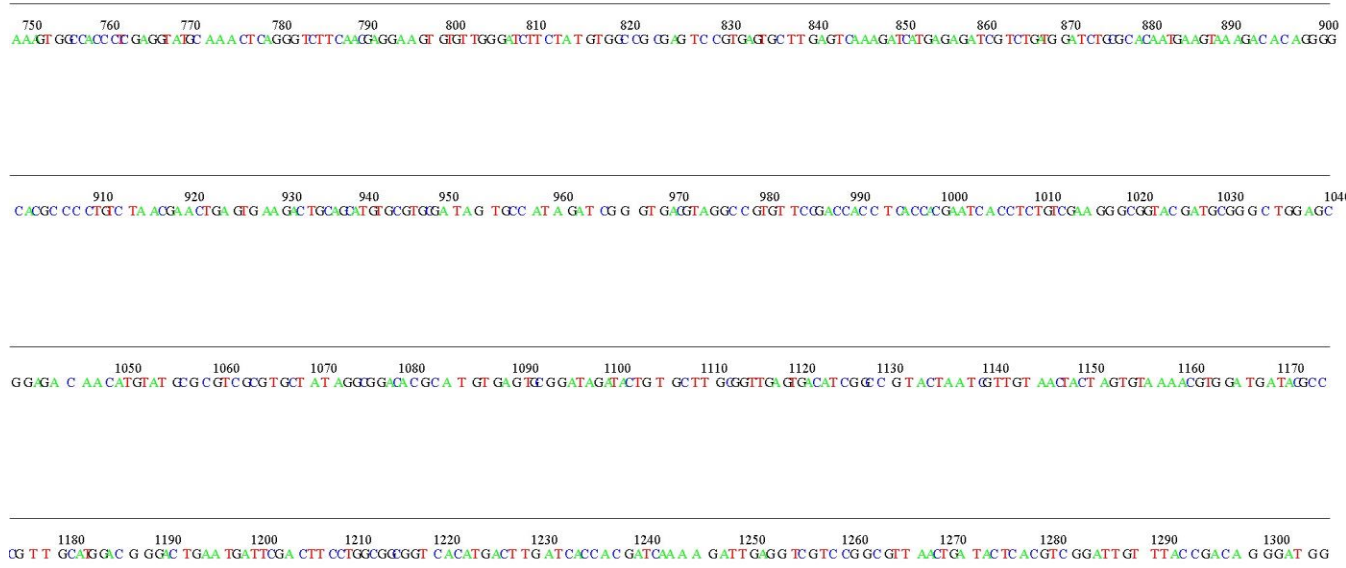
File: 212DSAA001\_A12\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2978 A:6360 C:9358 T:7563  
Sample: 212DSAA001\_A12\_premix Lane: 96 Base spacing: 15.8606615 1688 bases in 21688 scans Page 2 of 2



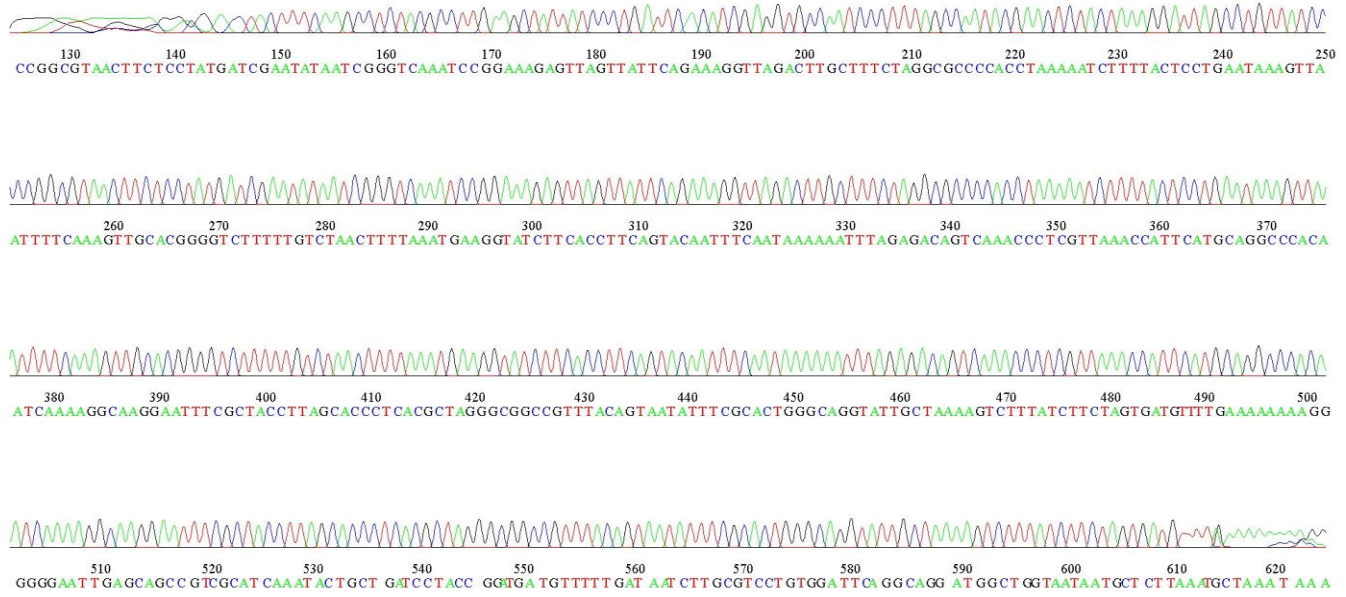
File: 212DSAA001\_A11\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3286 A:7218 C:9113 T:8020  
Sample: 212DSAA001\_A11\_premix Lane: 95 Base spacing: 15.082166 2040 bases in 25028 scans Page 1 of 2  
G GG TT ACA TCG GCG ACC TACT TTTCAA G CCTCTACG CCTTGAAGCTAT TATCCCTG ATTCACATCG AGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTAT



File: 212DSAA001\_A11\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3286 A:7218 C:9113 T:8020  
Sample: 212DSAA001\_A11\_premix Lane: 95 Base spacing: 15.082166 2040 bases in 25028 scans Page 2 of 2  
TATC AACATG AAAAAATCTGCAAGATTCCGGATAGGCCCTAGCGGACAGCCTGGA CGAGA GACTTATCC TGTAAATTTCA CCAAAC TTCCGATATCGGGCAGG GTGTGGTGGTATGGTCTGT

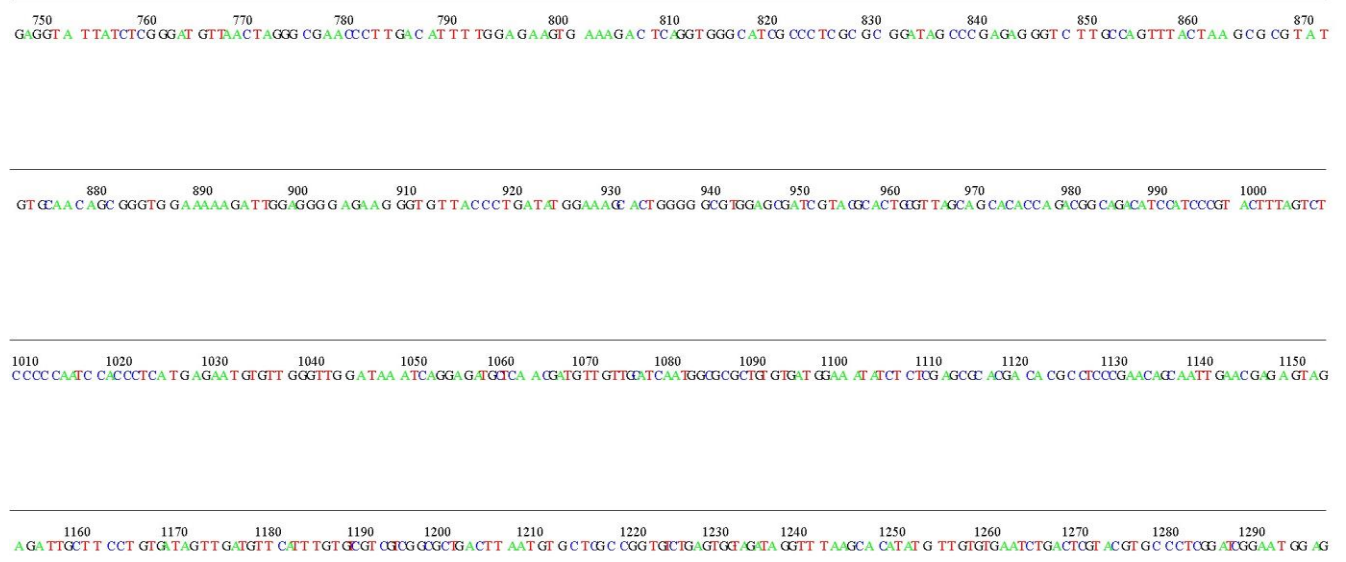


File: 212DSAA001\_A10\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1934 A:3881 C:5367 T:4349  
Sample: 212DSAA001\_A10\_premix Lane: 80 Base spacing: 15.029964 1884 bases in 22271 scans Page 1 of 2  
G G A T T A G A T T G G C G A C C T A C T T T C A A G C C T C T A C G C C T T G A A G C T A T T A T C C C T G A T T C A A C A T C G A G G T G C C A A T C C C T T T A G C C A A T A C G A A C T C T A C T A A A G G A T A G C C T G T T A T C C



*Handwritten scribble*

File: 212DSAA001\_A10\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1934 A:3881 C:5367 T:4349  
Sample: 212DSAA001\_A10\_premix Lane: 80 Base spacing: 15.029964 1884 bases in 22271 scans Page 2 of 2  
A G A T A A T A A G G T T G C A G T T A A A A T C G G A T G A C A T G C G T T C C G T G C C C T C G C A T A C G T C A M A C G A C C T A T G G T A G G G G T T G C C C A G T T C T G A A A T T A G T G C C T C A C T T C





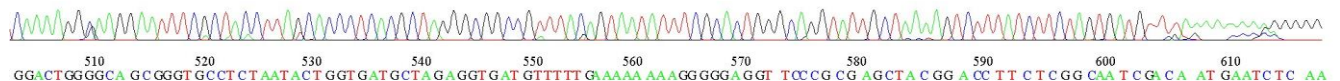
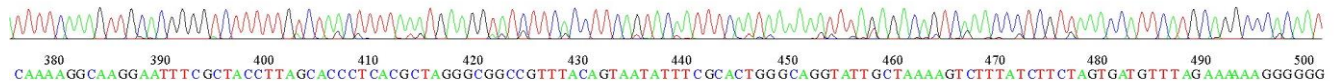
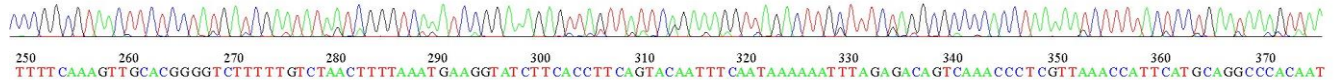
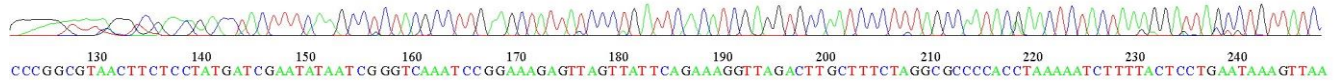
File: 212DSAA001\_A08\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1520 A:3461 C:4497 T:3892  
Sample: 212DSAA001\_A08\_premix Lane: 64 Base spacing: 14.915933 1939 bases in 25190 scans Page 1 of 2  
G C A T T A T A G C G A C G A C C T A C T T T C A A G C C T C T A C G C C T T G A A G C T A T T A T C C C T G A T T C A C A T C G A G G T G C C A A T C C C T T T A G C C A A T A C G A A C T C T A C T A A A G G A T T A G C C T G T T A T C C



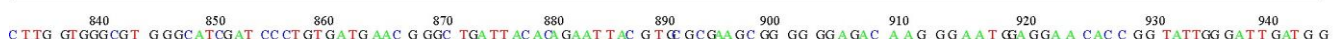
File: 212DSAA001\_A08\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1520 A:3461 C:4497 T:3892  
Sample: 212DSAA001\_A08\_premix Lane: 64 Base spacing: 14.915933 1939 bases in 25190 scans Page 2 of 2  
G G A T T G T G A C A G C T G G A G C A G C G A A C C A A T G T T A A G A T G C A G G C C G A T C C C A T C C C G G A C A T C T T C A A A G A G A G G A C C A A A A T G C A A T T A C T A A G G T G G A C G T G C T A T

G C T A A T G T C C A T G C C T A T C A C A T G G C T G T A C G G C T G G A A G G G G C G T C T T G G C A T T A A T C G A A G T G A T T A C G C C T A A G A A G G C C C C C T G A T C C T T G  
A G T C T T G A G G G A A C T A C G C A T G C T T G T A A G G G G G C G G A C A A G G G T T G G G A A T G G C G T G G C A G G G A C T A A T T G T T T A C C G T T G C C T G  
C C A A T A T T T C G C A C C C T C T T T G T C A A T A G A G A T A T C C C T A C G A G G A G C A A A G G G C G C G G G A C A A T A A T A C G C C G G G T T G A C A A C G A C T G A A C G A  
G A A C T A A T T C G G G T T A A C C T A C C A G T G T T G A T A G T C G C A G T G T C A G A G A A A T T T G A A C A G C G T C G G T T A T A G G G C G T G A A C T C T C C T C A C A G T G T A A

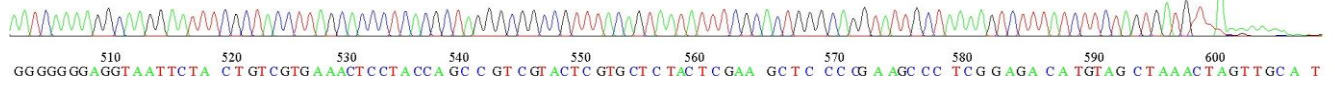
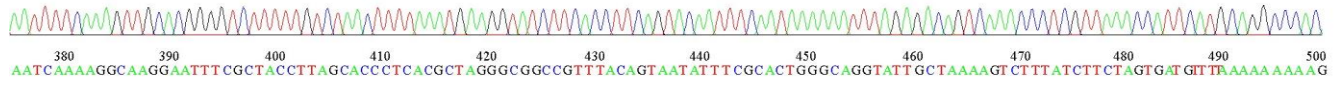
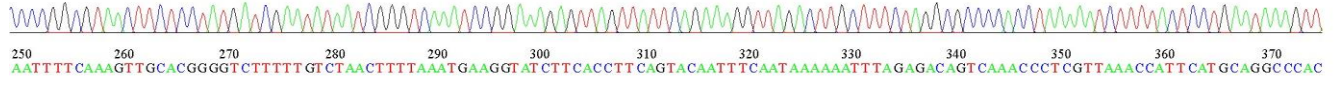
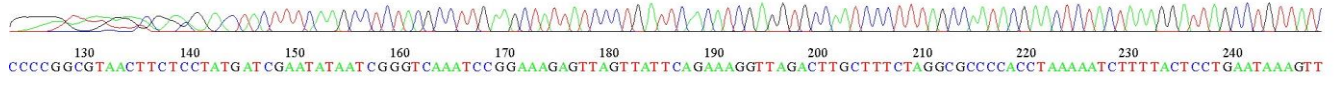
File: 212DSAA001\_A07\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2847 A:6792 C:8981 T:8611  
Sample: 212DSAA001\_A07\_premix Lane: 63 Base spacing: 14.915779 1871 bases in 25287 scans Page 1 of 2  
G GGA TTTTGGTGACGACCTACTTTCAAACCTCTACGCTTGAAAGTATATCCCTGATTCACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACCTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATC



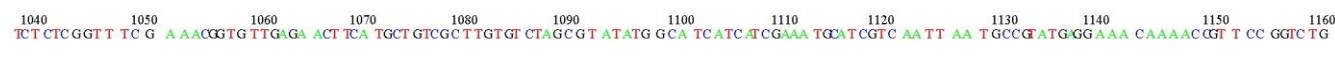
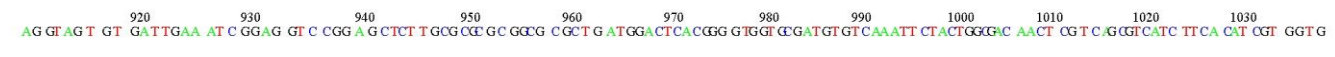
File: 212DSAA001\_A07\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2847 A:6792 C:8981 T:8611  
Sample: 212DSAA001\_A07\_premix Lane: 63 Base spacing: 14.915779 1871 bases in 25287 scans Page 2 of 2



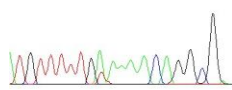
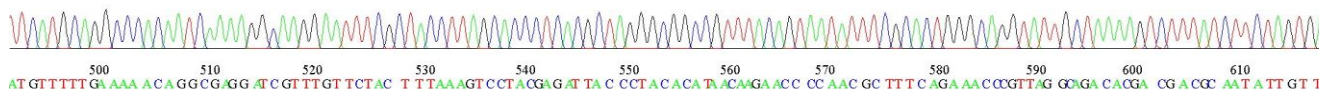
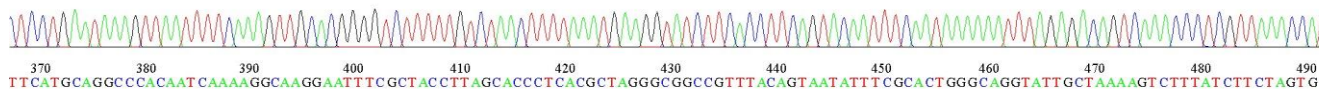
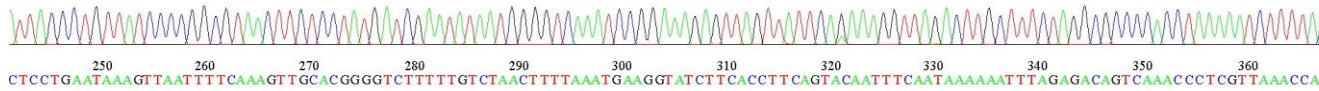
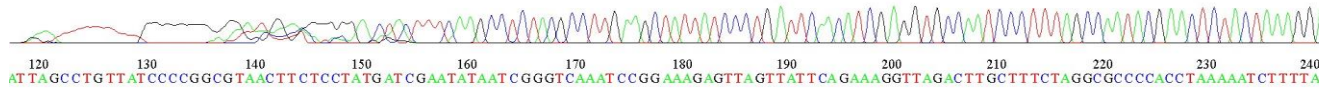
File: 212DSAA001\_A06\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2478 A:5002 C:6717 T:5703  
Sample: 212DSAA001\_A06\_premix Lane: 48 Base spacing: 14.894116 1907 bases in 26602 scans Page 1 of 2  
G GGG T T ACGTAC GACG ACC TACTTTCAAAGCCTCTACGCCCTTG AAGCTATTATCCCTG ATTCACATCG AGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGAT TAGCCTGTTAT



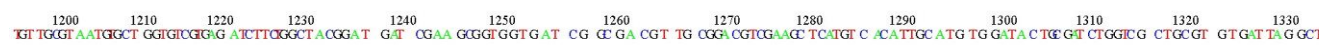
File: 212DSAA001\_A06\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2478 A:5002 C:6717 T:5703  
Sample: 212DSAA001\_A06\_premix Lane: 48 Base spacing: 14.894116 1907 bases in 26602 scans Page 2 of 2  
CTGA T CACATCTTACACATA GG AT GCC CGACT C TCAGAC AC TAC ATACA CACCA CC GCC T C T CT CGG C CA C T A GT C A A C G C G A G AT GAAT A T G G T T G C A T



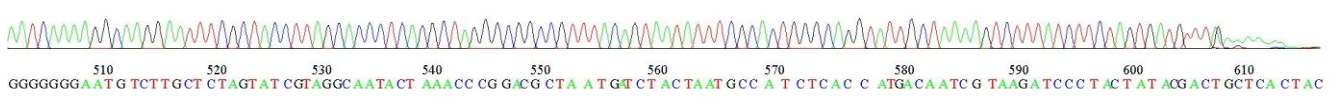
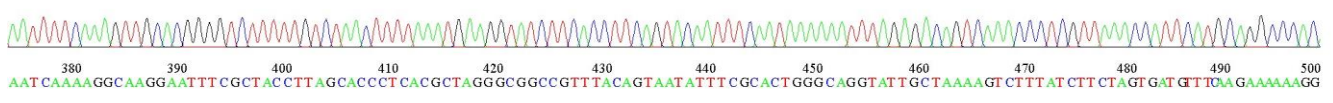
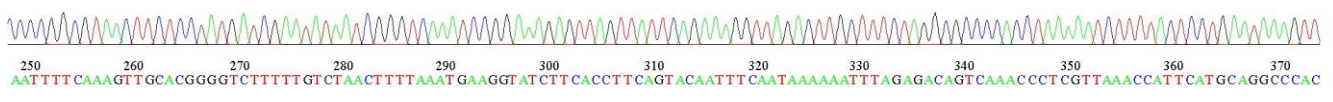
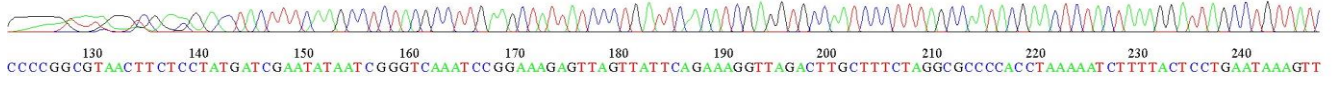
File: 212DSAA001\_A05\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:780 A:1041 C:1167 T:916  
 Sample: 212DSAA001\_A05\_premix Lane: 47 Base spacing: 14.947212 2255 bases in 25152 scans Page 1 of 2  
 C G C C T T G T G A T 10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110  
 A T T G C A T G C A T A T C G C T T C T T T C A A G C C T C T A C G C C T T G A A G C T A T T A T C C C T G A T T C A A C A T C G A G G T G C C A A T C C C T T A G C C A A T A C G A A C T C T A C T A A A G G



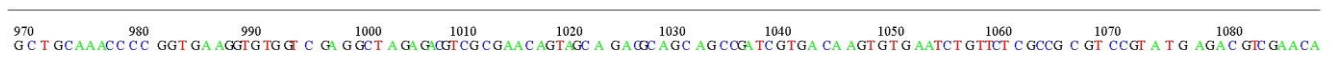
File: 212DSAA001\_A05\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:780 A:1041 C:1167 T:916  
 Sample: 212DSAA001\_A05\_premix Lane: 47 Base spacing: 14.947212 2255 bases in 25152 scans Page 2 of 2  
 C A C C T T C T C T C G C A T T C T C A A A C T G T A C C A G A A T T C T C A A A C C T A C G A C G A C G G T T A C C T C T T A T C A C T C T A T C C C C G T C C A T A G A A T T C A C T C G T C A A G A A A C T T A C T G C T T C C C T G C C G A



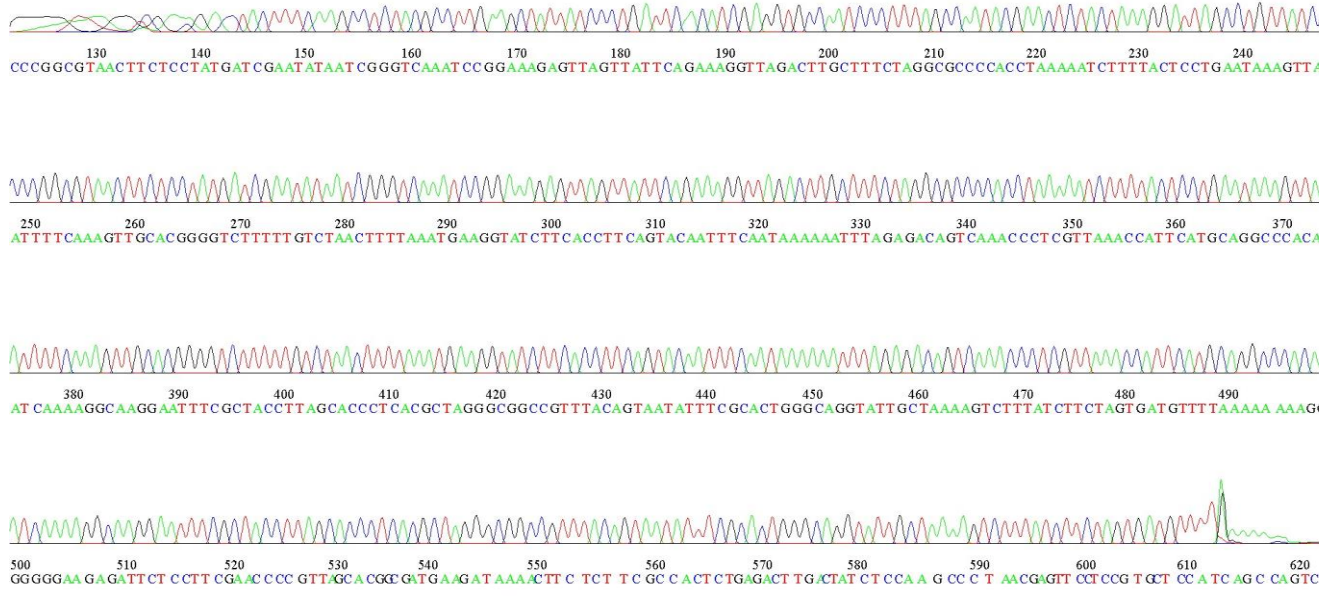
File: 212DSAA001\_A04\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2906 A:6013 C:8862 T:7742  
Sample: 212DSAA001\_A04\_premix Lane: 32 Base spacing: 14.964489 1979 bases in 26250 scans Page 1 of 2  
G GA TTTCAATCG ACG ACCTACTTTC AAGCCTCTACGCTTG AAGCTATTATCCCTG ATTC ACATCG AGGTGCCAATCCCTTAGCCAATACGAACCTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTAT



File: 212DSAA001\_A04\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:2906 A:6013 C:8862 T:7742  
Sample: 212DSAA001\_A04\_premix Lane: 32 Base spacing: 14.964489 1979 bases in 26250 scans Page 2 of 2  
TCAGCGACCACCGTCCGTGAGCTGCTGGCGCGGC ACCCTTAGTATTACTTCATATCGACTACTCGTCCGGC GAAACAAAAGCAAGTAAGTATAAGCGCAATGGCTTGA GCGGTGGGT



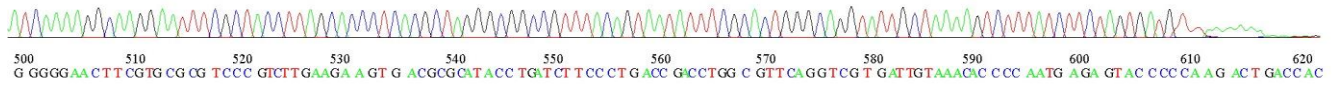
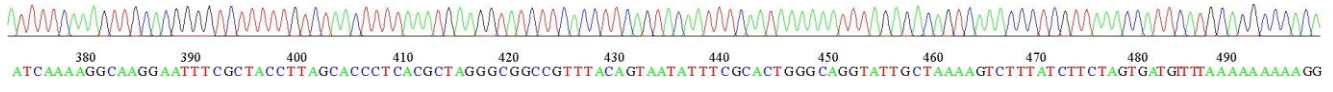
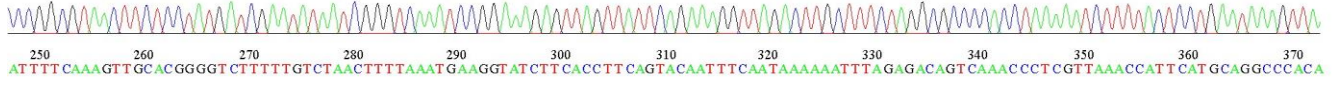
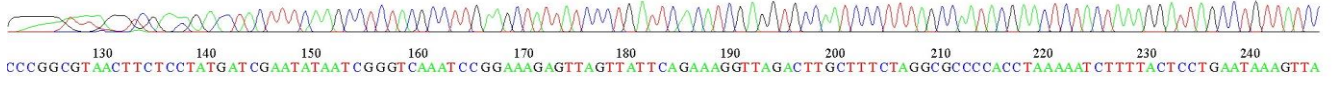
File: 212DSAA001\_A03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1400 A:3119 C:4327 T:3676  
 Sample: 212DSAA001\_A03\_premix Lane: 31 Base spacing: 15.0996475 1856 bases in 24478 scans Page 1 of 2



File: 212DSAA001\_A03\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:1400 A:3119 C:4327 T:3676  
 Sample: 212DSAA001\_A03\_premix Lane: 31 Base spacing: 15.0996475 1856 bases in 24478 scans Page 2 of 2

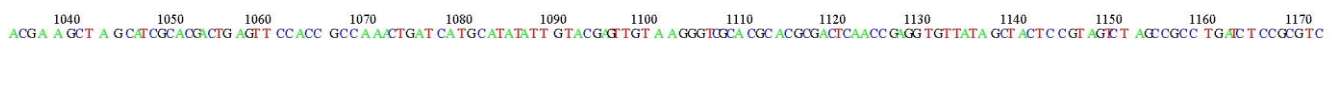
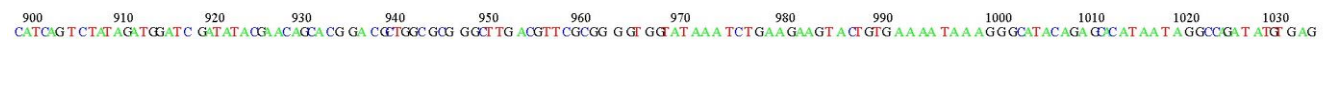
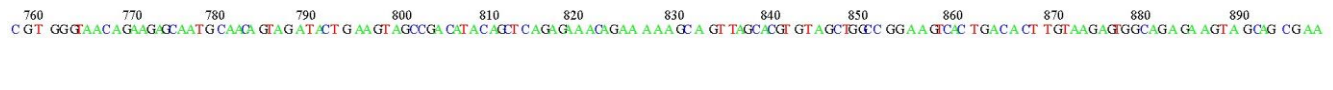


File: 212DSAA001\_A02\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3226 A:6783 C:9436 T:8601  
Sample: 212DSAA001\_A02\_premix Lane: 16 Base spacing: 15.021547 1655 bases in 24698 scans Page 1 of 2  
G GC T AA T GTG AC G ACC TAC TTT CAA G CCT C TAC GC C TTG AAG C TAT TAT C CCT G ATTC ACAT C G AGG TG CCAAT CCC TTT AGCC AAT AC GAA CT C TACT AAA GG AT T AG C C T GT T AT C

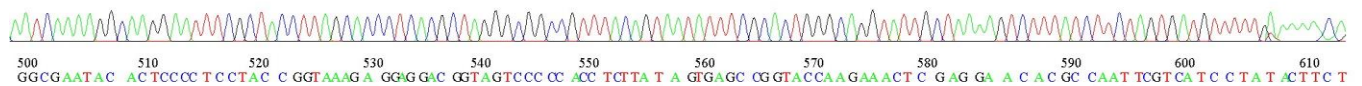
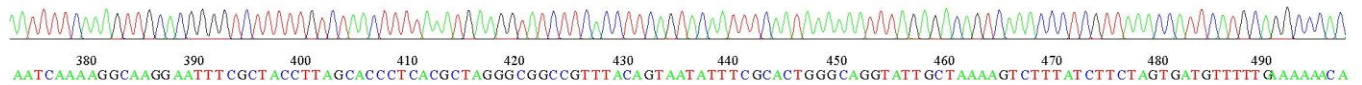
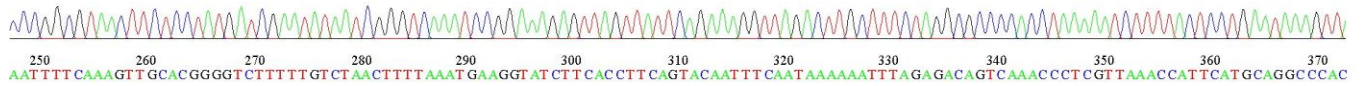
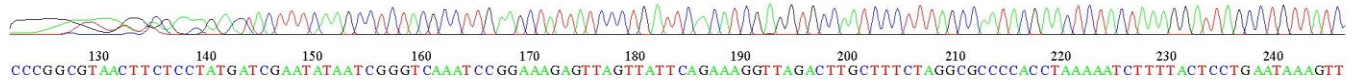


---

File: 212DSAA001\_A02\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:3226 A:6783 C:9436 T:8601  
Sample: 212DSAA001\_A02\_premix Lane: 16 Base spacing: 15.021547 1655 bases in 24698 scans Page 2 of 2  
T C T A T C A C A G C A A T G G T A C G C T A C C G T A G C A G T A C G C T T T G T A C C T A A G C C G T A A A C T T C C A A T A A A G C C C G G C A C T G A A T G G C A C T C C G T C C A T G C G G G T C A G A G A G A C A G T A G A



File: 212DSAA001\_A01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:562 A:1213 C:1648 T:1472  
Sample: 212DSAA001\_A01\_premix Lane: 15 Base spacing: 15.19797 1790 bases in 22009 scans Page 1 of 2  
G T GGC AT A TG TCG AC G CCTACTTTCAAAGCCTCTACGCGCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATC



File: 212DSAA001\_A01\_premix.ab1 Run Ended: 2025-03-13 18:14:18 Signal G:562 A:1213 C:1648 T:1472  
Sample: 212DSAA001\_A01\_premix Lane: 15 Base spacing: 15.19797 1790 bases in 22009 scans Page 2 of 2  
TCAAACGTGAAGAGATCAAGTTACCA CGCACCAATCCACAAATCGAGCCCGTAAACAACCGGTTCCGCGGTAGACCTTCTTGTACGC TTCGACAGAGTGGATGTA



## Додаток Г. Розподіл видів по групах за ABGD

Initial Partition with prior maximal distance  $P=2.78e-03$  ; Barcode gap distance = 0.002Distance K80 Kimura  
MinSlope=0.500000

**Group[ 0 ] n: 65 ;id:** 1-1.1-AB7 1-1.2-CD5 1-2.2-AB6 1-3.1-AB9 1-3.2-CD4 1-4.1-AB10 1-4.1-AB5 1-4.2-AB4 1-5.1-AB11 1-6.1-AB12 1-6.2-CD3 1-7.2-AB2 1-8.2-CD2 1-9.2-AB1 1-9.2-CD1 2-1.1-AB7 2-2.1-AB82-2.2-AB6 2-4.1-AB10 2-4.2-0AB-4 2-5.2-AB3 2-7.2-AB-2 2-7.2-AB2-for R 2-0.2-D5 R 2-9.2-AB-1 RAB934399.1 *Crassostrea gigas* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence RAF280611.1 *Crassostrea gigas* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene formitochondrial product R AJ553903.1 *Crassostrea gigas* mitochondrial partial 16S rRNA gene haplotype C RAJ553905.1 *Crassostrea gigas* mitochondrial partial 16S rRNA gene haplotype E R AY632550.1 *Crassostrea gigas* isolate CG-RU 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU672831.1 *Crassostrea gigas* isolate ORCg-4 mitochondrion complete genome R EU733654.1 *Crassostrea gigas* isolate 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ478033.1 *Crassostrea gigas* isolate CG38 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JF808180.1 *Crassostrea gigas* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ818214.1 *Crassostrea gigas* isolate AV2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ855241.1 *Crassostrea gigas* isolate CgJap23 mitochondrion complete genome R KJ855242.1 *Crassostrea gigas* isolate JN14 mitochondrion complete genome R KJ855243.1 *Crassostrea gigas* isolate YK01 mitochondrion complete genome R KJ855244.1 *Crassostrea gigas* isolate YK05 mitochondrion complete genome R KJ855245.1 *Crassostrea gigas* isolate WF34 mitochondrion complete genome R KT317098.1 *Magallana gigas* bio-material CSUF DNA DE2735 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX345700.1 *Magallana gigas* isolate CGI 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC005445.1 *Crassostrea gigas* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: O1 R MF663017.1 *Magallana gigas* isolate CGSC1a 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663018.1 *Magallana gigas* isolate CGSC1b 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN862573.1 *Magallana gigas* isolate EU2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN862575.1 *Magallana gigas* isolate EU4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN862576.1 *Magallana gigas* isolate EU5 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT090161.1 *Magallana gigas* voucher WCI Hap1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228836.1 *Magallana gigas* voucher UHH CL21 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT350569.1 *Magallana gigas* isolate 3157 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ400416.1 *Magallana gigas* mitochondrion partial genome R MZ497416.1 *Magallana gigas* mitochondrion complete genome R NC 001276.1 *Crassostrea gigas* mitochondrion complete genome R NC 056354.1 *Alectryonella applicatula* mitochondrion complete genome R OQ551179.1 *Saccostrea palmula* strain Sapa16sH3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OQ777142.1 *Cassidula nucleus* voucher W15 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR523515.1 *Crassostrea gigas* isolate 2Cg5 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR523516.1 *Crassostrea gigas* isolate 3Cg6 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR523517.1 *Crassostrea gigas* isolate 4Cg7 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR523518.1 *Crassostrea gigas* isolate 5Cg8 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR750451.1 *Magallana gigas* isolate SA01 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ROY970755.1 *Magallana gigas* genome assembly organelle: mitochondrion R PQ367233.1 *Magallana gigas* isolate DPIRD APB:A1054-c mitochondrion partial genome R S66183.1 16S-rRNA *Crassostrea gigas*=oysters Mitochondrial 398 nt

**Group[ 1 ] n: 1 ;id:** 1-2.1-B8

**Group[ 2 ] n: 1 ;id: 1-5.2-B3**

**Group[ 3 ] n: 1 ;id: 2-3.2-C4**

**Group[ 4 ] n: 1 ;id: 2-3.2-D4**

**Group[ 5 ] n: 1 ;id: 2-4.1-AB-5**

**Group[ 6 ] n: 1 ;id: 2-6.2-3**

**Group[ 7 ] n: 1 ;id: 2-8.2-CD2**

**Group[ 8 ] n: 16 ;id: R AB748902.1 Saccostrea cucullata C Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: A-Sa01 R AB748903.1 Saccostrea cucullata C Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: A-Sa02 R AB748907.1 Saccostrea cucullata C Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: A-Sa06 R AB898214.1 Saccostrea cucullata C sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Ishigaki57 R AB898215.1 Saccostrea cucullata C sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence**

**isolate: IshigakiSacco-4 R AB898216.1 Saccostrea cucullata C sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Yukashi-1 R AB898217.1 Saccostrea cucullata C sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Yukashi-11 R AB898218.1 Saccostrea cucullata C sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Yukashi-12 R AB898219.1 Saccostrea cucullata C sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Yukashi-F6 R AY247382.1 Saccostrea sp. KKL-2003 Okinawa 516S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R LC111127.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK02 R LC111131.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK07 R LC111135.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK11 R LC111137.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK13 R LC111168.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK50 R LC111191.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK77**

**Group[ 9 ] n: 1 ;id: R AB748905.1 Saccostrea cucullata C Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: A-Sa04**

**Group[ 10 ] n: 1 ;id: R AB748906.1 Saccostrea cucullata C Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: A-Sa05**

**Group[ 11 ] n: 24 ;id: R AB748908.1 Saccostrea cucullata F Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: G-Sa01 R AB748912.1 Saccostrea cucullata F Lam Morton (2006) mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: G-Sa05 R AB898206.1 Saccostrea cucullata F sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Kiire-1 R AB898207.1 Saccostrea cucullata F sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Kiire-2 R AB898210.1 Saccostrea cucullata F sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Susami-37 R AB898211.1 Saccostrea cucullata F sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Susami-59 R AB898212.1 Saccostrea cucullata F sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Yukashi-2 R AB898213.1 Saccostrea cucullata F sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Ishigaki-19 R**

AY247294.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Kallang River 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R EU815965.1 *Saccostrea cucullata* isolate DF1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU815966.1 *Saccostrea cucullata* isolate MC1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847130.1 *Saccostrea* sp. LC-2013 isolate XCAD-27 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KU947146.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-13 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX961676.1 *Saccostrea malabonensis* isolate F 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX961678.1 *Saccostrea malabonensis* isolate D 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY081323.1 *Saccostrea* sp. MIEE2015-6Sa1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC111129.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK05 R LC111233.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS12 R LC111239.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS19 R LC111259.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS42 R LC111273.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: EUM05 RMF198445.1 *Saccostrea cucullata* isolate SC2 mitochondrion complete genome R MZ230634.1 *Saccostrea malabonensis* isolate C01 72 YJ large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R NC065027.1 *Saccostrea malabonensis* mitochondrion complete genome

**Group[ 12 ] n: 1** ;id: R AB898220.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: SusamiSC-2

**Group[ 13 ] n: 5** ;id: R AB898225.1 *Saccostrea cucullata* G sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Ishigaki-3 R AB898226.1 *Saccostrea cucullata* G sensu Lam Morton (2006) mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Ishigaki-14 R LC002650.1 *Saccostrea* sp. 3 TO-2014 mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: O-290 R LC111161.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage G mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK40 R LC155011.1 *Saccostrea* sp.

non-mordax lineage G mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS115

**Group[ 14 ] n: 1** ;id: R AB898227.1 *Saccostrea mytiloides* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Ishigaki-12

**Group[ 15 ] n: 2** ;id: R AB898229.1 *Saccostrea* sp. MH-2014a mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Iriomote-1 R AB898230.1 *Saccostrea* sp. MH-2014a mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Iriomote-2

**Group[ 16 ] n: 1** ;id: R AB898231.1 *Saccostrea* sp. MH-2014a mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Ishigaki-11

**Group[ 17 ] n: 2** ;id: R AB898232.1 *Saccostrea* sp. MH-2014b mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: IshigakiSacco-10 R AB898234.1 *Saccostrea* sp. MH-2014b mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: Yonaguni-2

**Group[ 18 ] n: 9** ;id: R AB898233.1 *Saccostrea* sp. MH-2014b mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: IshigakiSacco-11 R LC111222.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage J mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS01 R LC111223.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage J mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS02 R MT124285.1 *Saccostrea* sp. lineage J NGW-2020 voucher WAMS71047 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124286.1 *Saccostrea* sp. lineage J NGW-2020 voucher WAMS98902 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124288.1 *Saccostrea* sp. lineage J NGW-2020 voucher WAMS71046 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ230636.1 *Saccostrea spathulata* isolate C01 163 GX large subunit ribosomal

RNA genepartial sequence mitochondrial R OR340003.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage J isolate CM01 452  
largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR340006.1 *Saccostrea* sp. non-mordaxlineage J  
isolate CM01 333 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 19 ] n: 6** ;id: R AB898235.1 *Dendostrea* sp. MH-2014 mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of  
ribosomal RNA partial sequence isolate: DS R MT323078.1 *Dendostrea folium* isolate Fol 1 large subunitribosomal RNA  
gene partial sequence mitochondrial R MT323081.1 *Dendostrea folium* isolate Fol 4 largesubunit ribosomal RNA gene  
partial sequence mitochondrial R MT323082.1 *Dendostrea folium* isolate Fol 5large subunit ribosomal RNA gene partial  
sequence mitochondrial R MT323085.1 *Dendostrea folium* isolateFol 8 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R MZZ230641.1 *Dendostrea* sp. 4CL-2021 isolate D SP4 C01 91 large subunit ribosomal RNA gene partial  
sequence mitochondrial

**Group[ 20 ] n: 1** ;id: R AB898236.1 *Dendostrea crenulifera* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit  
ofribosomal RNA partial sequence isolate: DC

**Group[ 21 ] n: 30** ;id: R AB898263.1 *Ostrea lurida* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit ofribosomal RNA  
partial sequence isolate: OLS-4 R AB898264.1 *Ostrea lurida* mitochondrial LSrRNA genefor large subunit of ribosomal  
RNA partial sequence isolate: OLS-3 R AB898265.1 *Ostrea lurida*mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of  
ribosomal RNA partial sequence isolate: OLS-2 RAB898266.1 *Ostrea lurida* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit  
of ribosomal RNA partial sequenceisolate: OLS-1 R AF052071.1 *Ostreola conchaphila* 16S ribosomal RNA gene  
mitochondrial gene formitochondrial RNA partial sequence R FJ768536.1 *Ostrea lurida* voucher SBMNH 83561 16S  
ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768554.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-862 16S ribosomalRNA  
gene partial sequence mitochondrial R FJ768555.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-863 16S ribosomalRNA gene partial  
sequence mitochondrial R FJ768560.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-911 16S ribosomalRNA gene partial sequence  
mitochondrial R FJ768565.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-717 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial  
R FJ768566.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-729 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768567.1  
*Ostrea lurida* voucher DE DNA-771 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768568.1 *Ostrea lurida*  
voucher DE DNA-772 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768569.1 *Ostrea lurida* voucher DE  
DNA-773 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768570.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-774 16S  
ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768571.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-775 16S ribosomalRNA  
gene partial sequence mitochondrial R FJ768572.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-846 16S ribosomalRNA gene partial  
sequence mitochondrial R FJ768573.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-847 16S ribosomalRNA gene partial sequence  
mitochondrial R FJ768574.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-848 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial  
R FJ768575.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-849 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768576.1  
*Ostrea lurida* voucher DE DNA-850 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768577.1 *Ostrea lurida*  
voucher DE DNA-851 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768578.1 *Ostrea lurida* voucher DE  
DNA-852 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768587.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-779 16S  
ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768588.1 *Ostrea lurida* voucher DE DNA-776 16S ribosomal

RNA gene partial sequence mitochondrial R JF808188.1 *Ostrea lurida* 16S ribosomal RNA gene partialsequence  
mitochondrial R KT317218.1 *Ostrea lurida* bio-material CSUF DNA DE2701 16S ribosomal RNAgene partial sequence  
mitochondrial R KT317229.1 *Ostrea lurida* bio-material CSUF DNA DE2739 16Sribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R KT317246.1 *Ostrea lurida* bio-material CSUF DNADE0717 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R NC 022688.1 *Ostrea lurida*mitochondrion complete genome

**Group[ 22 ] n: 2** ;id: R AB898267.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit ofribosomal  
RNA partial sequence isolate: OFN-8 R LC051592.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for16S ribosomal RNA partial  
sequence isolate: Ohiso1-4

**Group[ 23 ] n: 18** ;id: R AB898268.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OFN-7 R AB898271.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OFN-4 R AB898273.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OFN-2 R LC051593.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ohio1-3 R LC051595.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ohio1-1 R LC051596.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Nakatsu2014-2 R LC051597.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Nakatsu2014-1 R LC051598.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Kemi-4 R LC051599.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Kemi-3 R LC051600.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Kemi-1 R LC051601.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hishiwo1-5 R LC051602.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hishiwo1-4 R LC051603.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hishiwo1-3 R LC051604.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hishiwo1-2 R LC051605.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hishiwo1-1 R LC051606.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hinase1-4 R LC051608.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hinase1-2 R LC051609.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Hinase1-1

**Group[ 24 ] n: 2** ;id: R AB898269.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OFN-6 R LC051594.1 *Ostrea futamiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ohio1-2

**Group[ 25 ] n: 18** ;id: R AB898275.1 *Ostrea denselamellosa* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: ODK-4 R AB898276.1 *Ostrea denselamellosa* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: ODK-3 R AB898278.1 *Ostrea denselamellosa* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: ODK-1 R AF052067.1 *Ostrea denselamellosa* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence R EU815983.1 *Ostrea denselamellosa* isolate JH2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ743511.1 *Ostrea denselamellosa* isolate JC A 16S ribosomal RNA gene complete sequence mitochondrial R KC847124.1 *Ostrea denselamellosa* isolate YPSC-1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC620701.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-01 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620702.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-02 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620703.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-03 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620704.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-04 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620705.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-05 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620706.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-06 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620707.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-07 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620708.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-08 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620709.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-09 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC620710.1 *Ostrea denselamellosa* OSK-11 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R NC015231.1 *Ostrea denselamellosa* mitochondrion complete genome

**Group[ 26 ] n: 5** ;id: R AB898279.1 *Ostrea circumpicta* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OCY-4 R AB898280.1 *Ostrea circumpicta* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OCY-3 R AB898281.1 *Ostrea circumpicta* mitochondrial LSrRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OCY-2 R AB934400.1 *Ostrea circumpicta* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence RMG560202.1 *Ostrea circumpicta* haplotype Hap 1 16S ribosomal RNA gene

partial sequence mitochondrial

**Group[ 27 ] n: 2** ;id: R AB898282.1 *Ostrea circumpicta* mitochondrial LSRNA gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: OCY-1 R MG560205.1 *Ostrea circumpicta* haplotype Hap 4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 28 ] n: 1** ;id: R AB904865.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: 2012-1

**Group[ 29 ] n: 18** ;id: R AB904866.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: 2013-1 R AB904867.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: 2013-2 R AB904869.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: 2013-4 R AB904870.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence isolate: 2013-5 R AY632551.1 *Crassostrea sikamea* isolate CS-WA 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU815947.1 *Crassostrea sikamea* isolate BHY1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU815948.1 *Crassostrea sikamea* isolate BHY2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ841966.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrion complete genome R HQ660968.1 *Crassostrea sikamea* isolate 14 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R HQ660976.1 *Crassostrea sikamea* isolate 22 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847116.1 *Crassostrea sikamea* isolate HNLA-18 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ855255.1 *Crassostrea sikamea* isolate HC49 mitochondrion complete genome R KJ855256.1 *Crassostrea sikamea* isolate ORCs31 mitochondrion complete genome R KJ855257.1 *Crassostrea sikamea* isolate NT544 mitochondrion complete genome R KJ855258.1 *Crassostrea sikamea* isolate BHS04 mitochondrion complete genome R KX345712.1 *Crassostrea sikamea* isolate CSI 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ230630.1 *Crassostrea sikamea* isolate C01 12 TS large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R NC 012649.1 *Crassostrea sikamea* mitochondrion complete genome

**Group[ 30 ] n: 5** ;id: R AB934401.1 *Crassostrea nippona* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence R AY007426.1 *Crassostrea nippona* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R FJ743508.1 *Crassostrea nippona* isolate DC A 16S ribosomal RNA gene complete sequence mitochondrial R LC002632.1 *Crassostrea nippona* mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence R NC 015248.1 *Crassostrea nippona* mitochondrion complete genome

**Group[ 31 ] n: 7** ;id: R AB934402.1 *Saccostrea* sp. 8 10 mitochondrial gene for large subunit of ribosomal RNA partial sequence R LC111088.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMS02 R LC111102.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMS20 R LC111104.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMS22 R LC111249.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS30 R LC111268.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: EIK06 R NC 030533.1 *Saccostrea kegaki* isolate P380 mitochondrion complete genome

**Group[ 32 ] n: 1** ;id: R AB971988.1 *Magallana dianbaiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: EMB01

**Group[ 33 ] n: 7** ;id: R AB971989.1 *Magallana dianbaiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: EMB02 R AB971990.1 *Magallana dianbaiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: EMB03 R EU815955.1 *Crassostrea* sp. DB1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R HQ660983.1 *Crassostrea* sp. 1 JL-2011 isolate 29 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC120774.1 *Magallana dianbaiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Sumizome16S-1 R LC120775.1 *Magallana dianbaiensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Sumizome16S-2 R NC 018763.1 *Crassostrea* sp. DB1 mitochondrion complete genome

**Group[ 34 ] n: 20 ;id:** R AB972007.1 *Crassostrea iredalei* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: G-Cr11 R AJ553913.2 *Crassostrea iredalei* mitochondrial partial 16S rRNA gene REF122384.1 *Crassostrea iredalei* isolate PMBC19510 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU815953.1 *Crassostrea iredalei* isolate QL1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU815954.1 *Crassostrea iredalei* isolate DF9 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R HQ660981.1 *Crassostrea iredalei* isolate 27 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JF915515.1 *Crassostrea madrasensis* isolate Setiu 05 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT579756.1 *Magallana bilineata* voucher QM MO 85890 CM01-536 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT579757.1 *Magallana bilineata* voucher QM MO 85890 CM01-539 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT579758.1 *Magallana bilineata* voucher QM MO 85891 CM01-577 large subunit ribosomal RNA gene

partial sequence mitochondrial R MT579761.1 *Magallana bilineata* voucher NTM P 60800 3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT579762.1 *Magallana bilineata* voucher NTM P609964 J1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT579765.1 *Magallanabilineata* voucher NTM P 609964 J4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R NC013997.1 *Crassostrea iredalei* mitochondrion complete genome R OR750429.1 *Magallana bilineata* isolate SG14 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR750431.1 *Magallana bilineata* isolate SG25 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PP836532.1 *Magallanabilineata* isolate TH01 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PP836533.1 *Magallana bilineata* isolate TH02 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PP836568.1 *Magallana bilineata* isolate TH98 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PP836617.1 *Magallana bilineata* isolate TH175 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 35 ] n: 1 ;id:** R AF052062.1 *Ostrea algoensis* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence

**Group[ 36 ] n: 2 ;id:** R AF052063.1 *Ostrea angasi* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence R AF540594.1 *Ostrea angasi* haplotype A 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 37 ] n: 25 ;id:** R AF052064.1 *Ostrea stentina* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R AF052074.1 *Ostrea stentina* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RAY376603.1 *Ostrea stentina* isolate OEQU1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RAY376604.1 *Ostrea stentina* isolate OEQU2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RDQ640402.1 *Ostrea stentina* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317193.1 *Ostrea equestris* bio-material CSUF DNA DE2299 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RKT317198.1 *Ostrea equestris* bio-material CSUF DNA DE2288 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY986309.1 *Ostrea equestris* isolate R-4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY986313.1 *Ostrea equestris* isolate 6eq-3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY986319.1 *Ostrea equestris* isolate 6B2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY986321.1 *Ostrea equestris* isolate 6eq-9 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC051572.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Kemi-8 R LC051574.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Kemi-2 R LC051575.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ibusuki-8 R LC051576.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ibusuki-7 R LC051579.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ibusuki-4 R MK370355.1 *Ostrea equestris* isolate XGML-17 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MK370356.1 *Ostrea equestris* isolate XGML-18 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MK370357.1 *Ostrea equestris* isolate XGML-19 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MK370392.1 *Ostrea equestris* isolate YP-45 16S ribosomal RNA

gene partial sequence mitochondrial R MT228811.1 *Ostrea stentina* voucher UHH HT2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228813.1 *Ostrea stentina* voucher UHH CL42 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228818.1 *Ostrea stentina* voucher UHH HT4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228823.1 *Ostrea stentina* voucher UHHGR11M large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228829.1 *Ostrea stentina* voucher UHH GR28H large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 38 ] n: 2** ;id: R AF052065.1 *Ostrea chilensis* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence R JF808186.1 *Ostrea chilensis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 39 ] n: 1** ;id: R AF052066.1 *Lopha cristagalli* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence

**Group[ 40 ] n: 15** ;id: R AF052068.1 *Ostrea edulis* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence R AF540595.1 *Ostrea edulis* haplotype A 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AF540597.1 *Ostrea edulis* haplotype C 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R DQ093488.1 *Ostrea edulis* voucher MCZ DNA100130 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R DQ280032.1 *Ostrea edulis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JF808187.1 *Ostrea edulis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ818217.1 *Ostrea edulis* isolate O6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX394616.1 *Ostrea edulis* voucher 16S H1 Lim Bay 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX394619.1 *Ostrea edulis* voucher 16S H4 Mali Ston Bay 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX713245.1 *Ostrea edulis* voucher

BivAToL-171 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC784251.1 *Ostrea edulis* FAIC0001 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R LC806199.1 *Ostrea edulis* Rikuzentakata City Museum H11066 mitochondrial gene for 16S rRNA partial sequence R NC 016180.1 *Ostrea edulis* mitochondrion complete genome R OQ989543.1 *Ostrea edulis* clone OedSat26 satellite sequence ROX387714.1 *Ostrea edulis* genome assembly organelle: mitochondrion

**Group[ 41 ] n: 1** ;id: R AF052069.1 *Dendostrea folium* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence

**Group[ 42 ] n: 1** ;id: R AF052070.1 *Dendostrea frons* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence

**Group[ 43 ] n: 2** ;id: R AF052072.1 *Alectryonella plicatula* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence R MT487759.1 *Alectryonella plicatula* voucher Rangport 3 D 16S-A large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 44 ] n: 2** ;id: R AF052073.1 *Ostrea puelchana* 16S ribosomal RNA gene mitochondrial gene for mitochondrial RNA partial sequence R AY376606.1 *Ostrea permollis* isolate CPER2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 45 ] n: 1** ;id: R AF052075.1 *Ostrea permollis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 46 ] n: 2** ;id: R AF353101.1 *Saccostrea glomerata* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247288.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 La Parose 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 47 ] n: 8** ;id: R AF458901.1 *Saccostrea cucullata* type A from China 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AF458903.1 *Saccostrea cucullata* type C from China 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product REU815968.1 *Saccostrea cucullata* isolate MC10 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RKC847128.1 *Saccostrea kegaki* isolate HLH-1

16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RKC847129.1 *Saccostrea kegaki* isolate WCH-2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RKU947133.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. SC-3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PQ459558.1 *Saccostrea* sp. isolate Hap 39 ML0079 S sp1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PQ459559.1 *Saccostrea* sp. isolate Hap 24 ML0075 S sp1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 48 ] n: 1 ;id: R AF458902.1** *Saccostrea cucullata* type B from China 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 49 ] n: 6 ;id: R AF458904.1** *Saccostrea cucullata* type D from China 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R KU947148.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. SC-10 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KU947149.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-9 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KU947150.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-11 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KU947152.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. YM-14 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RPQ459556.1 *Saccostrea* sp. isolate Hap 41 ML0078 S.sp.1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 50 ] n: 3 ;id: R AF458905.1** *Saccostrea cucullata* type E from China 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247319.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Shiman 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R NC036483.1 *Saccostrea glomerata* isolate ID136 mitochondrion complete genome

**Group[ 51 ] n: 1 ;id: R AF458906.1** *Saccostrea cucullata* type F from China 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 52 ] n: 38 ;id: R AF458907.1** *Saccostrea cucullata* from Australia 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AF458908.1 *Saccostrea cucullata* type A from Australia 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product RAF458909.1 *Saccostrea cucullata* type B from Australia 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247278.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Watering Cove 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247279.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Watering Cove 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247282.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Withnall Bay 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247284.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Withnall Bay 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product RAY247304.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Cable Beach 6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247351.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Barrow Island 4 16S

ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247369.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Carnarvon 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247370.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Carnarvon 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R MN153634.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Facine Tram Bridge 63 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMN153635.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Facine Tram Bridge 64 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153637.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Pelican Point 66 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153638.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Pelican Point 67 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMN153640.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Pelican Point 69 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153642.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Pelican Point 71 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153645.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Boat Harbour Ramp 74 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMN153694.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate

Shark Bay 167 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153697.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Shark Bay 170 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153698.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Shark Bay 172 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153704.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 178 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN153713.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 187 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN450273.1 *Saccostrea* sp. WAM73552 strain lineage A isolate Exmouth Marina 276 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN450278.1 *Saccostrea* sp. WAM73557 strain lineage A isolate Exmouth Marina 281 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124207.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69874 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124225.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69862 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124227.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS71067 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124229.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69886 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124230.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS14396 10 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124246.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69856 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124247.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69878 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124259.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69858 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124264.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69908 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124275.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69911 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124283.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS71066 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124284.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS98532 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R XM062728188.1 PREDICTED: *Saccostrea cucullata* NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5-like (LOC134245958) mRNA

**Group[ 53 ] n: 10 ;id:** R AF463493.1 *Saccostrea echinata* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247289.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Darwin Harbour 116S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247291.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Lee Point 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247298.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Buchanans Point 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247312.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Lee Point 4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247388.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Halong 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R KT992044.1 *Saccostrea cucullata* isolate IDAU1 mitochondrion complete genome R OR340023.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 330 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR340024.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01421 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR340027.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 581 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 54 ] n: 23 ;id:** R AJ312937.1 *Crassostrea gasar* partial mitochondrial 16S rRNA gene R DQ839413.1 *Crassostrea brasiliiana* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EF473271.1 *Crassostrea gasar* haplotype H3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EF473273.1 *Crassostrea gasar* haplotype H5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ478027.1 *Crassostrea*

*brasiliiana* isolate CB6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ478029.1 *Crassostrea brasiliiana* isolate CB35 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ717606.1 *Crassostrea brasiliiana* voucher LBDM 000123 16S large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R GU574706.1 *Crassostrea rhizophorae* 16S

ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RHQ711624.1 *Crassostrea brasiliana* voucher 1699 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RHQ711626.1 *Crassostrea brasiliana* voucher 1696 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RHQ711627.1 *Crassostrea brasiliana* voucher 1698 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RJF808179.1 *Crassostrea gasar* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849099.1 *Crassostrea brasiliana* isolate Cb04 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849102.1 *Crassostrea brasiliana* isolate Cb232 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMF663010.1 *Crassostrea gasar* isolate CBBG454 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMF663011.1 *Crassostrea gasar* isolate CBBG746 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMF663012.1 *Crassostrea gasar* isolate CBBG748 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMF663013.1 *Crassostrea gasar* isolate CBBG804 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMF663014.1 *Crassostrea gasar* isolate CBBG871 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMF663015.1 *Crassostrea gasar* isolate CBBG1001 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663016.1 *Crassostrea gasar* isolate CBMA38 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MK327809.1 *Crassostrea gasar* isolate LMM1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R NC 027653.1 *Crassostrea gasar* isolate SP2 mitochondrion complete genome

**Group[ 55 ] n: 1 ;id:** R AJ312938.1 *Crassostrea rhizophorae* partial mitochondrial 16S rRNA gene

**Group[ 56 ] n: 14 ;id:** R AJ553901.1 *Crassostrea angulata* mitochondrial partial 16S rRNA gene haplotype AR EU815952.1 *Crassostrea angulata* isolate FCG1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ841965.1 *Crassostrea angulata* mitochondrion complete genome R HQ660965.1 *Crassostrea angulata* isolate 11 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC170322.1 *Crassostrea angulata* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847117.1 *Magallana angulata* isolate BLWJS-616S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ855246.1 *Crassostrea angulata* isolate WLY04 mitochondrion complete genome R KJ855247.1 *Crassostrea angulata* isolate XS14 mitochondrion complete genome R KJ855248.1 *Crassostrea angulata* isolate Can23 mitochondrion complete genome R KJ855249.1 *Crassostrea angulata* isolate DA01 mitochondrion complete genome R KX345694.1 *Magallana angulata* isolate CAN 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY081322.1 *Magallana angulata* voucher MIEE2015-15CA1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KY446769.1 *Magallana angulata* isolate 66 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MH997922.1 *Magallana angulata* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 57 ] n: 1 ;id:** R AJ553902.1 *Crassostrea angulata* mitochondrial partial 16S rRNA gene haplotype B

**Group[ 58 ] n: 1 ;id:** R AJ553906.1 *Crassostrea* sp. SL-2003 mitochondrial partial 16S rRNA gene haplotype G

**Group[ 59 ] n: 8 ;id:** R AJ553914.2 *Crassostrea belcheri* mitochondrial partial 16S rRNA gene RAY160759.1 *Crassostrea belcheri* haplotype B 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R EF122383.1 *Crassostrea belcheri* isolate PMBC19507 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX961674.1 *Magallana belcheri* isolate Z 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX961679.1 *Magallana belcheri* isolate C 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MW354038.1 *Magallana belcheri* voucher UPMC0007 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR750444.1 *Magallana belcheri* isolate SG47 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R PP836537.1 *Magallana belcheri* isolate TH26 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 60 ] n: 18 ;id:** R AY007427.1 *Crassostrea ariakensis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY632547.1 *Crassostrea ariakensis* isolate RedB-WF 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ743507.1 *Crassostrea ariakensis* isolate SA A 16S ribosomal RNA gene complete sequence mitochondrial R KJ855252.1 *Crassostrea ariakensis* isolate WF01 mitochondrion complete genome R KJ855253.1 *Crassostrea ariakensis* isolate GWCA01 mitochondrion complete genome R KJ855254.1 *Crassostrea ariakensis* isolate NT501 mitochondrion complete genome R KX345401.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 3 16S ribosomal RNA gene

partial sequence mitochondrial RXX345405.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 7 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RXX345406.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 8 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RXX345407.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 9 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RXX345408.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 10 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RXX345410.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 12 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC005447.1 *Crassostrea ariakensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial

sequence isolate: O91 R NC 012650.1 *Crassostrea ariakensis* mitochondrion complete genome ROR523514.1 *Crassostrea ariakensis* isolate 1Ca large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR598760.1 *Crassostrea ariakensis* isolate 1Ca large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR598761.1 *Crassostrea ariakensis* isolate 2Ca large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR598762.1 *Crassostrea ariakensis* isolate 3Ca large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 61 ] n: 16 ;id:** R AY160756.1 *Crassostrea* sp. KL-2003 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY510450.1 *Crassostrea rivularis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R AY632549.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate White-BH 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU266073.1 *Crassostrea hongkongensis* mitochondrion complete genome R EU815940.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate BHL1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ593172.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate BH45 mitochondrion complete genome R FJ593173.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate H50 mitochondrion complete genome RFJ841963.1 *Crassostrea hongkongensis* mitochondrion complete genome R JF808181.1 *Crassostrea hongkongensis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847119.1 *Magallana hongkongensis* isolate HKQK-4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847120.1 *Magallana hongkongensis* isolate HKQK-1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RXX345688.1 *Magallana hongkongensis* isolate CHO 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC005448.1 *Magallana hongkongensis* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Cnt1 R MZ337404.1 *Magallana hongkongensis* mitochondrion complete genome R NC011518.2 *Crassostrea hongkongensis* mitochondrion complete genome R ON720160.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate CHHKL1 voucher CHHKMT-1 mitochondrion complete genome

**Group[ 62 ] n: 10 ;id:** R AY160757.1 *Crassostrea ariakensis* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY632546.1 *Crassostrea ariakensis* isolate RedA-BH 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU815945.1 *Crassostrea ariakensis* isolate BHS1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ841964.1 *Crassostrea ariakensis* mitochondrion complete genome R KC847118.1 *Crassostrea ariakensis* isolate HKQK-6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ855250.1 *Crassostrea ariakensis* isolate HC01 mitochondrion complete genome R KJ855251.1 *Crassostrea ariakensis* isolate BH48 mitochondrion complete genome R KX345402.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX345404.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ230631.1 *Crassostrea ariakensis* isolate C01 124 DY large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 63 ] n: 1 ;id:** R AY160758.1 *Crassostrea belcheri* haplotype A 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 64 ] n: 1 ;id:** R AY247277.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Watering Cove 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 65 ] n: 1 ;id:** R AY247280.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Watering Cove 4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 66 ] n: 1 ;id:** R AY247287.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 La Parose 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 67 ] n: 4** ;id: R AY247292.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Tanah Merak 1 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247392.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003Sanya 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product REU815956.1 *Saccostrea cucullata* isolate STH1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RPP836560.1 *Saccostrea* sp. lineage B SL-2024 isolate TH72 large subunit ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 68 ] n: 2** ;id: R AY247293.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Tanah Merak 2 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247299.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003Buchanans Point 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 69 ] n: 3** ;id: R AY247302.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Cable Beach 4 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R MT124233.1 *Saccostrea* sp. lineage ANGW-2020 voucher WAMS14396 2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMT124236.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS98526 large subunit ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 70 ] n: 2** ;id: R AY247306.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Willie Creek 4 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R MN153648.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Prawning Jetty 1 77 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 71 ] n: 1** ;id: R AY247311.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Lee Point 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 72 ] n: 1** ;id: R AY247313.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Okinawa 1 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 73 ] n: 1** ;id: R AY247317.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Morozaki 3 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 74 ] n: 1** ;id: R AY247318.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Morozaki 4 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 75 ] n: 1** ;id: R AY247321.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Shiman 3 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 76 ] n: 6** ;id: R AY247328.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Darwin Harbour 3 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R AY247387.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003Shiman 10 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product REU815967.1 *Saccostrea cucullata* isolate DF5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RKU947144.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. LJ-4 16S ribosomal RNA gene partial sequencemitochondrial R LC268852.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage E mitochondrial gene for 16S ribosomalRNA partial sequence R MN153701.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 175 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 77 ] n: 2** ;id: R AY247332.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Borroloola SiteB 1 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R MT124436.1 *Saccostrea scyphophillavoucher* WAMS66773 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 78 ] n: 4** ;id: R AY247336.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Cape dAguilar 7 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R EU815961.1 *Saccostrea cucullata* isolateHS5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MW122840.1 *Saccostrea echinata*mitochondrion complete genome R MZ230629.1 *Saccostrea echinata* isolate C01 3 TS large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 79 ] n: 1** ;id: R AY247337.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Cape dAguilar 8 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 80 ] n: 3** ;id: R AY247341.1 *Saccostrea* sp. KKL-2003 Albany 4 16S ribosomal RNA gene partialsequence

mitochondrial gene for mitochondrial product R OR340033.1 *Saccostrea glomerata* isolate CM01207 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR340034.1 *Saccostrea glomerata* isolate CM01 429 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 81 ] n: 1 ;id: R AY247348.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Barrow Island 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 82 ] n: 1 ;id: R AY247349.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Barrow Island 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 83 ] n: 1 ;id: R AY247352.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Barrow Island 5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 84 ] n: 1 ;id: R AY247355.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Exmouth 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 85 ] n: 2 ;id: R AY247368.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Carnarvon 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R MT124258.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69877 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 86 ] n: 1 ;id: R AY247371.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Carnarvon 4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 87 ] n: 1 ;id: R AY247372.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Carnarvon 5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 88 ] n: 2 ;id: R AY247385.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Shiman 8 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R OR340014.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage Gisolate CM01 412 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 89 ] n: 2 ;id: R AY247389.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Halong 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product R EU815964.1 *Saccostrea cucullata* isolate HS916S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 90 ] n: 1 ;id: R AY247391.1** *Saccostrea* sp. KKL-2003 Sanya 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial gene for mitochondrial product

**Group[ 91 ] n: 1 ;id: R AY376601.1** *Teskeyostrea weberi* isolate TWEB1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 92 ] n: 1 ;id: R AY376605.1** *Ostrea permollis* isolate CPER1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 93 ] n: 2 ;id: R AY632548.1** *Crassostrea ariakensis* isolate RedC-WF 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX345400.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 94 ] n: 2 ;id: R AY905542.2** *Crassostrea virginica* mitochondrion complete genome R FJ743510.1 *Crassostrea virginica* isolate VA A 16S ribosomal RNA gene complete sequence mitochondrial

**Group[ 95 ] n: 5 ;id: R DQ180744.1** *Ostreola stentina* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R DQ313178.1 *Ostreola stentina* haplotype GH-KN 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JF808189.1 *Ostreola stentina* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RLC051581.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ibusuki-1 RMK370369.1 *Ostrea neostentina* isolate XML-19 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 96 ] n: 2 ;id: R DQ313180.1** *Ostreola stentina* haplotype MO 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ818210.1 *Ostrea stentina* isolate AV1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 97 ] n: 15 ;id:** R DQ839415.1 *Crassostrea rhizophorae* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EF473275.1 *Crassostrea rhizophorae* haplotype H2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ478030.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate CR2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ717607.1 *Crassostrea rhizophorae* voucher LBDM 000301 16S large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R HQ652329.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate 108-2.0.2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R HQ652330.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate Crhiz 193 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849104.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate Cr26 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849107.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate Cr142 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663020.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG498a 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663022.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG869 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663023.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG870 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663024.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG948 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MF663025.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG498b 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MK327810.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate LMM2a large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MK327811.1 *Crassostrea rhizophorae* isolate LMM2b large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 98 ] n: 1 ;id:** R EF473270.1 *Crassostrea gasar* haplotype H2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 99 ] n: 1 ;id:** R EF473272.1 *Crassostrea gasar* haplotype H4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 100 ] n: 1 ;id:** R EF473276.1 *Crassostrea rhizophorae* haplotype H4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 101 ] n: 8 ;id:** R EF473278.1 *Crassostrea* sp. CA haplotype H2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EF473280.1 *Crassostrea* sp. CA haplotype H1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849108.1 *Crassostrea* sp. CAN isolate Csp01 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849109.1 *Crassostrea* sp. CAN isolate Csp03 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R JN849110.1 *Crassostrea* sp. CAN isolate Csp09 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847133.1 *Crassostrea talonata* isolate DSL-3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KF577986.1 *Crassostrea* sp. SC1 haplotype hap1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX364275.1 *Crassostrea talonata* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 102 ] n: 1 ;id:** R EF473279.1 *Crassostrea rhizophorae* haplotype H7 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 103 ] n: 1 ;id:** R EF473281.1 *Crassostrea* sp. CA haplotype H3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 104 ] n: 1 ;id:** R EF473284.1 *Crassostrea rhizophorae* haplotype H5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 105 ] n: 4 ;id:** R EU733651.1 *Crassostrea corteziensis* haplotype Culiacan 12 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R EU733652.1 *Crassostrea corteziensis* haplotype Guaymas 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317088.1 *Crassostrea corteziensis* bio-material CSUF DNA DE1848 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OQ551175.1 *Crassostrea corteziensis* strain Cc16sH1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 106 ] n: 5 ;id:** R EU733653.1 *Crassostrea* sp. RPE-2008 haplotype Topolobampo 8 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317105.1 *Crassostrea* sp. Raith2015 bio-material CSUF DNA

DE1743 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317110.1 *Crassostrea* sp. Raith2015bio-material CSUF DNA DE1810 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317116.1 *Crassostrea* sp. Raith2015 bio-material CSUF DNA DE2277 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317125.1 *Crassostrea* sp. Raith2015 bio-material CSUF DNA DE1851 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 107 ] n: 1** ;id: R EU815941.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate YS4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 108 ] n: 1** ;id: R EU815942.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate YS9 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 109 ] n: 1** ;id: R EU815943.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate YS10 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 110 ] n: 1** ;id: R EU815944.1 *Crassostrea hongkongensis* isolate SJ8 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 111 ] n: 1** ;id: R EU815946.1 *Crassostrea ariakensis* isolate QM7 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 112 ] n: 1** ;id: R EU815949.1 *Crassostrea sikamea* isolate DB9 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 113 ] n: 1** ;id: R EU815950.1 *Crassostrea sikamea* isolate CC10 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 114 ] n: 2** ;id: R EU815951.1 *Crassostrea sikamea* isolate CC11 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX345714.1 *Crassostrea sikamea* isolate CSI 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 115 ] n: 17** ;id: R EU815957.1 *Saccostrea cucullata* isolate STH3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT936587.1 *Saccostrea kegaki* isolate IDA-1 mitochondrion complete genome RKT936588.1 *Saccostrea kegaki* isolate IDA-2 mitochondrion complete genome R KT936589.1 *Saccostrea kegaki* isolate IDB-1 mitochondrion complete genome R KT936590.1 *Saccostrea kegaki* isolate IDB-2 mitochondrion complete genome R KU310914.1 *Saccostrea echinata* isolate ID108 mitochondrion complete genome R KU310917.1 *Saccostrea glomerata* isolate ID139 mitochondrion complete genome R KU310918.1 *Saccostrea glomerata* isolate ID160 mitochondrion complete genome R KU310920.1 *Saccostrea mytiloides* isolate ID162 mitochondrion complete genome R KU310921.1 *Saccostrea* sp. ID122 mitochondrion complete genome R KU310922.1 *Saccostrea* sp. ID133 mitochondrion complete genome R KU310923.1 *Saccostrea* sp. ID138 mitochondrion complete genome R KU310924.1 *Saccostrea* sp. ID143 mitochondrion complete genome R KU310925.1 *Saccostrea* sp. ID163 mitochondrion complete genome R KU947127.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KU947129.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. LJ-11 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R NC 036478.1 *Saccostrea echinata* isolate ID107 mitochondrion complete genome

**Group[ 116 ] n: 1** ;id: R EU815958.1 *Saccostrea cucullata* isolate HS2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 117 ] n: 1** ;id: R EU815959.1 *Saccostrea cucullata* isolate HS3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 118 ] n: 1** ;id: R EU815960.1 *Saccostrea cucullata* isolate HS4 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 119 ] n: 2** ;id: R EU815962.1 *Saccostrea cucullata* isolate HS6 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR340025.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 512 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 120 ] n: 2** ;id: R EU815963.1 *Saccostrea cucullata* isolate HS7 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KU947132.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. LJ-15 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 121 ] n: 2** ;id: R EU815984.1 *Dendostrea crenulifera* isolate LA1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT323089.1 *Dendostrea sandvichensis* isolate Cre 2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 122 ] n: 7** ;id: R EU815985.1 *Dendostrea crenulifera* isolate LA5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KC847121.1 *Dendostrea crenulifera* isolate HNLA-44 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228799.1 *Dendostrea crenulifera* voucher UHH B1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228801.1 *Dendostrea crenulifera* voucher UHHB2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228805.1 *Dendostrea crenulifera* voucher UHH GR29 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228806.1 *Dendostrea crenulifera* voucher UHH B6 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

R MT323091.1 *Dendostrea sandvichensis* isolate Cre 4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 123 ] n: 2** ;id: R FJ743505.1 *Crassostrea ariakensis* isolate KD A 16S ribosomal RNA gene complete sequence mitochondrial R PP575657.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 124 ] n: 2** ;id: R FJ743506.1 *Crassostrea ariakensis* isolate KD B 16S ribosomal RNA gene complete sequence mitochondrial R PP575656.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 125 ] n: 34** ;id: R FJ768501.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-801 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768502.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-802 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768503.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-803 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768504.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-804 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768506.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-806 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768507.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-807 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768508.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-808 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768509.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-809 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768510.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-810 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768511.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-811 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768512.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-812 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768514.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-814 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317252.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1735 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317258.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1741 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317259.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1742 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317275.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1858 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317285.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2213 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317288.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2216 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317293.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2312 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317305.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1769 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317315.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1836 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317319.1 *Saccostrea palmula*

bio-material CSUF DNA DE1844 16S ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R KT317341.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2272 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317349.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2264 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317358.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1778 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317360.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1782 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317367.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1860 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317378.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1894 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317380.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1896 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317397.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1854 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317415.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1853 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317417.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1897 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OQ551177.1 *Saccostrea palmula* strain Sapa16sH1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OQ551178.1 *Saccostrea palmula* strain Sapa16sH2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 126 ] n: 5 ;id:** R FJ768505.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-805 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768516.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-816 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317254.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1737 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317297.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2317 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317362.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1817 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 127 ] n: 1 ;id:** R FJ768513.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-813 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 128 ] n: 1 ;id:** R FJ768520.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-820 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 129 ] n: 2 ;id:** R FJ768523.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-823 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317253.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1736 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 130 ] n: 1 ;id:** R FJ768525.1 *Saccostrea palmula* voucher DE DNA-964 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 131 ] n: 8 ;id:** R FJ768527.1 *Ostrea conchaphila* voucher DE DNA-965 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768530.1 *Ostrea conchaphila* voucher DE DNA-968 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768531.1 *Ostrea conchaphila* voucher DE DNA-969 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768532.1 *Ostrea conchaphila* voucher DE DNA-970 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R FJ768534.1 *Ostrea conchaphila* voucher DE DNA-972 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317154.1 *Ostrea conchaphila* bio-material CSUF DNA DE1863 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317159.1 *Ostrea conchaphila* bio-material CSUF DNA DE2242 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317182.1 *Ostrea conchaphila* bio-material CSUF DNA DE1756 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 132 ] n: 41 ;id:** R HF549037.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-1 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 1 R HF549038.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-1 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 2 R HF549039.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 3 R HF549040.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-6 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 4 R HF549041.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 5 R HF549042.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-8 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 6 R HF549043.1 *Crassostrea* sp. HZ-

2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 7 R HF549045.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-3 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 9 R HF549046.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 10 RHF549047.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-5 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 11 R HF549048.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-3 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 12 R HF549049.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-3 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 13 R HF549050.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-7 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 14 R HF549051.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 15 R HF549052.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 16 R HF549053.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-2 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 17 RHF549054.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-4 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 18 R HF549055.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-4 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 19 R HF549056.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-3 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 20 R HF549057.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-4 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 21 R HF549058.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-4 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 22 R MZ099713.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.001 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099714.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099716.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099717.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099718.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/5 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099720.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/7 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099721.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/8 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099722.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/9 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099723.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.002/10 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099725.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099727.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099728.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099729.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/5 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099730.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/6 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099731.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/7 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099732.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/8 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099733.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/9 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099734.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/10 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099735.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/11 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MZ099736.1 *Talonostrea salpinx* voucher NMW.Z.2021.009.004/12 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 133 ] n: 1 ;id:** R HF549044.1 *Crassostrea* sp. HZ-2012-9 mitochondrial partial 16S rRNA gene isolate 8

**Group[ 134 ] n: 1 ;id:** R HQ660967.1 *Crassostrea angulata* isolate 13 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 135 ] n: 2 ;id:** R HQ660980.1 *Crassostrea ariakensis* isolate 26 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KX345399.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 136 ] n: 1 ;id:** R HQ660984.1 *Crassostrea* sp. 2 JL-2011 isolate 30 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 137 ] n: 3 ;id:** R HQ661000.1 *Ostrea* sp. JL-2011 isolate 47 16S ribosomal RNA gene partial sequence

mitochondrial R MN648337.1 *Dendostrea* sp. n. LH-2019 isolate HLS-247 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R MZ230642.1 *Dendostrea* sp. 3 CL-2021 isolate D SP3 C01 38 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 138 ] n: 3** ;id: R HQ661001.1 *Ostrea* sp. JL-2011 isolate 48 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R KC847122.1 *Dendostrea* sp. 1 LC-2013 isolate GDYJZP-2 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R MN648349.1 *Dendostrea* sp. n. LH-2019 isolate DYW-24 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 139 ] n: 1** ;id: R JF808183.1 *Crassostrea virginica* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 140 ] n: 1** ;id: R JF915519.1 *Saccostrea* sp. 2 MS-2011 isolate Sebatu 15 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 141 ] n: 3** ;id: R JF915520.1 *Crassostrea* sp. MS-2011 isolate Sungai Muar 03 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R MW354028.1 *Magallana saidii* voucher UPMMC0001 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R PV564049.1 *Magallana saidii* isolate J8 mitochondrion complete genome

**Group[ 142 ] n: 1** ;id: R JF915522.1 *Saccostrea* sp. 2 MS-2011 isolate Semporna 04 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 143 ] n: 1** ;id: R JQ611449.1 *Ostrea edulis* isolate 11 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 144 ] n: 1** ;id: R JX899653.1 *Crassostrea zhanjiangensis* isolate 1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 145 ] n: 1** ;id: R JX899654.1 *Crassostrea zhanjiangensis* isolate 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 146 ] n: 1** ;id: R JX899655.1 *Crassostrea zhanjiangensis* isolate 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 147 ] n: 1** ;id: R KC429253.1 *Crassostrea virginica* voucher BivAToL-276 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 148 ] n: 1** ;id: R KC747111.1 *Saccostrea cucullata* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 149 ] n: 2** ;id: R KC847123.1 *Dendostrea* sp. 2 LC-2013 isolate HNLA-88 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R MT323083.1 *Dendostrea folium* isolate Fol 6 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 150 ] n: 1** ;id: R KC847125.1 *Planostrea pestigris* isolate EZ-1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 151 ] n: 3** ;id: R KC847127.1 *Saccostrea echinata* isolate BLW-4 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R KU310915.1 *Saccostrea echinata* isolate ID155 mitochondrion complete genome  
R KU947128.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-16 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 152 ] n: 1** ;id: R KC847134.1 *Crassostrea* sp. HN isolate TZCSJ-3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 153 ] n: 1** ;id: R KF577987.1 *Crassostrea* sp. SC1 haplotype hap2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 154 ] n: 1** ;id: R KF577988.1 *Crassostrea* sp. SC1 haplotype hap3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 155 ] n: 2** ;id: R KJ818215.1 *Ostrea edulis* isolate O3 16S ribosomal RNA gene partial sequence  
mitochondrial R KX394618.1 *Ostrea edulis* voucher 16S H3 Lim Bay 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 156 ] n: 1** ;id: R KJ818216.1 *Ostrea edulis* isolate O4 16S ribosomal RNA gene partial sequencemitochondrial

**Group[ 157 ] n: 1** ;id: R KJ818218.1 *Ostrea edulis* isolate AR6 16S ribosomal RNA gene partial sequencemitochondrial

**Group[ 158 ] n: 2** ;id: R KJ946438.1 *Dendostrea* sp. MO-2014 voucher BAU1414 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LM993884.1 *Dendostrea folium* mitochondrial partial 16S rRNA gene strain voucher BAU01712 isolate DfoA

**Group[ 159 ] n: 1** ;id: R KJ946442.1 *Dendostrea* sp. MO-2014 voucher BAU1416 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 160 ] n: 2** ;id: R KJ946444.1 *Dendostrea* sp. MO-2014 voucher BAU1418 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KJ946445.1 *Dendostrea* sp. MO-2014 voucher BAU1419 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 161 ] n: 2** ;id: R KT149305.1 *Saccostrea cucullata* isolate PP1 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC111195.1 *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK81

**Group[ 162 ] n: 1** ;id: R KT317089.1 *Magallana gigas* bio-material CSUF DNA DE1785 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 163 ] n: 4** ;id: R KT317127.1 *Ostrea angelica* bio-material CSUF DNA DE1752 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317128.1 *Ostrea angelica* bio-material CSUF DNA DE1753 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R KT317138.1 *Ostrea angelica* bio-material CSUF DNA DE1874 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OQ551180.1 *Ostrea angelica* strain Oa16sH1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 164 ] n: 1** ;id: R KT317133.1 *Ostrea angelica* bio-material CSUF DNA DE2993 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 165 ] n: 1** ;id: R KT317135.1 *Ostrea angelica* bio-material CSUF DNA DE1802 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 166 ] n: 1** ;id: R KT317144.1 *Ostrea conchaphila* bio-material CSUF DNA DE2307 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 167 ] n: 1** ;id: R KT317173.1 *Ostrea conchaphila* bio-material CSUF DNA DE2233 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 168 ] n: 1** ;id: R KT317174.1 *Ostrea conchaphila* bio-material CSUF DNA DE2234 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 169 ] n: 1** ;id: R KT317197.1 *Ostrea equestris* bio-material CSUF DNA DE2303 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 170 ] n: 1** ;id: R KT317250.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2294 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 171 ] n: 1** ;id: R KT317276.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1908 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 172 ] n: 1** ;id: R KT317287.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2215 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 173 ] n: 1** ;id: R KT317291.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE2309 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 174 ] n: 1** ;id: R KT317303.1 *Saccostrea palmula* bio-material CSUF DNA DE1763 16S ribosomal RNA gene

partial sequence mitochondrial

**Group[ 175 ] n: 1 ;id: R KT317308.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1811 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 176 ] n: 1 ;id: R KT317320.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1846 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 177 ] n: 1 ;id: R KT317325.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1879 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 178 ] n: 2 ;id: R KT317327.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1893 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial R KT317336.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE2356 16S ribosomal RNA  
gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 179 ] n: 1 ;id: R KT317331.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1917 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 180 ] n: 1 ;id: R KT317354.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1774 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 181 ] n: 1 ;id: R KT317371.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1869 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 182 ] n: 1 ;id: R KT317375.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1887 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 183 ] n: 1 ;id: R KT317395.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1820 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 184 ] n: 1 ;id: R KT317400.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1876 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 185 ] n: 1 ;id: R KT317403.1 Saccostrea palmula bio-material CSUF DNA DE1898 16S ribosomalRNA gene**  
partial sequence mitochondrial

**Group[ 186 ] n: 2 ;id: R KT317422.1 Striostrea prismatica bio-material CSUF DNA DE2293 16S ribosomalRNA**  
gene partial sequence mitochondrial R OQ551176.1 Striostrea prismatica strain Strp16sH1 largesubunit ribosomal RNA  
gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 187 ] n: 1 ;id: R KT317423.1 Striostrea prismatica bio-material CSUF DNA DE2287 16S ribosomalRNA**  
gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 188 ] n: 1 ;id: R KT970455.1 Saccostrea sp. BER isolate ScB1 16S ribosomal RNA gene partialsequence**  
mitochondrial

**Group[ 189 ] n: 1 ;id: R KT970456.1 Saccostrea sp. BER isolate ScB2 16S ribosomal RNA gene partialsequence**  
mitochondrial

**Group[ 190 ] n: 3 ;id: R KT970457.1 Saccostrea sp. BER isolate ScB3 16S ribosomal RNA gene partialsequence**  
mitochondrial R KT970460.1 Saccostrea sp. BER isolate ScB6 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial R  
NC 027724.1 Saccostrea cucullata mitochondrion complete genome

**Group[ 191 ] n: 1 ;id: R KT970458.1 Saccostrea sp. BER isolate ScB4 16S ribosomal RNA gene partialsequence**  
mitochondrial

**Group[ 192 ] n: 1 ;id: R KT970459.1 Saccostrea sp. BER isolate ScB5 16S ribosomal RNA gene partialsequence**  
mitochondrial

**Group[ 193 ] n: 1 ;id: R KT992045.1 Saccostrea cucullata isolate IDAU2 mitochondrion complete genome**

**Group[ 194 ] n: 1** ;id: R KU947126.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. YM-15 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 195 ] n: 1** ;id: R KU947130.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. LJ-12 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 196 ] n: 1** ;id: R KU947136.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. SC-9 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 197 ] n: 1** ;id: R KU947137.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-3 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 198 ] n: 1** ;id: R KU947139.1 *Saccostrea cucullata* complex sp. XL-10 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 199 ] n: 1** ;id: R KX345403.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 5 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 200 ] n: 1** ;id: R KX345409.1 *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 11 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 201 ] n: 1** ;id: R KX345689.1 *Magallana hongkongensis* isolate CHO 2 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 202 ] n: 1** ;id: R KX345691.1 *Magallana hongkongensis* isolate CHO 4 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 203 ] n: 1** ;id: R KX364274.1 *Undulostrea megodon* 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 204 ] n: 1** ;id: R KX394617.1 *Ostrea edulis* voucher 16S H2 Lim Bay 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 205 ] n: 1** ;id: R KX713212.1 *Dendostrea frons* voucher BivAToL-54 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 206 ] n: 1** ;id: R KX713252.1 *Saccostrea glomerata* voucher BivAToL-77 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial

**Group[ 207 ] n: 1** ;id: R KX961677.1 *Saccostrea malabonensis* isolate E 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 208 ] n: 1** ;id: R KX961681.1 *Crassostrea gryphoides* ssp. n. CL-2018 isolate A 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 209 ] n: 4** ;id: R KY986305.1 *Ostrea equestris* isolate R-5 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R LC051580.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: Ibusuki-3 R MK370360.1 *Ostrea equestris* isolate XGML-4 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial R MT228826.1 *Ostrea stentina* voucher UHH GR14M large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 210 ] n: 5** ;id: R KY986310.1 *Ostrea equestris* isolate D-32 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial R LC051577.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: Ibusuki-6 R MK370359.1 *Ostrea equestris* isolate XGML-27 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial R MT228807.1 *Ostrea stentina* voucher UHH GR18H large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT228812.1 *Ostrea stentina* voucher UHH HT3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 211 ] n: 4** ;id: R KY986312.1 *Ostrea equestris* isolate FJCD-11 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial R LC051573.1 *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: Kemi-7 R MK370354.1 *Ostrea equestris* isolate XGML-13 16S ribosomal RNA genepartial sequence mitochondrial R MZ230633.1 *Ostrea stentina* isolate C01 50 YJ large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 212 ] n: 1 ;id: R KY986317.1** *Ostrea equestris* isolate 6eq-8 16S ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 213 ] n: 1 ;id: R LC002649.1** *Saccostrea* sp. 2 TO-2014 mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: FU-1

**Group[ 214 ] n: 2 ;id: R LC005443.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: O179 R LC111265.1 *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: EIK01

**Group[ 215 ] n: 1 ;id: R LC005444.1** *Saccostrea glomerata* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: NZ1

**Group[ 216 ] n: 1 ;id: R LC005446.1** *Crassostrea nippona* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: O13

**Group[ 217 ] n: 1 ;id: R LC051578.1** *Ostrea stentina* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: Ibusuki-5

**Group[ 218 ] n: 1 ;id: R LC111090.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: AMS04

**Group[ 219 ] n: 1 ;id: R LC111096.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: AMS13

**Group[ 220 ] n: 1 ;id: R LC111112.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMS36

**Group[ 221 ] n: 1 ;id: R LC111114.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: AMS39

**Group[ 222 ] n: 1 ;id: R LC111117.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: AMS42

**Group[ 223 ] n: 1 ;id: R LC111122.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: AMS47

**Group[ 224 ] n: 1 ;id: R LC111124.1** *Saccostrea kegaki* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: AMS50

**Group[ 225 ] n: 1 ;id: R LC111139.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK17

**Group[ 226 ] n: 1 ;id: R LC111143.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK21

**Group[ 227 ] n: 1 ;id: R LC111145.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK23

**Group[ 228 ] n: 1 ;id: R LC111149.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK27

**Group[ 229 ] n: 1 ;id: R LC111151.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK30

**Group[ 230 ] n: 1 ;id: R LC111162.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK41

**Group[ 231 ] n: 1 ;id: R LC111164.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: AMK45

**Group[ 232 ] n: 1 ;id: R LC111180.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16S ribosomal

RNA partial sequence isolate: AMK64

**Group[ 233 ] n: 1 ;id: R LC111182.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: AMK67**

**Group[ 234 ] n: 1 ;id: R LC111187.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: AMK72**

**Group[ 235 ] n: 1 ;id: R LC111193.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage C mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: AMK79**

**Group[ 236 ] n: 1 ;id: R LC111202.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage G mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: AMK89**

**Group[ 237 ] n: 1 ;id: R LC111209.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage I mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRF01**

**Group[ 238 ] n: 1 ;id: R LC111210.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage I mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRF02**

**Group[ 239 ] n: 1 ;id: R LC111215.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage I mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRF08**

**Group[ 240 ] n: 1 ;id: R LC111231.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage H mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRS10**

**Group[ 241 ] n: 1 ;id: R LC111232.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRS11**

**Group[ 242 ] n: 1 ;id: R LC111235.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRS15**

**Group[ 243 ] n: 1 ;id: R LC111248.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage H mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRS29**

**Group[ 244 ] n: 1 ;id: R LC111256.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: IRS39**

**Group[ 245 ] n: 1 ;id: R LC111266.1 Saccostrea kegaki mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: EIK03**

**Group[ 246 ] n: 1 ;id: R LC111269.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: EUM01**

**Group[ 247 ] n: 1 ;id: R LC111270.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: EUM02**

**Group[ 248 ] n: 1 ;id: R LC111275.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: EMA02**

**Group[ 249 ] n: 1 ;id: R LC111276.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage F mitochondrial gene for 16Sribosomal RNA partial sequence isolate: EMA03**

**Group[ 250 ] n: 1 ;id: R LC111283.1 Saccostrea kegaki mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: WNS04**

**Group[ 251 ] n: 1 ;id: R LC111285.1 Saccostrea kegaki mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partialsequence isolate: WNS06**

**Group[ 252 ] n: 1 ;id: R LC149503.1 Nanostrea fluctigera mitochondrial gene for 16S ribosomal RNAs partial sequence isolate: OF-1**

**Group[ 253 ] n: 1 ;id: R LC149504.1** *Nanostrea fluctigera* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: OF-2

**Group[ 254 ] n: 2 ;id: R LC149511.1** *Booneostrea subucula* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: OS-1 R LC149512.1 *Booneostrea subucula* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: OS-2

**Group[ 255 ] n: 1 ;id: R LC149513.1** *Booneostrea subucula* mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: OS-3

**Group[ 256 ] n: 1 ;id: R LC155008.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage G mitochondrial gene for 16S ribosomal RNA partial sequence isolate: IRS111

**Group[ 257 ] n: 1 ;id: R LT220867.1** *Striostrea margaritacea* mitochondrial partial 16S rRNA gene specimen voucher BAU2643 isolate Smr1

**Group[ 258 ] n: 1 ;id: R MF198444.1** *Saccostrea cucullata* isolate SC1 mitochondrion complete genome

**Group[ 259 ] n: 1 ;id: R MF663019.1** *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG423 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 260 ] n: 1 ;id: R MF663021.1** *Crassostrea rhizophorae* isolate CRBG505 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 261 ] n: 1 ;id: R MG560203.1** *Ostrea circumpicta* haplotype Hap 2 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 262 ] n: 1 ;id: R MG560204.1** *Ostrea circumpicta* haplotype Hap 3 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 263 ] n: 2 ;id: R MH051332.1** *Magallana belcheri* mitochondrion complete genome R MW354039.1 *Magallana belcheri* voucher UPMMC0008 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 264 ] n: 1 ;id: R MK370362.1** *Ostrea equestris* isolate XGML-45 16S ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 265 ] n: 1 ;id: R MN153598.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Flying Foam Passage 19 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 266 ] n: 3 ;id: R MN153601.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Flying Foam Passage 22 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124269.1 *Saccostrea* sp. lineage ANGW-2020 voucher WAMS69864 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial RMT124270.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS98529 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 267 ] n: 1 ;id: R MN153605.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Bush Bay 26 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 268 ] n: 1 ;id: R MN153614.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Oyster Creek 36 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 269 ] n: 1 ;id: R MN153633.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Facine Tram Bridge 62 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 270 ] n: 2 ;id: R MN153641.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Pelican Point 70 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124263.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS14396 3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 271 ] n: 1 ;id: R MN153647.1** *Saccostrea scyphophilla* isolate Prawning Jetty 1 76 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 272 ] n: 1 ;id: R MN153651.1** *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Prawning Jetty 2 80 large subunit

ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 273 ] n: 1** ;id: R MN153652.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Prawning Jetty 2 81 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 274 ] n: 2** ;id: R MN153708.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 182 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124268.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69919 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 275 ] n: 2** ;id: R MN153712.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 186 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124222.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69944 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 276 ] n: 1** ;id: R MN153721.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 195 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 277 ] n: 1** ;id: R MN153723.1 *Saccostrea* sp. lineage A SF-2019 isolate Wooramel Bank 197 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 278 ] n: 1** ;id: R MN450277.1 *Saccostrea* sp. WAM73556 strain lineage A isolate Exmouth Marina280 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 279 ] n: 16** ;id: R MN508435.1 *Crassostrea madrasensis* isolate Cm1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MN508481.1 *Crassostrea madrasensis* isolate Cm2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT985154.1 *Magallana bilineata* mitochondrion complete genome R ON926949.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2202 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926950.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2203 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926951.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2201 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926952.1 *Magallanabilineata* voucher UCZM2204 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926953.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2205 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926954.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2206 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926962.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2209 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926963.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2210 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926964.1 *Magallanabilineata* voucher UCZM2211 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926965.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2212 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926966.1 *Magallana bilineata* voucher UCZM2213 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR750432.1 *Magallana bilineata* isolate SG41 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR835579.1 *Crassostrea madrasensis* isolate CMBM3 large

subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 280 ] n: 1** ;id: R MN648348.1 *Dendostrea* sp. n. LH-2019 isolate YJMT-24 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 281 ] n: 1** ;id: R MN648354.1 *Dendostrea* sp. n. LH-2019 isolate LAW-12 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 282 ] n: 1** ;id: R MN862572.1 *Magallana gigas* isolate EU1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 283 ] n: 1** ;id: R MN862574.1 *Magallana gigas* isolate EU3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 284 ] n: 1** ;id: R MT090163.1 *Magallana gigas* voucher WCI Hap3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 285 ] n: 1** ;id: R MT124213.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69837 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 286 ] n: 1** ;id: R MT124214.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69844 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 287 ] n: 1** ;id: R MT124216.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69853 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 288 ] n: 1** ;id: R MT124217.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69942 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 289 ] n: 1** ;id: R MT124224.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69281 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 290 ] n: 1** ;id: R MT124228.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69947 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 291 ] n: 1** ;id: R MT124231.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69904 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 292 ] n: 1** ;id: R MT124237.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69935 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 293 ] n: 2** ;id: R MT124238.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69855 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124240.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS98521 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 294 ] n: 2** ;id: R MT124248.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS98530 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT124267.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69946 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 295 ] n: 1** ;id: R MT124257.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69937 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 296 ] n: 1** ;id: R MT124262.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69899 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 297 ] n: 1** ;id: R MT124265.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69850 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 298 ] n: 1** ;id: R MT124266.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69907 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 299 ] n: 1** ;id: R MT124271.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69916 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 300 ] n: 1** ;id: R MT124272.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS69896 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 301 ] n: 1** ;id: R MT124273.1 *Saccostrea* sp. lineage A NGW-2020 voucher WAMS98523 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 302 ] n: 1** ;id: R MT124280.1 *Saccostrea* sp. lineage B NGW-2020 voucher WAMS92596 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 303 ] n: 1** ;id: R MT124281.1 *Saccostrea* sp. lineage B NGW-2020 voucher WAMS92597 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 304 ] n: 1** ;id: R MT124282.1 *Saccostrea* sp. lineage B NGW-2020 voucher WAMS92595 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 305 ] n: 2 ;id: R MT124400.1 Saccostrea scyphophilla voucher WAMS92593 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R MT298883.1 Saccostrea mordax isolate Hap20 largesubunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 306 ] n: 1 ;id: R MT124429.1 Saccostrea scyphophilla voucher WAMS71480 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 307 ] n: 1 ;id: R MT124437.1 Saccostrea scyphophilla voucher WAMS70806 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 308 ] n: 2 ;id: R MT228789.1 Dendostrea crenulifera voucher UHH B8 large subunit ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial R MT487760.1 Dendostrea sandvichensis voucher PPT 3 3 A416S-Ar large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 309 ] n: 1 ;id: R MT298878.1 Saccostrea mordax isolate Hap15 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 310 ] n: 1 ;id: R MT298881.1 Saccostrea mordax isolate Hap18 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 311 ] n: 1 ;id: R MT323079.1 Dendostrea folium isolate Fol 2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 312 ] n: 1 ;id: R MT323080.1 Dendostrea folium isolate Fol 3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 313 ] n: 1 ;id: R MT323084.1 Dendostrea folium isolate Fol 7 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 314 ] n: 1 ;id: R MT323086.1 Dendostrea folium isolate Fol 9 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 315 ] n: 1 ;id: R MT323087.1 Dendostrea folium isolate Fol 10 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 316 ] n: 1 ;id: R MT323088.1 Dendostrea sandvichensis isolate Cre 1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 317 ] n: 1 ;id: R MT323090.1 Dendostrea sandvichensis isolate Cre 3 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 318 ] n: 1 ;id: R MT635133.1 Dendostrea sandvichensis mitochondrion complete genome**

**Group[ 319 ] n: 1 ;id: R MZ099715.1 Talonostrea salpinx voucher NMW.Z.2021.009.002/2 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 320 ] n: 1 ;id: R MZ099719.1 Talonostrea salpinx voucher NMW.Z.2021.009.002/6 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 321 ] n: 1 ;id: R MZ099724.1 Talonostrea salpinx voucher NMW.Z.2021.009.002/11 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 322 ] n: 1 ;id: R MZ099726.1 Talonostrea salpinx voucher NMW.Z.2021.009.004/2 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 323 ] n: 1 ;id: R MZ230635.1 Saccostrea circumsuta isolate C01 111 GX large subunit ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 324 ] n: 1 ;id: R NC 012648.1 Crassostrea angulata mitochondrion complete genome**

**Group[ 325 ] n: 1 ;id: R NC 036479.1 Saccostrea mytiloides isolate ID128 mitochondrion complete genome**

**Group[ 326 ] n: 1 ;id: R NC 077458.1 Crassostrea talonata mitochondrion complete genome**

**Group[ 327 ] n: 1 ;id: R NC 077459.1 Nanostrea pinnicola mitochondrion complete genome**

**Group[ 328 ] n: 1 ;id: R NC 077460.1 Planostrea pestigris mitochondrion complete genome**

**Group[ 329 ] n: 6 ;id: R ON614100.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.011/1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON614101.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.011/10 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON614102.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.011/11 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON614104.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.011/2 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON614105.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.009/1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON614115.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.011/4 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 330 ] n: 1 ;id: R ON614109.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.009/5 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 331 ] n: 1 ;id: R ON614117.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.009/11 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 332 ] n: 1 ;id: R ON614120.1 Ostrea sp. o MG-2022 voucher NMW.Z.2021.009.011/7 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 333 ] n: 3 ;id: R ON711245.1 Magallana gryphoides voucher DB1 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926958.1 Magallana gryphoides voucher UCZM2207 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R ON926959.1 Magallana gryphoides voucher UCZM2208 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 334 ] n: 1 ;id: R OR339988.1 Talonostrea sp. QLD isolate CM01 505 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 335 ] n: 1 ;id: R OR339989.1 Talonostrea sp. QLD isolate CM01 503 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 336 ] n: 1 ;id: R OR339990.1 Talonostrea sp. QLD isolate CM01 488 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 337 ] n: 1 ;id: R OR339991.1 Dendostrea sp. QLD1 isolate CM01 372 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 338 ] n: 1 ;id: R OR339992.1 Dendostrea sp. QLD1 isolate CM01 396 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 339 ] n: 1 ;id: R OR339993.1 Dendostrea sp. QLD2 isolate CM01 31 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 340 ] n: 1 ;id: R OR339994.1 Dendostrea sandvichensis isolate CM01 448 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 341 ] n: 1 ;id: R OR340005.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage J isolate CM01 486 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 342 ] n: 2 ;id: R OR340007.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage I isolate CM01 444 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR340009.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage I isolate CM01 680 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 343 ] n: 1 ;id: R OR340011.1 Saccostrea sp. non-mordax lineage G isolate CM01 346 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 344 ] n: 1 ;id: R OR340013.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage G isolate CM01 352 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 345 ] n: 1 ;id: R OR340015.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage G isolate CM01 432 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 346 ] n: 1 ;id: R OR340016.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage G isolate CM01 434 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 347 ] n: 1 ;id: R OR340017.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage G isolate CM01 541 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 348 ] n: 1 ;id: R OR340022.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 328 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 349 ] n: 1 ;id: R OR340026.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 580 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 350 ] n: 1 ;id: R OR340028.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 584 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 351 ] n: 1 ;id: R OR340029.1** *Saccostrea* sp. non-mordax lineage B isolate CM01 597 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 352 ] n: 1 ;id: R OR340032.1** *Saccostrea glomerata* isolate CM01 142 large subunit ribosomal RNAgene partial sequence mitochondrial

**Group[ 353 ] n: 1 ;id: R OR340035.1** *Saccostrea glomerata* isolate CM01 681 large subunit ribosomal RNAgene partial sequence mitochondrial

**Group[ 354 ] n: 2 ;id: R OR466936.1** *Talonostrea* sp. isolate DC55 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial R OR466941.1 *Talonostrea* sp. isolate DPIRD MDN1133 large subunitribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 355 ] n: 1 ;id: R OR466938.1** *Talonostrea* sp. isolate PH09 large subunit ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 356 ] n: 1 ;id: R OR466940.1** *Talonostrea* sp. isolate PH11 large subunit ribosomal RNA gene partialsequence mitochondrial

**Group[ 357 ] n: 1 ;id: R OR466943.1** *Talonostrea* sp. isolate DPIRD MDN929 large subunit ribosomal RNAgene partial sequence mitochondrial

**Group[ 358 ] n: 1 ;id: R OR750446.1** *Magallana belcheri* isolate SG49 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 359 ] n: 1 ;id: R PP575669.1** *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 15 large subunit ribosomal RNAgene partial sequence mitochondrial

**Group[ 360 ] n: 1 ;id: R PP575670.1** *Crassostrea ariakensis* isolate Hap 16 large subunit ribosomal RNAgene partial sequence mitochondrial

**Group[ 361 ] n: 1 ;id: R PP580510.1** *Minnivola pyxidata* voucher sangogaki 01 large subunit ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 362 ] n: 1 ;id: R PP842654.1** *Saccostrea cucullata* isolate AS06 large subunit ribosomal RNA gene partial sequence mitochondrial

**Group[ 363 ] n: 1 ;id: R PQ459554.1** *Saccostrea* sp. isolate Hap 42 ML0575S sp.1 large subunit ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial

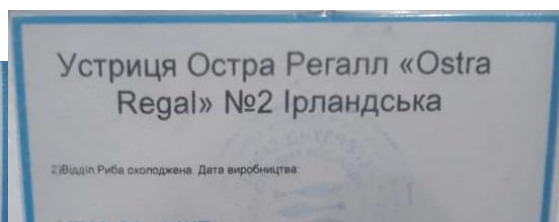
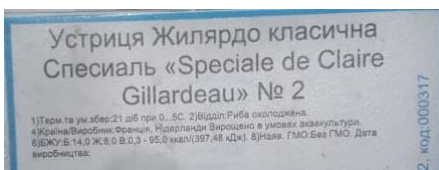
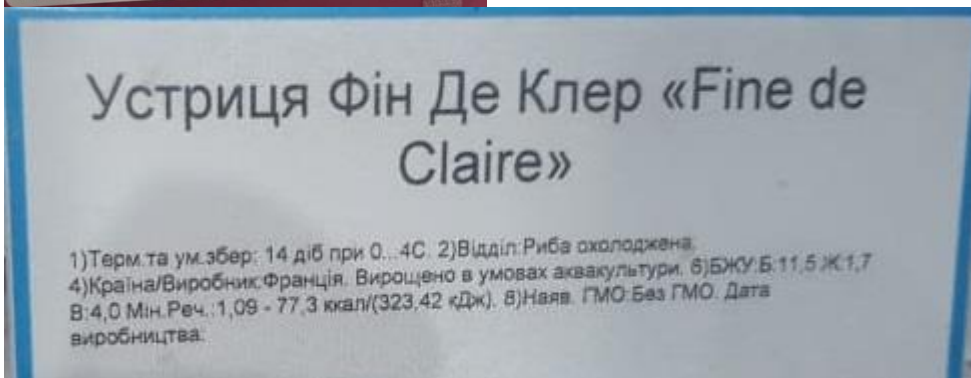
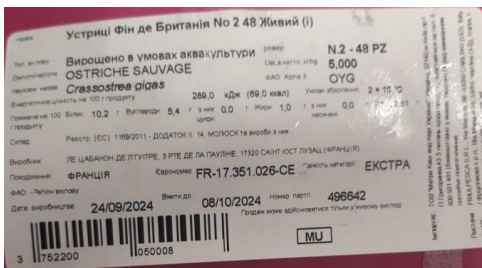
**Group[ 364 ] n: 1 ;id: R PQ459557.1 Saccostrea sp. isolate Hap 40 ML0380 S sp1 large subunit ribosomalRNA gene partial sequence mitochondrial**

**Group[ 365 ] n: 2 ;id: R XM 061312764.1 PREDICTED: Saccostrea echinata NADH-ubiquinoneoxidoreductase chain 1-like (LOC133177921) mRNA R XM 061312765.1 PREDICTED: Saccostreaechinata NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 1-like (LOC133177922) mRNA**

## Додаток Д. Розподіл видів по групах за ABGD - таблиця

	FJ743504.1_Crassostrea_ariakensis	FJ743503.1_Crassostrea_ariakensis	KX961681.1_Crassostrea_gryphoides	KC847133.1_Crassostrea_talonata	AB972007.1_Crassostrea_iredalei	KX364275.1_Crassostrea_talonata	MF663025.1_Crassostrea_rhizophorae	MF663024.1_Crassostrea_rhizophorae	MF663022.1_Crassostrea_rhizophorae	MF663016.1_Crassostrea_gasar	MF663015.1_Crassostrea_gasar	MF663013.1_Crassostrea_gasar	JN849102.1_Crassostrea_brasiliana
FJ743504.1_Crassostrea_ariakensis													
FJ743503.1_Crassostrea_ariakensis	0,0024												
KX961681.1_Crassostrea_gryphoides	0,0511	0,0511											
KC847133.1_Crassostrea_talonata	0,0560	0,0560	0,0438										
AB972007.1_Crassostrea_iredalei	0,0560	0,0560	0,0438	0,0000									
KX364275.1_Crassostrea_talonata	0,1000	0,0976	0,1049	0,0927	0,0927								
MF663025.1_Crassostrea_rhizophorae	0,1606	0,1582	0,1606	0,1582	0,1582	0,1869							
MF663024.1_Crassostrea_rhizophorae	0,1606	0,1582	0,1606	0,1582	0,1582	0,1869	0,0000						
MF663022.1_Crassostrea_rhizophorae	0,1606	0,1582	0,1606	0,1582	0,1582	0,1869	0,0000	0,0000					
MF663016.1_Crassostrea_gasar	0,1415	0,1390	0,1561	0,1439	0,1439	0,1776	0,1208	0,1208	0,1208				
MF663015.1_Crassostrea_gasar	0,1415	0,1390	0,1561	0,1439	0,1439	0,1776	0,1208	0,1208	0,1208	0,0024			
MF663013.1_Crassostrea_gasar	0,1415	0,1390	0,1561	0,1439	0,1439	0,1776	0,1208	0,1208	0,1208	0,0024	0,0000		
MF663012.1_Crassostrea_gasar	0,1415	0,1390	0,1561	0,1439	0,1439	0,1776	0,1208	0,1208	0,1208	0,0024	0,0000	0,0000	
KX345706.1_Crassostrea_ariakensis	0,0000	0,0024	0,0511	0,0560	0,0560	0,1000	0,1606	0,1606	0,1606	0,1415	0,1415	0,1415	
KX345707.1_Crassostrea_ariakensis	0,0000	0,0024	0,0511	0,0560	0,0560	0,1000	0,1606	0,1606	0,1606	0,1415	0,1415	0,1415	
JN849103.1_Crassostrea_brasiliana	0,1418	0,1394	0,1565	0,1443	0,1443	0,1780	0,1211	0,1211	0,1211	0,0024	0,0000	0,0000	
JN849102.1_Crassostrea_brasiliana	0,1418	0,1394	0,1565	0,1443	0,1443	0,1780	0,1211	0,1211	0,1211	0,0024	0,0000	0,0000	
MF663014.1_Crassostrea_gasar	0,1415	0,1390	0,1561	0,1439	0,1439	0,1776	0,1208	0,1208	0,1208	0,0024	0,0000	0,0000	0,0000

## Додаток Е. Документи надані постачальником зразків



ТОВ "Сільпо-Фуд"  
Магазин  
Львівська область, м. Львів,  
Сихівський район,  
вул. Пасічна, буд. 164  
ПН 407201926538  
Каса N 9 (Ліпа М.С.)  
Чек N 33/481/190  
ШК 0250015613010  
УстрицяШтСелін<sup>3</sup>Пр 45.99 А  
ШК 0250015749023  
УстрицяШтРонс<sup>3</sup>Пр 59.99 А  
ШК 0250011857845  
УстрицяШтІnClair<sup>2</sup>Пр 43.19 А  
ПІДСУМОК 149.17

АКЦІЇ  
Запрошуємо на роботу:  
- касира  
- продавця  
- продавця (студента)  
Тел.: +38(050)420-32-28

Не втрачайте баловонус!  
За цю покупку 1.49

ТОВ "Сільпо-Фуд"  
Магазин  
Львівська область, м. Львів,  
Сихівський район,  
вул. Пасічна, буд. 164  
ПН 407201926538  
Каса N 9 (Ліпа М.С.)  
Чек N 33/481/190  
ШК 0250015613010  
УстрицяШтСелін<sup>3</sup>Пр 45.99 А  
ШК 0250015749023  
УстрицяШтРонс<sup>3</sup>Пр 59.99 А  
ШК 0250011857845  
УстрицяШтІnClair<sup>2</sup>Пр 43.19 А  
ПІДСУМОК 149.17

АКЦІЇ  
Запрошуємо на роботу:  
- касира  
- продавця  
- продавця (студента)  
Тел.: +38(050)420-32-28

Не втрачайте баловонус!  
За цю покупку 1.49

ТОВ "АВАН УКРАЇНА ГІПЕРМАРКЕТ"  
Магазин Гіпермаркет  
"АВАН Чорновола"  
Україна, Львівська обл., м. Львів,  
Щевченківський р-н, пр-т Чорновола В  
ПН 354424826566  
(вул. 700-річчя Львова), буд. 161  
Кол-центр 0800300551  
Наш сайт avan.ua

КАСІР SC0 SC0  
#Продавець: 022 Маг: 022чек: 15061  
#Дата: 28102024 каса: 152Час: 19:56

УСТРИЦЯ ОДК НАР-ОЛЕР 1 x 35.00 35.00 А  
ШТРИХ-КОД 2726655000018  
УСТРИЦЯ 1 x 23.80 23.80 А  
ШТРИХ-КОД 2744538000016

**СУМА 58.80**  
ПДВ А = 20.00% 9.80

#Райффайзен Банк Аваль  
#CONTACTLESS CARD  
#VISA CONTACTLESS  
#ОПЛАТА 58,80 UAH  
#СУМА:  
#SN=5880  
#Підпис від клієнта не потрібен  
#ДЯКУЄМО  
#\*\*\* ЗБЕРЕЖІТЬ ЧЕК \*\*\*  
#PR=SO104169

LLC "EGERSUND SEAFOOD"  
ТзОВ "ЕГЕРСУНД СІФУД"  
МАГАЗИН-КАФЕ, УКРАЇНА,  
Львівська обл. м. Львів, Франківський РН  
вул. Стрийська, буд. 200А, корпус 1  
ФН 3000940191 ІД 38906953  
ЗН ТС4001049108 ПН 389069510042  
**ЧЕК № 122836**  
КАСІР: Кассир1  
Від.

Устриця Остра Регалл <Ostra Reg  
al> №2 Ірландська(шт)  
165,00x 1= 165,00-А  
Пакет п/ет 280x500 (2\*7) для за  
ла(шт) 2,00x 1= 2,00-А  
**СУМА 167,00**  
ПДВ \*А 20,00% 27,83

----- СЛУЖБОВА ІНФОРМАЦІЯ -----

Чек від 200 грн  
дає можливість  
безкоштовного

ТОВ "МЕТРО Кев Енд Кері Україна"  
ГОРГІВЕЛЬНИЙ ЦЕНТР, "МЕТРО КЕВ ЕНД КЕРІ"  
Львівська обл., м. Львів, Сихівський р-н  
вул. Дхораха Вашингтона, буд. 8Г  
Юридична адреса:  
м. Львів, пр-т. Петра Гогоренка, 43  
Маг-н 37 Тел. 0 (800) 501-401  
ІД: 32049199 ПН 320491926510

Касир N842 Каса 54

8040101700533866011579  
275284 / 276012

Арт. 198817  
Код УКТЗЕД 0307119000  
УСТРИЦІ ФІН ДЕ КЛЕР 2, ШТ . 45.75 А  
Арт. 198819  
Код УКТЗЕД 0307119000  
УСТРИЦІ ФІН ДЕ БРИТАНІА 1, ШТ . 54.09 А  
Арт. 213024  
Код УКТЗЕД 0307119000  
УСТРИЦІ ФІН ДЕ БРИТАНІА 2, ШТ . 45.75 А  
Арт. 220727  
Код УКТЗЕД 0307119000  
УСТРИЦІ ФІН ДЕ КЛЕР 1, ШТ . 54.08 А  
Арт. 240533  
Код УКТЗЕД 0307119000  
УСТРИЦЯ ЛА ПЕТИТ ФРАНСЕ 1 . 54.08 А  
Арт. 240535  
Код УКТЗЕД 0307119000  
УСТРИЦЯ ЛА ПЕТИТ ФРАНСЕ 2 . 45.75 А

Сума без ПДВ 299.50  
ПДВ А = 20.00% 59.90

S1180EE4  
414951\*\*\*\*\*6223  
ОПЛАТА  
ЕПС 071  
ПЛАТІЖНА СИСТЕМА: Visa  
КОД ТРАНЗ. 088750930228  
КОД АВТ. 450561  
Картка 359.40 грн

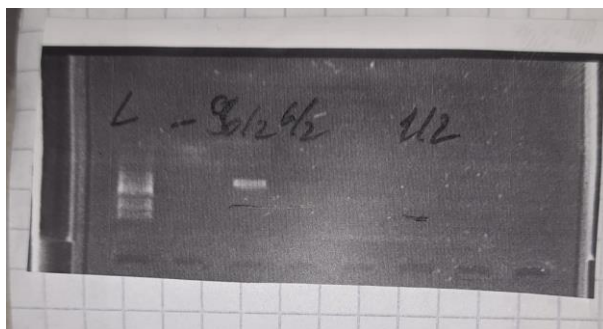
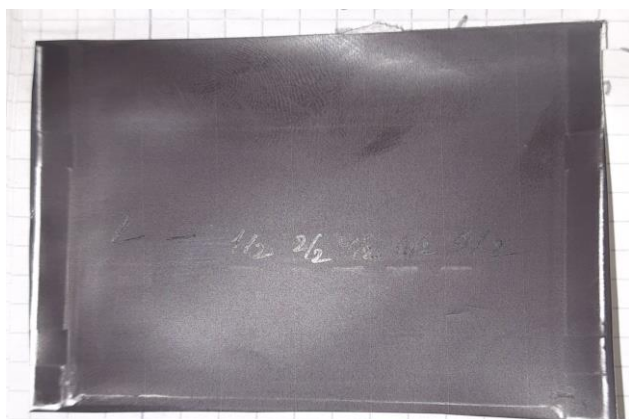
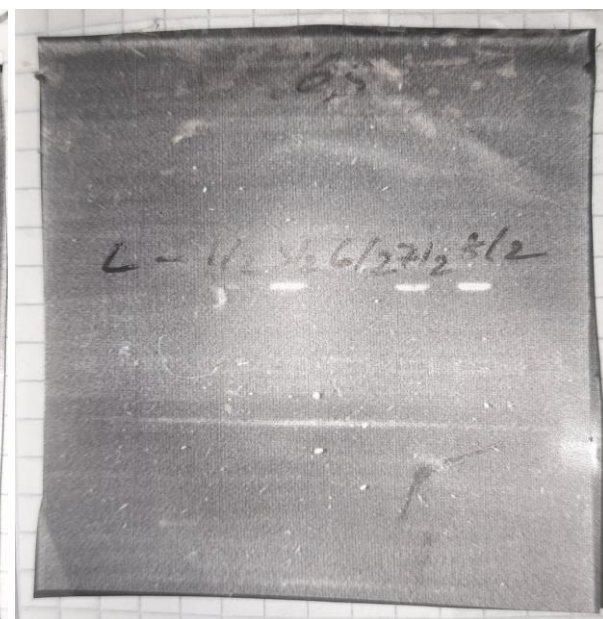
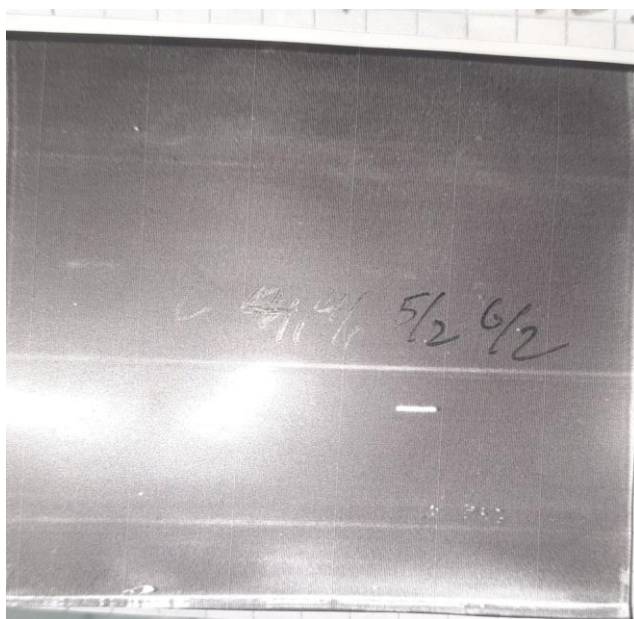
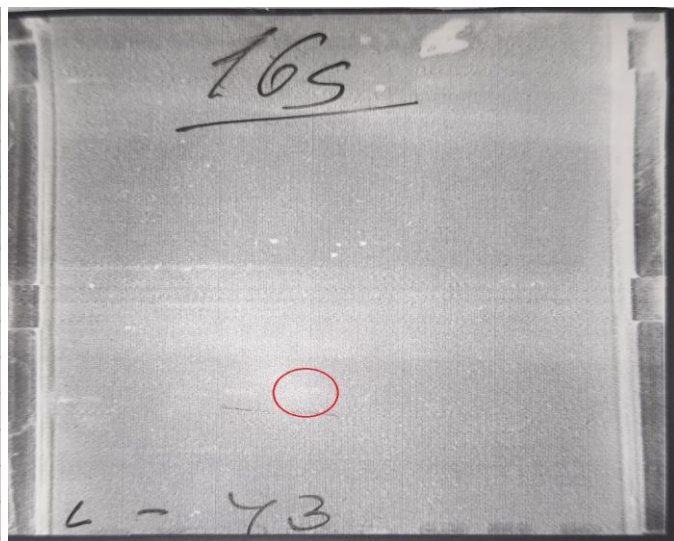
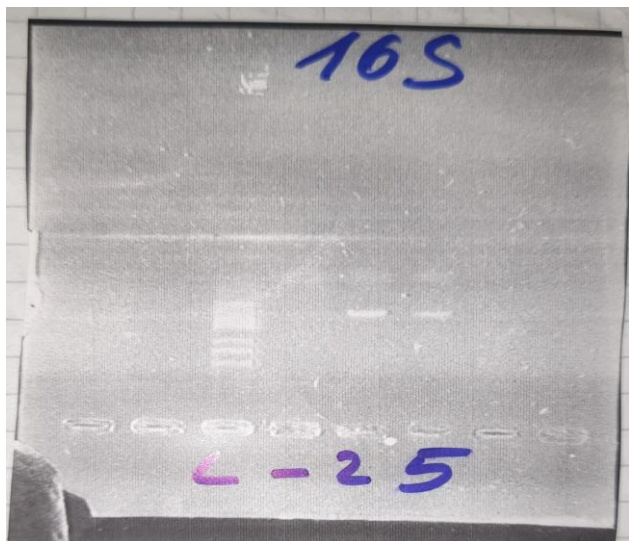
**СУМА 359.40**  
ПДВ А = 20.00% 59.90

000261011 00011 2.10.2024 9:49:30

ТОВ "Сільпо-Фуд"  
Магазин  
Львівська область, м. Львів,  
Галицький район,  
вулиця Під Дубом, будинок 7Б  
ПН 407201926538  
Каса N 5 (Лерка М.В.)  
Чек N 57/443/522  
ШК 0250015613034  
УстрицяШтСані інель<sup>3</sup>Пр 69.99 А  
ШК 0250015760561  
УстрицяШтКрісталл<sup>2</sup>Пр 89.99 А  
ШК 0250015749061  
УстрицяШтЖилардон<sup>2</sup>Пр 179.00 А  
ПІДСУМОК 338.98

АКЦІЇ  
Запрошуємо на роботу:  
- касира  
- продавця  
Тел.: +38(099)909-54-63

Додаток Ж. Електрофорезограми зразків



### Додаток 3. Послідовності 16S рРНК зразків

>1\_9.2-AB1

GACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCC  
AATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTC  
STATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTT  
GCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCA  
CGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAA  
AATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGG  
AATTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGC  
AGGTATTGCT

>1\_7.2-AB2

GACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCC  
AATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTC  
STATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTT  
GCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCA  
CGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAA  
AATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGG  
AATTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGC  
AGGTATTGCTAA

>1\_5.2-A3

ATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGAT  
TAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAG  
AGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCC  
TGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATC  
TTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTCA  
TGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGC  
CGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCTAGTGATGTTT  
TAAAAAAAAGGGGGGAAGAGATTCTCCTTCGAACCCCGTTAGCACGGCGATGAAGATAAA  
ACTTCTCTTCGCCACTCTGAGACTTGACTATCTCCAAGCCCTAACGAGTTCCTCCGTGCTCCAT  
CAGCCAGTCCCATCTGCGACTAACAGGCGGGGGCAGGAGCTTTAAAGTGTTAGTACCTTGTGA  
TCCCAGCCGGGGGCAACAAAAAACAAGGCGAGGGTGCGGGCACGACTGCAGAGGCAG  
ATGATTGAGTTTGTGCGAGAGACCAACATGAGGAGTCGGTCACCGCAATGCTGCGAGAGGT  
STATGTGCAACGAACTACGTGTCTCGCGAGATGAGATGGGTGCAACGAGGAGGAATGGAAG

CAGGTGATGGCTCGTGGTGGGTGGTGCTTGGTGCGGGCGTTTTTCGAGTGGACTCGCCTGGGT  
GCTGATTGCCGAGGGGGCGAGTCGCTGCTAGAGTATGCTAAGAACTGTTAGCAGGGTAATGC  
CCACGGTCACAAGTGCTCCTGGGAGAGGTCGTA CTGGCGATATCGCTGCTTGGTGGGTCTAA  
GAAGATACTTATCTTCGGATTGGCGCGGGGTCGCTCACGCATGGGTGATGGGTCTGTATGGG  
AGTGTGATAGATCGGGGGGAATGGCATTGGCGTTCGACGTTGATATGGTGTAAAGGGTACG  
AACGTGCGGGCGATCGCGGGTGCTCGCTGCGACGCGGCTCCGATTGTCTAAATTCTCAATCC  
CTCACATGAGCTGCTCGTCGCGCCGCGCGGACAAAAAGAGAGTCGCTTAGCGTGGGATATAC  
TTGGCGACGGAATGTAACGGAAGGTGAGCGACGATACTCGTGGTGAAGCTGCGCTGGAGGA  
CAGTGTCTGTTCGTAGAGACTTTTCGAGATTGACACGACACAGTTGTGACCTGAGGCACATGG  
AATGTGCGCGGGCGACTGCGAATAAGTGTGAACCTCACATGTGCGCAGTCGCCGATGGACGTTG  
TCTTCATCGACGAACAAAATCTATGCATGTGACTATTCGCGAACGCCGATCGAACTTGTCTTC  
GTGCGTCGATAGACTATCATGCGGGGGCGATCTTGTAAGTCCATGATGTGTCGAGCATACTG  
CTGAGTAGTTGACATAACTTGTATGCAGGGGCCTGTGCGGGGTGCATTCGTGCTGAACCACGT  
GCTCGATCCGGGAACAGTGTGCTATGAGTCTGATGAACCATAACGCGACGGAGATTGTACAG  
GCGATACTTTCTCTGACCCATGTTGGTGGGTGGCGGTGACGCGCGAAGATCGCGACGATGG  
CGATACGTGATA

>1\_5.2-B3

GGGGGGAGAGATACTTTCAAGCCTCTACCCCTTGAAGCTATAATCCCTGATTCAACATCG  
AGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACGAAACGATTAGCCTGTTCTCCCCGGCGG  
AACTTTTCCTATAATCGAATATAAACGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCTTAAGGTT  
AACTTGCTTTCTAGGCCCCCCCTCGAACTTTTACTCCTGAGAAAGTTAATTTTCTAGTTG  
CACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAAGTAACTTCACCTTCGAGGCAATTTCAATAA  
AAAATTTATAGACAATCAAACCCTCGTTAAACCATTCATGCAGGCCCAATCAAAGGCAA  
GGAATTTTCGCTACCTTAGCACCTCACGCTGGGGAGGCCGTTTACAGGTGTATTTTCGATTGG  
GCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCTGTGATGTTTGATGTCAAAGGGAGGTGAGGGGGCT  
TCTCAGTAGACAACGCAACACTAACGCGATTCTTCGCATTCCATTTTCTACTCCCATTTCATCA  
TTGCAGCTGCAACTATCCTCCACCTACTATTCTTACACGACACGGGATCAAACAACCCAGCCG  
GACTAAACTCTGATGCCGATAAAATTTCTTCCATCCGTA CTTCTCATATAAAGACCTCCTCG

>1\_4.2-AB4

GACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCC  
AATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTC  
CTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTT  
GCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCA  
CGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAA  
AATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTCATGCAGGCCCAATCAAAGGCAAGG  
AATTTTCGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGC

AGGTATTGCTAAAA

>1\_4.1-AB5

ACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCC  
CTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATG  
ATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTT  
CTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGG  
TCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAATTTA  
GAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTC  
GCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCA

>1\_2.2-AB6

GACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCC  
AATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTC  
CTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTT  
GCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCA  
CGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAA  
AATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGG  
AATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGC  
AGGTAT

>1\_1.1-AB7

CGAACAGACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGA  
GGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAA  
CTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTT  
AGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAA  
GTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAA  
TAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGG  
CAAGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCAC  
TGGGCAGGTATTGCTAA

>1\_2.1-A8

ATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGAT  
TAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAG  
AGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCC  
TGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATC  
TTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTCA  
TGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGC  
CGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCTAGTGATGTTT

TAAAAAAAAAGGGGGGAAATATATTGTTTGGTATGGGAAGAAAAGCAGGGCGTCTTACTC  
GAGTTCTTGCCCTTTCGCGTTTCGTTCTGTAGCGCAACCAATGCAGGCGATGGA ACTCAGAAC  
GGAATGAGAGGATTGTGGACAGCTGGAGCAGCGAACCAATGGTTAAGATGCACGGCCGCAT  
CCCATCCCCGGACATCTTCAAAGAGGGACCAAAAATGCAATTACTAAGGTGGACGTGCTAATG  
CTAATGTCCATGCCCTATCACATGGCTGTACGGCTGGAAGGGGCGTCTTGGCATTATCGAAG  
TGATTACGCCTAAGAAGGCCCCCTTGATCCTTGAGTCTTAATTGTTTTACCGTTGGCCTGCCA  
ATATTTTCGCACCCTCTTTGTCAATATGAGGGGAACTACGCATGCTTGTAAGGGGGCGGACAA  
GGGGTTGGGAATGGGCGTGGCAGGGACGAGATATCCCTACGAGGAGCAAAGGGGCGCGGGGA  
CAATAATACGCCGGGTTGACAACGACTGAACGAGAACTAATTCGGGGGTGTAACCTACCAGT  
TGGTTGATACGTCGGCAGTGTGTCATTGAGAAATTTGGAACAGCGTCGGTTATTAGGGCGTG  
GAACTCTCTCCTCACAGTGTAACAGAGAATGTGCCACCAAGTCTCATGCCACATAGGAACA  
AAATTTGTGGGCCCTCTTCCCGCGTAGATCTCTCTTCGGACGGGGCGGGGTGGATGATATCG  
ACACACGCAACGGGTTGTCGTGTGTTGTTTTTCATAAAGTTGGATGGTTCCAGTGTGCTGGTC  
GTGCGTGATCGACGCGCATCGGTCTGCGTGGATGGGTCGTCGCGGTGGTAGATGGGGGAACG  
TGTTGGCGTGCAAGGGCTCAGATCGACTGACAGGTGTGAGAACGTCGTTGACCGAGATCAA  
CGGCGATGTAAACTGGCGCACTATCCTGAGTCAATCGCGCGTACTGTCACGGCAAATGATAT  
TGCAAACGATCTACCACCTTTTGTGATGGGTGACGCTGTGTAGGTACCACGCGTCAGCGGAA  
CGGTCCGAAGTGATAATTCGTTGCATCTCATTGATCGTCTGGATGTACGGGGAATCATGGAGT  
TAATGTCGTCCGAAAGACCGAGACGCTGACGCTGGATCGCAAATGGGCAGCTGATCGCGGA  
GACGTCGGACAGTGAAAATCGCTCTCGGTATACGATGGGGATCGAGAATATCGTGGTGCTAG  
TCGCGCAAACAGGCGTGCGGTTTCGCCATGACTGCTGTCGCCGATATCATGTCGCACTGTCGTC  
GCATCGATCACCGTGACGTCATTCAGATCTCGACAACGACATCGACTGTGTGCAACGCGCGG  
TGAGACAATATGACTCGGTACGATCTTGCGAGAGTGCGTAGTAGT

>1\_2.1-B8

TTAGGGTCGGAAGCACCTACTTTCAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAA  
CATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACAACTCTACTAAAGGATTACCCTGTTATCCCCG  
GCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGATTTAGTTATTCAGAA  
AGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTT  
TCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAA  
TTTCAATAAAAAATTTAGAGACCGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATC  
AAAAGGCAAGGAATTCGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATAT  
TTCGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCTAGTGTTGTTTTAAAA

>1\_3.1-AB9

ACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCA  
ATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCC  
TATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTG

CTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCAC  
GGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAA  
ATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATCAAAGGCAAGGA  
ATTTTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCA  
GGTAT

>1\_4.1-AB10

CCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAA  
TCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCT  
ATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGC  
TTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACG  
GGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAA  
TTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATCAAAGGCAAGGAA  
TTTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCA  
GTAT

>1\_5.1-AB11

ACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCA  
ATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCC  
TATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTG  
CTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCAC  
GGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAA  
ATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATCAAAGGCAAGGA  
ATTTTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCA  
GGTAT

>1\_6.1-AB12

AACAGACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGG  
TGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACT  
TCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAG  
ACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGT  
TGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATA  
AAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATCAAAGGCA  
AGGAATTTTCGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTG  
GGCAGGTATTGC

>1\_9.2-CD1

GACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCC  
AATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTC

CTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTT  
GCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCA  
CGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAA  
AATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGG  
AATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGC  
AGGTATTGC

>1\_8.2-CD2

AACAGACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGG  
TGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACT  
TCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAG  
ACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGT  
TGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATA  
AAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCA  
AGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTG  
GGCAGGTATTGCT

>1\_6.2-CD3

ACAGACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGT  
GCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTT  
CTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGA  
CTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTT  
GCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATA  
AAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCA  
AGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTG  
GGCAGGTATTGCTAA

>1\_3.2-CD4

ACAGACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGT  
GCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTT  
CTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGA  
CTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTT  
GCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATA  
AAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCA  
AGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTG  
GGCAGGTATTGCTAA

>1\_1.2-CD5

GACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCC

AATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTC  
CTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACT  
TGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGC  
ACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAA  
AAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATCAAAGGCAAG  
GAATTCGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGG  
CAGGTATTGC

>2\_9.2-AB-1

GCGAAATATTACTGTAAACGGCCGCCCTAGCGTGAGGGTGCTAAGGTAGCGAAATTCCTT  
GCCTTTTGATTGTGGGCCTGCATGAATGGTTTAAACGAGGGTTGACTGTCTCTAAATTTTTTAT  
TGAAATTGTACTGAAGGTGAAGATACCTTCATTTAAAAGTTAGACATAAAAGACCCCGTGCA  
ACTTTGAAAATTAACCTTTATTCAGGAGTAAAAGATTTTTAGGTGGGGCGCCTAGAAAGCAAG  
TCTAACCTTTCTGAATAACTAACTCTTTCCGGATTTGACCCGATTATATTCGATCATAGGAGA  
AGTTACGCCGGGGATAACAGGCTAATCCTTTAGTAGAGTTCGTATTGGCTAAAGGGATTGGC  
ACCTCGATGTTGAATCAGGGATAATAGCTTCAAGGCGTAGAGGCTTTGAAAGTAGGTCTGTT  
CGACCTTTAATACCCTACGTGATCT

>2\_7.2-AB-2

ACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCC  
CTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATG  
ATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTT  
CTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCAGCGGG  
GTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAATTT  
AGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCACAATCAAAGGCAAGGAATTT  
CGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCAC

>2\_7.2-AB2-for

GGAAAATAGGGGTCGGACGGACCTACTTTCAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCT  
GATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTT  
ATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAAGAGTTAGTT  
ATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAA  
GTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTC  
AGTACAATTTCAATAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCC  
ACAATCAAAGGCAAGGAATTTTCGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACA  
GTAATATTTTCGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCTAGTGATGTTTTTGATAA  
ACAGGCGATATGTCGTACGAAACCCGTTGGACACAATGAAAGTAAGAACGGTCTTCACCGTC  
CGTTTAGGTGGGATCCCGTAGCCGGAGACGGTGATGGGCGCACCACCGGCCCGTCCCGCTGT  
TACATCACGGGCGGAGCAAGAGTGTACGCTTGGAGCCAAGGG

>2\_5.2-AB3

CCTCTAACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCA  
ATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATAT  
AATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCC  
CCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGT  
CTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCGAGTACAATTTCAATAAAAAAATTTAGAGACAG  
TCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTGCTACCT  
TAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGGTAATATTTTCGCACTGGGCAGGTATTGCTA  
AAAGTCTTTATCTTCTAGTGATGTTTG

>2\_4.2-0AB-4

GAACAGACCTACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAG  
GTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAA  
TTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTA  
GACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAG  
TTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAAT  
AAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGC  
AAGGAATTTGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACT  
GGGCAGG

>2\_4.1-AB-5

TGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCTCAATACGAACTCT  
ACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAA  
ATCCGGAAAGAGTTAGTTATCCTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAA  
AATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTA  
AATGAAGGTATCTTCACCTTTTCAGTACAATTTCAATAAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCT  
CGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTGCTACCTATAGCACCC  
TCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCAGG

>2\_2.2-AB6

TACTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATC  
CCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTAT  
GATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTT  
TCTAGGCGCCCCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGG  
GTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAAATTT  
AGAGACAGTCAAACCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTT  
CGCTACCTTAGCACCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCAGGTA  
TTGC

>2\_1.1-AB7

CTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAAT  
ACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAA  
TCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCC  
ACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCT  
AACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAAATTTAGAGACAGTCA  
AACCCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTGCTACCTTAG  
CACCCCTACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAG  
TCTTTATCTTCTAGTGATGTT

>2\_2.1-AB8

CCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAA  
TACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATA  
ATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCC  
CACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCT  
AACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAAATTTAGAGACAGTCA  
AACCCCTCGTTAAACCATTTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTGCTACCTTAG  
CACCCCTACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAG  
TCTTTATCTTCTAGTGATGTTT

>AB9-A01-3

TGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTA  
CTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAA  
TCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCACCTAAAAAT  
CTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAAT  
GAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCCTCGTTA  
AACCATTCATGCAGGCCCCACAATCAAAGGCAAGGAATTTGCTACCTTAGCACCCCTCACGC  
TAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCT  
AGTGATGTTTAAAAACAAGGGGGGAACGCGAGAAATAGTAGAGGAGAAATACAAAAAAA  
ACAAAGAAACATAAAAGAGGGATGATTTAAATGAAATATTATAATAGAGAAGTAATTAGAA  
ATGGAGAAGTTATCAGACGAAGTAGATTGAAAAAGGAAGGGAATGCAACGTAGTAAGAAGA  
TAAGAAAGGTAAAAGTAAAGTTAGAAAGGGAAGGAAGAGTAGGATAAATAGGCAAGATAA  
TATGTATATAAGAGAAGTTAGAAGATGGCAGAGAGAGATGGTAGGAAAAGTGAGATGATAA  
GAGGAGAGAGACATGGAGAGAGATTAGTGAATATCAAATAATGAAAAGACATAAGAGGA  
GAGTATACGTATAAGAAAATAATGTAGAATGTTAAATAATGCGTTGAGTGTACGAGCGAACG  
ACTGAAGAGTAGATAAATATAAAGAATAATAAGATAAGAACGCGGTGAAGCAAGAGGATAG  
ACAAGATGCAATGCACACTACATGAGTTAGAAGGATGCTAAACTGATAAGAGAGAAAATAA  
TATAAATAAAATTTATAAGATAGTACACACTAAGTGAATAATAAGAAAAGTAGAACCGAG

GAAAGCGTATAAATAAACAAGATAAAGATAGAGATAAAAGATAAGTTGGTAAGGAATTCCT  
AGTTATAAGGGATAAATTGATGGCAATGAATAAGGAGATGACCACTACAGCGTGATCTAAAT  
GTAAGATATCTGATAGTAGGGTAGGCAAATAACGCGTATGATTACAACCAATACTAACATC  
TGCAGCGAATATCAATGGAATATGGAAGATAAAATGTAGAAGAAGAAAGAAGGAAACATCG  
ATGAAGCAGAAGGATAGTGATGTGGTTGATAGTGGGGGGCGCAATGTGAGAAAGATAGTAA  
TAATGTAAGATAGGCATGATAAAGAGTAAAAATAAAAAAAGAAGGACAATATATAAACAT  
TATATGAATATGGGATAGATCAAATGAACAGTCGCCGGCCGAAAGAGTGTATCTAGTAAATG  
AAATAAAAAAAGAGGAGAGATGGAAGATATGCGATTAGTTTGCAATGGAAAAAGAGATAC  
AGGATCACACACAAAACGTTATCGTGAAGTAAATGATGTATGGTTAGAAGTAGAATAGCTA  
ATAAGGCGCACACGTTGAACGATAAGAGGGCGGGGAGATGATTATAACATTATTGCATCTTCT  
TATTGGAAATAAGTTGAGGAAGATCCTACGATGAGGATGACTCACGAAGGAATGATAATGA  
AATTTGATTTTTAATCTTGATATAGAATATGAAGTGAGTGTAACCTTAAGATGCGTGTACTATA  
AAGAAAAGGAAAGCGTGGCGGAAAGGAAGAAGTAGTATTTTATTGGCTGTGTTCTCGCATGC  
ATACGGGCCACCGTGCGGCGGAGAAAAAGGCAAGAAAGAGAAGGAGACATGAA

>2\_4.1-AB10

CCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAA  
TACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATATA  
ATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCC  
CACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCT  
AACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAATTTAGAGACAGTCA  
AACCCCTCGTTAAACCATTCATGCAGGCCCCACAATCAAAAAGGCAAGGAATTCGCTACCTTAG  
CACCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGCACTGGGCAGGTATTGCTAAAAG  
TCTTTATCTTCTAGTGATGTTTT

>2\_8.2-CD2

GCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAACATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCA  
ATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGGCGTAACTTCTCCTATGATCGAATAT  
AATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAAAGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCC  
CCACCTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTTTCAAAGTTGCACGGGGATCTTTTTG  
TCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCAGTACAATTTCAATAAAAAATATTAGAGACA  
GTCAAACCCTCGTTAACACCATGTCATGGCCAGGCCACAATCAAAAAGGCAAGGAATCTTC  
GCTACCTTAGCATCCCTCACGCTAGGGCGGCCGTTTAAACAGTAATATCTTCGCACTGGGGCAG  
GTATTGCTTAAA

>2\_6.2-C3

GGGAGGAGGGAAGGTACTTAGGAAGGGCGCTACACCATGATGCTGTAATCCCTGATTCA  
ACATCGAGGTGCCAAACCCATTTACAATATGAAATTAAGAGATTATCCTGATTTCCCCGG  
CGGACTTCTCCTATTATCGAAGATAATCGGGGCAAATCCGAAGAGAGTTAGTTATTCGTAAA

AGTTAGACTTGATTTCTAGGCGCCCCACCTGGAATCTTTTACTCCTGAGAAGGTTAATTTTCA  
AAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCATTACAATTC  
AATAAAAAATTTAGAGACAGTCAAACCTCGTTAAACCATTAATGCGGGCCCAATCAAAA  
GGCAAGGAATTTCTCTACCTTAGCACCTCACGCTGGGGAGGCCGTTTACAGTAATATTTTCGC  
ACTGGGCAGGTATTGCTAAAAGTCTTTATCTTCTGTGATGTTTGAGAGATGGGAGGGGGGGG  
GGGCTTCTAGTTCATAACATAACCCCGAGGAGACTATGGGATTGAA

>2\_6.2-D3

AAAGTAGCATCCTGCCAGTGCCTAATATTACTGTACGCTGACCGCCCTATCGTGAGGCT  
GCTCAGGTAGCCAAATTCCTTGCCTTTTGATTGTGGGCCTGCTTGAATGCTTTAACGATGGTT  
TGACTGTCTCTAACTTTTTTAATGAAGTTGTACTGAACGTGAAGATACCTTCCTTTATAATCTA  
CACTGAAAGACCCCATGCGACTTTGCAAATTGACATTATTCAGGAATAAAGCATTTTTCCGTC  
ATCCTCCTTCCTTTTAGATCGAACCTTTTGTAATACCTAACTCTTTTCGGACTACACATAATTA  
CAATCCACCATAGGAGAATTTACGCCGGGCATGACACGCTGATCCTTTATTTAGTCCTTATTG  
CTTAAGAGGATTGGACCTTTTATGTTGAATCACGTATGTAGCTTCTTGGCCTAGACGCTTTGT  
AAGTGATACTGTTCAACCTGTAAGAGCCTACGTCATCTGAGTTCAGACAGGCTAACAACACT  
CTGCGCATTCCATTTTCTCTCCCTTCATTTTTGCAGCTGTCCCTATCCCCAACAACACTATTGTT  
ACTCACACGGGATCCGGCCCCCTGTCGGATTAAACTCTGATGCCGATAAAATTTCTTCCA  
TCCCTACTTCTATATAAAGACCTCCTCGGATTCGGCTGATACTGCTAGCCCTTACATCAGAGC  
GTTATTCTCCCCACCTCCTGGGAGAGCCCGACAACCTTTACGCCCGTAACCCGAGGATCACCC  
GCCACATATTAAGCCTGAGTGGTACTTCCTATTTGCTTAGGTATTTACGATCTATCCTAACAA  
GCTAGGAGGCGTCTG

>2\_3.2-C4

GGAATAGGTGAAGACCTACTTTCAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATTATCCCTGATTCAAC  
ATCGAGGTGCCAATCCCTTTAGCCAATACGAACTCTACTAAAGGATTAGCCTGTTATCCCCGG  
CGTAACTTCTCCTATGATCGAATATAATCGGGTCAAATCCGGAAAGAGTTAGTTATTCAGAA  
AGGTTAGACTTGCTTTCTAGGCGCCCCAACTAAAAATCTTTTACTCCTGAATAAAGTTAATTT  
TCAAAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCTAACTTTTAAATGAAGGTATCTTCACCTTCGAACAA  
TTTCAATGAATTATTGCGAGACCGTCTCAACCGGCGTTGAACTTTTCTGGCGTAGCCCCACA  
CCCAAGGCGACCGTTTACAGTTATATTTTCGCACTGGGAAGGTTTGGTAACACTCTTTCTCTTA  
ATATGATGCCTGATGGAGCAGGGATGGGCTCGGGGTCCTTTTATCTTTCAAGATGACGTTTTT  
TGGAACAACAGGCCGGTGCATTGTTCTTCCC

>2\_3.2-D4

CTTTCAAAGCCTCTACGCCTTGAAGCTATCATCCCTGATTCAACATCCGGGTGCCCATCCC  
TTTAAACCATAACAACTACGAAACGATGAGCCTGTTCTCGCACTCGGAACTTCTCCTATAACT  
AACCGAACTATTCTAATCCATAAATTAGTTATTTATTCTTTCAAGTGCACCTTGCTTTCTTGCCC  
CCCCCCTCGAGACTTTTACTCCTGAGAAAGTTAAGTTTCTAGTTGCACGGGGTCTTTTTGTCT

AACTTTTTGATGATAGTTTCTTCTCGTTCGAGGCAATTTCAATGGATCCTTCCTATACAAACA  
AACCCCTCGTTAAACCATTTCATGCTCGCCTGCATCAAAGGCACGGATTTCTCTACCTTGTCAC  
CCTCACGCTACGGAGGCCTTTTACAGGTGTATTTTCGCATTGCAAATCTTTTGCTAACAGTCTTT  
ATCTTCTGTGATGCCTATTGTCCAATGGATCTGAGGGGGCTTCTCAGTAGACAACGCAACACT  
AACAAAGATTCTTCGCATTCCATTTTCTACTCCCATTTCATCATTGCAGCTGCAACTATCCTCCAC  
CTACTATTCTTACACGAAACGGGATCAAACAACCCAGCCGGACTAAACTCTGATGCCGATAA  
AATTTCCCTTCATCCATACTTCTCATATAAAGACCTCCTCGGATTCGTGCTGATACTGTTAGCC  
CTTACATCATTAGCGTTATTCTCCCCAACCTCCTGGGAGACCCCGACAACCTTTACGCCCGCC  
AACCCGATGGTCACCCCGCCACATATTAAGCCCTGAGTGGTACTTCCTATTTGCTTACGCTAT  
TTTACGATCTATCCCTAACAAGCTTAGGAGGCGTTCTCGCATTAGTTATTCTCCATTCTAGTAT  
TAATAGTAGGTCCCATCTGACACAGCTCAAACAACGAGGGACTCACATCCTGTCGTCTAACA  
CGATTGTCTATTTGGAGCCTAGTACCAGATATATA

>2\_0.2-C5

ACAACATATCTGCAGCTGCTACATATTAAGTAAAAGGCCCGCCTACCGTGAGGGCTGCC  
CTGTCCCTTTATTCCTTGACTTTTGATTGTGGGACTGCCTGATGTCTTTGCATGGTTTGACTGTC  
TCTGATTTTTTATTGATATTGCACTGAAGGTCAAGATACCTTCATTTGATAATTTTCAAACAG  
ACCGCCCCACCTTTTGAAAATTTCTTTAGTCGAGAGTTAATTATTTAATGTGGGGGGGCTAT  
TTTGCCTATCTTTAAATTCAGAGTAATTTACTCTTTCCCGATTTTCCCGAAAATATTCGATAA  
TCGCAAGCTTTCGTAAACCATAACTGGGTGCCCTTTAAAAAAGGTAGTGATGTTTAATAGTA  
TAGCCCCCTCGATCTTGAATGGCGGTTAACAGTTTAATTTGACTGGGGCTTTTTTGGCAAAA  
ATGTTCTACCTTTAATGACCTTTGTGATTGCGAGCGGGAGCGCTGCACCACTAAACTGCACCG  
ACGCGATCTGAGGTGACCCTACGCGAACGACGCCCGTCCGTGCCGTGTCCCCAGCTACGCGT  
CGACGCGACCGTAGTGACCGA

>2\_0.2-D5

GCATACCTGCCAGTGCGAATATTACTGTAAACGGCCGCCCTAGCGTGAGGGTGCTAAGG  
TAGCGAAATTCCTTGCCTTTTGATTGTGGGCCTGCATGAATGGTTTAAACGAGGGTTTGACTGT  
CTCTAAATTTTTTATTGAAATTGTACTGAAGGTGAAGATACCTTCATTTAAAAGTTAGACAAA  
AAGACCCCGTGCAACTTTGAAAATTAACCTTATTTCAGGAGTAAAAGATTTTTAGGTGGGGCG  
CCTAGAAAGCAAGTCTAACCTTTCTGAATAACTAACTCTTTCCGGATTTGACCCGATTATATT  
CGATCATAGGAGAAGTTACGCCGGGGATAACAGGCTAATCCTTTAGTAGAGTTCGTATTGGC  
TAAAGGGATTGGCACCTCGATGTTGAATCAGGGATAATAGCTTCAAGGCGTAGAGGCTTTGA  
GAGTAGGTCTGTTTCGACCTTTAATACCCTACGTGATCTGAGTTCAGACCGGAATCGAGACG  
ACTGACAGCGCTGCGCGGTCGGCGCCACGTTCGTGGGTTCATGGGCCGCTGGCGACGCGTCGGC  
CGACCGTGGAGACGGACCACGCGCCGTTGAGGCCATGCGACGAGCTGCGCGGCTCGTTCCGT  
TCATCTCAGTGCGTATCTAGGGGGCGCACGCGCGGTGCGACTTTCGTCGCGGGCGCGGGATT  
GGTGGTGGGGGGTCGAGACATGAGAAAGAGAGGGTAGGATTCGGGGCGGGGGTGTGTGTG

GGTGGCCGGGTGAGTGGGGGGTGGGATGTGCTAGAGGGGTGGTTGGGTTGAGTGGATCTGG  
GAAAGAACGGTGTACGCAGGTAGTGCCTCGTAGTGCTGGCTTGGGCATGAGAGGGTGGGGA  
AACGGTTTGAAGCATCGGGAGGGTGTGTGGGCCATTGGGCGTTGGTGGGTCCGGCACGGGTGA  
ACGGGTGGGCGTTGGGCGGTGGAGTGGTGGGAGCCAGAGTGCGTGGGCAGGGGTGGTAGGT  
TGGGGGGAGGGTCCGGTATGCGTGGCCAGTGGTGGAGGAAAACGGGGCGAGGAGGATTGTG  
GAGGGTGC GGAGGGGGTGGAAAGGTGTCGCGAGTGGCATGTGTTGGTAGGTTGGGGGGGTG  
GGAGGAGTGAGCGGTGGGGGCTGTAGCGAATAGTAGTGGGGGGGGTCCGGGTGGATTGGTT  
CGGGGAGCGGTTTGAGCGGATGAGGAGGTATGAAAGGGAGGGAATGAGGCCAGGATGAGG  
GATGGGGGGTGGGGGGGGTGGGGTGTGGG