

(a)

A173-22	-----ACTGTCATTGATGGCATTAAATTATTTTTGTCCCTTAGTGTTACA	45
A1201-57	-----ACTGTCATTGATGGCATTAAATTATTTTTGTCCCTTAGTGTTACA	45
SC5314	ATGGCTATTGTTGAACTGTCATTGATGGCATTAAATTATTTTTGTCCCTTAGTGTTACA	60
*****		
A173-22	CAACAGATCAGTATATTATTAGGGGTTCCATTTGTTTACAACCTTAGTATGGCAATATTTA	105
A1201-57	CAACAGATCAGTATATTATTAGGGGTTCCATTTGTTTACAACCTTAGTATGGCAATATTTA	105
SC5314	CAACAGATCAGTATATTATTAGGGGTTCCATTTGTTTACAACCTTAGTATGGCAATATTTA	120
*****		
A173-22	TATTCATTAAGAAAAGATAGAGCTCCATTAGTGTTTTATTGGATTCCTTGGTTTGGTTCT	165
A1201-57	TATTCATTAAGAAAAGATAGAGCTCCATTAGTGTTTTATTGGATTCCTTGGTTTGGTTCT	165
SC5314	TATTCATTAAGAAAAGATAGAGCTCCATTAGTGTTTTATTGGATTCCTTGGTTTGGTTCT	180
*****		
A173-22	GCAGCTTCATATGGTCAACAACCTTATGAATTTTTCGAATCATGTCGTCAAAAGTATGGT	225
A1201-57	GCAGCTTCATATGGTCAACAACCTTATGAATTTTTCGAATCATGTCGTCAAAAGTATGGT	225
SC5314	GCAGCTTCATATGGTCAACAACCTTATGAATTTTTCGAATCATGTCGTCAAAAGTATGGT	240
*****		
A173-22	GATGTATTTTCATTATGTTATTAGGGAAAATTATGACGGTTTATTTAGGTCCAAAAGGT	285
A1201-57	GATGTATTTTCATTATGTTATTAGGGAAAATTATGACGGTTTATTTAGGTCCAAAAGGT	285
SC5314	GATGTATTTTCATTATGTTATTAGGGAAAATTATGACGGTTTATTTAGGTCCAAAAGGT	300
*****		
A173-22	CATGAATTTGTTTTAATGCTAAATTATCTGATGTTTCTGTTGAAGATGCTTATAAACAT	345
A1201-57	CATGAATTTGTTTTAATGCTAAATTATCTGATGTTTCTGTTGAAGATGCTTATAAACAT	345
SC5314	CATGAATTTGTTTTAATGCTAAATTATCTGATGTTTCTGCTGAAGATGCTTATAAACAT	360
***** *****		
341		
A173-22	TTAACTACTCCAGTTTTCGGTAAAGGGGTATTTATGATTGTCAAATTCAGATTAATG	405
A1201-57	TTAACTACTCCAGTTTTCGGTAAAGGGGTATTTATGATTGTCAAATTCAGATTAATG	405
SC5314	TTAACTACTCCAGTTTTCGGTAAAGGGGTATTTATGATTGTCAAATTCAGATTAATG	420
*****		
A173-22	GAACAAAAAACTTGCTAAATTTGCTTTGACTACTGATTCATTTAAAAGATATGTTCCCT	465
A1201-57	GAACAAAAAACTTGCTAAATTTGCTTTGACTACTGATTCATTTAAAAGATATGTTCCCT	465
SC5314	GAACAAAAAACTTGCTAAATTTGCTTTGACTACTGATTCATTTAAAAGATATGTTCCCT	480
***** * *****		
433, 435		
A173-22	AAGATTAGAGAAGAAATTTTGAATTATTTTGTACTGATGAAAGTTTCAAATTGAAAGAA	525
A1201-57	AAGATTAGAGAAGAAATTTTGAATTATTTTGTACTGATGAAAGTTTCAAATTGAAAGAA	525
SC5314	AAGATTAGAGAAGAAATTTTGAATTATTTTGTACTGATGAAAGTTTCAAATTGAAAGAA	540
*****		
A173-22	AAAACATCATGGGGTTGCCAATGTTATGAAAACCAACCAGAAATTACTATTTTCACTGCT	585
A1201-57	AAAACATCATGGGGTTGCCAATGTTATGAAAACCAACCAGAAATTACTATTTTCACTGCT	585
SC5314	AAAACATCATGGGGTTGCCAATGTTATGAAAACCAACCAGAAATTACTATTTTCACTGCT	600
*****		
A173-22	TCAAGATCTTTATTTGGTGATGAAATGAGAAGAATTTTGACCGTTCAATTTGCTCAACTA	645
A1201-57	TCAAGATCTTTATTTGGTGATGAAATGAGAAGAATTTTGACCGTTCAATTTGCTCAACTA	645
SC5314	TCAAGATCTTTATTTGGTGATGAAATGAGAAGAATTTTGACCGTTCAATTTGCTCAACTA	660
*****		
A173-22	TATTCTGATTTAGATAAAGGTTTTACCCCTATTAATTTGTTTTCCCTAATTTACCTTTA	705
A1201-57	TATTCTGATTTAGATAAAGGTTTTACCCCTATTAATTTGTTTTCCCTAATTTACCTTTA	705
SC5314	TATTCTGATTTAGATAAAGGTTTTACCCCTATTAATTTGTTTTCCCTAATTTACCTTTA	720
*****		
A173-22	CCTCATTATTGGAGACGTGATGCTGCTCAAAGAAAATCTCTGCTACTTATATGAAAGAA	765
A1201-57	CCTCATTATTGGAGACGTGATGCTGCTCAAAGAAAATCTCTGCTACTTATATGAAAGAA	765
SC5314	CCTCATTATTGGAGACGTGATGCTGCTCAAAGAAAATCTCTGCTACTTATATGAAAGAA	780
*****		
A173-22	ATTAACTGAGAAGAGAACGTGGTGATATTGATCCAAATCGTGATTAATTGATTCCTTA	825
A1201-57	ATTAACTGAGAAGAGAACGTGGTGATATTGATCCAAATCGTGATTAATTGATTCCTTA	825
SC5314	ATTAACTGAGAAGAGAACGTGGTGATATTGATCCAAATCGTGATTAATTGATTCCTTA	840
*****		

A173-22	TTGATTCATTCAACTTATAAAGATGGTGTGAAAATGACTGATCAAGAAATTGCTAATCTT	885
A1201-57	TTGATTCATTCAACTTATAAAGATGGTGTGAAAATGACTGATCAAGAAATTGCTAATCTT	885
SC5314	TTGATTCATTCAACTTATAAAGATGGTGTGAAAATGACTGATCAAGAAATTGCTAATCTT	900
*****		
A173-22	TTAATTGGTATTCTTATGGGTGGTCAACATACTTCTGCTTCTACTTCTGCTTGGTTCCTG	945
A1201-57	TTAATTGGTATTCTTATGGGTGGTCAACATACTTCTGCTTCTACTTCTGCTTGGTTCCTG	945
SC5314	TTAATTGGTATTCTTATGGGTGGTCAACATACTTCTGCTTCTACTTCTGCTTGGTTCCTG	960
*****		
A173-22	TTACATTTAGGTGAAAAACCTCATTACAAGATGTTATTTATCAAGAAGTTGTTGAATTA	1005
A1201-57	TTACATTTAGGTGAAAAACCTCATTACAAGATGTTATTTATCAAGAAGTTGTTGAATTA	1005
SC5314	TTACATTTAGGTGAAAAACCTCATTACAAGATGTTATTTATCAAGAAGTTGTTGAATTA	1020
*****		
A173-22	TTGAAAGAAAAAGGTGGTGATTGAATGATTTGACTTATGAAGATTACAAAAATTACCA	1065
A1201-57	TTGAAAGAAAAAGGTGGTGATTGAATGATTTGACTTATGAAGATTACAAAAATTACCA	1065
SC5314	TTGAAAGAAAAAGGTGGTGATTGAATGATTTGACTTATGAAGATTACAAAAATTACCA	1080
*****		
A173-22	TCAGTCAATAACACTATTAAGGAACTCTCAGAATGCATATGCCATTACATTCTATTTTT	1125
A1201-57	TCAGTCAATAACACTATTAAGGAACTCTCAGAATGCATATGCCATTACATTCTATTTTT	1125
SC5314	TCAGTCAATAACACTATTAAGGAACTCTCAGAATGCATATGCCATTACATTCTATTTTT	1140
*****		
A173-22	AGAAAAGTTACTAACCATTAAAGAATCCCTGAAACCAATTATATTGTTCCAAAAGGTCAT	1185
A1201-57	AGAAAAGTTACTAACCATTAAAGAATCCCTGAAACCAATTATATTGTTCCAAAAGGTCAT	1185
SC5314	AGAAAAGTTACTAACCATTAAAGAATCCCTGAAACCAATTATATTGTTCCAAAAGGTCAT	1200
*****		
A173-22	TATGTTTTAGTTTCTCCAGGTTATGCTCATACTAGTGAAAGATATTTTGATAACCGTGAA	1245
A1201-57	TATGTTTTAGTTTCTCCAGGTTATGCTCATACTAGTGAAAGATATTTTGATAACCGTGAA	1245
SC5314	TATGTTTTAGTTTCTCCAGGTTATGCTCATACTAGTGAAAGATATTTTGATAACCGTGAA	1260
*****		
A173-22	GATTTTGATCCAAC TAGATGGGATACTGCTGCTGCCAAAGCTAATTCTGTTTCATTTAAC	1305
A1201-57	GATTTTGATCCAAC TAGATGGGATACTGCTGCTGCCAAAGCTAATTCTGTTTCATTTAAC	1305
SC5314	GATTTTGATCCAAC TAGATGGGATACTGCTGCTGCCAAAGCTAATTCTGTTTCATTTAAC	1320
*****		
A173-22	TCTTCTGATGAAGTTGATTATGGGTTTGGGAAAGTTTCTAAAGGGGTTTCTTCACCTTAT	1365
A1201-57	TCTTCTGATGAAGTTGATTATGGGTTTGGGAAAGTTTCTAAAGGGGTTTCTTCACCTTAT	1365
SC5314	TCTTCTGATGAAGTTGATTATGGGTTTGGGAAAGTTTCTAAAGGGGTTTCTTCACCTTAT	1380
*****		
A173-22	TTACCATTTGGTGGTGGTAGACATAGATGTATTGGGGAACAATTTGCTTATGTTCAATTA	1425
A1201-57	TTACCATTTGGTGGTGGTAGACATAGATGTATTGGGGAACAATTTGCTTATGTTCAATTA	1425
SC5314	TTACCATTTGGTGGTGGTAGACATAGATGTATTGGGGAACAATTTGCTTATGTTCAATTA	1440
*****		
A173-22	GGAACCATTTTAACTACTTTTGTGTTTATAATTTAAGATGGACTATTGATGGTTATAAAGTG	1485
A1201-57	GGAACCATTTTAACTACTTTTGTGTTTATAATTTAAGATGGACTATTGATGGTTATAAAGTG	1485
SC5314	GGAACCATTTTAACTACTTTTGTGTTTATAATTTAAGATGGACTATTGATGGTTATAAAGTG	1500
*****		
A173-22	CCTGACCCTGATTATAGTTCAATGGTGGTTTTACCTACTGAACCAGCAGAAATCATTTGG	1545
A1201-57	CCTGACCCTGATTATAGTTCAATGGTGGTTTTACCTACTGAACCAGCAGAAATCATTTGG	1545
SC5314	CCTGACCCTGATTATAGTTCAATGGTGGTTTTACCTACTGAACCAGCAGAAATCATTTGG	1560
*****		
A173-22	GAAAAAGAGAAACT-----	1560
A1201-57	GAAAAAGAGAAACT-----	1560
SC5314	GAAAAAGAGAAACTTGTATGTTTAA	1587
*****		

<b>(b)</b>		
SC5314	MAIVETVIDGINYFLSLSVTQQISILLGVPFVYNLVWQYLYSLRKDRAPLVFYWIPWFGS	60
A173-22	-----TVIDGINYFLSLSVTQQISILLGVPFVYNLVWQYLYSLRKDRAPLVFYWIPWFGS	55
A1201-57	-----TVIDGINYFLSLSVTQQISILLGVPFVYNLVWQYLYSLRKDRAPLVFYWIPWFGS	55
*****		
SC5314	AASYGQQPYEFFESCRQKYGDVFSFMLLGKIMTVYLGPKGHEFVFNAKLSDVSAEDAYKH	120
A173-22	AASYGQQPYEFFESCRQKYGDVFSFMLLGKIMTVYLGPKGHEFVFNAKLSDVSVEDAYKH	115
A1201-57	AASYGQQPYEFFESCRQKYGDVFSFMLLGKIMTVYLGPKGHEFVFNAKLSDVSVEDAYKH	115
*****		
114		
SC5314	LTPVFGKGVYIDCPNSRLMEQKKFAKFALTTDSFKRYVPKIREEILNYFVTDESFKLKE	180
A173-22	LTPVFGKGVYIDCPNSRLMEQKKLAKFALTTDSFKRYVPKIREEILNYFVTDESFKLKE	175
A1201-57	LTPVFGKGVYIDCPNSRLMEQKKLAKFALTTDSFKRYVPKIREEILNYFVTDESFKLKE	175
*****		
145		
SC5314	KTHGVANVMKTQPEITIFTASRSLFGDEMRRIFDRSFAQLYSDLDKGFTPINFVFPNLPL	240
A173-22	KTHGVANVMKTQPEITIFTASRSLFGDEMRRIFDRSFAQLYSDLDKGFTPINFVFPNLPL	235
A1201-57	KTHGVANVMKTQPEITIFTASRSLFGDEMRRIFDRSFAQLYSDLDKGFTPINFVFPNLPL	235
*****		
SC5314	PHYWRRDAAQKKISATYMKEIKLRRERGDIDPNRDLIDSLLIHSTYKDGVKMTDQEI ANL	300
A173-22	PHYWRRDAAQKKISATYMKEIKLRRERGDIDPNRDVIDSLLIHSTYKDGVKMTDQEI ANL	295
A1201-57	PHYWRRDAAQKKISATYMKEIKLRRERGDIDPNRDLIDSLLIHSTYKDGVKMTDQEI ANL	295
*****		
276		
SC5314	LIGILMGGQHTSASTSAWFLHLGKPHLQDVIYQEVVELLKEKGGDLNDLTYEDLQKLP	360
A173-22	LIGILMGGQHTSASTSAWFLHLGKPHLQDVIYQEVVELLKEKGGDLNDLTYEDLQKLP	355
A1201-57	LIGILMGGQHTSASTSAWFLHLGKPHLQDVIYQEVVELLKEKGGDLNDLTYEDLQKLP	355
*****		
SC5314	SVNNTIKETLRMHMPLHSIFRKVTNPLRIPETNYIVPKGHYVLVSPGYAHTSERYFDNPE	420
A173-22	SVNNTIKETLRMHMPLHSIFRKVTNPLRIPETNYIVPKGHYVLVSPGYAHTSERYFDNPE	415
A1201-57	SVNNTIKETLRMHMPLHSIFRKVTNPLRIPETNYIVPKGHYVLVSPGYAHTSERYFDNPE	415
*****		
SC5314	DFDPTRWDTAAAKANSVSFNSSDEVYDYGFKVSKGVSSPYLPFGGGRHRCIGEQFAYVQL	480
A173-22	DFDPTRWDTAAAKANSVSFNSSDEVYDYGFKVSKGVSSPYLPFGGGRHRCIGEQFAYVQL	475
A1201-57	DFDPTRWDTAAAKANSVSFNSSDEVYDYGFKVSKGVSSPYLPFGGGRHRCIGEQFAYVQL	475
*****		
SC5314	GTILTTFVYNLRWTIDGYKVPDPDYSSMVVLPTEPAEIIWEKRETCMF	528
A173-22	GTILTTFVYNLRWTIDGYKVPDPDYSSMVVLPTEPAEIIWEKRET---	520
A1201-57	GTILTTFVYNLRWTIDGYKVPDPDYSSMVVLPTEPAEIIWEKRET---	520
*****		

**Figure S3.** Alignment of nucleotide sequence (a) and amino acid sequence (b) of ERG11 gene/protein product of *C. albicans* isolates A173-22, A1201-57, and reference strain SC5314 (GenBank accession no. CP01762). Asterisk indicates identical nucleotide/amino acid among three strains. Nucleotide/amino acid which is different from that of the reference strain is shown in yellow with its number below the alignment.