

ANib, %

MAR-hqMAG	100	98	98	98	98	98	98	98	98	97	89	79	79	78	78	78	78	78	79	79	78	78	79	79	78	78	75	75	72	73	72	72	72	72	69	72	74	71	72	71	72	71			
AW-3_4	98	100	98	98	97	98	98	97	98	98	97	89	79	79	78	78	78	78	79	78	77	78	78	79	77	78	75	75	72	73	72	72	72	72	69	72	74	71	72	71	71	71			
AW-5	98	98	100	98	97	98	98	97	98	98	97	89	79	79	78	78	78	78	79	78	77	78	78	79	77	78	75	75	72	73	72	72	72	72	69	72	74	71	71	71	71				
AX-2	98	97	97	97	100	97	97	97	97	97	97	89	79	79	78	78	78	78	80	78	78	78	79	77	78	75	75	72	73	72	72	72	72	72	69	72	75	71	72	71	71				
AU-1_5	98	98	98	98	98	100	98	97	98	98	97	89	78	79	78	78	78	78	79	78	77	78	78	79	77	78	75	75	72	72	72	72	72	72	69	72	75	71	72	71	71				
LOE-1_4_5	98	98	98	98	97	98	100	98	97	98	98	97	89	78	79	78	78	78	78	79	78	77	78	78	79	77	78	75	75	72	72	72	72	72	69	72	75	71	72	71	71				
AW-2	98	98	98	98	97	98	100	97	98	98	97	89	79	79	78	78	78	78	79	78	77	78	78	79	77	77	75	75	72	73	72	72	72	72	69	72	74	71	72	71	71				
AUS-3	98	97	97	97	97	97	97	100	97	97	98	89	79	79	78	78	78	78	79	79	77	78	79	79	77	78	75	75	72	72	72	72	72	72	69	72	75	71	72	71	71				
AX-1_4	98	98	98	98	97	98	98	97	100	100	97	89	79	79	78	78	78	80	78	79	79	77	78	78	80	77	78	75	75	72	73	72	72	72	69	71	73	71	72	71	71				
AW-1	98	98	98	98	97	98	98	97	100	100	97	89	79	79	78	78	78	78	79	78	77	78	78	80	77	77	75	75	72	73	72	72	72	72	69	72	73	71	72	71	71				
AS-4_5	97	97	97	97	97	97	98	97	97	100	89	79	79	78	78	78	78	79	78	78	78	78	79	77	78	75	75	72	73	72	72	72	72	69	72	76	71	72	71	71					
TB	89	89	89	89	89	89	89	89	89	89	100	79	79	78	78	78	78	78	79	78	78	79	79	78	77	78	75	75	72	72	72	72	72	72	68	70	72	71	71	71	71				
SY2	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	78	78	78	79	79	79	79	79	79	79	79	79	75	75	72	73	72	72	72	72	67	69	69	71	71	70	71	70			
MAN-1_4	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	79	83	100	79	78	78	79	78	79	80	79	78	79	79	79	79	76	75	72	73	72	72	72	72	69	72	75	71	72	71	72	71			
ATG-1	78	78	78	79	78	79	78	78	78	78	78	78	78	79	78	78	79	80	80	80	81	81	79	80	80	79	79	76	76	72	73	72	72	72	73	69	73	75	72	72	72	71			
MCF	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	80	100	98	97	87	86	87	87	86	86	83	79	78	79	76	75	72	73	72	72	72	69	71	72	71	72	71	71			
MAR-mqMAG	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	80	98	100	97	86	86	87	86	86	86	83	79	78	79	76	75	72	73	72	72	72	69	70	73	71	72	71	72	70		
AX-5	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	79	80	97	97	100	86	86	87	86	86	86	84	79	79	79	76	76	72	73	72	72	72	73	69	71	74	71	72	71	72	70		
GM-3_4	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	80	86	86	86	100	85	86	85	85	85	83	79	79	79	76	76	72	73	72	72	72	72	69	71	73	72	71	72	70			
US4	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	79	80	86	86	86	85	100	100	89	86	87	84	79	79	79	76	75	72	73	72	72	72	72	69	70	71	71	72	71	72	71		
US1	79	79	78	79	78	79	78	79	78	78	79	79	79	81	86	86	87	86	100	100	88	86	88	84	80	79	80	76	75	72	73	72	72	73	69	71	74	71	72	71	72	71			
A5	78	78	78	79	78	78	78	79	78	79	79	79	79	81	86	86	86	85	88	88	100	86	87	85	81	80	80	77	75	72	73	73	72	73	73	69	71	72	71	72	71	72	71		
MAR-scMAG	78	78	78	78	77	78	77	78	78	78	78	78	78	80	87	86	87	85	86	86	86	100	86	83	79	79	79	76	75	72	73	72	72	72	72	69	71	73	71	72	71	72	70		
AR-5	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	78	79	78	80	86	85	86	85	87	88	87	87	100	83	79	79	79	77	76	72	73	72	72	72	72	71	72	74	72	73	72	72	71		
LOE-2	78	78	78	78	78	78	78	79	78	78	78	79	79	80	83	83	84	83	83	84	85	83	83	100	81	80	81	77	76	72	74	73	73	73	73	70	72	73	72	73	72	73	72		
EH-2	79	80	79	80	79	80	80	79	80	80	79	79	78	80	86	86	86	85	86	86	85	80	81	79	80	81	76	76	72	73	74	73	73	73	73	70	73	75	72	73	72	73			
AUS-4	77	77	77	77	77	77	77	77	77	77	77	77	78	79	78	79	78	80	78	79	79	78	79	79	79	79	79	76	75	72	73	72	72	73	70	75	75	72	73	73	73	72			
AUS-1_2	78	78	77	78	78	78	77	78	77	78	77	78	77	78	78	78	79	79	79	80	80	78	79	81	81	83	100	76	75	73	75	74	73	74	73	69	73	75	72	74	72	73	72		
AR-4	74	75	74	75	74	75	75	74	75	75	75	75	75	76	76	76	75	76	76	76	76	76	75	76	76	76	75	76	100	76	71	72	72	71	72	72	70	71	74	71	72	71	71		
AR-3	74	75	75	75	75	75	74	75	74	75	75	74	74	75	76	75	75	76	76	75	75	75	76	77	75	75	76	75	76	100	72	72	71	71	72	72	70	73	77	71	72	72	71		
KV	72	72	72	73	72	72	72	73	72	72	72	72	72	73	73	72	72	73	72	72	72	73	72	73	73	73	74	72	72	100	78	74	74	75	75	67	68	69	70	71	70	71	70		
BRK-cMAG	73	73	73	73	73	72	73	73	73	73	73	73	73	74	73	73	73	73	73	73	73	73	73	73	75	75	74	75	73	72	78	100	78	77	77	77	69	71	62	71	73	71	73	72	
SY1	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	73	72	72	73	72	73	74	74	72	72	75	78	100	80	80	79	68	69	69	71	73	70	73	72	
UQ	72	71	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	73	72	72	73	72	72	72	72	73	72	72	73	73	74	72	72	74	78	80	100	78	78	67	68	68	70	72	70	72	71		
GS	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	73	72	72	73	73	72	73	73	74	73	74	73	72	75	77	80	78	100	100	93	69	71	71	71	73	71	72	71	
ENR-cMAG	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	73	72	72	73	73	72	73	73	74	73	74	73	72	75	77	80	78	100	100	93	69	70	71	71	73	71	72	71	
F5	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	72	73	72	72	73	73	72	73	73	74	74	73	74	72	72	75	77	78	78	93	93	100	70	70	72	71	73	71	72	71
Desulfomonile_tiedjei	70	69	70	70	69	70	69	70	69	70	70	69	68	70	70	69	69	69	69	70	70	70	71	70	70	70	70	70	71	68	70	69	68	69	71	70	100	70	71	70	70	70	70	71	
Desulfococcus_multivorans	71	70	70	69	70	70	69	70	69	70	70	70	69	70	71	70	70	69	69	70	70	69	71	70	71	70	71	70	70	68	70	69	69	70	70	69	100	71	71	71	72	70	70	70	
Desulfovibrio_vulgaris	71	70	70	71	71	71	70	71	69	70	71	70	68	71	71	72	70	70	69	71	70	71	70	71	71	71	71	71	7																