

Phare_v1	1	TATGAATCAGAGCCTATGTATTTTGAATAATCAGCCAATATTTATAATGCTGTATGTAAGGTATATAGTATTTTTCGTTTAAATT	85
Phare_v2	1	TATGAATCAGAGCCTATGTATTTTGAATAATCAGCCAATATTTATAATGCTGTATGTAAGGTATATAGTATTTTTCATTTTAAATT	85
P.oryctolagi	1	TATGAATCGAGCCTATGTATTTTGAATAATCAACCACTATTTTATAATGCTGTATGTAAGGTATATAGTATTTTTCATTTTAAATT	85
Phare_v1	86	GATAATTTTGTATTTTAAAGGTTGAGACTTCTTTAAATCCTCAACAGCTTCTTATTGAATTACAAACAATTGAAAAGGAGCT	170
Phare_v2	86	GACAAATTTTGTATTTTAAAGGTAAGAGACTTCTTTAAATCCTCAACAGCTTCTTATTGAATTACAAACAATTGAAAAGGAGCT	170
P.oryctolagi	86	GATAATTTTATTTATTTTAAAGGTTGAGACTTCTTTAAATCCTCAACAGCTTCTTATTGAGTTGCAAAACAATTGAGGAAGGAGCT	170
Phare_v1	171	TGGACGTATTAAGACTATTGATAAAGGTCCTCGATGCATTGATTAGATATTATTTTTTTTGGTAGACAAATAATTAACTCTGAA	255
Phare_v2	171	TGGACGTATTAAGACTATTGATAAAGGTCCTCGATGCATTGATTAGATATTATTTTTTTTGGTAGACAAATAATTAACTCTGAA	255
P.oryctolagi	171	TGGACGTATTAAGACTATTGATAAAGGTCCTCGATGCATTGATTAGATATTATTTTTTTTGGTAGACAAATAATTAACTCTGAA	255
Phare_v1	256	TCATTAATTTGTTCTCATCTCAGAATACTTGAACGTCCATTGTTCTAAAACCGCTTTCTGAGTAAATGATAATATAGATAAGGT	340
Phare_v2	256	TCATTAATTTGTTCTCATCTCAGAATACTTGAACGTCCATTGTTCTAAAACCGCTTTCTGAGTAAATGATAATATAGATAAGGT	340
P.oryctolagi	256	TCACCTATTTGTTCTCATCTCAGGATACTTGAACGTCCATTGTTCTAAAACCACTTTCTGAGTAAATAGTAGTATAGATAAGAT	340
Phare_v1	341	AAATATTTTCTAATTATAAATTAGTATATCGAGTGATATTATTCATCTGTTACCGGGTTATCTATAGTTTCATATCTTAGAAA	425
Phare_v2	341	AAATGTTTTTCTAATTATAAATTAGTATATCGAGTGATATTATTCATCTGTTACCGGGTTATCTATAGTTTCATATCTTAGAAA	425
P.oryctolagi	341	AAATGTTTTTCTAATTATAAATTAGTATATCGAATGATATTATTCATCTGTTACCGGATTATCTATAGTTTCTATCTTAAGAAA	425
Phare_v1	426	AATAGATAATCTTAATATTAACCAGTTTGGCATTTTTATATAAAAAATAAAGTATAAATTTAGTTCTGGTCCCTATAAAGCA	510
Phare_v2	426	AATAGATAATCTTAATATTAACCAGTTTGGCATTTTTATATAAAAAATAAAGTATAAATTTAGTTCTGGTCCCTATAAAGCA	510
P.oryctolagi	426	AACAGATAGTCTTAATATTAACCAGTTTGGCATTTTTATATAAAGATAAAGTATAAATTTAGTTTGGATCTTATAAATCA	510
Phare_v1	511	CCACACATATTATGGCTATTTTGAATCTCACTCCTGATTCTTTTCTGATGGTGGTATTTCATTCATATGGTTCTATATTATGG	595
Phare_v2	511	CCTACACATATTATGGCTATTTTGAATCTCACTCCTGATTCTTTTCTGATGGTGGTATTTCATTCATATGGTTCTATATTATGG	595
P.oryctolagi	511	CCTACACATATTATGGCTATTTTGAATCTCACTCCTGATCTTTTCTGATGGTGGCATTTCATTCATATGATTCCTATATTGATAG	595
Phare_v1	596	ATGCTGAGAAGTTTATAAAGCTGGTGCAACAATAATTGATATTGGTGGACAGTCTACAAGGCTGGTTCTCATATTGTTTCTAC	680
Phare_v2	596	ATGCTGAGAAGTTTATAAAGCTGGTGCAACAATAATTGATATTGGTGGACAGTCTACAAGGCTGGTTCTCATATTGTTTCTAC	680
P.oryctolagi	596	ATGCAAGAGAAGTTTGTAAAGCTGGTGCAACAATAATTGATATTGGTGGACAGTCTACAAGGCTGGTTCTCATATTATTTCTAT	680
Phare_v1	681	AGATGAAGAAATATCTCGAGTTATTCTGCTATAAAACGACTTTTAGAAACATATCCTGATATTTTAGTAAGTATAGATACATTT	765
Phare_v2	681	AGATGAAGAAATATCTCGAGTTATTCTGCTATAAAACGACTTTTAGAAACATATCCTGATATTTTAGTAAGTATAGATACATTT	765
P.oryctolagi	681	AGAAGAGAAGAAATTTCTCGGGTTGTTCTGCTATAAAACGACTTTTAAACATATCCGATATTTTAGTAAGTATAGATACATTT	765
Phare_v1	766	CGTTCTGAAGTTGCAGAAGAAGCAATTAGGGCCGGTGCTAGTCTTGTGTAATGATGTAACAGGAGGGAAATATGACCCGAAAATGT	850
Phare_v2	766	CGTTCTGAAGTTGCAGAAGAAGCAATTAGGGCCGGTGCTAGTCTTGTGTAATGATGTAACAGGAGGGAAATATGACCCGAAAATGT	850
P.oryctolagi	766	CGTTCTGAAGTTGCAGAAGAAGCAATTAGAGCCGGTGCTTGTCTTGTGTAATGATGTAACGGAGGGAAATATGATCCGAAAATGT	850
Phare_v1	851	TTAAACTGTGGCTAAATTTCAAGTTCCAATATGTATAATGCATATGAGAGGCGATTTTTTAACCATGGATAATTAAACAGATTA	935
Phare_v2	851	TTAAAGACTGTGGCTAAATTTCAAGTTCCAATATGTATAATGCATATGAGAGGCGATTTTTTAACCATGGATAATTAAACAGATTA	935
P.oryctolagi	851	TTAAAACTGTGCTAAATTTCAAGTTCCGATATGTATAATGCATATGAGAGGCGATTTTTTAACCATGGATAATTAAACAGATTA	935
Phare_v1	936	TGGTGCTGATATTGTAAAGCAGATCACTATAGAGTTAGAAGAAGTTGCTTATTTGTGCCGAAAATTCGGGTATTCTCGCTGGAAT	1020
Phare_v2	936	TGGTACTGATATTGTAAAGCAGATCACTATAGAGTTAGAAGAATTGCTTATTTGTGCCGAAAATTCGGGTATTCTCGCTGGAAT	1020
P.oryctolagi	936	TGGTACTGATATTGTAAAGCAATCACTATGAGGAGTTAGAAGAATTGCTTATTTGTGCCGAAAATTCGGGTATTCTCGCTGGAAT	1020
Phare_v1	1021	ATTATTTTAGATCCCGGTTAGGATTTGCTAAAACCTTCATATCAGAATATAGAGTTATTGAGAAGGTTTAAATGAATAAAAATCTC	1105
Phare_v2	1021	ATTATTTTAGATCCCGGTTAGGATTTGCTAAAACCTTCATATCAGAATATAGAGTTATTGAGAAGGTTTAAATGAATAAAAATCTC	1105
P.oryctolagi	1021	ATTATTTTAGATCCCTGGGTTAGGATTTGCTAAAACCTTCATATCAGAATATAGAGTTATTAGAAGGTTTAAATGAATAAAAATCTC	1105
Phare_v1	1106	AGCCTTGTTTTAGAGGTTTCCCTGGTTGCTTGGTCCCTAGTCGAAAAAGATTTACAGGCTGTATTACAGGGGATATTGTTCCAAG	1190
Phare_v2	1106	AGCCTTGTTTTAGAGGTTTCCCTGGTTGCTTGGTCCCTAGTCGAAAAAGATTTACAGGCTGTATTACAGGGGATATTGTTCCAAG	1190
P.oryctolagi	1106	AGAGTTGCTTCTAGTGGTTTCCCTGGTTGCTCGGTCCAGTCGAAAAAGATTTACAGGATGTTGTTACAGGGGATATTGTTCCAAG	1190
Phare_v1	1191	AGATAGGATTTGGGGCAGGGCTGCTGCTGTTACTGCATCTATTTAGGAGGATGTGATATTACGGATTTCATGATGTTTTTGAA	1275
Phare_v2	1191	AGATAGGATTTGGGGCAGGGCTGCTGCTGTTACTGCATCTATTTAGGAGGATGTGATATTACGGATTTCATGATGTTTTTGAA	1275
P.oryctolagi	1191	AGATAGATTTTGGGGTACGGCTGCTGCTGTTACTGCATCTATTTAGGAGGATGTGATATTACGGATTTCATGATGTTTTTGAA	1275
Phare_v1	1276	ATGTGCAAGGTGTTAAAGACTTCAGATGCTAT	1307
Phare_v2	1276	ATGTGCAAGGTGTTAAAGACTTCAGATGCTAT	1307
P.oryctolagi	1276	ATGTGTAAGTTTCAAGGATTTTCAGATGCTAT	1307

Supplemental Figure S5. Nucleotide sequences of the dihydropteroate synthase (*dhps*) gene (enclosed in square brackets) and its upstream dihydro-6-hydroxymethylpterin pyrophosphokinase (*pppk*) gene of *Pneumocystis* from hares and rabbits. Highly conserved sequences are highlighted in dark shadow. Nucleotide variations resulting in amino acid changes in the *dhps* gene are indicated by red squares. Phare_v1, *P. sp. 'townsendii'* variant 1; Phare_v2, *P. sp. 'townsendii'* variant 2. Numbers on the two ends of each sequence correspond to the nucleotide positions of the full-length sequence of the region amplified by PCR deposited in GenBank with accession no. listed in Table S6.