

Table S3. Nucleotide sequences specific to AY-SA genomes and selected for LAMP primer design based on predefined criteria.

Sequence code name	Sequence length	Average GC %	Sequence
Seq1	651	25.4	AAAGATAAATAAAAAATAGCCCCTAATCTAATAGGGGCTTTAACAAGAAAGAGATAAAAAATGAAAAAACTAAATTTAGATTAAATACTAAAGATATCTTTTAAACCTATTCCAAATGTCCTTTAGGTAAGATAAAAAATTCATAATCATAATTAAGAA TTAATGGCTTCTAAAAACAAGAAATATCATATATCATTTCTAATACCGAAAACCATCAAGACCATAAAGAAATCCATAC TCATGTTTTGTTCAATTAACAAAACGTTATCAAATTACAAATCAAAGATTCTTTGACATCGAAGGTTTTCATCCAAAAT TGAATCTGCCCGTGATATCGAAAAATCAATTACTATATCAAAAAAGATGGTGACTTCATCGAAGAAGGTACTCCAAGAC ATAAAAAATACGTTTCGTCAAAACCAAAAAGAAACGTAACCAATTAATCTATGATGAAATTGATAGATTAAAGAACA ATATTATTATGATGATAATTTAACTTTAACTCAAGTTAAAAAATCTCTTGATACTTTCATTAAAGATCTTGATCGTGATTTT TATTATGAACAAATAGATTTAATTGAAAAAATCCTAAAAAAAAGTTCATCAACAATCAGAAGATTTGCTTGAAGAACT TGAAAAACGA
Seq2	501	21.6	GTTGAAACTAATAACCAACAAGAACAAGAAATATATAATGCTATTCTTAGAAAAATAGAATCTGAAGTTGATGAATTAAC AAATATTAAGAAATAGTTTATCGTCCAGATGGTAAAACTATAAAGCATATTAATAATATTAGATTCTCAAACCTAAAAAAG AAATTAAGAATTGTTTATCATGATGATGGTAAAACTATACTTTGGATTAAGAATTTGATCCTCAAACCTAGTTTGCAAA TAAAAAATACTATTTCATAATGAACAAGGAAAAATTATACAAATTATTAACATAAATCTTTAAGAGAATATGTTGTTGAA CAATATAATCCTATAACAGGTACTAAAATTAACAATAATATTACAATCCAGATGGAACGTGTTAAAGAAGAAGAAATTTA TTAATCATGAGTAAGAAAAAGAAAAATAATATTAAGCTTTGGATTATATTTATTTAATTATCTTCTAATCTCTTATTTT CTTTAGGTTTAAAGATTAC
Seq3	383	28.2	TGAATCATTTTTTAGTTTTGATACTTTTAAAGATAACGACACTACCCAAGAAATTAATGGCTATAAAGGAAGAGATGA TTTCTGAGCATCGTCCTAAATCCATTGTAATCGAGGGTGCTAGTAAACTTGGTAAAACCGAGTTTATAATTAGTTATCTAA ATAATCAACGAGTACAATTTAATTATATCAGGGGCTCGTTAGATTTTAAACAAAAATAGCTATAATGATAGGTTTTAAATC GATGTTTATGATGATATAAGTATAACTGATATTAGACGTGCTGGTTTATTAAAAAACATTATTGGAGGCCAAAGAGGATT TATAGTTGATGTTAAATATTTCTCCAAAAGAAAAATTATCTGGTAATAAATTTATCTATCTTTT
Seq4	365	27.1	AATATCAAACCTCAATATATCCATGATACTAATAAAGTTCAAAATATAATTGGATTAATTAATCTTTAAAACGTTTAAAAA CTTTAAAGCAATTAACCTCAAACCTGAAAAACAACCTGAAAAACAAGAAACAAGAAAGAGCAATATCAATTTGATTG GAATTCAAATTATGATACCGATGATAATAAATTAATTAAGATCATCGCAGTCGTAACTTAACCACAGGTGCAGTTGTTA TTAGCTGTGTAGTCTAACACCTATATTTGCATCTCTAGGTCCTATTGCTGCTCCTTTGCTTTGTTAGCTTAATTTAAATA GAAAGGAGAAATAAATGTTAAATAAAGTTCAATTAATAGGTA
Seq5	359	18.1	AAACGTTGGGTTTTATTGGGGCAATTGGACAAATAGTTTTTCAATAATTTGTAATTTTGCTTTATCTATTTTTTATATTTTA ACTTTTATTACTTTTTTAGTTTTCTTTGATTCTATTTTTCATATCGTTAAGCAAATAATAAAAAATTATTTTATTGGCCCAT TAAACTTTTTAATTTTAGGGATATATGTTTTTTTATTATTATTAATAATTTTATTTATTTCCCAAATCAGAATTAACAACCA GTTCAAACCTAATAATTTCAATCTAGATGAATTAACAATAAATAAAAAATATCAGATTTAGAATACAACTTAATTT ACAAAAAAAACAATTTAATTAAAAAAGTAG

Sequence code name	Sequence length	Average GC %	Sequence
Seq6	357	33.1	CTTTGGGGATTAGGGGTTGGTTTTTTTATACCCAAATTCGCTAGTGTTCACGTTGGGGGGGGGTTAAACTTATTTTTGAA AACCAAATGTGTGTATTTTTTTTTTATTTTATTAGTTATTTTCTAACTTTACACGCGCATGGGCGATAACATTGCCCATGCG CTTCTTGATAATACCTAAGTTTTTATGTTACACAGATTTACACACATTGCAATGTGTGTATCTTTTTTATAATTTGTGTAT CTTTTTTATAATGTGTGTATCTTTTTTATAATGTGTGTATCTTTTTATAAATTAATTAACGAACCAACCGCTTTGCCG TGAGTATCGGTAAAGGAGTAGGTTGGAG
Seq7	340	23.5	TAAATGGATTAAATAATAAAGAGAGAGAGTATTTTAACTCTCACCTTTATAAAAAAGAGGTTATATGTGTATAAAT TAAATCAAAATCAATTAAGCAATTTATTATAATAAAGGTTCTTAAATGTTCTGCTGGTCCAGGAACGGTAAGACA ACAGTTTTAATTGAGCGTGTAAATATTTAGTTAATCAATTAATTTTACCAAAAAGATATTTAATTTTATCTTTTACCA AAAGTTCGGTTC AAGAGATTGAAAAACGTC TTTTAAATAGAAGATATTAAGGTTATGACTTTTCATGGTTAAGTAATAGC ATTTTAAAGAAAAATATT
Seq8	245	32.2	AAGATATTAGTTTTTCAGATTGGTGTGAAATAGAAGAATCTTCTGGTGGTAAAGAACATAAATATATTCAAAGAATTGT ATCTTTATAAATGTAGATGATAAATTATATCATGATCCTCAGGACAAAGCTTTAAAAGACATTCTATTCAATTTTTGGT GCAGATAAAGTTGAAATTGAAGATTA AAAAGTTACCCCAACGAGCAGAGCGA AACTAGGCGCCAGCCGAAGTACATCCA AATTA
Seq9	245	25.3	ATGCTTTTCAAATATTTACCTTTATTTAGGTATTTTATTTATGGGCGTGATTTTTTTATTAAGCTATCTTTGCAACTGTTT TATTTATTTAGGTGTTAAGTTGTTTGATAACTTTGTACCAAAGACCAATTA AATGGATAGTTACTTTCATTAATAAAC AACCTTACGCCTTGAAAGTGTTTTTAAATACTTTTTAGTTCTTGTATTTTGAGTTTATGCCAAAGTATAGGAATTACTT
Seq10	227	23.8	GTAGGGTCATTTTTGTTATGTAAAGCTCACATTA AAAAAAATATAAAAAAATAGTTATATAAATCTAATCTTTTCCGGA TACCGATTTATATAACTACCATATAGGAGGCTGCATTA AATGCAAACATCTATTTCAAACATAGACGTATTTATTTCAAAA ATAAATGACTATGTTACTTATATTATAACATTTTTTAAAGTACATTTTAAACAGTATTATTGCCAT
Seq11	207	35.8	ATCATGAAGCAGGACACGCTATTATAGGAATTAAGTTGGAACATGCCAAAAGGTGCAAAAAAATAACTATTATTCCGTG TGGGAATTCGGGCGGTTATAATTTAATGACACCAGAAACAGAACTTTCTTTTCATCTAAAAAACGTATGCTTACCCAAA TTACATCTTATTTAGGGGACGTGTGGCTGAAGAATTAATTTTGTAT