

**Table S3**

	Replicon	Size (Kb)	Topology <sup>b</sup>	Transposases	Resolvases	Recombinases	Excisionases	Integrases	Other phage genes	Total
<i>R. equi</i> 103S	Chromosome	5,043.2	C	1 (1)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	4 (2)	0 (0)	5 (3)
	pVAPA1037	80.6	C	0 (0)	2 (2)	0 (0)	1 (0)	0 (0)	0 (0)	3 (2)
<i>R. jostii</i> RHA1	Chromosome	7,804.8	L	82 (50)	7 (7)	4 (4)	4 (3)	1 (1)	2 (1)	100 (66)
	pRHL1	1,123.1	L	58 (32)	1 (0)	0 (0)	1 (0)	10 (3)	0 (0)	70 (35)
	pRHL2	442.5	L	40 (12)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	5 (2)	0 (0)	45 (14)
	pRHL3	332.4	L	17 (8)	1 (0)	1 (0)	2 (2)	2 (0)	0 (0)	23 (10)
<i>R. erythropolis</i>	Chromosome	6,516.3	C	8 (8)	2 (1)	5 (5)	1 (1)	5 (5)	1 (1)	22 (21)
	pREL1	271.6	L	57 (23)	0 (0)	1 (0)	0 (0)	1 (0)	0 (0)	59 (23)
	pREC1	104.0	C	1 (1)	0 (0)	4 (2)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	5 (2)
	pREC2 <sup>a</sup>	3.6	C	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
<i>R. opacus</i> B4	Chromosome	7,248.6	L	40 (0)	0 (0)	6 (0)	0 (0)	3 (0)	1 (1)	50 (1)
	PROB01	558.2	L	69 (21)	0 (0)	4 (4)	0 (0)	4 (0)	0 (0)	77 (25)
	PROB02	245.0	L	22 (4)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	7 (2)	0 (0)	29 (6)
	pKNR	111.2	C	2 (1)	0 (0)	2 (1)	0 (0)	1 (0)	0 (0)	5 (2)
	pKNR01 <sup>a</sup>	4.4	C	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)
	pKNR02 <sup>a</sup>	2.7	C	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)	0 (0)

<sup>a</sup> Small-size replicons (< 4.4 Kb, less than 6 genes) in which DNA compositional biases are not reliably identified.

<sup>b</sup> C = circular, L = linear.