

Multiple alignments of upstream regions for genes regulated by SusR-like proteins, HTCS and cytoplasmic transcriptional regulators.

Binding motifs are shown in red, with the exception of the Crp binding motifs (underlined). Coding regions are in boldface. Genome abbreviations are *Bacteroides thetaiotaomicron* VPI-5482 (BT), *Bacteroides ovatus* ATCC 8483 (BACOVA), *Bacteroides vulgatus* ATCC 8482 (BVU), *Bacteroides dorei* DSM 17855 (BACDOR), *Bacteroides uniformis* ATCC 8492 (BACUNI), *Bacteroides cellulosilyticus* DSM 14838 (BACCELL), *Bacteroides fingoldii* DSM 17565 (BFIN), *Bacteroides faecis* MAJ27 (BFaeM), *Bacteroides* sp. 1_1_14 (1_1_14), *Bacteroides plebeius* DSM 17135 (BACPLE), *Bacteroides dorei* DSM 17855 (BACDOR), *Bacteroides eggerthii* DSM 20697 (BACEGG), *Bacteroides* sp. 1_1_6 (BSIG), *Bacteroides caccae* ATCC 43185 (BACCAC).

SusR (BT3705) regulon

```
BVU_1382      ACGAAAATATTTTCATTGACGTTTATATTTTCAGCAATACAGCAAAGACAAATATTCCTAATTATCAATAAGTTGAGTCTAT
BACDOR_02286 ACGAAAATATTTTCATTGACGTTTATATTTTCAGCAATACAGCAGAGATAAATACACCTAGTTATCAATAAGTTGAGTCTAT
BT3704       CCATAACAATTTTCATTTTCACCTGTATTTTCGACAGAGGCAATAACGATAAAAAGCTTATTATCAACAGCCTATTCAAAA
BACOVA_03520 GTATAACTATTTTCATTTTCACCTGTATTTTCGGCATAAGGTATTAGAATATCCAATAATTATCAGCAACATAGTCAGAT
          **      *****      *      **      *****      *      *      *      *      *      *      *      *      *

BVU_1382      AAAACATTATATTTTTTATTCTAGTACTCAAATCTCAGCTATTCCACTCCTACATTTGCAACATCCA--AATGAAATGAAGA
BACDOR_02286   AAAACATTATATTTTTTATTCTAGTACTCAAATCTCATCTATTCCACTCCTACATTTGCAACATCCA--AATGAAATGAAGA
BT3704       CAAGCATTATATTTTTCTTCTAACTGCCATACGGCATACCCGATTACCTACATTTGCATCATCGGTTCCCCCGAACAAAT
BACOVA_03520   AACAAGTTATATTTTCCAATTCTAATCTCACAAGGTGCACAGCATCCCCCTACATTTGCATCATCGGTTCTCCGAGCAAACA
          *      *****      *****      *      *      *****      *****      *      *

BVU_1382      TATAAACACTAATTTCTATATATTATGAAAAGAA-----CATTGCGCACTTA
BACDOR_02286   TATAAACACTAATTTCTATATATTATGAAAAGAA-----CATTGCGCACTTA
BT3704       TTTAAAAA-----TCTAGTTACCATGAAAAGGAATTTATTATTTCATTATCT
BACOVA_03520   GTTAAAAA-----TCTAGCTACCATGAAACGAAATTTGTTATTTGCTATTT
          ****      *      **      **      *      *****      *      *      *      *      *
```

SusR2 (BT3091) regulon

```
BT3090      ---AGAAATCCACTACTTTTTTAGCACGGTGCCTATTCTATAATATTCTTATTATTAGTGTTTTATGCTGTTTTGTACTGT
BACOVA_02787 ---AGAAATCCACTACTTTTTTAGCTGACTTCTATTTTATAACGTCTTATATTATTAGTGGTTTTATGCTGTGAGATACTGT
BACUNI_01942 CTTATATTTTCACTACTTTTTTAGTTGGGTAATAAATTTTATATATTATTGGTATATAGTGGTTAAGTATTTTTGAATGAT
BACCELL_04952 CTTATATTTTCACTACTTTTTTGGAACAATGCATCTTCTTGATAGCATTGATTATTAGTGTTTTATGCTTTATAAAACGCC
          *      *      *****      *      **      *      *      *      *      *      *

BT3090      ATAAACCACTATATTTTGTCTATCTGGCAAAGAAGCGCATTTAATTGTGGATACTTTTGAT-----TTCAG-----
BACOVA_02787 ATAAATCACTATATTTTGTCTATCTGCTTAAGAAGCAGTATGAAATGTGGATACTTTTGTTTTACGGTCATTCAGCAATG
BACUNI_01942 GTAAACCACTACTTTTTTACTCTTTTCCCTCACTATTGGCTTCTCTTATCTGATACATTTGCCATTGTCCCTCTTCGG-----
BACCELL_04952 TAAACTACTACTTTTTTCACTCTTTTCCCCTTATTGCTTCTCTTATCAGATACATTTGCCATTGTTCCTTCACAG-----
          ***      ***      ***      **      *      *      *      *      *      *      *      *

BT3090      ----TGAAAACAAAA-----AGTAATCCTAATATTAACCTTTAAATTGATGTA-CATGGAACAGAGTATATAA
BACOVA_02787 ACACAGAGAACGAAAACAAA-----AGTAACCCCTAATATTAACCTTTAAATTATGTA-CATGAAACAGAGTATGAA
BACUNI_01942 ---AAAGAGTGACA-CATGTGATT-TATGTTTTTATTATTAACCTTTAAATTCTTATATTATGCAAAAGTACAAAAAT
BACCELL_04952 ---AGGGGACAAATGCATGTGAATCTATATTTTATCACTTTAAACTCTTATATTATGCAAAAGTACAAAAAT
          *      *      *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
```

SusR3 (BT3309) regulon

```
BT3310      TCGATGTTGTAACCTATCCACTTTTTAGGCCCTCTTTGGTTGATATTAACCTTGCTGTTTATTAGTGGTTTGTATGTTTGTAT
BACOVA_00942 TTAAGACTGTAAACTAACCACTTTTTTGGATATGTTATATGTGTGTAATGGTTGATAATCATTTTGATGATGTTTGTGT
BACFIN_00069 TCAAGGTTGTAAACATCCACTTTTTTAGACCTGAAGAAAAAGAGTAAGCTTTTGGAATGAATTGTTGCCTTTTAATGG
          *      *      *****      *      *      *      *      *      *      *      *

BT3310      AATCCACTTATTATACCCTCATTGTCAAATCACTTCAGTTTCTTTTATACTTTTGACCTGTGCTTCTGAAATAGTGGCGAAA
BACOVA_00942 CATCCACTTATTGACCCCTCCCTGTTAGCTCACTTTAATTTCTTTTACTTTTGATCTGTGCTTCGAGGTAATGAGAACA
BACFIN_00069 TATCCACTTATTGTCCCCTCCTTATGAATTCGTTCTCATTTCTTTTATAATTTTGACCTGTGCTTCGGAAGCAATGAGAGGA
          *****      *****      *      *      *      *      *      *      *      *      *

BT3310      GTCCTGTCAAGCACATACCTTAATTATAAACTTTAAAA--TTAATACGCATGAAAAAG
BACOVA_00942 G--CTATTACGGACGAGCATCTATTATTAACCTTTAAAAATTTTAGTACGCATGAAAAAG
BACFIN_00069 ACTCCATTGCGGACGACGTTTATTATTAACCTTTAAAA--TTAGTACGCATGAAAAAG
          *      *      *      *      *      *      *      *      *      *      *
```

SusR4 (BT2160) regulon

BACOVA_03187 ATAATACTTTCCAAAT**ATCTACATTTTTT**TGATGTGTCAAGTTAGCTAAGTTGTTGATTAATAGTGAAAAATGCTATTTT
BT2159 AAAATACTTTCCAAACA**ATCTACATTTTTT**ATATCCTTGTGTATATCTAAAGTGTTGATTTATAATATGTAATATGATTTT
BFaeM_23198 AAAGCCCTTTCCAACT**GTCTACATTTTTT**AGATAGGTAAATATAGATAAGTGTGTTGATATATAGAGGTAAATGTGTTTT
* * * * *
BACOVA_03187 TAT**ATCTACATAAAGT**AGTGTAAGTCAAATAAGCCGTTATTTATTTGGCTAGATTTGCAATATCAGTTTTTAGCTCATCAG
BT2159 ATA**ATCTACATAAAGT**TGTGTAGACTAAATAAAGCGTTATTTATTTGGCTAGTTTTGCGATATCAGTTTTCGAACAATCTG
BFaeM_23198 TGA**ATCTACATAAAGT**TGTGTAGACTCCATAAAGCGTTATTTATTTGGCTAGTTTTGCGATATCGGTTTTTCAGACAATTTG
* * * * *
BACOVA_03187 TTTGGTAGTTAGAAGTTGATGTTTTATCTATTATTTGTACTTAAATTCACATATGTTTAAATT**ATGAACACGCAATCTTCA**
BT2159 CCT-ACAGATGAAAATTGATACCTTTTATGTTGTTTGTACTTAAATTCGCAATTTT---TT**ATGGATGCACAATTTTCA**
BFaeM_23198 CGA-ACGGATGAAAATCGGTATCTTATATATTGTTTGTACTTAAATTCGCCATGTT---TT**ATGAATACACAATTTTCA**
* * * * *

HTCS_Aga-1 (BT0267) regulon

BACFIN_07018 CAATTA**TGATTCAAAATTG**TACGTTT**TGAATGATTATAG**GACTTCTTTTTATTGGATAA**CTCGCACTTTTGTACTGCAAT**
BFaeM_12438 TAATTA**TGGTCCAATTTTG**GAAAGTTTT**TGAATGATTAGAGA**ACTTCTTTCTACTGGATAA**CTCGCACTTTTGTAA**CGCATT
BT0268 CGATTA**TGGTCCAATTTTG**GAAAGTTTT**TGAATGATTAGAGA**ACTTCTTTCTACTGGATAA**CTCGCACTTTTGTGAC**GCATT
1_1_14_01201 CGATTA**TGGTCCAATTTTG**GAAAGTTTT**TGAATGATTAGAGA**ACTTCTTTCTACTGGATAA**CTCGCACTTTTGTGAT**GCATT
* * * * *
BACFIN_07018 TAATGCATAACTAATACTTATATGATCTAAAAAAC-TTATAAATCTAATAGC**ATGGTGATA**
BFaeM_12438 TAATGCATAACTAATACTTA--TGATCTAAATAAC-TCATAAATCTAATCGT**ATGGTGATA**
BT0268 TGATGCACAATAAATACTTATTTGGTCTAAATAACTTTATAAATCTAATAGT**ATGGTGATA**
1_1_14_01201 TGATGCACAATAAATACTTATTTGGTCTAAATAACTTTATAAATCTAATAGT**ATGGTGATA**
* * * * *

HTCS_Ara-1 (BT0366) regulon

BACCELL_05304 AATCAGAATAGCTGTTTTTAATTTAAATTGCTGAAT**TGTCCACCT**CAAATGTT**CATTGTGCCACCT**TACCATGCTTACCCC
BACEGG_01542 AAAAAGTCTGCGGTCTTTTTTGTGAAGTTGGAAGAT**TGTCCACCT**TAAAGGTCATA**TATCCACCT**CTACTGCTTTGGGCA
BT0367 AATGGGAAGAGCTTCTTTTCAGC-AGATTATCGGAT**TGTCCACCA**ATCGTGTT**CGTATGTGCCACCT**TCATAGGGGAAACG
* * * * *
BACCELL_05304 GGGCGTATTTTTTGCAATAGAATTTAT-----AATCTACTGATAGT**ATG**
BACEGG_01542 TGGCGTACATTTGCATT-GTATTTTT-----AATTTGCTGATATT**ATG**
BT0367 GGGCGTATTTTTGTAGCATAATTGATGAACGAATACACAGATATT**ATG**
* * * * *

HTCS_Ara-2 (BT3049) regulon

BACUNI_03755 TCAACAGCTGTAT**AAATCTTGCA**GAGAAGGCATAT**AAATCTTGCA**ATGCACGATTTGTGCACATCATCTAAAGATTTTATT
BACCELL_01904 TCTTGAAGTGTAT**AAATCTTGCA**GTGAGGGGATGT**AAATCTTGCA**ATGAACGATTTGTGTATCTGAAATAAAGAAATTTATT
BVU_0839 TCCTGA----TAT**AAATCTTGCA**GAAAAGGGAGGT**AAATCTTGCA**ATGCATGA-TTATGTATCTAAAATACAGACTTTATT
BACDOR_04890 TCCTGA----TAT**AAATCTTGCA**GAAAAGGGAGGT**AAATCTTGCA**ATGCATGATTTATGTATCTAAAATACAGACTTTATT
BACPLE_00182 TAAGAA----AAA**ACATCATGCA**ATGACCGAGCAC**AAATCATTCA**TTGTATGATTTACATCCCTTTAATTCATAAATATT
BT3049 CGCTG----TAA**AAATCATGCA**GAAAAGGGTAGA-**AAATCATGCA**ATGAATCATTTGTCTATACTAAAATACAAGATTTATT
BACOVA_02667 TGAATAAA--CAA**AAATCATGCA**GAAAGACTACAC**AAATCATGCA**ATGAACGATTTGTATACTCTAAATAAAATATTTATT
BACFIN_04000 AACCGA----TAA**AAATCATGCA**GAGAAGCTACAT**AAATCATGCA**ATGCACGATTTACATACTCTAAATAAAATATTTATT
* * * * *
BACUNI_03755 TGTACTTTTGA-----CTCATGCAATGAAAAACGACCCGTT**ATGAAGA-AGATTCT**
BACCELL_01904 TATACTTTTGGATTGCAATA-----GAAAAATTGAT--GT**ATGAAGA-GCAGATT**
BVU_0839 TGTATTTTGAACCATATTATTTAACAATGTGTACACTGAT--GCT**ATGAGAA-AGATATT**
BACDOR_04890 TGTATTTTGAACCATATTATTTAACAATGTGTACACTGAT--GCT**ATGAGAA-AGATATT**
BACPLE_00182 ACTATTTTGA-----ATCTACCAAATGAACAA-----**TATGAA--ATATCTT**
BT3049 TGTACTTTTGAAGTGAATATCAAGGAATACATAATATCTGAAAC**ATGAAAACATACATT**
BACOVA_02667 CCTATTTTGGACTTG----TAATTGAAACAAATAAGCACGAGTT**ATGAAAAACACATT**
BACFIN_04000 TCTATTTTGAAGCTGTAAA-----TGAAACGAATAGGCACGAGTT**ATGAAAAGACATT**
* * * * *

[illegible]

```

BT1763          CATCATCGAAAAGAGA-----AAATTCGTA CTTTTA-----AATTAATAACATTAAACTAATGCCTGGTA-
BACSTE_03472    CAATATCAAAACATGA-TCGGGAAAGC-TGTTTTGAG---AATTCACAAGA-----
BACCELL_05510   CAACATCAAAACATCACTCGGGAAAGCATGTTTTGAGAGGTAATCCACAGCGATTACAAAATGAAAAGCAT
**  ***  ***      *          **  *  *  ***  *          ***  *  *

```

1)
BACSTE_03702 TTTT**TAAACAAATACGA**TATTTTCAT**CAACAAATTTAA**TAAT-AAAATTGAGATTTCAAAGAAAGCATAAACAGAGAGAT
BACOVA_05478 TTTC**TAAACATTATTAAT**TATATGAT**CAACAATATTAA**TATCAAAAAATCATTTTTTGACAAAGGTGTGAACAGGACAAT
BT4662 TTTT**TAAACAAAAACAA**CATATGTC**CAACAAATTTGA**TATCAAAAAATCATTTTTTGACAAAGTATGAACAACCTAAAT
BACFIN_00658 CTTT**TGAACATAAATAG**TATATGAT**CAACAAACTAA**TATCAAAAAACA-TTTTTGAACAAAGCGCTGAACAACCTCGGC
* * * * * * * * * * * * * * *

BACSTE_03702 TAGCTCTTAGAAATCAATGTAATATATTTGCGGCAAGGAAAAATTGAAACTTTTACTAAT--AAAAACAACCTTAAGT**ATGA**
BACOVA_05478 CATCATTTCTAAATAAACAGATTACATTTGCAAACAGTAAAA-TATAACTTTTAATAAT--TAAAACCTAATAAGT**ATGA**
BT4662 TAAAGAATCTAATTAATGAGGTTCATTTGCAA-CAGTAAAA-TAACACTTTTAATAATTATAAAACCTAATAAGT**ATGA**
BACFIN_00658 CAATCGTTATATATAAAGAGATTACATTTGCCAACAGTAAAA-TATAACTTTTAATAAT--TAAAACCTAATAAGT**ATGA**

2)
BACEGG_00070 TTAGGATAGTGACGAATT**TGCACAAATATAG**GTTTTTCT**GAAACAAATAGGA**TAGGGGC-TGAACAATAGCTTTTCGTATTTT
BACSTE_03699 GTTGAG-----TATT**TGCACAAATATAG**GTTTTTCC**GAAACAAATAGGG**GATAGGTGTGAGGCCGAGCTTTTCGTACTTT
BT4675 ACAGAA-----GAAT**TGCACAAATGTGA**AAGCATTT**GAGACAAAAGAAA**GGCAGCCGTAAGGGTTGCCTTTTCGTATTTT
BACOVA_05497 ACAGTA-----AAAT**TACACAAATGTGA**AAACATTT**GAGACAAAAGAAA**GGCAGCCGATGAGGTTGCCTTTTCGTATTTT

 * * * * * ***** * * ** ***** * ***** ***

BACEGG_00070 TGTGACATAA-ATTTAAAGCTTAATATCAAATAGG**ATGAAGAAAAACATTTT**
BACSTE_03699 TGCCGCATCGTTTTTAAAGTTTAATATCAAATAAGG**ATGAAGAAAAACATTTT**
BT4675 TGCACCGTCG---ATAAACTTAATACCGGA-TAGA**ATGAAAAAATACATTTT**
BACOVA_05497 TGCACCGCTCA--ACGAACTTAATACCAAA-TAGA**ATGAAGAAAAACATTTT**

* * * * *

[illegible]

BT3348 ACC-AGATAATTATTAAC--TTAACAAATAATCCATGTATT**ATGAAAACAATTC**
BACOVA_01969 ATCAGGAAAATTAATCAC--TTAACAAATAATCCCTGTATT**ATGAAAACAATTC**
BACFIN_02037 ATCAAGAAAATTAATCAC--TTAACAAATAACCCGTGTATT**ATGAAAACAATTC**
Bache_0564 GCAGAGAAATAGTAAAACT-TTAATAATGAATCCTTTATT**ATGAAAGCAGTCC**
BACCELL_01621 GACGAAAGAATACGAAACT-TTAATAAACAAATCAT-TATT**ATGAAAACAATTC**
BACUNI_01004 GCAGGAAAATCATAACTCTTAATAATAATAATCCCTTATT**ATGAAACAAGTCC**

BT2629 CGGAATATAAGTAAAGCTCCGTGCCAGAGTAGTTAATTTTCAGCGACAAGAGGCGATTAGCCCCTCTATTACTAGAAGC-AC
BACOVA_03629 CAGAATATATGTAAGAATGCGTGCCAGTTTGTTAATTATAGCGCCAAGGGCGATTAGTGTTCGACTTCCGGTAGCGGC
BT3784 CGGAATATAAGTAAAGTTCCGTGCCAGAGTAGTTAACTTCAGCGACAAGAGGCGATTAGCCCCTCTATTACTAGAAGC-AC

* * * * *

```
BT2629      ATTCCTTTTCTCCCTATTTTCGTCGTAGAAATTATTTTCAAATCTATAAATTCATTTGTTCATGAAAACACATTTTT
BACOVA_03629 ATTCCTTTTCTCTCTATTTTCGTCACAGAACTAATTTTA--TTCATAAATTCATTTGTTCATGAAAACACATTTTT
BT3784      ATTCCTTTTCTCCCTATTTTCGTCGTAGAAATTATTTTCAAATCAATAAATTCATTTGTTCATGAAAACACATTTTT
*****          *****          ***** ** * * * * *          **********
```

BACCAC_0055 TAGCATT**TTGTGCACCT**TATTTGGAGAA**TATTGCACAT**CTGTTTTCCACACCTCATCTAACTTTGCAGTATTGTTAAAAGCC
BfaeM_1878 TAGCTAT**TTGTGCACCT**AATTTGGTGAA**TATTGCACGT**CCATTTTTCACATCGTCCCTAATTTGCATCATCATTAAAAGAT
BT2818 TAGCTAT**TTGTGCACCT**AATTTGGTGAA**TATTGCACGT**CCATTTTTCACATCACCCCTAATTTGCATCATCATTAAAAGAT
BSIG_1832 TAGCTAT**TTGTGCACCT**AATTTGGTGAA**TATTGCACGT**CCATTTTTCACATCACCCCTAATTTGCATCATCATTAAAAGAT

```

BACCAC_0055      ACAAATCCATTAATTGTTGACCTTACTTCAAATGAAGCAGA-----TTATTAACCTTAACATATTAT-----
BfaeM_1878      A-----ATGAA--GTTAACCTTATTGCACAT--AAGCAAAGGATATATTTAGAAACTGAAGAGAGAATAAAGAGAATAAAA
BT2818          A-----ATGAA--GTTAACCTTATTGCACAT--AAGCAAAGGATATATTTAGAAACTGAAGAGAGAATAAAGAGAATAAAA
BSIG_1832       A-----ATGAA--GTTAACCTTATTGCACAT--AAGCAAAGGATATATTTAGAAACTGAAGAGAGAATAAAGAGAATAAAA
                *      * * *      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

BACCAC_0055 -----TAATCT--TTCATTATTAACCTAATTAAATTAAACAGT**ATGAGAAACGCG**
BfaeM_1878 GTCACCCCCCAATCCGGTTGACCTAACTATAAACTAAATATATTATTAACCT-ATCAAATTAAACAGT**ATGAGAAACGCG**
BT2818 GTCA-CCCCCAACCCGGTTGACCTAACTATAAACTAAATATATTATTAACCT-ATCAAATTAAACAGT**ATGAGAAACGCG**
BSIG_1832 GTCA-CCCCCAACCCGGTTGACCTAACTATAAACTAAATATATTATTAACCT-ATCAAATTAAACAGT**ATGAGAAACGCG**
*** ** * ***** ** *****

1)
BT4135 AAAAAATTTAATTAACCACAAGATTCATGCTTATTGAAAACACAAAGAATGAATTGTTAACACTTTTAATTTCTATGATTAATG
1_1_14_01691 AAAAAATTTAATTAACCACAAGATTCATGCTTATCAAAAACACAAAGAATGAATTGTTAACACTTTTAATTTCTATGATTAATG

BT4135 AAAAACAAATAGTGGTGAAGAATACTACAAATATTAATCCTGTTTTGTTGTATGGT**ATGTGTTTTACTCCACT**
1_1_14_01691 AAAAACAAATGGTGGTGAAGAATACTACAATTATTAATCCTGTTTTGTTGTATGGA**ATGTGTCTACTCCACT**

BT4136 TAATTAGTGATTTTTGAAATAAAATTAGTGATTTTTGAAACATACTGCACCATTCACTCTCCTACTTTTGCAGCACACATCA
1_1_14_01692 GAATTAGTGATTTTTGAAATAAAATTAGTGATTTTTGAAACATAACGTGTCTCCATTACCTACTTTTGCACAAAACAATT

2)
BT4136 AGTTGAATAAATACTCTATAATACATATGAAAAGATTTACTACTATTAAATGACCTATCATTTTTCAATTTTTACGATTTGCA
1_1_14_01692 AATCGATTTATTA-----AGTATTATGAAAAAACACAGCCGACATACAAACC-----ACATTTATAGTTCCTCA
* *

BT4136 TTTTCTCTGGATACGAAATA-----TGCAAATAAG-----AACTTAACATTACCCCAAAAATTCCACTAT
1_1_14_01692 TACTTCTTTGAGATCAATCACCATAACACTATTATTATATATAGGTTTACCAAACCTAACAC--CCCCCTAAGTTCCACGAC

* * * * *

BT4136 CTAGCGGCATTG-----GTGCTGGATAGTGGAATTTTCTCCTAAAAATAGCAATTTCAATTAATACTATGACC--**TATG**
1_1_14_01692 ----CGGCACCGTCTGACAGTGTGCGCTAGTGGTAACTTATTTAT-----TATTAATAATTAACACCATAAGCATT**TATG**
***** * *** ** ***** ** * * * * * *** ***** ** * * * *

BT4672 AGGCATTTTAGGGCTT**TTTCGTCCTATTTTT**ATCCTTA**TATGTCCAATCTGT**GCTTTTATGAAAATGCCAGGCAGTCTATCTT
 BACOVA_05493 AGGCATTTTGGGGCAT**TTTCGTCCTATTTTT**ATCCTTA**TATGTCCAATCTGT**GCTTTTATTGAAATGACCAATAAATTACCTT
 BACFIN_00640 GGGCATTCTAAAGCAT**TTTCGTCCTATTTTT**ATCCTTA**TATGTCCAATCTGT**GCTTTTACCTGATTACCAATAAATTACCTT

***** * ** *****

```
BT4672      TGCCGCTATCAACAAACCACTAAATTTGATAGCATGAA
BACOVA_05493  TGTTCGTGTCAATAAACCGATAAATTTGATAGCATGAA
BACFIN_00640  TGTCACTATCAATGAACCGATAAATTTGATAGCATGAA
**      **  ****      ****      ****
```

1)
BACCELL_03119 GAAAA**TAAATAATGCAC**CCTTTTCAGT**CGAAAAGTACAC**AACGCTTTAGGTGAGAACC GC TATCTTTTGTCACATTACTTAAT
BACSTE_03304 -AAAT**CAAAAAATGCAC**CCTCTGCGC**CAAAAAGTGCAC**AGGTGTTGGAAAGAAACATCTACTTTTGTTTCGTGA AAAAT
BACEGG_00863 -AAAT**CAAAAAATGCAC**CCTCTACGC**CAAAAAATGCAC**AGAGGTTTGGAAAGAAACCTCTACTTTTGTTTCATGAAAAAAT
BT4108 -AAAA**CAAAAAATACAC**CCTTCTTAAC**TAAAAAATCCCA**CTCTGTTTGGAGGAAATACACTACTTTTCGTAGCATGAAAAAAT
BACOVA_04900 -AAAA**CAAAAAATGCAC**CTACTTGAC**TAAAAAATCCCA**CTGGGTTTGGAGGAA AAACATCTACTTTTCGTACCGTGAAAAAAG
*** ** * * * * *

BACCELL_03119 ATAATCTAT-ATACCTAAAAACAAGAACAGA**ATGATGAACAATCTGCTTTGTAA**
 BACSTE_03304 ATAAGGTCTAATACCCAAAAAGAACAAC**TACATGAAAAAGAACTTTATTGTAA**
 BACEGG_00863 GTAAAGTCTAATACCAAAAAAGAACATATTC**ATGAAGAAGAACTTTATTGTAA**
 BT4108 AGCATGTATAAT-CTTAAACAATAAAC-**CATGAGACGAAGCTCTTTTTATAA**
 BACOVA_04900 ACTATGTTGAAT-CTTAAATAACAAAC-**CATGAGACGAAGCTCTTTTTATAA**
 * * * * * * * * * * * * * * *

2)
BT4114 ----GAAAAACAAAAATACTATCGTAAAAACAAATATTACACATCCCACAAGCCCCAAAAACATAATTTGACCAGTGA
BACOVA_04911 AACTAAAAAACAAAAATACGAGGTGAAAAACAAATATTGCACATCACTATATCTTCATTCTCATACTTTTGTAGCGATGA
BACCELL_03135 ---TAAATAACAAAAATACCAACCTAAAAACAGATATTACACATATATATTTTCACATCCCTATACATTTGCAGCAACGA
BACEGG_00870 ---CAGATAAACAAAAAGTACCAACCTAAAAACAAAAATTACACATCTACTTTTTCATATCAATTTACATTTGCAAAAAGGA
* *

BT4114 G--AACTCTAAGAGTGGACACACTCGAATATTAATAA-----TCTAAT--ATAAAAGAACAAGATGCCTAAAGGAATG
BACOVA_04911 ATGAACTCTCATCGGGATTTTTATGAAATATCAACAACAACCATTAATTAATAAACATGCAAAGAATGTCTAACAAAGTG
BACCELL_03135 ATTAACAGTGTGCCGAACACACATAACGAA-AAAAATCATACTTAATTAAT-AACATGCAAAGAATGTCTAACAAAGTG
BACEGG_00870 GTTAACAATGTGTAGAGAACTCATCTGAAT-GAGAAACACTTTTAAATCATAAATATGCAAAGAATGTCTAA---AATG
* *

3)
BfaeM_07678 CCGAATCTAATAACAAAAATACAA TGTGAAAAACAAATATTGCACACCTGGATATTTTCTTCGTTATACATTTGC-CCCA
BT4116 TTGAATCTAATAACAAAAATACAA TGTGAAAAACAAATATTGCACACCGACGTCTTTTCTTCCCTATACATTTGCAACCA
BSIG_2528 TTGAATCTAATAACAAAAATACAA TGTGAAAAACAAATATTGCACACCGACGTCTTTTCTTCCCTATACATTTGCAACCA
1_1_14_01671 TTGAATCTAATAACAAAAATACAA TGTGAAAAACAAATATTGCACACCGACGTCTTTTCTTCCCTATACATTTGCAACCA
* *

BfaeM_07678 TAAAAATGAACACAATATGTGAATACAACCTATGAATAAAAAGACTAATGCCATGAATAAA
BT4116 TATAATTAACACAATACGTGAGTACAACCC-ATATTTTAAAGAACTAATGCCATGAATAAA
BSIG_2528 TATAATTAACACAATACGTGAGTACAACCA-ATATTTTAAAGAACTAATGCCATGAATAAA
1_1_14_01671 TATAATTAACACAATACGTGAGTACAACCA-ATATTTTAAAGAACTAATGCCATGAATAAA
* *

4)
BfaeM_07703 TTTCTGTGATAAAATAGTGCACCTAAATGCTCAAAAAGTCCCCTCTCTTTGTATTTGATATAACTTACTTTGC-----
BT4119 TTTTAGTGATAAAATAGTGCACCTAAACGCTCAAAAAGTCCCCTCTCTTTATGTTTATATAACTTCTTTGCACATATGA
BSIG_2525 TTTTAGTGATAAAATAGTGCACCTAAACGCTCAAAAAGTCCCCTCTCTTTATGTTTATATAACTTCTTTGCACATATGA
1_1_14_01674 TTTTAGTGATAAAATAGTGCACCTAAACGCTCAAAAAGTCCCCTCTCTTTATGTTTATATAACTTCTTTGCACATATGA
* *

BfaeM_07703 -----GTAAACCTTT-----CTGTTAATAGGTGAAAAAGTGA-----GTAACA-----TTC
BT4119 AACAAAAATAAGAACTATAAATCAGGAATATTAATGAATAAACATGAGATGATTCCTGTTTCAATTTTCCCCATGTTTTC
BSIG_2525 AACAAAAATAAGAACTATAAATCAGGAATATTAATGAATAAACATAAGATAATTCCTGTTTCAATTTTCCCCATGTTTTC
1_1_14_01674 AACAAAAATAAGAACTATAAACCAGGAATATTAATGAATAAACATAAGATAATTCCTGTTTCAATTTTCCCCATGTTTTC
* *

BfaeM_07703 AACT-CTGATTTGTGCCTAACAGATGTTTTGTGAAAAGTATATAGTAAGATGTATTAACCTTTAAATTAAGATGGATGAGAA
BT4119 AACGATTGATTTGCATGTAACATAAGTATTG-----ATTAGATAGTAATATGTATTAACCTTTAAATTGAAATGAATGAAAA
BSIG_2525 AACGATTGATTTGCATGTAATATAAGTATTG-----ATTAGATAGTAATATGTATTAACCTTTAAATTGAAATGAATGAAAA
1_1_14_01674 AACGATTGATTTGCATGTAATATAAGTATTG-----ATTAGATAGTAATATGTATTAACCTTTAAATTGAAATGAATGAAAA
* *

5)
BfaeM_07723 GAACGACTATTTTTACTCCTTATCTATCAATATTTGAACCTTAATGGTAGTGTACTTCCATTATTTTGTTCATTATTTT
BSIG_2521 AAATGACTATTTTTACTCCTAATCTGTCAATAATTGAACCTTAGGGGGAGTAGACTTCCATTACTTTTGTTCATTACTTT
BT4123 AAATGACTATTTTTACTCCTAATCTGTCAATAATTGAACCTTAGGGGGAGTAGACTTCCATTACTTTTGTTCATTACTTT
1_1_14_01678 AAATGACTATTTTTACTCCTAATCTGTCAATAATTGAACCTTAGGGGGAGTAGACTTCCATTACTTTTGTTCATTACTTT
* *

BfaeM_07723 TG-----TCGATAATATAA
BSIG_2521 TGCTTGTGAAATGGGAAAAACATATCAATGAAGATATGGATATTTCTGTAAGTAGTTATCAATAGGAACCCGATAAAATAA
BT4123 TGCTTGTGAAATGGGAAAAACATATCAATGAAGATATGGATATTTCTGTAAGTAGTTATCAATAGGAACCCGATAAAATAA
1_1_14_01678 TGCTTGTGAAATGGGAAAAACATATCAATGAAGATATGGATATTTCTGTAAGTAGTTATCAATAGGAACCCGATAAAATAA
* *

BfaeM_07723 ATTTTAAAAAGATGAATACACTTTTGA
BSIG_2521 ATAAAAAGAGATGAATGGAATTTTGA
BT4123 ATTTAAAAAGAGATGAATGGAATTTTGA
1_1_14_01678 ATTTAAAAAGAGATGAATGGAATTTTGA
* *

1)
BT4172 TTTGT**TGAACAAATATCCA**TTTAAAT**TGAATGATATTCTA**TTTATCATTCGGGTGGTATTTTCTAATTTTGATGTGAAAC
BACOVA_04967 ATAGT**TGAACGAATCGCCA**TATATA**TGGATAATATTCTA**TTTCTTAATTGATCGGCTCCTCCCTACCTTTGTAAAGGTGAG--
BACPLE_00251 ----**TATACAATTTTACGCAACATGTACAATACTCCA**GTCCTTAAGACAGAAGCTTTCCCCTACTTTGTAAAATGAT--

 ** ** *** ** * *** *** *** * * * * *** *** *

2)
BT4174 TTTCCGAAGGCATTAT**TGGACAAATTTAA**ACTTGT**TGGACAATATTC**CAATTGAAGAGGAAAAAGATTCCCTATCTTTGC
BACOVA_04973 TTTTCTGTCGTCTCG**TGAACGAATTTAA**GACATT**TGCACGGAAATC**CAATTGAAAAAGAAAAAGACGTCTCTTACCTTTGC
*** * * * **** ** ****** ** * **** ** *** ***** ********* * ********* * **** *** **** *******

3) BACOVA_04950 AAGAGCA**TGGACAATATTTC**AATCCA**TGTAGTTTTGTACA**CGAACGCTTTTAGATGTCCATTTTGATACAATATTCTATGT
BT4151 ATGATGA**TGGAGATATTATCA**TATTCA**TGTAGTTCGTACA**CCAACGCCATAAAAGCCGTTTTTGATACAATATTCTATGT
* * * ***** * * * * * * ***** ***** ** * * * *****

BACOVA_04950 ACTCTATATATCATGAAACGACTTTTGTAGTAAGTATTGCTATCGTATTT
BT4151 ATTCTACATATCATGAAACAACTTTGTAGTAAGTATTGCCATTGTATTC
* *

4) BACOVA_04974 TACGTCTAA**TGATGATTTCTACA**TATATC**TGTACAATATTCTA**TTTTATCAATGGGCTGCGTCCTTTACTTTTGT-----G-
BT4175 --GTTAAAA**AGGCAATTATACA**TAGATT**TGTACGATATTCTA**TTTTATGGGTAGACCATATCGCTTACTTTTGCACGACGT
* ** * **** ** *

BACOVA_04974 --TTGTAA-----TTTGATTAATCGATAAACT**ATGAAGTGCATAACTCTTTTTTTTAGTTTCT**
BT4175 TATTCTAAATATGATAAGAACTTTTGATTAAT-GATAAACT**ATGAAATGTACAAGCATCTTTTTTTAGTTTGT**
 * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

	Crp	AraR	AraR
BT0356	TTCTTATCCTTTTATGTTGCACAACATATA	AGAGTGTATTTGATACACCAAACA	AAAGTGTTACTTTTACACCCA AAA
BACOVA_01715	TACA---CCATTTTATGCTGCACAACATATA	AGAGTGTATTTGATACACCAAACG	AAAGTGTTACTTTTACACCCA AAA
BACUNI_01357	TTTCTTGACACTTATGTTGCATAACATATA	AAAGTGACAGCCTACACTAAAGA	AAAGTGTTACTTTTACACCCA AAG
BACEGG_01536	TTTTTTTTCTTTTATGTTACATAACATACA	AAAGTGATATATTACACCAAATA	AAAGTGTTACTTTTACACCCG AAA
BACCELL_05604	TTTTTTTACTTTTATGTTACATAACATACA	CAAGTGTTACTAATAACACTCAATA	AAAGTGTTACTTTTACACCCA AAA
	* * * * *	* * * * *	* * * * *

	XylR	XylR
BACCELL_04758	-CTTCACT CTTATGTGACTTCCTACAATTAC CTGATTCCTCCGTTTATCAACAATA CATATTGTACTTTCAACGATAAG GCCGT	
BACUNI_00695	-CTTTCTC CTTATTGTACTTCCTACAATTAG ACCTCTTGATATTCTTGTAATAATTA CATATTGTATTCCATACGATAAC AACTG	
BACSTE_01380	-CTTCATA GTTATTGTATCTGCTACAATTAC CCTTGCTGA-GACGATTAAATTA CATATTGTATTTTATACGATAAC ACAAT	
BACEGG_02642	-GTTTATA GTTATTGTGCGCTATTACAATTAC ACAACATGGAACCTT-ACTTAAATTA CATATTGTATTTGTACGATAAC ACAAC	
BF2354	-TCCCCGG CTTTCTGTACTTTCTACAATTAC TATCGTTCAACGAGGGTAGAAA-TA CATATTGTTATCGATACAATAAG ATGAA	
BT0791	TCATTCCG CTTTTTGTACTTTTATACAATTAC --TCGTTGCCGGAACGGGTAAAATA CATATTGTAATTCAGAAGATAAC ACTAA	
BACOVA_02532	TCCATCTA GTTTTGTACTTTTATACAATTAC --TCACTCGCGGAAATACTAAAATA CATATTGTAATTCGTAAGATAAC ACTAA	
	*** *** * ***** * ***** * *	

XylR Crp

BACCELL_04758 GTTTT**GATATTGTAAATGTACGATATC**TATCATATTGAAAATAGTGCTTTATAACATAATAGAAATTAAGTTTTATGCGCTT
 BACUNI_00695 AAAAT**GATATTGTATAAAGTAAGATATG**TATTCAGTTGAAAAATAATGCTTTATAATATTATAAAAAATATTCCTTTTCCTTTATT
 BACSTE_01380 AAGAT**GATATTGTAAAGATATACGATATG**TATATATTTGAAAAATAATGCTTTATAACATTGTAAAAATATCCTTTTACTTATT
 BACEGG_02642 AAGGT**GATATTGTAAAGATATGATATG**TATTTGTCTGTAAAATAATGCTTTGTAAACATATCAAAAAATATTCCTTTTCGCCTATT
 BF2354 TACT**CCTTAGTGTAAATTTACGATATG**TATATATATGAAAAACAATGCTTTTATAGCATATTA-----TTTATTTGTTTACC
 BT0791 GTACT**CATATTGTAGATTGTATGATATG**TATATCTATGAAAAACAATGTTTTATAGCATGTCA-----TTTGTATTGTTC---
 BACOVA_02532 CTATT**CATATTGTAGAATGTATGATATG**TATTTATATGAAAAACAATGTTTTATAGCATGTTTCTTATTTTGTTTTGATGTTT
* * * * * * * * * * * * * * * * * *

BACCELL_04758 GTATATTCAAAAAACCTGTTTATATTTGCAGCG-CTTAAACA-TGGATATT**ATGCAAAACATGGAACATAAAACCCCCATTAGC**
 BACUNI_00695 GCAAAATAGAAAAACCTATTTATATTTGCAGCG-CTTAAACA-GATATATT**ATGCAAAACATAGAACAAAAACGCCGTTGGC**
 BACSTE_01380 GCATATTTGAAAAACCTCATTATATTTGCAGCG-CTTAAACG-AAAATATT**ATGCAAAACGTGGAACAAAAATACGCCATTGGC**
 BACEGG_02642 GCATATTTCAAAAAACCTCATTATATTTGCAGCG-GTTAAACA-TAAATATT**ATGCAAAACATGGAACATAACACGCCATTGGC**
 BF2354 GCATGAT-----AATATCTCTATATTTGCAGCA-ATCAAAGACTCAATATT**ATGCATGACATACCCAAACAAATCCCATTGGC**
 BT0791 ---GAATCATAAAGCGCCCTATATTTGCATCGTATTAAGA-AAAGGA-T**ATGCAAAGTATACAGAAAAAGCACCTTGGC**
 BACOVA_02532 GTAG-----CCTCTATATTTGCATCGTCTTAAAGA-AATGTA-T**ATGCAAAATTTACAGAAAAATACACCTTTAGC**
* * * * * * * * * * * * * * * * * *

Crp (BT4338) and FucR (BT1272) regulons

Crp

BT1272 CCTCTTCG-GTTCGCCGAAGGGGATTTTTT--TTATTTCTGCTATAGAACATATTAAACAGTTCTCTACTTCTGAATAAATT
 BACOVA_03849 CCTCTCCG-GTCCGCCGAGGGGATTTTTTTATTGTTTTCTGCTATAAAACATATCAAATTATTTATTCGTTTCAATAAAAT
 BVU_1374 TCTTCGGAAATCGATATAGAAGCTTCGAT-----TCTTGTGTTATAAAACATACCTTTTCATCTTGCTGTTTATGAATAAATT
 BACDOR_02265 TCTTCGGAAATCGATATAGAAGCATCGAT-----TCTTGTGTTATAAAACATACCATTTTATCTTGCTGTTTATGAATAAATT
 BF0210 -----AATTGCTTTGT--TCTCTGCC-----TTTGATGTTGTATAACATACCATTTTATCTTGCTTATCCGAATAAATT
* * * * * * * * * * * * * * * * * *

FucR

BT1272 TCTTTT**CTTTGCAACAGCATAGCTCAGCACAG**TCATTTATCTTTATAACAGT**ATGAGACGAAGTATGAT**----**AAAAAGAAAACATT**
 BACOVA_03849 GCCTTT**CTTTGCATCAGCATAGTTCAGCATAG**TGTTATTTATTTTTTCGAAT**ATGAAACGAATTGAT**----**AAAAAGGCAACATT**
 BVU_1374 GCATTC**CTTTGCATCGGGACAGTTCAGCACAG**---TTTGCATTGTCCGCGTAAACCTTAAACAGTTC--**ATGAAAGTTACCTT**
 BACDOR_02265 GCATTC**CTTTGCATCGGGACAGTTCAGCACAG**---TTTGCATTGTCCGTTGTAACCTTAAACAGTTC--**ATGAAAGTTACCTT**
 BF0210 ACCTTT**CTTTGTATCATGATAGTTCAGCATAG**CTATCTACAAT-----TAAATAACCTTTATTGTATACGT**ATGAAAATAACTTT**
* * * * * * * * * * * * * * * * * *

Crp (BT4338) regulon

Crp

BT4338 TTCGTTCAATTTTCTCATTTTTTCTTTCTACTTTTGTGCTGTATAACACAGTTTTGTAGCA--CC**ATGGTAAAAATGAACATGT**
 BACOVA_05152 TTCGTTCAATTTTCTCATTTTTTCTTTTACTTTTGTGCTGTATAACACAGTTTTGTAGCA--CT**ATGGTAAAAATGAATATGT**
 BACUNI_04721 TTTGTGCAATATTTAATTTTTTCTTTTACATTTGTGCTGTATAACACAGTTTTGCAGCA--GTT**ATGGTAAAAAGTAAACTTAT**
 BACCELL_03476 TTTGTGCAATATTTAATTTTTTCTTTTACATTTGTGCTGTATAACACAGTTTTGCAGCA--GTT**ATGGTAAAAATGAATTTGT**
 BACEGG_01340 AATGTATCATTTTTAATTTTTTCTTTTACATTTGTGCTGTACAACACAGTTTTGCAGCA--TTT**ATGGTAAAAATAAATTAT**
 BACSTE_03515 AATGTGTCAATTTTTAATTTTTTCTTTTACATTTGTGCTGTACAACACAGTTTTGCAGCA--TTT**ATGGTAAAAATAAATTTAT**
 BF0954 ACTATCTGTTTTTCATTTTTTCTTTCTACATTTGTGCTTTATAACACAGTTTTGCAACA--GAT**ATGGTAAAGATGAATTTGT**
 BACCOPRO_01276 AAAAAGTCGAATTTTCATTTTTTATTCCTATTTTTGTGCTTAATAACACGATTTTGTAAACA--CTT**ATGGTAAAAAGGAATTAT**
 BACPLE_02167 AAAAAGAATATTTTCAATTTTTCTTCGTACCTTTGTGCTTAATAACATGGTTTTTGAACAT-TTT**ATGGTAAAAAGGAATTAA**
 BVU_3580 TTCGTCC---TTTTATTTTTTCTTCTATATTTGTGCTCTATAACACGGTTTTTATAGCACGTTT**ATGGTTAGAAAAGAATTAT**
 BACDOR_01607 TTCGTCC---TTTTATTTTTTCTTCTATATTTGTGCTCTATAACACGGTTTTTATAGCACGTTT**ATGGTTAGAAAAGAATTAT**
* * * * * * * * * * * * * * * * * *