

Gram positive bacteria with high G+C

Mycobacterium tuberculosis (CAB08883)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Mt_D1	75 1.8e-22	-34 4.8e-3	17 2.9e-7	25 6.8e-11	1 7.0e-9	-37 2.2e-4	20 1.4e-8	ec1/hs1
Mt_D2	-13 5.2e-5	108 1.8e-32	-8 4.1e-5	-17 1.5e-6	-21 9.4e-7	-32 6.6e-5	27 2.5e-9	ec2/hs2
Mt_D3	6 7.3e-7	-31 2.7e-3	146 1.3e-43	110 7.2e-33	132 1.1e-39	105 2.1e-31	41 2.7e-12	S1-like
Mt_D4	-29 2.5e-3	-21 2.7e-4	65 1.9e-19	115 1.8e-34	109 1.0e-32	85 1.8e-25	73 7.7e-22	hs4
Mt_D5	-77 8.0	-71 6.9	-94 8.0	-99 8.0	-106 8.0	-90 7.9	-80 8.0	

Streptomyces coelicolor (CAB52054)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Sc_D1	75 2.4e-22	-38 1.2e-2	16 3.3e-7	11 2.1e-9	-8 5.4e-8	-38 3.0e-4	8 2.3e-7	ec1/hs1
Sc_D2	-10 3.1e-5	109 1.7e-32	-10 5.7e-5	-17 1.3e-6	-25 3.0e-6	-48 2.8e-3	23 6.4e-9	ec2/hs2
Sc_D3	-4 7.6e-6	-32 3.0e-3	144 3.1e-43	100 9.0e-30	124 3.1e-37	100 5.3e-30	38 2.6e-11	S1-like
Sc_D4	-24 8.6e-4	-24 5.1e-4	74 5.1e-22	118 2.9e-35	116 1.4e-34	90 5.7e-27	75 2.2e-22	S1-TEX
Sc_D5	-66 7.2	-71 7.0	-86 8.0	-97 8.0	-104 8.0	-95 8.0	-71 7.8	

Micrococcus luteus (ZP_02944046)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
MI_D1	71 2.4e-21	-36 7.9e-3	16 3.9e-7	20 2.1e-10	-5 2.7e-8	-39 3.3e-4	12 7.9e-8	ec1/hs1
MI_D2	-10 3.0e-5	102 1.7e-30	-2 1.3e-5	-19 2.5e-6	-25 2.5e-6	-45 1.4e-3	28 1.9e-9	ec2/hs2
MI_D3	1 2.2e-6	-28 1.4e-3	145 1.7e-43	108 3.0e-32	128 2.4e-38	100 6.7e-30	35 1.7e-10	S1-like
MI_D4	-30 3.4e-3	-37 8.3e-3	65 3.0e-19	100 6.2e-30	97 6.7e-29	74 6.0e-22	72 2.5e-21	hs4
MI_D5	-73 8	-63 2.3	-87 8	-78 2.6	-88 4.6	-91 8	-76 8	

Arthrobacter aureescens (YP_947812)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
As_D1	73 6.0e-22	-39 1.5e-2	13 6.2e-7	22 1.3e-10	-4 2.0e-8	-41 5.5e-4	10 1.4e-7	ec1/hs1
As_D2	-9 2.1e-5	100 5.3e-30	-10 5.5e-5	-12 4.9e-7	-17 4.5e-7	-41 5.3e-4	28 1.9e-9	ec2/hs2
As_D3	-2 4.9e-6	-31 2.5e-3	142 1.4e-42	99 1.1e-29	121 2.6e-36	97 9.5e-29	33 5.6e-10	S1-like
As_D4	-24 7.9e-4	-21 8.3e-3	63 1.1e-18	107 5.0e-32	104 3.4e-31	82 1.5e-24	79 1.2e-23	PNPase
As_D5	-75 8	-83 8	-96 8	-96 8	-106 8	-103 8	-79 8	

Fusobacteria

Fusobacterium nucleatum (YP_002165428)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Fn_D1	-23 6.4e-4	-23 4.3e-4	53 1.3e-15	50 7.5e-15	66 1.1e-19	56 9.6e-17	30 1.4e-9	S1-like
Fn_D2	-38 2.0e-2	-44 4.2e-3	76 1.4e-22	119 9.7e-36	122 1.9e-36	84 3.4e-25	55 2.2e-16	S1-like
Fn_D3	-32 5.2e-3	-20 2.0e-4	26 4.8e-8	55 2.3e-16	60 9e-18	47 5.9e-14	61 2.9e-18	S1-like
Fn_D4	-47 1.6e-1	-19 1.8e-4	28 3.8e-8	39 2.7e-12	48 3.7e-14	46 1.1e-13	56 1.5e-16	S1-like

Gram positive bacteria with low G+C

Clostridium perfringens (NP_563066)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Cp_D1	22 1.4e-8	-53 3.0e-1	-19 3.4e-4	-35 1.2e-4	-25 2.4e-6	-39 3.7e-4	-10 1.5e-5	ec1/hs1
Cp_D2	-31 4.2e-3	59 1.4e-17	-28 1.9e-3	-53 7.4e-3	-64 2.3e-2	-68 2.6e-1	-5 4.5e-6	ec2/hs2
Cp_D3	-19 2.2e-4	-32 3.3e-3	97 3.8e-29	86 1.2e-25	93 6.0e-28	75 1.9e-22	18 1.9e-8	S1-like
Cp_D4	-19 2.2e-4	-43 3.3e-2	55 2.0e-16	89 1.3e-26	84 3.7e-25	60 5.5e-18	41 2.1e-12	PNPase

Lactobacillus reuteri (YP_001841729)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Lr_D1	13 1.2e-7	-45 5.3e-2	0 8.6e-6	-17 1.5e-6	-10 8.6e-8	-19 3.6e-6	17 2.9e-8	ec1/hs1
Lr_D2	-19 2.3e-4	46 8.5e-14	-38 1.6e-2	-18 1.8e-6	-21 1.0e-6	-37 2.3e-4	18 2.4e-8	ec2/hs2
Lr_D3	-20 3.7e-4	-37 9.8e-3	118 2.2e-35	101 3.2e-30	113 4.3e-34	85 2.1e-25	36 1.1e-10	ec3
Lr_D4	-26 1.4e-3	-20 2.1e-4	67 6.9e-20	90 8.1e-27	88 3.4e-26	63 8.3e-19	63 1.0e-18	hs4

Bacillus subtilis (AAC83962)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Bs_D1	-14 8.0e-5	-49 1.3e-1	-9 4.6e-5	-15 8.8e-6	-30 9.0e-6	-45 1.4e-3	7 2.6e-7	S1-like
Bs_D2	-32 4.8e-3	74 4.9e-22	-26 1.5e-3	-40 3.5e-4	-31 1.2e-5	-27 2.3e-5	27 2.3e-9	ec2/hs2
Bs_D3	-17 1.4e-4	-19 1.7e-4	133 6.1e-40	95 1.8e-28	112 1.9e-33	92 2.2e-27	51 3.6e-15	S1-like
Bs_D4	-18 1.8e-4	3 1.4e-6	97 5.1e-29	105 1.5e-31	97 4.7e-29	70 5.7e-21	66 9.7e-20	hs4

Lactococcus lactis (NP_266994)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
LI_D1	-21 4.2e-4	-55 4.5e-1	-39 1.8e-2	-53 8.3e-3	-49 4.2e-3	-11 3.5e-3	-7 1.8e-5	ec1/hs1
LI_D2	-43 7.5e-2	84 3.9e-25	-31 4.0e-3	-8 1.6e-7	-12 1.4e-7	-37 2.2e-4	21 1.1e-8	ec2/hs2
LI_D3	4 1.2e-6	-25 6.8e-4	125 1.5e-37	115 1.3e-34	110 4.8e-33	73 1.1e-21	41 4.6e-12	ec3
LI_D4	-6 1.2e-5	6 8.3e-7	108 1.9e-32	140 4.9e-42	146 6.6e-44	127 3.5e-38	104 4.9e-31	S1-like

Acholeplasma laidlawii (YP_001620864)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
AI_D1	-13 6.0e-5	-39 1.3e-2	-39 1.7e-2	-45 1.3e-3	-50 1.0e-3	-47 2.2e-3	-6 6.5e-6	ec1/hs1
AI_D2	-49 3.4e-1	10 3.4e-7	-38 1.5e-2	-39 3.0e-4	-48 5.1e-4	-58 2.6e-2	-19 1.4e-4	ec2/hs2
AI_D3	-49 3.0e-1	-38 1.1e-2	34 5.6e-10	-5 9.0e-8	-7 3.7e-8	-4 1.2e-7	0 1.5e-6	S1-like
AI_D4	-27 1.6e-3	-15 7.7e-5	42 1.5e-12	65 2.2e-19	84 3.5e-25	74 5.3e-22	45 2.1e-13	S1-like
AI_D5	-29 2.5e-3	-27 9.6e-4	-1 1.0e-5	-32 6.2e-5	-24 2.1e-6	-28 3.1e-5	22 8.5e-9	S1-like

Spiroplasma kunkelii (AAP58873)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Sk_D1	-41 4.7e-2	-49 1.4e-1	35 3.1e-10	58 2.2e-17	51 3.2e-15	29 5.9e-18	31 9.5e-10	S1-like

Mycoplasma pulmonis (NP_325961)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Mp_D1	-45 1.1e-1	-64 2.6	-4 1.7e-5	-33 6.4e-4	-33 1.7e-5	-30 4.2e-5	-33 3.8e-3	S1-like

Cyanobacteria*Synechococcus* (O33698)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Dr_D1	-22 4.9e-4	-32 2.8e-3	-19 3.2e-4	-59 3.5e-2	-64 2.3e-2	-64 9.7e-2	-12 2.5e-5	ec1/hs1
Dr_D2	-51 4.2e-1	6 7.9e-7	-46 6.5e-2	-54 9.7e-3	-51 1.2e-3	-54 1.1e-2	-16 6.3e-5	ec2/hs2
Dr_D3	-23 6.8e-4	-15 7.3e-5	55 2.4e-16	35 6.8e-12	37 1.5e-12	32 3.3e-11	12 9.2e-8	S1-like

Deinococcus-thermus and Chlorolexi

Deinococcus radiodurans (NP_295706)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Dr_D1	47 5.4e-14	-22 4.0e-4	-8 4.8e-5	-7 1.3e-7	-12 1.3e-7	-13 8.5e-7	11 1.0e-7	ec1/hs1
Dr_D2	-46 1.5e-1	90 9.4e-27	-38 9.5e-3	-52 6.3e-3	-51 1.2e-3	-69 3.3e-1	17 3.0e-8	ec2/hs2
Dr_D3	§ 7.4e-7	-40 1.8e-2	132 1.5e-39	77 7.7e-23	94 3.2e-28	73 7.3e-22	58 2.8e-17	S1-like
Dr_D4	-7 1.5e-5	-31 2.4e-3	107 4.6e-32	185 1.9e-55	189 1.9e-56	161 3.2e-48	82 1.9e-24	ec5/hs5
Dr_D5	-19 2.7e-4	-24 5.6e-4	52 1.5e-15	112 1.2e-33	105 1.8e-31	86 1.5e-25	84 4.8e-25	S1-like

Thermus thermophilus (CAD30282)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Tt_D1	41 3.1e-12	-10 2.8e-5	14 5.2e-7	12 1.6e-9	-9 7.1e-8	-31 5.8e-5	20 1.3e-8	ec1/hs1
Tt_D2	-29 2.6e-3	99 8.8e-30	5 2.9e-6	-3 4.8e-8	-1 1.0e-8	-22 7.5e-6	51 3.1e-15	ec2/hs2
Tt_D3	2 1.8e-6	-39 1.4e-2	129 1.7e-38	94 3.6e-28	114 5.1e-34	95 2.5e-28	66 1.1e-19	S1-like
Tt_D4	-5 8.9e-6	-26 8.4e-4	102 2.1e-30	190 5.6e-57	193 4.9e-58	162 1.4e-48	81 3.0e-24	S1-like
Tt_D5	-13 6.2e-5	-8 1.8e-5	89 1.1e-26	139 1.5e-41	145 1.6e-43	124 5.1e-37	93 8.1e-28	hs4

Chloroflexus sp. (YP_002570790)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Ch_D1	7 5.6e-7	-59 1.1	-27 1.7e-3	-48 2.5e-3	-57 4.8e-3	-55 1.3e-2	-26 6.4e-4	ec1/hs1
Ch_D2	-53 7.4e-1	15 1.2e-7	-41 2.7e-2	-56 1.5e-2	-63 2.1e-2	-65 1.5e-1	-2 2.4e-6	ec2/hs2
Ch_D3	-18 2.0e-4	-42 2.7e-2	121 3.2e-36	105 2.1e-31	107 3.8e-32	89 1.4e-26	39 2.0e-11	ec3
Ch_D4	-33 6.5e-3	-32 3.0e-3	34 6.3e-10	72 1.4e-21	62 2.1e-12	42 2.1e-12	71 2.6e-21	S1-like

Thermotogae

Thermotoga maritima (NP_229244)

	Dom1	Dom2	Dom3	Dom4	Dom45	Dom5	Dom6	reference
Tm_D1	25 7.4e-9	-14 6.2e-5	-25 1.4e-3	-22 5.9e-6	-18 5.7e-7	-32 6.8e-5	3 7.1e-7	ec1/hs1
Tm_D2	-56 1.3	37 7.2e-11	-25 1.1e-3	-40 3.9e-4	-50 9.1e-4	-66 1.6e-1	-33 3.1e-3	Ec2/hs2
Tm_D3	-27 1.5e-3	3 1.4e-6	50 1.0e-14	52 1.9e-15	56 9.5e-17	43 7.3e-13	59 1.9e-17	S1-like
Tm_D4	-11 3.7e-5	2 1.6e-6	48 3.1e-14	106 8.8e-32	108 2.0e-32	88 3.2e-26	88 3.2e-26	S1-like
Tm_D5	-5 8.6e-6	26 1.0e-8	74 4.9e-22	139 1.6e-41	144 3.8e-43	118 2.9e-35	89 1.2e-26	S1-like
Tm_D6	-10 2.7e-5	0 3.0e-6	-10 5.5e-5	24 9.1e-11	17 1.5e-10	-26 2.0e-5	28 1.9e-9	NF