

	OxyR (A)	OxyR (B)	OxyR (C)
	ATAGxTxxxAxCTAT	ATAGxTxxxAxCTAT	ATAGxTxxxAxCTAT
	** * * * *	*** ****	** * * *
	<u>GATC-1</u> <u>GATC-2</u>		<u>GATC-3</u> <u>GATC-4</u>
	*** * * * * *	*** * **** *	***** ** * * * * * *
SeHA SL476_II	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SEN P125109_I	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM LT2_I	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM D23580_II	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM DT104_II	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM 14028_I	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM DT2_I	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM SL1344_I	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SG 287/91_I	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAACTTTAAACTATTGAATACCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SeSa CVM19633	-GCCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STY CT18_I	-GCTCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGACAACAATAAGTTCAAGCTATCAAATATAACATTATTGATCGTTTATATCGAAAAAAGCAATTTGTAGTACTATACTCCAGACCTTCCGAA		
STY TY2_II	-GCTCCAATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAAGACAACAATAAGTTCAAGCTATCAAATATAACATTATTGATCGTTTATATCGAAAAAAGCAATTTGTAGTACTATACTCCAGACCTTCCGAA		
SPB	-GCCTCAATCGATCGATAACAACGATCAATTAATAATATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAATCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SN SL254_I	-GCCTCAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAATAATATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAATCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SeAg SL483_I	-GCCTCAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAATAACATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAATCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SCH SCB67_III	-GCCTCAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAATAATATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPC RKS4594_II	-GCCTCAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAATAATATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SIN S1326/28_II	-ATACCTATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAATATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGTTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SHAD 18_I	-ATACCTATTGATCGGTAACAACGATCAATTAATAATATAACAATAAGTTTAAACTATCAAATATCACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAATCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
Phi ST104	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGAGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGTTTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGTAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
STM DT104_I	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGAGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGTTTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGTAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
Phi ST64T	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGAGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGTTTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPA 9150_II	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGCGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGATTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPA 9150_III	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGCGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGATTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPA 12601_II	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGCGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGATTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPA 12601_III	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACGCGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGATTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SeD CT02021853_I	-ATACCTATTGATCGGTAACAGCGATCAATTAACGAGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGTTTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SeD CT02021853_II	-ATACCTATTGATCGGTAACAGCGATCAATTAACGAGCAACAATAACTTTAAACTATCAAAGTTTACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPA 9150_I	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
SPA 12601_I	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
STY CT18_II	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
STY TY2_I	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
SEN P125109_II	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
SG 287/91_II	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
SeDu CT02021853_III	-ATACCAATTGATCGGTAATATCGATCAATATATTA AAAACTCAATAGCTTAAA ACTATTA AAAATACAATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
SCH SCB67_II	-ATATCAATCTATCTATTTTAAACAATCAATTAAGTAATTACTATATGTA AAAACTATTA AACAAATGATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SPC RKS4594_I	-ATATCAATCTATCTATTTTAAACAATCAATTAAGTAATTACTATATGTA AAAACTATTA AACAAATGATTATTGATCGTTTATATCGATCAAAGCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SIN S1326/28_I	-ATATCAACCTATCGATTGCAACGATCGATTAAATGTTGATGATGTTGTAAGCTATCAAACATGATTATTGATCGTTTATATCGATCAAATCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
Phi P22	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACATGCAATTAATAGATA AAAACTATCAAATTATACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
SeHA SL476_I	-ATAAAAATCGATCGGTAACAACGATCAATTAACATGCAATTAATAGATA AAAACTATCAAATTATACATTATTGATCGTTTATATCGATCAAACCAATTTGTAGTGCTACACTCCAGACCTTCCGAA		
S. bongori IP1387/73	-CTAAAGATTGATCGATATCAACGATCAATCAACCAATTTTATAATAGCTATAAACTATCTTATATTGCATTATTGATCGTTAATATCGATCAAAGCAATTTGTAATGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
S. bongori IP4327/84	-CTAAAGATTGATCGATATTAACGATCAATCAACCAATTTTATAATAGCTATAAACTATCTTATATTGCATTATTGATCGTTAATATCGATCAAAGCAATTTGTAATGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		
S. bongori IP4770/84	AATAAAG-CTGATCGATATTAACGATCAATGACCATTTTATAATAGGCAATACTATCTTATATCACATTATTGATCGTTAATATCGATCAAAGCAATTTGTAATGCTACACTCCAGACCTTCTGAA		

Figure S1.