

**Table S4.** Identity values of dipeptide substrate-binding proteins from different Gram-negative bacteria calculated by Clustal Omega.<sup>a</sup>

		<b>A</b>	<b>B</b>	<b>C</b>	<b>D</b>	<b>E</b>	<b>F</b>	<b>G</b>	<b>H</b>	<b>I</b>	<b>J</b>	<b>K</b>	<b>L</b>	<b>M</b>	<b>N</b>
<b>A</b>	NikA <i>Escherichia coli</i> (AAB18451)	<b>100</b>	21	24	24	23	24	25	25	24	24	25	26	26	26
<b>B</b>	DppA5 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (YP_793791)	21	<b>100</b>	<b>64</b>	<b>64</b>	53	52	41	41	45	44	42	45	44	43
<b>C</b>	BDL_1606 <i>Burkholderia pseudomallei</i> (YP_008341763)	24	<b>64</b>	<b>100</b>	<b>99</b>	53	46	47	47	48	45	43	43	42	44
<b>D</b>	NikA <i>Burkholderia pseudomallei</i> (WP_004530979)	24	<b>64</b>	<b>99</b>	<b>100</b>	52	46	47	47	48	45	43	43	42	44
<b>E</b>	DppA4 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (YP_792847)	23	53	53	52	<b>100</b>	59	47	47	49	47	44	49	49	51
<b>F</b>	DppA2 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (YP_792842)	24	52	46	46	59	<b>100</b>	46	46	48	46	41	44	44	47
<b>G</b>	DppA <i>Burkholderia pseudomallei</i> (YP_106876)	25	41	47	47	47	46	<b>100</b>	<b>100</b>	<b>66</b>	<b>64</b>	45	55	55	51
<b>H</b>	DppA <i>Burkholderia pseudomallei</i> (WP_004534193)	25	41	47	47	47	46	<b>100</b>	<b>100</b>	<b>66</b>	<b>64</b>	45	55	55	51
<b>I</b>	DppA1 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (YP_792841)	24	45	48	48	49	48	<b>66</b>	<b>66</b>	<b>100</b>	<b>83</b>	46	51	51	54
<b>J</b>	DppA3 <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (YP_792845)	24	44	45	45	47	46	<b>64</b>	<b>64</b>	<b>83</b>	<b>100</b>	46	51	51	52
<b>K</b>	HbpA <i>Haemophilus influenzae</i> (P33950)	25	42	43	43	44	41	45	45	46	46	<b>100</b>	53	53	49
<b>L</b>	DppA <i>Escherichia coli</i> (NP_418001)	26	45	43	43	49	44	55	55	51	51	53	<b>100</b>	<b>100</b>	54
<b>M</b>	DppA <i>Shigella flexneri</i> (NP_709323)	26	44	42	42	49	44	55	55	51	51	53	<b>100</b>	<b>100</b>	54
<b>N</b>	DppA <i>Brucella abortus</i> (WP_006088507)	26	43	44	44	51	47	51	51	54	52	49	54	54	<b>100</b>

<sup>a</sup> Bold face numbers indicate an identity of more than 60%.