

Supporting material S1. Positional weighted matrices (PWMs) used to search the genomes for binding sites

CueR

a	c	g	t
0.46	-0.15	-0.15	-0.15
-0.21	0.40	0.02	-0.21
-0.23	0.38	-0.07	-0.07
-0.21	0.02	-0.21	0.40
-0.15	-0.15	-0.15	0.46
0.08	0.22	0.03	-0.33
0.07	0.32	-0.27	-0.12
0.15	0.34	-0.24	-0.24
0.10	0.08	-0.06	-0.12
-0.30	0.11	-0.08	0.27
-0.03	-0.08	0.04	0.07
0.23	-0.14	0.21	-0.30
-0.17	0.04	0.01	0.12
-0.14	-0.29	0.26	0.17
-0.06	-0.28	0.31	0.03
-0.32	0.12	0.24	-0.04
0.46	-0.15	-0.15	-0.15
0.36	-0.23	0.10	-0.23
-0.23	-0.07	0.38	-0.07
-0.25	0.18	0.32	-0.25
0.01	-0.10	-0.17	0.26

=MinScore=5.1, MaxScore=6.1

===== Training Set: =====

01	6.12	accttccccttgctggaaggt
29	6.06	accttcccacagtgggaaggt
24	6.02	accttgccatggcggaaggt
36	6.00	accttcccattattggaagga
26	5.98	accttcccgttgctggaaggt
17	5.91	accttaccatgatggcaagct
15	5.87	accttacccttgaggaaggt
07	5.86	accttcaccttgctggaaggt
37	5.85	accttaccattggtggaagga
30	5.83	accttccaatggtggtaaggt
05	5.82	accttcccacaatggcaagct
23	5.78	accttaccctcatgggaagga
03	5.73	acctaaccttgctggaaggt
02	5.71	accttcccgttaaggggaagga
21	5.71	accttcccattgatgggaatct
34	5.69	accttcccattcatgggaagcc
04	5.69	accttcccgttagggcagggt
11	5.67	agcttccccttaggggaagct
10	5.67	agcttccccttaggggaagct
08	5.66	accttccccccagggggagggt
28	5.65	accttccagtcgctggaaggt

22	5.53	accttaccatgatgtcaagga
19	5.52	accttcccgctggggcagggt
18	5.46	acgttccccttgatggaaggt
35	5.46	accttgccacgatggaagcc
38	5.43	accttccaacggttgaaggg
09	5.43	accttcccctaagaggagggt
06	5.42	accttccaacactggcaaggt
32	5.40	accttgctctgatggcaagct
20	5.40	accttacaatcatgacaaggt
16	5.37	accctccccttgctagaaggt
39	5.37	accttccaacgatgggaacct
12	5.37	accttccattaactgtaaggt
27	5.36	accttccatgggctggaaggt
31	5.31	accttgctgctgctggcaaggt
33	5.30	accttgccatgatgttagggt
13	5.28	actttaaccttgctggaaggt
14	5.11	accttaaccctaggtcaagct
25	5.09	accctgacatgatgtcaaggt

MerR

Proteobacteria

a	c	g	t
0.36	0.00	-0.18	-0.18
-0.20	0.33	-0.20	0.07
-0.18	0.00	-0.18	0.36
-0.14	0.42	-0.14	-0.14
-0.18	0.36	-0.18	0.00
-0.14	-0.14	0.42	-0.14
-0.14	-0.14	-0.14	0.42
0.42	-0.14	-0.14	-0.14
-0.18	0.36	0.00	-0.18
0.05	0.05	-0.28	0.18
0.01	0.01	-0.26	0.24
0.09	-0.13	-0.05	0.09
0.21	-0.22	0.24	-0.22
-0.22	0.18	0.26	-0.22
-0.14	-0.14	-0.14	0.42
0.42	-0.14	-0.14	-0.14
-0.14	0.42	-0.14	-0.14
-0.14	-0.14	0.42	-0.14
-0.18	0.00	0.36	-0.18
0.31	-0.04	-0.04	-0.23
0.18	0.00	0.10	-0.28
-0.06	-0.01	0.04	0.04

=MinScore=5.6, MaxScore=7.0

===== Training Set: =====
06 6.99 actccgtacttaagtacggaag
02 6.88 actccgtacattggtacggaag

01	6.79	actccgtacataactacggaag
05	6.78	actccgtacttgactacggaag
08	6.67	attccgtactttggtacggagt
07	6.65	actccgtaccttggtacggacc
13	6.48	actccgtacatcggtacggaga
12	6.44	actccgtactatggtacggcat
11	6.42	actccgtacttgagtacggggt
03	6.33	accccgtaacctaactacggaaa
09	6.20	actccgtactcaggtacgcacc
10	6.18	actctgtaccatgctacggaac
04	5.63	cttccgtagtcaactacggagt

Firmicutes

a	c	g	t
0.39	-0.13	-0.13	-0.13
-0.13	0.39	-0.13	-0.13
-0.18	0.28	-0.18	0.08
0.03	0.03	0.16	-0.23
-0.13	-0.13	-0.13	0.39
-0.13	-0.13	0.39	-0.13
-0.13	-0.13	-0.13	0.39
0.39	-0.13	-0.13	-0.13
-0.13	0.39	-0.13	-0.13
-0.18	0.08	-0.18	0.28
0.28	-0.18	-0.18	0.08
-0.13	-0.13	-0.13	0.39
0.19	-0.19	0.19	-0.19
-0.13	-0.13	0.39	-0.13
-0.13	-0.13	-0.13	0.39
0.39	-0.13	-0.13	-0.13
-0.13	0.39	-0.13	-0.13
0.39	-0.13	-0.13	-0.13
0.03	-0.23	0.16	0.03
-0.13	-0.13	0.39	-0.13
-0.13	-0.13	0.39	-0.13
-0.13	-0.13	-0.13	0.39

=MinScore=6.7, MaxScore=7.6

===== Training Set: =====

01	7.59	accgtgtactatagtacagggt
04	7.47	accgtgtactatggtacatggt
02	7.47	accctgtactatggtacagggt
03	6.74	actatgtaccttagtacaagggt

CadR-PbrR

a	c	g	t
0.42	-0.14	-0.14	-0.14

-0.14	0.42	-0.14	-0.14
-0.22	0.28	-0.22	0.15
-0.07	0.22	-0.26	0.11
-0.14	-0.14	-0.14	0.42
0.23	-0.22	0.21	-0.22
-0.20	-0.20	0.07	0.33
0.42	-0.14	-0.14	-0.14
0.00	-0.18	0.36	-0.18
-0.20	0.07	-0.20	0.33
0.17	-0.26	0.17	-0.08
0.20	-0.26	0.14	-0.08
-0.14	0.42	-0.14	-0.14
-0.14	-0.14	-0.14	0.42
0.24	-0.07	-0.25	0.08
-0.25	0.24	-0.07	0.08
0.36	-0.18	0.00	-0.18
0.12	-0.21	0.30	-0.21
0.12	-0.21	0.30	-0.21
-0.14	-0.14	0.42	-0.14
-0.04	-0.04	-0.22	0.30

=MinScore=5.6, MaxScore=6.7

==== Training Set: =====

07	6.75	accctatagtggctacagggt
06	6.64	accttatagtagctacagggt
16	6.52	accctgtagcaactacagggt
08	6.49	accctatagtaactccagggt
09	6.45	accttgtagtggcttcagggt
02	6.36	actctatagtaactagagggt
11	6.32	actctatagtaactatagagt
05	6.17	actatgtagtgactacaagggt
14	6.00	accttggagtggcttcaagggt
01	5.97	actctatagtgactatagaga
13	5.94	accttatagtagctataaggc
15	5.87	accctgtaatgactacggagt
12	5.57	accctggagcttcttcagggt

CadR-PbrR-like

a	c	g	t
0.24	0.21	-0.23	-0.23
0.17	-0.07	-0.27	0.17
-0.25	0.26	0.04	-0.05
-0.14	0.43	-0.14	-0.14
-0.14	-0.14	-0.14	0.43
0.14	0.30	-0.22	-0.22
-0.21	0.09	-0.21	0.33
0.43	-0.14	-0.14	-0.14
-0.14	-0.14	0.43	-0.14
-0.03	-0.03	-0.23	0.30

-0.11	0.16	0.05	-0.11
0.27	-0.22	0.18	-0.22
-0.14	0.43	-0.14	-0.14
-0.14	-0.14	-0.14	0.43
0.33	-0.21	0.09	-0.21
-0.19	-0.19	0.37	0.01
0.43	-0.14	-0.14	-0.14
-0.14	-0.14	0.43	-0.14
0.08	0.01	0.19	-0.28
0.23	-0.26	-0.06	0.09
0.11	0.07	-0.29	0.11

=MinScore=4.3, MaxScore=6.5

===== Training Set: =====

02	6.50	aacctctagtcactagagcaa
07	6.49	ctcctctagtgactagaggac
06	6.48	ctcctatagtcactagaggaa
09	6.38	ctcctctagttactagaggat
05	6.36	aagctctagtcgctagaggaa
10	6.33	atcctctagtcgctagagatt
01	6.17	aagctctagtgactagagcaa
08	6.06	ctcctctagtcgctggagatt
11	6.04	aacctctagccactagagatc
04	5.91	aacctacagtagctagaggat
03	4.31	cctctacagagactgtagggc

HMRTR

Gammaproteobacteria

a	c	g	t
0.40	-0.13	-0.13	-0.13
-0.13	0.40	-0.13	-0.13
-0.20	0.23	-0.20	0.18
-0.20	0.18	-0.20	0.23
-0.13	-0.13	-0.13	0.40
-0.01	-0.23	0.25	-0.01
0.04	-0.18	0.33	-0.18
0.40	-0.13	-0.13	-0.13
-0.18	0.04	0.33	-0.18
-0.18	0.04	-0.18	0.33
0.08	-0.03	-0.24	0.19
0.18	-0.20	0.23	-0.20
0.33	-0.18	0.04	-0.18
-0.13	0.40	-0.13	-0.13
-0.13	-0.13	-0.13	0.40
-0.13	0.40	-0.13	-0.13
-0.18	0.33	-0.18	0.04
0.40	-0.13	-0.13	-0.13
0.28	-0.20	0.12	-0.20
-0.01	-0.01	0.25	-0.23

```

-0.13  -0.13   0.40  -0.13
-0.13  -0.13  -0.13   0.40
=MinScore=6.3, MaxScore=7.2
*****
===== Traning Set: =====
      02   7.18 actctggagttgactccaaggt
      04   6.99 accttgaagttgactccaaggt
      05   6.94 accttggagttactctaaggt
      07   6.87 accttggagtaggctccaaggt
      01   6.55 actctggagtcgactccagagt
      03   6.43 accttagagctaactccaacgt
      06   6.31 actcttgactaaactccaggt

```

Cyanobacteria

```

      a      c      g      t
0.40  -0.13  -0.13  -0.13
-0.13  0.40  -0.13  -0.13
-0.02  -0.02  -0.23  0.26
-0.18  0.33  -0.18  0.03
-0.13  -0.13  -0.13  0.40
0.05  0.16  0.05  -0.26
-0.21  0.21  -0.21  0.21
0.40  -0.13  -0.13  -0.13
-0.13  -0.13  0.40  -0.13
-0.13  -0.13  -0.13  0.40
-0.20  0.11  -0.20  0.29
0.21  -0.03  -0.24  0.06
0.25  -0.21  0.16  -0.21
-0.13  0.40  -0.13  -0.13
-0.13  -0.13  -0.13  0.40
0.21  -0.21  0.21  -0.21
-0.23  -0.02  0.26  -0.02
0.40  -0.13  -0.13  -0.13
-0.13  -0.13  0.40  -0.13
0.29  -0.20  0.11  -0.20
-0.03  0.06  0.21  -0.24
-0.13  -0.13  -0.13  0.40
=MinScore=5.9, MaxScore=7.1
*****
===== Traning Set: =====
      02   7.13 actctctagttactggagagt
      08   7.05 actctctagttagctggagagt
      03   7.05 actctctagttagctggagagt
      06   6.69 actctacagtctactagagagt
      04   6.69 actctgcagtcactagagact
      05   6.44 actctacagtttactacagact
      07   6.18 aactccagttcactggaggat
      01   5.89 accttgtagttagctataggt

```

Actinobacteria

a	c	g	t
0.41	-0.14	-0.14	-0.14
-0.14	0.41	-0.14	-0.14
0.12	0.28	-0.20	-0.20
-0.14	-0.14	-0.14	0.41
-0.14	-0.14	-0.14	0.41
-0.18	0.33	0.04	-0.18
-0.03	0.20	-0.25	0.08
0.28	0.12	-0.20	-0.20
-0.20	0.12	0.28	-0.20
-0.20	0.12	-0.20	0.28
-0.18	0.04	0.33	-0.18
-0.20	0.28	-0.20	0.12
0.28	-0.20	0.12	-0.20
-0.03	0.20	0.08	-0.25
-0.01	-0.23	-0.01	0.25
-0.03	-0.25	0.20	0.08
-0.18	0.04	0.33	-0.18
0.41	-0.14	-0.14	-0.14
0.41	-0.14	-0.14	-0.14
-0.18	0.04	0.33	-0.18
-0.14	-0.14	0.41	-0.14
-0.14	-0.14	-0.14	0.41

=MinScore=5.8, MaxScore=6.8

===== Training Set: =====

01	6.82	accttcccctgcactggaaggt
07	6.79	accttctagtgcactagaaggt
06	6.59	acattccagtgcgatggaaggt
03	6.44	acattccagtgtaggggaaggt
05	6.36	accttccccgcactggaacgt
02	6.18	accttcaagcctacttgaaggt
04	5.77	accttgtagtgcggatcaaggt