

Table S2

Putative TosR binding motif: WTWWWTWTWWWTWAAWKWTATKAWTDTD

Top 25 genes upregulated in response to <i>tosR</i> overexpression				
Gene locus	Gene name	Putative DNA binding sequence (5' → 3')	Start ^a	P value ^b
c0359	<i>tosR</i>	AACAATAATATCTATAATATAGATATTAT	254	1.32E-07
c4594	c4594	ATATATTTTATATTTATAGTTTGATTGTT	181	2.40E-06
c0092	c0092	ATTATTGATCAATTAATGTTAAGAATTAA	117	1.42E-08
c4208	<i>aufF</i>	TTAATATATACCATTAATATATATTAAT	3985	2.43E-07
c4924	c4924	CTTATAAAACAAATATATAAATATTTTAT	78	1.23E-06
c4212	<i>aufC</i>	TTAATATATACCATTAATATATATTAAT	1954	2.43E-07
c4210	<i>aufD</i>	TTAATATATACCATTAATATATATTAAT	4659	2.43E-07
c4213	<i>aufB</i>	TTAATATATACCATTAATATATATTAAT	1138	2.43E-07
c4214	<i>aufA</i>	TTAATATATACCATTAATATATATTAAT	360	2.43E-07
c3791	<i>yqiL</i>	ATTACTAATTAATAATATAAATTAATAAG	342	4.81E-07
c2884	<i>yfcV</i>	TATATTTATTGATTTAATTAATTAAT	365	3.46E-08
c4423	c4423	ATAATTAATTATTTAAATTTTCAATCAG	299	7.40E-07
c3724	<i>pitB</i>	- ^c	-	-
c4209	<i>aufE</i>	TTAATATATACCATTAATATATATTAAT	5077	2.43E-07
c4589	<i>yicP</i>	-	-	-
c0325	c0325	TTTTTTTCTTAATATCATTAAATAAATTTA	97	4.31E-07
c0360	<i>tosC</i>	AACAATAATATCTATAATATAGATATTAT	254	1.32E-07
c0322	<i>efuD</i>	CATATTGATATAGTTAACTAATTATCTAT	288	3.14E-06
c5444	<i>yjjQ</i>	ATTATTTAATTATAAATTAATGAATGAG	258	1.52E-09
c0323	<i>efuE</i>	CATATTGATATAGTTAACTAATTATCTAT	1732	3.14E-06
c2408	c2408	TGTTAGTTATTTTAAAAAATATAAACTTT	71	6.17E-06
c3178	c3178	CAGAATGACACGTTTTATTAATAAATAAA	42	1.17E-07
c1936	c1936	-	-	-
c0435	c0435	-	-	-
c4894	<i>tsx</i>	-	-	-
Top 25 genes downregulated in response to <i>tosR</i> overexpression				
Gene locus	Gene name	Putative DNA binding sequence (5' → 3')	Start	P value
c1684	<i>narK</i>	TTAAATGAGCAATAACCTTAATGAATGTG	282	2.16E-07
c2330	<i>sdiA</i>	ATAAATTATATATAAATCTTATTTATGTG	56	2.21E-09
c3655	c3655	-	-	-
c1682	<i>narX</i>	CACATTCATTAAGGTTATTGCTCATTTAA	21	2.16E-07
c5187	<i>papH2</i>	-	-	-
c3998	<i>yhcS</i>	TGTAGATTGATATTTAATATATTAACGTA	58	4.44E-06

c1241	<i>focC</i>	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	1971	4.07E-06
c2998	<i>yffB</i>	TTTAATGTTATTTAATAGTTGTTAATTTG	100	3.00E-08
c1240	<i>sfaD</i>	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	1406	4.07E-06
NA ^d	<i>papB</i>	AATATTTACAACATAAAAAACTAAATTTA	67	1.81E-06
NA	<i>papB2</i>	-	-	-
c2701	<i>yeiC</i>	-	-	-
c5180	<i>papF2</i>	-	-	-
c5188	<i>papA2</i>	-	-	-
c3733	<i>hybA</i>	-	-	-
c3591	<i>papH</i>	AATATTTACAACATAAAAAACTAAATTTA	1224	1.81E-06
c1244	<i>focG</i>	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	5928	4.07E-06
c5333	<i>pmbA</i>	-	-	-
c1245	<i>focH</i>	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	6382	4.07E-06
c1246	c1246	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	7696	4.07E-06
c2158	<i>ynjE</i>	-	-	-
c1243	<i>focF</i>	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	5379	4.07E-06
c1681	<i>narL</i>	CACATTCATTAAGGTTATTGCTCATTTAA	1744	2.16E-07
c3584	<i>papF</i>	AATATTTACAACATAAAAAACTAAATTTA	6942	1.81E-06
c1239	<i>focA</i>	CATGTTTACAACATAAAAAACTAAATATA	778	4.07E-06

^aNo. of bp upstream of ATG of the listed gene.

^bSite *P* value as determined by Multiple Em for Motif Elicitation (MEME).

^c-, no consensus sequence identified.

^dNA, not annotated.