

WP 9828265461 Exiguidate imm, markum WP 268282646 Exiguidate imm, markum WP 2683261 Exiguidate imm, sp. WP 2683261 Exiguidate imm, sp. WP 2673261 Exiguidate imm, sp. WP 171459741 Exiguidate imm, sp. WP 171459741 Exiguidate imm, sp. WP 171459716 Exiguidate imm, massilense WP	ASTIQI CKE GYVAIFE AAKIKI CKE GYVAIFE AKKIKI CKE GYVAIFE SNNVKI CKE GYVAIFE INSYKI CKE GYVAIFE INSYKI CKE GYVAIFE INSYKI CKE GYVAIFE INSYKI CKE GYVAIFE INSYKI CKE GYVAIFE INSISI CKG GYAIFE INSISI CKG GYAIFE ASSINI CKG YSIFE ASSINI CKG YSIFE ASSINI CKG YSIFE ASSINI CKG YSIFE ASSINI CKG YSIFE ASSINI CKG YSIFE ASSINI CKG YSIFE ASSISI CKG GYSIFE INGINI CE TG FASLE INGINI CE TG FASLE INGIN	• A L A L Q V Y H P	AGEK A.B. C D. W. YSL. Y. AG M. POET AS. G D. W. YSL. Y. AG M. POET AS. G D. W. YSL. Y. AG M. POET AS. G S. W. YSL. Y. AG M. POET AS. G D. W. YSL. Y. AG M. POET AS. G D. W. YSL. Y. AG M. POET AS. G D. W. YSL. Y. AG M. POET AG. G D. W. YSL. Y. AG M. POET AG. S W. YSL. Y. AG M. POET AG. S M. O. S. Y. Y. AG M. POET AG. S M. YSL. Y. KM L. AG T. POET AG. S M. YSL. Y. KM T. AG M. POET AG. S M. YSL. Y. M. Y. S M. AG. AT. G S. YL. YOL. Y. T. S M. AG. AG AG. YS. YOL. Y. T. S M. AG. T. AT. G. S FL - KOL. Y. S M. AG AG. YS M. N. N. AG M. AG. T. AT. G. S. FL - KOL. Y. S M. AG AG. YS M. N. N. N. N. S. C B. AG. T. AT. E. S FY. ONL. Y. T. S M. AG AG. YS. AM. S. M L. G M. AG. T. AT. E. S FY. ONL. Y. S M. AG AG. YS. AM. S. M L. G F. AG. T	<pre>EG LGA - T - EN - GE - GVEKAFA NP TGK GG RFSY - L - FE - DE - DKGMDFM NNLTGY GG GFSY - L - FE - DE - DKGMDFM NGLTGY GE GG RFSY - L - FE - DE - DKGMDFM NGLTGY GE GG RFSY - L - FE - DE - DKGMDFM NNLTGY GE GG RFSY - L - FE - DE - DKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GE GFSY - L - FE - NE - GKGMDFM NNLTGY GG FSY - V - FE - NE - DKGMDFM NNLTGY GG FSY - V - FE - NE - DKGMDFM NNLTGY GG GFDY - V - ND - GG - DKKAYFY NNLTGY ISG GFDY - V - ND - GG - DKKAYFY NNLTGY ISG FSY - GA - GD - GKKAYFY NNLTGY ISG FSY - GA - FD - GE - DKLMAFA NELTGY ISG GFSY - N - FE - GD - DKLMAFA NELTGY ISG GFSY - N - FE - GD - DKLMAFA NELTGY ISG FSY - GA - FD - GE - DKLMAFA NELTGY ISG FFY - V - MD - GG - SKKAWAFT NNLTGY IGG FFI - N - ED - GK - DKLMAFT NNLTGY IGG FFI - N - ED - GK - DKLMAFT NNLTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMAFT NNLTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMAFT NNLTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMAFT NNLTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMAFT NNLTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMAFT NNLTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMYTY NELTGY ISG FFY - V - FD - GD - DKLMYTY NELTGY ISG TFY - V - FD - GD - DKLMYTY NELTGY ISG TFY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TFY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TFY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TFY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TFY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG TYY - V - FD - GD - DKLMFYT NELTGY ISG</pre>	
 WP_042222380 Oceanobacillus_manasiensis WP_042529885 Oceanobacillus_oncorhynchi WP_052484900 Oceanobacillus_oncorhynchi WP_042529883 Oceanobacillus_oncorhynchi WP_042529883 Oceanobacillus_oncorhynchi WP_119575212 Oceanobacillus_picturae GEN87717 Oceanobacillus_sojae WP_077601768 Oceanobacillus_sojae WP_077601769 Oceanobacillus_sojae WP_077601769 Oceanobacillus_sojae WP_077601769 Oceanobacillus_sojae WP_077601769 Oceanobacillus_sojae WP_08872996 Oceanobacillus_sojae WP_080872996 Oceanobacillus_spCastelsardo WP_080876222 Oceanobacillus_timonensis WP_080876222 Oceanobacillus_aceti WP_082111052 Paenibacillus_algorifonticola OME95676 Paenibacillus_amylolyticus WP_091018470 Paenibacillus_amylolyticus WP_123063385 Paenibacillus_anylolyticus WP_127194152 Paenibacillus_anericanus WP_08652601 Paenibacillus_antarcticus WP_044482185 Paenibacillus_astamensis 	VDEINIGKEGYVFLLG ASGIQIGENGYAMLLG ASTVEIGENGYALLG VSEMSIGENGYALLG ASEVSIGQNGYALLG ASEVSIGQNGYALLG VSEMSIGKNGYALLG VSEMSIGKNGYALLG ASGVQIGKNGYALLG ASGVQIGKNGYALLG ASGVQIGKNGYALLG ASGVEIGESGYPVLLG ASSVEIGESGYPVLLG ASSVEIGESGYPVLLG ASSVEIGESGYPVLLG ASSVEIGENGYPILLG ASEVKIGEGGYMFLLG -SSTKLGERGYIVVMG -QNVKIGSEGFVLMG QASIKVGKEGYVIIMG QASIKVGKEGYVIIMG QASIKVGKEGYVIIMG QASIKVGKEGYVIIMG VSGIKVGEQGYMVLLG -NKIKIGENGYIVVIG -NKIKIGENGYIVVIG -NKIKIGENGYIVVIG -NKIKIGENGYIVVIG -NKIKIGENGYIVIG -NKIKIGEGYVILG -SGIRLGEHGYVVIG -NVEIGNEGYVILG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIIG -NVEIGNEGYVIG -NV	0 ENSHYITHP -S -NE 0 ETQHFIYHP -T -VD 0 -REGTVIFHP -D -VD 0 -RONNFIYHP -E -VD 0 -QQGKYVYHP -T -NE 0 -QQGKYVYHP -T -NE 0 -QQGKYVYHP -T -SE 0 -QQGKYVYHP -T -SE 0 -TNQNFIYHP -D -SE 0 -TOQNFIYHP -D -SE 0 -TOQNFIYHP -D -SE 0 -TOQNFIYHP -T -SE 0 -TOQNVIYHP -T -SE 0 -TONKNYVSP -V -VD 0 -TOKKYIYHP	A G S E - A T - Q - E - FM - KD L - Y - KS - N I G N E - TD - E - S - FY - DH L - Y - ES - N VG TQ - LE - E - A - FT - SS I - L - EQ - E A G S E - A - FT - A - P - FM - ED L - Y - AS - V T G E - A D - G - S - TL - GTM - F - DN - E I G E - AS - E - A - FY - NSL - Y - DS - G A G S E - A - E - D - FF - DKL - Y - ES - E A G T E - AA - E - D - FF - DKL - Y - S - AQ - D A G T E - AA - E - D - FY - QNM - Y - DN - D A G T E - AA - E - D - FY - QMM - Y - DK - D A G T E - AA - E - D - FY - QMM - Y - DK - D A G T E - AG - Q - A - FY - QNM - Y - DK - D A G T E - AG - Q - A - FY - QNM - Y - DK - D A G T E - AG - Q - A - FY - QNM - Y - DK - D A G T E - AG - Q - A - FY - QNM - Y - DK - D A G T E - AT - E - S - FL - EEL - Y - KT - T - A G T E - AT - E - S - FL - EEL - Y - KT - T - A G T P - I N - N - E - GI - QA - L - DEM - Y - EG - S - A G T P - ET - S - G - LL - DEM - Y - EG - S - A G T P - ET - S - G - LL - DEM - Y - EG - S - A G T P - EA - S - G - LL - DEM - Y - EG - S - A G T P - EA - S - G - LL - DEM - Y - EG - S - A G T P - EA - S - G - LL - DEM - Y - EG - S - A G T P - S - S - T - V - Q N - Y - N - E - A G T P - EA - S - G - LL - DEM - Y - S - S - S - A G	IN GMFDY K - ME - GD - KKKLAFT TNE TTGW ITGE FEY N - YQ - DT - DK I MVYG TNE L TGW SGVLEY E - QD - NE - DK I LVYDSNDH TGW OSGTFDY D - YN - NM - SK I MVYD TNS L TGW (TGKFDY G - YD - GE - EKKLAFT TNTTSGW TGKFDY S - YD - NA - EK I MVYD TND L SGW SG EFEY N - YE - DT - DK I MVYD TNS L TGW OSG TFNY D - YK - NM - SK I MVYD TNS L TGW DAGAFEY T - EN - NE - SK I LVYD TDE FTGW DAGAFEY T - EN - NE - SK I LVYD TDE FTGW DAGAFEY T - EN - NE - SK I LVYD TDD FTGW DAGSFEY K - YN - DT - SKLMVYN TNSMTGW DSG TFNY - N - LD - G - EKKLAFA TND I TGW DAGSYEY T - FE - DT - SK I MVYQ TNE LSGW GE LEY EQ - GNDSH I LVHD TDP FTGW DAGSYEY - T - FE - DT - SK I MVYQ TNE LSGW SG FI NY - KSPVS - GN - DQRVYF I TNEWTGF DSG E LFY - NDP I N - NV - ERKAFYV TNKD TGL SG G LFY - NDP I N - NV - ERKAFYV TNKD TGL SG G FDY - V - FN - DE - PKMMI FS TNEATGW SG G FDY - V - FN - DQ - PKMMI FS TNEATGW SG TFDY - N - FN - DQ - PKMMI FS TNEATGW SG TFDY - NSP I T - GN - PQRGHFT TNDL TGF SG TLQT - T - VK - GE - GAKLIYT TNP L TGW SG FQEY - VNP TN - GD - QQSSYFT TNV L TGF SG TLQT - T - FE - GE - PKALVFT TNK TGW	WK I A G S MY QS E V E A A WK I A G T I D Y S E V KN N WK L G G T I D QS E V E A A WK L A G S ML QS E V D E A WK L A G T I D Y S E I QD E WK L A G T I D Y S E V A A WK L A G T I D Y S E V A A WK L A G T I D Y S E V A A WK L A G T MF D S E V A A WK I A G T MY QT E V ND A WK I A G T MY QT E V A A WK I A G T MY QT E V A A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MY D D E I K A WK I A G T MF KS E V D A WK I A G T MF KS E V D A WK I A G T MY T K E F E Q A WK I A G T MY T K E F E Q A WK I A G T MY T K E F E Q A WK I A G T MY T K E F E Q A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E V D A WK I A G T MY T S E
WP_060626014 Paenibacillus_etheri WP_060626246 Paenibacillus_etheri WP_148452849 Paenibacillus_forsythiae WP_084463201 Paenibacillus_forsythiae WP_084463201 Paenibacillus_forsythiae WP_068535685 Paenibacillus_forsythiae WP_025701956 Paenibacillus_forsythiae WP_025706209 Paenibacillus_graminis WP_025704744 Paenibacillus_graminis ANY76602 Paenibacillus_ihuae WP_054940863 Paenibacillus_ihuae WP_055106025 Paenibacillus_ihuae WP_055106025 Paenibacillus_ihumi WP_055106025 Paenibacillus_ihumi WP_055108835 Paenibacillus_jamilae WP_063209328 Paenibacillus_lactis WP_074648493 Paenibacillus_lactis WP_074648493 Paenibacillus_lactis WP_07128850 Paenibacillus_latus WP_125084285 Paenibacillus_latus WP_125084285 Paenibacillus_massiliensis WP_013886656 Paenibacillus_mucilaginosus WP_013916202 Paenibacillus_mucilaginosus WP_013916202 Paenibacillus_mucilaginosus WP_014372673 Paenibacillus_mucilaginosus WP_014372673 Paenibacillus_pabuli WP_06885267 Paenibacillus_pabuli WP_062322356 Paenibacillus_pabuli WP_062322356 Paenibacillus_pabuli <	TGKYTI GEQ GFAYIVE -ASLRLGNK GYVYIME -KNVEI GSK GYVYILE -DAKI GSQ GYVIMIE LVDLKV GKK GYILITE LSLIKI GDK GYVTILE -NNVKI GSD GYIFVVE LTNLKV GKE GYIFLVE LVEVKV GRE GYTMVLE -SNIKL GKD GYYFVVE LTSIKV GEQ GYIFIVE -EHVEI GSE GFVFLLE LSDIKV GKE GYAILLE QASIKV GKE GYIIME ITKLKI GQN GYIVIFE LTNIKV GKE GYIFLVE -EVQV GKE GYTMVLE -SGLKV GKE GYTMVLE -SGLKV GKE GYAILLE SGLHV GSE GFVFILE TKLAKI GSE GYAFILE MTNIKV GDH GYILIE ADTVEV GKQ GYAFILE TKLAKI GSE GYFFLE SIAI GKE GYIFIUE MTGLNKD KD RKLMLT -SVKL GEE GFVFLAE -SIAI GKE GYIFIE MTGLNKD KD RKLMLLT -SVKL GEE GFVFLAE -SIAI GKE GYVIIME NTTKI KV GRD GYVILE QASIKV GRD GYVILE VNTTKI GKK GYIVILE UNTTKI GKK GYIVILE NTNMKI GQE GYVILE VNKIKV GET GTVSILE VNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE CNK GKE GYVLLE CNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE TKLAKI GKK GYIVILE TNLKI GQN GYINIE CNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE CNKIK GET GYVLLE ITNLKI GQN GYINIE CNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE TTNLKI GKK GYNIE CNKIK GET GTVSILE UNKIKV GET GTVSILE TTNLKI GQN GYINIE CASIKV GRE GYVLIE TTNLKI GQN GYINIE CASIKV GRE GYVLIE CNKIK GET GTVSILE UNKIK GET GTVSILE UNKIK GET GTVSILE TTNLKI GQN GYINIE CASIKV GET GTVSILE TTNLKI GQN GYINIE CASIKV GET GTVSILE TTNLKI GQN GYINIE CASIKV GRE GYVLIE CNKIK GET GTVSILE	0 KTGKIIVHP -Q -LS 0 AAGKIVADP -T -VK 0 RGSKYTYHP -N -VK 0 RGKKYLVAR -D -VK 0 -GGKRFVVHP -T -VK 0 -KDQSYLVHP -T -VK 0 -KDQSYLVHP -T -VK 0 -KDQSYLVHP -T -VK 0 -SKKFLVHP -V -NK 0 -SKKFLVHP -V -VK 0 -SKKYLVHP -T -VK 0 -SKKYLVHP -V -VK 0 -SKKYLVHP -V -VK 0 -SKKYLVHP -T -VE 0 -SKKFLVHP -T -VE 0 -SKKKFLVHP -T	NGVE - AK - G - S - VY - DPL - F - KQ - E SGEP - AT - G - D - QV - AKI - L - AG - M PGAE - AT - A - E - YI - AEI - Q - AM - E - I GDT - AK - L - A - VV - ERM - F - KS - S - I GDT - AK - L - A - VV - ERM - F - KS - S - I GDT - AK - L - A - VV - ERM - F - QK - D - PG TK - NT - E - G - FN - SKF - Y - ES - D - AGDD - V - P - E - DV - IQL - L - DK - D - AGDD - V - P - E - A - WI - SRL - Y - EG - T - AGDD I - V - D - DV - AKL - L - VN - D - LGQE - ST - E - E - FV - KKM - F - ES - E - AGDD I - V - D - DV - AKL - L - VN - D - LGQE - ST - E - E - FV - KKM - F - ES - E - SGEK - TN - E - P - AE - LKM - Y - DE - D - SG TQ - ET - S - E - AL - DPM - F - AA - O - SG TQ - ET - S - E - AL - DPM - F - AA - O - SG TQ - ET - S - E - AL - DPM - F - AA - O - SG TQ - ET - S - E - AL - DPM - F - AA - O - SG TQ - ET - S - E - AL - DPM - F - AA - O - AG TDALAQ - E - A - WI - SKL - Y - EQ - P - P GED - AV - G - E - HI - PLI - Q - AM - D - AGTDALAE - E - T - WI - SKL - Y - EQ - P - P GED - AV - G - E - HI - PLI - Q - AM - D - AGEK - AS - E - S - AE - QRM - Y - ES - D - AGEK - AS - E - S - AE - QRM - Y - S - D - AGEK - AQ - G - D - W - VQNDN - Y - S - D	ET GQFEY T - EN - GE - GKRTIFE TSKLTGV (SGFMRY - TSPVT - GE - PQSSYYTTNELTR SGFIDY - KNELT - GH - PQRGYVV TNELTGU SDELDYVNE - ID - GK - QKKMYFV TNALTGV DSDTFNY T - YK - GE - EKSLTYKVNKLTGV DTGIVDY - E - FN - GL - SKRAVFV TNKLTGV DSGSFDY T - YN - NA - PKKLTYQVNGLTGV (EQGFHY - E - HN - GE - DKQLNY I TNERTGV DSGSLSY - TSPDT - GM - EMRGYYT TDKTGI SGSFNY - V - YK - DL - HKKMTYK LNDLTGV SGSFDY T - YN - NA - PQKLTYQVNGLTGV QEGSFDY T - YH - DD - SKMMIFS TNEATGV QEGSFDY T - YN - NA - PQKLTYQVNGLTGV QEGSFDY T - YH - DD - SKMMIFS TNEATGV QEGSFDY T - YN - NA - PQKLTYQVNGLTGV QEGSFDY T - YN - NA - PQKLTYQVNGLTGV QEGFFY V - YE - GQ - EKYLNYV TNKETGV PTGHFDY - V - HN - GI - EKQLDY I TNERTGV QEGYFFY V - SE - GE - HKYMTY I TNALTGV QEGYFFY V - SE - GE - HKYMTY I TNALTGV QEGYFFY - S - DE - GA - DKHMVFY TNESTGV QEGYFFY V - FK - DT - SKKMTFMVNELTGV QEGYFTY V - FK - DT - SKKMTFMVNELTGV QEGYFTY L - HN - GCD - KKMMFE TNESTGV QEGYFTY L - HN - GCD - SKTMIFS TNEETGV QEGYFTY S - SA - GN - DK - AVY TNATGV QEGYFTY L - HN - GCD - SKTMIFS TNEETGV (GESSLDY S - L - GV - GKNLIFK TNALTGV QEGYFTY L - HN - GCD - SKTMIFS TNEETGV (GESSFY - S - SA - GN - DK - AVY TNATGV QEGYFTY Y - FE - D - SKKMAYTTNKLTGV (EGSFSY - S - SA - GN - DK - AKMYTTNKLTGV (EGSFSY - S - SA - GN - DK - AKMYTTNKLTGV (EGSFYY Y - YE - GQ - PKYMNFA TNKLTGV (SGTYKT - Q - VN - GE - DARLIYTTOLTGV (SGTYKT - Q - VN - GE - DARLIYTTOLTGV (TGNFNY - T - LD - NK - AKEMFFT	WK LAG TMMYSEI F C P FKIVGVLETNEFTEA KIGGTWYLDEVKEFAEA WKIGGTWYLDEVKEFSDA WKIGGTISKSEVTAA WKIGGTISKSEVTAA WKIGGTISKSEVTAA WKIGGTISKSEVTAA WKIGGTISKSEVTAA WKIGGTISKSEVEAA WKIGGTISKSEVEAA WKIGGTISKSEVEAA WKIGGTISKSEVEAA WKIGGTISKSEVEAA WKIGGTMFQSELSHA WKIAGTMYKEVAA WKIAGTMYKAA

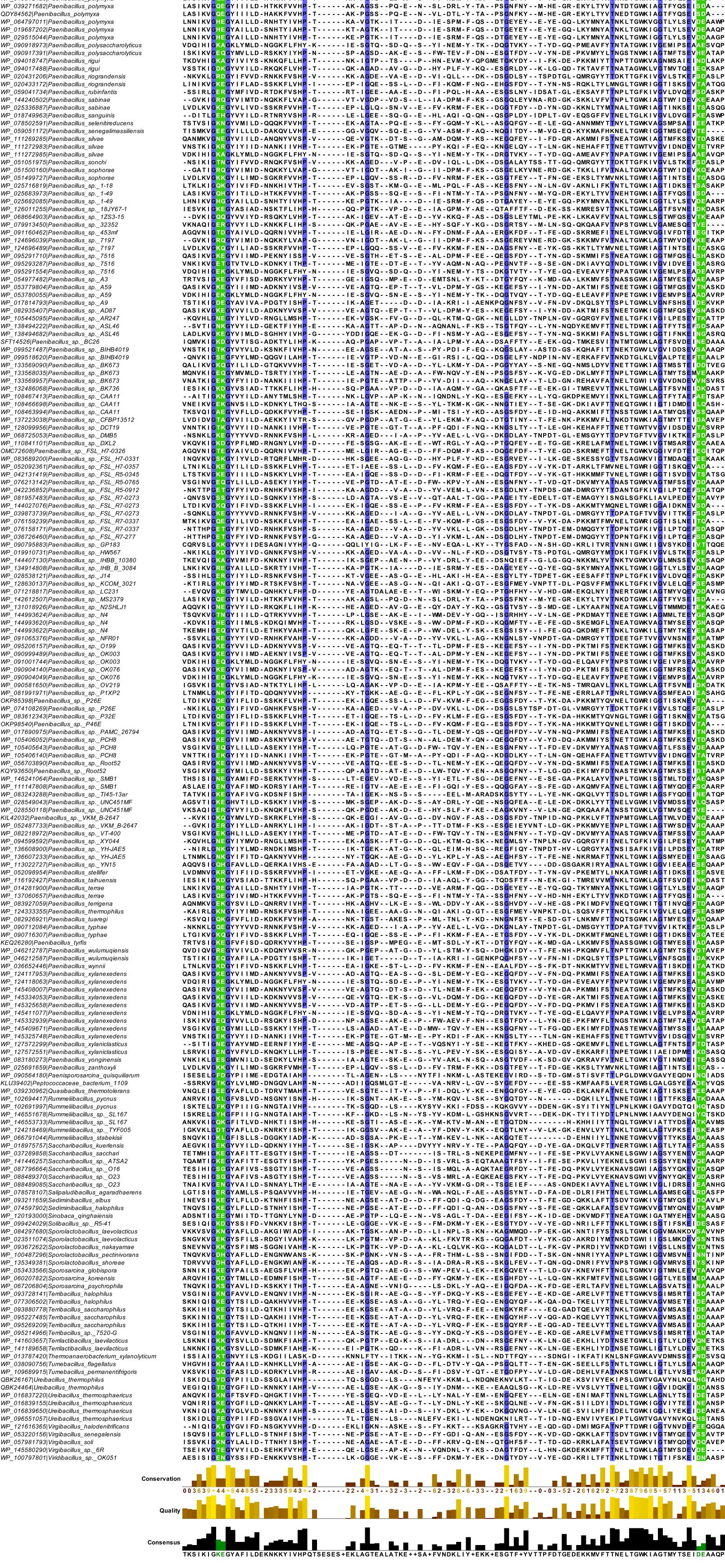


Figure S2. Amino-acid sequence alignment of TM2-proximal region from 795 dCACHE_1 domain-containing bacterial chemoreceptors. NCBI sequence accession number of chemoreceptors and the corresponding bacterial species are reported next to sequence alignments. The four key pH-sensing residues are highlighted in green. Highly-conserved residues (>95% identify threshold) are highlighted in blue. Lysine-glutamate pair in the membrane-proximal module of dCACHE 1 domain and aspartate-glutamate pair in linker region are more prevalent.