

Sequence Name
Consensus
4 Sequences
Ref. seq
AS1. seq
AS2. seq
AS3. seq

Known Region

Unknown Region

10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120 130
 ACTGACCGATGCTTTAAGAAATTCGGGATCTTTGACATTTTAACTGACGCGGTTCACAATACCAATCAATGCTGGAAATTAGCTGATGACGCTAAATGTTAAGTGGAACGTTGT
 140 150 160 170 180 190 200 210 220 230 240
 ACGGTGACATCAATTCGCAATTAATCTCTCCACAGTGGGGCGCATATTAGTGACAAATCAACAACATTTATCCGGTTCGTGAAGATGGGTGACAAAGGCTATTATGCAAAATGTTCCGAAGGTTTCTCGAA

ATGATTGGGAATCTGAATTAGCTAACTACCGTTGGCAAGTACCTGCCTACCCACTACCAAAGAACCGTGACGATGTTACCATCAGTCGGATCGTTGTACGGCCTTCAATGACCATGACGATTGCGGATGATTCTTGGATGACTTGAAGTTAGCTATTGATGGGTTGAATCACAGTTTTGGTACAGAAGATGCC	250	260	270	280	290	300	310	320	330	340	350	360	370	380	390	400	410	420	430
ATGATTGGGAATCTGAATTAGCTAACTACCGTTGGCAAGTACCTGCCTACCCACTACCAAAGAACCGTGACGATGTTACCATCAGTCGGATCGTTGTACGGCCTTCAATGACCATGACGATTGCGGATGATTCTTGGATGACTTGAAGTTAGCTATTGATGGGTTGAATCACAGTTTTGGTACAGAAGATGCC	440	450	460	470	480	490	500	510	520	530	540	550	560	570	580	590	600	610	620
ATGATTGGGAATCTGAATTAGCTAACTACCGTTGGCAAGTACCTGCCTACCCACTACCAAAGAACCGTGACGATGTTACCATCAGTCGGATCGTTGTACGGCCTTCAATGACCATGACGATTGCGGATGATTCTTGGATGACTTGAAGTTAGCTATTGATGGGTTGAATCACAGTTTTGGTACAGAAGATGCC	630	640	650	660	670	680	690	700	710	720	730	740	750	760	770	780	790	800	810
ATGATTGGGAATCTGAATTAGCTAACTACCGTTGGCAAGTACCTGCCTACCCACTACCAAAGAACCGTGACGATGTTACCATCAGTCGGATCGTTGTACGGCCTTCAATGACCATGACGATTGCGGATGATTCTTGGATGACTTGAAGTTAGCTATTGATGGGTTGAATCACAGTTTTGGTACAGAAGATGCC	820	830	840	850	860	870	880	890	900	910	920	930	940	950	960	970	980	990	1000

GCTAATGCGGATACTGATAACAAGACGACAGTTTCAACAATAAGTTTAACTAAGCCAGCACTTGAATAATAGTTAGTAATAATGTAAGAGCATAGAGGAGGAATTAGTGTGAGTGAAAAATTCAGGATTGAGAAAGAACGTACGGGTGAGATATGCCCCAGTCCAACTGGTTTCTCGCATATCGGTAACGCCCAAT
 440 450 460 470 480 490 500 510 520 530 540 550 560 570 580 590 600 610 620 630
 GCTAATGCGGATACTGATAACAAGACGACAGTTTCAACAATAAGTTTAACTAAGCCAGCACTTGAATAATAGTTAGTAATAATGTAAGAGCATAGAGGAGGAATTAGTGTGAGTGAAAAATTCAGGATTGAGAAAGAACGTACGGGTGAGATATGCCCCAGTCCAACTGGTTTCTCGCATATCGGTAACGCCCAAT
 GCTAATGCGGATACTGATAACAAGACGACAGTTTCAACAATAAGTTTAACTAAGCCAGCACTTGAATAATAGTTAGTAATAATGTAAGAGCATAGAGGAGGAATTAGTGTGAGTGAAAAATTCAGGATTGAGAAAGAACGTACGGGTGAGATATGCCCCAGTCCAACTGGTTTCTCGCATATCGGTAACGCCCAAT
 GCTAATGCGGATACTGATAACAAGACGACAGTTTCAACAATAAGTTTAACTAAGCCAGCACTTGAATAATAGTTAGTAATAATGTAAGAGCATAGAGGAGGAATTAGTGTGAGTGAAAAATTCAGGATTGAGAAAGAACGTACGGGTGAGATATGCCCCAGTCCAACTGGTTTCTCGCATATCGGTAACGCCCAAT
 GCTAATGCGGATACTGATAACAAGACGACAGTTTCAACAATAAGTTTAACTAAGCCAGCACTTGAATAATAGTTAGTAATAATGTAAGAGCATAGAGGAGGAATTAGTGTGAGTGAAAAATTCAGGATTGAGAAAGAACGTACGGGTGAGATATGCCCCAGTCCAACTGGTTTCTCGCATATCGGTAACGCCCAAT

CCGCGCTGTTTAACTATTGTTTGGCGGCTCACTACAACGGAACGATGGTGCTACGGATTGAAGATACGTATGTTTAAAGCGGAATGTACACATGGTGAAGATAGCCAAATTGAAAACTTGCATTGGCTAGGGATCGACTGGGATGAAGGGCCAGATAAGCCCTAATCCTAAGTATGCGCCTTATCACCAAAACCGAGA
640 650 660 670 680 690 700 710 720 730 740 750 760 770 780 790 800 810 820

CCGCGCTGTTTAACTATTGTTTGGCGGCTCACTACAAAGGAACGATGGTGCTACGGATTGAAGATACGTATGTTTAAAGCGGAATGTACACATGGTGAAGATAGCCAAATTGAAAACTTGCATTGGCTAGGGATCGACTGGGATGAAGGGCCAGATAAGCCCTAATCCTAAGTATGCGCCTTATCACCAAAACCGAGA
CCGCGCTGTTTAACTATTGTTTGGCGGCTCACTACAAAGGAACGATGGTGCTACGGATTGAAGATACGTATGTTTAAAGCGGAATGTACACATGGTGAAGATAGCCAAATTGAAAACTTGCATTGGCTAGGGATCGACTGGGATGAAGGGCCAGATAAGCCCTAATCCTAAGTATGCGCCTTATCACCAAAACCGAGA
CCGCGCTGTTTAACTATTGTTTGGCGGCTCACTACAAAGGAACGATGGTGCTACGGATTGAAGATACGTATGTTTAAAGCGGAATGTACACATGGTGAAGATAGCCAAATTGAAAACTTGCATTGGCTAGGGATCGACTGGGATGAAGGGCCAGATAAGCCCTAATCCTAAGTATGCGCCTTATCACCAAAACCGAGA
CCGCGCTGTTTAACTATTGTTTGGCGGCTCACTACAAAGGAACGATGGTGCTACGGATTGAAGATACGTATGTTTAAAGCGGAATGTACACATGGTGAAGATAGCCAAATTGAAAACTTGCATTGGCTAGGGATCGACTGGGATGAAGGGCCAGATAAGCCCTAATCCTAAGTATGCGCCTTATCACCAAAACCGAGA

GAAAAGACCTCTATCACCGTTACATTAAA--CAGCTATTGGATCAGGGACTGGCTTACAAGGATACGCAACCGAAGAAGAATTAAACGGAAATCGGGGACGCAACACGCGCCAAAGCGAAGCACCGCATTTATGATGGCCGTTGGTATGGCAAGAGTGAAGCGGAACAACAAAGCTGCAGAAAGCACAAAGGACTGAAG																																																																																																			
830	840	850	860	870	880	890	900	910	920	930	940	950	960	970	980	990	1000	1010	1020																																																																																
GAAAAGACCTCTATCACCGTTACATTAAA--CAGCTATTGGATCAGGGACTGGCTTACAAGGATACGCAACCGAAGAAGAATTAAACGGAAATCGGGGACGCAACACGCGCCAAAGCGAAGCACCGCATTTATGATGGCCGTTGGTATGGCAAGAGTGAAGCGGAACAACAAAGCTGCAGAAAGCACAAAGGACTGAAG																																																																																																			
GAAAAGACCTCTATCACCGTTACATTAAA--CAGCTATTGGATCAGGGACTGGCTTACAAGGATACGCAACCGAAGAAGAATTAAACGGAAATCGGGGACGCAACACGCGCCAAAGCGAAGCACCGCATTTATGATGGCCGTTGGTATGGCAAGAGTGAAGCGGAACAACAAAGCTGCAGAAAGCACAAAGGACTGAAG																																																																																																			
GAAAAGACCTCTATCACCGTTACATTAAAACAGCTATTGGATCAGGGACTGGCTTACAAGGATACGCAACCGAAGAAGAATTAAACGGAAATCGGGGACGCAACACGCGCCAAAGCGAAGCACCGCATTTATGATGGCCGTTGGTATGGCAAGAGTGAAGCGGAACAACAAAGCTGCAGAAAGCACAAAGGACTGAAG																																																																																																			

[illegible]

semi-oSSP II site

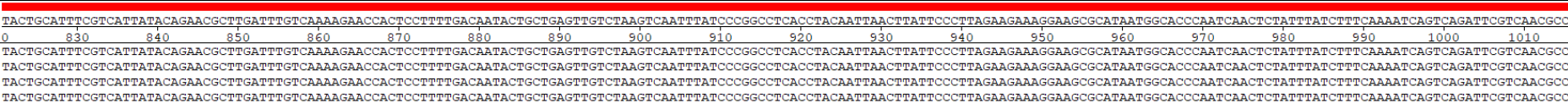
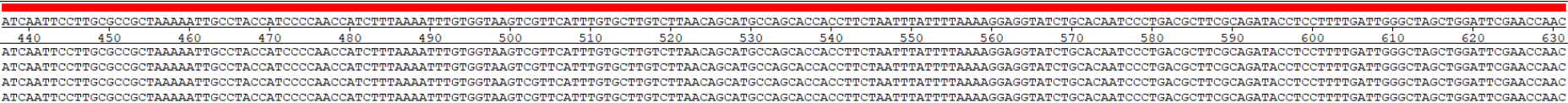
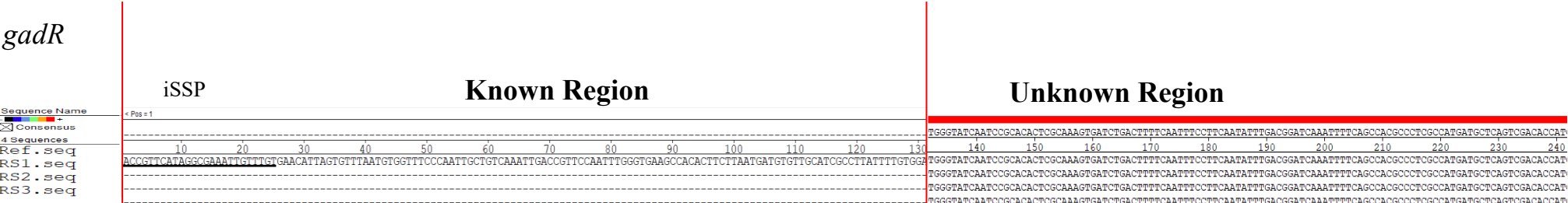
[illegible]

AAGCTATGAAGTGTACTTGCATTGCAAGCTTCCTTGGAAATTCCTCAATTGGAGACACGTATGTCTACGCTAGATCGTTTCCCAAGGACGAATTGCCCAATGATCATCAACGGCAAAAACCTCTTGGCTAAATTCAAAAATAATGTCTATGCATTTCGAGAAACAGGGCAATTGTCTGACGATTTAATTTCGTATA																		
2400	2410	2420	2430	2440	2450	2460	2470	2480	2490	2500	2510	2520	2530	2540	2550	2560	2570	2580
AAGCTATGAAGTGTACTTGCATTGCAAGCTTCCTTGGAAATTCCTCAATTGGAGACACGTATGTCTACGCTAGATCGTTTCCCAAGGACGAATTGCCCAATGATCATCAACGGCAAAAACCTCTTGGCTAAATTCAAAAATAATGTCTATGCATTTCGAGAAACAGGGCAATTGTCTGACGATTTAATTTCGTATA																		
AAGCTATGAAGTGTACTTGCATTGCAAGCTTCCTTGGAAATTCCTCAATTGGAGACACGTATGTCTACGCTAGATCGTTTCCCAAGGACGAATTGCCCAATGATCATCAACGGCAAAAACCTCTTGGCTAAATTCAAAAATAATGTCTATGCATTTCGAGAAACAGGGCAATTGTCTGACGATTTAATTTCGTATA																		
AAGCTATGAAGTGTACTTGCATTGCAAGCTTCCTTGGAAATTCCTCAATTGGAGACACGTATGTCTACGCTAGATCGTTTCCCAAGGACGAATTGCCCAATGATCATCAACGGCAAAAACCTCTTGGCTAAATTCAAAAATAATGTCTATGCATTTCGAGAAACAGGGCAATTGTCTGACGATTTAATTTCGTATA																		

[illegible][illegible]

semi-oSSP III site

gadR



GTTTT--GCTGATAACTATTACAGCTTTACGACAGGAAATCATGACACTTACTGGAAAAAGTGTCGGTCGGGGTACGCTCATTCTGTTGGGAAAGAGGGGCAGTCCATTCCCCGACTCCCTCTCCCTATTCGCTATTGAGAAATTAGGGGGCGCATAGCTTGGACAACATGCTGAAACCTAGTTACGACCTCTCAACCAC
 1020 1030 1040 1050 1060 1070 1080 1090 1100 1110 1120 1130 1140 1150 1160 1170 1180 1190 1200 1210
 GTTTT--GCTGATAACTATTACAGCTTTACGACAGGAAATCATGACACTTACTGGAAAAAGTGTCGGTCGGGGTACGCTCATTCTGTTGGGAAAGAGGGGCAGTCCATTCCCCGACTCCCTCTCCCTATTCGCTATTGAGAAATTAGGGGGCGCATAGCTTGGACAACATGCTGAAACCTAGTTACGACCTCTCAACCAC
 GTTTTACGACAGCGGAGTATCGCAGCT
 GTTTT--GCTGATAACTATTACAGCTTTACGACAGGAAATCATGACACTTACTGGAAAAAGTGTCGGTCGGGGTACGCTCATTCTGTTGGGAAAGAGGGGCAGTCCATTCCCCGACTCCCTCTCCCTATTCGCTATTGAGAAATTAGGGGGCGCATAGCTTGGACAACATGCTGAAACCTAGTTACGACCTCTCAACCAC
 GTTTT--GCTGATAACTATTACAGCTTTACGACAGGAAATCATGACACTTACTGGAAAAAGTGTCGGTCGGGGTACGCTCATTCTGTTGGGAAAGAGGGGCAGTCCATTCCCCGACTCCCTCTCCCTATTCGCTATTGAGAAATTAGGGGGCGCATAGCTTGGACAACATGCTGAAACCTAGTTACGACCTCTCAACCAC
 semi-oSSP i site

[illegible]

1410	1420	1430	1440	1450	1460	1470	1480	1490	1500	1510	1520	1530	1540	1550	1560	1570	1580	1590	1600																																																																																																																																												
CCCGCTTTACCTCTATCATTAGGCCCATGGCAGATATTCGTCGACGAATACTTGTTCAACCCTTATCCTTTGGACTAAATCGATGAGGCATCTTTAAGATTGGAGGTCTAAACTCTTGGAAAAATGCTCTAACAAATGCTGGTCTGATAAATTGGCTGGTGGAGGGATTACGAGCAGACTTAAAAATT																																																																																																																																																															
CCCGCTTTACCTCTATCATTAGGCCCATGGCAGATATTCGTCGACGAATACTTGTTCAACCCTTATCCTTTGGACTAAATCGATGAGGCATCTTTAAGATTGGAGGTCTAAACTCTTGGAAAAATGCTCTAACAAATGCTGGTCTGATAAATTGGCTGGTGGAGGGATTACGAGCAGACTTAAAAATT																																																																																																																																																															

[illegible][illegible][illegible]

GTTCCTCCAGCAAAAAGCCACCCCAAGCCCAAGCCGCGGATCGTTTTACTGACGAAATATATCCCCGTGACCGTTGGTGACACGACCATCACTGCCGACGAGGCCGTGCGGACGACCACATCTCTGGACCAACTGGCTCATTTGAAACCAAGCCTTCAAGGCCGATGGTACGGTCAACAGCCGGCAATGCCCGGGTCTAA

<div></div> <div>XX</div>						
4520	4530	4540	4550	4560	4570	4580
CGAGATCAACGAGGCCCTTTGCCGCTCAGTCCGTTGCCATTGCCCGCGACCTGGCCATCCCCGCCGACAAGCTC						
CGAGATC--CGAGTTATGAAGCG--AGGTATTAC-ATG						

semi-oSSP III site

hyg

iSSP

Known Region

Unknown Region

Sequence Name	Pos = 1
Consensus	10 20 30 40 50 60 70 80 90 100 110 120 130
Sequences	140 150 160 170 180 190 200 210 220 230
H1.seq	CAAGGAATCGGTCAATCACTACATGGGTGATTTCATATGGGGAGTTGCTGATCCCATGTGTATCACTGGCAAACTGTGATGGAGGACACCGCTCACTGCGTCCGTCGGCGAGGCTCTCGATGAGCTGAT
H2.seq	GCTTTGGGCGAGGACTGCCCGGAAGTCGGCGCACTCTGTCGACGCGGATTTCGGCTCCAAACATGTCTCGACGGACAATGGCGCGATACACAGCGGTCAATTGACT
H3.seq	GCTTTGGGCGAGGACTGCCCGGAAGTCGGCGCACTCTGTCGACGCGGATTTCGGCTCCAAACATGTCTCGACGGACAATGGCGCGATACACAGCGGTCAATTGACT
H4.seq	GCTTTGGGCGAGGACTGCCCGGAAGTCGGCGCACTCTGTCGACGCGGATTTCGGCTCCAAACATGTCTCGACGGACAATGGCGCGATACACAGCGGTCAATTGACT
H5.seq	GCTTTGGGCGAGGACTGCCCGGAAGTCGGCGCACTCTGTCGACGCGGATTTCGGCTCCAAACATGTCTCGACGGACAATGGCGCGATACACAGCGGTCAATTGACT

[illegible][illegible]

semi-oSSP II site

AGGGCAAGAAATAGAGTAGATGCCGACCGGXX
600 610 620 630 640 650 660 670 680 690 700 710 720 730 740 750 760 770 780 790

AGGGCAAGAAATAGAGTAGATGCCGACCGG-ATCTGTGCGATGCACAAGCTTCGAGTTTCTCCATAAATATGTTGAGTAGTTCOCAGATAAGGGAATTAGGGTTCCATATAGGGTTTTGCGCTCATGTGTTGAGCATATAAGAACCCTTAGTAGTGTAATTTGTAATTTGTAAAATACTTCTATCAATAAAAAATTTCTAN
AGGGCAAGAAATAGAGTAGATGCCGACCGG-ATCTGTGCGATGCACAAGCTTCGAGTTTCTCCATAAATATGTTGAGTAGTTCOCAGATAAGGGAATTAGGGTTCCATATAGGGTTTTGCGCTCATGTGTTGAGCATATAAGAACCCTTAGTAGTGTAATTTGTAATTTGTAAAATACTTCTATCAATAAAAAATTTCTAN

AGGGCAATAGGTCAT--CAGTGGCTAGGCGG

AGGGCAAAGAAATAGAGTAGATGCCGACCGGGATCTGTGCATCGACAAGCTCGAGTTTCTCCATAATAATGTGTGAGTAGTTCCAGATAAAGGGAATTAGGGTTCTCTATAGGGTTTCGCTCATGTGTTGAGCATATAAGAAACCCCTTAGTATGTATTTGTATTTGAAAAACTTCTATCAATAAAATTTCTAA/

semi-oSSP II site

