

Supplementary tables

Supplementary table 1 – Transcription start sites of *Acholeplasma laidlawii*

See file Supplementary tables, Table 1 - TSS A.laidlawii

Strand: Strand of the TSS

Position: Position of the first nucleotide of the RNA

Tag: Locus tag of the gene, which the TSS belongs to

Control1-2: TSS coverage under exponential growth (two replicates)

Heatshock1-2: TSS coverage under heat stress (two replicates)

Supplementary table 2 – Transcription start sites of *Spiroplasma melliferum*

See file Supplementary tables, Table 2 - TSS S.melliferum

Contig: Contig or plasmid ID of *S. melliferum* KC-3

Strand: Strand of the TSS

Position: Position of the first nucleotide of the RNA

Tag: Locus tag of the gene, which the TSS belongs to

Control1-2: TSS coverage under exponential growth (two replicates)

Heatshock1-2: TSS coverage under heat stress (two replicates)

Supplementary table 3 – Transcription start sites of *Mycoplasma gallisepticum*

See file Supplementary tables, Table 3 - TSS M.gallisepticum

Strand: Strand of the TSS

Position: Position of the first nucleotide of the RNA

Tag: Locus tag of the gene, which the TSS belongs to

Control1-2: TSS coverage under exponential growth (two replicates)

Heatshock1-2: TSS coverage under heat stress (two replicates)

Supplementary table 4 – Transcription factors of *Acholeplasma laidlawii*

See file Supplementary tables, Table 4 - TFs A.laidlawii

Supplementary table 5 – Transcription factors of *Spiroplasma melliferum*

See file Supplementary tables, Table 5 - TFs S.melliferum

Supplementary table 6 – Transcription factors of *Mycoplasma gallisepticum*

See file Supplementary tables, Table 6 - TFs M.gallisepticum

Supplementary table 7 – Transcriptional control of *vlhA* genes in *M. gallisepticum*

See file Supplementary tables, Table 7 – *vlhA* genes

Tag: Locus tag of the *vlhA* gene

sense coverage: coverage of the respective gene calculated based on all reads

antisense coverage: coverage of the respective gene calculated based on all reads in antisense direction relatively to the gene

GAA length: the length of GAA-tract upstream to the gene

sense unique coverage: coverage of the respective gene calculated based on unique reads only (mapped into no more than one location)

antisense unique coverage: antisense coverage calculated based on unique reads only

Promoter: sequence near respective TSS, -10-box centered (+50 to -44 relatively to the -10 box)

Supplementary materials

Supplementary materials 1 – promoters' alignments

Putative TF binding site is shown in green, promoter (-10 and -35 boxes) is shown in yellow, putative binding sites of other TFs if present are shown in grey.

WhiA(ACL_RS06640/SPM_004315), sequences in the *parA* promoter

A.brassicae	TTCCCACATTTTGTGTGGATAACTTTATCCCCAGGAGAGACGCTTTTATGTTACTATT
A.equifetale	TATCCACAATAATGTGGAAAACTTTTTAACATTTTTTGTATGTTGGTGTGCTATGATA
A.laidlawii	TATCCACAATAATGTGGAAAACTTTTTAATAAATTTG-TCGTTTCTTATGCTATCATA
A.palmae	TATCCACAATAATGTGGGAAAACTTTTTAATAAATTTG-TCGTTTCTTATGCTATCATA
A.oculi	TATCCACAAAAAATGTGGGAAAACTTTTGAAACTTTTTC-CACATTTATATGATATTCTA
	* ***** ***** ***** * * * * *

S.melliferum	AATGTGGAAAACATTAATTTTTATTAATTTTACTCATTTTTTTAGTACTTTTCCACA
S.kunkelii	AATATAGAAAACATTAATTTTTATTAATTTTGCTCATTTTTTTAATACTTTTCCACA
S.eriocheiris	CCTGTGGAAAACCTAAAAATTAAAGCGATGATTAAAAAAGACTATGACTTTTCCACA
S.syrphydicola	TTTGTGGAAAACCTAAATTTTTAGCAAATTAAAAATAACTTTTGCGACTTTTCCACA
S.chrysopicola	TTTGTGGAAAACCTAAATTTTTAGCAAATTAAAAATAACTTTTGCGACTTTTCCACA
	* * ***** * ** ** * *****

S.melliferum	TCTTTTATTTATAATTAATAACGATAAAAACTATTGGAGATGAAATTA----
S.kunkelii	TCTTTTATTTATAATTAATAACGATAAAAACTATTGGAGATGAAATTA----
S.eriocheiris	TATTTAT-TTATAATAAATATTGGAATAAATAATTGGAGTGAATTAGAAACA
S.syrphydicola	TCTTTCT-TTATAATAAGAATTAGAAAAAAATGGAG---TGAAAAGGCA---
S.chrysopicola	TCTTTCT-TTATAATAAGAATTAGAAAAAAATGGAG---TGAAAAGGCA---
	* *** ***** * * * *** *

ACL_RS01290

A.hippikon	TAAAACGTTTACATTCATGTTATAATAATTTAAAGAATAAGAA
A.equifetale	TGAAACGCTTTCACCGTGATATAATAAGTGCATGAGTAAAGA
A.laidlawii	AAAACGCTTTCACCTCATGTTATAATATAGATGAGGAAGATAA
A.oculi	AAAACGCTTTCACCTCATGATATAATATAGAAGAAATAGATAA
	** * * * * * ** ***** * *

ACL_RS06070

```
A.granularum   TTTATTACGGGTCTATTAA TTGACA AACC ACCTAACAGTGGT TACAAT TAAACTATAAC
A.laidlawii    TTTTGGCTGGTCTATATTAA TTGACA ATAA ACCTAACAGTGGT TACAAT AA-----
*** *      ** * ***** ***** ***** *
```

ACL_RS05980

```
A.hippikon     TAGTTTATATAAATATAAA GAAAGTTTAGTATGAATGCATTTTCATCAATTATCATTAGA
A.laidlawii    -----AAAGTAAGTTTAGAATGAATACACTTTCAATTAATAAGTTATTG
A.oculi        -----GAATTATAAA AAGTTTAGAGTGAATACACTTTCACTTCAATAGTTATTG
*** ***** ***** ** ***** *
```

```
A.hippikon     TATTGTTTCATCATACTCAT TGTATAAT AATAGATGAAAAACGATTA-----
A.laidlawii    GCAACAATTTTATGTTCA TGGTATAAT ATGACATGGAAAAACGTTTAAACATAAGGAGAAA
A.oculi        GAAACGTTTATAAAAACAT TGGTATAAT ATCATTGGAACGATAATATAAAAGG----
*      **** ***** * ** ***** * *
```

ACL_RS06425

```
A.oculi        TCAC TTTACATTAAAT TTTACATACACCTTACTTTAAATGGTTATTTTAAAGATTTTAAAT
A.laidlawii    TAAC TTTACAAAAATCTTTACAACTCTCCTTACATCCTTTGGTTTTTCTACCGATTTTAAAA
A.brassicae    GTTT TTTACAAGACC TTTACAATAAC TTTTCA AAGGATGGTATTTTGAACATCTTTTTTT
***** ***** * ** * ***** ** * ***
```

ACL_RS03855

```
A.brassicae    -GTATAATGAAAGTGACAACAGTGTCA CAAAAGGA--
A.oculi        TATAATATAAATATGACAACCTTGTCATTTTGAGGGA
A.laidlawii    TATTCTATAAATGTGACAACCTTGTCATAACAGGAGG
*      ** ** ***** ***** *
```

ACL_RS02515

```
A.laidlawii    TATATGAATAGAATGTAAAT-AGTGTATAATGAATCTATGTTCACTTTTCAGTGAAATCA
A.oculi        CGGATGTGTATATTGTCAATCCTTCTTTGATGAATATATATTCATTAACCACATACCACC
*** ** * ** * * ***** ***** * ** * *
```

ACL_RS02085

A.laidlawii GAGTTTACA AATCA-----TTTTTTATGGCC TATAATAGTTAGGTACCTA ACTAATAAG
A.modicum GTATTTTATTTGCTTTTTTAAATAATAGTC TATAATAGTTAGGAGCCTA ACAAT----
A.granularum ATGTTTACA AATGCTTA-----AAAATACG TATAATAGTTAGGTACCTA ACTAATTAA
*** * * * ***** *

ACL_RS03205

A.granularum TAA TTG-TAA ATTGATTGATAAAAAGTAA TATAATTATAGTATATAGTATAA ACTATTT--
A.laidlawii TAATTGTTTGACTTTTAGTAAATTGGAC TATAATGATAGTATACACTATAA ACTAATGGT
***** * * * * * * * * * * * * * *

ACL_RS06135

A.hippikon TAAGTGCTAAATTATTGACTATTATAAAAAAATCAATATAATTGTTAGCATGCTAACTAA
A.granularum TATAGGCAAATTTATTGACAATATTTTTTTTAAATATATAATCATTAGCATGCTAACTAT
A.laidlawii CAAAAACAAATGATTGACAATTATCTATAAAAACTATATAATCATTAGCATGCTAACTAT
* * * * * * * * * * * * * *

ACL_RS00415

A.granularum TTAATATATGTTA---AAATACTATAGATATATTTTGAATATCAAA GTAT-----
A.oculi AAATAATGTGTTACACTTAATTTAC-AAA TATATTTTGATAATCAAA GTAATTTTAA---
A.laidlawii TAATTATGTGATACACTTAATCTATAAAA TATATTTTGATACTCAAA GTATTTTAAGGGA
* * * * * * * * * * * * * *

ACL_RS02835

A.oculi CATATTTTGCGCATAAAATGCATATATGTGGAAATTAAATTCGAATTCGAAATATAATGTA
A.laidlawii CCACAATTTGCCTAAAAATGCATATTGATGGAAATTATTTTCGAATTCGAAATATAATGTA
A.granularum CCACAATTTACCAAAAAAAGCATATTCATGGAAATTATTTTCGGATTTCGAAATATAATGTA
* * * * * * * * * * * * * *

ACL_RS05200

A.laidlawii AATAATTCATACAAATAGTATACAATTAAATTATTCAATAAACGAACAATAAGGGGAGAT
A.granularum TAAAATTATAATAAATAGTATAAAATATGATTATTCATTAAACGAACAATAA-----
A.brassicae TAATAATCAAATCTTTAAGATAAAATGTAATCGTTAATTAAACGAACAATG-----
* * * * * * * * * * * * * *

ACL_RS01910

A.oculi -----CAATAAAGATAATCATCAATATATAAATGATTATCTTTT-ATTGTATAATGGT
A.laidlawii AAAATACTTTTAAAGATAATCATTCTTGTTATAAATGATTATCTTTT-AATGTATAATAGA
A.granularum ----ATAAGTTAAAGATAATCATTGATATTTAATGATTATCTTTTTCATGTATAATAGA
***** * *

ACL_RS05425

A.laidlawii TTTTGCGAATCATTTTGCAAAAGTATTATATCACACAAAATAGACTTTTGCAAAACGATTTTGCAAA
A.granularum TTTTGCAAAATCGTTTGCAAAAGTCTATTTTGTGTGATATAATACTTTTGCAAAATGATTCGCAAA
A.oculi TTTTGCAAAATGATTTTGCAAACTGTATTTTTCATGATATAATAATTTTGCAAAATAATTCGCAAA
***** ** *

ACL_RS02790

A.oculi ACAATAAATATATATTTATTATTGTTGTATTTTTTGTATAAATAGTGGTATAATTTTTATAA---
A.laidlawii ATTTAGTTTTTTGTTTACACATAATGTGTGATTATTTTATATAAATAATGGTATAATTTTTATAATTA
A.granularum AAATAATTTTAAATTAATTATATTATGTGATTTTATTATATAAATAATGGTATAATTTTTTATAATT
* * ** * ***** ** ***** *

ACL_RS03695

A.laidlawii -----AATTTGCTTACGAATACTTTAATAAAAGCATGG-----
A.granularum TATTTTAACATGT-TATAGATACTTTTATAAAAGTATTTGCGTAACTTTATTGTTAAATTT
A.brassicae CATCA-----A-AAAAGGGTATTTTATAAACCACAAAGGACAT-CTGTTC----TTTT
* *** ***** *

ACL_RS03555

A.laidlawii -----ATTTTTTGAGAAAACGATTTTAGTAAAATACGAAAACGTTGTAAAATGATGAATA
A.oculi TGAGCATTTTTATAGGAAAACGCTTTATCTATTTACGAAAACGTTGTAAAAAAGTTTATA
*** * ***** * ***** *

A.laidlawii CTATAGTTGTAAATCGTTTTTATAAGGTGATATAAATAAAAAATGTCTATTAATTATACATTC
A.oculi TTTTGTGAAATCGTTTTTACATAGTGTATAAATAAACTGAGATATAAATCGAAATCC
* * ***** * ***** *

ACL_RS00185

A.brassicae TTAAGATGATTA **CGTAAACGATTT**CGTTTTAAGATTGT
A.oculi AGAATATAGTTG **CGCAAACGTTTAA**GTAAAAAATAAGA
A.laidlawii AAAATATAGTTG **CGCAAACGTTTAC**GTCGATA-----
* * * * *

ACL_RS05870

A.hippikon TTTATGAAAAAGTTTTTCATAATGTTTCATAATTTGTT**GTAAAGCACTTCCA**TCTTATGTTATAATT
A.granularum ATTATGAAAAATTTTTTCATTTTGTTACATTTAGTATTT**GTAAAGCACTTCCA**TTTATGATATAATT
A.oculi TTTTATGAAAAATTTTTTCATTTTGTTTCATAACATATTT**GTAAAGCACTTCCA**TTTATGATATAATC
A.laidlawii TTTATGAAAGTTTTTACATTTTGTTACATTACATATTT**GTAAAGTGCTTACA**ATATGATATAATT
* * * * *

ACL_RS02340

A.granularum TAGTATTGTGTAATACACGGTACAT**GTGGTATTAT**AGTAGTGTGTATTACACAATAC-
A.laidlawii ATGTATTGTGTTTTACACAGTACAT**GTGATATTAT**AGTAGTGTGTTAAACACAATACA
A.oculi AGGTATTGTGTTTAAACACAGTACCTATGATATACTAGTTATGTGCAATACACAGTACC
* * * * *

ACL_RS02740

A.brassicae TTTAACACACAACATTTTCTTAT**TGACAA**TATTGTATGTCATACAC**TATAAT**AA-----
A.oculi TTATTTTTTTAATGTTTTTTAT**TGACAA**TATTGTATGTCATACAG**TATAAT**AAAAAT--
A.laidlawii TGTATTTTATAATGTTATTTAT**TGACAA**TAGTGTATGTCATACAG**TATAAT**TAAAAATG
* * * * *

ACL_RS06835

A.hippikon ----CCTTAAGAAAGTTTGAAGTTTATCTTT**GACTCACTATACTATG**CAATAT**TATAAT**TAT
A.laidlawii TAGGTTTTTATTTTATTTATTATATTAC**TGACACATAA**CTATGCGACAT**TATAAT**TAT
A.granularum TTTTGTTTAGATATATTTAACTATATTAC**TGACACATAA**CTATGCGCCG**TATAAT**TAT
* * * * *

ACL_RS03765

A.laidlawii AGTTGGTGTGCGTAAAGATTATATAGATTAA**ATATAGAATGA**----ATCAAGTT**TATAAT**T
A.granularum --AAAATATTTTAAAGAAAACACATTGACAGCTATCGATATGAGATAT**TATAAT**TAACATAT
A.modicum ATTTGTAGATATAAAATTACTATATTGACAGAT**ATCAATAT**CAACTG**TATAAT**TAATACAT
* * * * *

ACL_RS03730

A.laidlawii -----TTACAAAATCGTTGTATAATAGAGACAACGCTTACAGTGATAAG
A.oculi TAAATCTATAAACAAATTAAAATTTAGTTGTATAATAAAAACAACGTTATAAAAAGAGG-
*** ** * ***** * ***** * *

ACL_RS06235

A.hippikon GTTGTTTTTATTGACTCCGCA-----GTTTATTGTGATACAATATATCTATATGAATGAAC
A.laidlawii CATATAACTATTGACACAAGAGAAAAACAATAATATAATAAATATACAACGTATGAATGCTT
A.oculi CATATAACTATTGACACAAGAGAAAAACAATAATATAATAAATATACAACGTATGAATGCTT
A.brassicae CATATAACTATTGACACAAGAGAAAAACAATAATATAATAAATATACAACGTATGAATGCTT
* * **** * * ** * * * * *

ACL_RS07175

A.laidlawii GTGGTAAATAC--ATCTAAAGTGTTCTACTGTAAGTTATTATATAAATTCATGTAAGTTATAAG
A.granularum TTGGTAAATGAGGCTATAAAAAACATTGCTGTAAGTTATTGCTCATAACATGTAAGTTATTG
***** * **** * ***** * ***** *

A.laidlawii ATAAACCTTGCTACTTTAACTAGGTTTTTGTAAATCTAGA
A.granularum AATTTACTTTATTAAAAA--ATATTTATATTAACTCTAGA
* *** * ** * *

ACL_RS04235

A.laidlawii -----ATTGTGACACGACATATATGTCGTATAGTGAAAGGAGTAA
A.oculi ATAACATTAAAAATGAACACGACATATATGTCGTATAATGATCGGG----
A.granularum ATATCAAAACAAAACAACACGACATATGTCGTATAATGAA-----
* ***** ***** ***

ACL_RS05305

A.laidlawii CTATTTATTATTGACTTAATAATGTATAATCAATTATAATGTAA
Lachnospiraceae bacterium CAAAAAAATTGACCTATCAGGTTAATTATGATACGA-----
Olsenella sp. oral taxon 807 TCTCAAGATTGACTTATGAGGTCAATCATGTTATCC-----
***** ** * ** *

ACL_RS04610

A.laidlawii	GGA	GATAA	TATCGCAAGTTCTTGCGAATA	AACATTAATTTTCGTAT
Blautia hansenii	TGGA	CATAA	TTTCGCAAGAACTTGCGAATT	ATGTCAAAATATATTG
Eubacterium siraeum	ACCGGAAA	TTTCGCAAGAAGTTGCGAATT	TTATCTATAAAATTTGC	
		* * * * * *	* * * * *	

ACL_RS03655

A.oculi	TAAAAATAGAGTTATTTTTGATT	AATCTACT	TATGAGTAGAGT	CGT-A-TT	TGTGATAGAATAA
A.laidlawii	ACACAATAGAGTTAATTTTCAAGATTCTACT	GGGAGTAGAAT	GAT-ACTT	TATGATACAAT--	
A.granularum	ACACAATAGAGTAAAAATTGATG	ATTCTACC	CGTAGTAGAAT	CATTAATT	TATGATAATATAT
	* * * * * *	* * *	* * * * *	* *	* * * * * *

ACL_RS05490

A.laidlawii	GTTATAAATA	AATTGATAG	TTGTCAAT	TTATTGATA	TAAT	GTAAT
Carnobacterium pleistocenium	TTGGGATAT	TACTTGATT	TAAATCAAGTAC	CAAT	TAGTT-----	
Carnobacterium inhibens	GGTGATTG	TACTTGATT	TAAATCAAGTAC	TATCAAAAA-----		
		** * * *	* * *			

ACL_RS06565

A.oculi	TATTCACT	TTTATACTTT	TACTAC	ACTAAA	GCAATAAAAGTATAA	TGGA
A.laidlawii	ATTACACT	TTTATACTTT	TACTAC	GGTAGAG	GTAATAAAAGTATAA	TAGT
A.granularum	CATATACT	TGATACTTT	TACTAC	ACTAGAG	GATTAAAGTATAA	TGAT
	*	* * *	* * * * *	* *	* * * * *	

ACL_RS06770

A.multilocale	GG	TATACTTT	TGTAAG	GTAAGCACTT	AAAAAG	TGCTATACT	TA
A.laidlawii	AGATTACT	TATGTATT	GATA---	AATGTGCG	TGATATAAT	CA	
A.granularum	AAATTAC	GGCGTATT	AATATGTT	TATGAATA	TGTTATAAT	CT	
	***	***	*	*	** * * *		

ACL_RS00230

A.oculi	ATGGGTAATAGAG	ATAGAAAAA	TCATAAAATAG	TGTTACAAT	AAGTTTGCTACGAGATA
A.laidlawii	-----	GCAAAAGATAGAAAAA	TACCTAATTTAG	TGATACAAT	GTATATGCTAAT-----
A.granularum	ATATATAAATAA	ATAGAAAAA	AGAAGTAAATAG	TGATACAAT	GTATTTGCTAATAGAGG
		* * * * *	*	* * * *	* * *

SPM_001160

```
S.eriocheiris  TGTAAATTTTACCGACTAA TGTAAATTTTAT TGTAAATTTTATAGTAAACTCTTATATT-----
S.melliferum   TGTAAATTTTATTATAAAATGCAAATTTT TGTAAATTTTAAATGCAT TATAATTTTAAATAAAGGA
S.citri        ----ATTTTCTTACTGAAATGCAAATTTT TGTAAATTTTAAATACAT TATAATTTTAAATAAA---
               *  * * * *      * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

SPM_001085

```
S.eriocheiris  TATAAAAGTTTAA TGTAAATTTATTACAGGGATTCAGCAAATTTATTTTCA CAAT
S.poulsonii    TCTAATA TGTGTAAAAATAGAAATAGTTGATATTATGAAAAATAATTTTCA TGGC
S.melliferum   CATAATA TGTGTAAAAATAGAATTAGTTGATATTATGAAAAATAATTTTCA TGGT
S.citri        CATAATA TGTGTAAAAATAGAATTAGTTGATATTATGAAAAATAATTTTCA TGGT
               *** *  **      *  *      *      *      * * * * * * * * * *
```

SPM_001110

```
S.poulsonii    ---GTTTTATGTTATTTTGGTTGTTTGGTTACAAAGGATTTTATAATAAGGATGGTGA
S.citri        TT-----ATTTTGGTTT TTTTGGTTAAAAATAAGATATAATTACAGT-----
S.melliferum   GTTATTTTATGTTATTTTGGTTGTTTGGTTAAAAATAAGATATAATTACAATT----
               * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

SPM_004435

```
S.eriocheiris  ATTA TTGATA TTTTACATTTTCCCTATAATTAACCTAAATGAAAATTAAAAACAAAAAGTTTAGTATAACTAAACAAG
S.kunkelii     ACTA TTGATA TTTTTTTTGT TTTT TATAATTAAT-GTTGCCATAATTTAAAAA----AAGTTTAGTATAACTAAACAAG
S.melliferum   ACTA TTGATA TTTTTTTTGT TTTT TATAATTAAT-GTGGTCGTAATTTAAAAACAAAAAGTTTAGTATAACTAAACAAG
S.poulsonii    ---- TTGATA TTTTTTTTGT TTTTCCCTATAATTAAT-GTGGTTGTAATTTTAAAAACAAAAAGTTTAGTATAACTAAACAAG
               * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *
```

SPM_003420

```
S.eriocheiris  TTGATAATA TCTATGTTATGATTTTAGTAAAT
S.melliferum   TTAATTTATTCTATGTTAAGATAAAAAAGATA
               ** **      * * * * * * * * * * *
```

SPM_003510

```
S.poulsonii   GGAACATCGATATATTAATATTTTAATATATCGTTTTTATTTGTATAATTAAATAA
S.citri       TAAAAATCGATATATTA--ACATAAATATATCGATTTTAAATTATATAATTATAAA
S.melliferum  TAAAAATCGATATATTA--ACATAAATATATCGATTTTATTTATATAATTATAAA
S.kunkelii    TAAAAATCGATATATTT--ATGTTAATATATCGATTTTAAATTATATAATTATAAC
              ** ***** * * ***** ***** ** ***** *
```

SPM_005475

```
S.kunkelii    --ATATTTTAAAAAATGTGTATTATAATCATGATATGGAAATGATTCCATACAGGAG---
S.melliferum  -----TTTAAAAAATGTGTATTATAATCAAGATATGGAAATGATTCCATACAGGAG---
S.citri       TTATATTTTAAAAAATGTGTATTATAATCAAGATATGGAAATGATTCCATACAGGAGATA
              *****
```

SPM_001155

```
S.melliferum  GAATAAATTTATTGAT--ACAATGCTTATATAAAAACTATTTAACTATTAAATTAACAAGATAATTATAGAAG
S.poulsonii   AAGTATTTTTTATTGATTTCCAAT-----TTAAATTAATATTATGAGAAGTAAAG
              * ** *** ***** ***** * ***** * ** * * ***
```

SPM_000505

```
S.poulsonii   AGAAAAATAAGGTATAGTTAAAAAAGAAGATATTATTTTAAATAAATATAAGTTATC
S.melliferum  TAAAAATAGCGTATAGTTAATAG-AAAGAACTTATTTTAAATAAGATGTTTTCTTTT---
              ***** ***** * ***** ***** ** * * **
```

GCW_02090

```
M.gallisepticum AATAATTAAAAATAAAACCAAGCAATAAAACCGCAATTGGTTTTATTTTTAT-----
M.imitans       AATAATTAAAAATAAAGCAAGCAGTAAAACCGCATTTGGTTTTATTTTTATCTATATATG
              ***** ***** ***** *****
```

GCW_02350

```
M.hominis      AAAGTGATAGTTTTGTGATATAGTTAAG
M.gallisepticum TTTGTGTTAAATAGTGTTGATTTTGA
              *** ** * *** *
```

Supplementary figures



Supplementary figure 1. Structure of *v/hA* genes promotor. Arrow indicates TSS position, -10-box shows alternative sequence instead of consensus TATAAT.