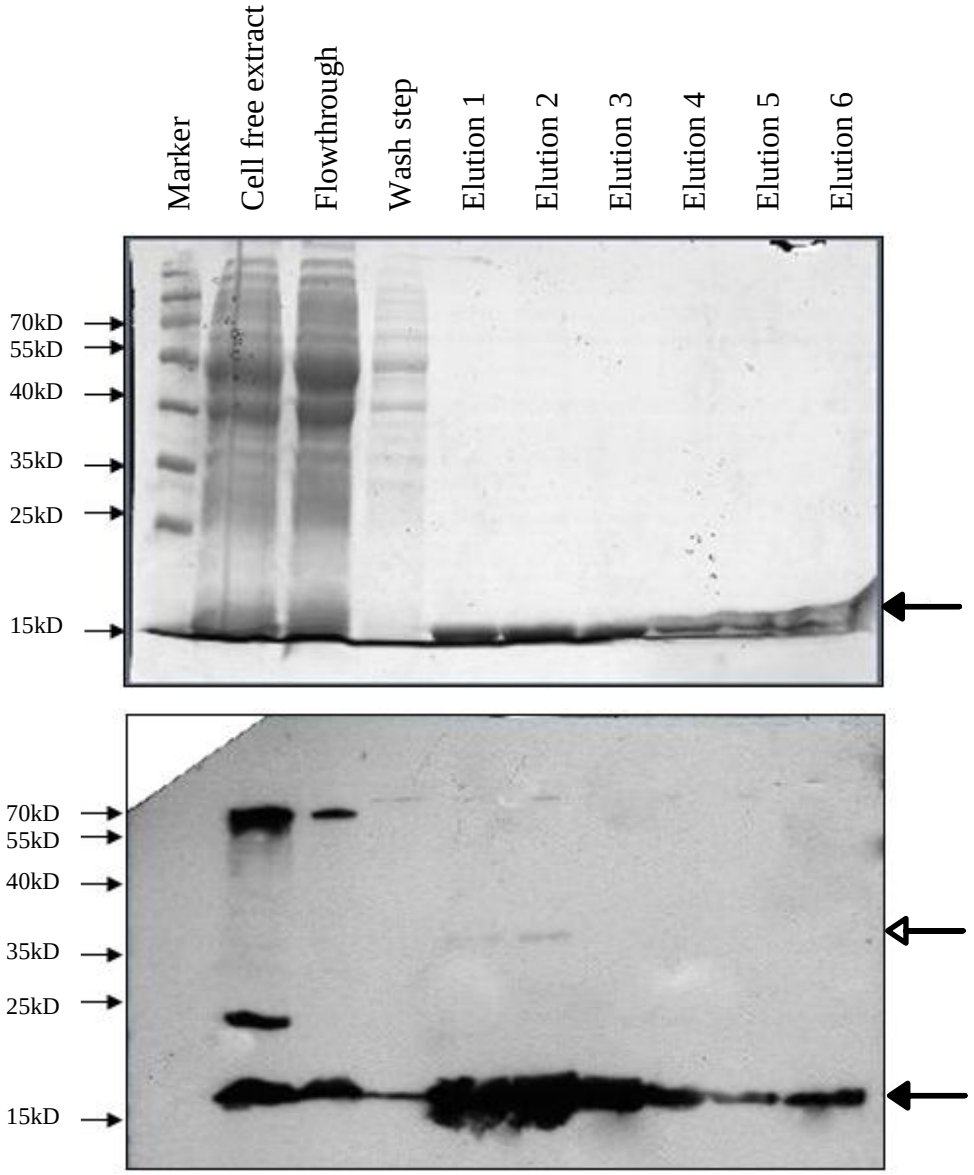

Fig S1
Purification of Strep-FabT under native conditions. (A) SDS-PAGE and Coomassie Brilliant blue staining on purification steps of Strep-FabT. (B) Western blot of the same gel decorated with anti-Streptag antibodies
Closed arrow: Strep-FabT, open arrow: Strep-FabT dimer

Table S1

Primers used in this study. (A) Restriction sites are underlined, KO stands for knockout. (B) F: forward primer, R: reverse primer.

A.

Name of primers used for cloning	**Sequence** (5' - 3')	**Purpose**
Pr1	GGCCGCTCGAGGTAGACAACTTACCAAAAGTAGGC	*fabT* downstream region, for KO
Pr2	GGCCGGGATCCATGAAATAATGACTTTTGCG	*fabT* downstream region, for KO
Pr3	GGCCGGGATCCTGTTTTCATCTGTCATCCTCTTC	*fabT* upstream region, for KO
Pr4	GGCCGTCTAGACGATTGATGTCTTGAATATTCCGGG	*fabT* upstream region, for KO
Pr6	GGCCGTCTAGATTATTTCATATTCTCCAAAG	To place *fabT* under control of P_{nisA}
Pr61	GGCCGCCATGGCTTGGAGCCATCCACAATTTG AAAAAGGTTCTAAAACAGATTTTGATAAGG	To add an N-terminal Strep-tag to FabT
pNZSeq	ACGTGCTGTAATTTGTTTAATTGC	Sequencing
nis_fw_aldert	GGCTCTGATTAAATTCTGAAG	Sequencing

B.

Name of primers used for EMSA		**Upstream fragment of gene**
F *fabT1* up	CAGCCATTCATTTACCTTATC	Proximal upstream *fabT*
R *fabT1* up	GCAATATAAAAACAAATTGAGTTC	Proximal upstream *fabT*
F *fabT2* up	CTTTCGCGCAAGATGAACTC	Distal upstream *fabT*
R *fabT2* up	GCCAGCAATCCAGCCTAATC	Distal upstream *fabT*
F *fabD* up	GTCATAATATATAGTAATCAACTA	*fabD*
R *fabD* up	AAATAATTCGGGATGGG	*fabD*
F *accC* up	TAAGTCCGAATTTACCATAAG	*accC*
R *accC* up	GCGGTTGTTGAAGCAGAAGC	*accC*
F *fabI* up	GCCCGAGTAATCAGGCGAAAAGAGGCGTCACTC	*fabI*
R *fabI* up	GCAACGCCCATGATAACAATTTTTTTACCTTC	*fabI*
F *fabH* up	CGTTTTCTGGCACATAATGTGCCGCTTGCG	*fabH*
R *fabH* up	GTGACTCATATTATACTGACATCAAAAGGTGAC GAG	*fabH*
F *acpP* up	CCGAGTTCGTCAACGATAATATCTTGTAC	*acpP*

R *acpP* up	GAGTCAAAAAGTTTAGCCTACTTTTGG	*acpP*
F *fabG1* up	CCACGAGTTGAACCAGTTACAAAGACG	*fabG1*
R *fabG1* up	GTCAGTAAAATTGGAGAAAGGAATTGAG	*fabG1*
F *fabF* up	CACCATAACCAGTGATAACAACTCTATTTGTC	*fabF*
R *fabF* up	GCAATGAAAGGGCAAATTCCAATGAAACG	*fabF*
F *accB* up	GGTTCATCAAATCTTTTACTTCTGAAATG	*accB*
R *accB* up	CCAGTAAATGCTGGAACAACTGAACTTGATGAAGG	*accB*
F *fabZ2* up	GCCTCCATAATTTCAGTTACATTAATG	*fabZ2*
R *fabZ2* up	GGAGAAGATATCGTTGAATTTGGTCAAG	*fabZ2*
F *accD* up	GGCTGCTCGGCTTGCTTTTCAATAATGGAACGATTTGG	*accD*
R *accD* up	CTTACCAGAATATCAAAAAGAAGATTAATCAATAG	*accD*
F *accA* up	CTTACAGCAATTTCGCCACGATTGGCAATC	*accA*
R *accA* up	CCATAAGATTTTTTACTTATGGTAAATTCGGAC	*accA*
F *fabT* sp D39 up	TTCAAAGAAGGAGTGCGAGC	*fabT*
R *fabT* sp D39 up	AAAACGACTACCTCTCAAGTTCAC	*fabT*

Table S2
List of differentially expressed genes found in the three transcriptomic comparisons (Fig. 1). For this list of genes, the statistical significance (*p* value ≤ 0.05 and a ratio $\geq |1.5|$) in at least two of the three experiments was required, with the notable exception for the *fab* genes. The genes are sorted by their COG-category.

		NZ9000 vs. NZ9000 Δ*fabT*		NZ9000 pNZ8048 vs. NZ9000 pNZstrep*fabT*		NZ9000 Δ*fabT* pNZ8048 vs. NZ9000 Δ*fabT* pNZstrep*fabT*		
			p		p		p	(Proposed) function
Energy production and conversion"								
llmg_1726	llmg1726	2,2	2E-01	-1,8	1E-05	-2,1	4E-03	galactose-1-phosphate uridylyltransferase
llmg_1735	noxA	1,6	6E-01	-2,3	2E-03	-2,4	3E-04	NADH dehydrogenase
Amino acid transport and metabolism"								
llmg_0650	brnQ	2,0	1E-05	-1,8	1E-02	-1,7	3E-03	branched chain amino acid ABC transporter carrier protein
llmg_1185	lysA	1,3	2E-03	1,5	6E-03	2,5	6E-04	LysA protein
llmg_1700	choQ	1,2	5E-02	-3,0	1E-03	-3,5	9E-05	choline ABC transporter ATP binding protein
llmg_1925	aroK	1,2	4E-03	-1,4	1E-02	-1,6	1E-03	AroK protein
llmg_1926	aroA	1,3	5E-04	-1,5	1E-03	-1,5	4E-02	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase
llmg_1938	aroB	1,1	2E-03	1,2	4E-01	1,2	2E-03	3-dehydroquinate synthase
llmg_2330	llmg2330	2,2	2E-02	2,0	4E-03	1,8	4E-03	amino-acid ABC transporter extracellular binding protein
Nucleotide transport and metabolism"								
llmg_0467	pyrG	1,4	5E-01	2,0	7E-04	1,7	3E-03	CTP synthetase
llmg_1089	llmg1089	-1,1	7E-01	-1,5	3E-04	-3,0	3E-03	carbamoyl phosphate synthase large subunit
llmg_1188	llmg1188	1,1	6E-01	1,3	3E-03	1,7	4E-04	hypothetical protein
llmg_1444	mutX	-1,0	1E+00	-1,5	2E-03	-1,3	2E-04	ADP-ribose pyrophosphatase
Carbohydrate transport and metabolism"								
llmg_1414	nagD	1,8	1E-01	-1,5	1E-03	-1,3	9E-04	N-acetylglucosamine catabolic protein
Coenzyme transport and metabolism"								
llmg_0544	dfpB	1,4	1E-03	1,0	9E-01	1,6	3E-03	phosphopantothenate--cysteine ligase
llmg_2162	birA2	2,0	2E-01	1,4	4E-03	1,2	2E-03	acetyl-CoA carboxylase ligase / biotin operon repressor bifunctional protein
Lipid transport and metabolism"								
llmg_0538	fabZ1	6,5	4E-03	-1,5	7E-02	-5,3	8E-06	(3R)-hydroxymyristoyl-ACP dehydratase
llmg_0539	fabI	2,5	7E-04	-1,2	6E-03	-2,7	3E-03	enoyl-ACP reductase
llmg_1777	accA	3,3	7E-02	-1,4	2E-01	-3,2	2E-03	AccA protein
llmg_1778	accD	1,7	3E-01	-1,4	1E-01	-2,6	1E-04	acetyl-CoA carboxylase subunit beta
llmg_1779	accC	2,3	1E-01	-1,2	2E-01	-2,5	3E-03	acetyl-CoA carboxylase biotin carboxylase subunit
llmg_1781	fabZ2	3,4	2E-02	-1,8	2E-01	-3,6	8E-04	(3R)-hydroxymyristoyl-ACP dehydratase
llmg_1782	accB	3,5	1E-04	-1,2	3E-02	-3,4	3E-04	acetyl-CoA carboxylase biotin carboxyl carrier protein subunit
llmg_1783	fabF	2,7	2E-02	-1,7	4E-03	-2,7	4E-03	3-oxoacyl-ACP synthase
llmg_1784	fabG1	4,4	2E-03	-1,7	1E-01	-3,0	3E-05	3-ketoacyl-ACP reductase
llmg_1785	fabD	4,5	8E-04	-1,9	3E-03	-3,4	5E-03	malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase
llmg_1786	acpA	1,8	1E-01	-1,4	7E-02	-2,9	5E-04	acyl carrier protein
llmg_1787	fabH	-1,1	3E-01	1,2	3E-01	1,2	5E-01	3-oxoacyl-ACP synthase
llmg_1788	fabT	-2,5	4E-02	-2,3	2E-02	135,9	2E-05	MarR family transcriptional regulator
Translation, ribosomal structure and biogenesis"								
llmg_0384	rluE	1,1	8E-01	-1,7	1E-03	-1,9	2E-03	ribosomal large subunit pseudouridine synthase
llmg_0557	prfA	1,1	7E-01	-1,7	4E-03	-1,4	5E-03	peptide chain release factor 1
llmg_1271	gidC	2,6	2E-01	-1,5	1E-03	-1,6	2E-03	tRNA (uracil-5-)-methyltransferase Gid

Transcription"										
llmg_0439	llmg0439	-3,9	9E-04		1,8	2E-03		-1,0	8E-01	LacI family transcription regulator
llmg_0775	ccpA	-1,3	6E-01		-1,9	2E-03		-3,4	2E-04	catabolite control protein A
llmg_0947	cmhR	2,2	1E-03		1,4	4E-02		2,0	2E-04	HTH-type transcriptional regulator cmhR
llmg_1238	cspD2	1,9	4E-01		-3,6	3E-03		-3,7	4E-03	cold shock-like protein cspD2
llmg_1627	rmaH	1,1	2E-01		3,2	3E-04		3,4	2E-04	MarR family transcriptional regulator
llmg_2339	llmg2339	-1,7	5E-03		1,1	3E-01		1,7	3E-03	transcriptional regulator
llmg_2517	llmg2517	2,4	8E-02		-1,6	1E-03		-3,3	2E-04	hypothetical protein
Replication, recombination and repair"										
llmg_0359	recR	2,1	2E-01		-1,5	4E-04		-1,7	7E-04	recombination protein RecR
llmg_0606	recJ	1,1	6E-01		1,9	7E-04		1,7	3E-03	single strand DNA-specific exonuclease
llmg_1133	sbcC	1,3	1E-01		-1,4	4E-04		-1,4	3E-03	nuclease sbcCD subunit C
llmg_1270	llmg1270	-1,2	2E-02		2,0	2E-04		1,5	3E-03	site-specific tyrosine recombinase XerS
Cell wall/membrane/envelope biogenesis"										
llmg_0600	llmg0600	-1,7	1E-01		-1,9	8E-04		-2,0	1E-03	glycosyl transferase
llmg_1329	murB	2,4	6E-04		1,1	3E-01		-2,5	7E-04	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase
llmg_1516	glmS	-1,8	1E-01		1,9	2E-04		2,6	2E-03	glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase
llmg_1667	llmg1667	-1,5	3E-01		-2,3	2E-04		-2,4	1E-04	glycosyltransferase
llmg_1699	choS	-1,1	5E-01		-2,7	1E-05		-3,1	5E-03	choline ABC transporter permease and substrate binding protein
llmg_1989	murE	1,4	2E-01		1,3	6E-04		1,4	2E-04	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2, 6-diaminopimelate ligase
Posttranslational modification, protein turnover, chaperones"										
llmg_0411	groEL2	-1,2	7E-01		1,8	3E-03		2,3	2E-03	molecular chaperone GroEL
llmg_0986	clpB	-1,7	3E-02		1,5	6E-04		2,2	2E-03	ATP-dependent Clp protease
llmg_1088	gpo	-1,1	9E-01		-2,7	2E-03		-2,4	3E-04	gluthatione peroxidase
llmg_1588	trxB1	1,8	1E-01		-1,4	5E-03		-2,0	2E-03	TrxB1 protein
llmg_2419	htrA	1,2	1E-01		-1,9	4E-03		-2,3	3E-03	housekeeping protease
Inorganic ion transport and metabolism"										
llmg_0032	ps124	1,0	8E-01		15,4	2E-04		4,8	3E-03	hypothetical protein
llmg_1086	llmg1086	-1,2	5E-01		2,4	2E-03		1,8	1E-03	cation (calcium) transporting ATPase
llmg_1138	mtsA	-2,1	4E-01		-2,0	1E-03		-1,6	2E-04	manganese ABC transporter substrate binding protein
llmg_1353	orf53	-1,2	1E-03		-1,6	7E-04		-1,6	4E-02	tellurite resistance protein
llmg_1490	mntH	1,7	5E-03		-1,1	9E-05		-1,3	1E-01	proton-dependent manganese transporter group C beta
llmg_1770	noxC	-1,5	3E-01		2,2	1E-04		2,2	1E-03	NADH oxidase
llmg_1771	llmg1771	-1,2	5E-01		2,1	4E-03		1,9	2E-03	rhodanese-related sulfurtransferase
Secondary metabolites biosynthesis, transport and catabolism"										
llmg_2543	llmg2543	2,0	4E-03		1,3	3E-03		-1,2	4E-02	hypothetical protein
General function prediction only"										
llmg_0030	ps126	-1,3	2E-01		19,5	2E-04		8,8	9E-05	DNA primase
llmg_0604	llmg0604	-1,2	4E-01		2,3	2E-03		2,2	3E-03	ribonuclease Z
llmg_1135	llmg1135	-1,4	2E-01		-2,1	2E-04		-2,4	5E-04	hypothetical protein
llmg_1852	llmg1852	1,3	1E-02		-1,7	2E-03		-1,5	4E-03	hypothetical protein
Function unknown"										
llmg_0029	ps127	-1,0	9E-01		8,2	2E-04		4,0	8E-05	hypothetical protein
llmg_0034	ps122	-1,0	7E-01		5,4	1E-03		2,6	2E-03	hypothetical protein
llmg_0035		-1,3	5E-01		10,4	4E-03		5,2	1E-03	DNA binding protein
llmg_0043	ps113	-2,3	1E-01		-1,5	4E-04		-1,4	2E-03	hypothetical protein
llmg_0222	WefC	1,0	3E-01		-2,0	9E-04		-1,7	5E-03	hypothetical protein
llmg_0322	llmg0322	1,2	5E-01		1,9	5E-05		1,8	4E-03	cation transporter
llmg_0502	llmg0502	-1,2	5E-02		-1,3	2E-03		-3,7	3E-03	ABC transporter permease
llmg_0527	llmg0527	1,2	3E-01		1,5	2E-03		1,8	7E-04	hypothetical protein
llmg_0542	llmg0542	1,2	2E-01		1,7	3E-03		2,4	6E-05	hypothetical protein

llmg_0599	llmg0599	1,4	6E-01		-1,9	5E-03		-2,1	2E-03	hypothetical protein
llmg_0754	llmg0754	1,2	4E-01		-1,4	1E-04		-1,5	3E-03	Rgg family transcriptional regulator
llmg_0792	ps303	1,1	8E-01		-1,7	2E-03		-1,5	4E-04	hypothetical protein
llmg_1061	llmg1061	-1,1	2E-01		-1,6	4E-03		-2,0	5E-05	hypothetical protein
llmg_1186	llmg1186	1,4	3E-01		1,4	3E-03		1,6	8E-04	hypothetical protein
llmg_1300		-2,3	2E-03		-3,0	1E-03		-2,2	3E-02	hypothetical protein
llmg_1301	llmg1301	-3,0	6E-04		-1,9	1E-02		-1,7	2E-03	hypothetical protein
llmg_1302		-3,3	1E-03		-2,4	5E-04		-2,4	2E-02	hypothetical protein
llmg_1330	llmg1330	4,9	2E-04		-1,7	6E-04		-4,3	6E-03	hypothetical protein
llmg_1366	orf41	-1,2	3E-01		-1,6	2E-03		-1,5	7E-05	hypothetical protein
llmg_1499	llmg1499	1,0	1E+00		-1,5	4E-04		-1,5	2E-03	hypothetical protein
llmg_1666	llmg1666	-2,3	1E-01		-1,4	3E-03		-1,4	1E-03	hypothetical protein
llmg_1668	llmg1668	-1,6	5E-01		-1,7	5E-04		-2,0	9E-04	hypothetical protein
llmg_1760	llmg1760	1,6	4E-01		-1,4	3E-03		-1,4	4E-03	hypothetical protein
llmg_1822	llmg1822	-1,6	4E-03		-1,2	8E-05		-1,1	8E-02	hypothetical protein
llmg_1962		1,4	2E-01		-1,9	5E-04		-1,5	1E-03	hypothetical protein
llmg_2148	llmg2148	-1,3	2E-01		-1,2	9E-04		-1,2	5E-03	hypothetical protein
llmg_2194	llmg2194	2,2	3E-01		-1,7	6E-03		-2,9	4E-04	hypothetical protein
llmg_2251	ps518	-1,1	4E-01		27,1	4E-06		10,0	1E-04	phage protein by Glimmer/Critica
llmg_2256	ps513	1,0	1E+00		5,0	1E-03		2,7	9E-05	hypothetical protein
llmg_2282	llmg2282	-1,6	1E-02		1,8	2E-03		1,8	2E-03	hypothetical protein
llmg_2495		1,9	2E-02		1,8	5E-04		2,3	4E-04	hypothetical protein
llmg_2527	ps603	-1,1	4E-01		36,3	1E-05		12,6	1E-05	hypothetical protein
llmg_2528	ps604	-1,2	9E-02		19,4	2E-04		6,6	2E-03	hypothetical protein
llmg_2529		-1,3	5E-01		24,2	7E-05		27,0	1E-03	hypothetical protein
llmg_2530		-1,2	5E-01		26,8	7E-07		32,1	8E-04	hypothetical protein
llmg_2531		2,3	4E-01		48,1	9E-06		49,6	7E-05	hypothetical protein
llmg_2532	ps608	-1,2	3E-02		12,8	4E-05		4,2	5E-03	hypothetical protein
llmg_2533	ps609	-1,3	6E-02		3,9	1E-03		2,3	1E-03	hypothetical protein
llmg_2533	ps609	-1,4	2E-01		21,4	9E-05		6,1	4E-04	hypothetical protein
Signal transduction mechanisms"										
llmg_0908	llrA	-1,9	3E-01		-1,6	1E-03		-1,4	2E-04	two-component system regulator llrA
llmg_1559	flpA	1,9	3E-02		2,0	9E-04		1,9	1E-03	FNR like protein A
Defense mechanisms"										
llmg_1015	ypbC	1,2	1E-01		1,3	1E-03		2,0	2E-03	hypothetical protein