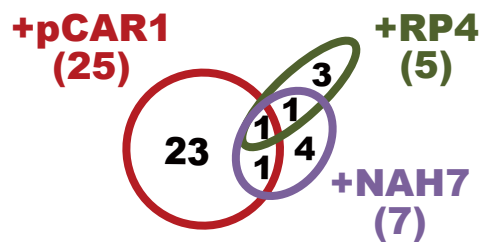
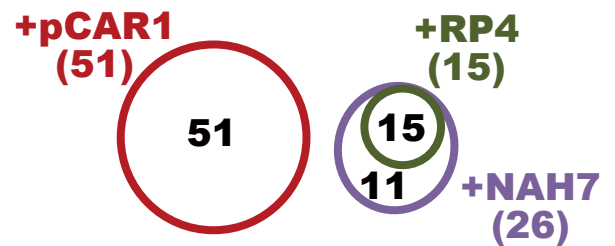


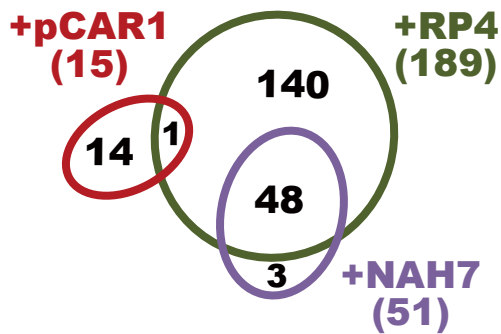
(A) Upregulated in log phase



(B) Upregulated in stationary phase



(C) Downregulated in log phase



(D) Downregulated in stationary phase

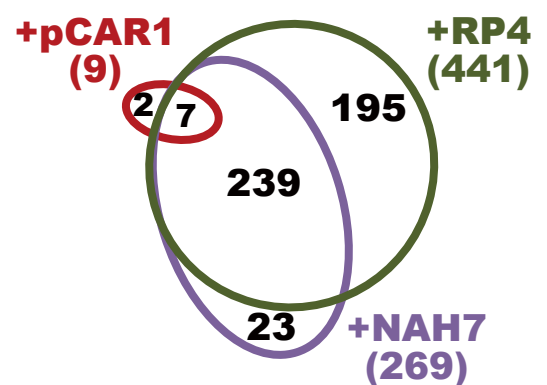


Fig. 5-4. プラスミドの保持により転写変動した遺伝子の3種のプラスミド間の包含関係.
誘導倍率4以上のORFをプラスミドの保持によって転写変動したORFとした。(A)対数期で誘導, (B)定常期で誘導, (C)対数期で抑制, (D)定常期で抑制, 4通りに分類し, それぞれで選抜された遺伝子の包含関係をベン図に表した.

Upregulated in log phase (4 h)

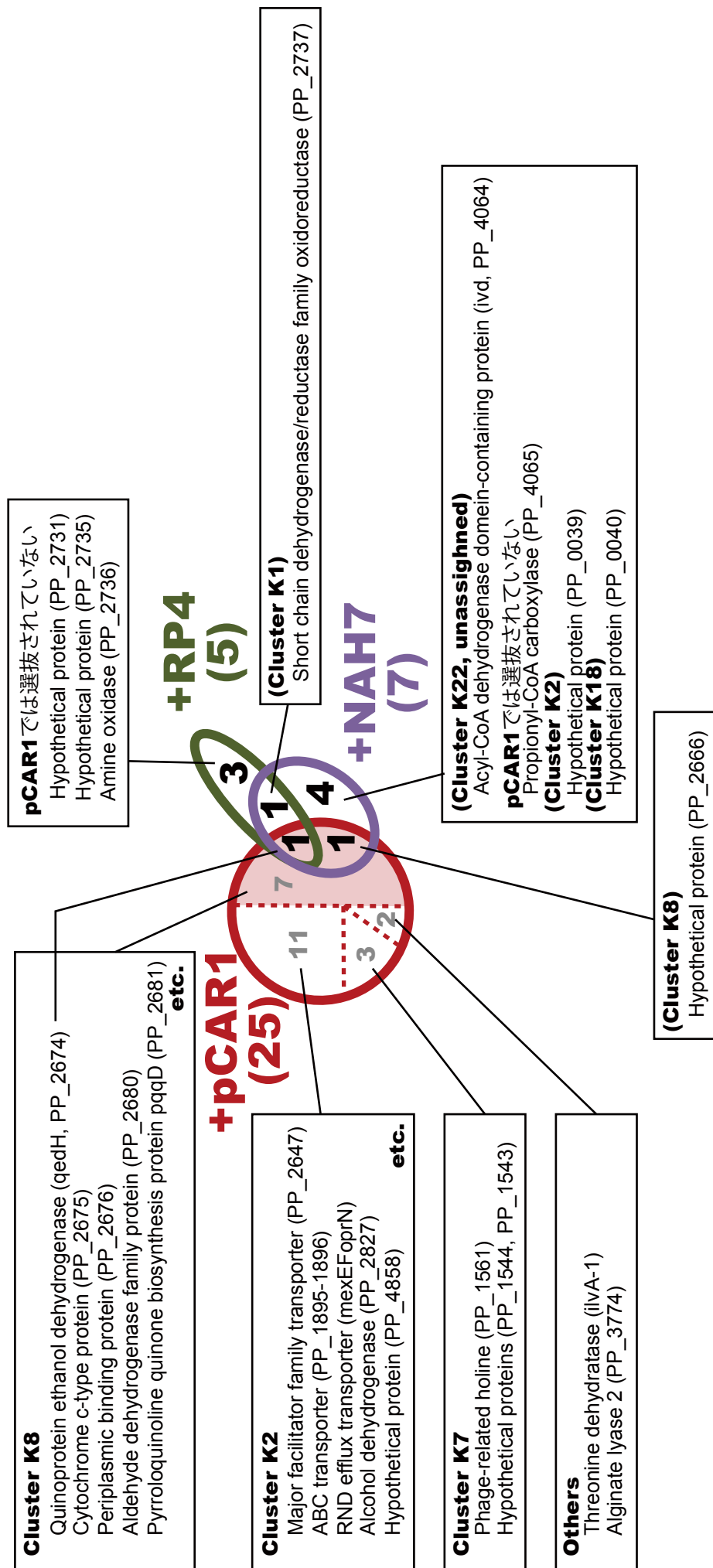


Fig. 5-5. 3 種のプラスミドをそれぞれ保持した KT2440 株における対数期で誘導された遺伝子の内容。
各 ORF の description はアノテーション情報を一部略しているものもある。

Upregulated in stationary phase (8 h)

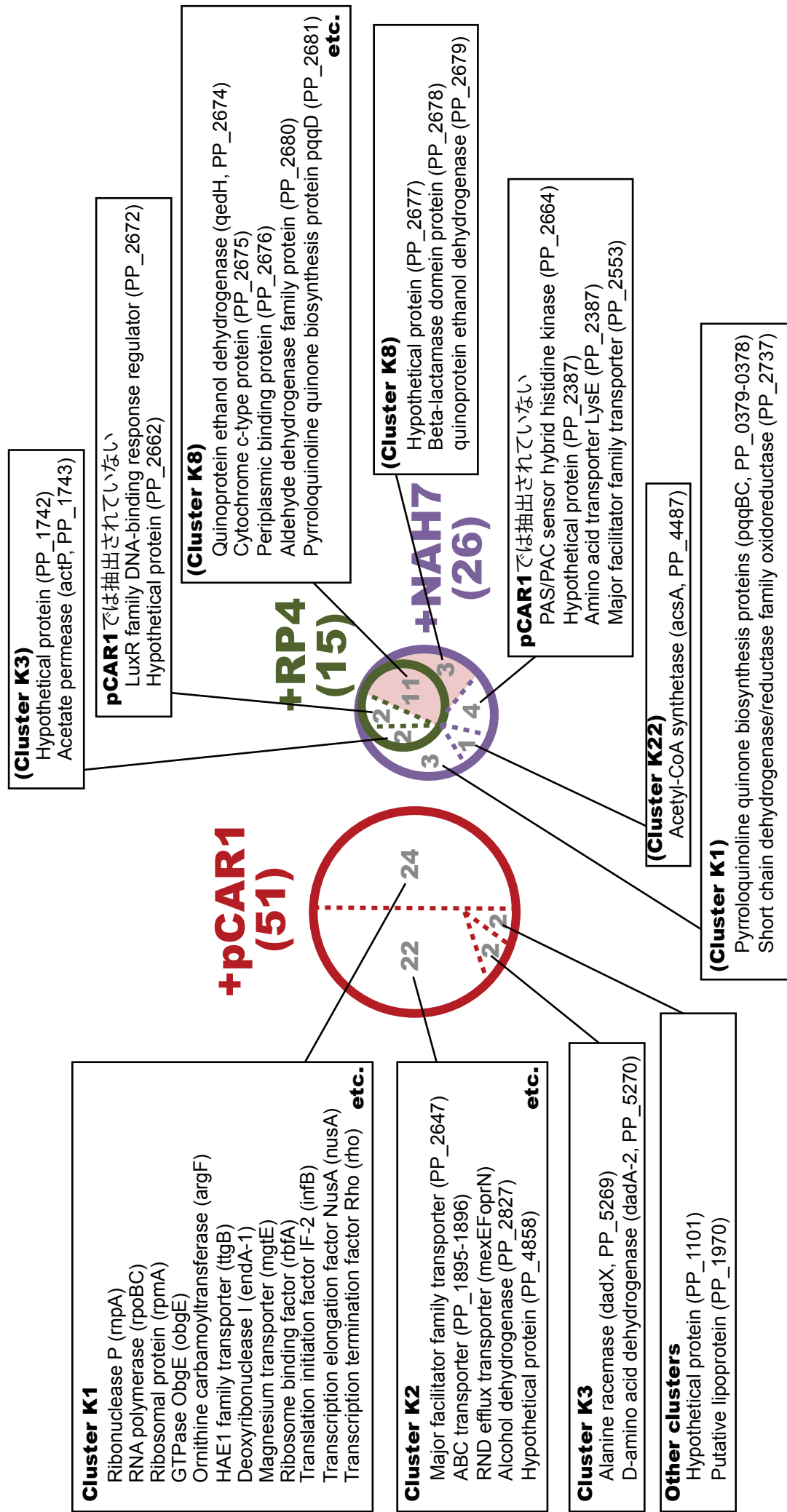


Fig. 5-6. 3 種のプラスミドをそれぞれ保持した KT2440 株における対数期で抑制された遺伝子の内容。
 各 ORF の description はアノテーション情報を一部略しているものもある。

Downregulated in log phase (4 h)

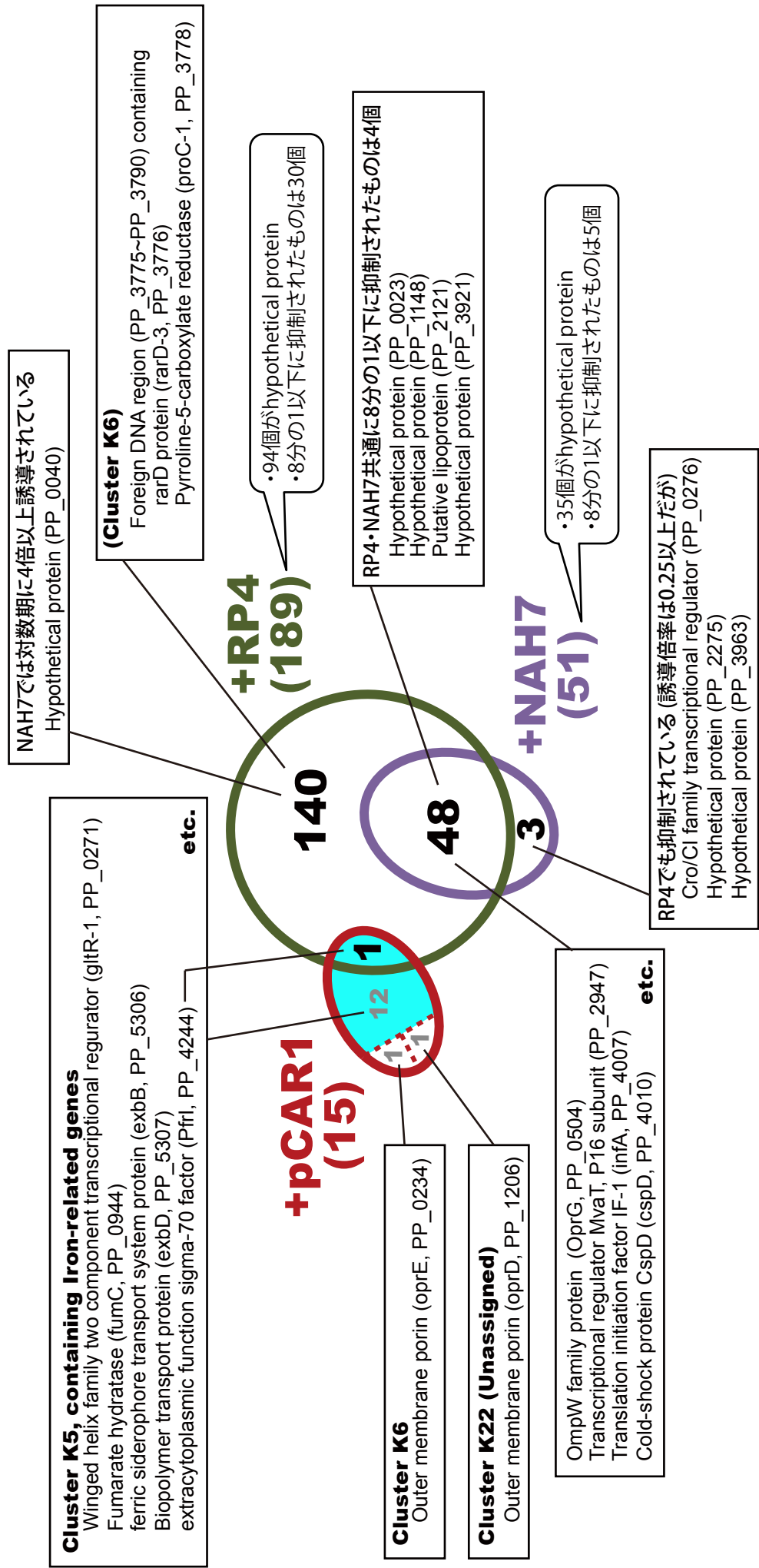


Fig. 5-7. 3種のプラスミドをそれぞれ保持した KT2440 株における対数期で抑制された遺伝子の内容。
各 ORF の description はアノテーション情報を一部略しているものもある。

Downregulated in stationary phase (8 h)

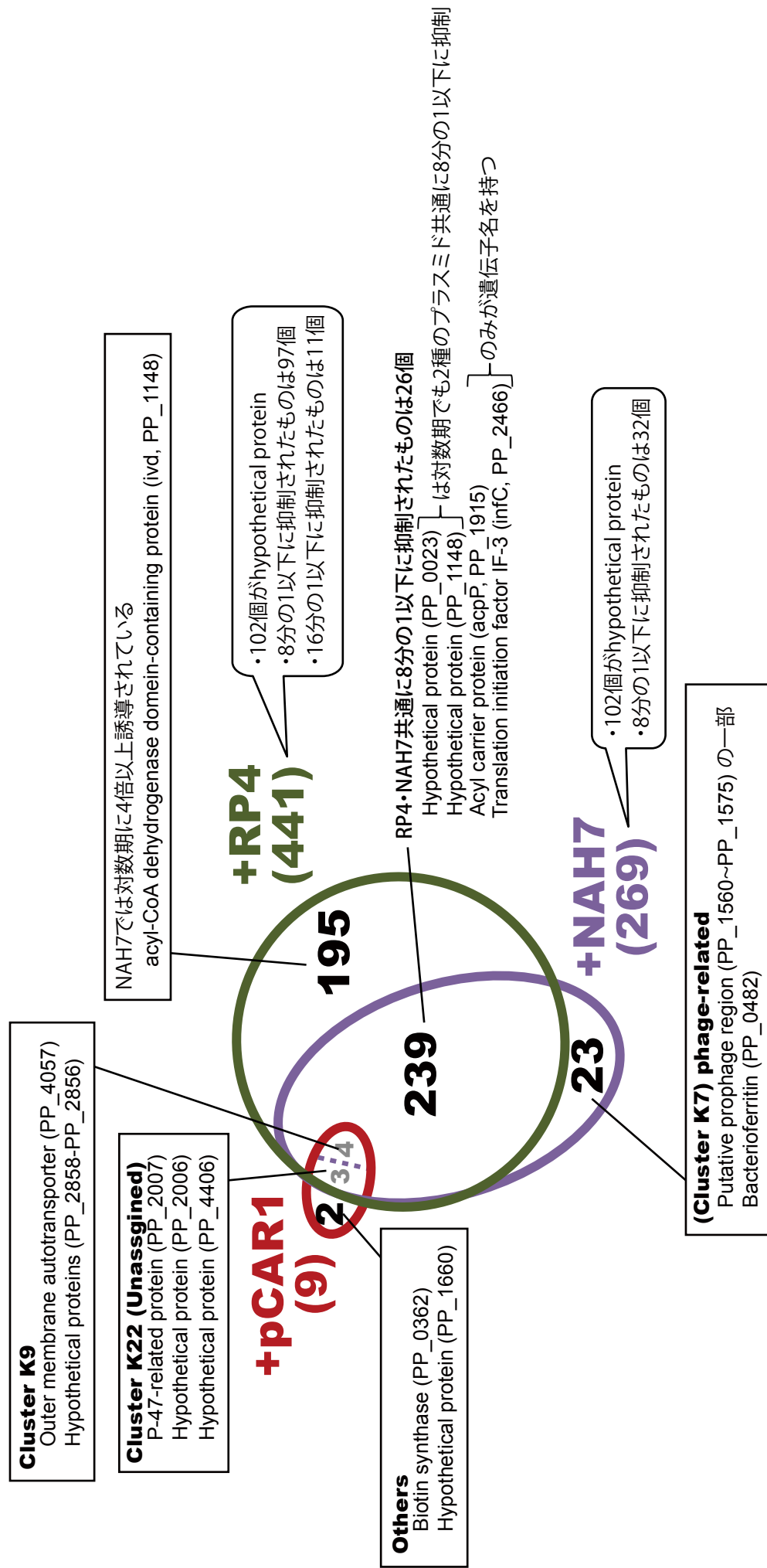


Fig. 5-8. 3 種のプラスミドをそれぞれ保持した KT2440 株における定常期で抑制された遺伝子の内容。
各 ORF の description はアノテーション情報を一部略しているものもある。

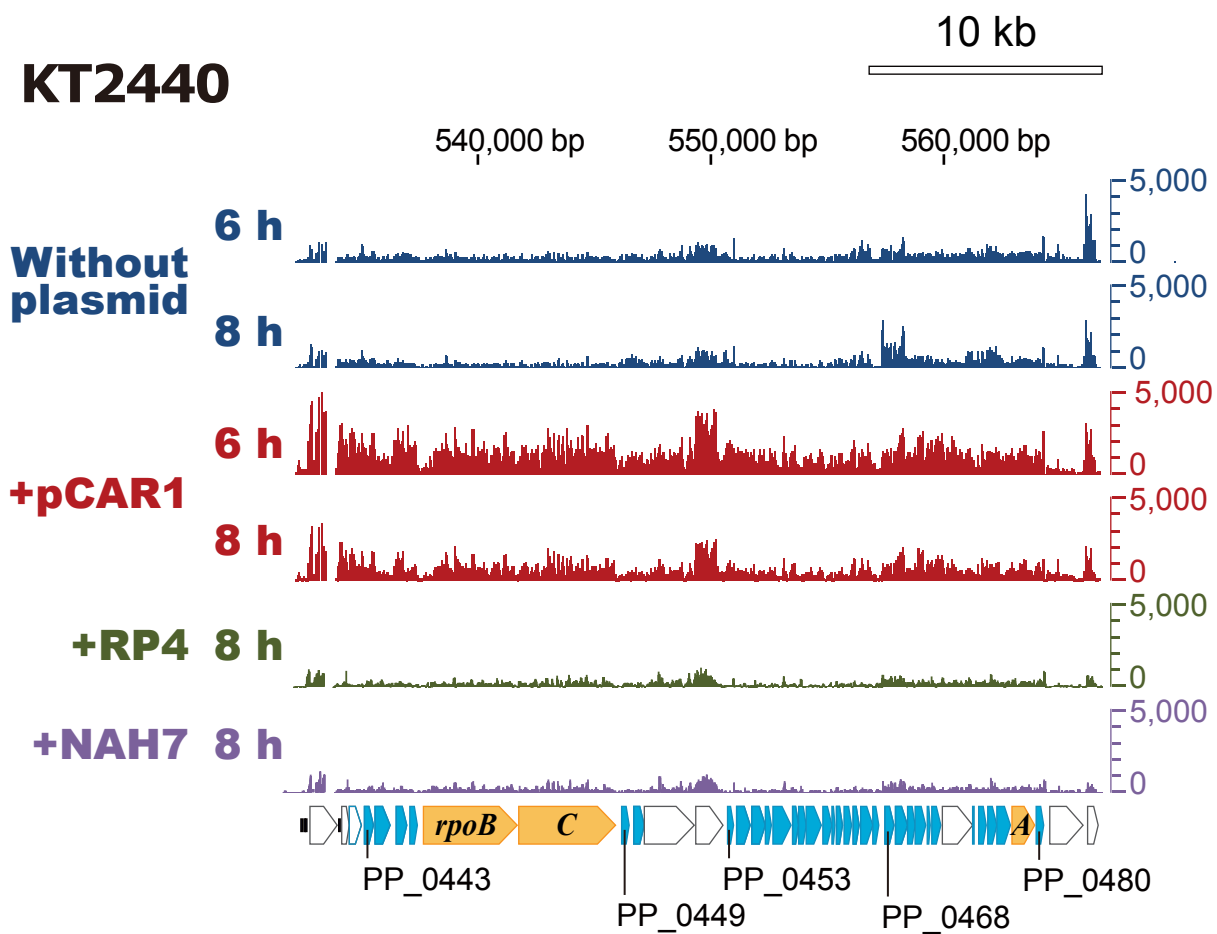


Fig. 5-9. RNAP とリボソームタンパク質の遺伝子を含む領域の RNA マップ

x 軸は染色体塩基配列, y 軸は各プローブの示したシグナル値の大きさをそれぞれ表しており, 緑五角形はアノテーションされた ORF の大きさと向きを表す. RNA ポリメラーゼコアの遺伝子 (*rpo*) を橙色で, リボソームタンパク質の遺伝子を水色で示す.

第6章 総括と展望

本研究では、IncP-7 群カルバゾール分解プラスミド pCAR1 を保持する際に宿主細胞に生じる変化を網羅的に検出し、様々な観点からの整理・分類を行った。さらに、pCAR1 によって生じる様々な変化の中で、NAPs が関与する範囲、異なる宿主・異なるプラスミド間で共通する範囲を明らかにした。

第2章では3宿主の pCAR1 コピー数がほぼ同じであることを示すとともに、Phenotype Microarray 解析によって、pCAR1 を保持した際に、特定の浸透圧・pH ストレスへの耐性が低下すること、C 源、N 源、P 源、S 源を変化させた際に一部の条件で呼吸量（細胞内還元力）が低下することを示した。プラスミドの保持による影響が現れる条件と現れない条件が存在したという結果は、周囲の環境条件によってプラスミド保持株と非保持株との間の競合の結果が異なる可能性を示唆し、種々環境下で様々な生物と共存した状態でのプラスミド保持株の挙動を考える上で、プラスミドが機能する細胞内環境とそれを変化させる細胞外環境の影響を無視してはならないことをより一層強調するものである。

呼吸量の低下が見られた条件の数は KT2440 株が一番多く、Pf0-1 株が一番少なかった。KT2440 株と PAO1 株では、細胞活性が低下していると推測される反応経路に差はあるものの、TCA 回路とその周辺の代謝経路の化合物を C 源とした際に呼吸量の低下が認められるという共通点が見られた。一方、Pf0-1 株ではこれらの条件でも呼吸量の低下がほとんど認められないことから、この変化は宿主ごとに発露の仕方が変化することも示された。KT2440 株においては、*pmr*, *phu*, *pnd* のいずれかを除去すると、上記呼吸量の低下が若干回復することから、これらの代謝経路の活性低下の一因はこれらの NAPs にあることも示された。さらに、pCAR1 の保持によっては変化が見られなかった条件で、pCAR1 上の NAPs を破壊して初めて呼吸量の低下が見られたものが複数存在した。これまでも *pmr* を破壊した際の転写変動の大きさから Pmr が pCAR1 を保持する際の“負荷”を軽減することが示唆されていたが、今回のデータ解析によって表現型レベルで“負荷の軽減”が起こっていることが示された。

第3章では、pCAR1 を保持する際に転写変動する宿主染色体上遺伝子を選抜し、3 宿主での保存性や推定される機能、転写プロファイルのパターン等いくつかの観点で分類した。さらにタイリングアレイデータを利用して転写開始点を推定し、転写変動した遺伝子の上流配列（推定転写制御領域）の *in silico* 解析も行った。転写変動した遺伝子の数は、Phenotype MicroArray 解析において pCAR1 の保持により呼吸量が低下した培養条件の数の傾向、及び各宿主において pCAR1 保持株と非保持株とを混合培養した際に pCAR1 保持株が淘汰される速度の傾向（当研究室 Takase ら、未発表データ）と一致しており、pCAR1 を保持する際の負荷が KT2440 株 > PAO1 株 > Pf0-1 株の順に大きいことが示された。対数期よりも定常

期で pCAR1 を保持した際の転写変動が大きいという傾向は 3 宿主共通であったが、Pf0-1 株で転写変動した ORF は Pf0-1 株固有の遺伝子が多い一方で、KT2440 株と PAO1 株では 3 宿主に保存された ORF が多く、2 株でその内容も類似していた。KT2440 株と PAO1 株では、本来対数期に盛んに転写され定常期に入ると完全に抑制される多くの遺伝子が、pCAR1 を保持すると完全には抑制されなくなっていた。さらに 3 宿主に保存されている遺伝子でも KT2440 株のみで転写変動しているものも多かった。

pmr を除去した KT2440(pCAR1)株のトランスクリプトームデータを利用して、pCAR1 を保持する際に起こる様々な転写変動について Pmr の関与の程度を評価したところ、pCAR1 を保持した際に起こる変化の約半数に Pmr が関与しており、さらに転写パターンに応じて Pmr が深く関与する転写変動と／関与の程度が低い転写変動に分類できることを示した。上記の定常期に入る際に転写の切り替えが不完全になる変化については、“Pmr は変化を抑える働きをしているが、完全には抑えきれていない” ことが見出された。

第 4 章では、pCAR1 トランスクリプトームの宿主間の比較を行い、宿主によって転写パターンの変化する複数の転写ユニットを見出した。NAPs をコードする 3 つの遺伝子は宿主ごとに転写量のピークを迎える時期が異なっており、NAPs の量的な差が、宿主染色体由来の核様体タンパク質の質的・量的な違いと相乗的に機能して、宿主ごとに固有の形質を出現させる可能性が示唆された。また、KT2440 株では他の株で転写が認められない転写ユニットの存在や、transposase や resolvase 等を含む複数の転写ユニットの転写される時期が他の株より長い傾向が見出され、pCAR1 を保持した際の負荷が他の 2 株より大きい原因の一つなのではないかと推測された。

第 5 章では、pCAR1 を保持した際の宿主染色体の転写変動が他のプラスミドでも共通する現象なのか否かを、RP4、NAH7 をそれぞれ保持する KT2440 株を用いて評価した。各プラスミドの保持による転写変動は RP4 が一番大きく、次いで NAH7 で、pCAR1 によるものが一番小さかった。pCAR1 を保持した際には誘導された遺伝子が多いのに対し、RP4・NAH7 では抑制された遺伝子が多いこと、また pCAR1 保持株で変動した遺伝子には機能既知なものが多い一方、RP4・NAH7 で変動した遺伝子は機能未知なものが多く pCAR1 で変動したものと共通性が少ないことが示された。

pCAR1 を保持した宿主に起こる変化の総括

本研究で検出した pCAR1 を保持した KT2440 株に起こる変化を、以前の研究の知見も合わせて Fig. 6-1 に模式的に示した。プラスミド上の遺伝子の機能に由来する変化だけでなく、宿主染色体上の遺伝子の発現の変化、さらにそれらによって細胞内物質量が変化したことで引き起こされる二次的な変化、の重ね合わせが“pCAR1 が宿主に与える影響”である。本研究は、変化を引き起こす個々のメカニズムの解明には至って

いないが、変化の全体像を提示し、分類したという点で、一定の成果を挙げたと言える。

異なる宿主・プラスミド間での共通性

pCAR1 を保持した 3 宿主の比較によって、宿主の変化は KT2440 株で一番大きいことが示された。一方で、KT2440 株を宿主として他のプラスミドを保持した際の変化と比較すると、pCAR1 が与える影響は比較的小さいことも示された (Fig. 6-2)。変化の内容を宿主間で比較することで、宿主特異的な変化と他の宿主にも共通な変化の分類を行い (Fig. 6-1)、宿主固有の遺伝子の変動だけでなく、3 宿主が共通に有している遺伝子の宿主特異的な変動も、“変化の大きさ” が異なる原因であることが示された。Pf0-1 株では KT2440 株と PAO1 株で共通に見られた変化の多くが見られない (pCAR1 を保持する際の負荷が小さい) 傾向があったことから、今後“2 株でなぜ変化するのか”を解析する際に Pf0-1 株を対照として用いることで、変化を引き起こす実体の解明や、負荷を軽減する因子の探索が効率よく行えるのではないかと期待できる。

NAPs の機能・意義

第 2 章及び第 3 章を通して、pCAR1 上の NAPs は pCAR1 が宿主を変化させる際に重要な鍵因子であることが改めて示された。しかし、同時に pCAR1 を保持する際の宿主の変化のうち、半数ほどは NAPs の関与しない変化であることも示された。さらに NAPs は、pCAR1 による変化を促進する方向にも、抑制する方向にも機能していた。pCAR1 上の NAPs の機能を考える上では染色体上にコードされる NAPs との相互作用も考慮する必要がある。第 3 章で行った *pmr* 破壊株の解析を染色体の NAPs 破壊株にも適用することで、pCAR1 上の NAPs と染色体上の NAPs の機能の共通点・相違点が明らかになると考えられる。また第 4 章においては、宿主によって転写パターンの変化した転写ユニットの位置は Pmr 結合サイトの位置と一致したものも見られたことから、Pmr 以外の NAPs の結合サイトの位置との比較や、各 NAPs 破壊株で転写変動する転写ユニットの位置と比較することで、これらの宿主固有の転写変動への各 NAPs の関与を調べることができると期待される。

また、RP4 と NAH7 には NAPs がコードされていない。NAPs を持たないことが両プラスミド保持株で転写変動した遺伝子が多かった原因と考えるのは安易だが、プラスミド上に NAPs がコードされている意義を考察する上で、KT2440 株と NAPs 破壊株を比較した際の転写変動と、RP4 や NAH7 を保持する際の転写変動の内容の比較を行うことは有益かもしれない。

本研究は、これまで茫漠と語られてきた“プラスミドの負荷”の実体を明らかにしたものであるが、その負荷の宿主間・プラスミド間での共通性を検討したものとも

言える．さらに，これらの現象への pCAR1 上の NAPs の関与を検討し，NAPs が関与する現象と関与しない現象両方を見出した．

今後，本研究で発見したプラスミドと宿主の相互作用に基づく変化の分子メカニズムを詳細に解析することで，細菌の機能進化や生き残りに重要なプラスミドの働きを正しく理解する基盤情報となると期待される．最近，当研究室の他のメンバーによって，本研究と同じ培養条件で長期培養した結果“pCAR1 の負荷が軽減した”自然変異株の全塩基配列の決定が行われた．変異点は現在解析中であるが，見出された変異点と本研究で検出した転写変動する遺伝子を比較してみることは非常に興味深い．本研究で選抜した遺伝子に変異が入っていた場合，様々な転写変動の中で宿主への“負荷”に直結するものを絞り込み，本研究で得られた，pCAR1 を保持した際の転写プロファイルの変化の仕方や同じプロファイルを示す他の遺伝子，宿主間での保存性，その変動に Pmr が関与するかどうか，といった情報から，負荷が軽減したメカニズムを考察・解明できると期待される．

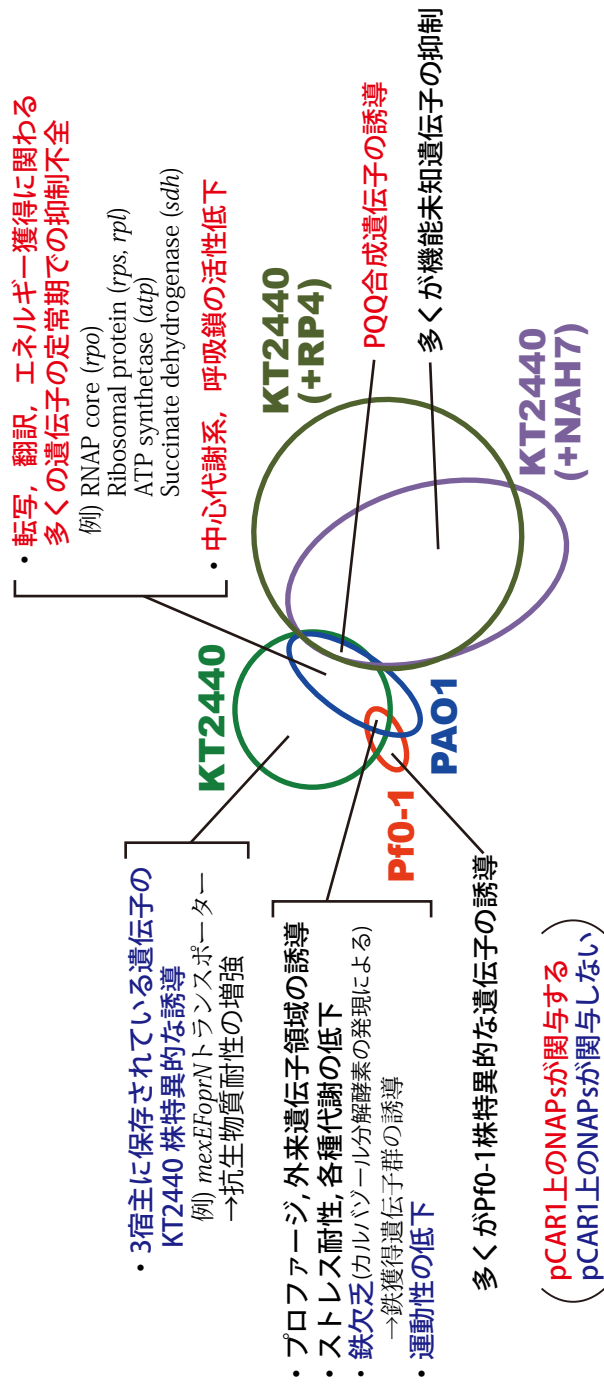


Fig. 6-2. プラスミドが宿主に与える影響の宿主間での比較とプラスミド間の比較.

参考文献

- Andersson, L., Yang, S., Neubauer, P. & Enfors, S.-O. (1996). Impact of plasmid presence and induction on cellular responses in fed batch cultures of *Escherichia coli*. *Journal of Biotechnology* **46**, 255-263.
- Birnbaum, S. & Bailey, J. E. (1991a). Plasmid presence changes the relative levels of many host cell proteins and ribosome components in recombinant *Escherichia coli*. *Biotechnol Bioeng* **37**, 736-745.
- Blattner, F. R., Plunkett, G., Bloch, C. A. & other authors (1997). The complete genome sequence of *Escherichia coli* K-12. *Science* **277**, 1453-1462.
- Bouma, J. E. & Lenski, R. E. (1988). Evolution of a bacteria/plasmid association. *Nature* **335**, 351-352.
- Buch, A. D., Archana, G. & Naresh Kumar, G. (2010). Broad-host-range plasmid-mediated metabolic perturbations in *Pseudomonas fluorescens* 13525. *Applied Microbiology and Biotechnology* **88**, 209-218.
- Camillo, B. D., Toffolo, G., Nair, S. K., Greenlund, L. J. & Cobelli, C. (2007). Significance analysis of microarray transcript levels in time series experiments. *BMC Bioinformatics* **8**, S10.
- Cunningham, D. S., Koepsel, R. R., Ataa, M. M. & Domach, M. M. (2009). Factors affecting plasmid production in *Escherichia coli* from a resource allocation standpoint. *Microb Cell Fact* **8**, 27.
- Dahlberg, C. & Chao, L. (2003). Amelioration of the cost of conjugative plasmid carriage in *Escherichia coli* K12. *Genetics* **165**, 1641-1649.
- Dale, J. W. & Smith, J. T. (1979). The effect of a plasmid on growth and survival of *E. coli*. *Antonie Van Leeuwenhoek* **45**, 103-111.
- Dam, P., Oلمان, V., Harris, K., Su, Z. & Xu, Y. (2007). Operon prediction using both genome-specific and general genomic information. *Nucleic Acids Research* **35**, 288-298.
- De Gelder, L., Vandecasteele, F. P. J., Brown, C. J., Forney, L. J. & Top, E. M. (2005). Plasmid Donor Affects Host Range of Promiscuous IncP-1 Plasmid pB10 in an Activated-Sludge Microbial Community. *Applied and Environmental Microbiology* **71**, 5309-5317.
- De Gelder, L., Ponciano, J. M., Joyce, P. & Top, E. M. (2007). Stability of a promiscuous plasmid in different hosts: no guarantee for a long-term relationship. *Microbiology* **153**, 452-463.
- Deflaun, M. F., Tanzer, A. S., McAteer, A. L., Marshall, B. & Levy, S. B. (1990). Development of an adhesion assay and characterization of an adhesion-deficient mutant of *Pseudomonas fluorescens*. *Appl Environ Microbiol* **56**, 112-119.
- Diaz-Ricci, J. C. & Hernandez, M. E. (2000). Plasmid effects on *Escherichia coli* metabolism. *Critical Reviews in Biotechnology* **20**, 79-108.
- Dillon, S. C. & Dorman, C. J. (2010). Bacterial nucleoid-associated proteins, nucleoid structure and gene expression. *Nature Reviews Microbiology* **8**, 185-195.
- Dionisio, F., Conceição, I. C., Marques, A. C. R., Fernandes, L. & Gordo, I. (2005). The evolution of a conjugative plasmid and its ability to increase bacterial fitness. *Biology Letters* **1**, 250-252.
- dos Santos, V. A. P. M., Heim, S., Moore, E. R. B., Stratz, M. & Timmis, K. N. (2004). Insights into the genomic basis of niche specificity of *Pseudomonas putida* KT2440. *Environmental Microbiology* **6**, 1264-1286.
- Doyle, M., Fookes, M., Ivens, A., Mangan, M. W., Wain, J. & Dorman, C. J. (2007). An H-NS-like stealth protein aids horizontal DNA transmission in bacteria. *Science* **315**, 251-252.

- Engberg, B., Hjalmarsson, K. & Nordstrom, K. (1975). Inhibition of cell division in *Escherichia coli* K-12 by the R-factor R1 and copy mutants of R1. *J Bacteriol* **124**, 633-640.
- Enne, V. I., Delsol, A. A., Davis, G. R., Hayward, S. L., Roe, J. M. & Bennett, P. M. (2005). Assessment of the fitness impacts on *Escherichia coli* of acquisition of antibiotic resistance genes encoded by different types of genetic element. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy* **56**, 544-551.
- Fouts, D. E. (2006). Phage_Finder: Automated identification and classification of prophage regions in complete bacterial genome sequences. *Nucleic Acids Research* **34**, 5839-5851.
- Frost, L. S., Leplae, R., Summers, A. O. & Toussaint, A. (2005). Mobile genetic elements: the agents of open source evolution. *Nature Reviews Microbiology* **3**, 722-732.
- Gaillard, M., Pernet, N., Vogne, C., Hagenbuchle, O. & van der Meer, J. R. (2008). Host and invader impact of transfer of the *clc* genomic island into *Pseudomonas aeruginosa* PAO1. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **105**, 7058-7063.
- Haft, R. J. F., Mittler, J. E. & Traxler, B. (2009). Competition favours reduced cost of plasmids to host bacteria. *ISME J* **3**, 761-769.
- Helling, R. B., Kinney, T. & Adams, J. (1981). The maintenance of plasmid-containing organisms in populations of *Escherichia coli*. *Journal of General Microbiology* **123**, 129-141.
- Heuer, H., Fox, R. E. & Top, E. M. (2007). Frequent conjugative transfer accelerates adaptation of a broad-host-range plasmid to an unfavorable *Pseudomonas putida* host. *FEMS Microbiol Ecol* **59**, 738-748.
- Huang, M., Oppermann, F. B. & Steinbüchel, A. (1994). Molecular characterization of the *Pseudomonas putida* 2,3-butanediol catabolic pathway. *FEMS Microbiology Letters* **124**, 141-150.
- Jørgensen, F., Bally, M., Chapon-Herve, V., Michel, G., Lazdunski, A., Williams, P. & Stewart, G. S. A. B. (1999). RpoS-dependent stress tolerance in *Pseudomonas aeruginosa*. *Microbiology* **145**, 835-844.
- Krämer, R. (2010). Bacterial stimulus perception and signal transduction: Response to osmotic stress. *The Chemical Record* **10**, 217-229.
- Krulwich, T. A., Sachs, G. & Padan, E. (2011). Molecular aspects of bacterial pH sensing and homeostasis. *Nature Reviews Microbiology* **9**, 330-343.
- Kulasekara, B. R. & Lory, S. (2004). The genome of *Pseudomonas aeruginosa*. In *Pseudomonas*, pp. 47-76. Edited by J.-L. Ramos. New York: Kluwer Academic/Plenum Publishers.
- Lee, S. W. & Edlin, G. (1985). Expression of tetracycline resistance in pBR322 derivatives reduces the reproductive fitness of plasmid-containing *Escherichia coli*. *Gene* **39**, 173-180.
- Li, W., Shi, J., Wang, X., Han, Y., Tong, W., Ma, L., Liu, B. & Cai, B. (2004). Complete nucleotide sequence and organization of the naphthalene catabolic plasmid pND6-1 from *Pseudomonas* sp. strain ND6. *Gene* **336**, 231-240.
- Lilley, A. & Bailey, M. (1997). Impact of plasmid pQBR103 acquisition and carriage on the phytosphere fitness of *Pseudomonas fluorescens* SBW25: burden and benefit. *Appl Environ Microbiol* **63**, 1584-1587.
- Maeda, K., Nojiri, H., Shintani, M., Yoshida, T., Habe, H. & Omori, T. (2003). Complete nucleotide sequence of carbazole/dioxin-degrading plasmid pCAR1 in *Pseudomonas resinovorans* strain CA10 indicates its mosaicity and the presence of large catabolic transposon Tn4676. *J Mol Biol* **326**, 21-33.
- Miyakoshi, M., Urata, M., Habe, H., Omori, T., Yamane, H. & Nojiri, H. (2006). Differentiation of carbazole catabolic operons by replacement of the regulated promoter via transposition of an insertion

sequence. *J Biol Chem* **281**, 8450-8457.

Miyakoshi, M., Shintani, M., Terabayashi, T., Kai, S., Yamane, H. & Nojiri, H. (2007). Transcriptome analysis of *Pseudomonas putida* KT2440 harboring the completely sequenced IncP-7 plasmid pCAR1. *J Bacteriol* **189**, 6849-6860.

Miyakoshi, M., Nishida, H., Shintani, M., Yamane, H. & Nojiri, H. (2009). High-resolution mapping of plasmid transcriptomes in different host bacteria. *BMC Genomics* **10**, 12.

Navarro Llorens, J. M., Tormo, A. & Martínez-García, E. (2010). Stationary phase in gram-negative bacteria. *FEMS Microbiology Reviews* **34**, 476-495.

Nelson, K. E., Weinell, C., Paulsen, I. T. & other authors (2002). Complete genome sequence and comparative analysis of the metabolically versatile *Pseudomonas putida* KT2440. *Environ Microbiol* **4**, 799-808.

Nojiri, H., Sekiguchi, H., Maeda, K., Urata, M., Nakai, S., Yoshida, T., Habe, H. & Omori, T. (2001). Genetic characterization and evolutionary implications of a car gene cluster in the carbazole degrader *Pseudomonas* sp. strain CA10. *J Bacteriol* **183**, 3663-3679.

Nojiri, H. & Omori, T. (2007). Carbazole Metabolism by Pseudomonads. In *Pseudomonas* pp. 107-145. Edited by J.-L. Ramos & A. Filloux.

Ouchiyaama, N., Zhang, Y., Omori, T. & Kodama, T. (1993). Biodegradation of Carbazole by *Pseudomonas* spp. CA06 and CA10. *Biosci Biotechnol Biochem* **57**, 455-460.

Ow, D. S.-W., Nissom, P. M., Philp, R., Oh, S. K.-W. & Yap, M. G.-S. (2006). Global transcriptional analysis of metabolic burden due to plasmid maintenance in *Escherichia coli* DH5a during batch fermentation. *Enzyme and Microbial Technology* **39**, 391-398.

Ow, D. S.-W., Lee, R. M.-Y., Nissom, P. M., Philp, R., Oh, S. K.-W. & Yap, M. G.-S. (2007). Inactivating FruR global regulator in plasmid-bearing *Escherichia coli* alters metabolic gene expression and improves growth rate. *Journal of Biotechnology* **131**, 261-269.

Ow, D. S.-W., Lee, D.-Y., Yap, M. G.-S. & Oh, S. K.-W. (2009). Identification of cellular objective for elucidating the physiological state of plasmid-bearing *Escherichia coli* using genome-scale *in silico* analysis. *Biotechnol Prog* **25**, 61-67.

R Development Core Team, R. F. F. S. C. (2008). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. Vienna Austria: R Foundation for Statistical Computing.

Ramos, J. L., Marqués, S. & Timmis, K. N. (1997). Transcriptional control of the *Pseudomonas* TOL plasmid catabolic operons is achieved through an interplay of host factors and plasmid-encoded regulators. *Annu Rev Microbiol* **51**, 341-372.

Rhee, J., Diaz Ricci, J. C., Bode, J. & Schügerl, K. (1994). Metabolic enhancement due to plasmid maintenance. *Biotechnology Letters* **16**, 881-884.

Rice, P., Longden, I. & Bleasby, A. (2000). EMBOSS: The European Molecular Biology Open Software Suite. *Trends in Genetics* **16**, 276-277.

Rozkov, A., Avignone-Rossa, C. A., Ertl, P. F., Jones, P., O'Kennedy, R. D., Smith, J. J., Dale, J. W. & Bushell, M. E. (2004). Characterization of the metabolic burden on *Escherichia coli* DH1 cells imposed by the presence of a plasmid containing a gene therapy sequence. *Biotechnology and Bioengineering* **88**, 909-915.

Saeed, A. I., Sharov, V., White, J. & other authors (2003). TM4: a free, open-source system for microarray data management and analysis. *Biotechniques* **34**, 374-378.

Schmidt-Eisenlohr, H. & Baron, C. (2003). The competitiveness of *Pseudomonas chlororaphis* carrying pJP4 Is reduced in the *Arabidopsis thaliana* rhizosphere. *Appl Environ Microbiol* **69**, 1827-1831.

Sharma, V., Archana, G. & Naresh Kumar, G. (2011). Plasmid load adversely affects growth and gluconic acid secretion ability of mineral phosphate-solubilizing rhizospheric bacterium *Enterobacter asburiae* PSI3 under P limited conditions. *Microbiological Research* **166**, 36-46.

Shintani, M., Habe, H., Tsuda, M., Omori, T., Yamane, H. & Nojiri, H. (2005a). Recipient range of IncP-7 conjugative plasmid pCAR2 from *Pseudomonas putida* HS01 is broader than from other *Pseudomonas* strains. *Biotechnol Lett* **27**, 1847-1853.

Shintani, M., Yoshida, T., Habe, H., Omori, T. & Nojiri, H. (2005b). Large plasmid pCAR2 and class II transposon Tn4676 are functional mobile genetic elements to distribute the carbazole/dioxin-degradative *car* gene cluster in different bacteria. *Appl Microbiol Biotechnol* **67**, 370-382.

Shintani, M., Yano, H., Habe, H., Omori, T., Yamane, H., Tsuda, M. & Nojiri, H. (2006). Characterization of the replication, maintenance, and transfer features of the IncP-7 plasmid pCAR1, which carries genes involved in carbazole and dioxin degradation. *Appl Environ Microbiol* **72**, 3206-3216.

Shintani, M., Fukushima, N., Tezuka, M., Yamane, H. & Nojiri, H. (2008). Conjugative transfer of the IncP-7 carbazole degradative plasmid, pCAR1, in river water samples. *Biotechnol Lett* **30**, 117-122.

Shintani, M., Takahashi, Y., Tokumaru, H. & other authors (2010). Response of the *Pseudomonas* host chromosomal transcriptome to carriage of the IncP-7 plasmid pCAR1. *Environ Microbiol* **12**, 1413-1426.

Shintani, M., Matsumoto, T., Yoshikawa, H., Yamane, H., Ohkuma, M. & Nojiri, H. (2011a). DNA rearrangement has occurred in the carbazole-degradative plasmid pCAR1 and the chromosome of its unsuitable host, *Pseudomonas fluorescens* Pf0-1. *Microbiology* **157**, 3405-3416.

Shintani, M., Tokumaru, H., Takahashi, Y., Miyakoshi, M., Yamane, H., Nishida, H. & Nojiri, H. (2011b). Alterations of RNA maps of IncP-7 plasmid pCAR1 in various *Pseudomonas* bacteria. *Plasmid* **66**, 85-92.

Silby, M. W., Cerdeno-Tarraga, A. M., Vernikos, G. S. & other authors (2009). Genomic and genetic analyses of diversity and plant interactions of *Pseudomonas fluorescens*. *Genome Biol* **10**, R51.

Stover, C. K., Pham, X. Q., Erwin, A. L. & other authors (2000). Complete genome sequence of *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, an opportunistic pathogen. *Nature* **406**, 959-964.

Suh, S.-J., Silo-Suh, L., Woods, D. E., Hassett, D. J., West, S. E. H. & Ohman, D. E. (1999). Effect of *rpoS* Mutation on the Stress Response and Expression of Virulence Factors in *Pseudomonas aeruginosa*. *Journal of Bacteriology* **181**, 3890-3897.

Suzuki, C., Yun, C. S., Umeda, T., Terabayashi, T., Watanabe, K., Yamane, H. & Nojiri, H. (2011). Oligomerization and DNA-Binding Capacity of Pmr, a Histone-Like Protein H1 (H-NS) Family Protein Encoded on IncP-7 Carbazole-Degradative Plasmid pCAR1. *Biosci Biotechnol Biochem.* **75**, 711-714

Takahashi, Y., Shintani, M., Li, L., Yamane, H. & Nojiri, H. (2009a). Carbazole-degradative IncP-7 plasmid pCAR1.2 is structurally unstable in *Pseudomonas fluorescens* Pf0-1, which accumulates catechol, the intermediate of the carbazole degradation pathway. *Appl Environ Microbiol* **75**, 3920-3929.

Takahashi, Y., Shintani, M., Yamane, H. & Nojiri, H. (2009b). The complete nucleotide sequence of pCAR2: pCAR2 and pCAR1 were structurally identical IncP-7 carbazole degradative plasmids. *Biosci Biotechnol Biochem* **73**, 744-746.

Takeda, T., Yun, C.-S., Shintani, M., Yamane, H. & Nojiri, H. (2011). Distribution of genes encoding

nucleoid-associated protein homologs in plasmids. *International Journal of Evolutionary Biology* **2011**, 1-30.

Tatusov, R. L., Koonin, E. V. & Lipman, D. J. (1997). A genomic perspective on protein families. *Science* **278**, 631-637.

Ude, S., Bailey, M. J., Huang, W. E. & Spiers, A. J. (2007). The environmental plasmid pQBR103 alters the single-cell raman spectral profile of *Pseudomonas fluorescens* SBW25. *Microbial Ecology* **53**, 494-497.

Urata, M., Miyakoshi, M., Kai, S., Maeda, K., Habe, H., Omori, T., Yamane, H. & Nojiri, H. (2004). Transcriptional regulation of the ant operon, encoding two-component anthranilate 1,2-dioxygenase, on the carbazole-degradative plasmid pCAR1 of *Pseudomonas resinovorans* strain CA10. *J Bacteriol* **186**, 6815-6823.

Wang, Z., Xiang, L., Shao, J., Węgrzyn, A. & Węgrzyn, G. (2006). Effects of the presence of ColE1 plasmid DNA in *Escherichia coli* on the host cell metabolism. *Microbial Cell Factories* **5**, 34.

Yano, H., Garruto, C. E., Sota, M., Ohtsubo, Y., Nagata, Y., Zylstra, G. J., Williams, P. A. & Tsuda, M. (2007). Complete sequence determination combined with analysis of transposition/site-specific recombination events to explain genetic organization of IncP-7 TOL plasmid pWW53 and related mobile genetic elements. *J Mol Biol* **369**, 11-26.

Yano, H., Miyakoshi, M., Ohshima, K., Tabata, M., Nagata, Y., Hattori, M. & Tsuda, M. (2010). Complete Nucleotide Sequence of TOL Plasmid pDK1 Provides Evidence for Evolutionary History of IncP-7 Catabolic Plasmids. *Journal of Bacteriology* **192**, 4337-4347.

Yun, C. S., Suzuki, C., Naito, K. & other authors (2010). Pmr, a histone-like protein H1 (H-NS) family protein encoded by the IncP-7 plasmid pCAR1, is a key global regulator that alters host function. *J Bacteriol* **192**, 4720-4731.

Yuste, L., Hervas, A. B., Canosa, I. & other authors (2006). Growth phase-dependent expression of the *Pseudomonas putida* KT2440 transcriptional machinery analysed with a genome-wide DNA microarray. *Environmental Microbiology* **8**, 165-177.

Zund, P. & Lebek, G. (1980). Generation time-prolonging R plasmids: correlation between increases in the generation time of *Escherichia coli* caused by R plasmids and their molecular size. *Plasmid* **3**, 65-69.

新谷政己 (2006). 東京大学大学院博士論文.

杉浦昌弘編 (1989). クローニングとシーケンス. 農村文化社.

高橋裕里香 (2009). 東京大学大学院修士論文

武田俊春 (2011). 東京大学大学院博士論文

東京大学医科学研究所制癌研究部編 (1993). 細胞工学実験プロトコル, 第一版. 秀潤社.

松原謙一 (1976). プラスミド. 講談社サイエンティフィク

補章 1. 実験操作の詳細な手順

本章内での目次

補章 1. 実験操作の詳細な手順	1
補 1-1. カルバゾール重層プレートの作製	1
補 1-2. <i>Pseudomonas</i> 属細菌からの total DNA の抽出	2
補 1-3. Polymerase chain reaction (PCR)	4
補 1-4. アガロースゲル電気泳動とゲルからの DNA の回収	4
補 1-5. コンピテントセルの作製	5
補 1-6. 大腸菌の形質転換	6
補 1-7. 大腸菌からのプラスミドの抽出 (small scale)	6
補 1-8. プラスミドの精製	7
補 1-10. サザン解析	7
補 1-11. コロニーハイブリダイゼーション	10
補 1-12. 接合実験	11
補 1-13. 生育曲線の作成	12
補 1-14. 運動性試験	12
補 1-15. qRT-PCR 解析	13
補 1-16. アレイサンプル調製	16
補 1-17. Phenotype MicroArray 解析	20

補 1-1. カルバゾール重層プレートの作製

試薬

- カルバゾール DMSO 溶液(plate 用ストック)
カルバゾール 1g を 25 ml の DMSO に溶解し、疎水性フィルター (孔径 0.22 μ m, ADVANTEC) で濾過滅菌した。50 ml 容チューブに入れてアルミホイルで遮光し、室温保存。

操作

ここでは直径 8 cm の円形シャーレ 20 枚分を例にして記述する。

- (1) NMM-4 培地 (表 2-1 参照, ここではミネラル以外の成分) を 300 ml 作製し, 200 ml と 100 ml に分けてそれぞれに寒天末 [1.6% (wt/vol)] を加えオートクレーブする。100 ml のほうは 60°C のインキュベーターに入れて保温しておく。
- (2) 200 ml のほうにミネラルストック(Fe, Mg, Ca, 濃度等は表 2-2 を参照) を加え, シャーレ 1 枚あたり 10 ml 相当で流し込む。＜下層＞

- (3) 固化したのを確認したら、100 ml のほうにミネラルストックを加え、カルバゾールストックを 2.5 ml 加える (注1).
- (4) 先に固化した下層の上に、シャーレ 1 枚あたり 4 ml 相当で流し込んで固化させる (注2). <上層>

注1: スターラーの回転を速めにして、5 ml ピペットの先をビーカーの底のほうまで入れ、一気に押し出す。液面ゆっくり加えるとカルバゾールが十分に懸濁されず、綺麗なプレートができない。

注2: 5 ml ピペットの容量を 4.1 ml に合わせて、最後まで押し切らずにピペットに泡を残すようにする。手早くシャーレを回して全体に広げ、すぐに平らな所に置く。

注3: 抗生物質入りプレートにする場合は上層と下層それぞれに、表 2-2 に示した終濃度となるようにストックを添加する。

注4: オートクレーブ後の培地の攪拌にはホットスターラーを使用すると、培地が保温され作業しやすい。

補 1-2. *Pseudomonas* 属細菌からの total DNA の抽出

試薬

- TE buffer
10 mM tris(hydroxymethyl)aminomethane (Tris) -HCl (pH8.0)
1 mM ethylenediaminetetraacetic acid (EDTA)
- 10% sodium dodecylsulfate (SDS)
MilliQ 水を使用して作製し、室温保存。オートクレーブは不要
- 20 mg/ml proteinase K solution
200 mg の proteinase K を 10 ml の dH₂O に溶解し、小分けにして冷凍保存。
- 5 M NaCl
MilliQ 水を使用し、オートクレーブして室温保存。
- CTAB/NaCl solution
4.1% (wt/vol) NaCl
10% (wt/vol) hexadecyltrimethyl ammonium bromide (CTAB)
- クロロホルム
- フェノール/クロロホルム
TE 飽和フェノールとクロロホルムを等量混合した。
- 2-プロパノール
- 70% (wt/vol) エタノール
- 10 mg/ml RNaseA (DNase free) Glycerol Solution (Nippon gene)

操作

- (1) プレート上のシングルコロニーを 5 ml の LB 培地に植菌し、30°C で振盪培養した (300 strokes/min, 14~18 hour).
- (2) 2 ml の培養液を 2 ml チューブに移し、遠心 (13000 rpm, 2 min, RT) により集菌した後、567 µl の TE buffer に懸濁した (vortex).
- (3) 30 µl の 10%SDS, 3 µl の 20 mg/ml proteinase K solution を加え、小型回転培養器 (ROTATOR RT-50, TAITEC) を用いて室温で 15 分間穏やかに攪拌 (強度の目盛りは 2

と 3 の間) した後, 37°C で 1 時間以上インキュベートした (注 1). 以下, total DNA の調製の際に行う攪拌は全て小型回転培養器を用いて同様に行った.

- (4) 5 M NaCl を 100 μ l 加えて攪拌 (5 min) した.
- (5) 65°C に温めた CTAB/NaCl solution を 80 μ l 加えて攪拌 (7 min) した後, 65°C の湯浴でインキュベート (10 min) した.
- (6) 800 μ l のクロロホルムを加えて攪拌 (10 min) した後, 遠心 (15000 rpm, 15 min, RT) し, 上清を新しい 2 ml チューブに移した. 上清は粘性が高いため, ピペットのチップの先を斜めに切って用いた. (注 2)
- (7) 500~700 μ l (取れた上清の量によって調節する) のフェノール/クロロホルムを加えて攪拌 (10 min) した後, 遠心 (15000 rpm, 15 min, RT) し, 上清を新しい 1.5 ml チューブに移した. 白い中間層 (タンパク質を含む) を極力取らないようにした.
- (8) 上清と等量の 2-プロパノールを加えて攪拌 (30 min 以上) した後, 遠心 (15,000 rpm, 10 min, RT) し, 上清を捨てた.
- (9) 400 μ l の 70%エタノールを加えてチューブの内壁をリンスした後, 遠心 (15,000 rpm, 5 min, RT) し, 上清を捨て, デシケーターを用いてペレットをドライアップ (3~5 min) した. (注 3)
- (10) 終濃度 20 μ g/ml の RNaseA (DNase free) (Nippon gene) を含む TE buffer を 30 μ l 加えてペレットを溶解し, 37°C でインキュベート (15 min~over night) した後, 4°C または -20°C で使用時まで保存した. (注 4)

注 1. *Pseudomonas* 属細菌 (特に *aeruginosa* 種と *fluorescens* 種) はクロロホルム沈殿後の中間層が多く, また粘度の高い上清が中間層と絡み合うため, 上清が取りにくくなってしまふ. 時間的に余裕があれば, 一晚~数日 incubate したほうがタンパク・膜分解が進み, 上清が取り易くなる.

注 2. 中間層が多少入っても次のフェノール/クロロホルム処理でもう一度分離するチャンスがある. 注 1 に記したように, 上清と一緒に中間層も持ち上がってしまう場合はチューブの蓋で「パチン」と切ってしまう荒技もある (上清をチューブの蓋の周りや指に付着させてサンプル間でコンタミしないように注意).

注 3. ペレットをドライアップしすぎると TE buffer に溶解しにくくなってしまふ. 5 min 以上はやりすぎ.

注 4. TE buffer の量は 30 μ l にこだわらなくてよい. ペレットの大きさによって調節する. 薄めすぎると濃縮するのは大変 (EtOH 沈殿からやり直し) なので, 少なめの量で様子を見る. 濃すぎる (溶液が糸を引くほど粘性が高くピペットで吸えない状態になる) ようなら

TE buffer を追加する.

補 1-3. Polymerase chain reaction (PCR)

<反応系>

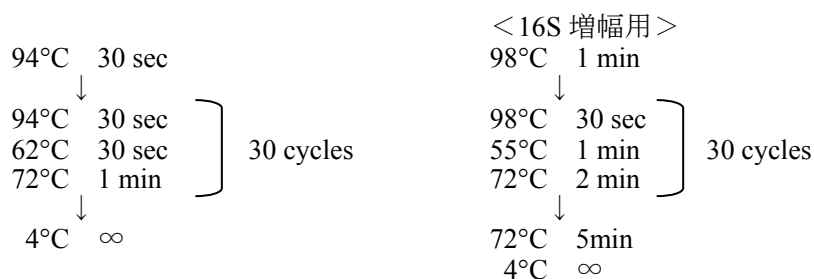
DNA polymerase にはタカラバイオ社の *Ex Taq*[®]を用いた. 反応液の組成を補表 1-4 に示す. 通常は 25 μ l の系で行い, 電気泳動後にゲルより DNA を回収する必要がある場合には 100 μ l の系で行った. サンプル数が多く Master mix の作成が可能な場合は primer と *Ex Taq* 量を減らして反応を行った.

補表 1-1. Compotision of reaction solution in PCR

	回収用	検出用	検出用 (Master mix)
template DNA	1 μ g相当	0.5 μ g 相当	0.5 μ g相当
primer -F (50 μ M)	0.5 μ l	0.5 μ l	0.125 μ l
-R (50 μ M)	0.5 μ l	0.5 μ l	0.125 μ l
10 \times <i>Ex Taq</i> buffer	10 μ l	2.5 μ l	2.5 μ l
dNTP (各 2.5 mM)	8 μ l	2.0 μ l	2.0 μ l
<i>Ex Taq</i> (5U/ μ l)	0.5 μ l	0.5 μ l	0.125 μ l
dH ₂ O	fill up to 100 μ l	fill up to 25 μ l	fill up to 25 μ l
total	100 μ l	25 μ l	25 μ l

<反応サイクル>

サーマルサイクラーには PCR Thermal Cycler Dice Standard (Takara Bio, Shiga, Japan) を用い, 以下のプログラムで行った.



補 1-4. アガロースゲル電気泳動とゲルからの DNA の回収

アガロースゲルはアガロースME(中電気浸透)クラシックタイプ (NACALAI TESQUE, INC., Kyoto, Japan; Code 01158-85) またはAgarose X (Wako Pure Chemical Industries, Ltd., Osaka, Japan; Code 313-02681) をTris-acetate-EDTA (TAE) buffer (40 mM Tris, 40 mM Acetate, 1 mM EDTA, pH8.0) に溶解させて作製した. アガロース濃度は, 特に断り書きがない場合, 0.9% (目的バンド \geq 1000 bp, アガロースME使用), 2.0% (300 bp \leq 目的バンド<1000 bp, アガロースME使用), 3.0% (目的バンド \leq 300 bp, Agarose X使用) とした. 泳動にはMupid小型電

気泳動槽 (ADVANCE Co. Ltd., Tokyo, Japan) を用い, 室温において50 Vまたは100 Vで行った. 分子量マーカーには, One Step Marker 5およびOne Step Marker 6 (Nippon gene) を用いた. バンドの塩基長はそれぞれ, Marker 6: 19.33, 7.74, 6.22, 4.26, 3.47, 2.69, 1.88, 1.49, 0.93 (kbp), Marker 5: 1057, 770, 612, 495, 392, 345, 341, 335, 297, 291, 210, 162, 79 (bp)である.

TAE bufferは50倍の濃度のストック (50×TAE) を作製しておき, それを使用時に希釈した. 50×TAE (1 L) は, トリス塩基242 g, 酢酸57.1 ml, 0.5 M EDTA (pH=8.0) 100 mlをdH₂Oで1 Lにfill upして調製した (室温保存). 酢酸は刺激臭が強いのでドラフトの中で開栓することに注意.

ゲルからのDNAの回収には, E.Z.N.A.[®] Gel Extraction Kit (Omega Bio-Tek, Doraville, GA) を添付のプロトコルに従って使用した.

補 1-5. コンピテントセルの作製

細胞工学実験プロトコル (p.111-113) に従って行った.

試薬

- ψ_a plate

Tryptone pepton	20 g
Yeast extract	5 g
MgSO ₄ ·7H ₂ O	5 g
精製寒天末	14 g
	per liter
- ψ_b

ψ_a に寒天を入れないもの
- Tfb I

30 mM CH ₃ COOK
100 mM RbCl
10 mM CaCl ₂
50 mM MnCl ₂
15% (vol/vol) glycerol
氷酢酸を用いて pH5.8 に調製
- Tfb II

10 mM MOPS
75 mM CaCl ₂
10 mM RbCl
15% (vol/vol) glycerol
KOH を用いて pH6.5 に調製

操作

- (1) ψ_a plate で一晚培養した *E. coli* DH5 α 株のシングルコロニーを ψ_b 培地 5 ml に植菌し, 37°C で 2 時間程度 (OD₅₅₀=0.3) 振盪培養した (300 strokes/min).
- (2) 前培養液を 100 ml の ψ_b 培地に植菌し, OD₅₅₀=0.48 になるまで 37°C で振盪培養した (120 rpm).
- (3) 培養液を 5 分間氷冷し, 遠心 (3,000 rpm, 5 min, 4°C) して集菌した.
- (4) 菌体に Tfb I を 40 ml 加えて懸濁し, 5 分間氷冷後, 遠心して集菌した.
- (5) 菌体に Tfb II を 4 ml 加えて懸濁し, 15 分間氷冷後, 室温 4°C で 50 μ l ずつ分注し, 使用

時まで-80°Cで保存した.

補 1-6. 大腸菌の形質転換

操作

- (1) -80°C で保存していたコンピテントセル (50 μ l) を氷上で融解した (5~7 min) .
- (2) 50~100 μ g 相当のプラスミド (プラスミド溶液の場合は 1~2 μ l, ligation 反応液の場合は全量~10 μ l) を加えて混合 (タッピング) し, 氷上で 30 min 静置した.
- (3) 熱ショック (42°C, 90 sec) を与えた後, さらに氷上で 5 min 静置した.
- (4) 500 μ l の LB 培地を加えて, 37°C で 15~60 min インキュベートした.
- (5) 30 μ l と 300 μ l を Ap と X-gal を添加した LB 培地に塗布し, 37°C で 8~16 hour 培養した.

補 1-7. 大腸菌からのプラスミドの抽出 (small scale)

試薬

- Solution I
 - 25 mM Tris-HCl (pH 8.0)
 - 10 mM EDTA
 - 50 mM glucose
- Solution II (用時調製)
 - 0.2 N NaOH
 - 1% (w/v) SDS
- Solution III
 - potassium acetate 29.4 g
 - AcOH 11.5 ml
 - dH₂O fill up to 100 ml
- フェノール/クロロホルム (2-2-3 参照)
- 100% (w/v) エタノール
- 70% (w/v) エタノール
- TE buffer (2-2-3 参照)
- 10 mg/ml RNaseA solution (2-2-3 参照)

操作

- (1) Ampicillin (終濃度 100 μ g/ml) を添加した 5 ml の LB 培地に大腸菌を植菌し, 37°C で 8~16 hour 振盪培養した (300 strokes/min) .
- (2) 2 ml の培養液を 2 ml チューブに移し, 遠心 (13000 rpm, 2 min, RT) により集菌した. この操作をもう 1 度繰り返した後, 培養液 4 ml 分の菌体を 100 μ l の solution I に懸濁した (vortex) .
- (3) 200 μ l の solution II を加えて穏やかに混合 (invert, 3 times) し, 氷上で (厳密に) 5 min 静置した.
- (4) 150 μ l の solution III を加えて穏やかに混合 (invert, 3 times) し, 氷上で 5 min (以上) 静置した.

- (5) 400 μ l のフェノール/クロロホルムを加えて混合 (vortex, 30~60 sec) した後, 遠心 (13000 rpm, 10 min, RT) し, 上清を新しい 1.5 ml チューブに移した. 上清は 400 μ l 取れば十分であり, 中間層を混入させないことを優先した.
- (6) 100 %エタノールを 1 ml 加えて混合 (vortex, 3~5 sec) し, 氷上で 5 min (以上) 静置した後, 遠心 (15000 rpm, 15 min, 4°C) し, 上清を捨てた.
- (7) 400 μ l の 70%エタノールを加えてチューブの内壁をリンスした後, 遠心 (15000 rpm, 5 min, 4°C) し, 上清を捨て, デシケーターを用いてペレットをドライアップ (3~5 min) した.
- (8) 終濃度 10 μ g/ml の RNaseA (DNase free) (Nippon gene) を含む TE buffer を 40 μ l 加えてペレットを溶解し, 37°C でインキュベート (15 min 以上) した後, -20°C で使用時まで保存した.

補 1-8. プラスミドの精製

試薬

- ・ TE buffer (2-2-3 参照)
- ・ 12.5 M LiCl
- ・ フェノール/クロロホルム (2-2-3 参照)
- ・ Ethachinmate
- ・ 100% (w/v) エタノール
- ・ 70% (w/v) エタノール
- ・ 滅菌 Mill Q 水

操作

- (1) 抽出したプラスミドサンプルを TE buffer で 100 μ l に fill up した.
- (2) 12.5 M LiCl を 25 μ l 加えて, 氷上で 15 min (以上) 静置した後, 遠心 (15000 rpm, 15 min, 4°C) し, 上清を新しい 2 ml チューブに移した.
- (3) TE buffer を 375 μ l 加えた後, フェノール/クロロホルムを 400 μ l 加えて混合した (vortex) .
- (4) 遠心 (15000 rpm, 15 min, RT) し, 上清を新しい 1.5 ml チューブに移した.
- (5) Ethachinmate を 1 μ l 加えた後, 100 % (w/v) エタノールを 1 ml 加えて混合 (vortex) し, 氷上で 10 min (以上) 静置した後, 遠心 (15000 rpm, 15 min, 4°C) し, 上清を捨てた.
- (6) 400 μ l の 70 %エタノールを加えてチューブの内壁をリンスした後, 遠心 (15000 rpm, 5 min, 4°C) し, 上清を捨て, デシケーターを用いてペレットをドライアップ (3~5 min) した.
- (7) 滅菌した Mill Q 水を 10 μ l 加えてペレットを溶解し, flashing した後, -20°C で使用時まで保存した.

補 1-10. サザン解析

試薬

- Denaturation buffer
[0.5 M NaOH, 1.5 M NaCl]
175.32 g の NaCl と 40 g の NaOH を適当量の dH₂O に溶解し、2L に fill up する。NaOH は溶解時に発熱するので、容器を冷やしながらしずつ加えていくことに注意。また調製時及び保存時にガラス・金属器具は使用禁止。プラスチック製の容器に入れて密閉し室温保存。安全のため、調製中は保護メガネ着用。
- Neutralization buffer
[0.5 M Tris, 3 M NaCl (pH 7.0)]
121.1 g の Tris と 350.6 g の NaCl を適当量の dH₂O に溶解し、濃 HCl で pH 7.0 に調整し 2L に fill up する。メジウム瓶に入れて室温保存。
- Buffer 1
[0.1 M Maleic acid, 0.15 M NaCl (pH 7.5)]
10 倍の濃度のストック溶液 (10×Buffer 1) を作っておくとよい。10×Buffer 1 の作製法は、116 g のマレイン酸と 87.7 g の NaCl を適当量の dH₂O に溶解し、NaOH (粒) で pH 7.5 に調整し 1L に fill up しオートクレーブしてから室温保存。pH が下がるまではマレイン酸は溶解せず、中和点付近で急激に溶解するので pH 調整の際には注意が必要。1×Buffer 1 は雑菌が生えやすいので、10×Buffer 1 を薄めた後もう一度オートクレーブする。使用時も蓋を開けている時間なるべく短くなるように注意する。
- Blocking stock solution
Blocking reagent を Buffer 1 で 10% (w/v) となるようにホットスターラーで熱を加えながら攪拌して溶解させ、オートクレーブ後 4°C 保存。
- Buffer 2
[1%(w/v) Blocking reagent / Buffer 1]
Blocking stock solution を Buffer 1 で 10 倍希釈する。(要時調製)
- 20×SSC
[3 M NaCl, 0.3 M Na₃ · citrate]
350.6 g の NaCl と 176.4 g の Na₃ · citrate · 2H₂O を適当量の dH₂O に溶解し、NaOH (粒) で pH 7.0 に調整し 2L に fill up して室温保存。
- Hybridization buffer
[5×SSC, 1% (w/v) Blocking reagent, 0.02% (w/v) SDS, 0.1% (w/v) N-Laurorylsarcosine]
125 ml の 20×SSC と 50 ml の Blocking stock solution, 500 mg の N-ラウロイルサルコシナトリウム, 1 ml の 10% (w/v) SDS を dH₂O に溶解し 500 ml に fill up してメジウム瓶で -20°C 保存。500 ml 以上をまとめて調製してもよいが、融解に時間がかかるので保存容器は 500 ml 容以下にする。
- 希釈抗体溶液
Anti-Digoxigenin-AP, Fab fragments (Roche Diagnostics) を Buffer 2 で 150 mU/ml となるように希釈した。例) 2 µl の抗体を 10 ml の Buffer 2 で希釈。(要時調製)
- Buffer 3
[0.1 M Tris, 0.1 M NaCl (pH 9.5)]
12.124 g の Tris と 5.850 g の NaCl を適当量の dH₂O に溶解し、濃 HCl で pH 9.5 に調整する。経験上、濃 HCl を 700-800 µl 加えると pH 9.5 となる。1L に fill up して filtration 後 4°C 保存。濃 HCl はパスツールピペットでとること。ピペットマンを用いると揮発した塩化水素によって金属部が痛む。
- 発色溶液
200 µl の NBT/ BCIP Stock Solution (Roche Diagnostics) を 10 ml の Buffer 3 に溶解する。NBT/ BCIP Stock Solution が直接皮膚に付くと皮膚が剥けて痛い思いをすることになるので、使い捨て手袋をして調製すること。(要時調製)

操作

<プローブの作製>

- (1) 300 ng~1 µg のラベルする DNA 断片と滅菌 MilliQ 水で計 16 µl の溶液を調製し、99°C のヒートブロックで 10 min 加熱し、すみやかに氷上に移して 3 min (以上) 急冷し変性させた。
- (2) 4 µl の DIG-High Prime (Roche Diagnostics; ランダムプライマー, dNTP, DIG 結合 dUTP, Klenow fragment, buffer 成分があらかじめ混合されている) を加えて 37°C で 4-20 h 反応させた。
- (3) 0.8 µl の 0.5 M EDTA を加えて混合し、65°C (ヒートブロック) で 10 分間加熱することで反応を停止した。
- (4) ハイブリダイゼーションの前に 98°C (ヒートブロック) で 5 分間加熱し、ただちに氷上に移して変性させてから使用した。
- (5) 使用済みプローブ液 (<洗浄・検出>の項を参照) を再利用する場合は、沸騰水中で 10-15 分間加熱し、ただちに氷上に移して変性させてから使用した。

<アガロースゲルからメンブレンへの転写>

VacuGene XL Vacuum Blotting System (Amersham Biosciences, LTD., Buckinghamshire, UK) を用いて行い、操作手順はそのプロトコルを一部改変して行った。

- (1) 電気泳動後のゲルを VacuGene XL Vacuum Blotting System にセットし、0.2 N HCl をゲルの表面を覆う様に加え、50 ヘクトパスカルの圧力で吸引した (15 分)。
- (2) ゲル表面より HCl 液を除いた後、Denaturation buffer を加えて 15 分吸引した。
- (3) Neutralization buffer を加えて 15 分吸引した後、20×SSC buffer をゲル高の 2 倍程度の位置まで加えて 45 分間吸引した。
- (4) 装置よりメンブレンを取り出し、UV を 5 分間照射した。
- (5) すぐにハイブリダイゼーションに供さない場合は、メンブレンをキムタオルの間に挟んで 4°C で保存した。

<プレハイブリダイゼーション・ハイブリダイゼーション>

- (1) メンブレンを 100 cm² あたり 20 ml の hybridization buffer とともにハイブリダイゼーションバッグ (以下バッグ) に封入し、68°C で 60 分穏やかに振とうした。[プレハイブリダイゼーション] (以後、加える液量はメンブレン 100 cm² あたりの量で示す。)
- (2) メンブレンを新しいバッグに移し、Hybridization buffer 1 ml あたり 1 µl のプローブを加えたプローブ液 15 ml とともに封入して、68°C で 8 時間以上穏やかに振とうした。[ハイブリダイゼーション]

<洗浄・検出>

- (1) バッグを切り開きプローブ液を回収した。取り出したメンブレンをタッパーに移し、終濃度 0.1%(w/v) の 10% SDS 溶液を加えた 2×SSC buffer を加え室温で 5 分間振とうし

- た (2 回). [未結合プローブの除去 1]
- (2) 同様に 0.1%(w/v)SDS, 0.1×SSC 溶液で 68°C, 15 分間穏やかに振とうした (2 回). [未結合プローブの除去 2]
 - (3) Buffer 1 でメンブレンを 1 分間洗浄した.
 - (4) 90 ml の Buffer 2 に浸し, 30 min 振とうした. [blocking]
 - (5) 10 ml の希釈抗体溶液に浸し, 室温で 30 min 振とうした.
 - (6) メンブレンを 100 ml の終濃度 0.3% (v/v) Tween 20 を加えた Buffer 1 中で 15 min 振とうした (2 回). [未結合抗体の除去]
 - (7) メンブレンを 20 ml の Buffer 3 で 2 分間平衡化させ, 発色溶液 10 ml と共にバッグに封入し, 遮光して平らな場所に静置した. [発色]
 - (8) 望ましいシグナルが得られたら, メンブレンを取り出して, 脱イオン水で洗浄した (3 回).

<デハイブリダイゼーション・再ハイブリダイゼーション>

ハイブリダイゼーションをやり直したい場合や別のプローブとハイブリさせたい場合は, キット添付のプロトコルに従ってメンブレンを加温した DMF 中に浸すことでプローブを剥離し, 再ハイブリダイゼーションを行った.

補 1-11. コロニーハイブリダイゼーション

<コロニーのメンブレンへの転写>

- (1) シャーレより一回り小さいサイズに切ったメンブレンを, 培地の表面にのせて 3 分ほど放置してから静かに剥がし取り, コロニーをメンブレンに付着させた. 2 種類のプローブを用いる場合は, この操作を繰り返し, 1 枚のプレート上のコロニーを 2 枚のメンブレンに転写した.
- (2) コロニーが付着した面を上にしてキムタオル上で 5 min 乾燥させた. ポジティブコントロール及びネガティブコントロールとして, 抽出 pCAR1 と Pf0-1 株の total DNA をそれぞれ約 1 µl ずつメンブレンの余白にスポットした.
- (3) 机の上に広げたサランラップの上に Denaturation buffer を 5 ml のせ, メンブレン (コロニーの付着した面が上) を置いた. メンブレン全体が buffer で湿るようにして 5 min 静置した. (コロニーの付着した面を buffer が流れると結果が汚くなるので, 裏面から浸み込ませるようにする.)
- (4) コロニーが付着した面を上にしてキムタオル上に置き, 余分な水分を除いた.
- (5) (3) と同様にラップに Neutralization buffer を 5 ml のせ, メンブレン全体が buffer で湿るようにして 5 分静置した.
- (6) コロニーが付着した面を上にしてキムタオル上に置き, 10-15 min 乾燥させた.
- (7) 2×SSC の入ったタッパーに入れ, 5 min 振とうした.

- (8) コロニーが付着した面を上にしてキムタオル上で 10-15 min 乾燥させた.
- (9) メンブレンを, ペーパータオル・アルミホイルで順に包んで, 70°C の乾熱機に入れ 30 min 静置した.
- (10) メンブレンを取り出し, Wash buffer (0.05N NaOH, 0.1% SDS) の入ったタッパーに入れて 15 min 振とうした.
- (11) すぐにハイブリダイゼーションに供さない場合は, メンブレンをキムタオルの間に挟んで乾燥させ 4°C で保存した.

以下, 「補 1-10. サザンハイブリダイゼーション」の<プレハイブリダイゼーション・ハイブリダイゼーション>及び<洗浄・検出>を行った.

補 1-12. 接合実験

<フィルター接合>

フィルターには, 孔径 0.45 μm , 直径 5 cm の cellulose membrane filter (ADVANTEC) を滅菌して用いた. 熱ショックは, 接合伝達を阻害すると考えられている制限-修飾系 (Thomas & Nielsen, 2005) が弱まることを期待して行った.

- (1) 供与菌と受容菌をそれぞれ 5 ml の LB 培地に植菌し, 30°C で 14-18 hour 振盪培養した (300 strokes/min). 受容菌の培地には Km を添加した.
- (2) 受容菌の培養液を試験管ごと 42°C の湯浴に 30 分間浸した. [熱ショック]
- (3) 各培養液から 500 μl を取り, 2 ml 容 tube 中で混合 (軽くピペッティング) した後, 遠心 (13000 rpm, 1 min, RT) して上清を捨てた.
- (4) CF buffer (ミネラル未添加の NMM-4 液体培地) を 300 μl 加えて菌体をピペッティングにより懸濁した.
- (5) 固体 LB 培地にのせたフィルターの上に, 懸濁液全量を広げ, 30°C で一晩培養した.
- (6) 培地から剥がしたフィルターを 50 ml 容コーニング tube に入れ, CF buffer を 1 ml 加えて vortex し, フィルターに付着した菌体を懸濁した.
- (7) 懸濁液を適宜 CF buffer で希釈し, それぞれ 100 μl を選択培地にスプレッドした. 30°C でコロニーが現われるまで培養し, 出現したシングルコロニーを接合伝達体候補株として, LB 培地と選択培地に交互にストリークすることによって単離した.

<液体接合>

フィルター接合の操作(4)まで同様に行った.

- (5) 遠心 (13000 rpm, 1 min, RT) して上清を捨て, 500 μl の LB 培地に懸濁した. 懸濁液全量を試験管中の 5 ml の LB 培地に加えて軽く混合し, 30°C で一晩静置培養した.
- (6) 培養液を適宜 CF buffer で希釈し, 適当量を選択培地にスプレッドした. 30°C でコロニーが現われるまで培養し, 出現したシングルコロニーを接合伝達体候補株として,

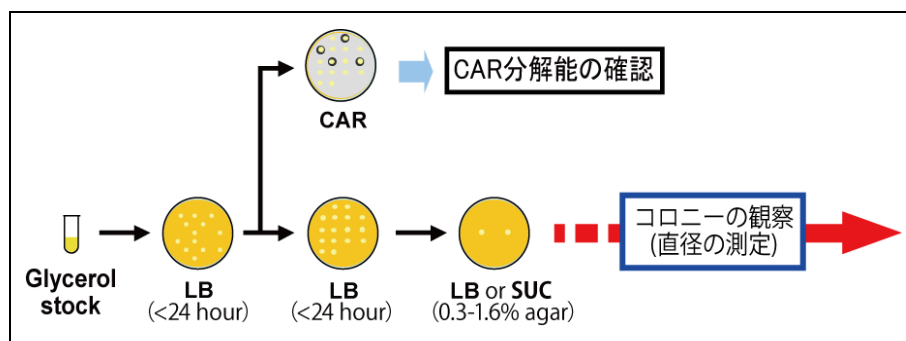
LB 培地と選択培地に交互にストリークすることによって単離した。

補 1-13. 生育曲線の作成

- (1) グリセロールストックを白金耳で LB プレートにストリークし、30°C で培養した (24 hour 以内).
- (2) 出現したシングルコロニーを滅菌つまようじを用いて、LB プレートと CAR プレートに 10 個程度パッチし、30°C で培養した (24 hour 以内).
- (3) CAR プレート上にクリアゾーンを作った株の LB プレート上のコロニーを白金耳で 5 ml の LB 液体培地に植菌し、30°C, 300 rpm で 14-14.5 h 培養した. [前培養]
- (4) 前培養液を LB 液体培地で 10 倍希釈して、OD₆₀₀ を測定し、開始 OD₆₀₀ が 0.05 となるように植菌量を計算した.
- (5) 計算した前培養液量をそれぞれ 2 ml tube に入れ、遠心 (13,000 rpm, 1 min, RT) し、上清を捨てた. [集菌]
- (6) 1 ml の CF buffer (ミネラル未添加の NMM-4 液体培地) を加え、vortex ミキサーによって菌を懸濁し、遠心 (13,000 rpm, 1 min, RT) し、上清を捨てた. [洗菌]
- (7) 1 ml の CF buffer を加え、vortex ミキサーによって菌を懸濁し、これを植菌液 (OD₆₀₀=5) とした.
- (8) 500 ml 容へそ付フラスコに入った 100 ml の NMM-4 液体培地に、1 ml の SUC ストック (表 2-2 参照) を加えた [コハク酸終濃度 : 0.1% (wt/vol)]. 1 ml を吸光度測定のブランク用として採取した.
- (9) 植菌液の全量を加え、30°C, 120 rpm で培養しながら、生育曲線の作成を行った. 生育は OD₆₀₀ を測定することでモニタリングした. 吸光光度計には、Pharmacia Biotech 社の Ultrospec 1000 を用いた.
- (10) 前培養液 2 ml を集菌 (13000 rpm, 1 min, RT) して上清を捨て、total DNA 抽出用に -20°C で保存した.

補 1-14. 運動性試験

LB プレートまたは SUC プレート [0.1% (wt/vol) のコハク酸を含む NMM-4] を、寒天濃度 0.3, 0.5, 0.7, 1.0, 1.6% (wt/vol) で作成したものを用いて、以下の要領で行った. 本培養以外は通常の培養と同じく 1.6% (wt/vol) 寒天濃度のプレートを用いた. 寒天には、ナカライテスク社 (Kyoto, Japan) の精製寒天末 (微生物培養用特製試薬, Code 01161-15) を用いた.



- (1) グリセロールストックを白金耳で LB プレートにストリークし、30℃ で培養した (24 hour 以内).
- (2) 出現したシングルコロニーを滅菌つまようじを用いて、LB プレートと CAR プレートに 10 個程度パッチし、30℃ で培養した (24 hour 以内).

CAR プレート上にクリアゾーンを作った株の LB+Km プレート上のコロニーを滅菌つまようじを用いて運動性試験プレートにパッチし、30℃ で培養しながらコロニーの形状観察、及びコロニー直径の測定を行った. コロニーの直径は、1 コロニーあたり 3 回、方向を変えて測定した.

補 1-15. qRT-PCR 解析

<サンプリング>

「補 1-13. 生育曲線の作成」と同様の手順で、アントラニル酸、安息香酸、カルバゾール、コハク酸のいずれかを終濃度 0.1% (wt/vol) で含む 100 ml の NMM-4 液体培地に、Pf0-1Km 株を初期 OD₆₀₀ が 0.05 となるように植菌した. 30℃, 120 rpm で培養し、6 時間後 (コハク酸の場合は 4 時間後) に培養液をサンプリングした. サンプリングした培養液は、RNA を安定化するため速やかに等量の RNeasy Protect Bacteria Reagent (QIAGEN) と混合した. その後の操作は添付のプロトコルに従い菌体を集菌し、RNA の抽出時まで -80℃ で保存した.

<RNA の粗抽出>

菌体からの RNA の抽出には、NucleoSpin^(R) RNA II キット (MACHEREY-NAGEL) を使用し、添付のプロトコルを以下のように変更して行った. 主な変更点は、溶菌液の filtration に QIA shredder (QIAGEN) を用いた点と、キット付属の DNase 処理を行わない点である.

- (1) サンプリングした菌体に TE buffer (lysozyme を 0.2 mg/ml 含む) を 100 µl 加え、ピペッティングと vortex ミキサーによってペレットをよく懸濁し、37℃ で 10 min インキュベートした.
- (2) RA1 buffer を 350 µl, β-mercaptoethanol を 3.5 µl 加え、軽く混合 (vortex, 2~3 sec) した.

- (3) QIA shredder カラムに全量アプライし、遠心 (5000 ×g, 5 min, RT) した。
- (4) 溶出液に 99.5% EtOH を 250 µl 加え、ピペッティングにより混合した。
- (5) NucleoSpin RNA II カラムに全量 (約 700 µl) アプライし、遠心 (11000 ×g, 30 sec, RT) した [カラムへの吸着]。
- (6) カラムを新しい collection tube に移し、RA3 buffer を 600 µl アプライして、遠心 (11000 ×g, 30 sec, RT) した。
- (7) カラムを新しい collection tube に移し、RA3 buffer を 250 µl アプライして、遠心 (11000 ×g, 2 min, RT) した [洗浄 2]。
- (8) カラムを RNase free 1.5 ml 容チューブに移し、dH₂O を 40 µl (カラムの中央にのるように慎重に)アプライし、静置 (1 min) した後、遠心 (11000 ×g, 2 min, RT) した。
- (9) 1 µl を濃度測定のためにとりおき、残りをすみやかに DNase I 処理に供した。濃度測定および純度評価は、TE buffer で 50 倍希釈したサンプルを Beckman 社の DU 800 Spectrophotometer で吸光度 (A₂₆₀, A₂₈₀) を測定することで行った。
[濃度(ng/µl)=A₂₆₀×40(RNA の吸光係数)×50(希釈倍率)]

<DNase I 処理>

RQ1 DNase (Promega) を用い、添付のプロトコルに従って以下のように行った。

- (1) 以下の組成で RNA と DNase を混合し、37°C で 30 min 反応させた。(この間に前項の濃度測定を行う。)

total RNA	(全量)	40 µl
10X reaction buffer		5 µl
RQ1 DNase (Promega)	(1 unit / µl)	5 µl
計		50 µl

- (2) Stop solution を 5 µl 加えて、65 °C (ヒートブロック)で 10 min 加熱し、反応を停止した。

<RNA 精製>

NucleoSpin^(R) RNA Clean-up キット (MACHEREY-NAGEL) を使用し、添付のプロトコルに従って行った。ただし、[カラムへの吸着]と[溶出]では、それぞれ溶液を 2 回カラムに通した。

<cDNA 合成>

逆転写酵素には SuperScriptTM II (Invitrogen) を、プライマーには Random primer (Invitrogen) を用い、サーマルサイクラーに PCR Thermal Cycler Dice Standard (Takara Bio, Shiga, Japan) を用いて以下の手順で行った。

- (1) 以下のように RNA とプライマーを PCR チューブに混合し、以下のプログラムでアニールさせた。

total RNA	100 ng 相当	}	7.67	μl	温度	時間	サイクル数
滅菌 MillQ 水					70 °C	10:00	1
Random primer (Invitrogen)	(75 μg / μl)		3.33	μl	25 °C	10:00	1
計			11.00	μl	4 °C	hold	1

- (2) 反応後のチューブに以下の試薬を追加し、逆転写反応を行った。

5X First-Strand Buffer		4	μl	温度	時間	サイクル数
DTT	0.1 M	2	μl	25 °C	10:00	1
dNTP	10 mM each	1	μl	37 °C	60:00	1
RNaseOUT	40 units / μl	1	μl	42 °C	60:00	1
SuperScript™ II	200 units / μl	1	μl	70 °C	10:00	1
総計		20	μl	4 °C	hold	1

- (3) 反応液全量を 1.5 ml 容チューブに移し、1N NaOH を 6.67 μl 加えた。65 °C (ヒートブロック) で 30 min 加熱し、RNA を加水分解した。
- (4) 1N HCl を 6.67 μl 加えて中和し、使用時まで -20 °C で保存した。

<cDNA の定量>

増幅酵素及び検出試薬には Power SYBR green PCR master mix (Applied Biosystems, Foster City, CA) を用い、ABI 7300 real-time PCR system (Applied Biosystems) によって定量した。検量線の作成には、用いるプライマーの PCR 産物を pT7Blue T-vector (Novagen) にクローニングしたプラスミドを template DNA として、1 nM~100 aM に 10 倍ずつ段階希釈して用いた。

プライマーは Primer3 ver 0.4.0 (http://frodo.wi.mit.edu/cgi-bin/primer3/primer3_www.cgi) を用いて、増幅断片が 100~150 bp の範囲になるように設計した。

<反応系>

cDNA または template DNA		2.00	μl
primer -F	50 μM	0.08	μl
primer -R	50 μM	0.08	μl
滅菌 MillQ 水		7.84	μl
Power SYBR green PCR master mix		10.00	μl
計		20	μl

<昇温プログラム>

温度	時間	サイクル数	備考
95°C	10:00	1	酵素に結合している抗体を変性
95°C	00:05	40	変性
60°C	00:10		アニール
72°C	00:35		伸長 (蛍光検出ステップ)
95°C	00:15	1	dissociation 分析サイクル
60°C	01:00		
95°C	00:15		
4°C	hold	1	

補 1-16. アレイサンプル調製

<RNA 抽出>

NucleoSpin^(R) RNA II キット (MACHEREY-NAGEL) を使用し、添付のプロトコルを以下のように変更して行った。主な変更点は、溶菌液の filtration に QIA shredder (QIAGEN) を用いた点と、キット付属の DNase 処理を行わない点である。

- (10) サンプリングした菌体 (50 ml 容チューブに入っている) に TE buffer (lysozyme を 0.2 mg/ml 含む) を 200 μ l 加え、ピペッティングと vortex ミキサーによってペレットをよく懸濁し、37°C で 10 min インキュベートした。
- (11) RA1 buffer を 700 μ l, β -mercaptoethanol を 7.0 μ l 加え、軽く混合 (vortex, 2~3 sec) した。
- (12) QIA shredder カラム 2 つに半量 (約 450 μ l) ずつアプライし、遠心 (5000 \times g, 5 min, RT) した。
- (13) (以下 1 つのカラムに対する操作を述べる) 溶出液に 99.5% EtOH を 250 μ l 加え、ピペッティングにより混合した。
- (14) NucleoSpin RNA II カラムに全量 (約 700 μ l) アプライし、遠心 (11000 \times g, 30 sec, RT) した [Binding]。
- (15) カラムを新しい collection tube に移し、RA3 buffer を 600 μ l アプライして、遠心 (11000 \times g, 30 sec, RT) した [洗浄 1]。
- (16) カラムを新しい collection tube に移し、RA3 buffer を 250 μ l アプライして、遠心 (11000 \times g, 2 min, RT) した [洗浄 2]。
- (17) カラムを RNase free 1.5 ml 容チューブに移し、dH₂O を 40 μ l (カラムの中央にのるように慎重に) アプライし、静置 (1 min) した後、遠心 (11000 \times g, 2 min, RT) した [溶出]。
- (18) カラム 2 本分の溶出液を合わせて混合 (ピペッティング) し、1 μ l を濃度測定のためにとりおき、残りをすみやかに DNase I 処理に供した。濃度測定および純度評価は、TE buffer で 50 倍希釈したサンプルを Beckman 社の DU 800 Spectrophotometer で吸光度 (A₂₆₀,

A₂₈₀) を測定することで行った.

[濃度(ng/μl)=A₂₆₀×40(RNA の吸光係数)×50(希釈倍率)]

<DNase I 処理>

RQ1 DNase (Promega) を用い, 添付のプロトコルに従って以下のように行った.

- (1) 以下の組成で RNA と DNase を混合し, 37°C で 30 min 反応させた. (この間に前項の濃度測定を行う.)

total RNA	(全量)	80 μl
10X reaction buffer		10 μl
RQ1 DNase (Promega)	(1 unit / μl)	10 μl
計		100 μl

- (2) Stop solution を 10 μl 加えて, 65 °C (ヒートブロック)で 10 min 加熱し, 反応を停止した.

<RNA 精製>

- (1) DNase I 処理後のサンプル (110 μl) に, RA1 buffer を 350 μl, β-mercaptoethanol を 3.5 μl 加えた.
- (2) 99.5% EtOH を 250 μl 加えてピペッティングにより混合した.
- (3) NucleoSpin RNA II カラムに全量をアプライし, 遠心 (11000 ×g, 30 sec, RT) した [Binding]. フロースルーをもう一度カラムにアプライし, 遠心 (11000 ×g, 30 sec, RT) した.
- (4) カラムを新しい collection tube に移し, RA3 buffer を 600 μl アプライして, 遠心 (11000 ×g, 30 sec, RT) した [洗浄 1].
- (5) カラムを新しい collection tube に移し, RA3 buffer を 250 μl アプライして, 遠心 (11000 ×g, 2 min, RT) した [洗浄 2].
- (6) カラムを RNase free 1.5 ml 容チューブに移し, dH₂O を 40 μl (カラムの中央にのるように慎重に)アプライし, 静置 (1 min) した後, 遠心 (11000 ×g, 2 min, RT) した [溶出 1].
- (7) 溶出液を再びカラムにアプライし, 静置 (1 min) した後, 遠心 (11000 ×g, 2 min, RT) した [溶出 2].

<cDNA 合成・RNA 加水分解>

ランダムプライマーには Random Primer (3 μg / μl, Invitrogen) を 75 ng / μl に希釈して用い, 逆転写酵素には SuperScript™ II Reverse Transcriptase (Invitrogen) を用いて, 以下の手順で行った.

手順

- (1) 以下のように RNA とプライマーを PCR チューブに混合し、以下のプログラムでアニー

total RNA	12 µg 相当	}	20	µl
RNase free H ₂ O				
Random primer (Invitrogen)	(75 µg / µl)		10	µl
計			30	µl

ング→フラッシングした後、以下の試薬を追加し、逆転写反応を行った。

5X First-Strand Buffer		12	µl
0.1M DTT		6	µl
10 mM dNTP + dUTP		3	µl
RNaseOUT	40 units / µl	1.5	µl
SuperScript™	200 units / µl	7.5	µl
総計		60	µl

(2) 反応後のチューブをタッピ

温度	時間	サイクル数
70 °C	10:00	1
25 °C	10:00	1
4 °C	hold	1

温度	時間	サイクル数
25 °C	10:00	1
37 °C	60:00	1
42 °C	60:00	1
70 °C	10:00	1
4 °C	hold	1

- (3) 反応後のチューブをタッピング→フラッシングしてから、全量を 1.5 ml 容チューブに移し、1N NaOH を 20 µl 加えた。65 °C (ヒートブロック) で 30 min 加熱し、RNA を加水分解した。
- (4) 1N HCl を 20 µl 加えて中和した。

<cDNA 精製>

QIAquick PCR Purification Kit (QIAGEN)を用いた。これは、添付の説明書によると、サンプルから 40 bp 以下の DNA (primer など) や未反応のヌクレオチド、ポリメラーゼ、塩を除き、100 bp から 10 kbp の二本鎖・一本鎖 DNA を回収するキットである。

試薬

キットに添付

- PB buffer (標準の PBI バッファーの pH 指示薬を含まないもの、Qiagen 社に問い合わせると送付してもらえる。pH 指示薬の成分は企業秘密だが、励起波長 367 nm, エミッション波長 570 nm であり、アレイの検出時にバックグラウンドを上げてしまう恐れがあると Qiagen 社は警告している)
- PE buffer (開封時に 99.5% EtOH を指示量加える)
- EB buffer (10 mM Tris-Cl, pH 8.5)

手順

- PE buffer のフタに EtOH を加えた印があるか確かめる
- PB buffer および EB buffer の pH を pH 試験紙で確かめる． PB buffer は $\text{pH} \leq 7.5$ ， EB buffer は $\text{pH} \geq 8.5$ であればよい． この範囲にない場合は， 3 M sodium acetate (pH 5.0) で調整する．

- ## ＜断片化・ラベリング＞

- | | | | |
|-----------------------------|-----------|-------|----|
| ss DNA | 5 μg 相当 } | 39.5 | μl |
| RNase free H ₂ O | | | |
| 10X buffer | | 4.8 | μl |
| 1 | | 2.25 | μl |
| UDG | | 1.5 | μl |
| 計 | | 48.05 | μl |

温度	時間	サイクル数
37 °C	60:00	1
93 °C	2:00	1
4 °C	2-10 min	1

- 断片化 cDNA 45 μl

5X buffer	12	μl	温度	時間	サイクル数
TdT	2	μl	37 °C	60:00	1
Biotin ddUTP 5 mM	1	μl	70 °C	10:00	1
計	60	μl	4 °C	2-10 min	1

<ハイブリダイゼーション>

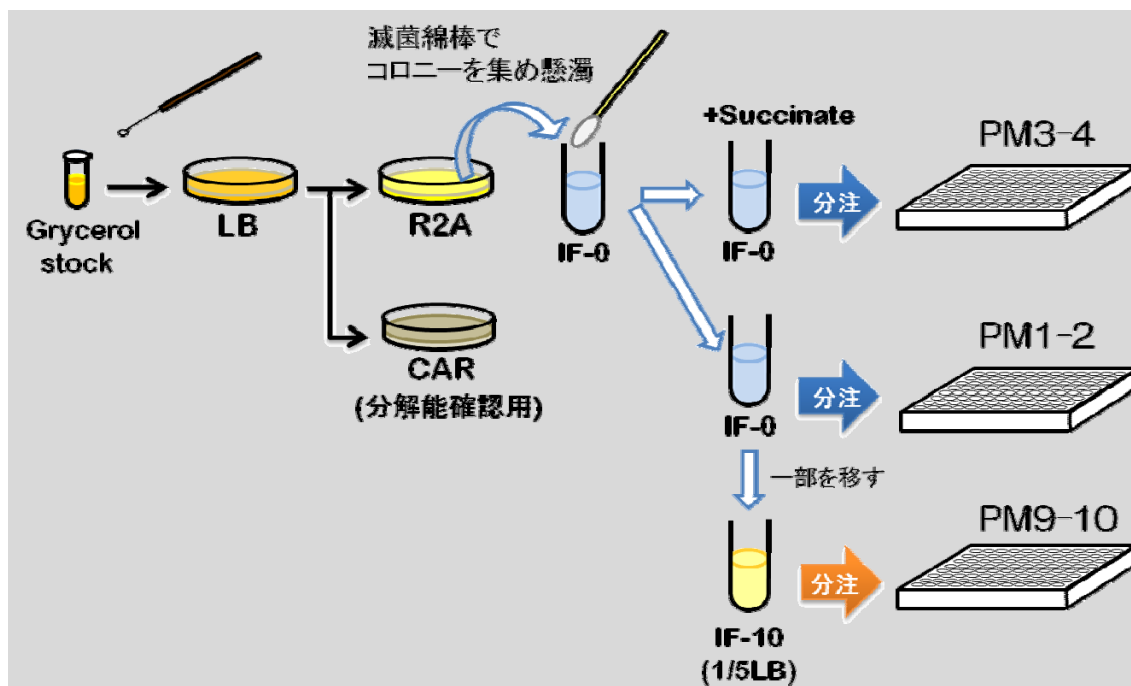
GeneChip Hybridization, Wash and Stain Kit (Affymetrix)を用い，以下の手順で行った．

- (1) 以下の組成でラベルド cDNA と試薬を 1.5 ml 容チューブに混合し，hybridization cocktail を調製した．すぐにハイブリさせない場合の保存は 6-8 時間なら 4°C，数日なら-20°C とし，半永久的に保存する場合は-80°C とした．

Labeled cDNA	60	μl
Control Oligonucleotide B2 3 nM	3.3	μl
2X Hybridization mix	100	μl
DMSO 室温保存	14	μl
RNase free H ₂ O	23.7	μ
計	200	μl

- (2) hybridization cocktail をタッピング，フラッシングし，99°C のヒートブロックで 5 分間加熱した．
- (3) 50°C のヒートブロックに移し，5 分間加熱した (pCAR1 チップの場合は 45°C にする)．
- (4) 室温で 15,000rpm にて 1 分間遠心した．
- (5) 室温に戻したアレイチップに全量 (200 μl) 注入した (pCAR1 チップの場合は 130 μl にする)．
- (6) 50°C のハイブリオーブンに入れ，60 rpm で回転させながら，16 時間ハイブリさせた (pCAR1 チップの場合は 45°C にする)．

補 1-17. Phenotype MicroArray 解析



試薬と器具

- PM パネル

使用時まで冷蔵保存した。

- 1.2×IF-0 [IF-0a GN/GP Base inoculating fluid (1.2x), Biolog, code 72268]

- 1.2×IF-10 [IF-10a GN Base inoculating fluid (1.2x), Biolog, code 72264]

- 100×dye [Biolog Redox Dye mix A (100x), Biolog, code 74221]

瓶をアルミホイルで巻いて遮光し，冷蔵保存。

- 10×Sodium succinate/ ferric citrate (終濃度は 20 mM/2 μM)

54.02 g の sodium succinate (Sigma, code S2378) と 4.9 mg の ferric citrate (Sigma, code F6129) を MilliQ 水に溶解して 1L に fill up し，その一部をフィルター滅菌し 50 ml 容チューブに入れて冷蔵保存した。※Biolog 社のプロトコルでは 100×のストック溶液を作製するように指示されているが，その通りに作製しても溶解しきらなかったため，10×のストック溶液を作製し，その分使用時に混合する水を減らすことにした。

- 滅菌済み MilliQ 水

メジウム瓶に入れ 121°C で 20 min オートクレーブ滅菌した。

- R2A プレート

Difco R2A Agar (Becton Dickinson, Sparks, MD, USA; Code 218263) をボトルに指示された量の dH₂O に溶解し，121°C で 20 min オートクレーブ滅菌した後，プラスチック製滅菌シャーレに無菌的に分注することで作製した。メーカー表示によ

る 1L あたりの組成は, Yeast extract, 0.5 g; Proteose Peptone No.3 0.5 g; Casamino acids 0.5g; Dextrose 0.5g; Soluble Starch 0.5 g; Sodium pyruvate 0.3 g; Dipotassium phosphate 0.3 g; Magnesium sulfate 0.05 g; Agar 15.0 g である.

- ・滅菌済み柄付き綿棒 (sterile cotton swabs, Biolog, code 3021)
- ・8 連ピペット (100 µl)
- ・ねじ蓋つきガラス試験管

手順

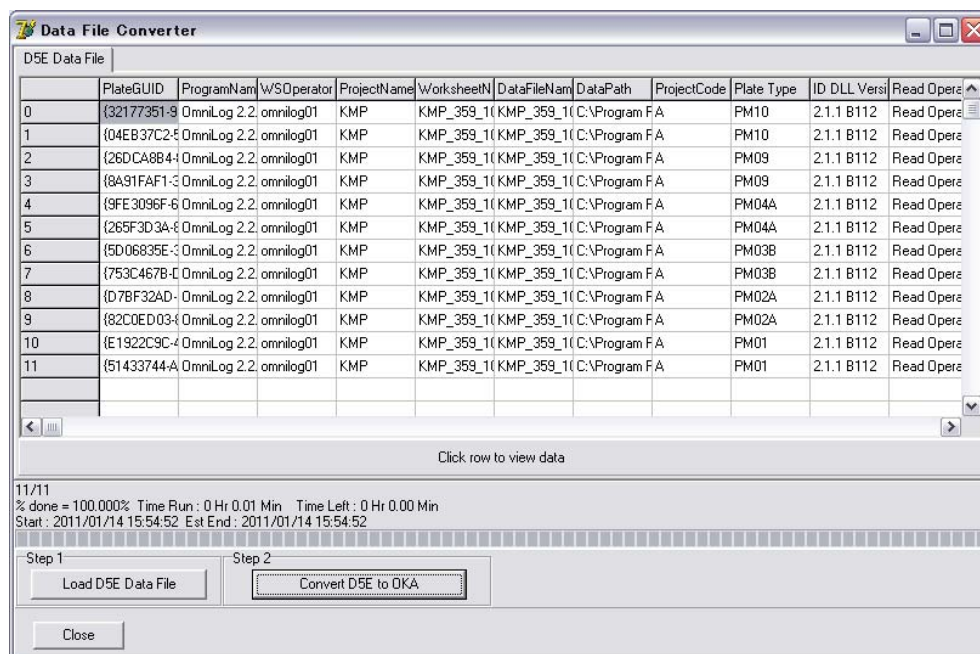
- (1) グリセロールストックを白金耳で LB プレートにストリークし, 30°C で培養した (24 hour 以内).
- (2) 出現したシングルコロニーを白金耳を用いて, R2A プレートと CAR プレートにストリークし, 30°C で培養した (24 hour 以内).
- (3) ねじ蓋つきガラス試験管に IF-0 12 ml (1.2×IF-0 10 ml, 滅菌済み MilliQ 水 2 ml) を入れ, 濁度計にセットして針が 100%T を指すようにダイヤルを調節した.
- (4) 滅菌綿棒を試験管内の IF-0 に浸し, R2A プレート上のコロニーを集めて 42%T になるように IF-0 に懸濁した. コロニーを集める際はプレートを削り取らないように, 軽くプレートをなでるぐらいにした.
- (5) プラスチック製滅菌シャーレ (直径 8 cm, これより大きいシャーレの場合は 8 連ピペットで液が吸いきれなくなるので全体の液量を増やしたほうがよい) に IF-0+Dye, IF-0+Dye+Succinate, IF-10+Dye を下表に従ってそれぞれ調製した.
- (6) 8 連ピペットを用いて PM パネルに 1 well あたり 100 µl 分注した.
- (7) PM パネルの蓋をして (蓋はかぶせただけでテープなどで密封していない), Omnilog システムを用いて 30°C で 48 h 静置培養した. 培養中は, 15 min おきに装置内の CCD カメラによってプレートの画像が自動取得され, 色素量の定量を行った.

	IF-0+Dye	IF-0+Dye+Succinate	IF-10+Dye
1.2×IF-0	13.996 ml	13.75 ml	-
1.2×IF-10	-	-	17 ml
10×Sodium succinate/ ferric citrate	-	1.98 ml	-
100×Dye	204 µl	198 µl	204 µl
42%T 懸濁液	3.4 ml	3.3 ml	(IF-0+Dye を)102 µl
滅菌 MilliQ 水	2.799 ml	770µl	3.196 ml
計	20.4 ml	19.998 ml	20.5 ml

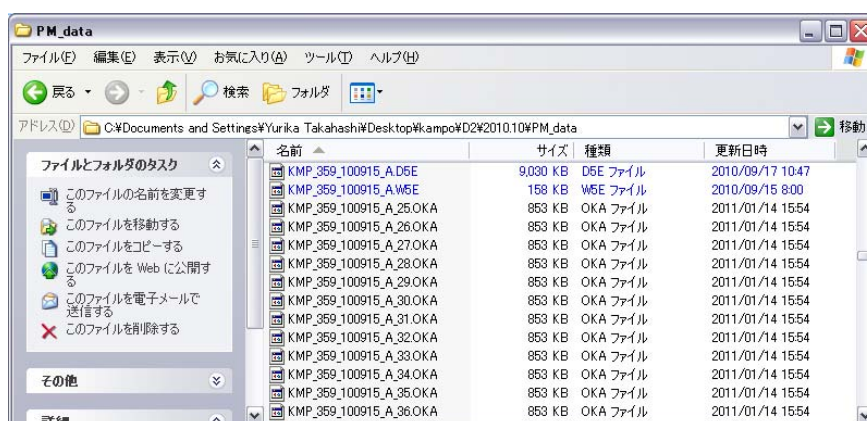
データ解析

1. Data File Converter を用いたファイルの変換

- (1) Step 1 の「Load D5E Data File」をクリックして、変換したい D5E ファイルを選ぶ。ここでは例として「KMP_359_100915_A.D5E」を選択。すると上にこのファイル内の全プレートの内容が表示される。
- (2) Step 2 の「Convert D5A to OKA」をクリック

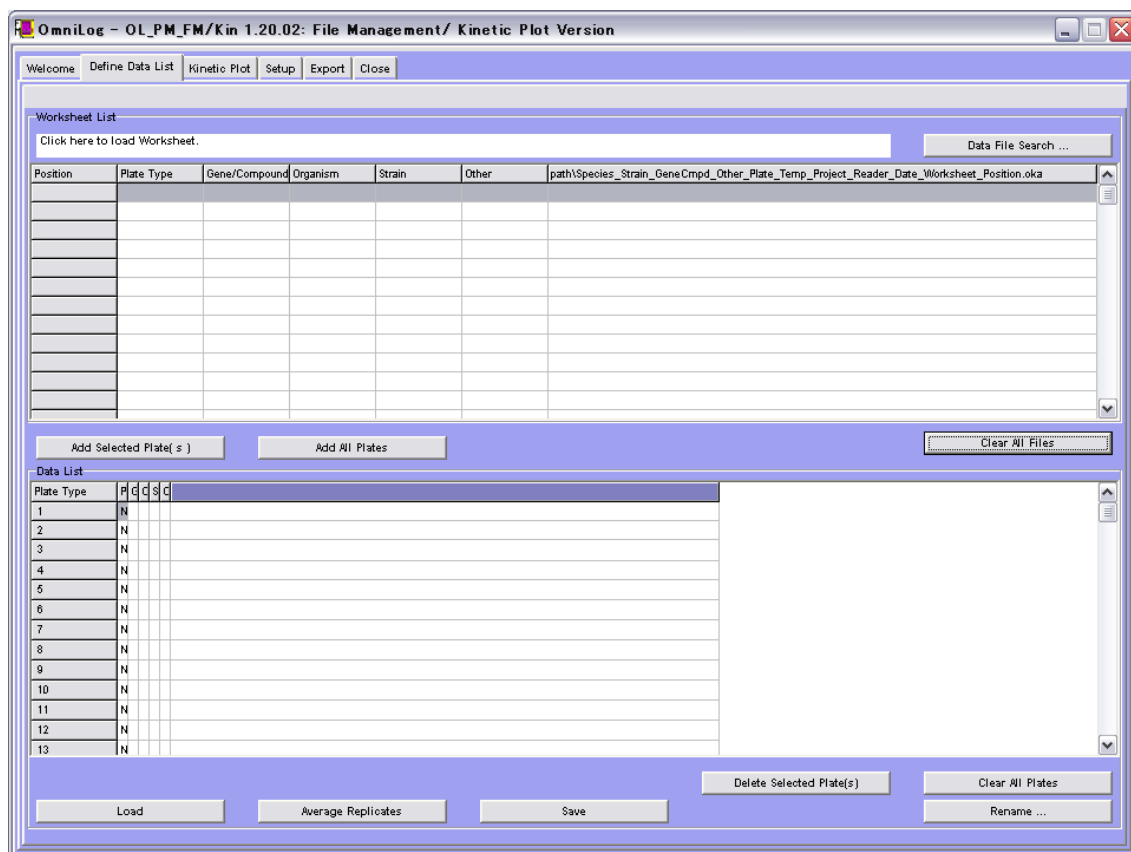


- (3) D5E ファイルと同じフォルダに OKA ファイルが生成する。ここでは「KMP_359_100915_A_25.OKA」～「KMP_359_100915_A_36.OKA」が生成した。「25」～「36」は機器内のプレートの位置を表す番号である。

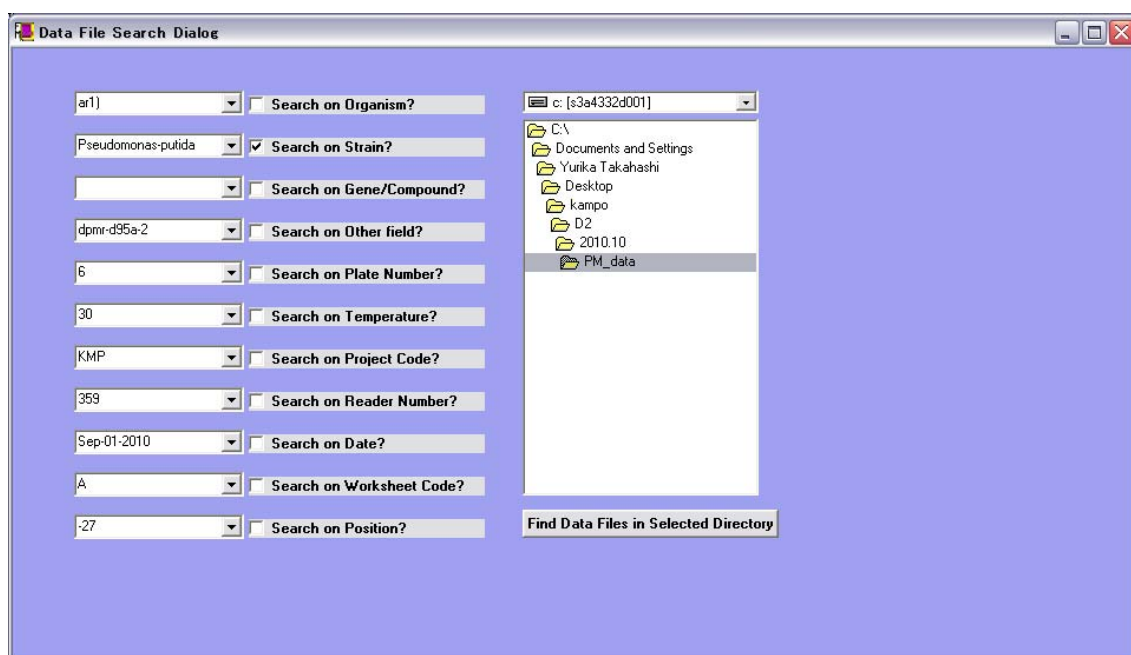


2. File Management/ Kinetic Plot Version を用いた Data list の作成

- (1) ソフトを起動し「Define Data list」タブを選択

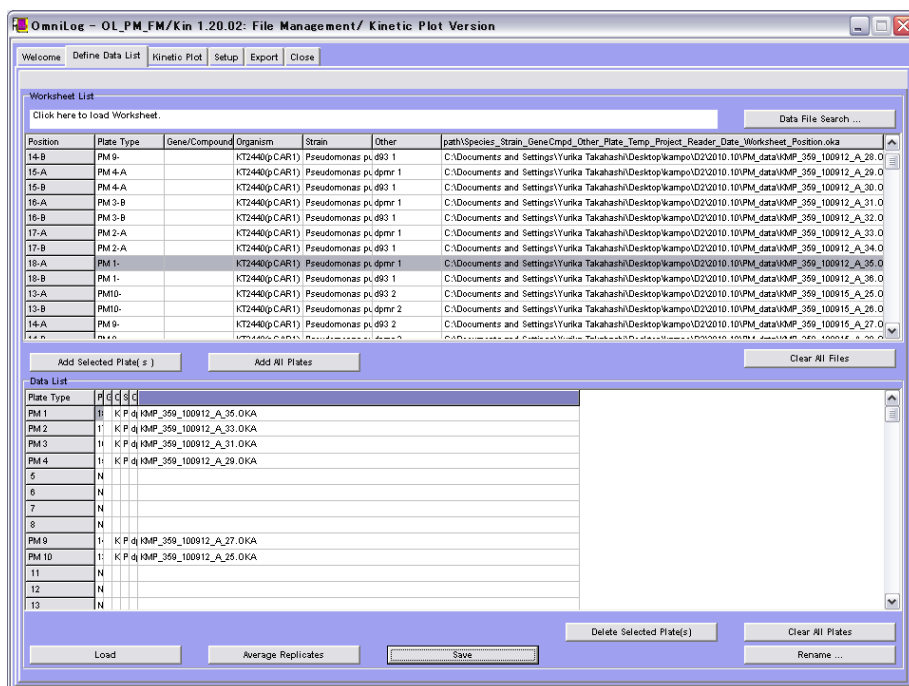


- (2) 右上の「Data File Search」ボタンをクリック。「Data File Search Dialog」ウィンドウが開くので、右側でファイルのあるフォルダを選択し、左側で適当な検索条件を設定して右下の「Find Data Files in Selected Directory」ボタンをクリック。



- (3) Work Listに該当したファイルが列挙されるので、目的のファイルを選択し「Add Selected

Plate(s)」ボタンをクリックすると、選択したファイルが Data List に表示される。これを繰り返して一つの Data list にまとめたいファイルすべてを Data List に表示させる。

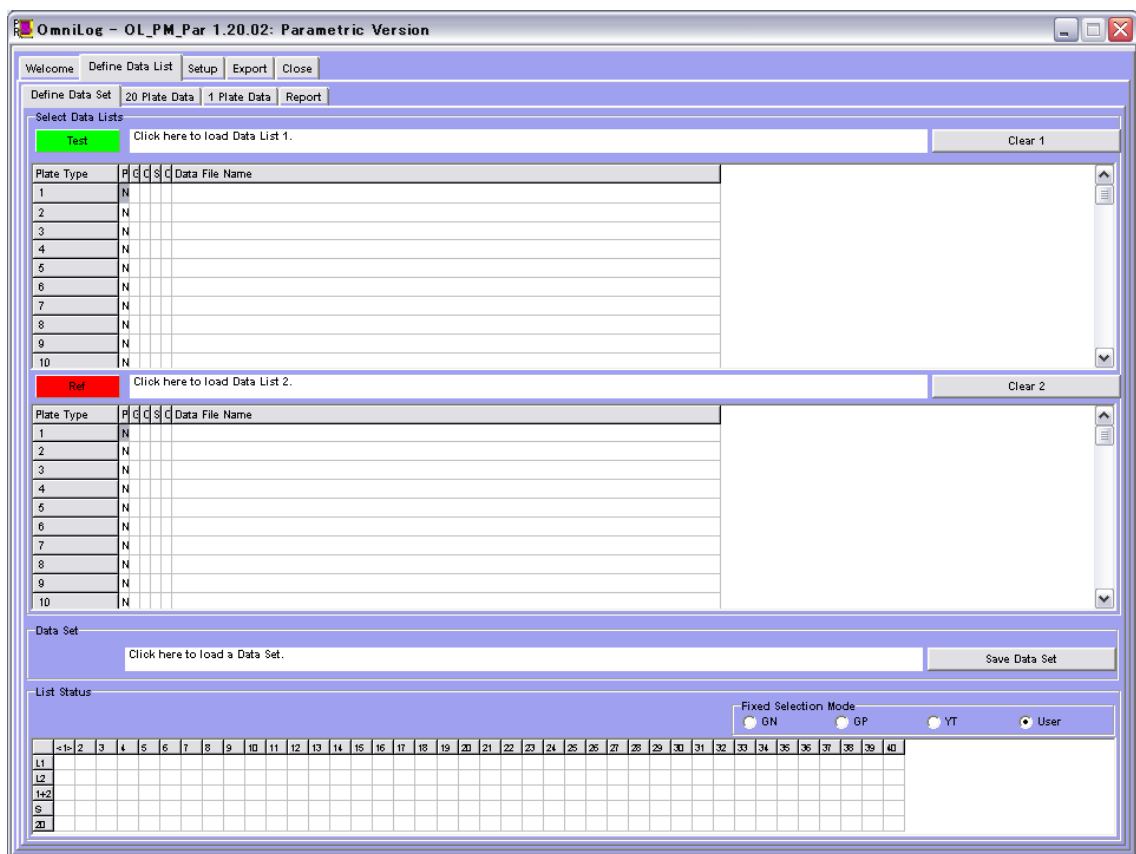


- (4) 「Save」ボタンをクリックして適当な名前で保存する。「Data List versionB」という形式で保存される。
- (5)

3. Parametric Version を用いた解析と図の作成



- (1) 「Define Data List」タブをクリック



(2) Test と Ref にそれぞれ Data list ファイルを登録する。

Pseudomonasputida_dpmrx1_allHours_kinetic.csv - Microsoft Excel

ホーム 挿入 ページ レイアウト 数式 データ 校閲 表示 Acrobat

MS Pジョック 11 A A

標準

条件付き書式 テーブルとして書式 セルのスタイル

挿入 削除 書式 セル

オートSUM 挿入 削除 書式 セル

クリップボード

データ File

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	
1	Data File	C:\Documents and Settings\Yurika Takahashi\Desktop\pikampo\VD2\2010.10\YPM_data\KMP_359_100912_A_35_OKA																							
2	Set up Time	9/12/2010 10:03 PM																							
3	Position	18-A																							
4	Plate Type	PM 1-																							
5	Strain Type	---																							
6	Sample Number																								
7	Strain Name	KT2440(pCAR1)																							
8	Strain Number	Pseudomonas putida																							
9	Other	dpmr 1																							
10																									
11	Hour	A01	A02	A03	A04	A05	A06	A07	A08	A09	A10	A11	A12	B01	B02	B03	B04	B05	B06	B07	B08	B09	B10	B11	B
12	0	13	12	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11
13	0.25	13	12	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11
14	0.5	12	12	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11
15	0.75	19	20	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	12	21	13	11	11	11	11	11	11	11	11	11
16	1	13	14	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	18	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11
17	1.25	22	19	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	16	22	15	11	11	11	11	11	11	11	11	13
18	1.5	16	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	14	17	14	11	11	11	11	11	11	11	11	11
19	1.75	22	25	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	16	16	12	11	11	11	11	11	11	11	11
20	2	17	17	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	12	16	12	11	11	11	11	11	11	11	11	11
21	2.25	16	12	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	13	16	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11
22	2.5	25	25	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	18	18	15	11	11	11	11	11	11	11	11
23	2.75	19	16	11	11	11	11	11	11	11	11	11	11	15	21	15	11	11	11	11	11	11	11	11	13
24	3	28	21	12	12	12	11	11	11	11	11	11	11	19	23	20	11	11	11	11	11	11	11	11	13
25	3.25	20	18	11	12	11	11	11	11	11	11	11	11	19	23	14	11	11	11	11	11	11	11	12	11
26	3.5	27	24	14	16	15	11	15	11	11	11	11	11	22	29	19	12	11	11	11	11	11	14	17	15
27	3.75	28	22	15	19	18	11	17	13	18	11	11	11	21	27	20	14	11	11	11	11	11	14	19	14
28	4	28	22	13	17	18	11	16	14	15	11	11	11	22	29	18	11	11	11	13	11	14	18	11	13
29	4.25	31	23	13	21	24	11	24	19	20	11	11	11	24	27	19	13	11	11	11	19	11	15	22	15
30	4.5	27	24	11	23	25	11	23	21	21	11	11	11	21	27	19	15	11	11	11	23	11	14	23	15

コマンド

(3) 「Export」タブから「Exort All Data from Data List 1」を選ぶと Test に選んでいる Data list の各種パラメーターが CSV ファイルに出力される。 Lot.1 のみ, Lot.2 のみの Data list

を用意してパラメーターを出力するとよい。

(4) CSV ファイルを Excell で開くとこのような形式になっている

<

- (5) 必要な行 (1 行×96 列) をコピーし、別の Excell ファイルに「形式を選択して貼り付け」
→「行と列を入れ替え」で貼りつけると 96 行×1 列のデータになって扱いやすい

PM1 C-sources

A1 Negative Control	A2 L-Arabinose	A3 N-Acetyl-D- Glucosamine	A4 D-Saccharic Acid	A5 Succinic Acid	A6 D-Galactose	A7 L-Aspartic Acid	A8 L-Proline	A9 D-Alanine	A10 D-Trehalose	A11 D-Mannose	A12 Dulcitol
B1 D-Serine	B2 D-Sorbitol	B3 Glycerol	B4 L-Fucose	B5 D-Glucuronic Acid	B6 D-Gluconic Acid	B7 D,L- α -Glycerol- Phosphate	B8 D-Xylose	B9 L-Lactic Acid	B10 Formic Acid	B11 D-Mannitol	B12 L-Glutamic Acid
C1 D-Glucose-6- Phosphate	C2 D-Galactonic Acid- γ -Lactone	C3 D,L-Malic Acid	C4 D-Ribose	C5 Tween 20	C6 L-Rhamnose	C7 D-Fructose	C8 Acetic Acid	C9 α -D-Glucose	C10 Maltose	C11 D-Melibiose	C12 Thymidine
D-1 L-Asparagine	D2 D-Aspartic Acid	D3 D-Glucosaminic Acid	D4 1,2-Propanediol	D5 Tween 40	D6 α -Keto-Glutaric Acid	D7 α -Keto-Butyric Acid	D8 α -Methyl-D- Galactoside	D9 α -D-Lactose	D10 Lactulose	D11 Sucrose	D12 Uridine
E1 L-Glutamine	E2 M-Tartaric Acid	E3 D-Glucose-1- Phosphate	E4 D-Fructose-6- Phosphate	E5 Tween 80	E6 α -Hydroxy Glutaric Acid- γ - Lactone	E7 α -Hydroxy Butyric Acid	E8 β -Methyl-D- Glucoside	E9 Adonitol	E10 Maltotriose	E11 2-Deoxy Adenosine	E12 Adenosine
F1 Glycyl-L- Aspartic Acid	F2 Citric Acid	F3 M-Inositol	F4 D-Threonine	F5 Fumaric Acid	F6 Bromo Succinic Acid	F7 Propionic Acid	F8 Mucic Acid	F9 Glycolic Acid	F10 Glyoxylic Acid	F11 D-Cellobiose	F12 Inosine
G1 Glycyl-L- Glutamic Acid	G2 Tricarballic Acid	G3 L-Serine	G4 L-Threonine	G5 L-Alanine	G6 L-Alanyl- Glycine	G7 Acetoacetic Acid	G8 N-Acetyl- β -D- Mannosamine	G9 Mono Methyl Succinate	G10 Methyl Pyruvate	G11 D-Malic Acid	G12 L-Malic Acid
H1 Glycyl-L- Proline	H2 p-Hydroxy Phenyl Acetic Acid	H3 m-Hydroxy Phenyl Acetic Acid	H4 Tyramine	H5 D-Palucose	H6 L-Lyxose	H7 Glucuronamide	H8 Pyruvic Acid	H9 L-Galactonic Acid- γ -Lactone	H10 D-Galacturonic Acid	H11 Phenylethyl- amine	H12 2-Aminoethanol

PM2 C-sources

A1 Negative Control	A2 Chondroitin Sulfate C	A3 α -Cyclodextrin	A4 β -Cyclodextrin	A5 γ -Cyclodextrin	A6 Dextrin	A7 Gelatin	A8 Glycogen	A9 Inulin	A10 Laminarin	A11 Mannan	A12 Pectin
B1 N-Acetyl-D- Galactosamine	B2 N-Acetyl- Neuraminic Acid	B3 β -D-Allose	B4 Amygdalin	B5 D-Arabinose	B6 D-Arabitol	B7 L-Arabitol	B8 Arbutin	B9 2-Deoxy-D- Ribose	B10 L-Erythritol	B11 D-Fucose	B12 3-O- β -D- Galacto- pyranosyl-D- Arabinose
C1 Gentiobiose	C2 L-Glucose	C3 Lactitol	C4 Melezitose	C5 Maltitol	C6 α -Methyl-D- Glucoside	C7 β -Methyl-D- Galactoside	C8 3-Methyl Glucose	C9 β -Methyl-D- Glucuronic Acid	C10 α -Methyl-D- Mannoside	C11 β -Methyl-D- Xyloside	C12 Palatinose
D1 D-Raffinose	D2 Salicin	D3 Sedoheptulosa n	D4 L-Sorbose	D5 Stachyose	D6 D-Tagatose	D7 Turannose	D8 Xylitol	D9 N-Acetyl-D- Glucosaminitol	D10 γ -Amino Butyric Acid	D11 δ -Amino Valeric Acid	D12 Butyric Acid
E1 Capric Acid	E2 Caproic Acid	E3 Citraconic Acid	E4 Citramalic Acid	E5 D-Glucosamine	E6 2-Hydroxy Benzolic Acid	E7 4-Hydroxy Benzolic Acid	E8 β -Hydroxy Butyric Acid	E9 γ -Hydroxy Butyric Acid	E10 α -Keto Valeric Acid	E11 Itaconic Acid	E12 6-Keto-D- Gluconic Acid
F1 D-Lactic Acid Methyl Ester	F2 Malonic Acid	F3 Melibionc Acid	F4 Oxalic Acid	F5 Oxalomalic Acid	F6 Quinic Acid	F7 D-Ribono-1,4- Lactone	F8 Sebacic Acid	F9 Sorbic Acid	F10 Succinamic Acid	F11 D-Tartaric Acid	F12 L-Tartaric Acid
G1 Acetamide	G2 L-Alaninamide	G3 N-Acetyl-L- Glutamic Acid	G4 L-Arginine	G5 Glycine	G6 L-Histidine	G7 L-Homoserine	G8 Hydroxy-L- Proline	G9 L-Isoleucine	G10 L-Leucine	G11 L-Lysine	G12 L-Methionine
H1 L-Ornithine	H2 L-Phenylalanine	H3 L-Pyrogutamic Acid	H4 L-Valine	H5 D,L-Carnitine	H6 Sec-Butylamine	H7 D,L- Octopamine	H8 Putrescine	H9 Dihydroxy Acetone	H10 2,3-Butanediol	H11 2,3-Butanone	H12 3-Hydroxy 2- Butanone

Supplemental Fig. S2-1. Phenotype MicroArrayの各プレートの構成 (全3ページ中1ページ目)
PM1-2 の各 well に入った化合物の名称を, プレート上での配置通りに示す. A1 の Negative control には何も化合物が入っていない.

PM3 N-sources

A1 Negative Control	A2 Ammonia	A3 Nitrite	A4 Nitrate	A5 Urea	A6 Bluret	A7 L-Alanine	A8 L-Arginine	A9 L-Asparagine	A10 L-Aspartic Acid	A11 L-Cysteine	A12 L-Glutamic Acid
B1 L-Glutamine	B2 Glycine	B3 L-Histidine	B4 L-Isoleucine	B5 L-Leucine	B6 L-Lysine	B7 L-Methionine	B8 L-Phenylalanine	B9 L-Proline	B10 L-Serine	B11 L-Threonine	B12 L-Tryptophan
C1 L-Tyrosine	C2 L-Valine	C3 D-Alanine	C4 D-Asparagine	C5 D-Aspartic Acid	C6 D-Glutamic Acid	C7 D-Lysine	C8 D-Serine	C9 D-Valine	C10 L-Citrulline	C11 L-Homoserine	C12 L-Ornithine
D-1 N-Acetyl-D,L- Glutamic Acid	D2 N-Phthaloyl-L- Glutamic Acid	D3 L-Pyroglutamic Acid	D4 Hydroxylamine	D5 Methylamine	D6 N-Amylamine	D7 N-Butylamine	D8 Ethylamine	D9 Ethanolamine	D10 Ethylenediamine	D11 Putrescine	D12 Agmatine
E1 Histamine	E2 β-Phenylethyl- amine	E3 Tyramine	E4 Acetamide	E5 Formamide	E6 Glucuronamide	E7 D,L-Lactamide	E8 D-Glucosamine	E9 D-Galactosamine	E10 D-Mannosamine	E11 N-Acetyl-D- Glucosamine	E12 N-Acetyl-D- Galactosamine
F1 N-Acetyl-D- Mannosamine	F2 Adenine	F3 Adenosine	F4 Cytidine	F5 Cytosine	F6 Guanine	F7 Guanosine	F8 Thymine	F9 Thymidine	F10 Uracil	F11 Uridine	F12 Inosine
G1 Xanthine	G2 Xanthosine	G3 Uric Acid	G4 Alloxan	G5 Allantoin	G6 Parabanic Acid	G7 D,L-α-Amino-N- Butyric Acid	G8 γ-Amino-N- Butyric Acid	G9 ε-Amino-N- Caproic Acid	G10 D,L-α-Amino- Caprylic Acid	G11 δ-Amino-N- Valeric Acid	G12 α-Amino-N- Valeric Acid
H1 Ala-Asp	H2 Ala-Gln	H3 Ala-Glu	H4 Ala-Gly	H5 Ala-His	H6 Ala-Leu	H7 Ala-Thr	H8 Gly-Asn	H9 Gly-Gln	H10 Gly-Glu	H11 Gly-Met	H12 Met-Ala

PM4 P, S-sources

A1 Negative Control	A2 Phosphate	A3 Pyrophosphate	A4 Trimeta- phosphate	A5 Tripoly- phosphate	A6 Triethyl Phosphate	A7 Hypophosphite	A8 Adenosine- 2'- monophosphate	A9 Adenosine- 3'- monophosphate	A10 Adenosine- 5'- monophosphate	A11 Adenosine- 2',3'-cyclic monophosphate	A12 Adenosine- 3',5'-cyclic monophosphate
B1 Thiophosphate	B2 Dithiophosphate	B3 D,L-α-Glycerol Phosphate	B4 β-Glycerol Phosphate	B5 Carbamyl Phosphate	B6 D-2-Phospho- Glyceric Acid	B7 D-3-Phospho- Glyceric Acid	B8 Guanosine- 2'- monophosphate	B9 Guanosine- 3'- monophosphate	B10 Guanosine- 5'- monophosphate	B11 Guanosine- 2',3'-cyclic monophosphate	B12 Guanosine- 3',5'-cyclic monophosphate
C1 Phosphoenol Pyruvate	C2 Phospho- Glycolic Acid	C3 D-Glucose-1- Phosphate	C4 D-Glucose-6- Phosphate	C5 2-Deoxy-D- Glucose 6- Phosphate	C6 D- Glucosamine-6- Phosphate	C7 6-Phospho- Gluconic Acid	C8 Cytidine- 2'- monophosphate	C9 Cytidine- 3'- monophosphate	C10 Cytidine- 5'- monophosphate	C11 Cytidine- 2',3'- cyclic monophosphate	C12 Cytidine- 3',5'- cyclic monophosphate
D1 D-Mannose-1- Phosphate	D2 D-Mannose-6- Phosphate	D3 Cysteamine-8- Phosphate	D4 Phospho-L- Arginine	D5 O-Phospho-D- Serine	D6 O-Phospho-L- Serine	D7 O-Phospho-L- Threonine	D8 Uridine- 2'- monophosphate	D9 Uridine- 3'- monophosphate	D10 Uridine- 5'- monophosphate	D11 Uridine- 2',3'- cyclic monophosphate	D12 Uridine- 3',5'- cyclic monophosphate
E1 O-Phospho-D- Tyrosine	E2 O-Phospho-L- Tyrosine	E3 Phosphocreatine	E4 Phosphoryl Choline	E5 O-Phosphoryl- Ethanolamine	E6 Phosphono Acetic Acid	E7 2-Aminoethyl Phosphonic Acid	E8 Methylene Diphosphonic Acid	E9 Thymidine- 3'- monophosphate	E10 Thymidine- 5'- monophosphate	E11 Inositol Hexaphosphate	E12 Thymidine 3',5'- cyclic monophosphate
F1 Negative Control	F2 Sulfate	F3 Thiosulfate	F4 Tetrathionate	F5 Thiophosphate	F6 Dithiophosphate	F7 L-Cysteine	F8 D-Cysteine	F9 L-Cysteinyl- Glycine	F10 L-Cysteic Acid	F11 Cysteamine	F12 L-Cysteine Sulfonic Acid
G1 N-Acetyl-L- Cysteine	G2 S-Methyl-L- Cysteine	G3 Cystathionine	G4 Lanthionine	G5 Glutathione	G6 D,L-Ethionine	G7 L-Methionine	G8 D-Methionine	G9 Glycyl-L- Methionine	G10 N-Acetyl-D,L- Methionine	G11 L- Methionine Sulfoxide	G12 L-Methionine Sulfone
H1 L-Djenkolic Acid	H2 Thiourea	H3 1-Thio-β-D- Glucose	H4 D,L-Lipoamide	H5 Taurocholic Acid	H6 Taurine	H7 Hypotaurine	H8 p-Amino Benzene Sulfonic Acid	H9 Butane Sulfonic Acid	H10 2- Hydroxyethane Sulfonic Acid	H11 Methane Sulfonic Acid	H12 Tetramethylene Sulfone

Supplemental Fig. S2-1. Phenotype MicroArrayの各プレートの構成 (全3ページ中2ページ目)
PM3-4 の各 well に入った化合物の名称を、プレート上での配置通りに示す. A1 (PM4 では
F1 も) の Negative control には何も化合物が入っていない.

PM9 Osmolytes

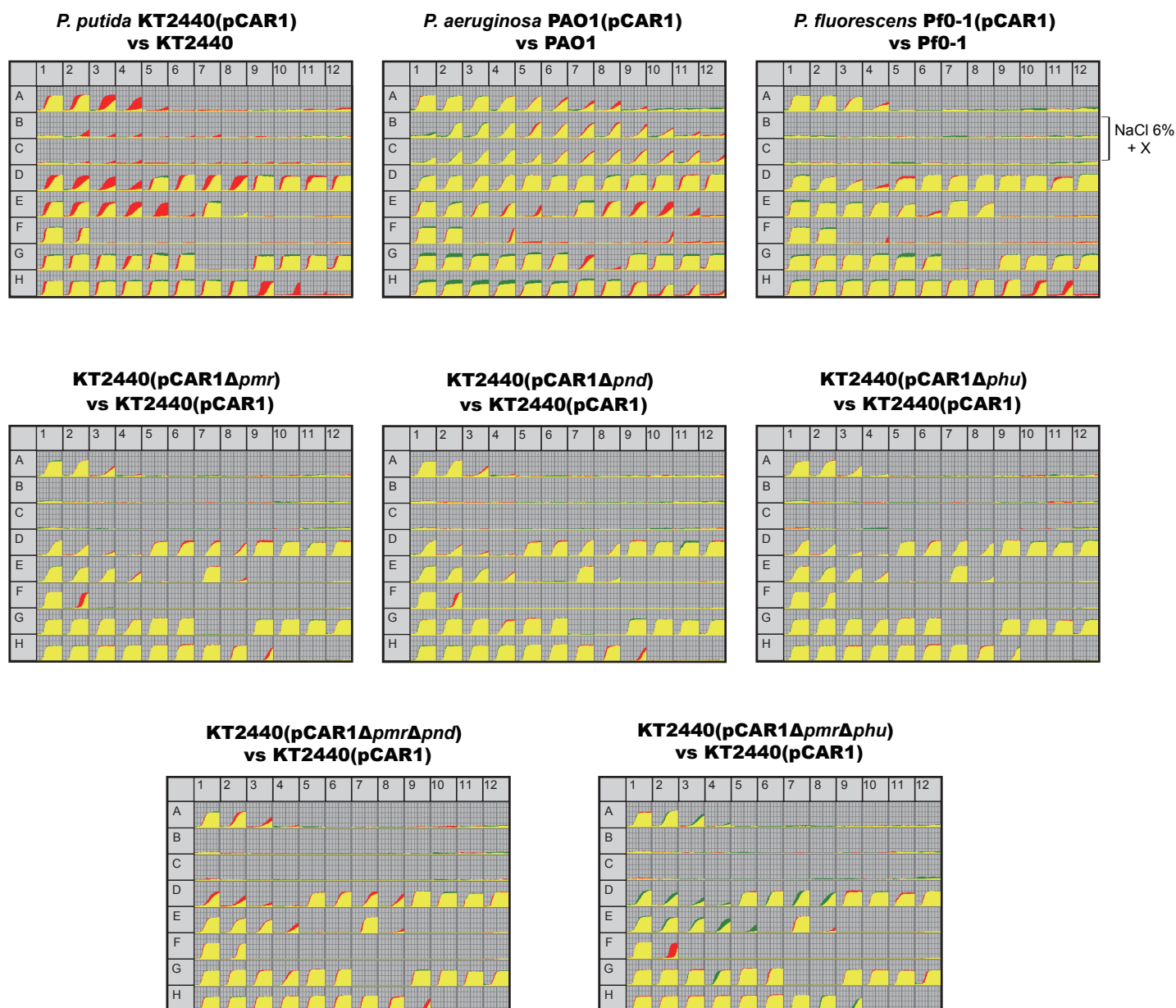
NaCl 6% ベース	A1 NaCl 1%	A2 NaCl 2%	A3 NaCl 3%	A4 NaCl 4%	A5 NaCl 5%	A6 NaCl 5.5%	A7 NaCl 6%	A8 NaCl 6.5%	A9 NaCl 7%	A10 NaCl 8%	A11 NaCl 9%	A12 NaCl 10%
	B1 NaCl 6%	B2 NaCl 6% + Betaine	B3 NaCl 6% + N-N Dimethyl glycine	B4 NaCl 6% + Sarcosine	B5 NaCl 6% + Dimethyl sulphonyl propionate	B6 NaCl 6% + MOPS	B7 NaCl 6% + Ectoine	B8 NaCl 6% + Choline	B9 NaCl 6% + Phosphoryl choline	B10 NaCl 6% + Creatine	B11 NaCl 6% + Creatinine	B12 NaCl 6% + L- Carnitine
	C1 NaCl 6% + KCl	C2 NaCl 6% + L-proline	C3 NaCl 6% + N-Acetyl L-glutamine	C4 NaCl 6% + β-Glutamic acid	C5 NaCl 6% + γ-Amino -n- butyric acid	C6 NaCl 6% + Glutathione	C7 NaCl 6% + Glycerol	C8 NaCl 6% + Trehalose	C9 NaCl 6% + Trimethylamine -N-oxide	C10 NaCl 6% + Trimethylamine	C11 NaCl 6% + Octopine	C12 NaCl 6% + Trigonelline
	D-1 Potassium chloride 3%	D2 Potassium chloride 4%	D3 Potassium chloride 5%	D4 Potassium chloride 6%	D5 Sodium sulfate 2%	D6 Sodium sulfate 3%	D7 Sodium sulfate 4%	D8 Sodium sulfate 5%	D9 Ethylene glycol 5%	D10 Ethylene glycol 10%	D11 Ethylene glycol 15%	D12 Ethylene glycol 20%
	E1 Sodium formate 1%	E2 Sodium formate 2%	E3 Sodium formate 3%	E4 Sodium formate 4%	E5 Sodium formate 5%	E6 Sodium formate 6%	E7 Urea 2%	E8 Urea 3%	E9 Urea 4%	E10 Urea 5%	E11 Urea 6%	E12 Urea 7%
	F1 Sodium Lactate 1%	F2 Sodium Lactate 2%	F3 Sodium Lactate 3%	F4 Sodium Lactate 4%	F5 Sodium Lactate 5%	F6 Sodium Lactate 6%	F7 Sodium Lactate 7%	F8 Sodium Lactate 8%	F9 Sodium Lactate 9%	F10 Sodium Lactate 10%	F11 Sodium Lactate 11%	F12 Sodium Lactate 12%
	G1 Sodium Phosphate pH 7 20mM	G2 Sodium Phosphate pH 7 50mM	G3 Sodium Phosphate pH 7 100mM	G4 Sodium Phosphate pH 7 200mM	G5 Sodium Benzoate pH5.2 20mM	G6 Sodium Benzoate pH5.2 50mM	G7 Sodium Benzoate pH5.2 100mM	G8 Sodium Benzoate pH5.2 200mM	G9 Ammonium sulfate pH8 10mM	G10 Ammonium sulfate pH 8 20mM	G11 Ammonium sulfate pH 8 50mM	G12 Ammonium sulfate pH8 100mM
	H1 Sodium Nitrate 10mM	H2 Sodium Nitrate 20mM	H3 Sodium Nitrate 40mM	H4 Sodium Nitrate 60mM	H5 Sodium Nitrate 80mM	H6 Sodium Nitrate 100mM	H7 Sodium Nitrite 10mM	H8 Sodium Nitrite 20mM	H9 Sodium Nitrite 40mM	H10 Sodium Nitrite 60mM	H11 Sodium Nitrite 80mM	H12 Sodium Nitrite 100mM

PM10 pH

pH 4.5 ベース	A1 pH 3.5	A2 pH 4	A3 pH 4.5	A4 pH 5	A5 pH 5.5	A6 pH 6	A7 pH 7	A8 pH 8	A9 pH 8.5	A10 pH 9	A11 pH 9.5	A12 pH 10
	B1 pH 4.5	B2 pH 4.5 + L-Alanine	B3 pH 4.5 + L-Arginine	B4 pH 4.5 + L-Asparagine	B5 pH 4.5 + L-Aspartic Acid	B6 pH 4.5 + L-Glutamic Acid	B7 pH 4.5 + L-Glutamine	B8 pH 4.5 + Glycine	B9 pH 4.5 + L-Histidine	B10 pH 4.5 + L-Isoleucine	B11 pH 4.5 + L-Leucine	B12 pH 4.5 + L-Lysine
	C1 pH 4.5 + L-Methionine	C2 pH 4.5 + L- Phenylalanine	C3 pH 4.5 + L-Proline	C4 pH 4.5 + L-Serine	C5 pH 4.5 + L-Threonine	C6 pH 4.5 + L-Tryptophan	C7 pH 4.5 + L-Tyrosine	C8 pH 4.5 + L-Valine	C9 pH 4.5 + Hydroxy- L-Proline	C10 pH 4.5 + L-Ornithine	C11 pH 4.5 + L-Homoarginine	C12 pH 4.5 + L-Homoserine
	D-1 pH 4.5 + Anthrannilic acid	D2 pH 4.5 + L-Norleucine	D3 pH 4.5 + L-Norvaline	D4 pH 4.5 + α- Amino-N- butyric acid	D5 pH 4.5 + p- Aminobenzoate	D6 pH 4.5 + L-Cysteic acid	D7 pH 4.5 + D-Lysine	D8 pH 4.5 + 5-Hydroxy Lysine	D9 pH 4.5 + 5-Hydroxy Tryptophan	D10 pH 4.5 + D,L-Diamino pimelic acid	D11 pH 4.5 + Trimethyl amine-N-oxide	D12 pH 4.5 + Urea
	E1 pH 9.5	E2 pH 9.5 + L-Alanine	E3 pH 9.5 + L-Arginine	E4 pH 9.5 + L-Asparagine	E5 pH 9.5 + L-Aspartic Acid	E6 pH 9.5 + L-Glutamic Acid	E7 pH 9.5 + L-Glutamine	E8 pH 9.5 + Glycine	E9 pH 9.5 + L-Histidine	E10 pH 9.5 + L-Isoleucine	E11 pH 9.5 + L-Leucine	E12 pH 9.5 + L-Lysine
	F1 pH 9.5 + L-Methionine	F2 pH 9.5 + L- Phenylalanine	F3 pH 9.5 + L-Proline	F4 pH 9.5 + L-Serine	F5 pH 9.5 + L-Threonine	F6 pH 9.5 + L-Tryptophan	F7 pH 9.5 + L-Tyrosine	F8 pH 9.5 + L-Valine	F9 pH 9.5 + Hydroxy- L-Proline	F10 pH 9.5 + L-Ornithine	F11 pH 9.5 + L-Homoarginine	F12 pH 9.5 + L-Homoserine
	G1 pH 9.5 + Anthrannilic acid	G2 pH 9.5 + L-Norleucine	G3 pH 9.5 + L-Norvaline	G4 pH 9.5 + Agmatine	G5 pH 9.5 + Cadaverine	G6 pH 9.5 + Putrescine	G7 pH 9.5 + Histamine	G8 pH 9.5 + Phenylethylamin e	G9 pH 9.5 + Tyramine	G10 pH 9.5 + Creatine	G11 pH 9.5 + Trimethyl amine-N-oxide	G12 pH 9.5 + Urea
pH 9.5 ベース	H1 X-Caprylate	H2 X-α-D- Glucoside	H3 X-β-D- Glucoside	H4 X-α-D- Galactoside	H5 X-β-D- Galactoside	H6 X-α- D- Glucuronide	H7 X-β- D- Glucuronide	H8 X-β-D- Glucosaminide	H9 X-β-D- Galactosaminid e	H10 X-α-D- Mannoside	H11 X-PO4	H12 X-SO4

Supplemental Fig. S2-1. Phenotype MicroArrayの各プレートの構成 (全3ページ中3ページ目)
PM9-10 の各 well に入った化合物の名称を、プレート上での配置通りに示す。同じ化合物の濃度が段階的に変化している well を灰色三角形で表している。

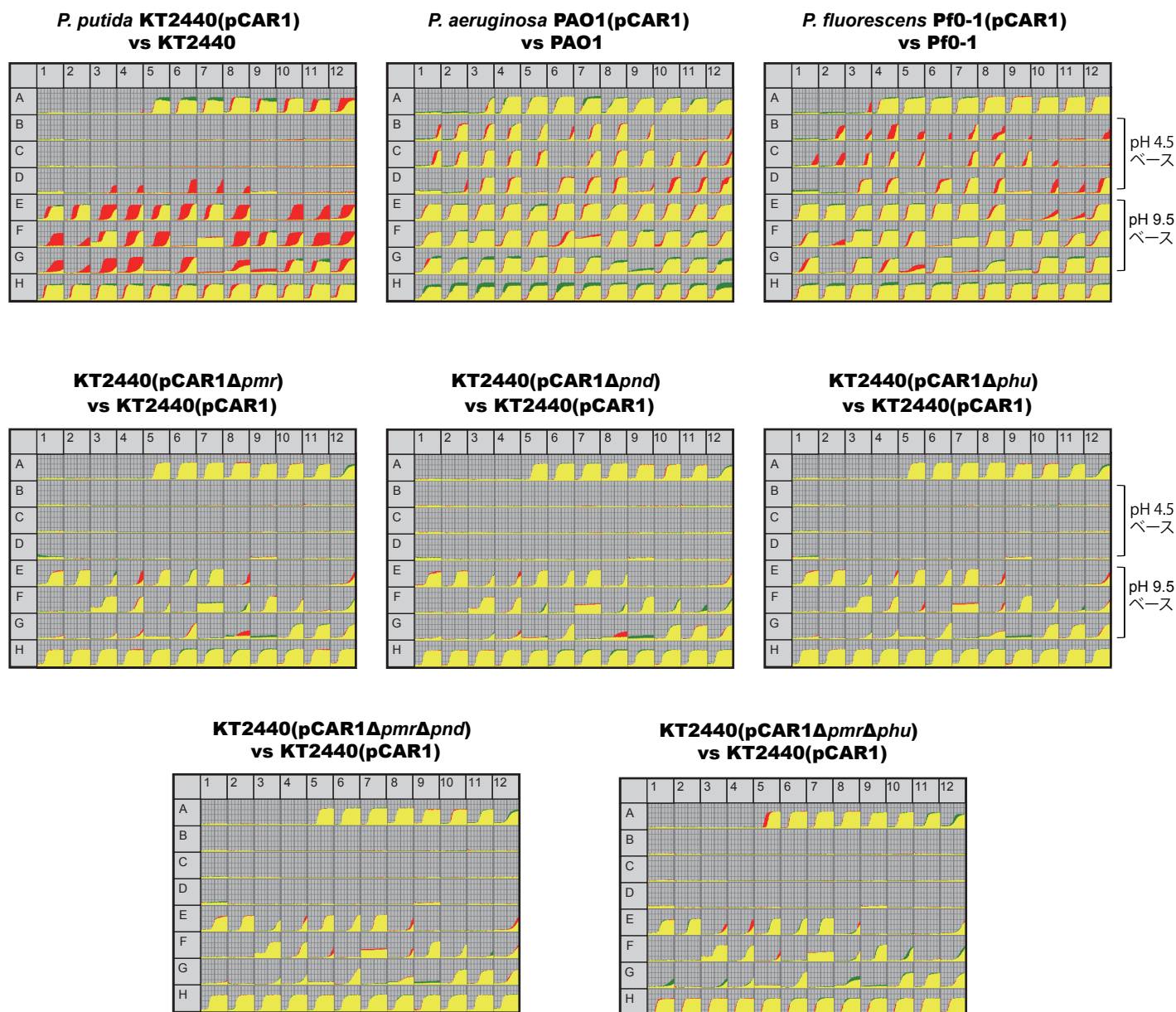
PM9 Osmolytes



Supplemental Fig. S2-2 生データ上での 2 株間の比較 (PM9)

KT2440 株, PAO1 株, Pf0-1 株それぞれでの pCAR1 保持株と非保持株の比較, 及び KT2440 (pCAR1) 株と各 NAPs 破壊株の比較を, 生データ上で示す. 1 つ 1 つの well の結果を各プレート配置どおりに並べてあり, 各マス目の横軸が培養時間 (0-48 h), 縦軸が発色した tetrazolium violet 量 (菌株の呼吸量) を表す. 各パネルの比較において, 先に表記された株の 2 連の平均 (緑) と後に表記された株の 2 連の平均 (赤) の重ね合わせを示しており, 重なり合った部分を黄色で示す.

PM10 pH



Supplemental Fig. S2-2 生データ上での 2 株間の比較 (PM10)

KT2440 株, PAO1 株, Pf0-1 株それぞれでの pCAR1 保持株と非保持株の比較, 及び KT2440 (pCAR1) 株と各 NAPs 破壊株の比較を, 生データ上で示す. 1 つ 1 つの well の結果を各プレート配置どおりに並べてあり, 各マス目の横軸が培養時間 (0-48 h), 縦軸が発色した tetrazolium violet 量 (菌株の呼吸量) を表す. 各パネルの比較において, 先に表記された株の 2 連の平均 (緑) と後に表記された株の 2 連の平均 (赤) の重ね合わせを示しており, 重なり合った部分を黄色で示す.

Supplemental Table S3-1-1. KT2440株においてpCAR1を保持した際に転写プロファイルが変化した1240個のORF

Cluster	COG	Locus Tag	Strand	Gene	Product Name	KT2440				KT2440(pCAR1)				d(max)	A(sum)
						2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h		
K1	R	PP_0005	-	trmE	tRNA modification GTPase TrmE	122	114	18	53	183	194	136	113	1.09	5.11
K1	U	PP_0006	-	yidC	putative inner membrane protein translocase component YidC	693	711	17	12	741	777	240	153	1.91	5.42
K1	S	PP_0007	-		hypothetical protein	1413	1491	24	45	1345	1513	264	125	2.04	5.14
K1	J	PP_0008	-	rnpA	ribonuclease P	2023	2616	20	39	1800	2120	507	263	2.99	8.24
K1	-	PP_0009	-	rpmH	50S ribosomal protein L34	3128	4302	20	99	2296	2904	392	132	2.61	6.30
K1	L	PP_0013	+	gyrB	DNA gyrase subunit B	861	864	77	49	897	945	177	116	1.21	3.58
K1	-	PP_0018	+		hypothetical protein	1207	1646	407	456	1032	1231	1231	748	1.60	4.31
K1	-	PP_0021	+		hypothetical protein	144	139	53	41	118	144	141	107	1.14	3.31
K1	J	PP_0060	-	glyS	glycyl-tRNA synthetase subunit beta	832	766	55	69	771	862	142	96	1.15	3.09
K1	R	PP_0097	+		hypothetical protein	238	258	70	148	370	360	123	154	0.81	3.27
K1	P	PP_0120	+		periplasmic solute binding protein	193	258	99	106	311	285	227	161	1.19	3.96
K1	R	PP_0121	-	thrB	homoserine kinase	336	289	85	114	398	353	154	158	0.86	3.02
K1	L	PP_0123	+	polA	DNA polymerase I	368	336	81	111	468	424	189	186	1.22	4.18
K1	O	PP_0127	+		DsbA family thiol:disulfide interchange protein	683	825	97	143	850	890	340	235	1.81	4.88
K1	R	PP_0128	+		endonuclease/exonuclease/phosphatase	194	182	30	42	246	250	133	93	1.05	3.90
K1	-	PP_0136	+		inhibitor of vertebrate lysozyme	91	77	17	30	136	116	100	39	0.65	3.05
K1	C	PP_0137	+	glpP	glutamate/aspartate:proton symporter	184	94	9	3	148	173	116	77	0.88	3.59
K1	R	PP_0138	+		nucleoside recognition domain protein	133	106	23	28	199	154	113	92	0.82	3.82
K1	-	PP_0150	-		hypothetical protein	1135	1084	221	111	928	1129	482	768	2.78	5.34
K1	-	PP_0151	-		hypothetical protein	1307	1455	56	70	1141	1241	173	216	1.63	4.76
K1	S	PP_0153	-		hypothetical protein	711	2526	84	31	578	1819	710	438	3.09	9.37
K1	T	PP_0165	+		GGDEF domain-containing protein	167	159	43	47	187	198	127	82	0.99	3.12
K1	-	PP_0173	-		transcriptional factor-related protein	357	342	39	66	339	376	305	184	2.25	6.22
K1	R	PP_0196	+		ABC transporter ATP-binding protein	525	426	22	47	549	528	145	106	1.18	3.79
K1	T	PP_0247	+	envZ	integral membrane sensor signal transduction histidine kinase	464	400	38	72	524	439	141	115	1.14	3.38
K1	-	PP_0253	+	pckA		1865	2220	56	98	1630	1906	446	256	2.80	7.22
K1	R	PP_0259	-		HAD superfamily hydrolase	129	150	51	46	192	190	104	88	0.70	3.13
K1	-	PP_0260	+	nudE	ADP-ribose diphosphatase NudE	231	162	67	62	298	264	135	123	1.01	4.72
K1	E	PP_0266	+		agmatine deiminase	345	305	64	134	376	318	177	173	1.47	3.55
K1	-	PP_0268	+	oprQ	outer membrane porin	1202	1445	37	51	909	902	201	135	1.65	5.17
K1	T	PP_0337	-		diguanylate cyclase/phosphodiesterase with PAS/PAC and GAF sensor(s)	471	425	87	104	484	463	206	166	1.24	3.44
K1	C	PP_0338	-	aceF	dihydroliipoamide acetyltransferase	1843	1992	66	39	1511	1853	446	245	2.76	7.75
K1	C	PP_0339	-	aceE	pyruvate dehydrogenase subunit E1	2698	3341	62	71	2059	2715	233	134	1.86	5.12

K1	M	PP_0341	+	waaF	lipopolysaccharide heptosyltransferase II	577	545	72	54	562	614	155	126	1.11	3.53
K1	M	PP_0342	+	waaC	lipopolysaccharide heptosyltransferase I	419	334	42	38	455	457	129	106	1.01	3.77
K1	-	PP_0345	+		lipopolysaccharide kinase	614	605	83	85	708	646	186	149	1.17	3.55
K1	-	PP_0346	+		lipopolysaccharide kinase	390	367	54	46	501	448	165	148	1.36	4.87
K1	H	PP_0378	-	pqqC	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqC	1200	248	65	75	595	636	129	108	1.36	5.08
K1	R	PP_0379	-	pqqB	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqB	1385	320	60	57	642	694	112	116	1.12	4.70
K1	-	PP_0380	-	pqqA	coenzyme PQQ synthesis protein PqqA	1272	1225	74	201	846	1250	205	169	1.48	3.36
K1	L	PP_0388	-	dnaG	DNA primase	416	256	92	111	457	377	220	190	1.26	4.55
K1	J	PP_0389	-	rpsU	30S ribosomal protein S21	2820	3960	42	92	2177	2688	490	209	2.94	7.61
K1	H	PP_0392	+	folB	dihydroneopterin aldolase	373	342	103	74	456	393	185	194	1.38	3.77
K1	G	PP_0415	+	rpe	ribulose-phosphate 3-epimerase	804	712	42	82	698	751	154	124	1.27	3.39
K1	R	PP_0416	+	gph	phosphoglycolate phosphatase	420	350	11	41	470	477	119	87	0.89	3.27
K1	E	PP_0417	+	trpE	anthranilate synthase component I	708	679	28	53	752	797	211	147	1.72	5.20
K1	E	PP_0420	+	trpG	anthranilate synthase component II	942	962	46	24	799	892	241	144	1.91	5.24
K1	E	PP_0421	+	trpD	anthranilate phosphoribosyltransferase	921	769	23	34	829	819	247	156	1.95	5.40
K1	F	PP_0428	-		histidine triad (HIT) protein	1773	2344	129	349	1632	1750	658	311	2.35	4.79
K1	E	PP_0432	+	argC	N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase	349	381	33	57	387	371	143	124	1.16	3.37
K1	K	PP_0438	+		pantothenate kinase	263	150	35	40	230	242	155	102	1.27	4.49
K1	J	PP_0440	+	tuf	elongation factor Tu	4663	6742	586	659	3252	4100	2888	1692	2.30	6.82
K1	U	PP_0441	+	secE	preprotein translocase subunit SecE	2933	3529	170	282	2443	3034	1450	944	3.10	8.22
K1	K	PP_0442	+	nusG	transcription antitermination protein NusG	2962	4267	208	362	2379	3180	1595	898	2.94	7.61
K1	J	PP_0443	+	rplK	50S ribosomal protein L11	4269	6658	289	333	3026	4279	1226	653	2.08	5.93
K1	J	PP_0444	+	rplA	50S ribosomal protein L1	3646	5000	185	183	2573	3213	695	373	1.91	5.67
K1	J	PP_0445	+	rplJ	50S ribosomal protein L10	4660	7352	307	271	3288	4402	1481	850	2.27	7.06
K1	J	PP_0446	+	rplL	50S ribosomal protein L7/L12	4476	7054	248	211	3252	4192	1478	569	2.58	7.38
K1	K	PP_0447	+	rpoB	DNA-directed RNA polymerase subunit beta	2901	3800	155	136	2293	2900	1016	568	2.71	7.92
K1	K	PP_0448	+	rpoC	DNA-directed RNA polymerase subunit beta'	2865	3787	161	147	2342	2780	1132	593	2.82	8.06
K1	J	PP_0449	+	rpsL	30S ribosomal protein S12	3901	6390	249	438	2959	3693	613	253	1.30	3.40
K1	J	PP_0450	+	rpsG	30S ribosomal protein S7	3721	5842	210	302	2681	3339	793	365	1.92	5.06
K1	J	PP_0451	+	fusA	elongation factor G	3738	5603	217	236	2674	3509	849	392	1.97	5.49
K1	J	PP_0452	+	tuf	elongation factor Tu	4359	6935	577	559	3169	4028	2557	1544	2.15	6.64
K1	J	PP_0453	+	rpsJ	30S ribosomal protein S10	3994	6623	174	255	3035	3774	1548	607	3.15	8.28
K1	J	PP_0454	+	rplC	50S ribosomal protein L3	3472	4938	79	116	2584	3203	857	318	3.44	8.96
K1	J	PP_0455	+	rplD	50S ribosomal protein L4	3760	5468	119	130	2752	3667	716	402	2.58	7.46
K1	J	PP_0456	+	rplW	50S ribosomal protein L23	3018	4664	98	115	2448	2869	598	334	2.61	7.35
K1	J	PP_0457	+	rplB	50S ribosomal protein L2	3491	5250	84	111	2440	3292	485	211	2.53	6.78
K1	J	PP_0458	+	rpsS	30S ribosomal protein S19	3624	5382	179	206	2647	3556	1011	576	2.49	7.16
K1	J	PP_0459	+	rplV	50S ribosomal protein L22	3006	4188	58	69	2219	2635	329	134	2.36	6.41
K1	J	PP_0460	+	rpsC	30S ribosomal protein S3	3423	5256	127	93	2491	3065	635	279	2.33	7.09

K1	J	PP_0461	+	rpL	50S ribosomal protein L16	3249	4453	125	95	2217	2906	513	192	2.03	5.92
K1	J	PP_0462	+	rpmC	50S ribosomal protein L29	2732	4476	122	86	2288	2587	524	197	2.11	6.09
K1	J	PP_0463	+	rpsQ	30S ribosomal protein S17	3593	5197	209	254	2432	2916	635	328	1.60	4.70
K1	J	PP_0464	+	rplN	50S ribosomal protein L14	3471	4840	191	199	2537	3000	521	223	1.45	3.95
K1	J	PP_0465	+	rplX	50S ribosomal protein L24	3695	5838	311	230	2522	3540	672	322	1.11	3.83
K1	J	PP_0466	+	rplE	50S ribosomal protein L5	3181	5249	378	234	2475	3066	821	484	1.12	4.29
K1	J	PP_0467	+	rpsN	30S ribosomal protein S14	1272	1303	86	44	971	1033	231	119	1.43	4.27
K1	J	PP_0469	+	rplF	50S ribosomal protein L6	3976	6105	579	1089	2812	3713	1540	1153	1.41	3.89
K1	J	PP_0470	+	rplR	50S ribosomal protein L18	3581	4761	283	420	2621	3170	937	585	1.73	4.68
K1	J	PP_0471	+	rpsE	30S ribosomal protein S5	4088	5802	329	506	2814	3624	1616	1076	2.30	6.53
K1	J	PP_0472	+	rpmD	50S ribosomal protein L30	4615	6320	417	525	3127	4318	1387	873	1.73	5.03
K1	J	PP_0473	+	rplO	50S ribosomal protein L15	3522	5057	294	307	2522	3346	1624	922	2.46	7.23
K1	U	PP_0474	+	secY	preprotein translocase subunit SecY	3635	5639	280	245	2461	3240	1041	519	1.89	5.91
K1	J	PP_0476	+	rpsM	30S ribosomal protein S13	3686	5864	287	428	2651	3374	657	656	1.19	4.12
K1	J	PP_0478	+	rpsD	30S ribosomal protein S4	3615	5372	286	308	2600	3162	804	331	1.49	4.08
K1	K	PP_0479	+	rpoA	DNA-directed RNA polymerase subunit alpha	3903	5608	325	322	2675	3534	882	509	1.44	4.51
K1	J	PP_0480	+	rplQ	50S ribosomal protein L17	3766	5636	434	400	2637	3336	1101	599	1.34	4.33
K1	G	PP_0484	+		major facilitator family transporter	553	502	41	43	589	636	191	125	1.58	4.89
K1	M	PP_0500	+		dTDP-4-dehydrothamnose reductase	520	428	57	101	486	465	195	146	1.60	3.98
K1	O	PP_0510	-	trx-1	thioredoxin	302	451	130	133	338	358	301	199	1.22	3.10
K1	K	PP_0513	+	nrdR	transcriptional regulator NrdR	821	957	40	117	889	735	177	214	1.47	3.91
K1	H	PP_0515	+	ribE-1	riboflavin synthase subunit alpha	847	850	38	78	830	778	145	117	1.18	3.00
K1	H	PP_0516	+	ribBA-1	bifunctional 3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase/GTP cyclohydrolase II-like protein	1213	1153	43	75	1104	1109	204	157	1.67	4.55
K1	H	PP_0519	+	thiL	thiamine monophosphate kinase	244	185	96	100	264	274	145	148	0.60	3.00
K1	I	PP_0520	+	pgpA	phosphatidylglycerophosphatase A	307	202	94	99	277	342	182	194	0.97	4.29
K1	H	PP_0522	+	ribA	GTP cyclohydrolase II	646	694	104	145	749	581	261	258	1.33	3.55
K1	L	PP_0529	-	xseB	exodeoxyribonuclease VII small subunit	1678	1305	64	89	1263	1288	258	204	2.01	5.64
K1	M	PP_0547	+	mpl	UDP-N-acetylmuramate	569	458	93	123	677	553	240	217	1.36	4.32
K1	H	PP_0548	+	ubiD	aromatic acid decarboxylase	391	296	80	95	470	345	222	190	1.47	4.66
K1	I	PP_0558	-	accC-1	acetyl-CoA carboxylase biotin carboxylase subunit	1867	2036	43	64	1489	1597	175	115	1.45	4.20
K1	E	PP_0560	-	aroQ-1	3-dehydroquinate dehydratase	2392	2626	61	70	2012	2021	134	101	1.07	3.11
K1	I	PP_0565	+		NUDIX hydrolase	261	232	72	69	307	312	111	115	0.73	3.07
K1	E	PP_0567	+	speA	arginine decarboxylase	267	208	49	75	323	288	111	97	0.80	3.18
K1	G	PP_0589	+		Bcr/CflA family multidrug resistance transporter	202	173	26	16	399	336	111	102	0.98	5.15
K1	-	PP_0598	+		hypothetical protein	224	194	50	92	272	284	219	200	1.78	6.05
K1	R	PP_0599	+		30S ribosomal protein S20	203	206	34	49	243	273	183	159	1.51	5.41
K1	J	PP_0600	-	rpsT	isoleucyl-tRNA synthetase	2690	3995	54	141	2366	2751	565	300	3.14	7.72
K1	J	PP_0603	+	ileS		1209	1166	66	80	1138	1128	233	183	1.81	4.91

K1	M	PP_0604	+	LspA	lipoprotein signal peptidase	1086	1276	58	44	1073	1123	197	143	1.62	4.46
K1	O	PP_0605	+	fkpB	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type	1416	1777	78	85	1358	1495	326	257	2.07	5.86
K1	I	PP_0606	+	ispH	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	787	800	42	45	838	823	220	196	1.78	5.35
K1	O	PP_0625	+	clpB	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit	638	698	187	168	631	574	697	322	1.90	4.83
K1	L	PP_0635	+		group II intron-encoding maturase	272	420	114	105	329	442	397	262	1.80	5.33
K1	H	PP_0687	-	ispB	polyprenyl synthetase	791	759	37	56	895	806	186	163	1.54	4.78
K1	J	PP_0688	+	rplU	50S ribosomal protein L21	3813	5494	162	232	2873	3614	468	250	1.53	3.93
K1	J	PP_0689	+	rpmA	50S ribosomal protein L27	2065	3026	81	49	2130	2411	707	465	3.13	9.15
K1	R	PP_0690	+	obgE	GTPase ObgE	1226	1163	57	44	1110	1166	451	296	2.82	7.99
K1	E	PP_0691	+	proB	gamma-glutamyl kinase	702	695	60	86	744	695	240	174	1.90	4.91
K1	S	PP_0692	+	creA	CreA family protein	233	211	47	45	260	325	167	157	1.38	5.45
K1	-	PP_0696	+		hypothetical protein	435	332	112	95	369	382	217	193	1.03	3.36
K1	J	PP_0719	-	ychF	GTP-dependent nucleic acid-binding protein EngD	1014	937	40	46	891	1003	302	192	2.24	6.31
K1	J	PP_0720	-	pth	peptidyl-tRNA hydrolase	993	934	8	7	908	1016	196	154	1.61	4.74
K1	J	PP_0721	-		50S ribosomal protein L25/general stress protein Ctc	3436	4769	161	84	2546	3111	717	281	2.15	6.76
K1	F	PP_0722	-	prsA	ribose-phosphate pyrophosphokinase	2428	2648	80	126	1847	2305	580	355	2.86	7.63
K1	I	PP_0723	-	ipk	4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase	790	744	56	79	844	715	156	132	1.29	3.35
K1	U	PP_0725	-		TPR domain-containing protein	771	710	123	162	795	856	247	242	1.01	3.18
K1	H	PP_0732	+	hemA	glutamyl-tRNA reductase	603	474	27	72	609	553	132	103	1.05	3.09
K1	F	PP_0745	-	uraA	uracil-xanthine permease	193	133	56	82	248	230	90	95	0.80	3.16
K1	F	PP_0746	-	upp	uracil phosphoribosyltransferase	469	422	190	202	669	680	232	326	0.69	3.16
K1	F	PP_0747	+		hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase	487	598	56	117	608	533	258	247	2.01	5.23
K1	I	PP_0756	-		phospholipid/glycerol acyltransferase	619	526	48	65	661	594	153	140	1.25	4.06
K1	T	PP_0769	+		histidine kinase	299	413	71	100	308	340	183	149	1.37	3.39
K1	T	PP_0770	+		Pem1-like protein	458	771	133	168	627	680	307	267	1.21	3.32
K1	T	PP_0771	+		toxin ChpB	496	460	55	142	452	487	210	187	1.72	4.03
K1	M	PP_0773	+		OmpA/MotB domain protein	508	571	189	278	646	782	436	472	1.21	4.43
K1	V	PP_0790	+		signaling modulator of AmpD, AmpE	586	541	264	267	917	950	665	351	1.33	5.33
K1	O	PP_0809	+	dsbB	disulfide bond formation protein B	203	171	21	52	321	282	100	67	0.72	3.48
K1	-	PP_0810	+	cyoups1	cyoups1 protein	2104	3812	26	37	1732	2164	276	147	2.11	6.15
K1	-	PP_0811	+	cyoups2	cyoups2 protein	3719	5179	22	68	2996	4268	285	173	2.15	6.02
K1	C	PP_0812	+	cyoA	ubiquinol oxidase subunit 2	2899	4147	31	29	2491	3080	186	114	1.54	4.32
K1	C	PP_0815	+	cyoD	cytochrome o ubiquinol oxidase, protein CyoD	2083	2861	40	17	1864	2292	177	100	1.47	3.85
K1	O	PP_0816	+	cyoE-2	protoheme IX farnesyltransferase	970	1051	57	13	1215	1026	290	96	2.18	5.21
K1	E	PP_0817	+		aminotransferase	861	720	101	75	905	717	241	155	1.26	3.62
K1	P	PP_0824	+		phosphonate ABC transporter periplasmic	1070	1100	153	305	1374	1497	358	350	1.23	3.90
K1	P	PP_0825	+		phosphonate-binding protein	252	237	52	33	428	482	133	112	1.05	5.71
K1	P	PP_0827	+		phosphonate ABC transporter, ATP-binding protein	90	80	5	30	164	166	83	76	1.05	3.98
					phosphonate ABC transporter inner membrane protein										

K1	G	PP_0838	-	suhB	inositol-phosphate phosphatase	1288	1268	42	46	1076	1172	201	151	1.65	4.82
K1	J	PP_0839	+		RNA methyltransferase	413	346	137	128	446	460	306	234	1.16	4.12
K1	E	PP_0840	+	cysE	serine O-acetyltransferase	358	344	68	103	411	356	228	242	1.75	5.04
K1	K	PP_0841	+		BadM/Rrf2 family transcriptional regulator	1415	1347	100	273	1314	1350	606	550	2.60	6.32
K1	E	PP_0842	+	iscS	cysteine desulfurase	1364	1288	111	222	1297	1255	431	431	1.95	4.93
K1	C	PP_0843	+	iscU	scaffold protein	1795	1615	120	307	1591	1657	531	490	2.15	5.15
K1	S	PP_0844	+	iscA	iron-sulfur cluster assembly protein IscA	1815	1877	153	351	1471	1676	729	613	2.25	5.64
K1	O	PP_0845	+	hscB	co-chaperone HscB	990	861	50	113	974	1155	395	378	2.63	7.83
K1	O	PP_0846	+	hscA	chaperone protein HscA	563	496	49	57	586	521	241	198	1.91	5.65
K1	C	PP_0847	+		ferredoxin, 2Fe-2S type, ISC system	953	971	104	71	872	936	319	167	1.63	4.62
K1	R	PP_0850	+		radical SAM enzyme, Cfr family	1158	1075	79	136	1184	1079	216	169	1.46	3.26
K1	N	PP_0851	+	pilF	type IV pilus biogenesis/stability protein PilW	509	462	38	59	518	462	191	113	1.58	4.00
K1	S	PP_0852	+		Cro/CI family transcriptional regulator	673	724	77	60	752	674	292	195	1.92	5.50
K1	I	PP_0853	+	ispG	4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase	660	574	32	31	591	587	177	130	1.46	4.12
K1	J	PP_0854	+	hisS	histidyl-tRNA synthetase	924	780	36	30	837	797	262	183	2.03	5.74
K1	S	PP_0855	+		hypothetical protein	1301	1255	58	28	1122	1228	315	225	2.30	6.63
K1	S	PP_0856	+		hypothetical protein	976	982	33	25	1054	1050	259	172	2.02	5.76
K1	R	PP_0857	+	engA	GTP-binding protein EngA	1122	997	84	114	1107	1083	227	194	1.44	3.87
K1	E	PP_0864	-		ornithine decarboxylase	1455	1017	77	76	1308	1162	246	212	1.68	5.22
K1	S	PP_0886	-		hypothetical protein	173	221	84	101	362	380	148	235	1.22	5.47
K1	T	PP_0887	+		integral membrane sensor signal transduction histidine kinase	228	279	67	81	309	354	147	117	1.14	3.93
K1	-	PP_0891	+		YceI family protein	268	234	29	23	441	275	156	123	1.28	4.69
K1	T	PP_0902	+		integral membrane sensor signal transduction histidine kinase	171	116	20	32	189	171	101	106	0.72	3.33
K1	P	PP_0913	-		hypothetical protein	643	2794	35	57	2062	993	95	98	1.68	4.01
K1	P	PP_0915	-	sodB	superoxide dismutase	2095	2527	271	261	1716	2325	774	244	1.52	3.25
K1	-	PP_0919	+		hypothetical protein	358	392	13	59	436	422	134	100	1.07	3.29
K1	D	PP_0933	+	mreB	rod shape-determining protein MreB	1199	1110	22	35	1206	1118	260	161	2.02	5.40
K1	M	PP_0934	+	mreC	rod shape-determining protein MreC	753	628	71	94	721	740	385	318	2.44	7.07
K1	M	PP_0935	+	mreD	rod shape-determining protein MreD	456	428	35	41	461	499	267	223	2.06	6.38
K1	D	PP_0936	+	maf	Maf-like protein	372	335	23	59	368	334	153	137	1.25	3.62
K1	E	PP_0965	+	hisG	ATP phosphoribosyltransferase catalytic subunit	910	745	33	49	867	898	144	125	1.17	3.80
K1	E	PP_0966	+	hisD	histidinol dehydrogenase	738	632	71	104	676	652	196	157	1.46	3.67
K1	R	PP_0973	-	ndpA	nucleoid-associated protein NdpA	399	317	35	71	493	505	126	84	0.98	3.85
K1	L	PP_0975	+	hupN	histone family protein DNA-binding protein	2311	2606	151	114	1935	1959	287	390	1.77	4.13
K1	E	PP_0988	-	gcvP-1	glycine dehydrogenase	794	809	56	47	313	836	130	152	1.34	4.64
K1	E	PP_0989	-	gcvH	glycine cleavage system protein H	1503	1636	38	39	423	1368	125	97	1.83	4.48
K1	P	PP_1005	-	hemO	heme oxygenase	206	477	51	40	1043	446	91	78	2.34	3.48
K1	E	PP_1010	+	edd	phosphogluconate dehydratase	94	132	65	72	123	159	124	108	0.92	3.33

K1	G	PP_1022	+	zwf-1	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	146	193	60	61	181	248	166	151	1.37	5.02
K1	L	PP_1027	-	xseA	exodeoxyribonuclease VII large subunit	289	268	54	82	332	319	132	117	1.04	3.31
K1	F	PP_1031	+	guaB	inosine 5'-monophosphate dehydrogenase	1278	1182	58	83	1219	1329	252	191	1.98	5.46
K1	F	PP_1032	+	guaA	GMP synthase	1321	1250	37	52	1245	1371	173	114	1.44	3.95
K1	F	PP_1037	+	purL	phosphoribosylformylglycinamide synthase	936	808	25	57	926	888	171	120	1.42	4.00
K1	C	PP_1075	-	glpK	glycerol kinase	118	93	68	56	227	229	149	106	1.30	6.53
K1	E	PP_1078	-		ABC transporter ATP-binding protein	894	692	16	13	898	754	177	156	1.47	4.48
K1	E	PP_1079	-	argF	ornithine carbamoyltransferase	1519	1564	54	51	1446	1163	295	262	2.21	6.65
K1	O	PP_1084	+		anti-oxidant AhpCTSA family protein	2883	4774	264	291	2323	2987	2146	285	3.02	6.58
K1	L	PP_1085	-	rnt	ribonuclease T	567	599	72	85	674	807	130	100	0.86	3.06
K1	F	PP_1100	+	dcd	deoxycytidine triphosphate deaminase	1411	1452	58	137	1340	1346	189	176	1.56	3.58
K1	K	PP_1109	-		GntR family transcriptional regulator	193	165	53	107	200	182	135	165	1.07	3.10
K1	M	PP_1131	+		17 kDa surface antigen	874	1672	262	302	1735	1982	351	504	0.99	3.06
K1	R	PP_1134	-		FAD dependent oxidoreductase	423	364	45	44	460	449	142	142	1.15	4.19
K1	E	PP_1157	+		acetolactate synthase	1522	1399	48	87	1017	1204	226	190	1.82	5.40
K1	F	PP_1179	-	nrdA	ribonucleotide-diphosphate reductase subunit alpha	1285	1358	44	79	1184	1338	177	107	1.47	3.48
K1	M	PP_1185	+	oprH	outer membrane protein H1	306	150	73	80	369	192	186	69	1.34	3.50
K1	C	PP_1188	+	dctA	C4-dicarboxylate transporter DctA	2581	2818	129	163	2003	2056	634	395	2.30	6.39
K1	J	PP_1197	-	rimO	ribosomal protein S12 methyltransferase	715	469	24	43	585	490	225	154	1.81	5.20
K1	J	PP_1205	-	proS	prolyl-tRNA synthetase	1454	1515	50	115	1391	1385	193	156	1.59	3.71
K1	R	PP_1211	+		hypothetical protein	312	315	65	58	336	363	138	94	1.08	3.23
K1	S	PP_1212	+		hypothetical protein	1413	1948	68	34	1293	1399	153	132	1.18	3.80
K1	J	PP_1213	+	aspS	aspartyl-tRNA synthetase	1810	1953	46	88	1595	1738	217	126	1.76	4.25
K1	L	PP_1217	+	ruvB	Holliday junction DNA helicase RuvB	474	364	31	53	479	489	132	88	1.04	3.43
K1	R	PP_1218	+		hypothetical protein	967	940	4	25	915	861	202	143	1.66	4.58
K1	U	PP_1219	+	tolQ	biopolymer transport protein TolQ	676	602	18	20	745	646	157	96	1.29	3.51
K1	U	PP_1220	+	tolR	biopolymer transport protein TolR	1151	960	41	5	1080	1095	193	135	1.59	4.60
K1	D	PP_1221	+	tolA	biopolymer transport protein TolA	1065	876	41	53	1000	1048	218	190	1.77	5.59
K1	U	PP_1222	+	tolB	translocation protein TolB	1370	1320	49	85	1289	1568	245	183	1.93	5.42
K1	M	PP_1223	+	oprL	peptidoglycan-associated lipoprotein OprL	2856	4500	148	164	2307	2564	430	266	1.54	4.66
K1	S	PP_1224	+		hypothetical protein	1513	1619	53	65	1495	1507	197	132	1.62	4.30
K1	O	PP_1225	+		radical SAM domain protein	584	380	2	29	557	520	163	80	1.35	3.86
K1	H	PP_1231	+	nadA	quinolinate synthetase	923	616	118	143	930	778	388	281	1.71	5.09
K1	E	PP_1237	+	dapA	dihydrodipicolinate synthase	2201	2538	69	170	2017	2227	304	222	2.14	4.83
K1	M	PP_1238	+		putative lipoprotein	1028	1078	36	71	1055	1070	266	166	2.06	5.37
K1	R	PP_1239	+		beta-lactamase domain protein	883	981	59	76	863	962	287	195	2.16	5.71
K1	F	PP_1240	+	purC	phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase	1036	1070	73	69	1022	1008	210	139	1.53	4.10
K1	M	PP_1245	+		hypothetical protein	1524	1453	19	14	1265	1386	147	90	1.20	3.17

K1	-	PP_1249	+	hypothetical protein	1823	3432	13	32	1290	1113	146	96	1.62	5.34
K1	R	PP_1251	+	mno-2	287	324	38	37	404	588	162	167	1.38	6.27
K1	L	PP_1252	+	group II intron-encoding maturase	708	687	62	35	569	1126	531	279	3.05	9.53
K1	C	PP_1261	-	2-hydroxyacid dehydrogenase	230	259	24	30	326	312	125	113	0.97	3.80
K1	K	PP_1262	-	LysR family transcriptional regulator	281	279	54	80	324	301	154	158	1.27	3.96
K1	O	PP_1301	-	2-alkenal reductase	381	300	36	40	434	364	125	104	0.97	3.38
K1	E	PP_1303	+	sulfate adenyltransferase subunit 2	2687	3638	46	93	2249	2915	141	122	1.14	3.08
K1	K	PP_1313	-	AraC family transcriptional regulator	500	381	56	173	361	360	182	150	1.51	3.34
K1	J	PP_1315	+	50S ribosomal protein L13	3248	5350	197	396	2467	3230	1102	671	2.49	6.46
K1	J	PP_1316	+	30S ribosomal protein S9	3184	4439	174	279	2262	2623	622	350	1.84	4.94
K1	R	PP_1322	-	transport-associated protein	1219	1097	79	61	1268	1297	213	252	1.98	5.39
K1	G	PP_1323	-	phosphoheptose isomerase	1270	1097	60	91	1275	1218	227	209	1.83	5.16
K1	R	PP_1326	+	uroporphyrin-III C/tetrapyrrole methyltransferase	210	121	45	82	260	209	119	78	0.90	3.63
K1	M	PP_1334	+	phospho-N-acetylmutamoyl-pentapeptide- transferase	541	428	148	146	597	543	289	239	0.97	3.48
K1	U	PP_1345	+	preprotein translocase subunit SecA	1296	1308	55	116	1182	1201	192	140	1.59	3.60
K1	M	PP_1353	+	MscS mechanosensitive ion channel	712	510	20	47	829	853	148	107	1.21	4.86
K1	G	PP_1354	+	major facilitator transporter	371	320	23	18	430	397	181	171	1.50	5.25
K1	P	PP_1358	+	hypothetical protein	412	492	137	293	554	531	303	400	1.14	3.38
K1	O	PP_1360	+	co-chaperonin GroES	4208	6983	326	237	2940	3864	730	166	1.17	3.37
K1	O	PP_1361	+	chaperonin GroEL	3827	6194	311	225	2743	3526	632	242	1.02	3.35
K1	F	PP_1367	+	formyltetrahydrofolate deformylase	988	1099	42	71	1196	1125	170	142	1.41	4.16
K1	P	PP_1373	-	phosphate transporter	809	618	16	17	810	777	138	121	1.10	3.79
K1	M	PP_1384	-	RND efflux system, outer membrane lipoprotein, NodT family	1058	1069	34	43	1086	1302	274	181	2.10	6.30
K1	V	PP_1385	-	transporter, hydrophobe/amphiphile efflux-1 (HAE1)	1373	1572	49	31	1308	1662	388	267	2.60	7.41
K1	M	PP_1386	-	efflux transporter, RND family, MFP subunit	2089	2460	86	113	1906	2316	565	362	2.73	7.27
K1	G	PP_1389	+	carboxyphosphoenolpyruvate phosphonmutase, putative	594	446	10	36	621	364	163	126	1.35	3.74
K1	-	PP_1397	+	hypothetical protein	230	189	83	30	292	286	110	127	0.98	3.33
K1	R	PP_1423	-	hypothetical protein	589	390	26	99	491	503	152	121	1.25	3.48
K1	S	PP_1424	+	hypothetical protein	836	607	40	46	937	757	209	181	1.71	5.72
K1	M	PP_1431	+	GTP-binding protein LepA	983	873	53	86	1058	1037	287	217	2.16	6.26
K1	U	PP_1432	+	signal peptidase I	1005	850	71	60	958	1143	356	231	2.32	7.30
K1	K	PP_1433	+	ribonuclease III	657	588	112	164	636	731	242	211	1.11	3.18
K1	R	PP_1434	+	GTP-binding protein Era	721	667	150	240	813	890	315	356	1.08	3.73
K1	H	PP_1436	+	pyridoxine 5'-phosphate synthase	632	538	77	172	524	597	189	182	1.30	3.06
K1	F	PP_1457	+	phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2	452	340	44	52	520	427	146	128	1.19	4.25
K1	R	PP_1460	-	cytochrome c assembly protein	549	611	52	125	632	623	154	166	1.26	3.19
K1	U	PP_1461	+	signal recognition particle protein	907	717	47	33	889	879	143	95	1.15	3.45

K1	J	PP_1462	+	+	3513	4679	122	140	2449	3203	262	141	1.10	3.10
K1	J	PP_1463	+	rimP	30S ribosomal protein S16	3897	4993	78	108	2717	3338	382	201	2.30
K1	J	PP_1464	+	rimM	16S rRNA-processing protein RimM	3435	4427	91	76	2578	3136	341	114	1.91
K1	J	PP_1465	+	trmD	tRNA (guanine-N(1)-methyltransferase	3212	4686	281	141	2367	2961	595	304	1.11
K1	O	PP_1469	+	rplS	50S ribosomal protein L19	1163	1066	49	94	1104	985	181	132	1.50
K1	E	PP_1470	+	dsbC	thiol:disulfide interchange protein DsbC	1319	1231	43	68	1223	1305	203	151	1.67
K1	N	PP_1488	+	hom	homoserine dehydrogenase	415	346	55	171	491	430	147	161	1.20
K1	F	PP_1506	+	adk	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	2282	2614	62	111	1932	1943	325	214	2.34
K1	J	PP_1591	+	rpsB	adenylate kinase	3378	4256	116	149	2621	3147	563	352	2.28
K1	J	PP_1592	+	tsf	30S ribosomal protein S2	1998	2171	46	33	1684	1745	193	105	1.59
K1	F	PP_1593	+	pyrH	elongation factor Ts	2068	2021	74	100	1486	1607	181	169	1.30
K1	J	PP_1594	+	fir	uridylate kinase	2186	2318	150	117	1933	2001	385	324	1.47
K1	I	PP_1595	+	uppS	ribosome recycling factor	639	452	14	10	591	558	149	83	1.22
K1	I	PP_1596	+	cdsA	undecaprenyl diphosphate synthase	602	426	36	25	595	512	170	101	1.41
K1	I	PP_1597	+	dxr	phosphatidate cytidyltransferase	413	316	7	40	438	400	226	157	1.82
K1	M	PP_1598	+		1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	183	176	44	74	215	251	141	125	1.14
K1	M	PP_1599	+		membrane-associated zinc metalloprotease, putative	1274	1471	40	70	1392	1355	258	192	2.01
K1	M	PP_1600	+	ompH	surface antigen family outer membrane protein	2671	2984	147	224	2269	2445	493	394	1.74
K1	M	PP_1604	+	lpxB	outer membrane chaperone Skp (OmpH)	599	569	42	53	576	533	143	116	1.16
K1	I	PP_1607	+	accA	lipid-A-disaccharide synthase	1646	1403	59	68	1407	1325	177	167	1.47
K1	-	PP_1609	+		acetyl-CoA carboxylase	2733	3762	213	616	2022	3257	734	556	1.78
K1	F	PP_1610	+	pyrG	hypothetical protein	1612	1615	80	101	1502	1638	470	335	2.55
K1	M	PP_1611	+	kdsA-1	CTP synthetase	766	717	43	51	739	763	189	123	1.56
K1	G	PP_1612	+	eno	2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase	1441	1495	48	67	1342	1445	198	170	1.63
K1	I	PP_1614	+	ispD	phosphopyruvate hydratase	148	156	54	33	152	200	126	119	0.97
K1	I	PP_1618	+	ispF	2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate	685	501	54	83	628	710	130	97	1.02
K1	L	PP_1624	+		2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase	696	654	95	121	596	807	672	495	2.83
K1	L	PP_1626	-	mutS	group II intron-encoding maturase	636	543	61	78	673	678	132	154	1.04
K1	L	PP_1629	+	recA	DNA mismatch repair protein MutS	1249	1125	244	193	1177	1062	651	427	1.42
K1	R	PP_1630	+	recX	recombinase A	487	413	89	37	578	513	446	240	2.33
K1	S	PP_1634	+		recombination regulator RecX	308	226	36	22	346	292	206	154	1.69
K1	C	PP_1638	+	fpr	DTW domain containing protein	1117	1445	86	98	900	1103	206	189	1.26
K1	-	PP_1663	-	purN	oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding domain protein	699	551	48	115	799	806	267	180	2.06
K1	F	PP_1664	-		hypothetical protein	727	750	26	23	770	875	159	86	1.31
K1	L	PP_1668	+	cobO	phosphoribosylglycinamide formyltransferase	267	249	51	76	275	287	170	197	1.41
K1	H	PP_1672	+	cobB	DNA replication initiation factor	854	451	23	7	606	433	225	161	1.81
K1	H	PP_1673	+	flkB-2	cob(I)yrinic acid a,c-diamide adenosyltransferase	247	119	13	1	224	160	145	92	1.18
K1	O	PP_1714	+		cobyrinic acid a,c-diamide synthase	943	1197	142	275	1157	1256	350	331	1.30
K1	M	PP_1728	-		peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type	104	110	57	56	122	136	104	111	0.79
					hypothetical protein									3.02

K1	-	PP_1731	-	rluA	cell division topological specificity factor MinE	661	522	7	33	612	530	196	168	1.62	4.75
K1	D	PP_1732	-	minE	hypothetical protein	1232	1096	154	263	1371	1129	423	401	1.46	3.77
K1	R	PP_1758	+	mtnA	methylothioribose-1-phosphate isomerase	960	944	76	130	922	906	347	296	2.18	5.61
K1	J	PP_1766	+	gyrA	DNA gyrase subunit A	232	164	22	27	250	240	118	92	0.88	3.50
K1	L	PP_1767	+	serC	phosphoserine aminotransferase	1145	1008	47	60	1078	1081	251	183	1.97	5.65
K1	H	PP_1768	+	pheA	chorismate mutase	1202	1258	57	79	1204	1323	232	197	1.86	5.19
K1	E	PP_1769	+	rrsA	30S ribosomal protein S1	762	683	51	64	720	752	171	134	1.42	4.16
K1	J	PP_1772	+	xanA	phosphomannomutase	3414	5063	521	1099	2646	3235	1184	1073	1.18	3.16
K1	G	PP_1777	+		lipopolysaccharide ABC export system, ATP-binding protein	656	636	37	61	648	724	128	105	1.00	3.07
K1	G	PP_1779	+		glucose-1-phosphate thymidyltransferase	862	827	49	77	837	872	152	113	1.25	3.19
K1	M	PP_1783	-	rmlA	hypothetical protein	2455	2914	68	82	1989	2175	172	173	1.34	4.26
K1	-	PP_1794	-		hypothetical protein	1993	2371	49	97	1479	1684	285	153	2.15	5.58
K1	-	PP_1795	-		hypothetical protein	2179	2676	83	236	1619	1906	297	193	1.84	4.09
K1	F	PP_1815	+	pyrF	orotidine 5'-phosphate decarboxylase	408	265	25	43	426	325	145	156	1.28	4.29
K1	H	PP_1823	-	folE	GTP cyclohydrolase I	1711	1955	69	134	1511	1806	379	281	2.45	6.16
K1	S	PP_1824	-		Smr domain-containing protein	560	437	82	99	521	467	184	192	1.17	3.48
K1	-	PP_1854	-		hypothetical protein	141	80	67	59	151	157	95	109	0.98	3.86
K1	L	PP_1868	+		DEAD-box ATP dependent DNA helicase	1027	598	28	24	918	836	419	246	2.71	8.25
K1	E	PP_1872	-		aminotransferase AlaT	1456	1619	63	117	1341	1410	198	143	1.63	3.71
K1	O	PP_1874	+		glutathione peroxidase	469	334	118	176	489	443	199	275	0.76	3.05
K1	-	PP_1887	+		hypothetical protein	130	102	64	95	155	140	124	111	0.96	3.28
K1	U	PP_1898	+		MotA/TolQ/ExbB proton channel	532	368	51	74	538	459	230	194	1.84	5.73
K1	U	PP_1899	+		biopolymer transport protein ExbD/TolR	302	181	1	3	259	279	129	104	1.02	3.87
K1	M	PP_1900	+	lpxK	tetraacyldisaccharide 4'-kinase	235	135	8	36	235	242	99	91	0.84	3.45
K1	M	PP_1902	+	kdsB	3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase	470	383	55	112	490	400	180	114	1.49	3.19
K1	J	PP_1905	-	rne	ribonuclease, Rne/Rng family	2035	1720	36	30	1615	1693	229	205	1.84	5.70
K1	-	PP_1906	+	rluC	HAD superfamily hydrolase	327	312	43	54	326	307	161	105	1.33	3.38
K1	R	PP_1907	+		signal peptide peptidase SppA, 36K type	277	203	21	42	282	204	186	137	1.54	4.22
K1	O	PP_1908	+		hypothetical protein	343	281	45	39	323	331	223	165	1.80	5.40
K1	R	PP_1910	+		50S ribosomal protein L32	2609	3513	147	285	2129	2737	715	380	2.28	5.37
K1	J	PP_1911	+	rpmF	putative glycerol-3-phosphate acyltransferase PlsX	1880	1947	69	92	1632	1910	468	249	2.75	7.15
K1	I	PP_1912	+	plsX	malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase	331	225	11	11	305	414	263	147	2.04	6.95
K1	I	PP_1913	+	fabD	3-ketoacyl-(acyl-carrier-protein) reductase	1705	1382	113	238	1591	1598	683	536	2.60	6.75
K1	I	PP_1914	+	fabG	acyl carrier protein	1363	1204	72	106	1156	1170	322	257	2.15	5.82
K1	I	PP_1915	+	acpP	3-oxoacyl-(acyl carrier protein) synthase II	3023	4458	258	527	2631	3118	697	399	1.43	3.12
K1	I	PP_1916	+	fabF	4-amino-4-deoxychorismate lyase	882	731	49	43	903	887	314	203	2.29	6.85
K1	E	PP_1917	+	pabC	aminodeoxychorismate lyase	307	158	35	15	289	293	124	83	0.96	3.99
K1	R	PP_1918	+			471	348	74	139	467	447	224	218	1.59	4.55

K1	L	PP_1966	+	holB	DNA polymerase III subunit delta'	869	685	282	494	842	816	632	630	1.16	3.15
K1	L	PP_1967	+		TatD family deoxyribonuclease	904	769	249	453	862	878	646	650	1.38	3.62
K1	K	PP_1968	+		TetR family transcriptional regulator	608	538	30	105	619	665	392	298	2.61	7.38
K1	J	PP_1981	+		NifR3/Smm1 family protein	156	106	20	31	153	149	143	100	1.16	3.93
K1	O	PP_1982	+	ibpA	heat shock protein Hsp20	1469	1692	223	87	1174	1138	2068	285	3.21	8.63
K1	E	PP_1989	+	asd	aspartate-semialdehyde dehydrogenase	1665	1548	133	324	1629	1519	378	323	1.51	3.04
K1	I	PP_1996	+	accD	acetyl-CoA carboxylase subunit beta	737	533	18	30	665	573	139	101	1.12	3.12
K1	H	PP_1997	+	folC	FolC bifunctional protein	415	269	46	24	394	356	133	95	1.05	3.43
K1	S	PP_1998	+		sporulation domain protein	596	387	46	47	588	505	278	183	2.12	6.51
K1	F	PP_2000	+	purF	amidophosphoribosyltransferase	805	692	86	106	799	778	211	173	1.29	3.62
K1	E	PP_2001	+	metZ	O-succinylhomoserine sulphydrylase	554	482	56	53	604	587	240	194	1.91	6.11
K1	I	PP_2002	+		oxidoreductase	359	263	41	54	344	319	128	109	1.00	3.28
K1	G	PP_2012	+	ppnK	inorganic polyphosphate/ATP-NAD kinase	493	382	100	162	633	490	225	171	1.16	3.48
K1	R	PP_2032	-		ATPase, putative	383	305	31	63	508	463	108	93	0.76	3.66
K1	E	PP_2036	-		dihydrodipicolinate synthetase	105	142	39	63	173	230	169	121	1.40	5.85
K1	M	PP_2087	+	cmpX	TM helix repeat-containing protein	697	614	68	95	781	664	173	162	1.36	3.87
K1	K	PP_2088	+	sigX	RNA polymerase sigma factor SigX	1569	1332	98	122	1435	1341	373	292	1.93	5.24
K1	R	PP_2113	+		putative RNA 2'-O-ribose methyltransferase	203	134	27	43	240	202	105	93	0.71	3.38
K1	H	PP_2117	+	pdxB	erythronate-4-phosphate dehydrogenase	231	155	26	26	330	252	93	87	0.70	3.44
K1	R	PP_2131	+		ABC transporter ATP-binding protein	564	322	40	29	559	492	132	119	1.04	4.18
K1	-	PP_2133	+		hypothetical protein	176	92	28	38	210	126	120	84	0.90	3.36
K1	I	PP_2137	+	fadA	3-ketoacyl-CoA thiolase	519	482	63	79	574	573	131	128	1.03	3.40
K1	L	PP_2139	+	topA	DNA topoisomerase I	1143	879	60	152	1092	1048	295	240	2.21	5.54
K1	-	PP_2140	+		hypothetical protein	351	240	138	127	371	339	294	222	1.09	4.06
K1	-	PP_2141	+		hypothetical protein	518	453	115	187	567	485	311	216	1.43	3.40
K1	K	PP_2144	+		TetR family transcriptional regulator	323	263	17	29	312	231	141	129	1.14	3.40
K1	G	PP_2145	+	nagZ	beta-hexosaminidase	213	213	82	55	217	258	137	142	1.15	3.21
K1	V	PP_2155	+	lolD	lipoprotein releasing system, ATP-binding protein	406	249	27	27	420	398	108	109	0.77	3.69
K1	S	PP_2160	+	queF	7-cyano-7-deazaguanine reductase	129	113	27	56	184	145	123	97	0.94	3.71
K1	-	PP_2172	+		hypothetical protein	145	102	21	73	360	349	126	134	1.77	7.67
K1	-	PP_2224	+		hypothetical protein	757	460	25	1	632	549	250	219	1.97	6.23
K1	N	PP_2257	+	aer-1	aerotaxis receptor Aer-1	103	72	12	8	179	186	97	73	1.37	4.92
					bifunctional 5,10-methylene-tetrahydrofolate										
K1	H	PP_2265	-	folD-2	dehydrogenase/5,10-methylene-tetrahydrofolate	494	443	35	61	503	401	153	114	1.26	3.36
					cyclohydrolase										
K1	-	PP_2298	+		hypothetical protein	1139	896	19	5	880	900	247	115	1.95	5.11
K1	O	PP_2299	+	tig	trigger factor	2309	2544	43	143	1856	2127	532	260	3.06	7.33
K1	O	PP_2302	+	lon-2	ATP-dependent protease La	1494	1364	357	520	1195	1376	1035	504	1.54	3.35
K1	O	PP_2304	+		PpiC-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	777	750	28	37	845	1006	313	261	2.29	7.57
K1	-	PP_2314	+		hypothetical protein	1169	974	170	425	1151	1152	988	869	2.54	6.58

K1	-	PP_2319	+	hypothetical protein	194	165	7	14	260	269	304	203	2.25	7.99
K1	S	PP_2320	+	ErK/YbS/YcfS/YnhG family protein	922	782	134	318	1071	1023	336	399	1.33	3.98
K1	-	PP_2330	-	alpha-L-glutamate ligase-like protein	682	501	33	53	794	749	105	86	0.71	3.23
K1	H	PP_2341	-	6-pyruvoyl tetrahydrobiopterin synthase, putative	517	360	53	68	591	605	126	166	1.28	4.93
K1	S	PP_2346	+	hypothetical protein	409	300	154	180	420	408	312	344	1.02	3.89
K1	S	PP_2380	+	hypothetical protein	546	403	4	61	464	572	137	105	1.10	3.84
K1	-	PP_2386	-	hypothetical protein	260	173	84	109	370	220	153	151	0.87	3.41
K1	K	PP_2390	+	LysR family transcriptional regulator	154	152	73	74	223	178	217	118	1.57	4.81
K1	-	PP_2414	-	hypothetical protein	587	306	140	239	571	612	218	190	1.00	3.13
K1	O	PP_2439	+	ahpC alkyl hydroperoxide reductase, C subunit	194	387	70	53	315	340	172	86	1.29	3.47
K1	-	PP_2449	+	sporulation domain protein	277	297	1	30	339	465	226	148	1.82	6.44
K1	L	PP_2451	-	endA-1 deoxyribonuclease I	1025	639	121	77	955	1036	768	727	3.24	9.88
K1	-	PP_2452	-	hypothetical protein	2103	2548	863	484	1964	2008	1547	1527	1.66	3.64
K1	-	PP_2461	-	hypothetical protein	443	273	54	49	461	383	223	185	1.80	6.17
K1	-	PP_2462	+	hypothetical protein	132	165	102	102	226	230	150	156	0.77	3.46
K1	J	PP_2465	+	thrS threonyl-tRNA synthetase	1637	1791	45	78	1379	1741	186	130	1.54	4.06
K1	J	PP_2468	+	rpIT 50S ribosomal protein L20	2702	3953	170	337	2247	2592	835	330	2.30	5.09
K1	J	PP_2469	+	pheS phenylalanyl-tRNA synthetase subunit alpha	1478	1318	21	46	1256	1428	164	122	1.36	3.96
K1	J	PP_2470	+	pheT phenylalanyl-tRNA synthetase subunit beta	1127	868	45	49	1151	1145	140	134	1.13	4.16
K1	O	PP_2474	-	glutathione S-transferase family protein	625	666	31	49	520	729	486	55	2.93	6.20
K1	C	PP_2486	-	Oye family NADH-dependent flavin oxidoreductase	450	374	78	87	414	487	274	93	1.82	4.43
K1	C	PP_2487	-	aldehyde dehydrogenase family protein	328	256	90	119	297	330	227	109	1.33	3.23
K1	-	PP_2522	+	ISPpu8, transposase	450	311	77	172	356	404	304	174	1.99	4.72
K1	-	PP_2538	+	hypothetical protein	282	242	41	57	307	312	137	95	1.10	3.62
K1	-	PP_2629	+	hypothetical protein	660	506	119	190	833	685	506	295	2.09	6.03
K1	E	PP_2639	+	dihydropicolinate synthase	196	197	20	13	187	166	178	146	1.48	4.28
K1	R	PP_2737	-	oxidoreductase	113	115	42	75	142	244	197	80	1.62	5.84
K1	-	PP_2838	+	VRR-NUC domain protein	216	135	19	30	211	208	147	109	1.20	4.38
K1	K	PP_2839	+	DEAD_2 domain protein	139	87	18	19	135	116	123	94	0.94	3.26
K1	H	PP_2859	-	hypothetical protein	147	84	15	21	157	164	82	79	0.96	3.04
K1	R	PP_2872	+	hypothetical protein	267	408	65	49	329	565	200	126	1.62	5.46
K1	S	PP_2873	+	hypothetical protein	173	243	36	41	213	353	155	135	1.27	5.01
K1	J	PP_2905	+	cysS cysteinyl-tRNA synthetase	727	609	64	77	767	763	149	121	1.22	3.81
K1	H	PP_2916	-	riboflavin synthase subunit alpha	411	312	29	79	566	477	95	95	0.61	3.09
K1	R	PP_2936	-	ABC transporter ATP-binding protein	669	426	23	19	583	641	123	118	0.95	3.86
K1	-	PP_2937	-	integrase, putative	975	720	40	85	751	1110	200	162	1.64	5.37
K1	S	PP_2939	-	hypothetical protein	524	635	80	182	617	549	265	238	1.72	3.90
K1	D	PP_2940	-	hypothetical protein	758	665	125	288	643	679	416	311	1.74	3.83
K1	R	PP_2968	-	hypothetical protein	138	236	20	57	192	272	138	88	1.11	3.56

K1	-	PP_2970	+	hypothetical protein	497	650	6	76	515	919	160	110	1.32	4.22
K1	-	PP_3039	+	hypothetical protein	264	184	36	41	268	272	126	82	0.98	3.45
K1	E	PP_3080	-	aroF-2 phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase	1336	1017	71	72	1074	856	169	137	1.26	3.85
K1	S	PP_3088	-	hypothetical protein	184	174	19	15	245	314	173	20	1.43	4.98
K1	S	PP_3097	-	hypothetical protein	205	228	27	35	324	432	87	84	0.92	3.80
K1	S	PP_3098	-	hypothetical protein	139	131	20	14	227	307	93	54	1.23	4.23
K1	S	PP_3099	-	hypothetical protein	386	364	46	56	570	784	200	206	1.69	7.75
K1	S	PP_3100	-	hypothetical protein	608	770	106	113	980	1354	329	370	1.71	7.31
K1	S	PP_3106	+	hypothetical protein	1005	834	53	83	936	1073	145	177	1.18	4.12
K1	-	PP_3111	+	hypothetical protein	333	194	102	55	325	383	161	150	1.23	4.47
K1	L	PP_3114	+	ISPpu13, transposase Orf2	358	303	56	82	437	359	136	110	1.08	3.38
K1	K	PP_3116	+	lexA-2 LexA repressor	387	232	201	198	450	375	291	322	0.71	3.38
K1	-	PP_3154	+	hypothetical protein	621	669	83	107	457	571	218	78	1.40	3.07
K1	L	PP_3172	-	group II intron-encoding maturase	367	431	1	14	449	633	684	370	3.42	10.77
K1	F	PP_3189	+	codA N-isopropylammelide isopropylaminohydrolase	171	152	102	76	197	196	191	135	0.90	3.57
K1	K	PP_3286	+	phaN PaaX family transcriptional regulator	347	345	68	101	415	411	139	115	1.03	3.01
K1	F	PP_3363	-	hypothetical protein	80	83	20	33	133	145	91	69	0.79	3.45
K1	E	PP_3365	-	acetolactate synthase	1752	1429	47	60	1106	1230	219	203	1.77	5.92
K1	-	PP_3408	+	hypothetical protein	1211	698	50	102	763	459	173	138	1.44	4.34
K1	S	PP_3411	+	hypothetical protein	571	609	208	277	692	521	687	227	1.72	3.32
K1	T	PP_3453	-	integral membrane sensor signal transduction histidine kinase	837	743	62	72	947	965	309	259	2.27	7.32
K1	T	PP_3454	-	winged helix domain two component transcriptional regulator	1700	1776	68	193	1522	1675	496	299	2.87	6.54
K1	M	PP_3455	+	efflux transporter, RND family, MFP subunit	2554	2819	323	579	2344	2827	1205	1079	1.90	4.82
K1	V	PP_3456	+	transporter, hydrophobe/amphiphile efflux-1 (HAE1) family	1640	1598	157	170	1643	1886	601	548	1.93	6.04
K1	H	PP_3457	+	molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA	449	301	66	100	512	507	280	260	2.09	7.25
K1	L	PP_3498	+	ISPpu11, transposase	289	250	105	94	264	323	255	173	1.28	4.12
K1	R	PP_3508	-	cobalamin biosynthesis protein CobW	1489	828	26	35	1082	870	169	141	1.40	4.43
K1	-	PP_3524	-	hypothetical protein	127	105	58	72	170	155	132	115	1.04	4.32
K1	P	PP_3555	+	anti-FecI sigma factor, FecR	367	293	168	208	567	943	217	215	1.69	4.79
K1	-	PP_3626	-	hypothetical protein	382	236	96	107	464	452	208	168	1.11	5.02
K1	-	PP_3634	+	acetyltransferase	199	163	61	90	261	238	112	90	0.81	3.10
K1	I	PP_3664	-	pssA phosphatidylserine synthase	334	315	71	107	547	428	162	134	1.19	4.30
K1	E	PP_3766	+	gloA lactoylglutathione lyase	1673	1840	56	112	1428	1587	181	96	1.50	3.12
K1	L	PP_3820	-	group II intron-encoding maturase	1052	795	94	140	1003	1228	1545	867	4.04	11.90
K1	L	PP_3868	-	group II intron-encoding maturase	610	571	139	132	617	942	979	603	2.81	9.28
K1	H	PP_3927	-	methyltransferase type 12	1213	1242	174	271	1775	2100	639	349	1.87	6.18
K1	P	PP_3958	+	sodium-proton antiporter, NhaA family	159	169	41	64	199	277	192	159	1.58	6.22

K1	-	PP_3963	+	hypothetical protein	997	738	450	518	1240	895	795	741	0.82	3.03
K1	L	PP_3985	-	ISPpu13, transposase Orf2	332	304	61	74	404	339	135	104	1.07	3.24
K1	D	PP_4001	-	creB	642	758	61	76	569	568	148	141	1.21	3.68
K1	L	PP_4002	-	recombination factor protein CrcB	406	395	65	51	482	468	209	187	1.68	5.65
K1	M	PP_4003	-	outer-membrane lipoprotein carrier protein	1032	956	88	69	878	928	250	241	1.80	5.06
K1	D	PP_4004	-	ftsK	554	548	101	114	543	550	279	272	1.46	4.20
K1	C	PP_4012	+	isocitrate dehydrogenase, NADP-dependent	3003	3322	58	61	2313	2809	222	179	1.80	5.51
K1	L	PP_4019	+	DNA topoisomerase III	329	201	33	50	316	236	127	113	0.98	3.21
K1	G	PP_4055	+	glycogen debranching protein GlgX	282	171	115	112	355	285	208	188	0.85	4.27
K1	K	PP_4068	-	Cro/CI family transcriptional regulator	307	258	64	81	331	526	425	298	2.72	9.48
K1	L	PP_4091	-	ISPpu15, transposase Orf2	468	491	178	141	544	585	388	247	1.12	3.78
K1	C	PP_4127	+	NADH dehydrogenase subunit J	868	660	71	50	656	749	160	87	1.17	3.31
K1	C	PP_4130	+	NADH dehydrogenase subunit M	788	662	45	41	663	703	167	74	1.39	3.27
K1	L	PP_4141	-	DNA polymerase III subunit epsilon	530	458	62	107	530	483	171	139	1.42	3.36
K1	T	PP_4157	-	hypothetical protein	217	184	36	71	300	230	106	136	0.94	3.50
K1	-	PP_4166	-	hypothetical protein	219	184	88	115	285	312	232	200	1.39	5.49
K1	O	PP_4179	-	heat shock protein 90	2359	3120	82	74	1799	2144	264	85	1.68	4.21
K1	E	PP_4184	-	braZ	650	469	21	21	474	516	149	120	1.22	3.87
K1	C	PP_4185	-	sucD	3373	3660	103	110	2413	2848	296	187	1.52	4.44
K1	C	PP_4186	-	sucC	3214	3979	72	94	2361	2644	191	111	1.41	3.85
K1	C	PP_4190	-	sdhB	2418	2889	53	89	1865	2224	152	94	1.25	3.13
K1	C	PP_4192	-	succinate dehydrogenase, hydrophobic membrane anchor protein	3228	4175	41	100	2330	2830	144	118	1.17	3.41
K1	C	PP_4193	-	succinate dehydrogenase, cytochrome b556 subunit	3609	4934	67	159	2433	3145	224	128	1.74	4.18
K1	C	PP_4194	+	type II citrate synthase	2691	3365	153	170	2189	2561	806	249	2.40	5.75
K1	-	PP_4195	-	hypothetical protein	539	554	129	75	519	456	295	134	1.20	3.38
K1	C	PP_4201	-	electron transfer flavoprotein, alpha subunit	1538	1734	55	61	1349	1360	150	104	1.23	3.51
K1	C	PP_4202	-	electron transfer flavoprotein, beta subunit	2892	4105	184	321	2257	2644	419	290	1.18	3.05
K1	C	PP_4203	+	electron-transferring-flavoprotein dehydrogenase	1323	1591	41	83	1148	1393	164	133	1.36	3.65
K1	P	PP_4262	+	cytochrome oxidase maturation protein, cbb3-type	353	289	107	38	320	327	163	182	1.51	3.06
K1	F	PP_4266	+	adenine phosphoribosyltransferase	380	303	54	87	357	303	165	135	1.37	3.46
K1	L	PP_4269	-	DNA polymerase III subunits gamma and tau	434	391	43	47	456	401	153	100	1.25	3.30
K1	L	PP_4274	-	ligA	414	345	36	27	414	389	152	137	1.25	3.95
K1	R	PP_4306	-	hypothetical protein	186	152	18	25	205	202	121	101	0.92	3.46
K1	-	PP_4312	-	hypothetical protein	179	128	8	10	146	179	129	125	1.01	3.87
K1	O	PP_4313	-	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FkbP-type	457	547	28	25	502	659	129	90	1.01	3.18
K1	-	PP_4318	+	ISPpu8, transposase	705	671	145	188	652	735	424	337	1.55	4.20
K1	O	PP_4321	-	periplasmic protein unio--usupine oxidoreductase	490	434	70	95	381	359	164	120	1.23	3.26
K1	O	PP_4322	-	ccmF	285	201	49	54	232	216	136	132	1.08	3.56

K1	O	PP_4323	-	ccmE	cytochrome c-type biogenesis protein CcmE	406	349	93	77	355	370	291	294	1.94	5.48
K1	U	PP_4324	-	ccmD	cytochrome c-type biogenesis protein CcmD	277	310	53	37	265	260	168	90	1.39	3.42
K1	O	PP_4326	-	ccmB	heme exporter protein CcmB	222	180	67	46	217	251	200	134	1.58	5.16
K1	O	PP_4327	-	ccmA	cytochrome c biogenesis protein CcmA	138	118	24	35	116	141	122	100	0.94	3.02
K1	N	PP_4338	-	cheA	CheA signal transduction histidine kinase	428	609	194	139	483	586	348	333	1.26	3.05
K1	L	PP_4439	+		ISPpu14, transposase Orf3	170	192	55	56	224	220	159	116	1.32	4.27
K1	L	PP_4443	+		ISPpu14, transposase Orf3	189	166	55	56	208	249	203	133	1.66	5.69
K1	P	PP_4471	-	mgfE	magnesium transporter	277	249	38	30	304	363	423	288	2.72	8.84
K1	E	PP_4473	-		aspartate kinase	2002	2573	80	102	1665	1745	186	162	1.21	3.71
K1	K	PP_4482	-		AraC family transcriptional regulator	345	362	89	78	435	456	227	216	1.47	5.17
K1	L	PP_4532	-		DEAD-box ATP dependent DNA helicase	593	532	67	82	634	605	171	184	1.35	4.34
K1	I	PP_4552	+	phaJ1	MaoC domain protein dehydratase	955	1050	68	117	906	875	261	217	1.94	4.90
K1	-	PP_4580	-		hypothetical protein	200	146	35	64	164	178	142	92	1.15	3.39
K1	R	PP_4581	-		hypothetical protein	418	303	121	161	410	419	256	236	1.08	3.63
K1	S	PP_4587	-		hypothetical protein	999	571	24	14	745	783	240	205	1.91	6.39
K1	S	PP_4616	+		YebG family protein	1571	1254	496	553	1484	1449	1254	1111	1.34	4.06
K1	K	PP_4629	+		sensory box protein	556	561	153	211	715	520	340	371	1.15	3.33
K1	L	PP_4673	-	recB	exodeoxyribonuclease V, beta subunit	169	131	41	59	184	177	133	107	1.06	3.86
K1	L	PP_4674	-	recC	exodeoxyribonuclease V, gamma subunit	209	174	77	68	220	211	169	141	1.14	3.95
K1	E	PP_4678	-	ilvC	ketol-acid reductoisomerase	2965	4225	109	123	2476	2793	249	167	1.19	3.48
K1	E	PP_4679	-	ilvH	acetolactate synthase 3 regulatory subunit	2448	3272	26	68	1897	2281	203	93	1.67	4.39
K1	E	PP_4680	-	ilvB	acetolactate synthase 3 catalytic subunit	1692	1959	28	42	1452	1413	149	99	1.22	3.55
K1	J	PP_4697	+	pcnB	poly(A) polymerase	984	781	76	137	920	869	268	244	1.83	4.78
K1	H	PP_4698	+	folK-2	2-amino-4-hydroxy-6- hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase	257	238	13	40	323	257	149	112	1.22	3.80
K1	R	PP_4707	-		transport-associated protein	214	164	84	56	239	210	272	133	1.70	5.33
K1	J	PP_4708	-	pnp	polynucleotide phosphorylase/polyadenylase	1741	2155	118	147	1587	1915	460	321	1.97	5.22
K1	J	PP_4709	-	rpsO	30S ribosomal protein S15	4075	5726	759	741	3326	3920	2529	1075	1.74	4.56
K1	-	PP_4710	-	truB		1251	1228	91	75	1158	1146	638	428	2.81	8.24
K1	J	PP_4711	-	rbfA	ribosome-binding factor A	1197	1088	80	31	1014	1072	530	463	2.85	8.54
K1	J	PP_4712	-	infB	translation initiation factor IF-2	2152	1973	77	40	1756	1893	1057	603	3.79	11.10
K1	K	PP_4713	-	nusA	transcription elongation factor NusA	2312	2659	69	45	1914	2261	872	421	3.66	10.34
K1	S	PP_4714	-		hypothetical protein	1567	1532	48	41	1304	1522	335	173	2.39	6.47
K1	G	PP_4715	-	tpiA	triosephosphate isomerase	1336	1346	46	72	1189	1323	400	206	2.65	6.98
K1	J	PP_4719	-	rrmJ	ribosomal RNA methyltransferase RrmJ/FtsJ	885	688	40	115	749	740	219	154	1.78	4.28
K1	K	PP_4722	-	greA	transcription elongation factor GreA	1245	1295	53	45	1092	1076	153	105	1.25	3.51
K1	E	PP_4723	-	carB	carbamoyl phosphate synthase large subunit	1698	1726	54	75	1323	1454	136	117	1.09	3.28
K1	E	PP_4725	-	dapB	dihydrodipicolinate reductase	1406	1566	37	23	984	1148	189	57	1.56	3.83
K1	O	PP_4726	-	dnaJ	chaperone protein DnaJ	1549	1792	24	25	1177	1305	148	47	1.21	3.06

K1	O	PP_4727	-	dnaK	molecular chaperone DnaK	2901	4287	154	97	2121	2621	870	151	2.50	6.40
K1	O	PP_4728	-	grpE	heat shock protein GrpE	2430	2936	102	78	1697	1945	361	79	1.82	4.48
K1	C	PP_4737	+		D-lactate dehydrogenase (cytochrome)	152	161	68	78	169	153	194	89	1.51	3.27
K1	-	PP_4739	+		hypothetical protein	498	484	92	29	504	521	203	131	1.15	3.55
K1	L	PP_4766	-		DEAD-box ATP dependent DNA helicase	428	380	29	22	456	505	121	113	0.92	3.57
K1	G	PP_4767	-		hypothetical protein	239	461	72	46	320	478	163	111	1.19	3.70
K1	-	PP_4778	-			290	196	91	129	255	276	190	147	1.06	3.21
K1	-	PP_4791	+		ISpu9, transposase	129	126	45	54	149	144	121	110	0.92	3.23
K1	J	PP_4794	+	leuS	leucyl-tRNA synthetase	1518	1559	74	84	1339	1421	189	184	1.35	4.03
K1	M	PP_4795	+		rare lipoprotein B	1915	1924	70	89	1705	1826	223	304	1.77	5.30
K1	M	PP_4803	-	dacA	Serine-type D-Ala-D-Ala carboxypeptidase	1846	1824	96	144	1576	1702	261	216	1.45	3.72
K1	M	PP_4804	-		rare lipoprotein A family	800	739	64	100	851	805	215	189	1.75	4.74
K1	M	PP_4807	-	mrdA-2	penicillin-binding protein 2	315	259	21	22	371	386	187	137	1.55	5.58
K1	S	PP_4808	-		rRNA large subunit methyltransferase	783	524	27	44	759	602	177	130	1.47	4.32
K1	S	PP_4809	-		iojap-like protein	2426	2187	127	205	2006	2228	376	305	1.56	3.99
K1	H	PP_4810	-	nadD	nicotinic acid mononucleotide adenyllyltransferase	1004	952	17	53	1000	1045	157	87	1.29	3.28
K1	E	PP_4811	-	proA	gamma-glutamyl phosphate reductase	954	1025	78	198	1195	1119	312	231	2.01	4.81
K1	K	PP_4821	+	fis	DNA-binding protein Fis	1656	1517	106	177	1221	1088	398	256	1.91	4.99
K1	-	PP_4861	+		hypothetical protein	218	250	12	37	302	411	175	81	1.45	5.15
K1	C	PP_4872	-		hypothetical protein	437	338	13	21	465	398	134	88	1.06	3.14
K1	L	PP_4873	-	dnaB	replicative DNA helicase	782	650	25	48	742	709	215	141	1.75	4.86
K1	J	PP_4874	-	rplI	50S ribosomal protein L9	1903	1848	44	47	1462	1796	442	219	2.79	7.73
K1	-	PP_4875	-		hypothetical protein	2283	2530	67	39	1675	1755	444	217	2.72	7.82
K1	J	PP_4876	-	rpsR	30S ribosomal protein S18	2614	3869	118	117	2012	2401	293	154	1.31	3.87
K1	J	PP_4877	-	rpsF	30S ribosomal protein S6	3412	4542	157	157	2619	2931	438	160	1.48	3.76
K1	P	PP_4881	+		iron ABC transporter, periplasmic iron-binding protein, putative	641	1067	123	117	1073	974	485	498	2.10	6.58
K1	P	PP_4882	+		binding-protein-dependent transport systems inner membrane component	143	193	20	32	279	205	167	150	1.39	5.15
K1	F	PP_4889	-	purA	adenylosuccinate synthetase	1480	1655	38	34	1468	1386	272	156	2.09	5.53
K1	E	PP_4890	-	hisZ	ATP phosphoribosyltransferase regulatory subunit	782	570	9	18	658	755	173	121	1.44	4.54
K1	O	PP_4891	-	hflC	HflC protein	1625	2019	238	214	1540	1623	558	404	1.23	3.58
K1	M	PP_4897	-		N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase	523	467	122	171	518	577	242	241	0.99	3.07
K1	S	PP_4901	-		hypothetical protein	154	157	43	38	188	180	118	102	0.89	3.13
K1	N	PP_4904	-	motB	flagellar motor protein MotB	316	327	71	35	311	369	278	170	1.97	5.69
K1	N	PP_4905	-		flagellar motor protein MotA	443	463	103	45	456	453	366	207	1.83	5.36
K1	E	PP_4909	-	serB	phosphoserine phosphatase SerB	345	343	38	52	478	418	169	118	1.40	4.73
K1	R	PP_4910	+		hypothetical protein	530	362	41	68	510	443	141	104	1.14	3.43
K1	S	PP_4911	-		hypothetical protein	1057	899	143	165	918	1024	365	248	1.35	3.67
K1	-	PP_4914	-		hypothetical protein	267	229	26	16	289	259	162	116	1.34	4.02

K1	L	PP_4915	-	parE	DNA topoisomerase IV subunit B	462	450	22	70	557	469	181	120	1.50	4.18
K1	H	PP_4922	-	thiC	thiamine biosynthesis protein ThiC	1139	1315	36	34	421	1818	404	125	2.66	7.96
K1	V	PP_4935	-		lipid ABC transporter ATPase/inner membrane protein	545	482	97	211	643	614	234	239	1.27	3.65
K1	-	PP_4941	-		LmbE family protein	421	366	30	11	490	436	154	103	1.26	3.93
K1	G	PP_4964	-	epd	D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase	1305	1270	60	47	1189	1330	144	129	1.17	3.53
K1	G	PP_4965	-	tktA	transketolase	1574	1517	43	144	1491	1611	232	168	1.86	4.11
K1	-	PP_4976	+	ahcY		2099	2772	71	121	1682	1898	228	163	1.69	4.40
K1	L	PP_4980	+		DEAD-box ATP dependent DNA helicase	1345	1195	68	97	1253	1186	168	157	1.30	3.40
K1	N	PP_4989	-	pilJ	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	179	161	49	40	201	214	115	109	0.85	3.47
K1	F	PP_4997	+	pyrR	bifunctional pyrimidine regulatory protein PyrR uracil phosphoribosyltransferase	534	346	84	60	483	526	145	164	1.36	4.04
K1	O	PP_5000	+	hslV	ATP-dependent protease peptidase subunit	1856	1768	47	40	1272	1548	481	112	2.91	7.20
K1	O	PP_5001	+	hslU	ATP-dependent protease ATP-binding subunit HslU	1580	1669	51	37	1346	1457	370	70	2.53	5.45
K1	-	PP_5010	-		hypothetical protein	123	164	35	43	171	199	144	82	1.17	3.72
K1	E	PP_5024	-		amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein	1703	1824	55	81	1431	1556	178	105	1.48	3.65
K1	M	PP_5025	-	mdoH	glucosyltransferase MdoH	519	483	43	39	628	634	142	111	1.15	4.14
K1	P	PP_5026	-	mdoG	glucan biosynthesis protein G	1305	1126	38	48	1293	1312	180	154	1.50	4.68
K1	M	PP_5037	-		outer membrane lipoprotein Blc, putative	106	100	23	13	176	250	111	80	1.31	5.28
K1	-	PP_5038	-		hypothetical protein	101	152	17	36	218	311	141	92	1.14	5.97
K1	S	PP_5039	-		hypothetical protein	288	357	40	57	515	300	136	136	1.09	3.81
K1	T	PP_5044	-		GTP-binding protein TypA	1824	1518	21	32	1802	1550	186	133	1.54	4.19
K1	H	PP_5045	-	thiI	thiamine biosynthesis protein ThiI	1164	745	19	24	971	907	155	100	1.27	3.75
K1	T	PP_5047	+	ntrB	signal transduction histidine kinase, nitrogen specific, NtrB	320	165	72	79	275	214	177	107	1.29	3.72
K1	E	PP_5075	-	gltD	glutamate synthase subunit beta	1246	1140	41	33	902	975	160	96	1.32	3.75
K1	E	PP_5076	-	gltB	glutamate synthase subunit alpha	1350	1234	71	59	1082	1153	172	119	1.28	3.78
K1	U	PP_5077	-		sporulation domain protein	601	590	83	74	602	653	178	135	1.10	3.37
K1	E	PP_5078	-	aroB	3-dehydroquinate synthase	752	660	66	56	761	708	185	118	1.48	4.06
K1	J	PP_5087	-	rpmE	50S ribosomal protein L31	1262	1707	5	69	1070	1233	171	70	1.42	3.34
K1	J	PP_5089	+	argS	arginyl-tRNA synthetase	983	986	86	132	1092	1114	226	185	1.40	3.78
K1	D	PP_5090	+		sporulation domain protein	870	762	84	56	837	805	170	162	1.34	3.54
K1	H	PP_5104	-	thiG	thiazole synthase	935	870	43	85	882	853	146	133	1.19	3.12
K1	K	PP_5108	-	rpoH	RNA polymerase factor sigma-32	1006	1172	259	525	1055	1130	672	646	1.37	3.06
K1	U	PP_5111	-	ftsY	signal recognition particle-docking protein FtsY	546	467	18	44	603	522	153	110	1.26	3.77
K1	R	PP_5117	+		alpha/beta fold family hydrolase	127	109	78	77	149	154	130	97	0.74	3.03
K1	-	PP_5124	+		ferredoxin, 4Fe-4S	912	642	80	39	816	625	185	179	1.48	4.05
K1	S	PP_5151	-		SdiA-regulated domain protein	148	121	67	54	126	150	133	97	0.98	3.15
K1	E	PP_5177	-	potI	ornithine carbamoyltransferase	294	329	57	66	361	301	295	71	2.21	4.66
K1	E	PP_5178	-	potH	binding-protein-dependent transport systems inner membrane component	605	521	73	101	606	632	381	94	2.39	5.23

K1	E	PP_5179	-	potG	spermidine/putrescine ABC transporter ATPase	769	740	136	161	657	642	539	129	1.99	4.01
K1	E	PP_5180	-	potF-1	putrescine ABC transporter, periplasmic putrescine-binding protein	659	636	126	201	604	720	492	117	1.96	3.93
K1	H	PP_5197	-	ubiF	2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase	222	225	42	43	298	300	158	109	1.30	4.63
K1	H	PP_5199	-	ubiH	2-octaprenyl-6-methoxyphenyl hydroxylase	282	274	57	42	366	346	155	141	1.28	4.75
K1	E	PP_5200	-	pepP	peptidase M24	480	420	45	81	506	506	143	125	1.15	3.56
K1	S	PP_5201	-		hypothetical protein	872	948	131	167	958	1031	295	296	1.17	3.54
K1	H	PP_5203	+		5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase	350	202	73	94	316	339	220	120	1.58	4.91
K1	N	PP_5209	-		magadii usui body-associated protein FHL-like protein	283	338	63	66	293	319	204	157	1.67	4.59
K1	H	PP_5212	-		CDP-6-deoxy-delta-3,4-glucose reductase	180	200	56	78	186	183	150	173	1.23	3.61
K1	H	PP_5213	-		UbiD family decarboxylase	638	553	16	38	657	618	319	242	2.32	6.91
K1	K	PP_5214	-	rho	transcription termination factor Rho	1808	1823	52	90	1328	1545	649	444	3.34	9.47
K1	K	PP_5223	-	mk	nucleoside diphosphate kinase regulator	866	1217	54	50	805	986	270	163	2.08	5.69
K1	J	PP_5281	-	rpmG	50S ribosomal protein L33	2689	2711	213	170	1923	1544	487	243	1.19	4.04
K1	J	PP_5282	-	rpmB	50S ribosomal protein L28	3794	5893	205	329	2674	3476	500	225	1.28	3.42
K1	G	PP_5288	+		phosphomannomutase	819	651	60	95	786	779	185	168	1.53	4.36
K1	E	PP_5289	+	argB	acetylglutamate kinase	781	685	25	68	783	715	160	117	1.32	3.54
K1	J	PP_5294	-	rph	ribonuclease PH	562	414	145	206	671	545	277	279	0.93	3.35
K1	S	PP_5295	+		hypothetical protein	760	547	55	113	718	642	186	159	1.54	3.99
K1	F	PP_5296	+	gmk	guanylate kinase	441	340	18	28	463	497	125	110	0.97	3.88
K1	-	PP_5312	-		hypothetical protein	323	220	7	11	314	392	124	74	0.96	3.75
K1	C	PP_5314	-	rubB	FAD-dependent pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase	334	279	51	71	384	342	140	86	1.13	3.32
K1	G	PP_5332	+		aldose 1-epimerase	378	294	231	218	570	557	399	370	0.92	4.78
K1	F	PP_5335	-	purK	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit	828	790	42	26	894	818	205	190	1.68	5.13
K1	F	PP_5336	-	purE	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase, catalytic subunit	1825	1732	50	97	1768	1659	506	447	2.98	8.22
K1	E	PP_5338	+	aspA	aspartate ammonia-lyase	2112	1933	46	48	2029	1543	316	252	2.30	6.72
K1	L	PP_5352	+	uvrD	DNA-dependent helicase II	749	646	121	104	764	678	285	233	1.24	3.81
K1	L	PP_5396	-		ISPu14, transposase Orf3	159	190	24	41	181	215	165	104	1.36	3.97
K1	C	PP_5412	-	atpC	F0F1 ATP synthase subunit epsilon	2659	3623	74	66	1909	2443	381	148	2.36	6.58
K1	C	PP_5413	-	atpD	F0F1 ATP synthase subunit beta	2854	4305	127	112	2166	2589	461	242	1.86	5.64
K1	C	PP_5414	-	atpG	F0F1 ATP synthase subunit gamma	3775	5787	124	128	2610	3368	572	267	2.20	6.41
K1	C	PP_5415	-	atpA	F0F1 ATP synthase subunit alpha	3436	4890	104	93	2480	3103	497	256	2.25	6.73
K1	C	PP_5416	-	atpH	F0F1 ATP synthase subunit delta	3379	5167	143	160	2459	3210	474	279	1.73	5.12
K1	C	PP_5417	-	atpF	F0F1 ATP synthase subunit B	3952	5911	97	131	2742	3578	752	392	2.95	8.30
K1	C	PP_5418	-	atpE	F0F1 ATP synthase subunit C	2857	4622	82	112	2231	2905	257	123	1.66	4.18
K1	C	PP_5419	-	atpB	F0F1 ATP synthase subunit A	1780	2705	40	36	1545	1786	294	122	2.20	5.80

K1	C	PP_5420	-	apI	F0F1 ATP synthase subunit I	1765	2449	56	146	1591	1609	250	167	1.96	4.56
K2	-	PP_0039	+		hypothetical protein	117	115	79	140	146	240	415	293	2.40	8.32
K2	T	PP_0131	+		EAL domain containing protein	83	106	48	68	117	145	182	155	1.51	5.58
K2	T	PP_0216	-		diguanylate cyclase with PAS/PAC sensor	66	63	58	67	124	130	140	232	1.79	7.01
K2	S	PP_0275	+		hypothetical protein	57	65	37	11	87	139	171	115	1.42	6.31
K2	O	PP_0333	+		hypothetical protein	124	165	85	86	234	238	217	212	1.36	5.98
K2	O	PP_0434	-	anmK	anhydro-N-acetylmutamic acid kinase	140	122	67	85	176	169	131	171	1.01	4.21
K2	-	PP_0748	+		hypothetical protein	90	92	23	33	137	139	159	131	1.31	5.44
K2	S	PP_0760	-		hypothetical protein	88	90	39	29	142	273	429	262	2.75	11.41
K2	G	PP_0793	+	fruB	phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase	91	66	40	65	127	159	193	161	1.59	7.51
K2	S	PP_0821	+		hypothetical protein	97	76	58	69	113	105	121	101	0.92	3.53
K2	-	PP_0904	+		lipopolysaccharide kinase	97	81	70	25	111	100	163	89	1.22	3.73
K2	-	PP_1267	-		hypothetical protein	377	450	178	248	423	533	570	565	1.68	5.21
K2	M	PP_1329	+	mraW	S-adenosyl-methyltransferase MraW	522	379	258	272	540	447	547	488	1.08	3.52
K2	D	PP_1330	+	ftsL	cell division protein FtsL	373	414	179	182	514	453	580	546	1.70	5.71
K2	M	PP_1331	+	ftsI	peptidoglycan glycosyltransferase	374	275	194	117	401	348	384	373	1.67	4.42
K2	-	PP_1357	+		hypothetical protein	113	106	20	22	220	255	231	147	1.85	8.40
K2	R	PP_1392	+		NAD-dependent epimerase/dehydratase	122	122	50	27	119	133	192	124	1.58	4.34
K2	K	PP_1427	+	algU	RNA polymerase sigma factor AlgU	1167	1578	668	796	1640	1819	1831	1834	1.45	5.01
K2	S	PP_1509	+		hypothetical protein	88	93	80	87	124	141	192	169	1.26	5.21
K2	-	PP_1691	-		hypothetical protein	716	395	93	40	659	1098	1145	721	3.62	13.59
K2	E	PP_1722	-		ABC transporter ATP-binding protein	127	92	83	110	148	168	196	158	1.24	4.96
K2	J	PP_1775	+		beta-lactamase domain protein	88	85	59	59	100	125	213	224	1.81	6.56
K2	-	PP_1812	-		hypothetical protein	77	15	29	48	106	77	96	134	1.06	3.22
K2	-	PP_1828	-		hypothetical protein	99	120	71	52	116	141	169	113	1.26	4.03
K2	P	PP_1836	-		hypothetical protein	69	48	67	65	95	94	106	75	0.66	3.10
K2	L	PP_1846	+		group II intron-encoding maturase	696	564	100	106	666	1058	1173	769	3.55	11.72
K2	V	PP_1895	+		ABC transporter ATP-binding protein	434	421	50	74	1618	1732	997	1223	4.05	17.96
K2	G	PP_1896	+		ABC transporter	181	150	31	29	757	912	406	439	2.78	15.38
K2	H	PP_1969	+		molybdenum cofactor biosynthesis protein A, putative	82	47	18	16	79	136	245	210	1.94	7.72
K2	R	PP_1979	+		hydrolase, putative	72	39	22	38	78	77	116	116	0.86	3.20
K2	-	PP_2003	+		hypothetical protein	294	180	39	61	298	450	473	365	2.89	10.94
K2	-	PP_2063	+		hypothetical protein	94	94	114	78	136	168	152	200	1.36	4.39
K2	-	PP_2109	+		hypothetical protein	103	68	102	46	211	190	327	281	2.13	9.47
K2	-	PP_2110	+			275	211	55	81	366	359	443	393	2.79	9.79
K2	K	PP_2232	+		Cro/C1 family transcriptional regulator	128	139	58	130	187	229	219	193	1.78	6.11
K2	K	PP_2234	+		AraC family transcriptional regulator	97	88	53	89	144	141	180	169	1.49	5.81
K2	-	PP_2235	+		hypothetical protein	155	78	62	83	140	156	193	174	1.59	6.16
K2	M	PP_2312	+		lytic transglycosylase family protein	74	70	14	18	103	125	160	137	1.32	5.88

K2	K	PP_2315	+	greB	transcription elongation factor GreB	303	251	105	103	381	459	381	380	1.89	7.68
K2	E	PP_2318	+		GDSL family lipase	127	103	6	27	178	168	150	141	1.23	5.50
K2	T	PP_2347	+		winged helix family two component transcriptional regulator	178	127	67	80	219	218	198	208	1.56	6.36
K2	T	PP_2348	+		integral membrane sensor signal transduction histidine kinase	95	48	28	49	118	123	158	126	1.31	5.79
K2	L	PP_2393	+	polB	DNA polymerase II	66	50	46	47	82	95	98	106	0.73	3.42
K2	-	PP_2500	+		hypothetical protein	161	186	174	117	242	257	324	348	1.58	4.89
K2	R	PP_2579	-		hypothetical protein	67	41	8	19	106	100	113	92	0.82	4.11
K2	-	PP_2581	-		hypothetical protein	69	98	50	25	134	179	182	190	1.57	7.31
K2	-	PP_2630	+		hypothetical protein	223	120	7	21	354	365	392	290	2.61	11.27
K2	-	PP_2631	+		hypothetical protein	198	128	14	21	302	403	588	383	3.20	12.89
K2	G	PP_2647	-		major facilitator family transporter	21	31	1	2	1146	1373	478	523	4.42	21.84
K2	J	PP_2689	-		endonuclease, putative	123	64	60	30	133	125	155	138	1.28	5.71
K2	C	PP_2827	+		alcohol dehydrogenase, zinc-containing	108	123	92	123	1326	1507	2700	3297	4.88	25.36
K2	K	PP_2829	+		GntR family transcriptional regulator	27	12	4	14	83	115	139	128	1.12	5.29
K2	-	PP_2909	+		hypothetical protein	103	57	32	33	171	100	317	252	2.31	8.60
K2	R	PP_2910	+		hydroxyglutarate oxidase	98	79	44	77	152	94	200	131	1.65	5.20
K2	-	PP_2923	-		hypothetical protein	177	104	72	38	167	126	190	189	1.56	4.84
K2	R	PP_2924	-		radical SAM domain protein	430	227	150	119	466	346	409	385	1.69	5.92
K2	O	PP_2958	-		glutaredoxin	106	92	82	77	129	136	202	129	1.29	4.71
K2	L	PP_3118	+		hypothetical protein	162	101	47	32	198	124	154	140	1.27	4.54
K2	L	PP_3119	+	dnaE2	error-prone DNA polymerase	106	70	42	45	111	106	113	118	0.88	3.76
K2	M	PP_3243	-		acetyltransferase	78	79	18	45	90	112	107	145	1.18	3.87
K2	S	PP_3255	+		hypothetical protein	217	137	34	58	258	229	170	251	1.97	6.51
K2	O	PP_3316	-		chaperone-associated ATPase, putative	60	43	22	25	83	111	154	142	1.27	5.65
K2	-	PP_3317	-		hypothetical protein	162	83	17	31	230	217	242	221	1.92	8.90
K2	T	PP_3348	+		GGDEF domain-containing protein	94	83	54	77	130	155	139	177	1.20	5.72
K2	M	PP_3425	+	mexE	efflux transporter, RND family, MFP subunit	8	10	2	14	2801	3808	3348	3769	5.89	34.54
K2	V	PP_3426	+	mexF	transporter, hydrophobe/amphiphile efflux-1 (HAE1) family	10	10	3	5	2633	3499	2191	2565	5.77	32.43
K2	M	PP_3427	+	oprN	RND efflux system, outer membrane lipoprotein, NodT family	41	14	20	21	2019	2403	1352	1596	5.23	28.88
K2	-	PP_3519	+		putative lipoprotein	115	130	63	64	1336	1581	2590	2701	5.39	26.82
K2	-	PP_3520	+		hypothetical protein	215	160	29	57	294	224	240	312	2.29	7.52
K2	K	PP_3532	-		AsnC family transcriptional regulator	133	79	14	40	158	118	125	119	0.97	4.23
K2	E	PP_3624	-		hypothetical protein	180	113	57	81	207	196	221	220	1.79	6.82
K2	T	PP_3631	+		hypothetical protein	73	46	19	16	206	187	125	126	1.55	7.50
K2	K	PP_3665	+		AraC family transcriptional regulator	83	69	46	66	93	99	105	91	0.72	3.13
K2	D	PP_3700	-		hypothetical protein	98	91	102	117	2105	2614	3045	2706	4.90	28.44
K2	-	PP_3701	-		hypothetical protein	107	98	42	52	216	160	154	130	1.26	5.97

K2	-	PP_3770	+	hypothetical protein	61	64	22	55	1079	1247	1775	2092	5.03	27.26
K2	S	PP_3899	-	hicB-2 hicB protein	302	261	250	200	322	306	540	578	1.53	4.31
K2	-	PP_3929	+	hypothetical protein	257	427	127	205	497	832	494	545	1.96	8.21
K2	-	PP_3930	+	17 kDa surface antigen	251	251	145	139	383	370	378	436	1.66	6.16
K2	T	PP_3932	+	GGDEF domain-containing protein	104	83	37	63	137	132	135	98	1.08	4.53
K2	K	PP_3949	-	TetR family transcriptional regulator	118	102	93	124	150	116	190	162	1.02	3.16
K2	M	PP_4032	+	outer membrane lipoprotein B1c, putative	213	116	127	115	223	187	239	320	1.48	4.76
K2	R	PP_4164	-	alpha/beta fold family hydrolase	91	64	41	64	129	80	112	105	0.80	3.47
K2	E	PP_4311	-	D-amino-acid dehydrogenase	70	58	54	55	98	89	143	91	1.16	4.27
K2	-	PP_4317	-	hypothetical protein	97	80	24	12	106	173	192	179	1.58	6.99
K2	N	PP_4354	-	flagellar biosynthesis protein FliQ	153	242	135	127	247	304	479	500	1.98	6.99
K2	N	PP_4355	-	flagellar biosynthesis protein FliP	94	154	54	33	150	230	283	245	2.14	8.06
K2	N	PP_4356	-	flagellar assembly protein FliO	88	143	61	75	149	152	192	211	1.58	5.59
K2	L	PP_4441	+	ISPPu14, transposase Orf1	219	149	32	47	252	299	328	186	2.36	8.48
K2	K	PP_4595	+	AsnC family transcriptional regulator	118	107	91	97	143	110	195	149	1.10	3.19
K2	N	PP_4658	+	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	69	93	28	51	104	114	93	110	0.77	3.05
K2	T	PP_4670	-	GGDEF domain-containing protein	103	109	54	67	138	112	117	135	1.02	3.24
K2	-	PP_4858	+	hypothetical protein	94	133	98	74	2869	3577	5869	5537	6.22	32.47
K2	K	PP_4859	+	TetR family transcriptional regulator	302	204	31	74	446	425	471	535	2.88	11.31
K2	-	PP_5008	-	poly(hydroxyalkanoate) granule-associated protein	204	174	249	166	517	565	515	397	1.70	8.10
K2	L	PP_5086	-	nuclease (SNase domain protein)	115	82	41	20	177	184	179	127	1.49	6.93
K2	S	PP_5144	+	hypothetical protein	101	118	111	102	209	207	641	464	2.53	9.89
K2	L	PP_5398	-	ISPPu14, transposase Orf1	251	129	54	23	145	381	233	252	1.98	8.57
K3	-	PP_0090	+	hypothetical protein	277	333	395	219	322	336	704	505	1.21	3.11
K3	K	PP_0274	+	helix-turn-helix domain-containing protein	114	148	158	118	159	174	305	317	1.43	4.29
K3	L	PP_0353	-	DNA polymerase III, epsilon subunit	47	28	42	21	53	54	201	72	1.65	3.47
K3	T	PP_0354	-	CBS domain-containing protein	53	23	40	13	59	75	268	78	2.06	4.89
K3	T	PP_0355	+	response regulator receiver protein	54	22	319	48	68	50	533	240	1.91	3.48
K3	I	PP_0370	+	acyl-CoA dehydrogenase domain-containing protein	129	107	107	126	146	113	327	146	1.62	3.77
K3	E	PP_0372	+	aminotransferase class-III	22	15	11	13	21	50	159	106	1.31	3.36
K3	T	PP_0424	-	cAMP-regulatory protein	79	123	198	102	128	122	350	302	1.56	3.89
K3	H	PP_0596	+	beta alanine--pyruvate transaminase	180	260	256	170	258	195	1620	259	2.66	6.10
K3	J	PP_0613	-	putative amidase	33	31	26	5	31	34	1354	24	4.40	8.81
K3	E	PP_0614	-	allantoate amidohydrolase	33	50	90	44	55	97	2687	76	4.90	11.25
K3	E	PP_0615	-	branched chain amino acid ABC transporter ATP-binding protein	25	40	57	9	23	57	2021	28	4.98	9.96
K3	E	PP_0616	-	branched chain amino acid ABC transporter ATP-binding protein	19	19	30	1	22	26	1720	18	4.75	9.50
K3	E	PP_0617	-	inner-membrane translocator	18	18	21	1	25	18	812	12	3.67	7.33
K3	E	PP_0618	-	inner-membrane translocator	1	19	8	2	1	1	583	1	3.19	6.37

K3	E	PP_0619	-	branched-chain amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein	49	77	166	30	45	79	2034	116	3.61	8.13
K3	-	PP_0627	-	hypothetical protein	228	119	248	210	205	212	365	335	0.83	3.34
K3	P	PP_0718	-	sulfate transporter	46	32	43	68	51	85	119	112	0.90	3.34
K3	-	PP_0797	+	hypothetical protein	79	79	129	59	121	105	323	200	1.65	5.74
K3	-	PP_0895	+	hypothetical protein	31	42	32	17	62	87	153	113	1.26	4.23
K3	S	PP_0938	+	hypothetical protein	80	90	90	83	105	109	192	187	1.17	4.30
K3	C	PP_1073	-	glpD glycerol-3-phosphate dehydrogenase	81	47	201	233	151	139	652	441	1.70	7.44
K3	-	PP_1153	+	hypothetical protein	59	63	83	29	97	76	246	123	1.57	5.17
K3	-	PP_1194	+	hypothetical protein	66	80	108	74	103	101	149	134	0.86	3.11
K3	E	PP_1299	+	aapM poliA amino acid ABC transporter inner membrane	42	30	65	56	56	51	236	136	1.87	4.82
K3	E	PP_1300	+	aapP general amino acid ABC transporter, ATP-binding	113	51	359	270	129	123	953	503	1.41	5.82
K3	M	PP_1502	-	OmpA/MotB domain protein	103	75	153	131	139	147	365	308	1.25	6.10
K3	-	PP_1503	-	hypothetical protein	145	114	269	205	244	178	538	446	1.12	5.16
K3	-	PP_1662	-	hypothetical protein	87	41	121	95	82	123	269	240	1.35	5.45
K3	E	PP_1721	-	HAD superfamily hydrolase	120	106	128	156	155	138	380	259	1.57	5.00
K3	S	PP_1742	+	hypothetical protein	110	36	440	118	125	115	1694	269	1.94	6.95
K3	R	PP_1743	+	acetate permease	103	34	274	91	118	90	1121	193	2.03	6.31
K3	S	PP_1971	+	hypothetical protein	81	114	115	170	111	132	290	263	1.34	4.18
K3	R	PP_2018	+	BNR domain-containing protein	88	50	264	229	168	124	1000	301	1.92	7.06
K3	L	PP_2297	+	integrative genetic element Ppu40, integrase	99	46	112	110	83	133	194	138	1.05	3.87
K3	S	PP_2433	+	hypothetical protein	169	197	480	378	261	221	767	887	1.23	3.56
K3	S	PP_2434	+	RES domain-containing protein	120	129	200	161	157	152	436	347	1.12	4.23
K3	-	PP_2632	+	hypothetical protein	38	18	4	6	66	89	114	94	0.83	3.19
K3	-	PP_2738	-	hypothetical protein	274	285	251	239	229	457	819	429	1.70	5.49
K3	T	PP_3288	+	universal stress protein	49	60	39	58	71	73	128	100	1.00	3.18
K3	E	PP_3593	+	amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein	51	42	88	118	73	64	302	148	1.78	4.10
K3	E	PP_3597	+	amino acid ABC transporter ATP-binding protein	40	53	49	58	66	92	110	84	0.78	3.05
K3	K	PP_3744	-	glcC DNA-binding transcriptional regulator GlcC	79	64	62	95	66	82	146	117	1.19	3.37
K3	C	PP_3745	+	glcD glycolate oxidase subunit GlcD	22	17	309	118	32	24	1712	169	2.47	5.46
K3	C	PP_3746	+	glcE glycolate oxidase FAD binding subunit	18	30	320	109	34	35	1431	164	2.16	4.91
K3	C	PP_3747	+	glcF glycolate oxidase iron-sulfur subunit	19	12	412	136	21	22	1962	206	2.25	5.11
K3	-	PP_3749	+	hypothetical protein	28	16	50	52	35	37	242	19	1.92	3.84
K3	E	PP_3768	-	aroE shikimate 5-dehydrogenase	115	91	116	148	168	153	310	316	1.41	5.97
K3	-	PP_3771	-	hypothetical protein	88	79	121	100	62	135	225	123	0.90	3.54
K3	C	PP_3822	-	cytochrome c family protein	85	87	221	138	122	116	344	196	0.64	3.13
K3	C	PP_3823	-	cytochrome c-type protein	72	121	209	172	123	169	378	236	0.85	3.90
K3	R	PP_3869	-	phage sheath protein, putative	39	92	43	74	44	93	165	144	1.37	3.76
K3	-	PP_3900	-	hicA-2 hicA protein	526	442	584	337	529	555	1045	943	1.49	3.83

K3	T	PP_3905	+		LuxR family transcriptional regulator	54	59	57	33	43	87	138	89	1.10	3.58
K3	K	PP_3934	+		LysR family transcriptional regulator	85	71	98	116	117	118	162	116	0.74	3.40
K3	C	PP_4232	-		gluconate 2-dehydrogenase acceptor subunit	27	23	36	16	35	34	184	36	1.52	3.05
K3	C	PP_4233	-		(2Fe-2S)-binding domain protein	30	46	91	32	44	41	464	78	2.36	5.00
K3	-	PP_4234	-			36	35	64	13	49	32	258	89	2.00	4.48
K3	F	PP_4278	+	xdhA	xanthine dehydrogenase, XdhA subunit	84	85	359	220	86	80	1189	306	1.73	3.93
K3	F	PP_4279	+	xdhB	xanthine dehydrogenase, XdhB subunit	76	76	447	255	90	78	1449	310	1.70	3.99
K3	F	PP_4281	+	gad	guanine deaminase	151	132	218	129	154	173	930	136	2.09	5.09
K3	N	PP_4344	-	flhA	flagellar biosynthesis protein FlhA	136	207	222	164	186	218	397	300	0.87	3.15
K3	-	PP_4351	-			97	156	143	103	143	144	341	190	1.26	3.79
K3	N	PP_4352	-	flhB	flagellar biosynthesis protein FlhB	46	65	60	34	74	132	198	191	1.63	7.09
K3	N	PP_4365	-	fliJ	flagellar biosynthesis chaperone	24	70	117	12	54	116	191	165	1.37	4.23
K3	N	PP_4369	-	fliF	flagellar MS-ring protein	154	304	298	208	226	271	530	468	1.17	3.18
K3	H	PP_4421	-		hypothetical protein	61	99	141	82	55	100	465	217	1.72	4.89
K3	C	PP_4422	-		succinate-semialdehyde dehydrogenase, putative	22	18	64	47	22	31	215	116	1.74	4.33
K3	L	PP_4442	+		ISPpu14, transposase Orf2	39	20	21	16	51	100	202	142	1.66	5.74
K3	H	PP_4491	+	phhB	pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase	78	79	407	253	83	79	1319	483	1.70	4.40
K3	-	PP_4614	+		hypothetical protein	115	173	214	171	200	244	808	454	1.92	7.03
K3	O	PP_4619	-		maleylacetoacetate isomerase	73	52	64	44	71	61	330	118	2.36	5.64
K3	Q	PP_4621	-	hmgA	homogentisate 1,2-dioxygenase	129	89	142	316	158	93	1483	288	3.39	7.08
K3	C	PP_4735	+	lctP	L-lactate transport	167	198	204	215	207	153	807	248	1.99	4.27
K3	N	PP_4888	-		methyl-accepting chemotaxis sensory transducer	15	14	65	45	33	28	168	121	1.37	3.65
K3	S	PP_5221	-		hypothetical protein	62	50	21	39	70	108	163	117	1.35	5.22
K3	M	PP_5269	-	dadX	alanine racemase	77	67	153	43	75	84	394	329	2.36	5.75
K3	E	PP_5270	-	dadA-2	D-amino acid dehydrogenase small subunit	81	80	888	176	97	93	1370	1190	2.76	4.68
K3	B	PP_5340	+		histone deacetylase superfamily	44	21	43	42	60	45	211	69	1.72	3.55
K3	L	PP_5397	-		ISPpu14, transposase Orf2	28	40	4	12	84	101	176	121	1.46	5.55
K4	S	PP_0085	-		hypothetical protein	155	151	901	582	197	222	980	1655	1.51	3.20
K4	Q	PP_0711	+		isochorismatase superfamily hydrolase	129	104	421	1048	186	152	173	528	1.28	4.41
K4	S	PP_0712	+		hypothetical protein	133	92	1386	1289	197	176	699	1341	0.99	3.40
K4	-	PP_0806	-		surface adhesion protein, putative	112	77	847	2777	133	119	241	1113	1.81	5.51
K4	S	PP_0837	+		hypothetical protein	432	490	1135	1906	805	835	2197	3593	0.95	5.25
K4	E	PP_1002	-	arcD	arginine/ornithine antiporter	119	266	707	1232	340	288	593	800	1.52	2.72
K4	P	PP_1082	-	bfr	bacterioferritin	620	192	2714	2109	246	677	2066	1573	1.82	4.00
K4	M	PP_1121	+		OmpA/MotB domain protein	236	181	2155	2807	505	435	1200	2280	1.27	4.61
K4	T	PP_1144	-		GGDEF domain-containing protein	49	31	509	708	60	49	175	451	1.54	3.73
K4	O	PP_1162	+		glutathione S-transferase family protein	118	64	206	202	110	161	296	288	1.33	4.14
K4	Q	PP_1184	-		dienelactone hydrolase	264	273	766	892	372	349	374	700	1.03	3.09
K4	-	PP_1473	+		hypothetical protein	124	103	373	346	101	105	571	977	1.50	3.03

K4	G	PP_1510	+	carboxyvinyl-carboxyphosphonate phosphorylmutase, putative	52	78	160	160	111	95	241	326	1.03	3.57
K4	E	PP_1661	+	dehydrogenase subunit, putative	106	45	610	730	117	90	209	196	1.89	5.36
K4	-	PP_1690	-	hypothetical protein	193	134	1126	723	252	464	1148	1118	1.79	4.66
K4	S	PP_1715	+	hypothetical protein	86	67	133	147	121	106	197	233	0.66	3.60
K4	R	PP_2019	+	hypothetical protein	108	85	471	513	176	122	1123	489	1.25	4.19
K4	-	PP_2197	+	hypothetical protein	154	116	1070	783	185	173	1469	1285	0.71	3.05
K4	L	PP_2309	-	hypothetical protein	121	73	988	815	147	155	1032	1178	1.09	3.11
K4	S	PP_2357	+	spore coat U domain protein	135	109	1702	2371	198	168	836	1708	1.03	3.56
K4	S	PP_2359	+	spore coat U domain protein	79	55	1998	2387	127	99	1136	1534	0.81	3.51
K4	S	PP_2360	+	spore coat U domain protein	65	24	1403	1939	79	91	775	1021	0.92	3.28
K4	N	PP_2361	+	csuC	56	18	929	1110	70	93	516	656	0.85	3.01
K4	E	PP_2573	-	type 1 pili usher pathway chaperone CsuC	99	83	3077	3428	160	135	1966	2568	0.70	3.12
K4	-	PP_2655	+	glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	66	75	95	645	100	50	236	886	1.32	3.43
K4	-	PP_2853	-	hypothetical protein	184	159	1187	1810	286	227	653	1376	0.86	3.14
K4	R	PP_2925	+	malate:quinone oxidoreductase	71	49	591	1032	114	82	257	798	1.20	3.63
K4	P	PP_2943	+	cytochrome c551 peroxidase, putative	81	68	772	682	152	108	509	539	0.90	3.15
K4	-	PP_3020	+	serine/threonine protein phosphatase, putative	97	50	437	497	104	86	196	316	1.15	3.29
K4	R	PP_3081	-	PEBP family protein	164	88	546	1091	137	196	305	803	1.16	3.30
K4	M	PP_3126	+	polysaccharide export protein	419	285	1006	2098	486	396	572	908	1.21	3.40
K4	R	PP_3132	+	polysaccharide biosynthesis protein	89	62	459	448	106	101	213	330	1.11	3.39
K4	O	PP_3312	-	heat shock protein, putative	98	88	329	408	158	134	486	442	0.69	3.16
K4	E	PP_3320	-	hypothetical protein	80	955	2890	2147	291	920	1698	2232	1.86	3.35
K4	N	PP_3414	-	methyl-accepting chemotaxis transducer/sensory box protein	79	45	282	507	123	107	194	315	0.75	3.27
K4	E	PP_3433	-	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	169	121	297	513	141	103	904	495	1.60	3.48
K4	-	PP_3434	-	hypothetical protein	195	97	548	889	168	133	1529	651	1.48	3.57
K4	M	PP_3448	+	nfrB	47	30	197	375	79	58	103	208	0.94	3.04
K4	-	PP_3611	-	bacteriophage N4 adsorption protein B	231	157	933	1494	398	382	688	1014	1.28	4.13
K4	-	PP_3743	+	hypothetical protein	71	49	563	475	105	105	738	1604	1.75	4.52
K4	-	PP_3767	+	hypothetical protein	300	175	706	908	325	290	1180	1311	0.74	3.58
K4	E	PP_3814	+	polyamine ABC transporter, periplasmic polyamine-binding protein	44	33	700	594	46	35	259	379	1.44	3.52
K4	R	PP_3954	+	periplasmic binding protein, putative	243	133	622	1084	278	241	401	604	0.86	3.29
K4	K	PP_4010	+	cspD	219	356	2515	2842	400	360	1107	2064	1.18	3.70
K4	R	PP_4021	+	est	91	94	148	221	175	129	255	227	0.94	3.48
K4	E	PP_4034	-	alpha/beta hydrolase fold	200	111	1973	3253	174	175	1005	1956	0.97	3.10
K4	F	PP_4035	-	allantoate amidohydrolase	118	86	1227	2476	131	117	679	1206	1.04	3.21
K4	-	PP_4036	+	NCS1 nucleoside transporter	689	449	5793	7393	689	654	2824	4422	1.04	3.19
K4	E	PP_4037	+	putative oxidoreductase	288	170	3804	4807	297	366	1603	3248	1.25	4.14

K4	F	PP_4038	+		dihydropyrimidine dehydrogenase	213	117	3056	3918	173	260	1309	2643	1.22	3.95
K4	-	PP_4044	+		hypothetical protein	1591	1159	4827	4682	1080	759	2938	3011	0.72	3.85
K4	S	PP_4118	+		YhhN family protein	127	92	293	529	222	177	264	307	0.94	3.51
K4	E	PP_4270	+		hypothetical protein	92	116	293	379	135	84	173	230	0.76	3.21
K4	G	PP_4282	-		aquaporin Z	81	64	563	1152	137	103	306	973	0.88	3.36
K4	F	PP_4309	+		NCSI nucleoside transporter	100	28	668	1454	124	73	210	537	1.67	5.12
K4	E	PP_4310	+		hydantoin racemase, putative	73	36	498	852	92	75	175	418	1.51	4.43
K4	C	PP_4402	+	bkdA2	2-oxoisovalerate dehydrogenase, beta subunit	181	81	3966	1407	228	122	1466	2094	1.44	3.31
K4	C	PP_4403	+	bkdB	2-oxoisovalerate dehydrogenase, alpha subunit	136	90	3210	1270	323	154	1060	1876	1.60	4.68
K4	C	PP_4404	+	lpdV	dihydroipoamide dehydrogenase	108	52	1700	590	365	149	456	1066	1.90	6.18
K4	E	PP_4490	+	phhA	phenylalanine 4-monooxygenase	73	52	1286	782	125	71	2656	1418	1.05	4.01
K4	K	PP_4605	+		AraC family transcriptional regulator	147	150	414	863	153	135	204	454	1.02	3.25
K4	F	PP_4643	+		xanthine/uracil permease family protein	67	36	527	666	52	36	143	310	1.88	4.94
K4	M	PP_4704	+		hypothetical protein	227	215	625	680	267	249	260	548	1.26	3.13
K4	E	PP_4705	-		glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	75	60	531	321	65	59	136	273	1.96	4.35
K4	I	PP_4817	+		MaoC domain-containing protein	90	66	486	977	114	95	903	544	0.89	3.17
K4	-	PP_4855	+		DNA-binding transcriptional activator OsmE	118	129	386	410	171	210	998	1442	1.81	6.49
K4	P	PP_4856	+		bacterioferritin, putative	71	76	402	272	115	169	926	1306	2.26	7.68
K4	T	PP_4959	-		response regulator receiver modulated diguanylate cyclase/phosphodiesterase with PAS/PAC sensor(s)	170	140	1055	937	179	146	387	430	1.45	4.10
K4	-	PP_5363	-		hypothetical protein	51	49	245	155	74	118	246	324	1.07	3.06
K5	T	PP_0271	-	gltR-1	winged helix family two component transcriptional activator	67	691	27	52	758	95	108	78	3.50	6.67
K5	P	PP_0351	-		anti-FecI sigma factor, FecR	41	154	11	15	229	53	39	23	1.84	2.88
K5	K	PP_0352	-		RNA polymerase sigma factor	75	339	15	8	541	79	66	48	2.85	4.63
K5	V	PP_0506	-		hypothetical protein	241	1191	222	218	698	1103	238	307	1.53	2.14
K5	T	PP_0533	-	pfeS	sensor protein PfeS	46	112	10	14	192	64	66	46	1.59	2.14
K5	T	PP_0534	-		winged helix family two component transcriptional activator	98	223	30	8	331	125	41	50	1.76	2.30
K5	K	PP_0667	+		ECF subfamily RNA polymerase sigma factor	47	306	8	1	414	88	52	37	2.69	4.14
K5	-	PP_0685	-		hypothetical protein	84	255	38	37	336	215	93	70	2.00	2.94
K5	P	PP_0700	-		anti-FecI sigma factor, FecR	43	215	11	11	295	50	26	28	2.20	3.75
K5	P	PP_0703	-		anti-FecI sigma factor, FecR	72	206	36	39	301	40	43	63	2.07	3.59
K5	K	PP_0704	-		ECF subfamily RNA polymerase sigma factor	129	618	3	39	854	100	54	51	2.73	5.31
K5	P	PP_0860	-		flavodoxin/nitric oxide synthase	68	133	20	18	199	73	42	34	1.56	2.17
K5	P	PP_0861	-		TonB-dependent siderophore receptor	23	284	14	5	532	27	16	18	3.06	4.83
K5	S	PP_0862	+		putative hydroxylase	101	494	1	2	576	121	98	50	2.51	4.61
K5	R	PP_0863	+		Sell domain protein repeat-containing protein	54	164	12	5	215	56	41	35	1.75	2.93
K5	K	PP_0865	+		RNA polymerase, sigma-24 subunit, ECF subfamily	106	213	36	22	447	113	77	81	2.07	3.10
K5	-	PP_0943	+	fagA	hypothetical protein	31	169	1	2	250	72	22	31	1.97	2.93
K5	C	PP_0944	+	fumC	fumarate hydratase	32	300	11	10	321	58	13	13	2.33	4.51

K5	-	PP_0945	+	hypothetical protein	74	338	25	36	524	118	39	30	2.82	3.89
K5	S	PP_1004	-	hypothetical protein	126	167	61	45	489	207	77	68	1.96	3.18
K5	P	PP_1006	-	TonB-dependent hemoglobin/transferrin/lactoferrin family receptor	22	310	7	14	882	91	24	19	3.79	4.91
K5	K	PP_1008	-	ECF subfamily RNA polymerase sigma factor	39	375	18	42	569	93	69	60	3.15	4.74
K5	P	PP_1083	-	BFD domain protein (2Fe-2S)-binding domain protein	193	1239	18	97	1538	339	94	152	2.99	5.33
K5	T	PP_1651	+	winged domain family two component transcriptional sensor histidine kinase	1	193	1	1	269	15	50	20	2.07	3.45
K5	T	PP_1652	+		31	116	22	8	187	38	51	48	1.55	2.15
K5	P	PP_2192	+	ECF subfamily RNA polymerase sigma factor	85	239	43	33	382	129	142	115	2.17	4.84
K5	S	PP_2419	-	hypothetical protein	315	1508	154	225	1105	1083	270	223	1.81	3.02
K5	-	PP_2900	-	hypothetical protein	63	356	39	41	545	285	142	84	3.09	5.35
K5	K	PP_3086	-	RNA polymerase sigma-70 factor, putative	70	170	1	9	335	56	16	11	2.25	3.33
K5	P	PP_3155	-	outer membrane ferric siderophore receptor, putative	77	814	20	38	917	109	33	42	3.58	6.19
K5	P	PP_3326	+	hypothetical protein	478	2266	18	40	1443	1814	35	25	1.59	1.70
K5	P	PP_3612	+	TonB-dependent siderophore receptor	14	422	1	10	553	30	18	11	3.11	5.65
K5	Q	PP_3796	+	L-ornithine N5-oxygenase	14	289	16	7	459	183	13	19	2.84	3.09
K5	S	PP_3797	+	hypothetical protein	26	136	4	11	192	264	39	24	1.58	3.50
K5	-	PP_3799	+	hypothetical protein	63	218	1	30	304	357	40	31	2.25	3.68
K5	-	PP_3800	+	hypothetical protein	48	216	31	25	292	486	43	39	2.19	4.53
K5	P	PP_3801	+	periplasmic solute binding protein	43	161	14	32	244	394	26	40	1.93	4.52
K5	Q	PP_3807	-	thioesterase	23	140	50	35	248	106	52	49	1.96	2.09
K5	P	PP_4070	+	hypothetical protein	50	396	4	13	632	66	25	12	3.30	5.58
K5	K	PP_4208	-	RNA polymerase sigma factor	37	291	1	1	399	87	24	26	2.64	4.02
K5	E	PP_4213	+	dipeptidase, putative	4	100	1	1	210	71	12	16	1.71	1.93
K5	E	PP_4214	+	aminotransferase, class V	8	107	1	1	187	80	3	7	1.55	1.72
K5	S	PP_4215	+	hypothetical protein	20	114	21	16	185	67	23	19	1.53	2.05
K5	Q	PP_4216	+	cyclic peptide transporter	24	104	8	8	194	110	11	12	1.60	1.75
K5	P	PP_4217	+	outer membrane ferripyoverdine receptor	21	516	7	6	583	470	15	19	3.19	3.20
K5	K	PP_4244	+	extracytoplasmic-function sigma-70 factor	35	1117	20	50	1053	82	44	40	4.04	7.69
K5	-	PP_4609	-	hypothetical protein	43	158	87	15	207	99	61	51	1.69	2.97
K5	K	PP_4611	+	RNA polymerase sigma factor	18	140	5	1	198	16	11	22	1.63	2.56
K5	R	PP_5131	+	sodium:dicarboxylate symporter	69	67	16	15	177	127	43	28	1.36	3.23
K5	P	PP_5196	-	iron ABC transporter, periplasmic iron-binding protein, putative	111	533	31	24	323	223	131	123	1.54	4.54
K5	U	PP_5306	+	ferric siderophore transport system protein ExbB	439	2298	24	55	1755	499	60	89	2.20	4.79
K5	U	PP_5307	+	biopolymer transport protein ExbD	531	2751	36	68	2000	574	76	107	2.26	5.05
K5	M	PP_5308	+	TonB family protein	276	1474	39	42	1276	373	40	61	2.21	4.09
K6	-	PP_0234	+	outer membrane porin	949	1500	44	31	244	283	126	28	2.41	7.34
K6	H	PP_0362	+	biotin synthase	1495	1378	140	625	1459	1363	455	156	2.00	3.59
K6	K	PP_0985	-	cold-shock domain-contain protein	2574	4057	800	1717	2000	2400	569	902	0.93	3.79

K6	E	PP_1110	+	Serine O-acetyltransferase	964	1094	419	626	941	731	151	369	1.47	4.90
K6	R	PP_1111	+	synthetase, putative	1580	1858	700	1210	1438	1246	304	822	1.20	4.25
K6	K	PP_1198	-	Cro/CI family transcriptional regulator	643	565	253	397	396	343	194	312	0.72	3.25
K6	-	PP_1199	-	hypothetical protein	403	294	173	273	227	189	52	104	1.44	6.37
K6	T	PP_1757	+	bolA	648	424	78	209	610	696	131	98	1.09	3.06
K6	M	PP_2089	+	oprF	3095	4835	551	1316	2364	3188	1492	1025	1.44	3.40
K6	K	PP_2463	-	cspA-2	3801	6565	1293	2937	2661	3747	843	1279	1.20	4.56
K6	J	PP_2467	+	rpmI	4286	7335	352	870	2871	3374	1207	492	1.78	4.70
K6	L	PP_3680	+	hypothetical protein	542	633	142	236	553	419	93	122	0.94	3.32
K6	R	PP_3776	-	rarD-3	475	1240	153	105	332	365	164	65	1.76	4.57
K6	J	PP_3777	-	hypothetical protein	501	1343	213	173	320	369	218	124	1.87	4.79
K6	E	PP_3778	-	proC-1	1108	2899	612	505	703	828	536	264	1.81	5.59
K6	K	PP_3779	-	pyrroline-5-carboxylate reductase	572	1071	378	372	398	407	285	239	1.40	4.76
K6	-	PP_3780	-	LysR family transcriptional regulator	334	788	122	132	208	280	87	91	1.50	5.20
K6	H	PP_3781	+	hypothetical protein	680	3290	16	21	345	858	41	21	1.94	4.86
K6	-	PP_3782	+	oxygen-independent Coproporphyrinogen III oxidase family protein	1069	4571	31	57	514	1353	43	28	1.76	4.57
K6	-	PP_3783	+	hypothetical protein	875	3784	50	59	454	1075	76	43	1.82	4.63
K6	J	PP_3784	+	hypothetical protein	639	2971	25	13	312	836	34	25	1.83	4.70
K6	-	PP_3785	+	hypothetical protein	471	2202	21	27	280	646	43	36	1.77	4.29
K6	E	PP_3786	+	aminotransferase	272	1096	27	24	162	300	33	32	1.87	4.49
K6	I	PP_3787	+	hypothetical protein	249	1052	36	40	191	297	68	57	1.83	4.05
K6	Q	PP_3788	+	non-ribosomal peptide synthetase, putative	237	1024	34	33	163	298	67	58	1.78	4.11
K6	-	PP_4292	+	hypothetical protein	315	148	22	10	111	91	46	21	1.51	2.92
K6	-	PP_4447	+	hypothetical protein	694	840	145	291	594	619	90	134	1.12	3.59
K6	T	PP_4693	+	C4-type zinc finger DksA/TraR family protein	2313	3792	1340	1587	2293	2396	783	1448	0.78	3.02
K6	-	PP_4819	+	Zinc finger-domain-containing protein	304	273	59	100	129	110	93	65	1.31	4.20
K6	C	PP_4870	-	azurin	1375	719	370	659	928	616	249	329	1.00	3.16
K6	C	PP_5085	-	maeB	2954	4388	1022	1356	2389	2943	616	805	0.75	3.67
K7	P	PP_0482	+	malic enzyme	647	274	1292	937	252	983	1337	735	1.84	3.84
K7	-	PP_1533	-	bacterioferritin	110	100	192	119	138	273	161	142	1.44	3.29
K7	-	PP_1534	-	excisionase, putative	79	80	324	167	156	250	199	191	1.65	4.60
K7	-	PP_1535	-	hypothetical protein	62	73	183	125	112	197	212	148	1.43	4.33
K7	-	PP_1536	-	methyltransferase, putative	73	78	160	88	96	189	163	80	1.28	3.11
K7	-	PP_1537	-	hypothetical protein	33	31	98	79	43	149	112	121	1.22	3.46
K7	-	PP_1538	-	hypothetical protein	100	89	279	136	110	233	207	176	1.39	3.09
K7	-	PP_1539	-	hypothetical protein	96	103	429	159	135	362	350	308	1.82	4.71
K7	-	PP_1540	-	hypothetical protein	152	132	518	283	175	526	413	404	2.00	4.40
K7	L	PP_1541	-	hypothetical protein	63	28	150	74	70	180	156	109	1.49	3.79
				methyltransferase, putative										

K7	-	PP_1543	-	hypothetical protein	83	81	296	182	132	360	328	250	2.15	5.73
K7	-	PP_1544	-	hypothetical protein	101	66	283	108	96	287	263	210	2.13	4.98
K7	-	PP_1545	-	hypothetical protein	114	161	391	248	185	523	509	397	1.70	5.55
K7	-	PP_1546	-	hypothetical protein	83	118	413	221	191	468	588	328	1.99	6.77
K7	-	PP_1551	+	phage replication protein O, putative	85	95	152	77	75	177	194	154	1.00	3.37
K7	-	PP_1559	+	phage holin	60	110	172	141	102	252	143	158	1.20	3.13
K7	-	PP_1560	+	hypothetical protein	262	225	447	323	266	743	476	488	1.72	4.25
K7	V	PP_1561	+	phage holin, putative	130	82	279	211	173	445	306	264	2.45	5.90
K7	-	PP_1562	+	phage terminase, small subunit, putative	181	212	517	380	244	784	429	447	1.89	4.26
K7	R	PP_1563	+	phage terminase, large subunit, putative	135	141	380	253	142	471	331	314	1.74	3.66
K7	R	PP_1566	+	head maturation protease, putative	165	285	676	431	222	632	436	408	1.15	3.25
K7	-	PP_1567	+	HK97 family phage major capsid protein	292	412	1279	893	340	962	740	728	1.22	3.58
K7	-	PP_1568	+	hypothetical protein	318	409	1091	794	367	1071	756	722	1.39	3.41
K7	R	PP_1570	+	head-tail adaptor	102	146	440	240	134	392	280	260	1.43	3.58
K7	-	PP_1571	+	hypothetical protein	253	261	712	462	262	795	386	473	1.61	3.86
K7	-	PP_1572	+	hypothetical protein	171	233	570	347	213	702	420	434	1.59	3.63
K7	-	PP_1573	+	major tail protein, putative	126	204	676	356	184	512	431	422	1.32	3.51
K7	-	PP_1575	+	hypothetical protein	131	142	336	299	114	476	190	186	1.75	4.55
K7	-	PP_1579	+	hypothetical protein	72	81	243	162	87	229	232	199	1.49	3.46
K7	-	PP_1583	+	structural protein P5, putative	103	92	247	178	115	268	143	149	1.54	4.01
K7	-	PP_2850	+	hypothetical protein	49	28	174	46	31	137	89	161	1.33	3.31
K8	E	PP_0375	-	prolyl oligopeptidase family protein	305	64	72	40	151	156	117	93	1.29	4.38
K8	R	PP_0376	-	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqE	1067	305	246	220	536	622	436	292	1.03	4.10
K8	-	PP_0377	-	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqD	1287	363	291	296	705	840	518	381	1.21	4.31
K8	P	PP_0826	+	phosphate ABC transporter, permease protein, putative	124	81	42	42	167	198	70	68	1.29	3.39
K8	E	PP_1138	-	thioesterase superfamily protein	550	391	164	229	420	321	374	250	1.19	3.00
K8	R	PP_1980	+	thioesterase superfamily protein	168	99	14	105	200	138	136	112	1.09	3.49
K8	S	PP_2663	+	hypothetical protein	965	17	7	9	263	289	46	40	2.18	4.21
K8	P	PP_2666	-	hypothetical protein	1128	27	20	49	488	368	180	199	2.52	9.24
K8	V	PP_2667	-	ABC transporter	322	20	9	1	99	119	42	61	1.70	2.32
K8	V	PP_2668	-	efflux ABC transporter ATP-binding protein	433	22	14	21	150	163	75	91	1.53	3.79
K8	S	PP_2669	-	YVTN family beta-propeller repeat-containing protein	885	11	1	17	273	332	96	131	2.37	6.69
K8	S	PP_2673	-	pentapeptide repeat-containing protein	1205	23	6	10	394	566	35	38	3.14	5.77
K8	G	PP_2674	-	quinoprotein ethanol dehydrogenase	2931	49	2	6	1093	1200	163	56	4.23	10.45
K8	C	PP_2675	+	cytochrome c-type protein	1699	1	1	10	655	728	65	38	3.51	6.48
K8	E	PP_2676	+	periplasmic binding protein, putative	1870	11	1	9	646	775	88	71	3.60	7.65
K8	-	PP_2677	+	hypothetical protein	778	1	14	6	223	252	22	30	1.98	3.87
K8	R	PP_2678	+	beta-lactamase domain protein	757	1	37	5	228	248	50	33	1.95	3.81
K8	G	PP_2679	+	quinoprotein ethanol dehydrogenase, putative	300	14	5	6	97	110	32	41	1.62	2.13

K8	C	PP_2680	+		aldehyde dehydrogenase family protein	2386	83	66	32	969	1125	205	153	3.75	11.41
K8	-	PP_2681	+		pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqD	1501	1	22	1	528	477	140	116	2.90	8.44
K8	-	PP_2730	+		putative lipoprotein	149	76	68	71	128	198	88	83	1.38	3.57
K8	-	PP_4054	+		hypothetical protein	275	144	104	139	275	200	250	198	1.27	3.99
K8	C	PP_4116	+	aceA	isocitrate lyase	731	267	103	641	616	480	328	188	1.77	4.94
K8	R	PP_4586	-		hypothetical protein	184	75	50	82	175	141	122	88	0.93	3.74
K9	S	PP_0648	+		hypothetical protein	144	154	188	313	96	108	81	180	1.22	4.85
K9	V	PP_0803	-		HlyD family type I secretion membrane fusion protein	58	33	149	368	76	81	78	133	1.47	3.75
K9	M	PP_0805	-		TolC family type I secretion outer membrane protein	72	86	164	362	80	87	81	137	1.40	3.60
K9	C	PP_1317	+	petA	ubiquinol-cytochrome c reductase, iron-sulfur subunit	723	892	897	1491	577	610	553	962	0.70	3.45
K9	-	PP_1921	+		hypothetical protein	143	149	288	475	149	120	138	273	1.06	3.50
K9	-	PP_1959	-		hypothetical protein	264	275	355	570	187	212	155	242	1.23	4.87
K9	-	PP_2856	-		hypothetical protein	14	19	120	1175	34	28	41	99	3.57	5.37
K9	-	PP_2857	-		hypothetical protein	39	8	119	1120	28	44	64	130	3.11	4.89
K9	-	PP_2858	-		hypothetical protein	12	10	59	1021	22	16	28	106	3.27	3.27
K9	R	PP_3431	+		ThiI/PtpI domain protein	212	185	754	1537	275	231	294	524	1.55	4.76
K9	E	PP_3558	+		substrate-binding region of ABC-type glycine betaine transport system	127	100	142	513	215	163	93	223	1.20	3.91
K9	E	PP_3815	+		binding-protein-dependent transport systems inner membrane component	3	10	170	166	20	6	72	87	1.24	3.42
K9	G	PP_4043	-	gnd	6-phosphogluconate dehydrogenase-like protein	206	274	375	463	312	319	165	347	1.19	3.45
K9	M	PP_4057	+		outer membrane autotransporter	10	7	71	351	13	22	31	81	2.11	2.41
K9	-	PP_4254	+		hypothetical protein	235	247	572	1003	402	370	219	796	1.38	4.22
K9	R	PP_4285	-		transhyretin family protein	26	104	396	509	64	28	48	255	2.63	7.65
K9	R	PP_4297	+	gcl	glyoxylate carboligase	240	100	2463	2940	226	273	151	1106	4.03	10.15
K9	G	PP_4298	+	hyi	hydroxypyruvate isomerase	650	550	2970	3846	579	765	233	1268	3.67	8.98
K9	I	PP_4299	+	glxR	2-hydroxy-3-oxopropionate reductase	491	315	2140	2421	431	563	180	796	3.57	8.95
K9	G	PP_4300	+		hydroxypyruvate reductase	141	87	250	291	127	154	20	92	1.96	5.98
K9	-	PP_4604	-		hypothetical protein	153	216	165	693	106	165	66	249	1.48	5.43
K9	S	PP_4706	+		antibiotic biosynthesis monooxygenase	33	63	347	333	62	54	57	199	2.44	5.62
K9	E	PP_5033	-	hutU	urocanate hydratase	52	34	231	277	104	63	34	262	1.85	4.48
K9	M	PP_5174	-		RND efflux transporter	98	105	212	267	176	147	94	240	1.17	3.61
K10	E	PP_0076	-		glycine betaine-binding protein, putative	128	133	82	77	138	109	176	155	1.09	3.27
K10	L	PP_0099	+		radical SAM domain protein	124	102	108	60	150	117	168	210	1.71	3.66
K10	L	PP_0334	+		ISPp11, transposase	123	184	127	66	198	217	210	125	0.91	3.53
K10	E	PP_0383	-		amine oxidase	165	313	369	118	293	262	461	339	1.52	2.82
K10	K	PP_0595	-		LysR family transcriptional regulator	122	192	90	61	173	172	172	148	1.21	3.39
K10	C	PP_0597	+	mmsA-1	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase	167	188	112	84	233	183	799	163	2.84	7.05
K10	T	PP_1155	-		diguanylate cyclase	112	133	85	84	141	111	209	159	1.31	3.66
K10	-	PP_1970	+		putative lipoprotein	65	146	72	70	123	164	359	295	2.31	7.95

K10	S	PP_2313	+		DoxX family protein	64	87	48	16	86	133	139	108	1.12	4.63
K10	M	PP_3562	+		hypothetical protein	167	161	136	66	241	207	214	204	1.63	4.20
K10	K	PP_3772	+		putative phage repressor	116	164	152	139	212	182	242	203	0.87	3.08
K10	-	PP_3773	-		hypothetical protein	320	271	252	124	345	277	492	362	1.55	3.65
K10	-	PP_3850	-		hypothetical protein	140	83	97	49	129	135	212	103	1.12	4.23
K10	-	PP_3866	-		hypothetical protein	48	82	62	68	83	130	135	119	1.08	4.69
K10	-	PP_4319	-		hypothetical protein	174	149	165	76	193	179	218	268	1.81	3.29
K10	N	PP_4335	-	motB	flagellar motor protein MotD	187	258	118	83	176	247	225	188	1.18	3.14
K10	N	PP_4337	-	cheB	chemotaxis-specific methyltransferase	149	211	100	66	162	204	206	203	1.63	3.77
K10	N	PP_4353	-	fliR	flagellar biosynthesis protein FliR	43	111	55	34	101	123	208	163	1.70	5.69
K10	N	PP_4358	-	fliM	flagellar motor switch protein FliM	202	403	195	139	330	360	429	371	1.42	4.17
K10	N	PP_4366	-	fliI	flagellum-specific ATP synthase	80	131	100	70	108	154	195	193	1.46	4.27
K10	N	PP_4367	-	fliH	flagellar assembly protein H	149	261	171	80	215	225	254	315	1.97	3.44
K10	C	PP_4736	+	lldD	L-lactate dehydrogenase	156	163	120	102	166	173	328	135	1.45	3.57
K10	V	PP_5206	+		secretion protein HlyD family protein	306	517	217	148	395	484	477	299	1.14	3.52
K10	K	PP_5271	+	lrp	leucine-responsive regulatory protein	191	240	151	41	175	233	299	195	1.61	3.71
K11	-	PP_0775	-		hypothetical protein	159	133	133	99	169	259	137	213	1.11	3.20
K11	G	PP_0794	+	fruK	1-phosphofructokinase	83	49	38	51	99	114	80	97	0.83	3.17
K11	G	PP_1076	-	glpF	MIP family channel protein	50	37	10	34	150	134	62	52	1.23	3.35
K11	-	PP_1738	-		hypothetical protein	156	125	98	104	278	275	105	128	1.13	3.62
K11	R	PP_1897	+		DNA internalization-related competence protein ComEC/Rec2	44	30	15	17	164	169	89	88	1.40	5.57
K11	G	PP_2037	-		class II aldolase/adducin domain protein	48	57	4	10	93	125	81	64	0.97	3.16
K11	-	PP_2218	+		ISPPu8, transposase	122	155	46	130	200	259	159	242	1.31	5.71
K11	T	PP_2258	+		sensory box protein	105	81	8	20	256	232	153	106	1.51	7.56
K11	-	PP_2825	-		integrase, putative	77	51	10	3	134	150	47	66	1.23	3.32
K11	L	PP_2964	+	tnpA	Tn4652, transposase	61	47	24	34	167	169	72	93	1.40	5.08
K11	S	PP_3096	-		hypothetical protein	81	71	11	9	143	164	31	28	1.20	3.22
K11	N	PP_3428	+		TPR domain-containing protein	82	46	22	26	197	208	85	108	1.70	6.25
K11	E	PP_3446	-	ilvA-1	threonine dehydratase	118	81	10	20	510	595	151	120	2.88	11.25
K11	T	PP_3730	-		winged helix family two component transcriptional regulator	108	171	46	127	221	233	187	197	1.55	5.65
K11	-	PP_3798	+		hypothetical protein	15	132	1	14	159	263	29	41	1.31	3.32
K11	P	PP_3803	+		hypothetical protein	55	67	12	9	116	171	41	29	1.35	3.56
K11	P	PP_3804	+		hypothetical protein	56	62	32	24	87	185	47	45	1.53	3.51
K11	-	PP_3824	-		hypothetical protein	66	1	1	16	99	157	107	76	1.29	4.90
K11	-	PP_4527	-		hypothetical protein	71	67	19	22	106	131	91	87	0.95	3.95
K11	L	PP_4746	-		ISPPu15, transposase Orf1	63	96	18	21	111	127	97	85	0.79	3.23
K11	S	PP_4797	+		hypothetical protein	149	134	59	107	237	289	173	200	1.43	6.64
K11	-	PP_5191	+		hypothetical protein	32	53	1	1	93	135	85	20	1.08	3.50

K12	S	PP_0050	-	hypothetical protein	97	102	155	124	193	122	214	372	1.58	4.04
K12	-	PP_0330	+	hypothetical protein	82	102	115	142	187	255	315	490	1.79	8.52
K12	-	PP_0780	+	hypothetical protein	75	120	123	128	116	156	201	208	0.71	3.51
K12	-	PP_1089	-	hypothetical protein	62	46	107	145	80	122	250	277	1.23	5.58
K12	-	PP_1101	+	hypothetical protein	339	373	728	402	398	312	987	1740	2.11	3.17
K12	P	PP_1156	-	formate/nitrate transporter	83	78	125	115	114	119	229	382	1.73	5.14
K12	-	PP_1172	+	hypothetical protein	105	96	85	198	90	48	311	271	1.88	4.71
K12	T	PP_1428	+	anti sigma-E protein, RseA	725	747	807	858	1005	1148	1276	1679	0.97	4.00
K12	E	PP_1750	-	asnB	49	40	72	80	66	74	101	304	1.92	3.35
K12	I	PP_1829	-	asparagine synthetase	39	1	28	35	66	92	117	143	1.16	3.98
K12	K	PP_1978	+	alpha/beta fold family hydrolase	81	88	18	50	73	95	124	149	1.22	3.37
K12	S	PP_3241	-	TetR family transcriptional regulator	69	23	43	75	62	55	120	167	1.16	3.08
K12	-	PP_3261	+	hypothetical protein	78	42	95	108	89	94	128	226	1.07	3.21
K12	-	PP_3401	+	hypothetical protein	117	131	115	84	113	94	168	308	1.87	3.44
K12	-	PP_4303	-	hypothetical protein	123	149	118	159	175	170	246	218	1.06	3.49
K12	-	PP_4360	-	hypothetical protein	202	189	264	345	223	464	503	683	1.29	5.57
K12	-	PP_4528	-	hypothetical protein	60	51	122	143	72	106	301	417	1.55	5.78
K12	-	PP_4561	-	CsbD family protein	519	299	449	432	454	451	641	1170	1.44	3.55
K12	M	PP_4857	-	AsmA family protein	85	70	96	73	111	98	137	208	1.51	3.85
K12	P	PP_5393	-	heavy metal transport/detoxification protein	105	82	102	151	149	139	199	210	0.97	4.46
K13	-	PP_0135	+	hypothetical protein	110	83	71	65	75	121	167	78	1.22	3.80
K13	H	PP_0903	+	methyltransferase type 11	83	100	37	72	138	120	211	68	1.72	4.60
K13	S	PP_0993	-	hypothetical protein	76	141	76	60	225	218	195	68	1.56	5.65
K13	G	PP_1400	-	metabolite/H ⁺ symporter, major facilitator superfamily (MFS)	188	159	33	26	187	155	716	79	3.48	7.29
K13	E	PP_2448	-	FAD dependent oxidoreductase	122	106	75	105	165	128	294	115	1.98	5.08
K13	D	PP_2634	+	cellulose synthase, putative	58	42	15	10	75	101	117	79	0.87	3.60
K13	-	PP_2729	+	hypothetical protein	109	69	48	27	88	153	137	64	1.15	4.31
K13	R	PP_2957	+	acetyltransferase	72	54	19	11	95	96	108	60	0.76	3.10
K13	S	PP_3244	-	magnesium transporter MgtC family protein	90	46	25	11	87	109	117	57	0.87	3.22
K13	-	PP_3935	+	hypothetical protein	44	63	43	24	100	108	120	76	0.91	4.20
K13	R	PP_4230	-	hypothetical protein	147	67	84	39	162	152	186	96	1.18	5.39
K13	O	PP_4231	-	xanthine dehydrogenase accessory factor, putative	122	125	74	93	158	149	228	92	1.61	4.10
K13	K	PP_4734	-	GntR family transcriptional regulator	110	81	60	77	123	96	238	108	1.89	4.89
K13	E	PP_4863	-	branched chain amino acid ABC transporter ATP-binding protein	91	56	81	69	134	114	160	82	0.97	4.42
K13	E	PP_4864	-	branched chain amino acid ABC transporter ATP-binding protein	92	80	88	91	142	119	190	100	1.12	4.15
K13	H	PP_5182	-	putative aminotransferase	386	326	206	229	402	358	624	197	1.60	3.36
K13	V	PP_5207	+	ABC transporter permease/ATP-binding protein	87	140	62	55	139	143	152	94	1.25	3.80

K13	C	PP_5278	-		aldehyde dehydrogenase family protein	410	374	177	210	398	345	531	217	1.59	3.29
K13	R	PP_5279	+		hypothetical protein	179	136	184	63	167	192	908	123	2.31	6.47
K14	-	PP_0273	-		hypothetical protein	50	195	88	78	88	100	229	161	1.38	4.43
K14	M	PP_0504	-	oprG	OmpW family protein	462	1919	583	430	703	1419	1095	796	0.91	3.09
K14	K	PP_0620	-		GntR family transcriptional regulator	172	576	136	42	173	361	1621	143	3.58	8.52
K14	-	PP_1149	+		hypothetical protein	613	2461	1664	919	737	1514	2989	1873	1.03	3.23
K14	-	PP_3873	-		hypothetical protein	51	201	128	146	57	168	313	271	1.29	3.57
K14	-	PP_3876	-		hypothetical protein	5	104	51	92	45	139	163	151	1.35	4.25
K14	O	PP_3878	-		phage minor capsid protein C, putative	43	141	75	64	45	125	167	122	1.14	3.27
K14	L	PP_3882	-		phage terminase, small subunit, putative	54	134	97	81	43	163	167	165	1.03	3.15
K14	-	PP_3883	-		phage holin, putative	85	140	38	111	100	199	237	226	1.89	6.06
K14	-	PP_3903	+		hypothetical protein	73	109	90	49	61	127	166	120	0.91	3.09
K14	-	PP_3907	+		hypothetical protein	66	80	41	46	59	134	115	115	0.84	3.98
K14	K	PP_5140	+		MerR family transcriptional regulator	43	96	43	25	57	74	154	108	1.27	3.44
K15	C	PP_1318	+	petB	ubiquinol--cytochrome c reductase, cytochrome b	503	704	641	892	373	415	346	533	0.89	4.47
K15	-	PP_1964	-		deoxynucleotide monophosphate kinase, putative	2619	4066	2275	4420	2037	2624	1752	2276	0.96	3.34
K15	G	PP_2334	+	prpB	2-methylisocitrate lyase	261	334	208	424	175	263	146	239	0.83	3.12
K15	E	PP_3599	+		5-dehydro-4-deoxyglucuronate dehydratase	4625	7291	5700	7589	3098	4061	3873	3843	0.98	4.36
K15	G	PP_3600	+		d-galactonate transporter	3623	4679	3250	4504	2388	2789	2176	2119	1.09	4.34
K15	G	PP_3601	+		D-galactarate dehydratase, putative	4174	5164	3209	4478	2653	3132	2019	2310	0.95	4.39
K15	-	PP_3707	-		hypothetical protein	106	140	99	176	112	90	39	78	1.17	3.66
K15	N	PP_4388	-	flgE	flagellar hook protein FlgE	633	1250	1051	956	724	882	522	632	1.01	3.54
K15	N	PP_4389	-	flgD	flagellar basal body rod modification protein	483	1057	680	755	579	714	404	477	0.75	3.20
K15	N	PP_4390	-	flgC	flagellar basal body rod protein FlgC	990	1959	1700	2351	1127	1360	913	1131	1.06	3.82
K15	N	PP_4391	-	flgB	flagellar basal body rod protein FlgB	455	1012	840	1186	539	638	437	552	1.10	4.20
K15	-	PP_5232	-		hypothetical protein	3550	4950	3211	3121	2521	3027	2223	2403	0.71	3.35
K16	-	PP_0255	-		17 kDa surface antigen	249	214	138	268	359	375	203	461	0.81	4.04
K16	-	PP_1268	-		putative regulator PrtF	386	437	230	345	393	491	538	585	1.22	3.57
K16	K	PP_1683	+		MarR family transcriptional regulator	191	182	44	95	198	168	174	202	1.44	3.97
K16	-	PP_1839	+		hypothetical protein	260	246	107	210	273	326	188	371	0.82	3.34
K16	I	PP_2308	+		acyl-CoA thioesterase II, putative	113	96	69	145	168	159	117	207	0.76	4.06
K16	K	PP_2574	+		LysR family transcriptional regulator	164	189	92	205	226	259	216	222	1.23	3.95
K16	S	PP_3117	+		hypothetical protein	274	201	99	137	300	231	229	287	1.21	4.00
K16	-	PP_4139	+		hypothetical protein	319	582	74	163	475	559	383	504	2.37	6.85
K16	T	PP_4405	-		diguanylate cyclase with PAS/PAC sensor	108	114	64	128	140	130	159	112	1.30	3.22
K16	C	PP_5346	-	oadA	pyruvate carboxylase subunit B	560	444	245	605	585	650	509	451	1.06	3.09
K17	C	PP_1755	-	fumC-2	fumarate hydratase	343	307	509	529	445	439	156	455	1.70	4.24
K17	-	PP_1837	+		hypothetical protein	198	239	182	263	270	328	86	183	1.09	3.41
K17	-	PP_2292	-		hypothetical protein	476	522	349	1101	638	642	175	462	1.25	3.80

K17	-	PP_3693	-	transcriptional regulator MvaT, P16 subunit, putative	564	694	499	658	730	626	212	486	1.23	3.36
K17	O	PP_4255	+	ccoN-2	889	594	624	1172	751	770	285	681	1.13	3.17
K17	O	PP_4257	+	ccoQ-2	901	464	708	1206	725	608	256	655	1.47	3.95
K17	G	PP_4301	+	pykF	84	71	108	164	90	121	27	66	1.30	3.68
K17	S	PP_4957	-	hypothetical protein	239	171	426	360	279	248	120	219	1.82	4.82
K17	R	PP_4958	-	hypothetical protein	414	379	613	573	476	428	219	331	1.49	4.01
K18	-	PP_0040	+	hypothetical protein	342	478	225	97	273	320	362	183	0.91	3.14
K18	S	PP_2615	-	hcp-1	198	266	149	15	257	262	451	38	1.60	3.54
K18	S	PP_3089	-	hypothetical protein	1720	2229	1001	155	1670	2225	4058	301	2.02	5.04
K18	E	PP_3775	-	sarcosine oxidase, putative	638	1632	377	333	624	609	504	276	1.42	3.01
K18	P	PP_3828	+	modA	193	214	109	55	221	186	230	156	1.28	3.51
K18	-	PP_3909	-	molybdenum ABC transporter periplasmic molybdate-binding protein	1306	1458	325	71	1084	1197	772	142	1.25	3.87
K18	N	PP_4377	-	hypothetical protein	1130	1935	486	343	737	1151	777	157	1.13	3.04
K18	R	PP_4448	+	flagellin FlaG, putative	539	685	188	271	451	440	606	147	1.69	3.71
K19	E	PP_0552	-	hypothetical protein	30	26	750	49	44	37	89	74	3.07	5.96
K19	R	PP_0553	-	adh	14	9	857	3	15	10	123	48	2.80	5.61
K19	C	PP_0554	-	acoB	48	31	1127	24	34	41	188	68	2.59	5.09
K19	C	PP_0555	-	pyruvate dehydrogenase, beta subunit	22	8	1363	7	22	23	268	43	2.35	4.69
K19	J	PP_0951	-	acoA	3257	5652	7608	7432	2589	3232	5766	4523	0.81	3.46
K19	-	PP_1660	+	sigma 54 modulation protein/ribosomal protein S30EA	207	99	1117	1182	196	146	316	283	2.06	5.91
K19	-	PP_4887	-	hypothetical protein	126	173	243	195	109	112	199	80	1.28	3.32
K20	I	PP_0763	+	long-chain-fatty-acid--CoA ligase	154	233	336	185	268	351	1170	218	1.80	5.81
K20	K	PP_1522	+	cspA-1	500	465	408	511	528	344	1032	647	1.34	3.17
K20	I	PP_3123	+	3-oxoacid CoA-transferase subunit B	89	38	102	87	124	89	165	100	0.69	3.01
K20	R	PP_3748	+	hypothetical protein	30	15	218	65	42	21	1219	80	2.48	5.26
K20	O	PP_4280	+	glcG	120	74	303	165	112	88	928	173	1.61	3.75
K20	J	PP_4435	+	hypothetical protein	161	165	433	105	180	157	661	301	1.52	2.82
K20	Q	PP_4620	-	hypothetical protein	122	100	64	122	143	70	652	148	3.35	7.01
K21	O	PP_0407	+	heat shock protein DnaJ domain protein	239	142	183	183	249	282	213	275	0.99	3.08
K21	H	PP_0899	+	hypothetical protein	109	60	75	111	133	114	110	143	0.83	3.44
K21	R	PP_1725	-	type I phosphodiesterase/nucleotide pyrophosphatase	128	75	146	207	176	139	217	241	0.90	3.62
K21	I	PP_2216	+	acyl-CoA dehydrogenase domain-containing protein	122	76	122	149	133	136	197	134	0.83	3.08
K21	T	PP_2665	-	LuxR family two component transcriptional regulator	983	96	353	525	392	281	709	684	1.56	5.40
K21	C	PP_2682	+	iron-containing alcohol dehydrogenase	639	137	253	361	270	279	373	388	1.24	3.39
K21	-	PP_2705	+	hypothetical protein	154	91	117	289	216	202	169	297	1.15	3.88
K22	-	PP_0092	-	putative lipoprotein	54	26	37	56	143	99	107	154	1.27	5.16
K22	Q	PP_0169	+	TauD/TfdA family dioxygenase	123	75	39	48	311	110	124	85	1.33	4.74
K22	E	PP_0198	+	amino acid transporter LysE	306	364	65	237	332	238	199	165	1.62	3.22

Supplemental Table S3-1-2. PAO1株においてpCAR1を保持した際に転写プロファイルが変化した241個のORF

Cluster	COG	Locus Tag	Strand	Gene	Product Name	PAO1				PAO1(pCAR1)				d(max)	A(sum)
						2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h		
A1	S	PA0263	-	hcpC	secreted protein Hcp	1882	689	42	115	2310	1144	246	296	1.94	7.01
A1	J	PA0579	-	rrsU	30S ribosomal protein S21	1924	1761	13	37	1434	1353	168	172	1.42	4.80
A1	M	PA0973	+	oprL	Peptidoglycan associated lipoprotein OprL precursor	1589	1402	62	90	1346	1178	113	194	1.10	3.10
A1	F	PA1156	-	nrdA	NrdA, catalytic component of class Ia ribonucleotide reductase	895	1221	24	71	972	1032	61	204	1.52	1.96
A1	C	PA1183	+	dctA	C4-dicarboxylate transport protein	1517	1410	53	57	1642	1489	158	80	1.30	3.19
A1	N	PA1447	+	flhQ	flagellar biosynthetic protein FlhQ	98	113	75	58	116	138	137	92	0.86	3.08
A1	S	PA1512	-	hcpA	secreted protein Hcp	1270	678	107	34	1945	914	468	210	2.13	7.44
A1	H	PA1546	-	hemN	oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase	86	394	23	34	606	1084	29	45	2.81	5.73
A1	C	PA1552	-	cocP1	Cytochrome c oxidase, cbb3-type, CcoP subunit	1586	1217	64	51	1189	1106	117	232	1.86	4.07
A1	-	PA1552.1	-	cocQ1	Cytochrome c oxidase, cbb3-type, CcoQ subunit	1873	1866	70	135	1728	2046	236	429	1.75	5.42
A1	C	PA1553	-	cocO1	Cytochrome c oxidase, cbb3-type, CcoO subunit	991	1267	44	44	989	1067	60	198	1.63	2.13
A1	C	PA1555	-	cocP2	Cytochrome c oxidase, cbb3-type, CcoP subunit	83	105	10	17	306	248	21	25	1.88	4.38
A1	O	PA1557	-	cocN2	Cytochrome c oxidase, cbb3-type, CcoN subunit	313	612	49	56	1149	1293	53	145	1.88	5.22
A1	C	PA1580	-	glrA	citrate synthase	1486	1572	241	251	1520	1574	355	722	1.52	2.68
A1	C	PA1583	+	sdhA	succinate dehydrogenase (A subunit)	1508	1600	44	28	1474	1370	77	195	1.60	2.38
A1	C	PA1584	+	sdhB	succinate dehydrogenase (B subunit)	1733	1690	40	36	1778	1660	100	236	1.88	3.18
A1	C	PA1585	+	sucA	2-oxoglutarate dehydrogenase (E1 subunit)	1408	1631	70	96	1491	1486	142	226	1.23	3.30
A1	C	PA1589	+	sucD	succinyl-CoA synthetase alpha chain	1519	1541	38	64	1682	1506	146	166	1.37	3.85
A1	S	PA1658	+		conserved hypothetical protein	104	258	86	82	335	321	139	272	1.73	5.44
A1	S	PA1666	+		hypothetical protein	35	105	1	16	177	154	30	102	1.47	3.24
A1	P	PA1673	+		hypothetical protein	27	244	5	24	223	572	12	39	1.80	4.26
A1	C	PA1787	-	acnB	aconitate hydratase 2	932	1112	76	63	888	927	105	376	2.55	3.73
A1	-	PA2760	+	oprQ	OprQ	1552	1430	58	110	1466	1548	182	279	1.51	4.57
A1	J	PA2970	-	rrmF	50S ribosomal protein L32	1960	1528	105	82	1814	1276	249	360	2.14	4.84
A1	J	PA3162	-	rrsA	30S ribosomal protein S1	2555	2292	87	92	2406	2217	170	376	2.04	4.07
A1	J	PA3656	-	rrsB	30S ribosomal protein S2	3096	2668	139	117	2969	2647	322	426	1.86	4.36
A1	-	PA3661	+		hypothetical protein	404	802	62	151	470	449	202	163	1.66	3.87
A1	J	PA3743	-	trmD	tRNA (guanine-N1)-methyltransferase	1631	1506	90	29	1537	1322	167	175	1.45	3.38
A1	J	PA3744	-	rimM	16S rRNA processing protein	2126	1918	90	33	2039	1562	224	249	1.96	4.78
A1	J	PA3745	-	rrsP	30S ribosomal protein S16	2482	2140	107	109	2208	2009	334	423	1.96	5.42
A1	F	PA3807	-	ndk	nucleoside diphosphate kinase	1628	1553	75	90	1397	1424	130	224	1.32	3.17
A1	M	PA4067	+	oprG	Outer membrane protein OprG precursor	153	857	33	112	1004	1557	57	148	2.71	4.83
A1	J	PA4237	-	rplQ	50S ribosomal protein L17	1714	2004	121	118	2135	2004	751	567	2.63	7.85
A1	K	PA4238	-	rpoA	DNA-directed RNA polymerase alpha chain	2671	2489	134	92	2643	2414	229	393	2.09	3.65

AI	J	PA4239	-	rpsD	30S ribosomal protein S4	2434	2217	87	56	2242	2161	216	305	2.25	4.99
AI	J	PA4240	-	rpsK	30S ribosomal protein S11	3335	2783	110	143	3374	2734	378	641	2.16	5.71
AI	J	PA4242	-	rpmJ	50S ribosomal protein L36	3048	2665	118	86	2763	2608	185	316	1.88	3.33
AI	U	PA4243	-	secY	secretion protein SecY	2805	2330	130	42	2709	2354	217	346	2.43	3.97
AI	J	PA4244	-	rplO	50S ribosomal protein L15	2514	2258	135	70	2466	2153	300	389	2.47	4.81
AI	J	PA4245	-	rpmD	50S ribosomal protein L30	3072	2806	87	68	2915	2695	387	436	2.68	7.06
AI	J	PA4246	-	rpsE	30S ribosomal protein S5	2871	2538	116	73	2822	2596	471	594	3.01	7.12
AI	J	PA4247	-	rplR	50S ribosomal protein L18	3004	2969	180	86	2783	2703	417	548	2.66	5.23
AI	J	PA4248	-	rplF	50S ribosomal protein L6	2829	2563	142	89	2908	2650	273	329	1.89	3.91
AI	J	PA4249	-	rpsH	30S ribosomal protein S8	2948	2511	88	73	2557	2299	178	408	2.48	4.74
AI	J	PA4250	-	rpsN	30S ribosomal protein S14	1639	1416	64	53	1619	1594	90	283	2.15	3.47
AI	J	PA4251	-	rplE	50S ribosomal protein L5	3322	2921	272	164	3160	3202	532	672	2.03	4.21
AI	J	PA4252	-	rplX	50S ribosomal protein L24	2786	2299	169	68	2806	2568	174	408	2.59	3.00
AI	J	PA4253	-	rplN	50S ribosomal protein L14	2982	2549	167	92	2803	2577	242	515	2.48	3.65
AI	J	PA4254	-	rpsQ	30S ribosomal protein S17	2976	2785	133	65	2934	2585	260	456	2.82	4.80
AI	J	PA4256	-	rplP	50S ribosomal protein L16	2352	2319	111	61	2412	2309	158	263	2.04	3.09
AI	J	PA4257	-	rpsC	30S ribosomal protein S3	2291	2426	116	59	2433	2434	363	355	2.47	5.87
AI	J	PA4258	-	rplV	50S ribosomal protein L22	1999	2349	107	56	2300	2123	156	233	1.87	3.04
AI	J	PA4259	-	rpsS	30S ribosomal protein S19	2624	2688	140	58	2917	2553	233	439	2.78	4.32
AI	J	PA4260	-	rplB	50S ribosomal protein L2	2271	2170	131	45	2335	2123	194	325	2.35	3.48
AI	J	PA4261	-	rplW	50S ribosomal protein L23	2323	2207	100	26	2251	1981	188	285	2.16	4.08
AI	J	PA4262	-	rplD	50S ribosomal protein L4	2800	2751	93	22	2911	2518	243	415	2.70	5.46
AI	J	PA4263	-	rplC	50S ribosomal protein L3	2645	2619	158	73	2706	2366	296	492	2.76	4.59
AI	J	PA4264	-	rpsJ	30S ribosomal protein S10	2131	2030	102	58	2052	1768	177	231	1.85	3.58
AI	J	PA4265	-	tufA	elongation factor Tu	1135	1398	64	76	1536	1280	181	230	1.61	4.86
AI	J	PA4266	-	fusA1	elongation factor G	2556	2370	98	56	2613	2433	216	329	2.36	4.76
AI	J	PA4267	-	rpsG	30S ribosomal protein S7	3451	2930	245	175	3560	2995	350	877	2.33	3.46
AI	J	PA4268	-	rpsL	30S ribosomal protein S12	3123	2553	122	95	2805	2511	266	550	2.53	4.93
AI	K	PA4269	-	rpoC	DNA-directed RNA polymerase beta* chain	1193	1440	56	40	1302	1305	166	170	1.41	4.18
AI	K	PA4270	-	rpoB	DNA-directed RNA polymerase beta chain	1174	1418	63	51	1300	1229	178	184	1.52	4.49
AI	J	PA4271	-	rplL	50S ribosomal protein L7 / L12	2377	2276	73	47	2457	2302	163	241	1.91	4.30
AI	J	PA4272	-	rplJ	50S ribosomal protein L10	3990	2991	305	120	3638	3367	552	583	2.28	4.31
AI	J	PA4273	-	rplA	50S ribosomal protein L1	2527	2213	98	69	2402	2188	308	363	2.40	5.77
AI	J	PA4274	-	rplK	50S ribosomal protein L11	3535	2939	155	78	3477	2865	644	699	3.16	7.29
AI	U	PA4276	-	secE	secretion protein SecE	1692	1347	54	39	1482	1352	142	208	1.70	4.19
AI	J	PA4277	-	tufB	elongation factor Tu	2996	2670	204	314	3072	2757	676	753	1.73	4.84
AI	J	PA4433	-	rplM	50S ribosomal protein L13	3573	2558	124	107	2895	2564	145	424	1.99	2.75
AI	J	PA4567	-	rpmA	50S ribosomal protein L27	1099	1098	47	50	1184	1098	148	107	1.21	3.27
AI	J	PA4568	-	rplU	50S ribosomal protein L21	3106	2588	279	152	3210	2892	461	622	2.03	3.85
AI	J	PA4671	+		probable ribosomal protein L25	2145	1895	52	37	1975	1929	210	248	1.95	5.51

A1	E	PA4694	-	ilvC	ketol-acid reductoisomerase	1290	1372	43	45	1117	1239	91	240	1.91	3.20
A1	E	PA4695	-	ilvH	acetolactate synthase isozyme III small subunit	1542	1293	15	10	1173	1162	21	207	1.70	2.40
A1	E	PA4696	-	ilvI	acetolactate synthase large subunit	1049	994	39	43	918	818	47	197	1.62	2.37
A1	-	PA4933	-		hypothetical protein	1538	1506	93	23	1535	1515	197	180	1.49	3.69
A1	J	PA4934	-	rpsR	30S ribosomal protein S18	1994	1872	219	66	1839	1881	290	280	2.08	3.01
A1	J	PA4935	-	rpsF	30S ribosomal protein S6	2348	2051	166	70	2236	1815	200	285	2.03	2.78
A1	S	PA5267	-	hcpB	secreted protein Hcp	2931	1568	224	196	3222	2118	744	679	1.79	6.26
A1	C	PA5554	-	atpD	ATP synthase beta chain	1637	1856	57	34	1684	1754	131	255	2.00	4.06
A1	C	PA5555	-	atpG	ATP synthase gamma chain	2118	2224	86	20	2105	2170	84	213	1.73	1.82
A1	C	PA5556	-	atpA	ATP synthase alpha chain	2016	2100	69	10	2020	1949	181	282	2.14	4.92
A1	C	PA5557	-	atpH	ATP synthase delta chain	2045	2243	77	13	2044	2175	128	303	2.24	3.70
A1	C	PA5558	-	atpF	ATP synthase B chain	2313	2277	59	3	2213	2054	54	252	1.98	2.34
A1	C	PA5559	-	atpE	atp synthase C chain	2420	2459	131	29	2381	2500	196	672	3.39	4.60
A1	C	PA5560	-	atpB	ATP synthase A chain	1717	1656	43	51	1675	1528	98	216	1.76	3.06
A1	J	PA5569	-	rnpA	ribonuclease P protein component	2796	2326	81	73	2471	2057	241	444	2.60	5.96
A1	-	PA5570	-	rpmH	50S ribosomal protein L34	5014	3503	121	242	4250	3235	289	810	1.74	4.52
A2	I	PA0447	-	gcdH	glutaryl-CoA dehydrogenase	26	35	459	464	18	30	178	189	1.37	4.03
A2	E	PA0484	+		conserved hypothetical protein	9	11	152	266	40	27	50	170	1.25	3.14
A2	S	PA0565	+		conserved hypothetical protein	2	21	1402	428	9	17	737	2325	2.44	2.95
A2	S	PA0567	+		conserved hypothetical protein	23	10	476	355	1	15	223	1039	1.55	2.45
A2	-	PA0826	-		hypothetical protein	13	19	209	236	17	30	70	157	1.57	3.74
A2	E	PA0865	+	hpd	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	10	17	484	1446	25	27	939	120	3.59	3.99
A2	E	PA0872	-	phhA	phenylalanine-4-hydroxylase	35	65	219	488	33	49	299	101	2.27	2.42
A2	S	PA0960	+		hypothetical protein	176	207	567	832	161	193	272	459	1.06	3.31
A2	M	PA1041	+		probable outer membrane protein precursor	13	31	439	1392	29	52	155	963	1.50	3.54
A2	-	PA1324	+		hypothetical protein	12	6	449	516	12	2	141	956	1.67	3.07
A2	-	PA1414	+		hypothetical protein	43	321	797	1055	232	579	404	571	1.86	5.49
A2	F	PA1515	-	alc	allantoicase	14	44	217	296	34	66	95	169	1.19	3.19
A2	G	PA1517	-		conserved hypothetical protein	33	122	331	513	67	156	172	279	0.95	3.02
A2	R	PA1518	+		conserved hypothetical protein	41	69	187	352	40	69	94	170	1.05	3.05
A2	-	PA1874	+		hypothetical protein	7	18	215	977	18	16	46	755	1.75	3.86
A2	-	PA1974	+		hypothetical protein	16	19	310	707	14	11	153	2057	1.54	2.35
A2	G	PA1982	-	exaA	quinoprotein ethanol dehydrogenase	30	49	1039	1056	34	36	407	3229	1.61	2.85
A2	C	PA1983	+	exaB	cytochrome c550	48	128	3128	615	74	42	2527	4910	3.00	4.92
A2	C	PA1984	+	exaC	NAD+ dependent aldehyde dehydrogenase ExaC	120	283	3616	1355	277	236	2697	4674	1.79	3.25
A2	-	PA1985	+	pqqA	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein A	42	130	2796	1879	136	94	1628	3660	1.08	3.03
A2	K	PA2016	-	liuR	regulator of liu genes	3	24	375	477	59	67	422	123	1.96	2.10
A2	-	PA2174	-		hypothetical protein	1	10	172	313	7	3	56	217	1.43	3.39
A2	N	PA2573	-		probable chemotaxis transducer	9	17	392	678	26	22	177	360	1.15	3.21
A2	K	PA2622	+	cspD	cold-shock protein CspD	207	424	1125	2621	332	529	581	1850	0.95	3.25

A2	-	PA2779	-	hypothetical protein	23	35	977	1335	43	34	414	719	1.24	3.37
A2	-	PA2799	+	hypothetical protein	74	25	353	460	49	62	148	276	1.26	3.45
A2	-	PA2958.1	+	RgsA	1	18	230	612	8	6	88	392	1.39	3.42
A2	S	PA3040	+	conserved hypothetical protein	83	143	449	565	52	127	218	443	1.04	3.15
A2	J	PA3049	+	ribosome modulation factor	54	114	3021	3636	157	197	2433	2610	1.29	3.53
A2	G	PA3182	-	rnf	55	73	279	361	108	120	181	135	1.41	4.17
A2	G	PA3183	-	pgl	29	40	185	201	65	55	77	100	1.27	3.57
A2	G	PA3183	-	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	38	56	211	276	50	58	102	117	1.24	3.34
A2	E	PA3194	-	zwf	26	24	871	1064	34	51	393	341	1.64	3.93
A2	G	PA3195	+	edd	5	17	375	122	51	12	224	396	1.70	2.15
A2	G	PA3195	+	phosphogluconate dehydratase	1	9	425	617	11	26	182	208	1.57	4.02
A2	-	PA3231	-	gapA	9	8	527	797	17	14	317	247	1.69	3.16
A2	-	PA3231	-	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase	5	3	629	909	9	29	492	297	1.61	2.32
A2	-	PA3415	-	hypothetical protein	326	959	1455	2306	1030	408	667	1629	1.66	5.47
A2	C	PA3415	-	probable dihydrolipoamide acetyltransferase	35	90	3687	2437	78	240	4682	1952	1.41	3.79
A2	C	PA3416	-	probable pyruvate decarboxylase E1 component, beta chain	28	116	1664	342	95	127	1481	2221	2.70	3.40
A2	C	PA3417	-	probable pyruvate dehydrogenase E1 component, alpha subunit	62	145	857	320	107	159	690	1388	2.12	3.01
A2	C	PA3417	-	probable pyruvate dehydrogenase E1 component, alpha subunit	20	74	284	159	61	45	229	500	1.65	2.17
A2	P	PA3531	+	bacterioferritin	8	22	147	312	16	27	45	198	1.20	3.05
A2	T	PA3919	-	conserved hypothetical protein	21	39	2206	3549	49	12	427	2817	2.37	5.07
A2	E	PA4023	+	probable transport protein	36	134	266	985	60	106	734	249	1.98	3.35
A2	E	PA4024	+	ethanolamine ammonia-lyase large subunit	45	149	647	777	117	353	573	552	1.24	3.89
A2	E	PA4025	+	probable ethanolamine ammonia-lyase light chain	127	187	356	513	167	185	152	418	1.23	3.16
A2	U	PA4305	-	repC	18	15	532	2045	34	31	212	1269	1.33	3.34
A2	U	PA4306	+	flp	77	53	206	416	78	129	90	285	1.20	3.89
A2	-	PA4590	-	protein activator	16	23	148	561	35	34	67	313	1.15	3.15
A2	S	PA4611	-	hypothetical protein	32	20	334	46	32	14	112	129	1.58	2.94
A2	M	PA4614	+	conductance mechanosensitive channel	167	308	372	174	199	251	206	552	1.66	2.80
A2	S	PA4648	+	hypothetical protein	30	243	3568	507	120	352	2837	3320	2.71	4.35
A2	S	PA5424	-	conserved hypothetical protein	10	8	387	37	3	14	189	559	3.13	3.64
A2	S	PA5460	+	hypothetical protein	12	15	392	55	6	18	259	603	3.24	3.42
A3	-	PA0215	+	malonate transporter MadL	28	19	99	47	20	18	56	197	1.62	1.98
A3	C	PA0482	-	malate synthase G	52	7	149	42	1	8	69	687	3.42	3.97
A3	I	PA0887	+	acetyl-coenzyme A synthetase	24	43	1056	147	32	39	640	1904	3.70	3.93
A3	S	PA1975	+	hypothetical protein	22	21	654	105	1	34	475	1409	3.75	3.85
A3	T	PA1976	+	ercS'	30	64	606	146	45	38	474	1305	3.16	3.23
A3	T	PA1980	+	response regulator EraR	28	23	468	102	34	40	285	977	3.27	3.52
A3	S	PA1981	-	hypothetical protein	27	29	118	55	25	24	101	275	2.10	2.14
A3	R	PA1986	+	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein B	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28
A3	R	PA1986	+	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein B	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28
A3	H	PA1987	+	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein C	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28
A3	-	PA1988	+	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein D	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28
A3	R	PA1989	+	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein E	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28
A3	E	PA1990	+	pqqH	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28
A3	H	PA2679	-	hypothetical protein	9	12	166	41	24	28	120	276	2.11	2.28

A3	-	PA3038	+		probable porin	28	214	831	380	112	226	1303	1784	2.23	4.49
A3	L	PA2322	-		probable nuclease	51	57	311	62	43	63	223	580	3.18	3.31
A3	T	PA2233	-		hypothetical protein	13	35	303	41	13	17	189	505	2.98	3.23
A3	R	PA2234	-		probable sodium:solute symporter	11	67	2169	117	35	84	1235	2620	4.49	4.93
A3	S	PA2235	-		conserved hypothetical protein	3	47	3395	241	54	88	2147	3312	3.78	4.34
A3	I	PA3568	-		probable acetyl-coa synthetase	19	18	235	75	25	19	311	246	1.72	2.53
A3	J	PA3614	+		hypothetical protein	32	86	210	116	97	221	112	292	1.37	4.32
A3	N	PA4290	-		probable chemotaxis transducer	25	39	609	66	19	41	260	873	3.72	4.32
A4	S	PA0141	-		conserved hypothetical protein	27	53	28	36	68	202	23	29	1.66	3.41
A4	-	PA0200	-		hypothetical protein	31	118	46	52	108	326	27	31	1.46	3.69
A4	C	PA0518	-	nirM	cytochrome c-551 precursor	42	63	36	38	124	130	48	66	1.03	3.04
A4	C	PA0519	-	nirS	nitrite reductase precursor	52	71	3	8	176	199	25	34	1.49	4.44
A4	T	PA0527	-	dnr	transcriptional regulator Dnr	25	124	1	1	90	307	1	3	1.30	3.09
A4	E	PA2119	-		alcohol dehydrogenase (Zn-dependent)	23	86	12	12	130	283	12	14	1.72	4.46
A4	-	PA3305.1	-	phrS	PhrS	85	970	232	217	718	1925	286	266	3.08	5.95
A4	T	PA3309	+		conserved hypothetical protein	49	141	61	134	162	398	92	112	1.50	5.31
A4	S	PA3880	+		conserved hypothetical protein	12	75	27	45	95	184	43	25	1.29	3.14
A4	T	PA4328	+		hypothetical protein	26	79	39	84	99	286	33	64	1.85	4.73
A4	C	PA4348	-		conserved hypothetical protein	12	115	1	6	99	284	2	6	1.31	3.26
A4	P	PA4359	-		conserved hypothetical protein	61	178	2	1	65	657	7	20	1.88	3.79
A4	P	PA4587	+	ccpR	cytochrome c551 peroxidase precursor	26	57	6	16	158	181	54	29	1.50	4.30
A4	E	PA5170	+	arcD	arginine/ornithine antiporter	36	228	76	175	252	986	52	120	2.11	6.79
A4	R	PA5427	+	adhA	alcohol dehydrogenase	7	62	13	23	78	175	15	17	1.45	3.20
A4	-	PA5475	-		hypothetical protein	27	80	1	2	159	307	2	8	1.93	5.17
A5	-	PA0362	-	fdx1	ferredoxin [4Fe-4S]	282	424	121	199	299	320	40	148	0.92	3.03
A5	-	PA0554	+		hypothetical protein	317	432	241	218	258	306	146	171	0.72	3.09
A5	P	PA0589	-		conserved hypothetical protein	188	247	112	133	115	164	64	177	0.80	3.35
A5	U	PA1034	-		hypothetical protein	516	330	102	126	204	389	147	208	1.34	3.19
A5	C	PA1581	+	sdhC	succinate dehydrogenase (C subunit)	1968	2054	41	88	1981	1850	49	274	1.64	1.94
A5	C	PA1582	+	sdhD	succinate dehydrogenase (D subunit)	2585	2520	83	116	2549	2456	91	513	2.14	2.46
A5	I	PA1869	+		probable acyl carrier protein	140	296	9	50	72	122	19	54	1.28	3.52
A5	V	PA4064	+		probable ATP-binding component of ABC transporter	100	788	22	73	51	671	25	220	1.60	2.70
A5	C	PA5350	-	rubA2	Rubredoxin 2	300	432	103	287	243	293	16	149	0.95	3.74
A5	M	PA5531	-	tonB1	TonB1	274	319	30	61	77	299	72	75	1.84	2.47
A6	I	PA0746	-		probable acyl-CoA dehydrogenase	52	55	146	87	83	95	302	71	1.05	3.46
A6	C	PA0747	-		probable aldehyde dehydrogenase	47	40	300	184	113	92	539	89	1.04	3.65
A6	-	PA3501	-		hypothetical protein	21	88	74	44	48	52	198	27	1.43	3.08
A6	I	PA3569	-	mmsB	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase	17	29	124	56	72	43	362	56	1.54	3.25
A6	C	PA3570	-	mmsA	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase	35	18	236	98	137	71	624	76	1.40	4.00
A6	I	PA4148	+		probable short-chain dehydrogenase	5	23	85	15	2	16	1375	20	4.02	8.04

A6	S	PA4149	+	conserved hypothetical protein	23	31	85	6	21	16	825	25	3.27	6.55
A6	Q	PA4918	+	hypothetical protein	8	149	126	122	60	215	308	111	1.29	3.54
A7	N	PA1093	+	hypothetical protein	248	384	530	545	294	268	303	366	0.81	3.13
A7	P	PA1297	-	probable metal transporter	103	90	93	197	71	43	28	97	1.02	3.64
A7	P	PA3032	-	snr1 cytochrome c Snr1	25	14	166	463	18	10	108	108	2.10	3.35
A7	G	PA3181	-	2-keto-3-deoxy-6-phosphogluconate aldolase	20	23	128	139	22	42	49	41	1.11	3.12
A7	G	PA3190	-	probable binding protein component of ABC sugar transporter	184	78	264	782	249	121	113	500	1.22	3.95
A7	-	PA3260	-	probable transcriptional regulator	139	189	287	376	129	184	119	231	1.26	3.42
A7	-	PA3361	+	lecB fucose-binding lectin PA-III	9	4	121	201	20	13	97	69	1.54	2.18
A7	S	PA5446	+	hypothetical protein	335	290	555	1374	502	412	412	674	1.03	3.01
A8	-	PA0769	+	hypothetical protein	526	619	322	577	496	440	147	326	1.13	4.15
A8	T	PA1616	+	conserved hypothetical protein	123	160	100	143	80	101	61	102	0.67	3.74
A8	M	PA2232	+	pslB	207	320	155	281	176	268	76	219	1.03	3.17
A8	T	PA2797	-	hypothetical protein	211	223	126	299	183	169	76	197	0.73	3.07
A8	-	PA2894	-	hypothetical protein	99	119	84	135	69	86	48	73	0.88	3.13
A8	S	PA3566	+	conserved hypothetical protein	102	217	151	189	146	234	78	100	0.95	3.36
A8	-	PA3962	+	hypothetical protein	189	252	153	223	198	214	70	151	1.12	3.23
A8	G	PA4466	+	probable phosphoryl carrier protein	227	214	102	219	190	167	48	118	0.90	3.21
A9	S	PA0320	+	conserved hypothetical protein	83	65	29	38	296	93	54	51	1.83	2.84
A9	S	PA1667	+	hypothetical protein	64	75	26	37	136	117	31	100	1.09	3.01
A9	N	PA2128	+	cupA1 fimbrial subunit CupA1	80	85	31	34	241	90	19	30	1.60	1.74
A9	S	PA2659	-	hypothetical protein	136	206	57	241	391	207	101	142	1.53	2.92
A9	H	PA3915	-	moaB1 molybdopterin biosynthetic protein B1	110	80	64	110	192	142	83	85	0.83	3.22
A10	Q	PA2507	-	catechol 1,2-dioxygenase	24	22	57	34	22	20	61	182	1.51	1.51
A10	Q	PA2508	-	catC muconolactone delta-isomerase	8	2	44	1	1	1	18	234	1.87	1.87
A10	C	PA2634	+	aceA isocitrate lyase AceA	165	337	481	104	234	329	358	2406	4.54	5.12
A10	Q	PA3331	+	cytochrome P450	34	138	30	63	22	74	43	177	1.47	3.25
A10	C	PA5445	+	probable coenzyme A transferase	11	97	59	28	50	113	76	194	1.60	2.52
A11	R	PA0616	+	hypothetical protein	20	229	55	139	84	129	187	137	1.55	3.52
A11	-	PA0633	+	hypothetical protein	36	270	111	176	77	142	232	224	1.06	3.18
A11	J	PA3601	-	conserved hypothetical protein	190	1591	480	584	32	1714	352	564	1.57	2.36
A11	-	PA4063	+	hypothetical protein	343	2364	414	1234	99	2529	411	1439	1.79	2.00
A11	-	PA4884	-	hypothetical protein	140	227	58	130	40	96	95	160	1.24	4.27
A12	I	PA0208	+	mdcA malonate decarboxylase alpha subunit	1	10	307	23	18	4	48	34	2.26	4.53
A12	R	PA0619	+	probable bacteriophage protein	36	238	87	119	99	147	265	148	1.60	3.91
A12	O	PA1203	+	hypothetical protein	99	269	156	115	115	159	75	174	1.06	3.34
A12	S	PA1657	+	conserved hypothetical protein	162	361	190	121	492	457	323	406	1.74	5.57
A12	T	PA1789	-	hypothetical protein	123	224	233	502	238	583	201	316	1.38	4.44
A12	I	PA2014	-	liuB methylcrotonyl-CoA carboxylase, beta-subunit	9	20	267	189	25	14	150	64	1.56	3.23

A12	I	PA2015	-	liuA	putative isovaleryl-CoA dehydrogenase	10	23	462	388	15	31	299	90	2.10	3.36
A12	-	PA2027	-		hypothetical protein	188	80	50	42	226	139	432	49	2.76	7.38
A12	-	PA2501	-		hypothetical protein	54	189	140	382	148	258	93	277	1.21	3.24
A12	-	PA4139	+		hypothetical protein	61	133	163	289	208	260	182	448	1.70	4.60
A12	O	PA4582	+		conserved hypothetical protein	37	78	52	36	359	264	384	155	2.58	12.46
A12	S	PA4583	+		conserved hypothetical protein	17	43	22	2	182	116	140	74	1.51	5.69
A12	R	PA4813	-	lipC	lipase LipC	4	2	68	194	11	6	115	43	1.60	2.08
A12	E	PA5171	+	arcA	arginine deiminase	51	145	128	251	130	326	72	175	1.17	4.57
A12	E	PA5304	-	dadA	D-amino acid dehydrogenase, small subunit	35	84	288	276	48	211	375	213	1.33	3.41

Supplemental Table S3-1-3. Pf0-1株においてpCAR1を保持した際に転写プロファイルが変化した92個のORF

Cluster	COG	Locus Tag	Strand	Gene	Product Name	Pf0-1				Pf0-1(pCAR1)				d(max)	A(sum)
						2 h	4 h	6 h	8 h	2 h	4 h	6 h	8 h		
F1	Pf01_1138	+	-		hypothetical protein	11	57	79	81	84	237	101	199	1.89	6.17
F1	Pf01_1139	+	R		Phage baseplate assembly protein V	8	64	85	123	135	284	96	208	2.14	6.46
F1	Pf01_1140	+	R		hypothetical protein	34	89	78	101	97	224	107	219	1.32	5.26
F1	Pf01_1142	+	R		Phage tail protein I	26	63	81	101	111	174	114	168	1.45	5.39
F1	Pf01_1143	+	R		Phage Tail Collar	21	49	131	145	114	241	158	243	1.92	5.95
F1	Pf01_1144	+	-		hypothetical protein	18	74	192	186	143	263	211	336	1.83	5.96
F1	Pf01_1145	+	R		Phage tail sheath protein FI-like	26	80	231	286	176	474	208	458	2.56	7.02
F1	Pf01_1146	+	R		hypothetical protein	6	78	288	314	214	452	315	607	2.54	8.03
F1	Pf01_1147	+	-		hypothetical protein	10	29	73	84	61	137	85	142	1.10	3.38
F1	Pf01_1148	+	R		Phage tail tape measure protein TP901, core region	10	43	140	175	101	254	178	308	1.99	6.16
F1	Pf01_1149	+	R		Phage protein U-like	1	80	218	179	122	237	190	376	1.56	4.84
F1	Pf01_1150	+	R		Phage tail X	10	90	177	216	81	375	224	502	2.06	6.36
F1	Pf01_1151	+	R		Phage protein D-like	15	50	197	171	131	283	157	353	2.14	5.95
F1	Pf01_1152	+	-		hypothetical protein	25	61	294	372	139	451	363	582	2.82	8.00
F1	Pf01_1153	+	-		hypothetical protein	60	79	459	496	103	536	635	978	2.76	8.12
F1	Pf01_1154	+	R		Bacteriophage Mu tail sheath	43	192	472	634	311	908	593	858	2.28	7.86
F1	Pf01_1155	+	-		hypothetical protein	24	79	246	411	142	346	329	553	2.13	6.68
F1	Pf01_1156	+	-		sigma-factor domain-containing protein	26	70	134	164	113	211	181	263	1.59	5.53
F1	Pf01_1157	+	-		TMP	14	55	164	175	92	282	197	289	2.14	6.06
F1	Pf01_1158	+	R		DNA circulation-like	14	39	130	153	91	237	178	286	1.89	6.09
F1	Pf01_1159	+	R		Bacteriophage Mu P	18	67	181	208	119	371	214	424	2.47	7.34
F1	Pf01_1160	+	S		Phage baseplate assembly protein V	29	72	141	155	119	201	160	306	1.48	5.18
F1	Pf01_1161	+	S		Phage FluMu protein gp46	38	101	368	317	181	550	324	747	2.44	7.32
F1	Pf01_1162	+	S		Baseplate J-like protein	24	91	209	308	158	390	279	508	2.09	7.05
F1	Pf01_1163	+	S		tail protein, putative	17	26	86	119	61	137	113	243	1.10	4.01
F1	Pf01_1164	+	-		hypothetical protein	8	45	99	163	57	180	128	190	1.49	3.95
F1	Pf01_1167	+	-		hypothetical protein	1	49	115	164	77	200	140	237	1.64	4.66
F1	Pf01_1169	+	-		hypothetical protein	10	29	79	83	43	159	98	133	1.32	3.93
F1	Pf01_1170	+	-		Carbohydrate-binding, CenC-like	13	36	87	103	57	153	103	175	1.26	3.76
F1	Pf01_1172	+	R		Pyocin R2_PP, lytic enzyme	12	38	104	93	73	158	117	170	1.30	3.98
F2	Pf01_0382	-	U	tatA	twin arginine translocase protein A	362	322	94	134	264	219	23	83	0.69	3.38
F2	Pf01_0523	+	R	hfq	RNA-binding protein Hfq	610	922	144	347	716	506	51	219	1.17	4.59
F2	Pf01_0534	+	J	rpsF	30S ribosomal protein S6	1632	1592	215	39	1362	1049	50	51	1.75	4.97
F2	Pf01_0536	+	-		hypothetical protein	1292	949	181	39	1047	834	46	50	1.50	3.67
F2	Pf01_0855	-	G		PTS IIA-like nitrogen-regulatory protein PtsN	430	516	105	118	323	256	51	82	1.01	4.40
F2	Pf01_0973	+	E		extracellular solute-binding protein	756	670	295	416	730	520	121	314	1.29	3.76

F2	Pf101_1506	+	N	flgK	flagellar hook-associated protein FlgK	229	164	21	53	79	169	8	29	1.53	1.53
F2	Pf101_1528	+	N		Flagellar protein FlaG protein	286	130	92	13	76	150	60	19	1.92	2.72
F2	Pf101_1529	+	N		Flagellar hook-associated 2-like	439	266	68	79	111	267	35	57	1.99	2.45
F2	Pf101_1937	+	L	ihfA	integration host factor subunit alpha	386	351	121	209	314	201	50	181	0.91	3.94
F2	Pf101_3100	+	-		Cobalt transporter subunit CbtB, putative	1276	924	51	205	1135	384	31	81	1.35	4.05
F2	Pf101_4011	+	-		outer membrane lipoprotein Oprf	557	728	427	184	741	514	206	154	1.05	3.33
F2	Pf101_4059	-	-		hypothetical protein	206	239	91	101	166	116	36	49	1.04	4.07
F2	Pf101_4060	-	L	ihfB	integration host factor subunit beta	217	168	92	139	181	107	46	97	0.65	3.14
F2	Pf101_4174	-	S		hypothetical protein	246	170	15	18	169	70	1	25	1.28	3.10
F2	Pf101_4251	-	N	flgB	flagellar basal body rod protein FlgB	217	174	26	44	74	188	14	53	1.56	1.58
F2	Pf101_4255	+	K		Anti-Sigma-28 factor, FlgM	394	208	130	139	235	233	55	89	1.02	3.22
F2	Pf101_4883	-	T		Carbon starvation protein CstA	269	293	223	93	300	224	114	72	0.97	3.02
F2	Pf101_5480	-	N		CheA Signal transduction histidine Kinases	361	422	154	243	459	335	65	143	1.24	3.91
F2	Pf101_5506	-	E		nitrogen regulatory protein P-II	465	453	251	238	542	263	146	190	0.78	3.34
F2	Pf101_5600	-	L		nucleoid protein HU alpha subunit	212	224	129	161	245	186	46	111	1.01	3.07
F3	Pf101_0168	+	S		YbaK/prolyl-IRNA synthetase associated region	4	13	256	253	15	2	113	144	1.18	3.16
F3	Pf101_0695	+	C		methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase	83	100	225	231	98	67	120	188	0.91	3.16
F3	Pf101_0856	-	J		SSU ribosomal protein S30P / sigma 54 modulation pro	588	727	1488	929	599	427	671	806	1.15	4.02
F3	Pf101_1396	-	-		hypothetical protein	320	318	815	904	319	114	424	831	1.48	4.97
F3	Pf101_1734	+	-		hypothetical protein	18	28	1384	420	46	29	474	442	1.54	3.02
F3	Pf101_1787	-	J		Ribosome modulation factor	390	130	1528	1041	285	84	690	704	1.15	4.59
F3	Pf101_3590	-	O		ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA	115	109	278	208	120	80	121	136	1.20	3.87
F3	Pf101_3591	-	S	clpS	ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS	417	357	658	477	393	271	329	417	1.00	3.07
F3	Pf101_3881	+	T		hypothetical protein	135	132	276	321	126	80	169	242	0.72	3.35
F3	Pf101_3992	-	S		hypothetical protein	552	336	2149	497	414	213	1161	382	0.89	3.89
F3	Pf101_4008	+	-		hypothetical protein	29	14	391	405	19	24	173	242	1.18	3.10
F3	Pf101_4707	-	-		hypothetical protein	108	143	449	250	119	110	200	156	1.17	3.72
F3	Pf101_4708	-	-		hypothetical protein	117	197	650	333	151	149	303	279	1.10	3.26
F3	Pf101_4814	+	I		acetyl-CoA synthetase	77	50	483	298	65	50	203	199	1.25	3.32
F3	Pf101_4989	+	C		aldehyde dehydrogenase	677	140	1176	751	423	107	502	628	1.23	4.16
F4	Pf101_1132	+	K		RNA polymerase sigma factor RpoS	256	153	165	220	172	86	99	168	0.83	4.11
F4	Pf101_2585	-	-		hypothetical protein	546	486	401	380	446	213	188	384	1.19	4.85
F4	Pf101_4270	+	-		Arc-like DNA binding	377	195	195	271	274	181	78	206	1.33	3.71
F4	Pf101_5157	+	-	pqqA	coenzyme PQQ synthesis protein PqqA	160	109	137	230	162	77	97	103	1.16	3.14
F4	Pf101_5682	+	M		GDP-mannose 4,6-dehydratase	118	143	118	133	149	94	44	79	0.88	3.63
F5	Pf101_0595	-	S		hypothetical protein	21	21	128	241	18	87	39	58	1.91	4.19
F5	Pf101_0596	-	P		TonB-dependent copper receptor	17	9	109	279	32	199	36	60	2.12	5.88
F5	Pf101_0597	-	-		hypothetical protein	20	29	162	436	3	111	64	85	2.36	5.63
F5	Pf101_0598	-	S		hypothetical protein	40	45	212	517	36	131	122	143	1.85	4.61
F5	Pf101_0599	-	-		hypothetical protein	95	99	253	413	141	160	100	247	1.34	4.45

F6	Pf101_0096	-	-	hypothetical protein	82	40	192	59	36	49	70	74	1.45	3.10
F6	Pf101_0292	+	-	hypothetical protein	154	189	343	73	178	169	86	42	1.99	4.53
F6	Pf101_0492	+	H	thiamine biosynthesis protein ThiC	53	307	10	1	309	200	6	7	2.27	2.54
F6	Pf101_1137	+	-	pyocin R2_PP, holin	8	37	44	66	76	179	68	118	1.49	4.23
F6	Pf101_1141	+	R	Baseplate J-like protein	5	45	58	68	85	176	74	142	1.46	4.82
F6	Pf101_1174	+	R	CinA-like	90	70	65	87	111	184	83	136	1.40	4.47
F6	Pf101_1527	+	N	flagellin	1798	1104	769	91	701	1103	325	101	1.36	3.72
F6	Pf101_1765	+	C	methylcitrate synthase	208	62	36	47	61	80	28	28	1.70	1.81
F6	Pf101_3593	-	C	isocitrate dehydrogenase (NADP)	240	199	531	256	259	174	266	140	1.00	3.23
F6	Pf101_4003	-	K	cysB transcriptional regulator CysB	179	266	158	331	216	190	79	283	0.99	3.11
F6	Pf101_4187	+	R	metal-dependent hydrolase	202	364	160	234	191	260	82	164	0.97	3.51
F6	Pf101_4188	+	-	hypothetical protein	209	497	158	216	224	311	81	125	0.96	3.98
F6	Pf101_4273	-	T	carbon storage regulator	130	62	71	115	180	157	51	119	1.30	3.08
F6	Pf101_4391	+	E	gcvH glycine cleavage system protein H	67	153	8	3	292	139	6	8	2.13	2.15
F6	Pf101_5236	-	K	transcriptional regulator	51	114	151	74	80	64	72	64	1.07	3.86
F6	Pf101_5425	+	-	hypothetical protein	86	66	70	105	146	113	40	62	0.77	3.04

Supplemental Table S3-2-1. KT2440株においてpCAR1を保持した際に転写プロファイルが変化した1240個のORFの保存性, 上流配列の解析結果

Cluster	Locus Tag	Strand	Gene	PAO1 BLAST hit	PF0-1 BLAST hit	A clusters	F clusters	Predicted tsp	Unit tag	GC contents (%)	RpoDRpoN	IHF	PvdS/PfrI	Fur	Pmr	Including putative foreign
K1	PP_0005	-	trmE	PA5567	PF01_5742	-	-	NA	-							
K1	PP_0006	-	yidC	PA5568	PF01_5743	-	-	8972	K1_01	54	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0007	-		-	PF01_5744	-	-	8972	K1_01	54	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0008	-	mpA	PA5569	PF01_5745	A1	-	8972	K1_01	54	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0009	-	rpmH	-	-	-	-	8972	K1_01	54	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0013	+	gyrB	PA0004	PF01_0004	-	-	9513	K1_02	52	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0018	+		-	-	-	-	23154	K1_03	52	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0021	+		-	-	-	-	23154	K1_03	52	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0060	-	glyS	PA0008	PF01_0009	-	-	72901	K1_04	56	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0097	+		PA0068	PF01_0089	-	-	101138	K1_05	55	-	+	+	-	-	N
K1	PP_0120	+		PA5498	PF01_0059	-	-	125157	K1_06	55	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0121	-	thrB	PA5495	PF01_0058	-	-	NA	-							
K1	PP_0123	+	polA	PA5493	PF01_0056	-	-	127478	K1_07	57	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0127	+		PA5489	PF01_0052	-	-	NA	-							
K1	PP_0128	+		PA5488	PF01_0051	-	-	NA	-							
K1	PP_0136	+		PA5481	PF01_0043	-	-	NA	-							
K1	PP_0137	+	gltP	PA5479	PF01_0042	-	-	NA	-							
K1	PP_0138	+		PA5478	PF01_0041	-	-	NA	-							
K1	PP_0150	-		-	PF01_0107	-	-	161571	K1_08	51	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0151	-		-	-	-	-	161571	K1_08	51	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0153	-		-	-	-	-	162009	K1_09	47	-	-	+	-	-	N
K1	PP_0165	+		PA1433	PF01_0131	-	-	187172	K1_10	59	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0173	-		-	-	-	-	NA	-							
K1	PP_0196	+		PA5252	PF01_5478	-	-	NA	-							
K1	PP_0247	+	envZ	PA5199	PF01_0261	-	-	301075	K1_11	57	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0253	+	pckA	-	-	-	-	307123	K1_12	51	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0259	-		PA5177	PF01_0283	-	-	NA	-							
K1	PP_0260	+	nudE	PA5176	PF01_0284	-	-	314574	K1_13	60	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0266	+		PA0292	PF01_0291	-	-	320546	K1_14	50	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0268	+	oprQ	PA2760	PF01_0295	A1	-	324604	K1_15	56	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0337	-		PA5017	PF01_0460	-	-	406113	K1_15a	61	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0338	-	aceF	PA5016	PF01_0462	-	-	410821	K1_16	52	-	-	-	-	-	Y

K1	PP_0339	-	aceE	PA5015	PH01_0463	-	-	410821	K1_16	52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0341	+	waaF	PA5012	PH01_0465	-	-	NA	-											
K1	PP_0342	+	waaC	PA5011	PH01_0466	-	-	NA	-											
K1	PP_0345	+		PA5008	PH01_0469	-	-	NA	-											
K1	PP_0346	+		PA5007	PH01_0470	-	-	418738	K1_17	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0378	-	pqqC	PA1987	PH01_5159	A3	-	460094	K1_18	48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0379	-	pqqB	PA1986	PH01_5158	A3	-	NA	-											
K1	PP_0380	-	pqqA	-	-	-	-	460094	K1_18	48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0388	-	dnaG	PA0577	PH01_5148	-	-	474988	K1_19	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0389	-	rpsU	-	PH01_5147	-	-	475594	K1_20	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0392	+	folB	PA0582	PH01_5144	-	-	475855	K1_21	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0415	+	rpe	PA0607	PH01_5120	-	-	499425	K1_22	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0416	+	gph	PA0608	PH01_5119	-	-	499425	K1_22	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0417	+	trpE	PA0609	PH01_5118	-	-	499425	K1_22	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0420	+	trpG	PA0649	PH01_5115	-	-	509138	K1_23	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0421	+	trpD	PA0650	PH01_5114	-	-	509138	K1_23	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0428	-		PA0656	PH01_5107	-	-	NA	-											
K1	PP_0432	+	argC	PA0662	PH01_5102	-	-	518582	K1_24	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0438	+		PA4279	PH01_5095	-	-	NA	-											
K1	PP_0440	+	tuf	PA4277	PH01_5093	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0441	+	secE	PA4276	PH01_5092	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0442	+	nusG	PA4275	PH01_5091	-	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0443	+	rplK	PA4274	PH01_5090	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0444	+	rplA	PA4273	PH01_5089	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0445	+	rplJ	PA4272	PH01_5088	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0446	+	rplL	PA4271	PH01_5087	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0447	+	rpoB	PA4270	PH01_5086	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0448	+	rpoC	PA4269	PH01_5085	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0449	+	rpsL	PA4268	PH01_5084	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0450	+	rpsG	PA4267	PH01_5083	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0451	+	fusA	PA4266	PH01_5082	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0452	+	tuf	PA4277	PH01_5093	A1	-	532706	K1_25	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0453	+	rpsJ	PA4264	PH01_5080	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0454	+	rplC	PA4263	PH01_5079	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0455	+	rplD	PA4262	PH01_5078	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0456	+	rplW	PA4261	PH01_5077	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0457	+	rplB	PA4260	PH01_5076	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0458	+	rpsS	PA4259	PH01_5075	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0459	+	rplV	PA4258	PH01_5074	A1	-	550611	K1_26	50	+	+	-	-	-	-	-	-	-	Y

K1	PP_0460	+	rpsC	PA4257	PH01_5073	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0461	+	rplP	PA4256	PH01_5072	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0462	+	rpmC	PA4255	PH01_5071	-	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0463	+	rpsQ	PA4254	PH01_5070	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0464	+	rplN	PA4253	PH01_5069	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0465	+	rplX	PA4252	PH01_5068	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0466	+	rplE	PA4251	PH01_5067	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0467	+	rpsN	PA4250	PH01_5066	A1	-	550611	K1_26	50	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0469	+	rplF	PA4248	PH01_5064	A1	-	557370	K1_28	54	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0470	+	rplR	PA4247	PH01_5063	A1	-	557370	K1_28	54	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0471	+	rpsE	PA4246	PH01_5062	A1	-	557370	K1_28	54	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0472	+	rpmD	PA4245	PH01_5061	A1	-	557370	K1_28	54	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0473	+	rplO	PA4244	PH01_5060	A1	-	557370	K1_28	54	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0474	+	secY	PA4243	PH01_5059	A1	-	557370	K1_28	54	+	-	-	-	-	Y
K1	PP_0476	+	rpsM	PA4241	PH01_5058	-	-	558069	K1_29	57	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0478	+	rpsD	PA4239	PH01_5056	A1	-	558069	K1_29	57	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0479	+	rpoA	PA4238	PH01_5055	A1	-	558069	K1_29	57	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0480	+	rplQ	PA4237	PH01_5054	A1	-	558069	K1_29	57	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0484	+		PA4233	PH01_5050	-	-	NA	-							
K1	PP_0500	+		PA4069	PH01_5031	-	-	589841	K1_30	56	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0510	-	trx-1	PA4061	PH01_5023	-	-	600114	K1_31	59	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0513	+	nrpR	PA4057	PH01_5020	-	-	600168	K1_32	59	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0515	+	ribE-1	PA4055	PH01_5018	-	-	600603	K1_33	60	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0516	+	ribBA-1	PA4054	PH01_5017	-	-	600603	K1_33	60	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0519	+	thiL	PA4051	PH01_5014	-	-	600603	K1_33	60	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0520	+	pgpA	PA4050	PH01_5013	-	-	600603	K1_33	60	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0522	+	ribA	PA4047	PH01_5011	-	-	605954	K1_34	56	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0529	-	xseB	-	PH01_5005	-	-	616424	K1_35	64	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0547	+	mpl	PA4020	PH01_4987	-	-	NA	-							
K1	PP_0548	+	ubiD	PA4019	PH01_4986	-	-	NA	-							
K1	PP_0558	-	accC-1	PA4848	PH01_0618	-	-	650770	K1_36	54	-	-	-	+	-	N
K1	PP_0560	-	aroQ-1	PA4846	PH01_0620	-	-	650770	K1_36	54	-	-	-	+	-	N
K1	PP_0565	+		PA4841	PH01_0625	-	-	656549	K1_37	59	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0567	+	speA	PA4839	PH01_0627	-	-	656549	K1_37	59	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0589	+		PA3573	PH01_0664	-	-	687105	K1_38	54	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0598	+		-	-	-	-	697530	K1_39	50	+	-	-	-	-	N
K1	PP_0599	+		PA4689	PH01_4780	-	-	704361	K1_40	58	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0600	-	rpsT	PA4563	PH01_4855	-	-	707370	K1_41	57	+	-	-	-	-	N

K1	PP_0603	+	ileS	PA4560	PH01_4852	-	-	709225	K1_42	61	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0604	+	lspA	PA4559	PH01_4851	-	-	709225	K1_42	61	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0605	+	fkpB	PA4558	PH01_4850	-	-	709225	K1_42	61	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0606	+	ispH	PA4557	PH01_4849	-	-	709225	K1_42	61	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0625	+	clpB	PA4542	PH01_4834	-	-	730435	K1_43	49	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0635	+		-	-	-	-	741341	K1_44	58	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0687	-	ispB	PA4569	PH01_4861	-	-	NA	-									
K1	PP_0688	+	rplU	PA4568	PH01_4860	A1	-	800669	K1_45	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0689	+	rpmA	PA4567	PH01_4859	A1	-	800669	K1_45	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0690	+	obgE	PA4566	PH01_4858	-	-	800669	K1_45	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0691	+	proB	PA4565	PH01_4857	-	-	NA	-									
K1	PP_0692	+	creA	PA4564	PH01_4856	-	-	NA	-									
K1	PP_0696	+		PA4679	PH01_4776	-	-	809407	K1_46	53	+	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_0719	-	ychF	PA4673	PH01_4756	-	-	843111	K1_47	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0720	-	pth	PA4672	PH01_4755	-	-	843111	K1_47	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0721	-		PA4671	PH01_4754	A1	-	843111	K1_47	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0722	-	prsA	PA4670	PH01_4753	-	-	843111	K1_47	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0723	-	ipk	PA4669	PH01_4752	-	-	843111	K1_47	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0725	-		PA4667	PH01_4750	-	-	843111	K1_47	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0732	+	hemA	PA4666	PH01_4749	-	-	851197	K1_48	55	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0745	-	uraA	PA4647	PH01_4729	-	-	NA	-									
K1	PP_0746	-	upp	PA4646	PH01_4728	-	-	NA	-									
K1	PP_0747	+		PA4645	PH01_4727	-	-	865901	K1_49	56	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0756	-		PA4636	PH01_4719	-	-	NA	-									
K1	PP_0769	+		-	PH01_4260	-	-	886850	K1_50	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0770	+		-	-	-	-	888288	K1_51	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0771	+		-	-	-	-	888288	K1_51	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0773	+		PA0833	PH01_4703	-	-	890812	K1_52	54	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0790	+		PA4521	PH01_0788	-	-	905963	K1_53	56	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0809	+	dsbB	-	PH01_4650	-	-	949066	K1_54	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0810	+	cyoups1	-	-	-	-	949066	K1_54	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0811	+	cyoups2	-	-	-	-	949066	K1_54	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0812	+	cyoA	PA1317	PH01_4648	-	-	949066	K1_54	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0815	+	cyoD	-	PH01_4645	-	-	949066	K1_54	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0816	+	cyoE-2	PA1321	PH01_4644	-	-	949066	K1_54	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0817	+		PA4715	PH01_4334	-	-	955314	K1_55	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0824	+		PA3313	PH01_2434	-	-	962484	K1_56	59	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0825	+		PA3314	PH01_2433	-	-	962484	K1_56	59	+	-	-	-	-	-	-	N

K1	PP_0827	+		PA3316	PH01_2431	-	-	962484	K1_56	59	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0838	-	subB	PA3818	PH01_4616	-	-	NA	-								N
K1	PP_0839	+		PA3817	PH01_4615	-	-	976258	K1_57	51	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0840	+	cysE	PA3816	PH01_4614	-	-	976258	K1_57	51	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0841	+		PA3815	PH01_4613	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0842	+	iscS	PA3814	PH01_4612	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0843	+	iscU	PA3813	PH01_4611	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0844	+	iscA	PA3812	PH01_4610	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0845	+	hscB	PA3811	PH01_4609	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0846	+	hscA	PA3810	PH01_4608	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0847	+		PA3809	PH01_4607	-	-	977987	K1_58	56	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0850	+		PA3806	PH01_4604	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0851	+	pilF	PA3805	PH01_4603	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0852	+		PA3804	PH01_4602	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0853	+	ispG	PA3803	PH01_4601	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0854	+	hisS	PA3802	PH01_4600	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0855	+		PA3801	PH01_4599	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0856	+		PA3800	PH01_4598	-	-	983267	K1_59	57	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0857	+	engA	PA3799	PH01_4597	-	-	988340	K1_60	60	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0864	-		PA4519	PH01_0801	-	-	1003014	K1_61	53	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0886	-		PA4495	PH01_0818	-	-	1029885	K1_62	60	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0887	+		PA4494	PH01_0820	-	-	NA	-								
K1	PP_0891	+		PA4340	PH01_1295	-	-	NA	-								
K1	PP_0902	+		PA4380	PH01_4497	-	-	1041485	K1_63	57	-	+	+	-	-	-	N
K1	PP_0913	-		PA4370	PH01_4488	-	-	1055893	K1_64	56	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0915	-	sodB	PA4366	PH01_4486	-	-	1059034	K1_65	65	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0919	+		PA4360	PH01_4481	-	-	1060973	K1_66	66	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0933	+	mreB	PA4481	PH01_0838	-	-	1075301	K1_67	49	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0934	+	mreC	PA4480	PH01_0839	-	-	1075901	K1_68	65	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0935	+	mreD	PA4479	PH01_0840	-	-	1075901	K1_68	65	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0936	+	maf	PA4478	PH01_0841	-	-	1075901	K1_68	65	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0965	+	hisG	PA4449	PH01_0870	-	-	1101590	K1_69	57	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0966	+	hisD	PA4448	PH01_0871	-	-	1105436	K1_70	58	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0973	-	ndpA	PA3849	PH01_0983	-	-	1113168	K1_71	51	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0975	+	hupN	PA3940	PH01_0984	-	-	1113442	K1_72	56	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_0988	-	gcvP-I	PA2445	PH01_4392	-	-	1129993	K1_73	50	-	+	+	-	-	-	N
K1	PP_0989	-	gcvH	PA2446	PH01_4391	-	F6	1129993	K1_73	50	-	+	+	-	-	-	N
K1	PP_1005	-	hemO	PA0672	PH01_4380	-	-	1147730	K1_74	67	-	-	-	-	-	-	N

K1	PP_1010	+	edd	PA3194	PF01_4375	A2	-	NA	-	49	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1022	+	zwf-1	PA3183	PF01_4363	A2	-	1165598	K1_75	58	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1027	-	xseA	PA3777	PF01_4592	-	-	NA	-	58	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1031	+	guaB	PA3770	PF01_4588	-	-	1175528	K1_76	58	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1032	+	guaA	PA3769	PF01_4587	-	-	1175528	K1_76	59	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1037	+	purL	PA3763	PF01_0999	-	-	1184758	K1_77	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1075	-	glpK	PA3582	PF01_4532	-	-	NA	-	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1078	-		PA3538	PF01_4528	-	-	1239273	K1_78	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1079	-	argF	PA3537	PF01_4527	-	-	1239273	K1_78	53	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1084	+		PA3529	PF01_4521	-	-	1243028	K1_79	63	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1085	-	rnt	PA3528	PF01_4520	-	-	1245560	K1_80	60	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1100	+	dcd	PA3480	PF01_1202	-	-	1257420	K1_81	52	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1109	-		PA5283	PF01_4193	-	-	1269440	K1_82	54	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1131	+		PA1053	PF01_1231	-	-	1294483	K1_83	63	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1134	-		-	PF01_1236	-	-	1300188	K1_84	45	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1157	+		PA4180	PF01_4788	-	-	1325210	K1_85	64	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1179	-	nr1A	PA1156	PF01_4246	A1	-	1355401	K1_86	58	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1185	+	oprH	PA1178	PF01_4241	-	-	1360098	K1_87	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1188	+	dctA	PA1183	PF01_4236	A1	-	1363196	K1_88	52	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1197	-	rimO	PA0916	PF01_1191	-	-	1373562	K1_89	49	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1205	-	proS	PA0956	PF01_1197	-	-	1386790	K1_90	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1211	+		-	PF01_4413	-	-	1388734	K1_91	61	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1212	+		-	PF01_4412	-	-	1389851	K1_92	58	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1213	+	aspS	PA0963	PF01_4411	-	-	1390158	K1_93	58	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1217	+	ruvB	PA0967	PF01_4407	-	-	1390158	K1_93	58	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1218	+		PA0968	PF01_4406	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1219	+	tolQ	PA0969	PF01_4405	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1220	+	tolR	PA0970	PF01_4404	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1221	+	tolA	PA0971	PF01_4403	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1222	+	tolB	PA0972	PF01_4402	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1223	+	oprL	PA0973	PF01_4401	A1	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1224	+		PA0974	PF01_4400	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1225	+		PA0975	PF01_4399	-	-	1399310	K1_94	56	-	+	+	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1231	+	nadA	PA1004	PF01_4397	-	-	1409314	K1_95	66	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1237	+	dapA	PA1010	PF01_1371	-	-	1414705	K1_96	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1238	+		PA1011	PF01_1372	-	-	1414705	K1_96	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1239	+		PA1012	PF01_1373	-	-	1414705	K1_96	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1240	+	purC	PA1013	PF01_1374	-	-	1414705	K1_96	57	-	-	-	-	-	-	-	-	N

K1	PP_1461	+	ffh	PA3746	PF01_1018	-	-	NA	-	52	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1462	+	rpsP	PA3745	PF01_1019	A1	-	168543	K1_120	52	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1463	+	rimM	PA3744	PF01_1020	A1	-	168543	K1_120	52	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1464	+	trmD	PA3743	PF01_1021	A1	-	168543	K1_120	52	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1465	+	rplS	PA3742	PF01_1022	-	-	168543	K1_120	52	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1469	+	dsbC	PA3737	PF01_1026	-	-	1673914	K1_121	65	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1470	+	hom	PA3736	PF01_1027	-	-	1673914	K1_121	65	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1488	+		PA3708	PF01_1052	-	-	1691862	K1_122	55	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1506	+	adk	PA3686	PF01_1070	-	-	1712197	K1_123	55	+	-	-	-	+	N
K1	PP_1591	+	rpsB	PA3656	PF01_1101	A1	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1592	+	tsf	PA3655	PF01_1102	-	-	NA	-							
K1	PP_1593	+	pyrH	PA3654	PF01_1103	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1594	+	frr	PA3653	PF01_1104	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1595	+	uppS	PA3652	PF01_1105	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1596	+	cdsA	PA3651	PF01_1106	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1597	+	dxr	PA3650	PF01_1107	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1598	+		PA3649	PF01_1108	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1599	+		PA3648	PF01_1109	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1600	+	ompH	PA3647	PF01_1110	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1604	+	lpxB	PA3643	PF01_1114	-	-	1785110	K1_124	59	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1607	+	accA	PA3639	PF01_1117	-	-	1800011	K1_125	61	-	-	-	-	+	N
K1	PP_1609	+		-	-	-	-	1804759	K1_126	63	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1610	+	pyrG	PA3637	PF01_1119	-	-	1806093	K1_127	53	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1611	+	kdsA-1	PA3636	PF01_1120	-	-	1806093	K1_127	53	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1612	+	eno	PA3635	PF01_1121	-	-	1806093	K1_127	53	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1614	+	ispD	PA3633	PF01_1123	-	-	1810396	K1_128	58	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1618	+	ispF	PA3627	PF01_1127	-	-	1812511	K1_129	48	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1624	+		-	-	-	-	1818383	K1_130	53	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1626	-	mutS	PA3620	PF01_1134	-	-	1825281	K1_131	58	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1629	+	recA	PA3617	PF01_1175	-	-	1827103	K1_132	56	+	-	-	+	-	N
K1	PP_1630	+	recX	PA3616	PF01_1176	-	-	1827103	K1_132	56	+	-	-	+	-	N
K1	PP_1634	+		PA3606	PF01_1181	-	-	1831060	K1_133	59	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1638	+	fpr	PA3397	PF01_1185	-	-	1834116	K1_134	50	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1663	-		PA0943	PF01_1631	-	-	1862092	K1_135	57	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1664	-	purN	PA0944	PF01_1632	-	-	1862092	K1_135	57	+	-	-	-	-	N
K1	PP_1668	+		PA0947	PF01_1636	-	-	1864614	K1_136	61	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1672	+	cobO	PA1272	PF01_1641	-	-	1866374	K1_137	62	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1673	+	cobB	PA1273	PF01_1642	-	-	1866374	K1_137	62	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1714	+	fkfB-2	PA3262	PF01_1671	-	-	1914774	K1_138	53	-	-	-	-	+	N

K1	PP_1728	-		PA5121	PH01_1688	-	-	1930366	K1_139	60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1731	-	rluA	-	-	-	-	1932571	K1_140	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1732	-	minE	PA3245	PH01_1693	-	-	1932571	K1_140	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1758	+		PA0858	PH01_4090	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1766	+	mtmA	PA3169	PH01_4079	-	-	1969618	K1_141	63	-	-	-	-	-	-	-	-	+	N
K1	PP_1767	+	gyrA	PA3168	PH01_4078	-	-	1970957	K1_142	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1768	+	serC	PA3167	PH01_4077	-	-	1972617	K1_143	60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1769	+	pheA	PA3166	PH01_4076	-	-	1972617	K1_143	60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1772	+	rpsA	PA3162	PH01_4072	AI	-	1974042	K1_144	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1777	+	xanA	PA5322	PH01_5542	-	-	1983791	K1_145	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1779	+		PA5450	PH01_5685	-	-	1983791	K1_145	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1783	-	rmlA	PA5163	PH01_4056	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1794	-		-	-	-	-	2016509	K1_146	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1795	-		-	-	-	-	2016509	K1_146	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1815	+	pyrF	PA2876	PH01_4196	-	-	2040595	K1_147	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1823	-	folE	PA1674	PH01_1715	-	-	2051696	K1_148	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1824	-		PA1675	PH01_1716	-	-	2051696	K1_148	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1854	-		PA1026	PH01_4002	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1868	+		PA2840	PH01_3987	-	-	2090621	K1_149	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1872	-		PA2828	PH01_3983	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1874	+		PA2826	PH01_3981	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1887	+		-	-	-	-	2117646	K1_150	48	-	-	-	-	-	-	-	-	+	N
K1	PP_1898	+		PA2983	PH01_4177	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1899	+		PA2982	PH01_4176	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1900	+	lpxK	PA2981	PH01_4175	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1902	+	kdsB	PA2979	PH01_4173	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K1	PP_1905	-	rne	PA2976	PH01_4166	-	-	2151143	K1_151	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_1906	+	rluC	-	-	-	-	2151233	K1_152	54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1907	+		PA2974	PH01_4164	-	-	2151233	K1_152	54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1908	+		PA2973	PH01_4163	-	-	2151233	K1_152	54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1910	+		PA2971	PH01_4161	-	-	2154757	K1_153	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1911	+	rpmF	PA2970	PH01_4160	AI	-	2154757	K1_153	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1912	+	plsX	PA2969	PH01_4159	-	-	2154757	K1_153	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1913	+	fabD	PA2968	PH01_4158	-	-	2154757	K1_153	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1914	+	fabG	PA2967	PH01_4157	-	-	2154757	K1_153	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1915	+	acpP	PA2966	PH01_4156	-	-	2156675	K1_154	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1916	+	fabF	PA2965	PH01_4155	-	-	2156675	K1_154	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_1917	+	pabC	PA2964	PH01_4154	-	-	2156675	K1_154	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N

[illegible]

K1	PP_2968	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3372100	K1_198	51	+	-	-	-	Y
K1	PP_2970	+	-	-	-	-	-	-	-	-	3372133	K1_199	51	-	-	-	-	Y
K1	PP_3039	+	aroF-2	PA0613	-	-	-	-	-	-	NA	-						N
K1	PP_3080	-		PA2943	Pf01_3069	-	-	-	-	-	3466028	K1_200	55	-	-	-	-	N
K1	PP_3088	-		PA2360	Pf01_3401	-	-	-	-	-	NA	-						Y
K1	PP_3097	-		PA0088	Pf01_3410	-	-	-	-	-	3497724	K1_201	55	-	-	-	-	Y
K1	PP_3098	-		-	-	-	-	-	-	-	3497724	K1_201	55	-	-	-	-	Y
K1	PP_3099	-		PA2366	Pf01_3407	-	-	-	-	-	3497724	K1_201	55	-	-	-	-	Y
K1	PP_3100	-		PA2365	Pf01_3406	-	-	-	-	-	3497724	K1_201	55	-	-	-	-	Y
K1	PP_3106	+		PA0095	Pf01_3415	-	-	-	-	-	3506487	K1_202	51	-	-	-	-	Y
K1	PP_3111	+		-	-	-	-	-	-	-	3516210	K1_203	65	+	-	-	-	Y
K1	PP_3114	+		-	-	-	-	-	-	-	3516210	K1_203	65	+	-	-	-	Y
K1	PP_3116	+	lexA-2	PA3007	Pf01_3152	-	-	-	-	-	3525549	K1_204	55	-	-	-	-	Y
K1	PP_3154	+		PA4661	Pf01_4744	-	-	-	-	-	NA	-						N
K1	PP_3172	-		-	-	-	-	-	-	-	3598138	K1_205	61	-	-	-	-	N
K1	PP_3189	+	codA	PA0437	Pf01_3779	-	-	-	-	-	3613946	K1_206	62	+	-	-	-	N
K1	PP_3286	+	phaN	-	-	-	-	-	-	-	NA	-						N
K1	PP_3363	-		-	-	-	-	-	-	-	NA	-						
K1	PP_3365	-		PA4180	Pf01_4788	-	-	-	-	-	3809769	K1_207	45	-	-	-	-	N
K1	PP_3408	+		-	-	-	-	-	-	-	3857588	K1_208	64	-	-	-	-	N
K1	PP_3411	+		PA1849	-	-	-	-	-	-	3857588	K1_208	64	-	-	-	-	N
K1	PP_3453	-		PA1798	Pf01_2891	-	-	-	-	-	NA	-						
K1	PP_3454	-		PA1799	Pf01_2892	-	-	-	-	-	NA	-						
K1	PP_3455	+		PA4599	Pf01_2893	-	-	-	-	-	3915000	K1_209	57	-	-	-	-	N
K1	PP_3456	+		PA4598	Pf01_2894	-	-	-	-	-	3915000	K1_209	57	-	-	-	-	N
K1	PP_3457	+	mobA	PA3030	Pf01_3962	-	-	-	-	-	3918910	K1_210	65	-	-	-	-	N
K1	PP_3498	+		PA4797	Pf01_3816	-	-	-	-	-	3967964	K1_211	56	-	-	-	-	N
K1	PP_3508	-	cobW	PA2945	Pf01_3099	-	-	-	-	-	3982007	K1_212	64	+	-	-	-	N
K1	PP_3524	-		-	-	-	-	-	-	-	3997346	K1_213	60	-	-	-	-	N
K1	PP_3555	+		PA2388	Pf01_2564	-	-	-	-	-	4032343	K1_214	57	-	-	-	-	N
K1	PP_3626	-		-	-	-	-	-	-	-	4123291	K1_215	58	-	-	-	-	N
K1	PP_3634	+		-	Pf01_3538	-	-	-	-	-	NA	-						
K1	PP_3664	-	pssA	-	Pf01_2876	-	-	-	-	-	4163656	K1_216	55	-	-	-	-	N
K1	PP_3766	+	gloA	PA5111	Pf01_2923	-	-	-	-	-	4295633	K1_217	50	+	-	-	-	N
K1	PP_3820	-		-	-	-	-	-	-	-	4350142	K1_218	56	-	-	-	-	N
K1	PP_3868	-		-	-	-	-	-	-	-	4393493	K1_219	63	-	-	-	-	Y
K1	PP_3927	-		-	-	-	-	-	-	-	4432995	K1_220	59	-	-	-	-	N

K1	PP_3958	+		-	PH01_1234	-	-	4466200	K1_221	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_3963	+		-	-	-	-	4473345	K1_222	54	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_3985	-		-	-	-	-	4495689	K1_223	54	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_4001	-	creB	-	PH01_3583	-	-	4515051	K1_224	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4002	-		-	PA2613	-	-	4515051	K1_224	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4003	-	lolA	-	PA2614	-	-	4515051	K1_224	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4004	-	ftsK	-	PA2615	-	-	4515051	K1_224	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4012	+		-	PA2624	-	-	4521943	K1_225	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4019	+	topB	-	PA3011	-	-	4528057	K1_226	65	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4055	+	glgX	-	PA2160	-	-	4573249	K1_227	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4068	-		-	-	-	-	NA	-									
K1	PP_4091	-		-	-	-	-	NA	-									
K1	PP_4127	+	nuoJ	-	PA2645	-	-	4656076	K1_228	45	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4130	+	nuoM	-	PA2648	-	-	4656076	K1_228	45	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4141	-	dnaQ	-	PA1816	-	-	NA	-									
K1	PP_4157	-	kdpE	-	PA1637	-	-	NA	-									
K1	PP_4166	-		-	-	-	-	4711563	K1_229	56	+	+	+	-	-	-	-	N
K1	PP_4179	-	htpG	-	PA1596	-	-	NA	-									
K1	PP_4184	-	braz	-	PA1971	-	-	4729271	K1_230	59	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4185	-	sucD	-	PA1589	-	A1	4730218	K1_231	64	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4186	-	sucC	-	PA1588	-	-	4730218	K1_231	64	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4190	-	sdhB	-	PA1584	-	A1	4739135	K1_232	57	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_4192	-	sdhD	-	PA1582	-	A5	4739135	K1_232	57	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_4193	-	sdhC	-	PA1581	-	A5	4739135	K1_232	57	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_4194	+	glxA	-	PA1580	-	A1	4739445	K1_233	52	+	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_4195	-		-	-	-	-	4742362	K1_234	57	-	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_4201	-		-	PA2951	-	-	4747959	K1_235	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4202	-		-	PA2952	-	-	4747959	K1_235	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4203	+		-	PA2953	-	-	4748246	K1_236	53	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4262	+	ccoS	-	-	-	-	NA	-									
K1	PP_4266	+	apt	-	PA1543	-	-	4850240	K1_237	60	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4269	-	dnaX	-	PA1532	-	-	4855136	K1_238	56	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4274	-	ligA	-	PA1529	-	-	4862279	K1_239	48	+	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4306	-		-	PA1407	-	-	NA	-									
K1	PP_4312	-		-	-	-	-	NA	-									
K1	PP_4313	-		-	PA3717	-	-	4907801	K1_240	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4318	+		-	-	-	-	4908207	K1_241	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4321	-	dsbE	-	PA1481	-	-	4916668	K1_242	66	-	-	-	-	-	-	+	N

PP_4322	K1	-	ccmF	PA1480	Pf01_1582	-	-	4916668	K1_242	66	-	-	-	-	+	N
PP_4323	K1	-	ccmE	PA1479	Pf01_1581	-	-	4916668	K1_242	66	-	-	-	-	+	N
PP_4324	K1	-	ccmD	PA1478	Pf01_2958	-	-	4916668	K1_242	66	-	-	-	-	+	N
PP_4326	K1	-	ccmB	-	-	-	-	NA	-							
PP_4327	K1	-	ccmA	PA1475	Pf01_1577	-	-	NA	-							
PP_4338	K1	-	cheA	PA1458	Pf01_1566	-	-	4931449	K1_243	59	-	-	-	-	-	N
PP_4439	K1	+		-	-	-	-	5032535	K1_244	52	-	-	-	-	-	Y
PP_4443	K1	+		-	-	-	-	5036090	K1_245	57	-	-	-	-	-	Y
PP_4471	K1	-	mgfE	PA0913	Pf01_4271	-	-	5079718	K1_246	51	+	-	-	-	-	N
PP_4473	K1	-		PA0904	Pf01_4274	-	-	5083115	K1_247	63	-	-	-	-	-	N
PP_4482	K1	-		PA0893	Pf01_4287	-	-	5095053	K1_248	61	-	-	-	-	-	N
PP_4532	K1	-		PA3466	Pf01_1437	-	-	5146776	K1_249	51	-	-	-	-	-	N
PP_4552	K1	+	phaJ1	PA3302	Pf01_4356	-	-	5175177	K1_250	59	-	-	-	-	-	N
PP_4580	K1	-		PA1308	Pf01_1402	-	-	5201542	K1_251	60	-	-	-	-	+	N
PP_4581	K1	-		PA1307	Pf01_1401	-	-	5201542	K1_251	60	-	-	-	-	+	N
PP_4587	K1	-		PA1299	Pf01_1392	-	-	5206976	K1_252	66	-	-	-	-	-	N
PP_4616	K1	+		PA3413	Pf01_0916	-	-	5238926	K1_253	53	-	-	-	-	-	N
PP_4629	K1	+		-	Pf01_0896	-	-	5252617	K1_254	53	-	-	-	-	-	N
PP_4673	K1	-	recB	PA4284	Pf01_0689	-	-	5307282	K1_255	63	-	-	-	-	-	N
PP_4674	K1	-	recC	PA4285	Pf01_0688	-	-	5307282	K1_255	63	-	-	-	-	-	N
PP_4678	K1	-	ilvC	PA4694	Pf01_4786	A1	-	5319595	K1_256	54	+	-	-	-	-	N
PP_4679	K1	-	ilvH	PA4695	Pf01_4787	A1	-	5319595	K1_256	54	+	-	-	-	-	N
PP_4680	K1	-	ilvB	PA4696	Pf01_4788	A1	-	5319595	K1_256	54	+	-	-	-	-	N
PP_4697	K1	+	pcnB	PA4727	Pf01_4809	-	-	5338281	K1_257	43	-	+	+	-	+	N
PP_4698	K1	+	folK-2	PA4728	Pf01_4810	-	-	5338281	K1_257	43	-	+	+	-	+	N
PP_4707	K1	-		-	Pf01_4818	-	-	NA	-							
PP_4708	K1	-	pnp	PA4740	Pf01_0783	-	-	NA	-							
PP_4709	K1	-	rpsO	PA4741	Pf01_0782	-	-	5355198	K1_258	60	-	-	-	-	+	N
PP_4710	K1	-	truB	-	-	-	-	NA	-							
PP_4711	K1	-	rbfA	PA4743	Pf01_0780	-	-	5357545	K1_259	64	-	-	-	-	-	Y
PP_4712	K1	-	infB	PA4744	Pf01_0779	-	-	NA	-							
PP_4713	K1	-	nusA	PA4745	Pf01_0778	-	-	NA	-							
PP_4714	K1	-		PA4746	Pf01_0777	-	-	NA	-							
PP_4715	K1	-	tpiA	PA4748	Pf01_0775	-	-	5366577	K1_260	52	-	-	-	-	-	N
PP_4719	K1	-	rnmJ	PA4752	Pf01_0771	-	-	NA	-							
PP_4722	K1	-	greA	PA4755	Pf01_0768	-	-	5373226	K1_261	50	-	-	-	-	-	Y
PP_4723	K1	-	carB	PA4756	Pf01_0767	-	-	5373226	K1_261	50	-	-	-	-	-	Y
PP_4725	K1	-	dapB	PA4759	Pf01_0765	-	-	5377536	K1_262	51	-	-	-	-	-	N

K1	PP_4726	-	dnaJ	PA4760	PF01_0764	-	-	5377536	K1_262	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4727	-	dnaK	PA4761	PF01_0763	-	-	5378258	K1_263	54	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4728	-	grpE	PA4762	PF01_0762	-	-	5378258	K1_263	54	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4737	+		PA4772	PF01_0749	-	-	5383488	K1_264	51	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4739	+		-	-	-	-	5390628	K1_265	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4766	-		PA3950	PF01_4920	-	-	NA	-											
K1	PP_4767	-		PA4783	PF01_4921	-	-	NA	-											
K1	PP_4778	-		-	-	-	-	5440843	K1_266	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4791	+		-	-	-	-	5452901	K1_267	61	-	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4794	+	leuS	PA3987	PF01_4957	-	-	5456173	K1_268	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4795	+		PA3988	PF01_4958	-	-	5456173	K1_268	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4803	-	dacA	PA3999	PF01_4966	-	-	5466673	K1_269	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4804	-		PA4000	PF01_4967	-	-	5474833	K1_270	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4807	-	mrdA-2	PA4003	PF01_4970	-	-	5474833	K1_270	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4808	-		PA4004	PF01_4971	-	-	5474833	K1_270	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4809	-		PA4005	PF01_4972	-	-	5474833	K1_270	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4810	-	nadD	PA4006	PF01_4973	-	-	5474833	K1_270	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4811	-	proA	PA4007	PF01_4974	-	-	5474833	K1_270	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4821	+	fis	PA4853	PF01_0614	-	-	5483038	K1_271	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4861	+		-	-	-	-	5525802	K1_272	59	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4872	-		PA4928	PF01_0540	-	-	NA	-											
K1	PP_4873	-	dnaB	PA4931	PF01_0538	-	-	5545007	K1_273	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4874	-	rplI	PA4932	PF01_0537	-	-	5545007	K1_273	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4875	-		PA4933	PF01_0536	A1	F2	5545007	K1_273	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4876	-	rpsR	PA4934	PF01_0535	A1	-	5545007	K1_273	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4877	-	rpsF	PA4935	PF01_0534	A1	F2	5545007	K1_273	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4881	+		PA4687	PF01_0531	-	-	NA	-											
K1	PP_4882	+		PA4688	PF01_0530	-	-	NA	-											
K1	PP_4889	-	purA	PA4938	PF01_0528	-	-	5564892	K1_274	55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4890	-	hisZ	PA4939	PF01_0527	-	-	5564892	K1_274	55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4891	-	hflC	PA4941	PF01_0526	-	-	NA	-											
K1	PP_4897	-		PA4947	PF01_0520	-	-	NA	-											
K1	PP_4901	-		PA1037	PF01_0516	-	-	5572793	K1_275	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4904	-	motB	PA4953	PF01_0513	-	-	NA	-											
K1	PP_4905	-		PA4954	PF01_0512	-	-	NA	-											
K1	PP_4909	-	serB	PA4960	PF01_0506	-	-	NA	-											
K1	PP_4910	+		PA4961	PF01_0505	-	-	5580949	K1_276	55	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K1	PP_4911	-		PA4963	PF01_0504	-	-	5583545	K1_277	64	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N

PP_4914	K1	-	-	PA4966	Pf001_0500	-	-	5589556	K1_278	65	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4915	K1	-	parE	PA4967	Pf001_0499	-	-	5589556	K1_278	65	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4922	K1	-	thiC	PA4973	Pf001_0492	-	F6	NA	-											
PP_4935	K1	-		PA4997	Pf001_0481	-	-	NA	-											
PP_4941	K1	-		PA5002	Pf001_0476	-	-	5627539	K1_279	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4964	K1	-	epd	PA0551	Pf001_5266	-	-	5657760	K1_280	60	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4965	K1	-	tktA	PA0548	Pf001_5267	-	-	5657760	K1_280	60	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4976	K1	+	ahcY	-	-	-	-	5667949	K1_281	64	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4980	K1	+		PA0428	Pf001_5283	-	-	5672594	K1_282	65	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4989	K1	-	piIJ	PA0411	Pf001_5305	-	-	5690439	K1_283	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_4997	K1	+	pyrR	PA0403	Pf001_5313	-	-	5692657	K1_284	64	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5000	K1	+	hslV	PA5053	Pf001_0397	-	-	5696715	K1_285	62	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5001	K1	+	hslU	PA5054	Pf001_0396	-	-	5696715	K1_285	62	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5010	K1	-		-	Pf001_0388	-	-	NA	-											
PP_5024	K1	-		PA5076	Pf001_0375	-	-	5724538	K1_286	64	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5025	K1	-	mdoH	PA5077	Pf001_0374	-	-	5728769	K1_287	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5026	K1	-	mdoG	PA5078	Pf001_0373	-	-	5728769	K1_287	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5037	K1	-		PA5107	Pf001_0356	-	-	NA	-											
PP_5038	K1	-		PA5108	Pf001_0355	-	-	NA	-											
PP_5039	K1	-		PA5109	Pf001_0353	-	-	5743233	K1_288	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5044	K1	-		PA5117	Pf001_0347	-	-	5751586	K1_289	50	-	-	-	-	-	-	-	+	-	N
PP_5045	K1	-	thiI	PA5118	Pf001_0346	-	-	5751586	K1_289	50	-	-	-	-	-	-	-	+	-	N
PP_5047	K1	+	nrkB	PA5124	Pf001_0340	-	-	5751965	K1_290	57	-	+	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5075	K1	-	glbD	PA5035	Pf001_0414	-	-	5798011	K1_291	47	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5076	K1	-	glbB	PA5036	Pf001_0413	-	-	5798011	K1_291	47	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5077	K1	-		PA5037	Pf001_0412	-	-	NA	-											
PP_5078	K1	-	aroB	PA5038	Pf001_0411	-	-	NA	-											
PP_5087	K1	-	rpmE	PA5049	Pf001_0401	-	-	5810576	K1_292	57	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5089	K1	+	argS	PA5051	Pf001_0399	-	-	5813016	K1_293	62	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5090	K1	+		PA5052	Pf001_0398	-	-	5813016	K1_293	62	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5104	K1	-	thiG	PA0381	Pf001_5330	-	-	5828967	K1_294	56	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5108	K1	-	rpoH	PA0376	Pf001_5334	-	-	5832158	K1_295	54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5111	K1	-	fts Y	PA0373	Pf001_5337	-	-	5832158	K1_295	54	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5117	K1	+		PA0368	Pf001_5341	-	-	5832313	K1_296	63	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5124	K1	+		PA0362	Pf001_5349	A5	-	5845027	K1_297	61	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5151	K1	-		PA0327	Pf001_5383	-	-	5880358	K1_298	60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
PP_5177	K1	-	pod	PA0304	Pf001_5401	-	-	5909280	K1_299	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N

K1	PP_5419	-	atpB	PA5560	PfH01_5736	A1	-	NA	-	55	-	-	-	-	-	-	Y
K1	PP_5420	-	atpI	PA5561	PfH01_5737	-	-	NA	-								N
K2	PP_0039	+		-	-	-	-	41914	K2_312								N
K2	PP_0131	+		PA2200	PfH01_0048	-	-	136347	K2_313								N
K2	PP_0216	-		PA0290	PfH01_0190	-	-	268647	K2_314								N
K2	PP_0275	+		-	-	-	-	333194	K2_315								Y
K2	PP_0333	+		PA0462	PfH01_5197	-	-	NA	-								N
K2	PP_0434	-	anmK	PA0666	PfH01_5100	-	-	522760	K2_316								N
K2	PP_0748	+		PA4644	-	-	-	865901	K1_49								N
K2	PP_0760	-		PA4629	PfH01_4713	-	-	876079	K2_317								N
K2	PP_0793	+	fruB	PA3562	PfH01_0793	-	-	909363	K2_318		+	-	-	-	-	-	N
K2	PP_0821	+		-	-	-	-	958521	K2_319		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_0904	+		PA4378	PfH01_4495	-	-	NA	-								N
K2	PP_1267	-		-	-	-	-	NA	-								N
K2	PP_1329	+	mraW	PA4420	PfH01_4681	-	-	1512671	K1_107		-	-	+	-	-	-	N
K2	PP_1330	+	ftsL	PA4419	PfH01_4680	-	-	1512671	K1_107		-	-	+	-	-	-	N
K2	PP_1331	+	ftsI	PA4418	PfH01_4679	-	-	1512671	K1_107		-	-	+	-	-	-	N
K2	PP_1357	+		PA4390	PfH01_1200	-	-	NA	-								N
K2	PP_1392	+		PA0741	PfH01_4473	-	-	NA	-								N
K2	PP_1427	+	algU	PA0762	PfH01_1362	-	-	1626925	K2_320		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1509	+		PA3683	PfH01_1073	-	-	1713794	K2_321		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1691	-		-	PfH01_1657	-	-	1884081	K2_322		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1722	-		PA3254	PfH01_1682	-	-	1927010	K2_323		-	+	-	-	-	-	N
K2	PP_1775	+		PA3614	-	A3	-	1979098	K2_324		-	-	-	-	-	-	Y
K2	PP_1812	-		-	-	-	-	NA	-								N
K2	PP_1828	-		PA1679	PfH01_1720	-	-	2053607	K2_325		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1836	-		PA4467	PfH01_2787	-	-	NA	-								N
K2	PP_1846	+		-	-	-	-	2069214	K2_326		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1895	+		PA2812	PfH01_4181	-	-	2137844	K2_327		+	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1896	+		PA2811	PfH01_4180	-	-	2137844	K2_327		+	-	-	-	-	-	N
K2	PP_1969	+		PA3870	PfH01_4147	-	-	NA	-								N
K2	PP_1979	+		PA3132	PfH01_1880	-	-	2242330	K2_328		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_2003	+		-	PfH01_3690	-	-	2271433	K2_329		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_2063	+		-	-	-	-	NA	-								N
K2	PP_2109	+		PA0922	PfH01_3965	-	-	NA	-								N
K2	PP_2110	+		-	-	-	-	2405835	K2_330		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_2232	+		PA1359	PfH01_3308	-	-	NA	-								N
K2	PP_2234	+		PA4436	PfH01_5041	-	-	2541455	K2_331		-	-	-	-	-	-	N
K2	PP_2235	+		-	PfH01_3919	-	-	NA	-								N

K2	PP_3701	-	-	-	-	-	-	-	NA	-							Y
K2	PP_3770	+	-	-	-	-	-	-	NA	-							N
K2	PP_3899	-	-	-	-	-	-	-	4415670	K2_347	46	+	-	-	-	-	N
K2	PP_3929	+	-	-	-	-	-	-	4433555	K2_348	59	-	-	-	-	-	N
K2	PP_3930	+	-	-	-	-	-	-	4433555	K2_348	59	-	-	-	-	-	N
K2	PP_3932	+	PA0861	Pf01_4084	-	-	-	-	4434062	K2_349	53	-	-	-	-	-	N
K2	PP_3949	-	PA0243	Pf01_4904	-	-	-	-	4454606	K2_350	61	-	-	-	-	+	N
K2	PP_4032	+	PA5107	Pf01_0356	-	-	-	-	4542890	K2_351	63	-	-	-	-	-	N
K2	PP_4164	-	PA1622	Pf01_4202	-	-	-	-	4711563	K1_229	56	+	+	-	-	-	N
K2	PP_4311	-	PA5084	Pf01_5290	-	-	-	-	NA	-							
K2	PP_4317	-	-	-	-	-	-	-	NA	-							
K2	PP_4354	-	fliQ	Pf01_1550	A1	-	-	-	4952642	K2_352	56	+	-	-	-	-	Y
K2	PP_4355	-	fliP	Pf01_1549	-	-	-	-	4952642	K2_352	56	+	-	-	-	-	Y
K2	PP_4356	-	fliO	Pf01_1548	-	-	-	-	4952642	K2_352	56	+	-	-	-	-	Y
K2	PP_4441	+	-	-	-	-	-	-	5036090	K1_245	57	-	-	-	-	-	Y
K2	PP_4595	+	PA2028	Pf01_5422	-	-	-	-	NA	-							
K2	PP_4658	+	PA5072	Pf01_0728	-	-	-	-	NA	-							
K2	PP_4670	-	PA1120	Pf01_0692	-	-	-	-	5302643	K2_353	64	-	-	-	-	-	N
K2	PP_4858	+	-	Pf01_3748	-	-	-	-	5525169	K2_354	55	-	-	-	-	-	N
K2	PP_4859	+	PA4890	Pf01_0564	-	-	-	-	5525802	K1_272	59	+	-	-	-	-	N
K2	PP_5008	-	PA5061	Pf01_0389	-	-	-	-	5705841	K2_355	53	-	-	-	-	-	N
K2	PP_5086	-	PA5048	Pf01_0402	-	-	-	-	5810576	K1_292	57	+	-	-	-	-	N
K2	PP_5144	+	PA0339	Pf01_5376	-	-	-	-	NA	-							
K2	PP_5398	-	-	-	-	-	-	-	6156179	K1_311	47	-	-	-	-	-	Y
K3	PP_0090	+	PA0060	-	-	-	-	-	NA	-							
K3	PP_0274	+	-	-	-	-	-	-	332829	K3_356	55	+	-	-	-	-	Y
K3	PP_0353	-	-	Pf01_5186	-	-	-	-	432337	K3_357	53	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0354	-	PA3233	Pf01_5185	A3	-	-	-	432337	K3_357	53	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0355	+	-	Pf01_5184	-	-	-	-	432404	K3_358	52	+	-	-	-	+	N
K3	PP_0370	+	PA0508	Pf01_5166	-	-	-	-	448803	K3_359	56	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0372	+	PA0530	Pf01_5164	-	-	-	-	450802	K3_360	50	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0424	-	PA0652	Pf01_5111	-	-	-	-	513389	K3_361	51	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0596	+	PA0132	Pf01_0685	-	-	-	-	694128	K3_362	54	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0613	-	PA0704	Pf01_1293	-	-	-	-	NA	-							
K3	PP_0614	-	PA0444	Pf01_3439	-	-	-	-	NA	-							
K3	PP_0615	-	PA1070	Pf01_1244	-	-	-	-	726764	K3_363	53	+	-	-	-	-	N
K3	PP_0616	-	PA4910	Pf01_1245	-	-	-	-	726764	K3_363	53	+	-	-	-	-	N
K3	PP_0617	-	-	-	-	-	-	-	726764	K3_363	53	+	-	-	-	-	N

K3	PP_0618	-	-	-	-	-	-	-	-	726764	K3_363	53	+	-	-	-	-	N
K3	PP_0619	-	-	-	-	-	-	-	-	726764	K3_363	53	+	-	-	-	-	N
K3	PP_0627	-	-	-	-	-	-	-	-	736332	K3_364	57	-	-	-	-	+	N
K3	PP_0718	-	-	-	-	-	-	-	-	838278	K3_365	57	-	-	-	-	-	N
K3	PP_0797	+	PA1647	Pf01_0024	-	-	-	-	-	909363	K2_318	53	+	-	-	-	-	N
K3	PP_0895	+	-	-	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_0938	+	PA4476	Pf01_0843	-	-	-	-	-	1075901	K1_68	65	-	-	-	-	-	N
K3	PP_1073	-	PA3584	Pf01_4534	-	-	-	-	-	1232726	K3_366	52	-	-	-	-	-	N
K3	PP_1153	+	PA1123	Pf01_4313	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_1194	+	-	-	-	-	-	-	-	1367416	K3_367	50	-	-	-	-	-	N
K3	PP_1299	+	PA4193	Pf01_0975	-	-	-	-	-	1482655	K3_368	50	-	-	+	+	-	N
K3	PP_1300	+	PA1339	Pf01_0976	-	-	-	-	-	1482655	K3_368	50	-	-	+	+	-	N
K3	PP_1502	-	PA3692	Pf01_1066	-	-	-	-	-	1708682	K3_369	51	-	-	-	-	+	N
K3	PP_1503	-	PA3691	Pf01_1067	-	-	-	-	-	1708682	K3_369	51	-	-	-	+	+	N
K3	PP_1662	-	-	-	-	-	-	-	-	1860477	K3_370	61	-	-	-	-	-	N
K3	PP_1721	-	PA1143	Pf01_1681	-	-	-	-	-	1927010	K2_323	59	-	-	+	+	-	N
K3	PP_1742	+	PA3235	Pf01_1607	A3	-	-	-	-	1942483	K3_371	50	-	-	-	-	-	N
K3	PP_1743	+	PA3234	Pf01_1608	A3	-	-	-	-	1942483	K3_371	50	-	-	-	-	-	N
K3	PP_1971	+	PA2954	Pf01_4145	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_2018	+	PA3080	Pf01_3230	-	-	-	-	-	2286430	K3_372	66	-	-	-	-	-	N
K3	PP_2297	+	-	-	-	-	-	-	-	2624393	K3_373	47	+	-	-	-	-	Y
K3	PP_2433	+	-	-	-	-	-	-	-	2779451	K3_374	53	-	-	-	-	-	N
K3	PP_2434	+	-	-	-	-	-	-	-	2779451	K3_374	53	-	-	-	-	-	N
K3	PP_2632	+	-	-	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_2738	-	-	Pf01_4737	-	-	-	-	-	3121894	K1_191	51	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3288	+	-	Pf01_3347	-	-	-	-	-	3721164	K3_375	60	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3593	+	PA5153	Pf01_0311	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_3597	+	PA1339	Pf01_0976	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_3744	-	PA5356	Pf01_0754	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_3745	+	PA5355	Pf01_2219	-	-	-	-	-	4273999	K3_376	56	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3746	+	PA5354	Pf01_2218	-	-	-	-	-	4273999	K3_376	56	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3747	+	PA5353	Pf01_2217	-	-	-	-	-	4273999	K3_376	56	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3749	+	-	-	-	-	-	-	-	4273999	K3_376	56	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3768	-	-	Pf01_3713	-	-	-	-	-	4298101	K3_377	57	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3771	-	-	-	-	-	-	-	-	NA	-							N
K3	PP_3822	-	PA2481	-	-	-	-	-	-	4351843	K3_378	51	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3823	-	PA2482	-	-	-	-	-	-	4351843	K3_378	51	-	-	-	-	-	N
K3	PP_3869	-	-	Pf01_1154	-	-	-	-	F1	4396362	K3_379	65	-	-	-	-	-	Y

K3	PP_3900	-	hicA-2	-	-	-	4415670	K2_347	46	+	-	-	-	-	-	-	Y
K3	PP_3905	+		+	-	-	NA	-									
K3	PP_3934	+			PA2681	PH01_3767	4438975	K3_380	61	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4232	-			PA4619	PH01_1907	4807555	K3_381	70	-	-	-	-	-	-	-	Y
K3	PP_4233	-			PA4620	PH01_1906	4807555	K3_381	70	-	-	-	-	-	-	-	Y
K3	PP_4234	-			-	-	NA	-									
K3	PP_4278	+	xdhA	+	PA1524	PH01_1797	4866672	K3_382	53	+	+	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4279	+	xdhB	+	PA1523	PH01_1796	4866672	K3_382	53	+	+	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4281	+	gad	+	PA1521	PH01_1794	NA	-									
K3	PP_4344	-	flhA	-	PA1452	PH01_1560	NA	-									
K3	PP_4351	-		-	-	-	4946671	K3_383	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4352	-	flhB	-	PA1449	PH01_1552	4952642	K2_352	56	+	-	-	-	-	-	-	Y
K3	PP_4365	-	fljJ	-	PA1105	PH01_1540	NA	-									
K3	PP_4369	-	fljF	-	PA1101	PH01_1536	4960844	K3_384	55	-	+	+	-	-	-	-	N
K3	PP_4421	-		-	PA0299	PH01_5406	NA	-									
K3	PP_4422	-		-	PA0265	PH01_0187	NA	-									
K3	PP_4442	+		+	-	-	5036090	K1_245	57	-	-	-	-	-	-	-	Y
K3	PP_4491	+	phhB	+	PA0871	PH01_1498	5101845	K3_385	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4614	+		+	-	PH01_0918	5237092	K3_386	48	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4619	-		-	PA2007	PH01_0912	NA	-									
K3	PP_4621	-	hmgA	-	PA2009	PH01_0910	NA	-									
K3	PP_4735	+	lctP	+	PA4770	PH01_0753	5383488	K1_264	51	+	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_4888	-		-	PA2920	PH01_0529	5564892	K1_274	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_5221	-		-	PA5247	PH01_5469	NA	-									
K3	PP_5269	-	dadX	-	PA5302	PH01_5524	6019246	K3_387	64	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_5270	-	dadA-2	-	PA5304	PH01_5526	6020678	K3_388	49	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_5340	+		+	PA1409	PH01_5631	6087755	K3_389	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K3	PP_5397	-		-	-	-	6156179	K1_311	47	-	-	-	-	-	-	-	Y
K4	PP_0085	-		-	-	PH01_0101	94946	K4_390	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_0711	+		+	PA1202	PH01_2298	826783	K4_391	56	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_0712	+		+	PA2428	PH01_1377	827514	K4_392	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_0806	-		-	PA1874	-	945738	K4_393	59	-	-	-	-	-	-	-	Y
K4	PP_0837	+		+	PA3819	PH01_4617	974598	K4_394	57	-	-	-	+	-	-	-	N
K4	PP_1002	-	arcD	-	PA5170	PH01_4385	1142476	K4_395	51	-	+	+	-	-	-	-	N
K4	PP_1082	-	bfr	-	PA3531	PH01_4523	1242515	K4_396	43	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_1121	+		+	PA1041	PH01_1220	1284030	K4_397	56	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_1144	-		-	PA3311	PH01_1252	1311588	K4_398	48	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_1162	+		+	PA3035	PH01_5690	1336591	K4_399	56	-	+	+	-	-	-	-	N
K4	PP_1184	-		-	PA1166	PH01_4242	NA	-									

K4	PP_4037	+		PA0440	PH01_3442	-	-	4547590	K4_425	47	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4038	+		PA0439	PH01_3443	-	-	4547590	K4_425	47	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4044	+		-	-	-	-	4557650	K4_426	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4118	+		-	PH01_4581	-	-	4655085	K4_427	66	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4270	+		PA1531	PH01_1804	-	-	NA	-									
K4	PP_4282	-		PA4034	PH01_1426	-	-	4874575	K4_428	50	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4309	+		PA0476	PH01_1756	-	-	4900398	K4_429	54	-	-	+	+	-	-	-	N
K4	PP_4310	+		-	PH01_1755	-	-	4900398	K4_429	54	-	-	+	+	-	-	-	N
K4	PP_4402	+		PA2248	PH01_3464	-	-	4991951	K4_430	48	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4403	+	blkA2	PA2249	PH01_3465	-	-	4991951	K4_430	48	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4404	+	blkB	PA2250	PH01_3466	-	-	4991951	K4_430	48	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4490	+	lpdV	PA0872	PH01_1499	A2	-	5101845	K3_385	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4605	+	phhA	PA3898	PH01_0932	-	-	NA	-									
K4	PP_4643	+		PA2938	PH01_1871	-	-	5266609	K4_431	60	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4704	+		PA4735	PH01_4816	-	-	5347496	K4_432	58	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4705	-		PA3389	-	-	-	5350976	K4_433	49	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4817	+		PA4015	PH01_4982	-	-	5478980	K4_434	57	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4855	+		PA4876	-	-	-	5521820	K4_435	61	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4856	+		PA4880	PH01_0567	-	-	5521820	K4_435	61	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_4959	-		PA0575	PH01_5255	-	-	5651275	K4_436	48	-	-	-	-	-	-	-	N
K4	PP_5363	-		-	PH01_5664	-	-	6112775	K4_437	56	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0271	-	glrR-1	PA3192	PH01_4373	-	-	335472	K5_438	63	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0351	-		PA0471	PH01_5188	-	-	429530	K5_439	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0352	-		PA0472	PH01_5187	-	-	429530	K5_439	59	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0506	-		PA4065	PH01_5027	-	-	NA	-									
K5	PP_0533	-	pfeS	PA2687	PH01_4220	-	-	620696	K5_440	55	+	-	-	-	+	-	-	N
K5	PP_0534	-		PA2686	PH01_4221	-	-	620696	K5_440	55	+	-	-	-	+	-	-	N
K5	PP_0667	+		PA1912	PH01_0123	-	-	775339	K5_441	53	+	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0685	-		PA4570	PH01_4863	-	-	799358	K5_442	52	+	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0700	-		PA0150	-	-	-	NA	-									
K5	PP_0703	-		PA2467	PH01_0122	-	-	818721	K5_443	55	+	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0704	-		PA1912	PH01_0925	-	-	818721	K5_443	55	+	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0860	-		PA4513	PH01_0797	-	-	1000124	K5_444	48	-	-	-	-	+	-	-	N
K5	PP_0861	-		PA4514	PH01_0798	-	-	NA	-									
K5	PP_0862	+		PA4515	PH01_0799	-	-	1000324	K5_445	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0863	+		PA4516	PH01_0800	-	-	1000324	K5_445	55	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0865	+		PA2387	PH01_3786	-	-	1003460	K5_446	54	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0943	+	fagA	PA4471	PH01_0848	-	-	1087065	K5_447	56	-	-	-	-	-	-	-	N

K5	PP_0944	+	fumC	PA4470	PH01_0849	-	-	1087065	K5_447	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_0945	+		PA4469	PH01_0850	-	-	1087065	K5_447	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_1004	-		-	PH01_4381	-	-	1144952	K5_448	68	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_1006	-		PA4710	PH01_4379	-	-	1149777	K5_449	52	+	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_1008	-		-	PH01_4377	-	-	1149777	K5_449	52	+	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_1083	-		PA3530	PH01_4522	-	-	1242918	K5_450	52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_1651	+		PA0929	PH01_4221	-	-	NA	-											
K5	PP_1652	+		PA0930	PH01_4220	-	-	NA	-											
K5	PP_2192	+		PA1911	PH01_3797	-	-	2496725	K5_451	53	-	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_2419	-		PA4838	PH01_3280	-	-	2770630	K5_452	63	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_2900	-		-	PH01_2562	-	-	3297666	K5_453	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3086	-		PA1912	PH01_3796	-	-	3478678	K5_454	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3155	-		PA4837	PH01_2232	-	-	3575393	K5_455	52	-	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_3326	+		-	PH01_0873	-	-	3760587	K5_456	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3612	+		PA4514	PH01_0293	-	-	NA	-											
K5	PP_3796	+		PA2386	PH01_1859	-	-	4325492	K5_457	61	-	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_3797	+		PA2403	PH01_3923	-	-	4326982	K5_458	46	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3799	+		PA2405	PH01_3925	-	-	4326982	K5_458	46	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3800	+		PA2406	PH01_3926	-	-	4326982	K5_458	46	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3801	+		PA2407	PH01_3927	-	-	4326982	K5_458	46	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_3807	-		PA2411	PH01_1844	-	-	4335822	K5_459	55	-	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_4070	+		-	-	-	-	NA	-											
K5	PP_4208	-		PA2387	PH01_1858	-	-	4753431	K5_460	51	-	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K5	PP_4213	+		PA2393	PH01_1853	-	-	NA	-											
K5	PP_4214	+		PA2394	PH01_1852	-	-	NA	-											
K5	PP_4215	+		PA2395	PH01_1851	-	-	4761569	K5_461	65	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_4216	+	pvdE	PA2397	PH01_1850	-	-	4761569	K5_461	65	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_4217	+	fpvA	PA4168	PH01_2462	-	-	4765316	K5_462	51	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_4244	+	pfrI	PA2426	PH01_3941	-	-	4831449	K5_463	47	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_4609	-		-	-	-	-	NA	-											
K5	PP_4611	+		PA3899	PH01_0925	-	-	5233111	K5_464	51	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_5131	+		-	PH01_5360	-	-	NA	-											
K5	PP_5196	-		PA5217	PH01_5430	-	-	5929951	K5_465	69	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_5306	+	exbB	-	PH01_5555	-	-	6053569	K5_466	47	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_5307	+	exbD	-	PH01_5556	-	-	6053569	K5_466	47	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K5	PP_5308	+	tonB	-	PH01_5557	-	-	6053569	K5_466	47	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K6	PP_0234	+	oprE	PA0291	PH01_5417	-	-	288445	K6_467	44	+	-	-	-	-	+	-	-	-	Y
K6	PP_0362	+	bioB	PA0500	PH01_5176	-	-	440042	K6_468	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N

K6	PP_0985	-	PA0456	PfH01_4395	-	-	1124171	K6_469	59	-	+	+	-	-	N
	K6	PP_1110	+	PA2105	PfH01_4614	-	-	1269519	K6_470	50	-	-	-	-	N
K6	PP_1111	+	-	-	-	-	-	1269519	K6_470	50	-	-	-	-	N
K6	PP_1198	-	-	PfH01_0269	-	-	1374244	K6_471	59	-	-	-	-	-	N
K6	PP_1199	-	-	PfH01_0270	-	-	1374244	K6_471	59	-	-	-	-	-	N
K6	PP_1757	+	bolA	PA0857	PfH01_4091	-	-	1959176	K6_472	60	-	-	-	-	N
K6	PP_2089	+	oprF	PA1777	PfH01_1777	-	-	2380187	K6_473	54	-	-	-	-	N
K6	PP_2463	-	cspA-2	PA3266	PfH01_1929	-	-	2809274	K6_474	57	-	-	-	-	N
K6	PP_2467	+	rpmI	PA2742	PfH01_1933	-	-	2809424	K1_187	56	+	-	-	-	Y
K6	PP_3680	+	-	-	-	-	-	4179810	K6_475	43	-	-	-	-	Y
K6	PP_3776	-	ratD-3	-	-	-	-	4306941	K6_476	45	+	-	-	-	Y
K6	PP_3777	-	-	-	-	-	-	4306941	K6_476	45	+	-	-	-	Y
K6	PP_3778	-	proC-1	PA0393	PfH01_5320	-	-	4306941	K6_476	45	+	-	-	-	Y
K6	PP_3779	-	-	PfH01_5291	-	-	4308095	K6_477	60	-	-	-	-	-	Y
K6	PP_3780	-	-	-	-	-	NA	-							
K6	PP_3781	+	PA0386	PfH01_5327	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3782	+	-	-	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3783	+	-	-	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3784	+	-	-	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3785	+	-	-	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3786	+	PA4715	PfH01_4334	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3787	+	-	-	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_3788	+	PA2402	PfH01_2213	-	-	4308514	K6_478	44	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_4292	+	-	-	-	-	NA	-							
K6	PP_4447	+	-	-	-	-	5041565	K6_479	45	+	-	-	-	-	Y
K6	PP_4693	+	PA4723	PfH01_4804	-	-	5331689	K6_480	60	-	-	-	-	-	N
K6	PP_4819	+	PA4851	PfH01_0616	-	-	5479546	K6_481	60	-	-	-	-	-	N
K6	PP_4870	-	PA4922	PfH01_0546	-	-	5537689	K6_482	47	-	-	-	-	-	N
K6	PP_5085	-	maeB	PA5046	PfH01_0403	-	-	5809312	K6_483	56	-	-	+	-	N
K7	PP_0482	+	PA4235	PfH01_5052	-	-	566099	K7_484	48	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1533	-	-	-	-	-	1742415	K7_485	56	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1534	-	-	-	-	-	1742415	K7_485	56	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1535	-	-	-	-	-	1742415	K7_485	56	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1536	-	-	-	-	-	1742415	K7_485	56	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1537	-	-	-	-	-	1742415	K7_485	56	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1538	-	-	-	-	-	1742415	K7_485	56	-	-	-	-	-	N
K7	PP_1539	-	-	-	-	-	NA	-							
K7	PP_1540	-	-	-	-	-	1743178	K7_486	64	-	-	-	-	-	N

K8	PP_2679	+	PA1982	-	A2	-	3063659	K8_500	58	-	-	-	-	-	-	N
K8	PP_2680	+	PA1984	PF01_4989	A2	F3	3068877	K8_501	62	-	-	-	-	-	-	N
K8	PP_2681	+	PA1988	-	A3	-	3070642	K8_502	57	-	-	-	-	-	-	N
K8	PP_2730	+	-	PF01_2808	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-	-	-
K8	PP_4054	+	-	-	-	-	4564472	K8_503	50	-	+	+	-	-	-	N
K8	PP_4116	+	aceA	PF01_3602	-	-	4652290	K8_504	59	-	-	-	-	-	-	N
K8	PP_4586	-	-	PF01_1393	-	-	5206976	K1_252	66	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_0648	+	-	-	-	-	757299	K9_505	47	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_0803	-	PA1877	PF01_0136	-	-	945738	K4_393	59	-	-	-	-	-	-	Y
K9	PP_0805	-	-	-	-	-	945738	K4_393	59	-	-	-	-	-	-	Y
K9	PP_1317	+	PA4431	PF01_4692	-	-	1504180	K9_506	51	-	-	-	-	-	-	Y
K9	PP_1921	+	-	-	-	-	2166862	K9_507	54	-	-	-	-	-	-	Y
K9	PP_1959	-	-	-	-	-	2222866	K9_508	55	-	-	-	-	-	-	Y
K9	PP_2856	-	-	-	-	-	3260283	K9_509	56	+	-	-	-	-	-	N
K9	PP_2857	-	PA1955	PF01_2597	-	-	3261285	K9_510	50	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_2858	-	-	-	-	-	3261285	K9_510	50	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_3431	+	PA2719	PF01_2230	-	-	3887964	K9_511	56	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_3558	+	PA5103	PF01_4344	-	-	4037147	K9_512	60	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_3815	+	PA0605	PF01_3242	-	-	4340251	K4_420	52	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4043	-	-	PF01_2586	-	-	4557557	K9_513	52	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4057	+	-	PF01_2537	-	-	4575133	K9_514	63	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4254	+	-	-	-	-	4837629	K9_515	63	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4285	-	PA1518	PF01_1708	A2	-	4877043	K9_516	50	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4297	+	PA1502	PF01_1598	-	-	4886825	K9_517	43	+	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4298	+	PA1501	PF01_1597	-	-	4886825	K9_517	43	+	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4299	+	PA1500	PF01_1596	-	-	4888471	K9_518	59	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4300	+	PA1499	PF01_1595	-	-	4888471	K9_518	59	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4604	-	PA3897	PF01_0934	-	-	5225617	K9_519	60	-	-	-	-	-	-	N
K9	PP_4706	+	PA3390	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-	-	-
K9	PP_5033	-	PA5100	PF01_0360	-	-	5737481	K9_520	50	-	-	-	-	+	-	N
K9	PP_5174	-	PA0157	PF01_0231	-	-	5903079	K9_521	60	-	-	-	-	-	-	N
K10	PP_0076	-	PA0030	PF01_0025	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-	-	-
K10	PP_0099	+	PA0069	PF01_0083	-	-	101138	K1_05	55	-	+	+	-	-	-	N
K10	PP_0334	+	PA4797	PF01_3816	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-	-	-
K10	PP_0383	-	-	PF01_5154	-	-	472596	K10_522	59	-	-	-	-	-	-	N
K10	PP_0595	-	PA0133	PF01_0684	-	-	694069	K10_523	52	-	-	-	-	-	-	N
K10	PP_0597	+	PA0130	PF01_0686	-	-	694128	K3_362	54	-	-	-	-	-	-	N
K10	PP_1155	-	PA2870	PF01_4307	-	-	1323871	K10_524	50	-	-	-	-	-	-	N

[illegible]

K13	PP_5207	+		PA5231	PH01_5442	-	-	5936452	K10_529	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K13	PP_5278	-		PA5312	PH01_5534	-	-	6029497	K13_559	55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K13	PP_5279	+		PA5314	PH01_5535	-	-	6029643	K13_560	50	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K14	PP_0273	-		-	-	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K14	PP_0504	-	oprG	PA4067	PH01_5029	AI	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K14	PP_0620	-		-	-	-	-	726764	K3_363	53	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K14	PP_1149	+		-	-	-	-	1314698	K14_562	58	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K14	PP_3873	-		-	-	-	-	4404027	K14_563	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K14	PP_3876	-		-	-	-	-	4404027	K14_563	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K14	PP_3878	-		-	-	-	-	4404027	K14_563	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K14	PP_3882	-		-	-	-	-	4404027	K14_563	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K14	PP_3883	-		-	-	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K14	PP_3903	+		-	-	-	-	4415775	K14_564	49	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K14	PP_3907	+		-	-	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K14	PP_5140	+		PA3689	PH01_5372	-	-	5862919	K14_565	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K15	PP_1318	+	petB	PA4430	PH01_4691	-	-	1504180	K9_506	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K15	PP_1964	-		-	-	-	-	2227449	K15_566	49	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K15	PP_2334	+	prpB	PA0796	PH01_1764	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K15	PP_3599	+		PA1010	PH01_0827	-	-	4088876	K15_567	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K15	PP_3600	+		PA2210	PH01_0829	-	-	4088876	K15_567	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K15	PP_3601	+		-	PH01_0830	-	-	4088876	K15_567	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K15	PP_3707	-		-	-	-	-	4231277	K15_568	51	+	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K15	PP_4388	-	flgE	PA1080	PH01_4248	-	-	4983570	K15_569	55	-	-	+	+	+	+	+	+	+	N
K15	PP_4389	-	flgD	PA1079	PH01_4249	-	-	4983570	K15_569	55	-	-	+	+	+	+	+	+	+	N
K15	PP_4390	-	flgC	PA1078	PH01_4250	-	-	4983570	K15_569	55	-	-	+	+	+	+	+	+	+	N
K15	PP_4391	-	flgB	PA1077	PH01_4251	-	F2	4983570	K15_569	55	-	-	+	+	+	+	+	+	+	N
K15	PP_5232	-		PA5285	PH01_5503	-	-	5966104	K15_570	63	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_0255	-		-	-	-	-	309843	K16_571	52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_1268	-		-	-	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	
K16	PP_1683	+		PA1285	PH01_1651	-	-	1873392	K16_572	66	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_1839	+		-	-	-	-	2061010	K16_573	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_2308	+		PA2871	PH01_4024	-	-	2637770	K16_574	63	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_2574	+		PA0218	PH01_4934	-	-	2940701	K16_575	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_3117	+		PA0671	PH01_3151	-	-	3525549	K1_204	55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K16	PP_4139	+		-	PH01_2191	-	-	4676104	K16_576	53	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_4405	-		PA0338	PH01_0190	-	-	4998155	K16_577	60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K16	PP_5346	-	oadA	PA5435	PH01_5639	-	-	6096762	K16_578	48	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K17	PP_1755	-	fumC-2	PA0854	PH01_4093	-	-	1959076	K17_579	60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K17	PP_1837	+		-	-	-	-	NA	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-	

Y	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

K22	PP_0198	+		PA5249	PH01_5476	-	-	248394	K22_597	51	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_0544	-		PA4023	PH01_4990	A2	-	633474	K22_598	54	-	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_0883	-		PA4501	PH01_0814	-	-	1025859	K22_599	62	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_1173	-		PA0240	PH01_3451	-	-	1348790	K22_600	54	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_1206	-	oprD	PA0958	PH01_0295	-	-	1386790	K1_90	49	-	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_1659	+		-	-	-	-	1854933	K4_401	56	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_2006	-		-	-	-	-	2278631	K22_601	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_2007	-		-	-	-	-	2278631	K22_601	57	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_2256	-		-	-	-	-	2572987	K22_602	50	-	-	-	+	-	-	-	-	-	N
K22	PP_2458	+	rhsK	PA1950	PH01_1923	-	-	2800633	K22_603	53	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_2512	+	foIE	PA3438	PH01_0891	-	-	NA	-											
K22	PP_2537	+		-	-	-	-	NA	-											
K22	PP_2875	-		-	PH01_3367	-	-	3276869	K22_604	56	+	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_3145	-		-	PH01_2516	-	-	NA	-											
K22	PP_3334	-		-	-	-	-	3775954	K22_605	61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_3774	+		-	-	-	-	4300822	K22_606	53	+	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K22	PP_3789	+		-	PH01_2859	-	-	4317056	K22_607	64	-	-	-	-	-	-	+	-	-	Y
K22	PP_3806	-		PA3846	-	-	-	4335822	K5_459	55	-	-	-	-	+	-	-	-	-	N
K22	PP_3808	-		PA2412	PH01_3931	-	-	4335822	K5_459	55	-	-	-	-	+	-	-	-	-	N
K22	PP_4050	+	glgA	PA2165	PH01_2549	-	-	4564472	K8_503	50	-	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_4064	+	ivd	PA2015	PH01_3656	A12	-	NA	-											
K22	PP_4100	-		-	-	-	-	4636269	K22_608	54	-	-	-	-	+	-	-	-	-	N
K22	PP_4331	-		PA1465	PH01_1573	-	-	4925677	K22_609	60	-	-	-	-	-	+	-	-	-	N
K22	PP_4336	-	motC	PA1460	PH01_1568	-	-	4931449	K1_243	59	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_4378	-	fliC	PA1092	PH01_1527	-	F6	4970307	K22_610	52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K22	PP_4406	+		-	-	-	-	4998349	K22_611	60	-	+	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_4487	-	acsA	PA0887	PH01_4293	A3	-	5099278	K22_612	52	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_4556	-		PA0557	PH01_4328	-	-	5179364	K22_613	58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_4650	-	cioB	PA3929	PH01_4892	-	-	5276856	K22_614	55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_4651	-	cioA	PA3930	PH01_4893	-	-	5276856	K22_614	55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	N
K22	PP_5390	-		-	-	-	-	6147390	K22_615	53	+	-	-	-	-	-	-	-	-	Y
K22	PP_5391	-		-	-	-	-	6147390	K22_615	53	+	-	-	-	-	-	-	-	-	Y

Supplemental Table S3-2-2. PAOI株においてpCAR1を保持した際に転写プロファイルが変化した241個のORFの保存性, 上流配列の解析結果

Cluster	COG	Locus Tag	Strand	Gene	KT2440 BLAST hit	Pf0-1 BLAST hit	A clusters	F clusters	Predicted tsp	Unit tag	GC contents (%)	RpoD	RpoN	IHF	PvdS/PfrI	Fur
AI	S	PA0263	-	hcpC	PP_4082	PH01_2328	-	-	297594	AI_01	50	-	-	-	-	-
AI	J	PA0579	-	rpsU	-	-	-	-	639209	AI_02	65	-	-	-	-	-
AI	M	PA0973	+	oprL	PP_1223	PH01_4401	K1	-	1053112	AI_03	60	-	-	-	-	-
AI	F	PA1156	-	nrdA	PP_1179	PH01_4246	K1	-	1254702	AI_04	59	-	-	-	-	-
AI	C	PA1183	+	dctA	PP_1188	PH01_4236	K1	-	1284402	AI_05	62	-	-	-	-	-
AI	N	PA1447	+	fliQ	PP_4354	PH01_1550	K2	-	1571429	AI_06	69	-	+	-	-	-
AI	S	PA1512	-	hcpA	PP_4082	PH01_2328	-	-	1644774	AI_07	48	-	-	-	-	-
AI	H	PA1546	-	hemN	PP_4264	PH01_1813	-	-	1683958	AI_08	61	-	-	-	-	-
AI	C	PA1552	-	ccoPI	PP_4258	PH01_1820	-	-	NA	#N/A						
AI	-	PA1552.1	-	ccoQ1	PP_4257	PH01_1821	K17	-	1692694	AI_09	59	-	-	-	-	-
AI	C	PA1553	-	ccoO1	PP_4256	PH01_1822	-	-	1692816	AI_10	59	-	-	-	-	-
AI	C	PA1555	-	ccoP2	PP_4253	PH01_1820	-	-	1695624	AI_11	63	-	-	-	-	-
AI	O	PA1557	-	ccoN2	PP_4250	PH01_1827	-	-	1696325	AI_12	58	-	-	-	-	-
AI	C	PA1580	-	glrA	PP_4194	PH01_1609	K1	-	1720444	AI_13	50	+	-	+	-	-
AI	C	PA1583	+	sdhA	PP_4191	PH01_1612	-	-	1720652	AI_14	53	-	-	-	-	-
AI	C	PA1584	+	sdhB	PP_4190	PH01_1613	K1	-	1720652	AI_14	53	-	-	-	-	-
AI	C	PA1585	+	sucA	PP_4189	PH01_1614	-	-	1723974	AI_15	56	-	-	-	-	-
AI	C	PA1589	+	sucD	PP_4185	PH01_1618	K1	-	1730035	AI_16	60	-	-	-	-	-
AI	S	PA1658	+		PP_2623	PH01_5594	-	-	NA	#N/A						
AI	S	PA1666	+		-	PH01_5580	-	-	1813254	AI_17	70	-	-	-	-	-
AI	P	PA1673	+		-	-	-	-	1821527	AI_18	56	-	-	-	-	-
AI	C	PA1787	-	acnB	PP_2339	PH01_3395	-	-	1937768	AI_19	56	-	-	-	-	-
AI	-	PA2760	+	oprQ	PP_0268	PH01_0295	K1	-	3119998	AI_20	52	-	-	-	-	-
AI	J	PA2970	-	rpmF	PP_1911	PH01_4160	K1	-	3328937	AI_21	60	+	-	-	-	-
AI	J	PA3162	-	rpsA	PP_1772	PH01_4072	K1	-	3550002	AI_22	64	+	-	-	-	-
AI	J	PA3656	-	rpsB	PP_1591	PH01_1101	K1	-	4094962	AI_23	59	+	-	-	-	-
AI	-	PA3661	+		-	-	-	-	4102063	AI_24	66	-	-	-	-	-
AI	J	PA3743	-	trmD	PP_1464	PH01_1021	K1	-	4197035	AI_25	67	-	-	-	-	-
AI	J	PA3744	-	rimM	PP_1463	PH01_1020	K1	-	4197035	AI_25	67	-	-	-	-	-
AI	J	PA3745	-	rpsP	PP_1462	PH01_1019	K1	-	4197035	AI_25	67	-	-	-	-	-
AI	F	PA3807	-	ndk	PP_0849	PH01_4605	-	-	4266928	AI_26	66	-	-	-	-	-
AI	M	PA4067	+	oprG	PP_0504	PH01_5029	K14	-	4544604	AI_27	64	-	-	-	-	-
AI	J	PA4237	-	rplQ	PP_0480	PH01_5054	K1	-	4758182	AI_28	58	-	-	-	-	-
AI	K	PA4238	-	rpoA	PP_0479	PH01_5055	K1	-	4758182	AI_28	58	-	-	-	-	-

AI	J	PA4239	-	rpsD	PP_0478	PH01_5056	K1	-	4758182	AI_28	58	-	-	-	-
AI	J	PA4240	-	rpsK	PP_0477	PH01_5057	-	-	4758182	AI_28	58	-	-	-	-
AI	J	PA4242	-	rpmJ	-	-	-	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	U	PA4243	-	secY	PP_0474	PH01_5059	K1	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4244	-	rplO	PP_0473	PH01_5060	K1	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4245	-	rpmD	PP_0472	PH01_5061	K1	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4246	-	rpsE	PP_0471	PH01_5062	K1	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4247	-	rplR	PP_0470	PH01_5063	K1	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4248	-	rplF	PP_0469	PH01_5064	K1	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4249	-	rpsH	PP_0468	PH01_5065	-	-	4762617	AI_29	54	-	-	-	-
AI	J	PA4250	-	rpsN	PP_0467	PH01_5066	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4251	-	rplE	PP_0466	PH01_5067	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4252	-	rplX	PP_0465	PH01_5068	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4253	-	rplN	PP_0464	PH01_5069	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4254	-	rpsQ	PP_0463	PH01_5070	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4256	-	rplP	PP_0461	PH01_5072	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4257	-	rpsC	PP_0460	PH01_5073	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4258	-	rplV	PP_0459	PH01_5074	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4259	-	rpsS	PP_0458	PH01_5075	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4260	-	rplB	PP_0457	PH01_5076	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4261	-	rplW	PP_0456	PH01_5077	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4262	-	rplD	PP_0455	PH01_5078	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4263	-	rplC	PP_0454	PH01_5079	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4264	-	rpsJ	PP_0453	PH01_5080	K1	-	NA	#N/A	-	-	-	-	-
AI	J	PA4265	-	tufA	PP_0440	PH01_5093	K1	-	4772049	AI_30	52	+	+	-	-
AI	J	PA4266	-	fusA1	PP_0451	PH01_5082	K1	-	4772049	AI_30	52	+	+	-	-
AI	J	PA4267	-	rpsG	PP_0450	PH01_5083	K1	-	4772049	AI_30	52	+	+	-	-
AI	J	PA4268	-	rpsL	PP_0449	PH01_5084	K1	-	4772209	AI_31	62	-	-	-	-
AI	K	PA4269	-	rpoC	PP_0448	PH01_5085	K1	-	4782974	AI_32	56	-	-	+	+
AI	K	PA4270	-	rpoB	PP_0447	PH01_5086	K1	-	4782974	AI_32	56	-	-	+	+
AI	J	PA4271	-	rplL	PP_0446	PH01_5087	K1	-	4782974	AI_32	56	-	-	+	+
AI	J	PA4272	-	rplJ	PP_0445	PH01_5088	K1	-	4782974	AI_32	56	-	-	+	+
AI	J	PA4273	-	rplA	PP_0444	PH01_5089	K1	-	4785976	AI_33	60	-	-	-	-
AI	J	PA4274	-	rplK	PP_0443	PH01_5090	K1	-	4785976	AI_33	60	-	-	-	-
AI	U	PA4276	-	secE	PP_0441	PH01_5092	K1	-	4785976	AI_33	60	-	-	-	-
AI	J	PA4277	-	tufB	PP_0440	PH01_5093	K1	-	4785976	AI_33	60	-	-	-	-
AI	J	PA4433	-	rplM	PP_1315	PH01_4694	K1	-	4966067	AI_34	59	-	-	-	-
AI	J	PA4567	-	rpmA	PP_0689	PH01_4859	K1	-	5116756	AI_35	61	+	-	-	-
AI	J	PA4568	-	rplU	PP_0688	PH01_4860	K1	-	5116756	AI_35	61	+	-	-	-
AI	J	PA4671	+	-	PP_0721	PH01_4754	K1	-	5238108	AI_36	54	-	-	-	-

A1	E	PA4694	-	ilvC	PP_4678	Phl01_4786	K1	-	5275991	A1_37	41	+	-	-	-	-
A1	E	PA4695	-	ilvH	PP_4679	Phl01_4787	K1	-	5275991	A1_37	41	+	-	-	-	-
A1	E	PA4696	-	ilvI	PP_4680	Phl01_4788	K1	-	5275991	A1_37	41	+	-	-	-	-
A1	-	PA4933	-		PP_4875	Phl01_0536	K1	F2	5537851	A1_38	67	-	-	-	-	-
A1	J	PA4934	-	rpsR	PP_4876	Phl01_0535	K1	-	5537851	A1_38	67	-	-	-	-	-
A1	J	PA4935	-	rpsF	PP_4877	Phl01_0534	K1	F2	5537851	A1_38	67	-	-	-	-	-
A1	S	PA5267	-	hcrpB	PP_4082	Phl01_2328	-	-	5933435	A1_39	50	-	+	-	-	-
A1	C	PA5554	-	atpD	PP_5413	Phl01_5730	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	C	PA5555	-	atpG	PP_5414	Phl01_5731	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	C	PA5556	-	atpA	PP_5415	Phl01_5732	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	C	PA5557	-	atpH	PP_5416	Phl01_5733	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	C	PA5558	-	atpF	PP_5417	Phl01_5734	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	C	PA5559	-	atpE	PP_5418	Phl01_5735	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	C	PA5560	-	atpB	PP_5419	Phl01_5736	K1	-	6255938	A1_40	63	-	-	-	-	-
A1	J	PA5569	-	rnpA	PP_0008	Phl01_5745	K1	-	NA	#N/A		-	-	-	-	-
A1	-	PA5570	-	rpmH	-	-	-	-	NA	#N/A		-	-	-	-	-
A2	I	PA0447	-	gcdH	PP_0158	Phl01_0117	-	-	503942	A2_41	55	-	-	-	-	-
A2	E	PA0484	+		PP_0357	Phl01_5182	-	-	544633	A2_42	69	-	-	-	-	-
A2	S	PA0565	+		-	-	-	-	NA	#N/A		-	-	-	-	-
A2	S	PA0567	+		-	-	-	-	NA	#N/A		-	-	-	-	-
A2	-	PA0826	-		-	-	-	-	901078	A2_43	46	-	-	-	-	-
A2	E	PA0865	+	hpd	PP_3433	Phl01_2917	K4	-	945764	A2_44	61	-	-	-	-	-
A2	E	PA0872	-	phhA	PP_4490	Phl01_1499	K4	-	953463	A2_45	57	-	-	+	-	-
A2	S	PA0960	+		PP_1208	-	-	-	NA	#N/A		-	-	-	-	-
A2	M	PA1041	+		PP_1121	Phl01_1220	K4	-	1126942	A2_46	66	-	+	-	-	-
A2	-	PA1324	+		-	-	-	-	1435473	A2_47	63	-	-	-	-	-
A2	-	PA1414	+		-	-	-	-	1536285	A2_48	59	-	-	-	-	-
A2	F	PA1515	-	alc	-	Phl01_1704	-	-	1649612	A2_49	52	-	+	-	-	-
A2	G	PA1517	-		PP_4286	Phl01_1706	-	-	1649612	A2_49	52	-	+	-	-	-
A2	R	PA1518	+		PP_4285	Phl01_1708	K9	-	1649864	A2_50	65	-	-	-	-	-
A2	-	PA1874	+		PP_0806	-	K4	-	2036393	A2_51	56	-	-	-	-	-
A2	-	PA1974	+		PP_2662	-	-	-	2157934	A2_52	64	-	-	-	-	-
A2	G	PA1982	-	exaA	PP_2674	-	K8	-	2169200	A2_53	69	-	-	-	-	-
A2	C	PA1983	+	exaB	PP_2675	-	K8	-	2169405	A2_54	66	-	-	-	-	-
A2	C	PA1984	+	exaC	PP_0545	Phl01_4989	-	F3	NA	#N/A		-	-	-	-	-
A2	-	PA1985	+	pqqA	-	-	-	-	2170232	A2_55	67	-	-	-	-	-
A2	K	PA2016	-	liuR	PP_3539	Phl01_3653	-	-	2206823	A2_56	51	-	-	-	-	-
A2	-	PA2174	-		-	-	-	-	2396296	A2_57	55	-	-	-	-	-
A2	N	PA2573	-		PP_0317	Phl01_2100	-	-	2910631	A2_58	66	-	-	-	-	-
A2	K	PA2622	+	cspD	PP_4010	Phl01_3592	K4	-	2965169	A2_59	56	-	-	-	-	-

A2	-	PA2779	-	-	-	-	-	-	3137532	A2_60	69	-	-	-	-	-	-
A2	-	PA2799	+	-	-	-	-	-	3156457	A2_61	66	-	-	-	-	-	-
A2	-	PA2958.1	+	-	-	-	-	-	NA	#N/A							
A2	S	PA3040	+	-	-	-	-	-	3403702	A2_62	58	-	-	-	-	-	-
A2	J	PA3049	+	-	-	-	-	F3	3414280	A2_63	57	-	-	-	-	-	-
A2	G	PA3182	+	-	-	-	-	-	3573793	A2_64	52	-	-	-	-	-	-
A2	G	PA3183	-	PP_1023	PP_1022	PP_1022	PP_1022	-	3573793	A2_64	52	-	-	-	-	-	-
A2	E	PA3194	-	PP_1010	PP_1010	PP_1010	PP_1010	-	3587312	A2_65	45	-	-	-	-	-	-
A2	G	PA3195	+	PP_1009	PP_1009	PP_1009	PP_1009	-	NA	#N/A							
A2	-	PA3231	-	-	-	-	-	-	3623543	A2_66	66	-	-	-	-	-	-
A2	C	PA3415	-	PP_4403	PP_4403	PP_4403	PP_4403	-	3825855	A2_67	71	-	-	-	-	-	-
A2	C	PA3416	-	PP_4402	PP_4402	PP_4402	PP_4402	-	3825855	A2_67	71	-	-	-	-	-	-
A2	C	PA3417	-	PP_4401	PP_4401	PP_4401	PP_4401	-	3825855	A2_67	71	-	-	-	-	-	-
A2	P	PA3531	+	PP_1082	PP_1082	PP_1082	PP_1082	-	3950253	A2_68	57	-	-	-	-	-	-
A2	T	PA3919	-	PP_1291	PP_1291	PP_1291	PP_1291	-	4388877	A2_69	53	-	-	-	-	-	-
A2	E	PA4023	+	PP_0544	PP_0544	PP_0544	PP_0544	-	4502247	A2_70	62	-	-	-	-	-	-
A2	E	PA4024	+	PP_0543	PP_0543	PP_0543	PP_0543	-	4502247	A2_70	62	-	-	-	-	-	-
A2	E	PA4025	+	PP_0542	PP_0542	PP_0542	PP_0542	-	4502247	A2_70	62	-	-	-	-	-	-
A2	U	PA4305	-	-	-	-	-	-	4830791	A2_71	48	-	-	-	-	-	-
A2	U	PA4306	+	-	-	-	-	-	4830916	A2_72	56	-	-	-	-	-	-
A2	-	PA4590	-	-	-	-	-	-	5141563	A2_73	61	-	-	-	-	-	-
A2	S	PA4611	-	-	-	-	-	-	5169629	A2_74	73	-	-	-	-	-	-
A2	M	PA4614	+	PP_4645	PP_4645	PP_4645	PP_4645	-	NA	#N/A							
A2	S	PA4648	+	-	-	-	-	-	5214970	A2_75	54	+	-	-	-	-	-
A2	S	PA5424	-	-	-	-	-	-	6106438	A2_76	65	-	-	-	-	-	-
A2	S	PA5460	+	-	-	-	-	-	6151298	A2_77	63	-	-	-	-	-	-
A3	-	PA0215	+	-	-	-	-	-	242975	A3_78	77	-	-	-	-	-	-
A3	C	PA0482	-	PP_0356	PP_0356	PP_0356	PP_0356	-	544391	A3_79	53	-	-	-	-	-	-
A3	I	PA0887	+	PP_4487	PP_4487	PP_4487	PP_4487	-	969661	A3_80	61	-	-	-	-	-	-
A3	S	PA1975	+	PP_2663	PP_2663	PP_2663	PP_2663	-	2158427	A3_81	65	-	-	-	-	-	-
A3	T	PA1976	+	PP_2664	PP_2664	PP_2664	PP_2664	-	2158427	A3_81	65	-	-	-	-	-	-
A3	T	PA1980	+	PP_2672	PP_2672	PP_2672	PP_2672	-	2165042	A3_82	68	-	-	-	-	-	-
A3	S	PA1981	-	PP_2673	PP_2673	PP_2673	PP_2673	-	2169200	A2_53	69	-	-	-	-	-	-
A3	R	PA1986	+	pqqB	PP_0379	PP_0379	PP_0379	-	2170232	A2_55	67	-	-	-	-	-	-
A3	H	PA1987	+	pqqC	PP_0378	PP_0378	PP_0378	-	2170232	A2_55	67	-	-	-	-	-	-
A3	-	PA1988	+	pqqD	PP_0377	PP_0377	PP_0377	-	2170232	A2_55	67	-	-	-	-	-	-
A3	R	PA1989	+	pqqE	PP_0376	PP_0376	PP_0376	-	2170232	A2_55	67	-	-	-	-	-	-
A3	E	PA1990	+	pqqH	PP_0375	PP_0375	PP_0375	-	2170232	A2_55	67	-	-	-	-	-	-
A3	H	PA2679	-	-	-	-	-	-	3026901	A3_83	57	-	+	-	-	-	-
A3	-	PA3038	+	PP_1419	PP_1419	PP_1419	PP_1419	-	3400626	A3_84	62	-	-	-	-	-	-

[illegible]

A6	Q	PA4918	+		-	-	-	5517811	A6_112	70	-	-	-	-
A7	N	PA1093	+		-	-	-	1182809	A7_113	54	-	-	-	-
A7	P	PA1297	-		-	-	-	1408965	A7_114	65	-	-	-	-
A7	P	PA3032	-	snr1	-	-	-	3396860	A7_115	59	-	-	-	-
A7	G	PA3181	-		PP_1024	PH01_4361	-	3573793	A2_64	52	-	-	-	-
A7	G	PA3190	-		PP_1015	PH01_4370	-	3581687	A7_116	54	-	-	+	-
A7	-	PA3260	-		-	-	-	3648356	A7_117	61	-	-	-	-
A7	-	PA3361	+	lecB	-	-	-	3772906	A7_118	63	-	-	-	-
A7	S	PA5446	+		-	-	-	6135692	A7_119	66	-	-	-	-
A8	-	PA0769	+		-	-	-	838334	A8_120	63	-	-	-	-
A8	T	PA1616	+		PP_4167	PH01_4206	-	1758747	A8_121	68	-	-	-	-
A8	M	PA2232	+	psIB	PP_1776	PH01_5683	-	2453614	A8_122	59	-	-	-	-
A8	T	PA2797	-		PP_2166	PH01_3848	-	3156337	A8_123	58	-	-	-	-
A8	-	PA2894	-		-	-	-	3249807	A8_124	61	-	-	-	-
A8	S	PA3566	+		-	-	-	3997785	A8_125	69	-	+	-	-
A8	-	PA3962	+		PP_4773	PH01_4936	-	4442429	A8_126	64	-	-	-	-
A8	G	PA4466	+		PP_0948	PH01_0853	-	4990967	A8_127	61	-	-	-	-
A9	S	PA0320	+		PP_5073	-	-	358167	A9_128	66	-	-	-	-
A9	S	PA1667	+		PP_2617	PH01_5579	-	1813254	A1_17	70	-	-	-	-
A9	N	PA2128	+	cupA1	-	-	-	2342486	A9_129	61	-	-	-	-
A9	S	PA2659	-		PP_2345	PH01_3774	-	3008684	A9_130	61	-	-	-	-
A9	H	PA3915	-	moaB1	PP_2122	PH01_2150	-	4385963	A9_131	70	-	-	-	-
A10	Q	PA2507	-	catA	PP_3713	PH01_2961	-	2829214	A10_132	69	-	-	-	-
A10	Q	PA2508	-	catC	PP_3714	PH01_2326	-	2829214	A10_132	69	-	-	-	-
A10	C	PA2634	+	aceA	-	-	-	2977413	A10_133	62	-	-	-	-
A10	Q	PA3331	+		PP_1955	PH01_2861	-	3730411	A10_134	65	-	-	-	-
A10	C	PA5445	+		PP_0154	PH01_0111	-	6133809	A10_135	66	-	-	-	-
A11	R	PA0616	+		PP_3051	-	-	NA	#N/A					
A11	-	PA0633	+		PP_1573	-	-	NA	#N/A					
A11	J	PA3601	-		-	-	-	4036042	A11_136	48	-	-	-	-
A11	-	PA4063	+		PP_0508	PH01_5025	-	4541247	A5_105	66	-	-	-	-
A11	-	PA4884	-		-	PH01_1590	-	5480279	A11_137	63	-	-	-	-
A12	I	PA0208	+	mdcA	-	PH01_5302	-	237210	A12_138	73	-	-	-	-
A12	R	PA0619	+		-	-	-	676755	A12_139	68	-	-	-	-
A12	O	PA1203	+		-	-	-	1302589	A12_140	66	-	-	-	-
A12	S	PA1657	+		PP_4074	PH01_5595	-	NA	#N/A					
A12	T	PA1789	-		PP_2187	PH01_3393	-	1939444	A12_141	59	-	-	-	-
A12	I	PA2014	-	linB	PP_4065	PH01_3657	-	2206768	A12_142	51	-	-	-	-
A12	I	PA2015	-	linA	PP_4064	PH01_3656	K22	2206768	A12_142	51	-	-	-	-
A12	-	PA2027	-		-	-	-	2219670	A12_143	46	-	-	-	-

Supplemental Table S3-2-3. Pf0-1株においてpCAR1を保持した際に転写プロファイルが変化した92個のORFの保存性, 上流配列の解析結果

Cluster	COG	Locus Tag	Strand	Gene	KT2440 BLAST hit	Pf0-1 BLAST hit	A clusters	F clusters	Predicted isp	Unit tag	G/C contents (%)	RpoD	RpoN	IHF	PvdS/PfI	Fur
F1	PfI01_1138	+	-		-	-	-	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1139	+	R		-	-	-	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1140	+	R		-	-	-	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1142	+	R		-	-	-	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1143	+	R		-	-	-	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1144	+	-		-	-	-	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1145	+	R		-	-	-	-	1320844	F1_02	56	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1146	+	R		-	-	-	-	1320844	F1_02	56	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1147	+	-		-	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1148	+	R		-	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1149	+	R		-	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1150	+	R		-	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1151	+	R		-	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1152	+	-		PP_3871	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1153	+	-		-	-	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1154	+	R		PP_3869	-	K3	-	1329354	F1_04	62	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1155	+	-		PP_3867	-	-	-	1329354	F1_04	62	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1156	+	-		PP_3866	-	K10	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1157	+	-		PP_3865	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1158	+	R		PP_3864	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1159	+	R		PP_3863	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1160	+	S		PP_3862	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1161	+	S		PP_3861	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1162	+	S		PP_3860	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1163	+	S		-	-	-	-	NA	-	-	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1164	+	-		-	-	-	-	1339650	F1_05	62	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1167	+	-		-	-	-	-	1339650	F1_05	62	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1169	+	-		-	-	-	-	1339650	F1_05	62	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1170	+	-		-	-	-	-	1339650	F1_05	62	-	-	-	-	-
F1	PfI01_1172	+	R		PP_3066	PA0629	-	-	1323212	F1_03	61	-	-	-	-	-
F2	PfI01_0382	-	U	tatA	-	-	-	-	441466	F2_06	52	-	-	-	-	-
F2	PfI01_0523	+	R	hfq	PP_4894	PA4944	-	-	605850	F2_07	57	-	-	-	-	-
F2	PfI01_0534	+	J	rpsF	PP_4877	PA4935	K1	A1	621654	F2_08	54	-	-	-	-	-
F2	PfI01_0536	+	-		PP_4875	PA4933	K1	A1	621654	F2_08	54	-	-	-	-	-
F2	PfI01_0855	-	G		PP_0950	PA4464	-	-	1005562	F2_09	58	-	-	-	-	-

F2	Pf101_0973	+	E		PP_1297	PA3858	-	-	NA	-	-	-	-
F2	Pf101_1506	+	N	flgK	PP_4381	PA1086	-	-	1680120	-	-	-	-
F2	Pf101_1528	+	N		-	-	-	-	2202244	+	-	-	-
F2	Pf101_1529	+	N		PP_4376	PA1094	-	-	3553608	-	-	-	-
F2	Pf101_1937	+	L	ihfA	PP_2471	PA2738	-	-	4585050	-	-	-	-
F2	Pf101_3100	+	-		-	-	-	-	4585050	-	-	-	-
F2	Pf101_4011	+	-		-	-	-	-	NA	-	-	-	-
F2	Pf101_4059	-	-		-	-	-	-	NA	-	-	-	-
F2	Pf101_4060	-	L	ihfB	PP_1773	PA3161	-	-	4801721	-	-	-	-
F2	Pf101_4174	-	S		PP_1901	PA2980	-	-	5507836	+	-	-	-
F2	Pf101_4251	-	N	flgB	PP_4391	PA1077	K15	-	6171912	-	+	-	-
F2	Pf101_4255	+	K		PP_4395	-	-	-	NA	-	-	-	-
F2	Pf101_4883	-	T		PP_4641	PA4606	-	-	NA	-	-	-	-
F2	Pf101_5480	-	N		-	PA5253	-	-	4536858	+	-	-	-
F2	Pf101_5506	-	E		PP_5234	PA5288	-	-	6149194	-	-	-	-
F2	Pf101_5600	-	L		PP_5313	PA5348	-	-	6274326	-	-	-	-
F3	Pf101_0168	+	S		PP_0201	-	-	-	204067	-	-	-	-
F3	Pf101_0695	+	C		PP_4667	PA3570	-	A6	821100	-	-	-	-
F3	Pf101_0856	-	J		PP_0951	PA4463	K19	-	1005562	-	-	-	-
F3	Pf101_1396	-	-		PP_4584	-	-	-	1568559	-	-	-	-
F3	Pf101_1734	+	-		PP_1840	PA1728	-	-	4059702	-	-	-	-
F3	Pf101_1787	-	J		-	PA3049	-	A2	4059702	-	-	-	-
F3	Pf101_3590	-	O		PP_4008	PA2620	-	-	5316740	-	-	-	-
F3	Pf101_3591	-	S	clpS	PP_4009	PA2621	-	-	5316740	-	-	-	-
F3	Pf101_3881	+	T		PP_2132	PA3017	-	-	1925225	-	-	-	-
F3	Pf101_3992	-	S		-	-	-	-	1989002	-	-	-	-
F3	Pf101_4008	+	-		-	-	-	-	4388122	-	-	-	-
F3	Pf101_4707	-	-		PP_0766	PA3922	-	-	NA	-	-	-	-
F3	Pf101_4708	-	-		PP_0765	PA3923	-	-	4534283	+	-	-	-
F3	Pf101_4814	+	I		PP_4702	PA4733	-	-	5431749	-	-	-	-
F3	Pf101_4989	+	C		PP_0545	PA4022	-	-	NA	-	-	-	-
F4	Pf101_1132	+	K		PP_1623	PA3622	-	-	1308049	-	-	+	-
F4	Pf101_2585	-	-		-	-	-	-	2963160	-	-	-	-
F4	Pf101_4270	+	-		PP_4470	PA3385	-	-	NA	-	-	-	-
F4	Pf101_5157	+	-	pqqA	-	-	-	-	4817705	+	-	-	-
F4	Pf101_5682	+	M		PP_1799	PA5453	-	-	5799543	-	-	-	-
F5	Pf101_0595	-	S		PP_4839	PA3789	-	-	NA	-	-	-	-
F5	Pf101_0596	-	P		PP_4838	PA3790	-	-	NA	-	-	-	-
F5	Pf101_0597	-	-		PP_4837	-	-	-	693068	-	-	-	-
F5	Pf101_0598	-	S		PP_4836	PA3785	-	-	693068	-	-	-	-

F5	Pf101_0599	-	-	-	PP_4835	-	-	693068	F5_34	56	-	-	-	-
F6	Pf101_0096	-	-	-	-	-	-	101855	F6_35	54	-	-	-	-
F6	Pf101_0292	+	-	-	-	-	-	340935	F6_36	53	-	-	-	-
F6	Pf101_0492	+	H	-	PP_4922	PA4973	K1	569870	F6_37	55	-	-	-	-
F6	Pf101_1137	+	-	-	PP_3040	PA0614	-	1314920	F6_38	54	-	-	-	-
F6	Pf101_1141	+	R	-	-	PA0618	-	1342445	F6_39	59	-	-	-	-
F6	Pf101_1174	+	R	-	PP_1628	PA3618	-	1715807	F6_40	49	-	+	-	-
F6	Pf101_1527	+	N	-	PP_4378	PA1092	K22	4061543	F6_41	51	-	-	-	-
F6	Pf101_1765	+	C	-	PP_2335	PA0795	-	4531381	F6_42	49	-	-	-	-
F6	Pf101_3593	-	C	-	PP_4011	PA2623	-	4723180	F6_43	55	-	-	-	-
F6	Pf101_4003	-	K	-	cysB	PP_2327	PA1754	4724810	F6_44	50	-	-	-	-
F6	Pf101_4187	+	R	-	-	-	-	4821466	F6_45	54	-	-	-	-
F6	Pf101_4188	+	-	-	-	-	-	5891938	F6_46	54	-	+	-	-
F6	Pf101_4273	-	T	-	PP_4472	PA0905	-	1315204	F1_01	69	-	-	-	-
F6	Pf101_4391	+	E	-	PP_0989	PA2446	K1	6090885	F6_47	57	-	-	-	-
F6	Pf101_5236	-	K	-	gcvH	PP_0298	PA5380	NA	-	-	-	-	-	-
F6	Pf101_5425	+	-	-	PP_5191	PA5212	K11	4950901	F6_48	48	-	+	+	-

Supplemental Table S5-1. pCARI, RP4, NAH7の最低1種類のプラスミド保持株で転写変動するORF

Locus tag	Gene	Strand	COG	Description	Cluster	Signal intensity										Fold change (4h)						Fold change (8h)					
						4h					8h					pCARI	RP4	NAH7	pCARI	RP4	NAH7	pCARI	RP4	NAH7	pCARI	RP4	NAH7
						2h	4h	6h	8h	pCARI	RP4	NAH7	pCARI	RP4	NAH7												
PP_0004	gidA	-	D	tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA	-	1266	1356	152	280	1260	586	782	230	55	93	0.93	0.43	0.58	0.82	0.23	0.33	0.82	0.23	0.33	0.82	0.23	0.33
PP_0008	mpA	-	J	ribonuclease P	K1	2023	2616	20	39	2120	1008	1230	263	7	17	0.81	0.39	0.47	4.12	1.00	1.00	4.12	1.00	1.00	4.12	1.00	1.00
PP_0017		+	-	transcriptional regulator MvaT, P16 subunit,	-	458	620	202	266	569	134	182	244	20	13	0.92	0.22	0.29	0.92	0.24	0.24	0.92	0.24	0.24	0.92	0.24	0.24
PP_0023		-	-	hypothetical protein	-	2561	3879	1931	1258	2784	34	90	1828	15	12	0.72	0.02	0.02	1.45	0.05	0.05	1.45	0.05	0.05	1.45	0.05	0.05
PP_0029	czrR-1	+	T	DNA-binding response regulator CzcR	-	160	174	408	521	168	42	76	439	126	167	0.97	0.37	0.44	0.84	0.24	0.32	0.84	0.24	0.32	0.84	0.24	0.32
PP_0039		+	-	hypothetical protein	K2	117	115	79	140	240	67	1648	293	55	79	2.09	0.58	14.33	2.10	0.46	0.56	2.10	0.46	0.56	2.10	0.46	0.56
PP_0040		+	-	hypothetical protein	K18	342	478	225	97	320	100	2193	183	42	251	0.67	0.21	4.59	1.88	0.66	2.58	1.88	0.66	2.58	1.88	0.66	2.58
PP_0052		+	R	beta-lactamase domain protein	-	192	144	901	764	160	56	95	815	139	194	1.11	0.44	0.66	1.07	0.18	0.25	1.07	0.18	0.25	1.07	0.18	0.25
PP_0085		+	S	hypothetical protein	K4	155	151	901	582	222	16	23	1655	77	138	1.47	0.42	0.42	2.84	0.13	0.24	2.84	0.13	0.24	2.84	0.13	0.24
PP_0086		+	S	hypothetical protein	-	224	246	314	674	316	61	74	444	58	34	1.29	0.26	0.30	0.66	0.09	0.09	0.66	0.09	0.09	0.66	0.09	0.09
PP_0087		+	-	hypothetical protein	-	930	1666	789	580	977	122	354	528	42	171	0.59	0.07	0.21	0.91	0.11	0.29	0.91	0.11	0.29	0.91	0.11	0.29
PP_0103		+	C	cytochrome c oxidase, subunit II	-	63	36	1767	1437	74	1	15	1335	255	527	1.16	1.00	1.00	0.93	0.18	0.37	0.93	0.18	0.37	0.93	0.18	0.37
PP_0111		+	R	electron transport protein SCO1/SenC	-	289	234	358	259	339	169	218	292	59	88	1.44	0.72	0.93	1.13	0.25	0.34	1.13	0.25	0.34	1.13	0.25	0.34
PP_0112		-	P	metal ABC transporter periplasmic-binding protein	-	1938	2037	214	260	1913	715	837	266	41	70	0.94	0.35	0.41	1.03	0.25	0.27	1.03	0.25	0.27	1.03	0.25	0.27
PP_0125		+	C	cytochrome c-type protein	-	927	1002	926	884	947	305	443	820	203	284	0.95	0.30	0.44	0.93	0.23	0.32	0.93	0.23	0.32	0.93	0.23	0.32
PP_0126		+	C	cytochrome c4	-	521	575	766	882	660	189	245	704	154	244	1.15	0.33	0.43	0.80	0.17	0.28	0.80	0.17	0.28	0.80	0.17	0.28
PP_0150		+	-	hypothetical protein	K1	1135	1084	221	111	1129	552	588	768	95	88	1.04	0.51	0.54	0.89	0.85	0.79	0.89	0.85	0.79	0.89	0.85	0.79
PP_0152		-	-	hypothetical protein	-	1954	2941	1693	1206	2100	898	1144	1411	300	433	0.71	0.31	0.39	1.17	0.25	0.36	1.17	0.25	0.36	1.17	0.25	0.36
PP_0153		-	S	hypothetical protein	-	711	2526	84	31	1819	421	608	438	71	61	0.72	0.17	0.24	0.84	0.11	1.00	0.84	0.11	1.00	0.84	0.11	1.00
PP_0168		+	Q	surface adhesion protein, putative	K1	3550	4551	3354	3641	3105	1553	2173	2292	382	1220	0.68	0.34	0.48	0.63	0.10	0.33	0.63	0.10	0.33	0.63	0.10	0.33
PP_0182		+	-	hypothetical protein	-	816	932	567	517	926	367	420	557	149	103	0.99	0.39	0.45	1.08	0.29	0.20	1.08	0.29	0.20	1.08	0.29	0.20
PP_0191	pfrA	+	K	anti-RNA polymerase sigma 70 factor	-	749	787	562	946	588	279	481	710	211	219	0.75	0.35	0.61	0.75	0.22	0.23	0.75	0.22	0.23	0.75	0.22	0.23
PP_0193	algP	+	-	alginate regulatory protein AlgP	-	2412	3012	4977	5382	2825	754	1064	4307	1205	1542	0.94	0.25	0.35	0.80	0.22	0.29	0.80	0.22	0.29	0.80	0.22	0.29
PP_0204		+	E	hypothetical protein	-	351	342	120	208	364	32	108	90	1	15	1.07	0.19	0.32	0.43	0.31	0.31	1.07	0.19	0.32	0.43	0.31	0.31
PP_0213	gabD	+	C	succinate-semialdehyde dehydrogenase I	-	680	1086	200	414	1111	505	710	195	83	115	1.02	0.46	0.65	0.47	0.20	0.28	0.47	0.20	0.28	0.47	0.20	0.28
PP_0214	gabT	+	E	4-aminobutyrate aminotransferase	-	341	487	119	271	486	265	350	147	57	87	1.00	0.54	0.72	0.54	0.24	0.32	0.54	0.24	0.32	0.54	0.24	0.32
PP_0215		+	T	putative signal transduction protein	-	140	156	747	681	188	91	138	707	128	201	1.20	0.58	0.88	1.04	0.19	0.30	1.04	0.19	0.30	1.04	0.19	0.30
PP_0227		+	E	cysteine signal transduction protein	-	1037	1350	334	497	1315	436	496	412	90	99	0.97	0.32	0.37	0.83	0.18	0.20	0.83	0.18	0.20	0.83	0.18	0.20
PP_0234	oprE	+	-	outer membrane porin	K6	949	1500	44	31	283	533	742	28	45	30	0.19	0.36	0.49	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
PP_0250	hsIR	+	J	RNA-binding S4 domain protein	-	277	392	324	318	266	71	114	359	58	37	0.68	0.18	0.29	1.13	0.20	0.20	1.13	0.20	0.20	1.13	0.20	0.20
PP_0258		+	S	17 kDa surface antigen	K16	249	214	138	268	375	33	73	461	66	86	1.76	0.30	0.34	1.72	0.24	0.32	1.72	0.24	0.32	1.72	0.24	0.32
PP_0265		+	M	LysM domain/BON superfamily protein	-	362	427	1540	2506	492	33	170	1744	224	341	1.15	0.15	0.40	0.70	0.09	0.14	0.70	0.09	0.14	0.70	0.09	0.14
PP_0271	glrR-1	-	M	dTDP-4-dehydrothiamine 3,5-epimerase	-	173	171	441	668	183	98	110	518	80	101	1.07	0.57	0.65	0.78	0.12	0.15	0.78	0.12	0.15	0.78	0.12	0.15
PP_0276		-	T	winged helix family two component transcriptional regulator	K5	67	691	27	52	95	419	541	78	28	28	0.14	0.61	0.78	1.21	1.00	1.00	1.21	1.00	1.00	1.21	1.00	1.00
PP_0282		-	S	Cro/C1 family transcriptional regulator	-	338	444	270	195	396	121	108	369	62	60	0.89	0.27	0.24	1.89	0.33	0.33	1.89	0.33	0.33	1.89	0.33	0.33
PP_0283		-	E	amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein	-	1852	2339	837	1293	1989	583	710	765	307	329	0.85	0.25	0.30	0.59	0.24	0.25	0.59	0.24	0.25	0.59	0.24	0.25
PP_0285		-	E	amino acid ABC transporter ATP-binding protein	-	836	1041	192	525	1021	439	562	305	114	85	0.98	0.42	0.54	0.58	0.22	0.16	0.58	0.22	0.16	0.58	0.22	0.16
PP_0287		-	C	hypothetical protein	-	1917	2168	825	419	2036	531	566	666	52	73	0.94	0.24	0.26	1.59	0.15	0.18	1.59	0.15	0.18	1.59	0.15	0.18
PP_0296		-	M	AsmA family protein	-	459	355	417	285	537	179	212	329	50	57	1.51	0.50	0.60	1.16	0.22	0.22	1.16	0.22	0.22	1.16	0.22	0.22
PP_0306		-	E	glycine betaine/L-proline ABC transporter, periplasmic binding protein	-	208	185	387	429	206	74	100	248	114	95	1.11	0.40	0.54	0.58	0.27	0.22	0.58	0.27	0.22	0.58	0.27	0.22
PP_0308		+	-	hypothetical protein	-	287	261	18	16	300	54	59	54	1	8	1.15	0.25	0.25	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
PP_0352		-	E	membrane dipeptidase	-	38	27	275	270	19	14	15	203	49	63	1.00	1.00	1.00	0.75	0.24	0.24	0.75	0.24	0.24	0.75	0.24	0.24
PP_0357		+	K	RNA polymerase sigma factor	K5	75	339	15	8	79	239	388	48	12	14	0.23	0.70	1.14	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
PP_0362	bioB	+	E	ACT domain-containing protein	-	85	68	861	1100	891	187	241	891	187	241	1.03	0.94	0.94	0.81	0.17	0.22	0.81	0.17	0.22	0.81	0.17	0.22
PP_0367		+	H	biotin synthase	K6	1495	1378	140	625	1363	575	847	156	22	174	0.99	0.42	0.61	0.25	0.10	0.28	0.25	0.10	0.28	0.25	0.10	0.28
PP_0378	pqqC	+	-	hypothetical protein	-	1695	1996	3025	3784	1301	474	695	2478	483	800	0.65	0.42	0.35	0.65	0.13	0.21	0.65	0.13	0.21	0.65	0.13	0.21
		-	H	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqC	K1	1200	248	65	75	636	359	432	108	200	336	2.57	1.45	1.74	1.44	2.68	4.50	1.44	2.68	4.50	1.44	2.68	4.50

PP_0379	pqbB	-	R	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqQB	K1	1385	320	60	57	694	328	418	116	195	256	2.17	1.03	1.31	1.81	3.05	4.00
PP_0387	rpoD	-	K	RNA polymerase sigma factor RpoD	-	1993	2456	697	633	2249	850	1054	959	127	150	0.92	0.35	0.43	1.51	0.20	0.24
PP_0397	-	-	T	putative serine protein kinase, PrkA	-	577	699	5610	4365	630	155	358	3551	1592	1946	0.90	0.22	0.51	0.81	0.36	0.45
PP_0398	glpE	-	P	thiosulfate sulfurtransferase	-	260	329	443	582	290	216	230	526	130	130	0.88	0.66	0.70	0.90	0.22	0.22
PP_0400	apsH	-	-	diadenosine tetraphosphatase	-	777	799	563	545	746	405	516	602	97	112	0.93	0.51	0.65	1.10	0.18	0.21
PP_0400	apsG	-	P	ApaG	-	753	1081	543	668	876	421	531	667	81	95	0.81	0.39	0.49	1.00	0.12	0.14
PP_0419	-	+	-	hypothetical protein	-	959	1561	179	433	1327	338	458	271	29	36	0.85	0.22	0.29	0.62	0.15	0.15
PP_0428	-	-	F	histidine triad (HIT) protein	-	1773	2344	129	349	1750	598	813	311	63	56	0.75	0.26	0.35	0.89	0.18	0.18
PP_0435	-	-	M	M24/M37 family peptidase	-	641	602	237	499	726	249	336	490	50	89	1.20	0.41	0.56	0.98	0.13	0.18
PP_0442	nusG	+	K	transcription antitermination protein NusG	K1	2962	4267	208	362	3180	1335	1831	898	78	93	0.75	0.31	0.43	2.48	0.21	0.26
PP_0446	rplL	+	J	50S ribosomal protein L7/L12	K1	4476	7054	248	211	4192	1630	2072	569	66	50	0.59	0.23	0.29	2.69	0.31	0.30
PP_0447	rpoB	+	K	DNA-directed RNA polymerase subunit beta	K1	2901	3800	155	136	2900	1724	2132	568	129	156	0.76	0.45	0.56	4.17	0.95	1.15
PP_0448	rpoC	+	K	DNA-directed RNA polymerase subunit beta'	K1	2865	3787	161	147	2780	1699	2113	593	156	153	0.73	0.45	0.56	4.04	1.07	1.05
PP_0449	rpsL	+	J	30S ribosomal protein S12	K1	3901	6390	249	438	3693	2280	2870	253	116	77	0.58	0.36	0.45	0.58	0.26	0.18
PP_0450	rpsG	+	J	30S ribosomal protein S7	K1	3721	5842	210	302	3339	1740	2090	365	67	50	0.57	0.30	0.36	1.21	0.22	0.21
PP_0462	rpmC	+	J	50S ribosomal protein L29	K1	2732	4476	122	86	2587	1101	1344	197	42	11	0.58	0.25	0.30	2.28	0.74	0.74
PP_0472	rpmD	+	J	50S ribosomal protein L30	K1	4615	6320	417	525	4318	1924	2366	873	127	122	0.68	0.30	0.37	1.66	0.24	0.23
PP_0482	-	+	P	bacterioferritin	K7	647	274	1292	937	983	57	97	735	260	229	3.58	0.23	0.35	0.78	0.28	0.24
PP_0485	ssb	+	L	single-stranded DNA-binding protein	-	1542	1852	746	571	1520	553	711	589	143	136	0.82	0.30	0.38	1.03	0.25	0.24
PP_0504	optG	-	M	OmpW family protein	K14	462	1919	583	430	1419	424	469	796	44	39	0.74	0.22	0.24	1.85	0.15	0.15
PP_0517	ribH	+	H	6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase	-	1349	1370	752	610	1442	667	884	810	129	180	1.05	0.49	0.65	1.33	0.21	0.30
PP_0536	-	-	-	hypothetical protein	-	24	13	2450	1524	29	1	2	1613	96	166	1.00	1.00	1.00	1.06	0.06	0.11
PP_0574	-	-	T	LuxR family DNA-binding response regulator	-	439	529	1123	1254	448	82	238	897	66	192	0.85	0.16	0.45	0.72	0.05	0.15
PP_0575	-	-	O	hypothetical protein	-	66	55	612	421	70	29	57	462	95	150	1.10	1.00	1.00	1.10	0.23	0.36
PP_0576	-	-	-	putative lipoprotein	-	338	352	1849	1763	394	156	196	1732	344	551	1.12	0.44	0.56	0.98	0.20	0.31
PP_0592	-	-	I	short chain dehydrogenase	-	244	289	222	259	289	129	154	174	32	42	1.00	0.45	0.53	0.67	0.25	0.25
PP_0594	-	-	K	TeR family transcriptional regulator	-	729	953	197	370	751	406	491	260	57	82	0.79	0.43	0.52	0.70	0.17	0.22
PP_0600	rpsT	-	J	30S ribosomal protein S20	K1	2690	3995	54	141	2751	902	931	300	42	33	0.69	0.23	0.23	2.13	0.45	0.45
PP_0636	-	-	K	cold shock DNA-binding domain-containing protein	-	265	292	16	16	227	30	81	33	1	2	0.78	0.22	0.28	1.00	1.00	1.00
PP_0640	-	-	-	hypothetical protein	-	478	689	625	672	607	96	181	548	71	108	0.88	0.14	0.26	0.81	0.11	0.16
PP_0641	-	-	-	hypothetical protein	-	513	471	1421	887	673	65	82	1123	121	119	1.43	0.14	0.17	1.27	0.14	0.13
PP_0648	-	-	S	hypothetical protein	-	144	154	188	313	108	45	119	180	58	107	0.70	0.42	0.77	0.58	0.20	0.34
PP_0651	-	+	-	acetyltransferase	K9	68	27	408	339	59	6	49	370	79	127	1.00	1.00	1.00	1.09	0.23	0.38
PP_0655	-	+	S	fimbrial protein-related protein	-	37	58	1172	722	100	7	24	723	117	254	1.56	1.00	1.00	1.00	0.16	0.35
PP_0683	-	+	-	hypothetical protein	-	97	71	549	1249	88	32	56	517	111	151	1.23	0.90	0.90	0.41	0.09	0.12
PP_0689	rpmA	+	J	50S ribosomal protein L27	K1	2065	3026	81	49	2411	672	1083	465	8	25	0.80	0.22	0.36	7.27	1.00	1.00
PP_0690	obgE	+	R	GTPase ObgE	K1	1226	1163	57	44	1166	803	1073	296	42	55	1.00	0.69	0.92	4.63	1.00	1.00
PP_0704	-	-	K	ECF subfamily RNA polymerase sigma factor	K5	129	618	3	39	100	350	515	51	14	18	0.16	0.57	0.83	1.00	1.00	1.00
PP_0711	-	+	Q	isochorismatase superfamily hydrolase	K4	129	104	421	1048	152	25	60	528	143	207	1.46	0.61	0.61	0.50	0.14	0.20
PP_0733	prfA	+	J	peptide chain release factor 1	-	706	725	295	268	661	273	353	366	48	92	0.91	0.38	0.49	1.37	0.24	0.34
PP_0739	phrB	-	L	deoxyribodipyrimidine photo-lyase	-	200	385	682	437	555	541	540	465	98	149	1.44	1.41	1.40	1.06	0.22	0.34
PP_0749	-	+	-	hypothetical protein	-	367	430	229	319	410	191	261	370	78	62	0.95	0.44	0.61	1.16	0.24	0.20
PP_0760	-	+	S	hypothetical protein	K2	88	90	39	29	273	90	94	262	19	22	3.02	1.00	1.04	4.10	1.00	1.00
PP_0764	-	+	-	hypothetical protein	-	519	717	2696	2724	669	183	325	1189	232	938	0.93	0.26	0.45	0.44	0.09	0.34
PP_0765	-	+	-	hypothetical protein	-	561	670	3101	2737	642	379	500	1158	413	1489	0.96	0.57	0.75	0.42	0.15	0.54
PP_0766	-	+	-	hypothetical protein	-	458	721	2938	2528	597	323	394	1184	299	1198	0.83	0.45	0.55	0.47	0.12	0.38
PP_0770	-	+	T	PemI-like protein	K1	458	771	133	168	680	160	212	267	30	43	0.88	0.21	0.27	1.59	0.38	0.38
PP_0776	slyD	+	O	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBP-type	-	1343	1936	401	562	1176	479	737	761	141	185	0.61	0.25	0.38	1.35	0.25	0.33
PP_0803	-	-	V	HlyD family type I secretion membrane fusion protein secretion ABC efflux system, permease and ATP-binding protein	K9	58	33	149	368	81	14	33	133	13	64	1.26	1.00	1.00	0.36	0.17	0.18
PP_0804	-	-	V	ATP-binding protein	-	60	57	131	293	58	40	61	136	20	87	1.00	1.00	1.00	0.46	0.22	0.30
PP_0805	-	-	M	ToIC family type I secretion outer membrane protein	K9	72	86	164	362	87	5	30	137	4	90	1.01	0.74	0.74	0.38	0.18	0.25
PP_0806	-	+	K4	surface adhesion protein, putative	-	112	77	847	2777	119	17	67	1113	25	511	1.55	0.83	0.88	0.40	0.02	0.18
PP_0837	-	+	S	hypothetical protein	K4	432	490	1135	1906	835	128	141	3593	406	442	1.70	0.26	0.29	1.88	0.21	0.23
PP_0843	iscU	+	C	scaffold protein	K1	1795	1615	120	307	1657	599	772	490	72	177	1.03	0.37	0.48	1.60	0.24	0.58
PP_0848	-	+	S	hypothetical protein	-	1629	2020	328	548	1778	761	1034	414	100	271	0.88	0.38	0.51	0.76	0.18	0.49
PP_0861	-	-	P	TonB-dependent siderophore receptor	K5	23	284	14	5	27	273	385	18	2	2	0.22	0.96	1.36	1.00	1.00	1.00

PP_0862	+	S	putative hydroxylase	K5	101	494	1	2	121	209	327	50	1	15	0.24	0.42	0.66	1.00	1.00	1.00
PP_0882	-	E	dipeptide ABC transporter, periplasmic dipeptide-binding protein	-	170	194	372	364	234	59	81	359	75	95	1.21	0.33	0.42	0.99	0.21	0.26
PP_0885	-	E	dipeptide ABC transporter, periplasmic peptide-binding protein	-	540	666	3692	3154	588	167	190	2600	708	1021	0.88	0.25	0.28	0.82	0.22	0.32
PP_0905	+	-	hypothetical protein	-	290	221	413	387	274	18	72	311	14	50	1.24	0.29	0.32	0.80	0.17	0.17
PP_0944	+	C	fumarate hydratase	K5	32	300	11	10	58	159	331	13	9	1	0.21	0.53	1.10	1.00	1.00	1.00
PP_0954	-	S	hypothetical protein	-	1937	2347	1019	1247	1983	661	764	1135	204	304	0.85	0.28	0.33	0.91	0.16	0.24
PP_0955	-	S	hypothetical protein	-	958	942	604	562	1087	243	317	649	64	90	1.15	0.26	0.34	1.15	0.11	0.16
PP_0956	-	R	YnfJ family phosphatase	-	815	761	272	405	864	355	418	413	65	77	1.14	0.47	0.55	1.02	0.16	0.19
PP_0963	+	K	BojA family protein	-	2092	2545	237	359	2082	807	962	483	53	49	0.82	0.32	0.38	1.35	0.18	0.18
PP_0971	+	R	hypothetical protein	-	303	370	218	322	331	189	264	368	69	59	0.90	0.51	0.71	1.14	0.21	0.20
PP_0974	+	-	hypothetical protein	-	1973	2674	32	55	1435	618	692	79	27	57	0.54	0.23	0.26	1.23	1.00	1.00
PP_0975	+	L	histone family protein DNA-binding protein	K1	2311	2606	151	114	1959	544	747	390	80	54	0.75	0.21	0.29	3.41	0.70	0.56
PP_0981	-	-	hypothetical protein	-	971	913	736	1207	813	510	517	1001	349	276	0.89	0.56	0.57	0.83	0.29	0.23
PP_0988	-	-	hypothetical protein	-	668	1032	57	71	892	217	314	32	1	1	0.86	0.21	0.30	0.90	0.90	0.90
PP_0985	-	K	cold-shock domain-contain protein	K6	2574	4057	800	1717	2400	749	1143	902	267	203	0.59	0.18	0.28	0.53	0.16	0.12
PP_0998	-	-	hypothetical protein	-	326	386	889	1283	463	78	85	1016	170	231	1.20	0.20	0.22	0.79	0.13	0.18
PP_0999	-	E	carbamate kinase	-	227	331	580	1039	407	71	104	679	129	260	1.23	0.21	0.31	0.65	0.12	0.25
PP_1000	-	E	ornithine carbamoyltransferase	-	372	494	1970	2853	724	73	124	1967	281	543	1.46	0.15	0.25	0.69	0.10	0.19
PP_1001	-	E	arginine deiminase	-	439	677	2613	3819	806	104	239	2520	423	832	1.19	0.15	0.35	0.66	0.11	0.22
PP_1002	-	E	arginine/ornithine antiporter	K4	119	266	707	1232	288	91	165	800	100	274	1.08	0.34	0.62	0.65	0.08	0.22
PP_1008	-	K	ECF subfamily RNA polymerase sigma factor	K5	39	375	18	42	93	239	328	60	6	16	0.25	0.64	0.88	1.00	1.00	1.00
PP_1025	-	E	2-isopropylmalate synthase	-	1417	1224	388	560	1188	594	719	572	75	166	0.97	0.49	0.59	1.02	0.13	0.30
PP_1033	-	M	sulfatase domain-containing protein	-	77	99	650	858	92	21	39	620	97	121	0.93	0.64	0.64	0.72	0.11	0.14
PP_1036	-	M	putative transglycosylase	-	405	422	241	186	458	104	135	299	31	40	1.08	0.25	0.32	1.61	0.34	0.34
PP_1068	-	E	amino acid ABC transporter ATP-binding protein	-	1665	1548	741	835	1250	577	724	811	163	209	0.81	0.37	0.47	0.97	0.20	0.25
PP_1069	-	E	polar amino acid ABC transporter inner membrane subunit	-	1376	1336	367	529	848	661	827	485	100	152	0.64	0.50	0.62	0.92	0.19	0.29
PP_1070	-	E	polar amino acid ABC transporter inner membrane subunit	-	1352	1338	464	648	901	720	935	556	150	213	0.67	0.54	0.70	0.86	0.23	0.33
PP_1071	-	E	amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein	-	2130	2666	1184	1728	1658	725	1041	1115	292	461	0.62	0.27	0.39	0.65	0.17	0.27
PP_1079	-	E	ornithine carbamoyltransferase	K1	1519	1564	54	51	1163	736	906	262	33	43	0.74	0.47	0.58	4.09	1.00	1.00
PP_1091	-	-	hypothetical protein	-	1144	1319	597	1467	1274	241	266	755	140	124	0.97	0.18	0.20	0.51	0.10	0.08
PP_1099	-	K	cold-shock domain-contain protein	-	3144	4445	238	480	2981	1373	1828	391	84	99	0.67	0.31	0.41	0.81	0.17	0.21
PP_1101	+	-	hypothetical protein	K12	339	373	728	402	312	170	202	1740	398	472	0.84	0.46	0.54	4.33	0.99	1.17
PP_1104	-	R	succinylglutamate desuccinylase/aspartoacylase	-	304	333	197	346	282	131	189	283	45	61	0.85	0.39	0.57	0.82	0.19	0.19
PP_1110	+	E	Serine O-acetyltransferase	K6	964	1094	419	626	731	446	602	369	23	90	0.67	0.41	0.55	0.59	0.10	0.14
PP_1111	+	R	synthetase, putative	K6	1580	1858	700	1210	1246	652	849	822	67	160	0.67	0.35	0.46	0.68	0.06	0.13
PP_1112	+	G	major facilitator superfamily MFS_1	-	1262	1200	399	525	1075	775	1021	484	55	173	0.90	0.65	0.85	0.92	0.12	0.33
PP_1113	+	E	pyridoxal-phosphate dependent enzyme family	-	985	916	497	596	825	411	570	564	59	159	0.90	0.45	0.62	0.95	0.11	0.27
PP_1115	-	S	putative lipoprotein	-	68	67	237	411	81	6	35	321	40	93	1.21	0.96	0.96	0.78	0.16	0.23
PP_1118	-	L	recombinase-related protein	-	285	340	430	509	283	101	118	525	46	76	0.83	0.30	0.35	1.03	0.13	0.15
PP_1120	-	-	hypothetical protein	-	313	408	220	302	349	237	256	283	64	89	0.86	0.58	0.63	0.94	0.21	0.29
PP_1121	+	M	OmpA/MotB domain protein	K4	236	181	2155	2807	435	74	157	2280	552	733	2.41	0.62	0.87	0.81	0.20	0.26
PP_1122	+	M	OmpA/MotB domain protein	-	151	103	892	1003	176	53	90	1068	168	299	1.70	0.62	0.87	1.06	0.17	0.30
PP_1128	+	M	OmpA/MotB domain protein	-	1132	759	189	342	848	283	381	281	31	32	1.12	0.37	0.50	0.82	0.19	0.19
PP_1144	+	T	GGDEF domain-containing protein	K4	49	31	509	708	49	14	19	451	34	174	1.00	1.00	1.00	0.64	0.09	0.25
PP_1147	+	-	hypothetical protein	-	332	248	378	272	302	111	105	455	52	87	1.22	0.45	0.42	1.67	0.23	0.32
PP_1148	+	-	hypothetical protein	-	966	1191	586	819	1000	85	95	871	39	60	0.84	0.07	0.08	1.06	0.08	0.08
PP_1149	+	-	hypothetical protein	K14	613	2461	1664	919	1514	525	410	1873	215	200	0.62	0.21	0.17	2.04	0.23	0.22
PP_1154	-	T	sensory box protein	-	55	40	778	613	58	17	28	570	53	219	1.00	1.00	1.00	0.93	0.10	0.36
PP_1165	-	G	aldose 1-epimerase	-	723	594	329	344	448	202	282	254	27	122	0.75	0.34	0.48	0.74	0.19	0.36
PP_1167	-	G	TRAP dicarboxylate transporter, DctM subunit	-	1017	686	466	394	556	445	511	345	91	228	0.81	0.65	0.74	0.88	0.23	0.58
PP_1168	-	G	TRAP dicarboxylate transporter, DctQ subunit	-	732	488	422	402	372	267	305	253	53	168	0.76	0.55	0.63	0.63	0.16	0.42
PP_1169	-	G	TRAP dicarboxylate transporter, DctP subunit	-	2115	1966	3224	3349	1343	795	954	1666	489	1064	0.68	0.40	0.49	0.50	0.15	0.32

PP_1170	-	G	SMP-30/gluconolactonase/LRE domain protein	2472	2370	2676	2946	1846	1183	1354	2158	722	994	0.78	0.50	0.57	0.73	0.25	0.34
PP_1171	-	M	NAD-dependent epimerase/dehydratase	3132	3479	3304	3985	2238	1434	1674	2627	893	1281	0.64	0.41	0.48	0.66	0.22	0.32
PP_1178	-	-	hypothetical protein	585	549	24	13	553	116	123	24	8	15	1.01	0.21	0.22	1.00	1.00	1.00
PP_1184	-	Q	dienelactone hydrolase	264	273	766	892	349	100	129	700	152	182	1.28	0.36	0.47	0.79	0.17	0.20
PP_1191	-	J	S4 domain-containing protein	401	309	55	92	488	68	104	98	20	18	1.58	0.32	0.34	1.07	0.70	0.70
PP_1196	+	-	hypothetical protein	79	65	241	296	99	33	67	281	49	69	1.52	0.98	1.02	0.95	0.22	0.23
PP_1198	-	K	Cro/C1 family transcriptional regulator	643	565	253	397	343	147	213	312	95	112	0.61	0.26	0.38	0.79	0.24	0.28
PP_1199	-	-	hypothetical protein	2288	2868	927	985	189	77	121	104	47	32	0.64	0.26	0.41	0.38	0.23	0.23
PP_1206	+	S	outer membrane porin	403	294	173	273	679	1334	1439	554	669	679	0.50	0.47	0.50	0.56	0.68	0.69
PP_1208	-	-	hypothetical protein	1016	863	146	180	870	195	197	224	25	35	1.01	0.23	0.23	1.24	0.36	0.36
PP_1210	+	P	DNA-binding stress protein, putative	510	760	1000	1191	686	222	252	1019	233	277	0.90	0.29	0.33	0.86	0.20	0.23
PP_1212	+	S	hypothetical protein	1413	1948	68	34	1399	386	603	132	16	1	0.72	0.20	0.31	2.06	1.00	1.00
PP_1232	-	R	hypothetical protein	394	394	193	267	354	221	234	227	45	65	0.90	0.56	0.59	0.85	0.24	0.24
PP_1235	-	O	alkyl hydroperoxide reductase/thiol specific antioxidant/ Mal allergen	585	549	9	61	601	127	174	60	1	13	1.10	0.23	0.32	1.00	1.00	1.00
PP_1245	+	M	hypothetical protein	1524	1453	19	14	1386	176	796	90	1	8	0.95	0.12	0.55	1.41	1.00	1.00
PP_1246	+	S	hypothetical protein	1206	1227	8	13	1094	155	768	80	1	1	0.89	0.13	0.63	1.24	1.00	1.00
PP_1249	+	K1	hypothetical protein	1823	3432	13	32	1113	599	1416	96	9	17	0.32	0.17	0.41	1.49	1.00	1.00
PP_1252	+	L	group II intron-encoding maturase	708	687	62	35	1126	230	374	279	63	36	1.64	0.33	0.54	4.37	1.00	1.00
PP_1267	-	K2	hypothetical protein	377	450	178	248	533	90	177	565	29	33	1.19	0.20	0.39	2.28	0.26	0.26
PP_1268	-	-	putative regulator PrfF	386	437	230	345	491	146	197	585	76	94	1.12	0.33	0.45	1.69	0.22	0.27
PP_1305	-	-	Pyocin S-type immunity protein, putative	143	199	987	682	155	4	18	848	91	129	0.78	0.32	0.32	1.24	0.13	0.19
PP_1309	-	S	hypothetical protein	1053	1557	714	1034	979	356	579	969	208	254	0.63	0.23	0.37	0.94	0.20	0.25
PP_1314	-	C	aldo/keto reductase family oxidoreductase	749	899	234	374	691	314	420	226	41	88	0.77	0.35	0.47	0.60	0.17	0.24
PP_1315	+	J	50S ribosomal protein L13	3248	5350	197	396	3230	1490	1822	671	64	38	0.60	0.28	0.34	1.70	0.16	0.16
PP_1316	+	K1	30S ribosomal protein S9	3184	4439	174	279	2623	1296	1693	350	55	56	0.59	0.29	0.38	1.25	0.23	0.23
PP_1317	+	C	ubiquinol-cytochrome c reductase, iron-sulfur	723	892	897	1491	610	331	516	962	327	407	0.68	0.37	0.58	0.65	0.22	0.27
PP_1319	+	C	ubiquinol--cytochrome c reductase, cytochrome c1	331	395	342	490	327	170	233	352	95	116	0.83	0.43	0.59	0.72	0.19	0.24
PP_1321	+	R	ClpXP protease specificity-enhancing factor	1275	1317	336	325	1227	498	580	473	77	103	0.93	0.38	0.44	1.46	0.24	0.32
PP_1364	+	-	type IV pilus assembly PilZ	233	200	1124	1328	235	73	93	1215	111	425	1.17	0.37	0.46	0.91	0.08	0.32
PP_1366	-	-	transcriptional regulator MvaT, Pil6 subunit	4066	6787	1181	2499	3825	1578	1941	1430	317	265	0.56	0.23	0.29	0.57	0.13	0.11
PP_1374	-	-	hypothetical protein	694	644	112	341	670	125	234	412	9	38	1.04	0.19	0.36	1.21	0.19	0.19
PP_1385	-	V	transporter, hydrophobe/amphiphile efflux-I (HAEI) family	1373	1572	49	31	1662	973	1042	267	50	26	1.06	0.62	0.66	4.17	1.00	1.00
PP_1408	-	R	alpha/beta hydrolase fold	817	967	61	169	989	149	494	144	17	40	1.02	0.15	0.51	0.86	0.38	0.38
PP_1446	-	P	TonB-dependent receptor	537	3658	803	726	2360	1262	1381	834	172	127	0.65	0.35	0.38	1.15	0.24	0.18
PP_1447	+	S	hypothetical protein	164	180	296	259	160	58	49	275	4	17	0.89	0.36	0.36	1.06	0.25	0.25
PP_1451	-	S	hypothetical protein	529	543	616	472	619	143	223	652	92	111	1.14	0.26	0.41	1.38	0.19	0.24
PP_1498	+	-	putative lipoprotein	318	325	207	355	263	319	397	276	76	91	0.81	0.98	1.22	0.78	0.21	0.26
PP_1499	+	S	hypothetical protein	385	402	591	702	384	249	369	706	168	246	0.95	0.62	0.92	1.01	0.24	0.35
PP_1522	+	K	cold shock protein CspA	500	465	408	511	344	50	148	647	148	112	0.74	0.14	0.32	1.26	0.29	0.22
PP_1543	-	K7	hypothetical protein	83	81	296	182	360	106	93	250	146	109	0.81	1.31	1.14	1.37	0.80	0.60
PP_1544	-	-	hypothetical protein	101	66	283	108	287	75	62	210	97	54	4.39	1.14	0.98	1.94	0.80	0.59
PP_1560	+	K7	hypothetical protein	262	225	447	323	743	230	167	488	322	59	3.30	1.02	0.74	1.51	1.00	0.20
PP_1561	+	K7	phage holin, putative	130	82	279	211	445	109	58	264	146	9	5.46	1.34	0.78	1.25	0.69	0.30
PP_1562	+	-	phage terminase, small subunit, putative	181	212	517	380	784	165	154	447	256	59	3.70	0.78	0.73	1.17	0.67	0.17
PP_1566	+	R	head maturation protease, putative	165	285	676	431	632	161	106	408	266	65	2.21	0.57	0.37	0.95	0.62	0.15
PP_1567	+	-	HK97 family phage major capsid protein	292	412	1279	893	962	307	237	728	621	194	2.33	0.74	0.57	0.82	0.70	0.22
PP_1568	+	K7	hypothetical protein	318	409	1091	794	1071	89	81	722	214	61	2.62	0.22	0.20	0.91	0.27	0.08
PP_1572	+	-	hypothetical protein	171	233	570	347	702	182	127	434	341	77	3.01	0.78	0.54	1.25	0.98	0.22
PP_1575	+	K7	hypothetical protein	131	142	336	299	476	139	82	186	191	57	3.36	0.98	0.58	0.62	0.41	0.21
PP_1586	-	R	killer protein, putative	432	490	520	493	260	133	138	837	81	164	0.53	0.27	0.28	1.70	0.16	0.33
PP_1609	+	-	hypothetical protein	2733	3762	213	616	3257	893	1197	556	51	65	0.87	0.24	0.32	0.90	0.10	0.10
PP_1613	+	D	septum formation initiator	760	659	184	297	782	242	330	305	60	95	1.19	0.37	0.50	1.03	0.22	0.32
PP_1624	+	L	group II intron-encoding maturase	696	654	95	121	807	229	367	495	83	68	1.23	0.35	0.56	4.10	0.68	0.56
PP_1638	+	C	oxidoreductase FAD/NAD(P)-binding domain	1117	1445	86	98	1103	348	581	189	22	27	0.76	0.24	0.40	1.92	0.65	0.65

PP_1646	+	O	alkyl hydroperoxide reductase/thiol specific antioxidant/ Mal allergen	354	226	418	406	239	93	109	437	75	93	1.06	0.41	0.48	1.08	0.19	0.23
PP_1658	+	S	hypothetical protein	915	785	204	253	744	171	239	187	6	28	0.95	0.22	0.30	0.74	0.25	0.25
PP_1659	+	-	hypothetical protein	447	190	1979	2493	326	39	153	668	15	508	1.72	0.34	0.81	0.27	0.03	0.20
PP_1660	+	K19	hypothetical protein	207	99	1117	1182	146	18	93	263	5	296	1.47	0.65	0.94	0.24	0.05	0.25
PP_1661	+	K4	dehydrogenase subunit, putative	106	45	610	730	90	10	46	196	1	153	1.41	1.00	1.00	0.27	0.09	0.21
PP_1689	-	I	aromatic hydrocarbon degradation protein	733	562	783	651	582	235	343	537	68	216	1.03	0.42	0.61	0.82	0.11	0.33
PP_1691	-	-	hypothetical protein	716	395	93	40	1098	218	288	721	89	69	2.78	0.55	0.73	11.27	1.38	1.09
PP_1714	+	O	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, FKBp-type	943	1197	142	275	1256	340	361	331	42	26	1.05	0.28	0.30	1.20	0.23	0.23
PP_1719	-	M	carboxyl-terminal protease	1113	1133	1508	1697	1108	447	506	1588	308	390	0.98	0.39	0.45	0.94	0.18	0.23
PP_1726	-	P	ABC transporter, periplasmic binding protein	312	248	631	1031	326	108	151	824	257	286	1.32	0.43	0.61	0.80	0.25	0.28
PP_1729	-	-	hypothetical protein	236	350	1866	1014	276	64	203	1430	600	838	0.79	0.18	0.58	1.41	0.59	0.83
PP_1732	-	D	cell division topological specificity factor MinE	1232	1096	154	263	1129	370	408	401	71	60	1.03	0.34	0.37	1.52	0.27	0.24
PP_1733	-	D	septom site-determining protein MinD	1333	1317	114	268	1260	514	643	255	58	70	0.96	0.39	0.49	0.95	0.24	0.26
PP_1741	+	E	substrate-binding region of ABC-type glycine betaine transport system	85	76	313	288	112	25	19	250	86	57	1.48	0.85	0.85	0.87	0.30	0.22
PP_1742	+	S	hypothetical protein	110	36	440	118	115	52	54	269	948	884	1.80	1.00	1.00	2.27	8.00	7.47
PP_1743	+	R	acetate permease	103	34	274	91	90	70	74	193	669	639	1.40	1.10	1.16	2.11	7.34	7.01
PP_1752	+	K3	hypothetical protein	303	311	208	349	368	132	172	343	36	65	1.19	0.43	0.55	0.98	0.18	0.19
PP_1755	-	K17	fumarate hydratase	343	307	509	529	439	92	218	455	101	126	1.43	0.30	0.71	0.86	0.19	0.24
PP_1756	+	-	hypothetical protein	1697	1667	348	639	1972	777	818	614	83	53	1.18	0.47	0.49	0.96	0.13	0.10
PP_1761	+	S	hypothetical protein	204	197	446	566	207	78	122	413	78	128	1.05	0.40	0.62	0.73	0.14	0.23
PP_1762	+	T	sensory box protein/GGDEF family protein	372	362	941	1132	458	70	227	761	131	426	1.27	0.19	0.63	0.67	0.12	0.38
PP_1772	+	H	hypothetical protein	3414	5063	521	1099	3235	1665	2064	1073	180	185	0.64	0.33	0.41	0.98	0.16	0.17
PP_1783	+	K1	30S ribosomal protein S1	2455	2914	68	82	2175	704	1436	173	22	28	0.75	0.24	0.40	2.12	0.78	0.78
PP_1785	-	M	glucose-1-phosphate thymidyltransferase	1973	2263	24	72	1832	561	915	63	8	14	0.81	0.25	0.40	0.89	0.89	0.89
PP_1786	+	M	dTDP-glucose 4,6-dehydratase	1175	1146	68	95	953	195	424	83	10	29	0.83	0.17	0.37	0.87	0.67	0.67
PP_1787	+	-	glycosyl transferase, putative	655	803	71	57	622	138	323	82	16	17	0.78	0.15	0.40	1.28	1.00	1.00
PP_1788	-	-	hypothetical protein	411	429	8	5	313	54	89	4	2	1	0.73	0.15	0.21	1.00	1.00	1.00
PP_1790	-	-	hypothetical protein	1448	1965	38	76	1629	435	830	67	18	25	0.83	0.22	0.42	0.87	0.84	0.84
PP_1799	+	M	acetylneuraminate cytidyltransferase, putative	1936	2070	731	1235	2012	866	997	806	211	283	0.97	0.42	0.48	0.65	0.17	0.23
PP_1807	+	M	GDP-mannose 4,6 dehydratase	902	916	181	324	898	319	426	302	73	123	0.98	0.35	0.46	0.93	0.22	0.38
PP_1808	+	-	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase	1333	1447	187	455	1211	352	585	296	50	71	0.84	0.24	0.40	0.65	0.14	0.16
PP_1811	+	G	glucose-6-phosphate isomerase	40	25	252	498	35	11	21	344	67	146	1.00	1.00	1.00	0.69	0.14	0.29
PP_1814	-	M	UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase	337	306	3662	2521	427	76	144	3062	724	787	1.40	0.25	0.47	1.21	0.29	0.31
PP_1837	+	-	hypothetical protein	198	239	182	263	328	70	102	183	45	78	1.37	0.29	0.43	0.70	0.24	0.30
PP_1846	+	-	hypothetical protein	696	564	100	106	1058	274	391	769	108	102	1.87	0.49	0.69	7.25	1.02	0.96
PP_1855	-	L	group II intron-encoding maturase	518	387	183	368	545	173	214	292	90	161	1.41	0.45	0.55	0.79	0.24	0.44
PP_1878	-	-	hypothetical protein	316	434	729	748	363	141	175	643	98	164	0.84	0.32	0.40	0.86	0.13	0.22
PP_1892	-	-	hypothetical protein	278	200	487	550	265	54	88	1057	70	133	1.32	0.32	0.44	1.92	0.13	0.24
PP_1893	-	-	hypothetical protein	112	94	924	1411	155	63	100	1453	235	461	1.65	0.68	1.06	1.03	0.17	0.33
PP_1895	+	I	acyl-CoA dehydrogenase	434	421	50	74	1732	143	207	1223	7	17	4.11	0.34	0.49	16.62	0.87	0.87
PP_1896	+	V	ABC transporter ATP-binding protein	181	150	31	29	912	104	168	439	14	22	6.09	0.70	1.12	6.86	1.00	1.00
PP_1915	+	G	ABC transporter	3023	4458	258	527	3118	934	1145	399	36	55	0.70	0.21	0.26	0.76	0.12	0.12
PP_1921	+	I	acyl carrier protein	143	149	288	475	120	24	59	273	42	86	0.80	0.43	0.43	0.58	0.13	0.18
PP_1922	+	-	hypothetical protein	233	287	180	167	255	25	64	111	8	17	0.89	0.22	0.42	0.67	0.38	0.38
PP_1931	+	-	hypothetical protein	317	266	339	594	334	71	112	495	80	92	1.26	0.27	0.42	0.83	0.15	0.16
PP_1934	+	L	hypothetical protein	48	46	261	368	51	12	18	512	81	93	1.00	1.00	1.00	1.39	0.22	0.25
PP_1959	-	-	hypothetical protein	264	275	355	570	212	61	102	242	20	78	0.77	0.23	0.37	0.43	0.11	0.14
PP_1960	-	-	hypothetical protein	654	691	543	800	635	309	360	537	107	149	0.92	0.45	0.52	0.67	0.13	0.19
PP_1961	-	-	hypothetical protein	862	900	471	640	828	261	304	420	88	127	0.92	0.29	0.34	0.66	0.14	0.20
PP_1962	-	-	phage integrase family site specific recombinase	819	995	234	357	794	345	419	279	50	67	0.80	0.35	0.42	0.78	0.18	0.19
PP_1963	-	-	hypothetical protein	1204	1435	349	602	1277	378	462	389	73	80	0.89	0.26	0.26	0.65	0.12	0.13
PP_1964	-	-	deoxynucleotide monophosphate kinase, putative	2619	4066	2275	4420	2624	1054	1045	2276	634	684	0.65	0.26	0.26	0.51	0.14	0.15
PP_1970	+	-	putative lipoprotein	65	146	72	70	164	92	124	295	36	63	1.13	0.63	0.85	4.24	0.92	0.92
PP_1983	-	K10	sensory box protein	205	150	321	430	200	85	125	365	51	104	1.33	0.57	0.83	0.85	0.15	0.24
PP_1986	+	E	isopropylmalate isomerase small subunit	1314	1326	247	306	1107	577	670	289	57	92	0.83	0.43	0.51	0.95	0.21	0.30

ppp_1989	asd	+	E	aspartate-semialdehyde dehydrogenase	K1	1665	1548	133	324	1519	697	893	323	36	53	0.98	0.45	0.58	1.00	0.20	0.20
ppp_1993		+	N	peptidoglycan-binding LysM	-	598	527	188	295	653	237	291	344	50	83	1.24	0.45	0.55	1.16	0.22	0.28
ppp_2003		+	-	hypothetical protein	K2	294	180	39	61	450	108	127	365	17	24	2.50	0.60	0.70	5.70	1.00	1.00
ppp_2006		-	-	hypothetical protein	K22	323	273	233	987	250	46	176	199	13	172	0.92	0.23	0.64	0.20	0.06	0.17
ppp_2007		-	-	P-47-related protein	K22	116	60	71	345	83	20	58	55	1	48	1.30	1.00	1.00	0.19	0.19	0.19
ppp_2015		+	S	hypothetical protein	-	1353	1383	594	769	1190	347	403	599	134	175	0.86	0.25	0.29	0.78	0.17	0.23
ppp_2021		+	G	hypothetical protein	-	194	141	327	469	253	122	116	481	102	138	1.80	0.87	0.83	1.03	0.22	0.29
ppp_2080		+	E	NAD-glutamate dehydrogenase	-	381	593	563	970	712	255	261	596	131	179	1.20	0.43	0.44	0.61	0.14	0.18
ppp_2103		-	-	hypothetical protein	-	287	303	163	326	279	144	199	215	26	61	0.92	0.48	0.66	0.66	0.20	0.20
ppp_2105		-	S	hypothetical protein	-	658	710	453	693	566	235	294	665	117	197	0.80	0.33	0.41	0.96	0.17	0.28
ppp_2109		+	-	hypothetical protein	K2	103	68	102	46	190	72	60	281	36	49	2.78	1.04	0.94	4.39	1.00	1.00
ppp_2110		+	-	hypothetical protein	K2	275	211	55	81	359	115	137	393	77	42	1.70	0.54	0.65	4.85	0.95	0.79
ppp_2118		-	-	hypothetical protein	-	453	459	384	805	450	101	115	473	108	77	0.98	0.22	0.25	0.59	0.13	0.10
ppp_2121		-	-	putative lipoprotein	-	631	1102	973	1211	1125	110	122	1375	94	189	1.02	0.10	0.11	1.14	0.08	0.16
ppp_2130		-	M	soluble lytic transglycosylase, putative	-	388	279	705	621	395	218	220	823	149	190	1.42	0.78	0.79	1.33	0.24	0.31
ppp_2135		-	-	hypothetical protein	-	153	264	8	201	437	55	131	173	1	1	1.66	0.24	0.50	0.86	0.32	0.32
ppp_2149	gap-2	+	G	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	-	2306	2455	87	286	2413	1353	1466	179	52	58	0.98	0.55	0.60	0.62	0.22	0.22
ppp_2152		-	C	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase	-	336	218	377	444	366	149	215	460	78	117	1.67	0.68	0.98	1.04	0.17	0.26
ppp_2153		-	-	type IV pilus assembly PilZ	-	744	683	700	943	778	328	419	909	211	280	1.14	0.48	0.61	0.96	0.22	0.30
ppp_2161		-	-	hypothetical protein	-	1398	2437	5903	5387	1766	691	620	4000	1492	1237	0.72	0.28	0.25	0.74	0.28	0.23
ppp_2189		-	S	hypothetical protein	-	172	228	199	263	176	75	119	425	43	66	0.77	0.33	0.52	1.62	0.24	0.25
ppp_2223		+	-	hypothetical protein	-	723	594	23	23	561	141	196	90	23	37	0.94	0.24	0.33	1.41	1.00	1.00
ppp_2275		+	-	hypothetical protein	-	227	327	478	562	217	110	69	510	138	151	0.66	0.34	0.21	0.91	0.25	0.27
ppp_2292		+	-	hypothetical protein	K17	476	522	349	1101	642	49	117	462	43	72	1.23	0.12	0.22	0.42	0.06	0.07
ppp_2294		+	-	hypothetical protein	-	697	691	406	507	605	70	145	445	30	40	0.88	0.40	0.41	0.88	0.13	0.13
ppp_2301	clpX	+	O	ATP-dependent protease ATP-binding subunit ClpX	-	1661	1916	385	775	1614	792	989	637	174	204	0.84	0.41	0.52	0.82	0.23	0.26
ppp_2304		+	O	PpA-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	K1	777	750	28	37	1006	367	501	261	22	24	1.34	0.49	0.67	4.07	1.00	1.00
ppp_2307		+	S	CHAD domain containing protein	-	184	127	313	445	202	82	129	416	95	115	1.58	0.64	1.02	0.94	0.21	0.26
ppp_2320		+	S	ErkK/YbsY/cfS/YnhG family protein	K1	922	782	134	318	1023	387	449	399	27	85	1.31	0.50	0.57	1.25	0.20	0.27
ppp_2323		+	R	hypothetical protein	-	633	770	706	686	846	240	308	863	180	108	1.10	0.31	0.40	1.26	0.26	0.16
ppp_2326		+	T	universal stress protein	-	170	105	431	597	134	53	100	450	87	125	1.28	0.61	0.95	0.75	0.15	0.21
ppp_2327	cysB	+	K	transcriptional regulator CysB	-	500	594	687	754	584	301	348	717	146	216	0.98	0.51	0.59	0.95	0.19	0.29
ppp_2334	prpB	+	G	2-methylisocitrate lyase	K15	261	334	208	424	263	132	186	239	48	76	0.79	0.40	0.56	0.56	0.15	0.18
ppp_2335		+	C	methylcitrate synthase	-	421	403	370	536	300	172	274	460	97	173	0.75	0.43	0.68	0.86	0.18	0.32
ppp_2343		+	-	hypothetical protein	-	593	604	130	361	616	200	245	256	31	40	1.02	0.33	0.41	0.71	0.18	0.18
ppp_2356		-	T	phytochrome family protein, putative	-	265	265	177	259	284	183	212	296	59	86	1.07	0.69	0.80	1.14	0.25	0.33
ppp_2357		+	S	spore coat U domain protein	K4	135	109	1702	2371	168	53	134	1708	346	715	1.55	0.59	1.24	0.72	0.15	0.30
ppp_2358		+	S	spore coat U domain protein	-	129	118	1717	2058	185	36	92	1604	235	611	1.56	0.54	0.78	0.78	0.11	0.30
ppp_2359		+	S	spore coat U domain protein	K4	79	55	1998	2387	99	51	85	1534	301	1016	1.55	1.00	1.33	0.64	0.13	0.43
ppp_2360		+	S	spore coat U domain protein	K4	65	24	1403	1939	91	10	16	1021	96	555	1.42	1.00	1.00	0.53	0.05	0.29
ppp_2361	csuC	+	N	type I pili usher pathway chaperone CsuC	K4	56	18	929	1110	93	8	46	656	84	334	1.45	1.00	1.00	0.59	0.08	0.30
ppp_2362	csuD	+	N	fibrial biogenesis outer membrane usher protein	-	31	28	353	492	60	19	37	322	41	157	1.00	1.00	1.00	0.66	0.13	0.32
ppp_2363	csuE	+	S	spore coat U domain protein	-	17	19	338	480	49	6	10	314	21	112	1.00	1.00	1.00	0.65	0.13	0.23
ppp_2373		+	-	hypothetical protein	-	318	349	2533	3158	492	91	92	2616	301	495	1.41	0.26	0.26	0.83	0.10	0.16
ppp_2381		-	-	hypothetical protein	-	88	103	1139	2049	128	15	10	1454	272	314	1.25	0.62	0.62	0.71	0.13	0.15
ppp_2387		-	-	hypothetical protein	-	612	542	1009	116	690	447	557	269	346	659	1.27	0.83	1.03	2.32	2.98	5.68
ppp_2388		-	E	amino acid transporter LysE	-	1414	1180	1183	189	1422	769	1173	401	362	761	1.20	0.65	0.99	2.12	1.91	4.02
ppp_2396		+	-	hypothetical protein	-	565	823	3505	2950	782	309	261	2715	686	1070	0.95	0.38	0.32	0.92	0.23	0.36
ppp_2436		+	K	LysR family transcriptional regulator	-	234	211	179	279	188	111	162	284	69	112	0.89	0.53	0.77	1.02	0.25	0.40
ppp_2451	endA-1	-	L	deoxyribonuclease I	K1	1025	639	121	77	1036	334	425	727	55	61	1.62	0.52	0.66	9.44	0.83	0.83
ppp_2463	csuA-2	-	K	cold shock protein CspA	K6	3801	6565	1293	2937	3747	1676	2040	1279	383	416	0.57	0.26	0.31	0.44	0.13	0.14
ppp_2466	infC	+	J	translation initiation factor IF-3	-	3367	5322	496	1005	3280	1361	1647	713	90	116	0.62	0.26	0.31	0.71	0.09	0.12
ppp_2467	rpmI	+	J	50S ribosomal protein L35	K6	4286	7335	352	870	3374	2243	2080	492	116	157	0.46	0.31	0.28	0.57	0.13	0.18
ppp_2468	rpIT	+	J	50S ribosomal protein L20	K1	2702	3953	170	337	2592	1278	1608	330	58	68	0.66	0.32	0.41	0.98	0.19	0.20
ppp_2471	ihfA	+	L	integration host factor subunit alpha	-	2126	2594	1800	1916	1975	690	714	1552	442	519	0.76	0.27	0.28	0.81	0.23	0.27
ppp_2474		-	O	glutathione S-transferase family protein	K1	625	666	31	49	729	95	136	55	1	8	1.09	0.14	0.20	1.00	1.00	1.00
ppp_2475		+	K	TerR family transcriptional regulator	-	342	383	123	137	418	89	134	169	1	24	1.09	0.23	0.35	1.24	0.47	0.47

dnpI	PP_2504	+	R	4-oxalocrotonate tautomerase	-	85	80	388	442	120	16	20	437	35	52	150	0.80	0.80	0.99	0.14	0.14
	PP_2505	-	T	GAF domain/GGDEF domain-containing protein	-	153	158	143	278	179	33	83	181	15	27	113	0.40	0.53	0.65	0.23	0.23
	PP_2522	+	-	ISPu8, transposase	K1	450	311	77	172	404	69	148	174	53	72	130	0.22	0.47	1.01	0.37	0.42
	PP_2543	+	R	trans-aconitate 2-methyltransferase	-	149	114	189	341	145	59	96	247	59	96	128	0.56	0.84	0.73	0.19	0.28
	PP_2553	-	G	major facilitator family transporter	-	57	44	287	80	59	41	110	187	37	329	100	1.00	1.71	2.34	0.80	4.12
	PP_2569	+	P	major facilitator transporter	-	39	31	321	682	44	26	35	420	169	296	100	1.00	1.00	0.62	0.25	0.43
	PP_2572	-	-	hypothetical protein	-	84	66	1583	1521	77	38	70	1533	353	557	117	0.97	1.06	1.01	0.23	0.37
	PP_2576	+	-	hypothetical protein	-	69	19	136	299	55	25	31	285	71	89	100	1.00	1.00	0.95	0.24	0.30
	PP_2630	+	-	hypothetical protein	K2	223	120	7	21	365	94	163	290	15	30	303	0.78	1.36	4.53	1.00	1.00
	PP_2631	+	-	hypothetical protein	K2	198	128	14	21	403	224	349	383	57	56	314	1.75	2.72	5.98	1.00	1.00
qedH	PP_2647	-	G	major facilitator family transporter	K2	21	31	1	2	1373	13	29	523	1	14	21.46	1.00	1.00	8.17	1.00	1.00
	PP_2648	-	T	universal stress protein	-	78	313	163	156	239	64	77	206	18	26	0.76	0.21	0.25	1.32	0.41	0.41
	PP_2655	+	-	hypothetical protein	K4	66	75	95	645	50	33	40	886	51	7	0.86	0.86	1.37	0.10	0.10	
	PP_2662	+	M	hypothetical protein	-	123	9	11	16	75	34	45	35	346	475	1.17	1.00	1.00	5.40	7.42	
	PP_2663	+	S	hypothetical protein	K8	965	17	7	9	289	85	80	40	298	399	4.52	1.33	1.26	1.00	4.66	
	PP_2664	+	T	PAS/PAC sensor hybrid histidine kinase	-	262	17	28	13	104	32	45	36	221	277	1.62	1.00	1.00	3.45	4.33	
	PP_2666	-	P	hypothetical protein	K8	1128	27	20	49	368	236	274	199	508	742	5.75	3.69	4.28	3.10	7.94	
	PP_2667	-	V	ABC transporter	K8	322	20	9	1	119	100	103	61	551	803	1.86	1.56	1.60	1.00	8.61	
	PP_2668	-	V	efflux ABC transporter ATP-binding protein	K8	433	22	14	21	163	124	118	91	661	867	2.55	1.94	1.84	1.43	10.33	
	PP_2669	-	S	YVTN family beta-propeller repeat-containing	K8	885	11	1	17	332	115	132	131	1090	1361	5.19	1.80	2.07	2.05	17.02	
ppiB	PP_2672	+	T	LuxR family DNA-binding response regulator	-	269	6	13	17	114	74	88	80	474	616	1.78	1.16	1.37	1.24	7.41	
	PP_2673	-	S	pentapeptide repeat-containing protein	K8	1205	23	6	10	566	137	105	38	286	365	8.84	2.15	1.64	1.00	4.47	
	PP_2674	+	G	quinoprotein ethanol dehydrogenase	K8	2931	49	2	6	1200	648	596	56	1665	1938	18.74	10.13	9.32	1.00	26.02	
	PP_2675	+	C	cytochrome c-type protein	K8	1699	1	1	10	728	203	235	38	961	1217	11.38	3.18	3.67	1.00	15.01	
	PP_2676	+	E	periplasmic binding protein, putative	K8	1870	11	1	9	775	214	218	71	825	1058	12.10	3.34	3.40	1.10	12.89	
	PP_2677	+	K8	hypothetical protein	K8	778	1	14	6	252	81	84	30	248	323	3.94	1.26	1.31	1.00	3.87	
	PP_2678	+	R	beta-lactamase domain protein	K8	757	1	37	5	248	85	97	33	170	306	3.88	1.32	1.52	1.00	2.66	
	PP_2679	+	G	quinoprotein ethanol dehydrogenase, putative	K8	300	14	5	6	110	35	44	41	230	389	1.72	1.00	1.00	1.00	3.59	
	PP_2680	+	C	aldehyde dehydrogenase family protein	K8	2386	83	66	32	1125	318	321	153	2004	2450	13.47	3.80	3.84	2.39	31.31	
	PP_2681	+	-	pyrroloquinoline quinone biosynthesis protein PqqD	K8	1501	1	22	1	477	227	224	116	782	1144	7.45	3.54	3.50	1.81	12.22	
pppB	PP_2705	+	-	hypothetical protein	K21	154	91	117	289	202	41	44	297	64	51	2.21	0.70	0.70	1.03	0.22	
	PP_2720	+	-	hypothetical protein	-	161	110	186	291	185	50	58	261	63	72	1.68	0.58	0.90	0.22	0.25	
	PP_2731	+	-	hypothetical protein	-	66	35	48	45	58	274	163	70	30	100	1.00	4.28	2.55	1.10	1.57	
	PP_2735	+	S	hypothetical protein	-	38	52	61	45	92	333	187	54	22	53	1.44	5.21	2.92	1.00	1.00	
	PP_2736	-	R	amine oxidase	-	67	96	45	56	151	466	356	57	11	55	1.58	4.87	3.73	1.00	1.00	
	PP_2737	-	R	short chain dehydrogenase/reductase family oxidoreductase	K1	113	115	42	75	244	606	595	80	61	402	2.12	5.27	5.17	1.07	0.85	
	PP_2827	+	C	alcohol dehydrogenase, zinc-containing	K2	108	123	92	123	1507	128	122	3297	52	60	12.27	1.04	1.00	26.81	0.52	
	PP_2853	-	-	hypothetical protein	K4	184	159	1187	1810	227	52	94	1376	316	471	1.43	0.40	0.59	0.76	0.17	
	PP_2856	-	-	hypothetical protein	K9	14	19	120	1175	28	4	8	99	17	75	1.00	1.00	1.00	0.08	0.05	
	PP_2857	-	-	hypothetical protein	K9	39	8	119	1120	44	15	7	130	11	53	1.00	1.00	1.00	0.12	0.06	

PP_3013	-	-	-	hypothetical protein	110	83	52	295	134	29	40	130	12	2	160	0.77	0.77	0.44	0.22	0.22
PP_3026	+	-	-	phage recombinase, putative	269	269	261	315	263	82	120	315	51	58	0.98	0.31	1.00	0.44	0.20	0.20
PP_3033	-	-	-	transcriptional repressor pycocin R2_PP	453	694	208	199	579	160	225	317	31	36	0.83	0.23	1.59	0.32	0.32	0.32
PP_3079	-	-	-	PpiC-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	1534	2336	1072	1725	1677	707	811	1353	198	266	0.72	0.30	0.78	0.11	0.15	0.15
PP_3081	-	-	-	PEBP family protein	164	88	546	1091	196	26	62	803	228	390	2.23	0.73	0.74	0.21	0.36	0.36
PP_3089	-	-	-	hypothetical protein	1720	2229	1001	155	2225	370	679	301	34	62	1.00	0.17	1.94	0.41	0.41	0.41
PP_3100	-	-	-	hypothetical protein	608	770	106	113	1354	95	154	370	19	22	1.76	0.12	3.28	0.57	0.57	0.57
PP_3102	-	-	-	hypothetical protein	302	267	214	283	292	45	57	291	32	38	1.10	0.24	1.03	0.23	0.23	0.23
PP_3105	+	-	-	hypothetical protein	372	293	18	39	401	62	89	49	2	12	1.37	0.22	1.00	1.00	1.00	1.00
PP_3106	+	-	-	hypothetical protein	854	834	53	83	1073	200	338	177	12	24	1.29	0.24	2.13	0.77	0.77	0.77
PP_3107	+	-	-	hypothetical protein	854	854	7	35	902	190	357	135	23	19	1.06	0.22	2.12	1.00	1.00	1.00
PP_3108	+	-	-	rib-related protein	502	378	28	36	483	86	175	63	6	13	1.28	0.23	1.00	1.00	1.00	1.00
PP_3115	+	-	-	ISPpu13, transposase Orf3	185	142	1120	676	186	42	32	979	137	221	1.31	0.45	1.45	0.20	0.33	0.33
PP_3126	+	-	-	polysaccharide export protein	419	285	1006	2098	396	95	169	908	316	545	1.39	0.33	0.59	0.43	0.15	0.26
PP_3127	+	-	-	lipopolysaccharide biosynthesis protein	187	110	369	737	185	51	83	415	134	250	1.68	0.58	0.75	0.56	0.18	0.34
PP_3128	+	-	-	protein-tyrosine kinase	316	275	1899	2973	354	105	203	1929	541	960	1.29	0.38	0.74	0.65	0.18	0.32
PP_3130	+	-	-	hypothetical protein	70	47	632	599	86	32	46	535	120	204	1.34	1.00	1.00	0.89	0.20	0.34
PP_3133	+	-	-	GMC oxidoreductase	188	151	846	881	210	75	108	780	203	241	1.38	0.50	0.71	0.89	0.23	0.27
PP_3134	+	-	-	transferase hexapeptide repeat containing protein	218	150	2547	2440	199	65	97	1560	553	816	1.32	0.43	0.65	0.64	0.23	0.33
PP_3154	+	-	-	hypothetical protein	621	669	83	107	571	157	212	78	23	36	0.85	0.23	0.73	0.60	0.60	0.60
PP_3155	+	-	-	outer membrane ferric siderophore receptor, putative	77	814	20	38	109	707	858	42	14	21	1.13	0.87	1.05	1.00	1.00	1.00
PP_3172	-	-	-	group II intron-encoding maturase	367	431	1	14	633	275	414	370	123	119	1.47	0.64	0.96	5.79	1.92	1.87
PP_3233	+	-	-	Ctp/FNR family transcriptional regulator	17	6	194	257	24	16	20	200	42	72	1.00	1.00	1.00	0.78	0.25	0.28
PP_3293	-	-	-	hypothetical protein	99	87	153	286	99	53	74	300	55	67	1.13	0.73	0.84	1.05	0.22	0.23
PP_3320	-	-	-	hypothetical protein	80	955	2890	2147	920	291	289	2232	618	366	0.96	0.30	1.04	0.29	0.17	0.17
PP_3321	+	-	-	hypothetical protein	388	2808	1389	2032	1905	1022	1103	1551	553	325	0.68	0.36	0.39	0.76	0.27	0.16
PP_3322	+	-	-	delta-aminolevulinic acid dehydratase	243	1858	810	1038	1588	946	913	969	371	199	0.85	0.51	0.49	0.93	0.36	0.19
PP_3402	-	-	-	hypothetical protein	138	67	213	340	98	24	31	297	72	58	1.46	0.95	0.95	0.87	0.21	0.19
PP_3412	+	-	-	LuxR family DNA-binding response regulator	149	110	172	332	196	66	76	237	57	103	1.78	0.60	0.69	0.71	0.19	0.31
PP_3414	-	-	-	methyl-accepting chemotaxis transducer/sensory box protein	79	45	282	507	107	26	31	315	103	120	1.68	1.00	1.00	0.62	0.20	0.24
PP_3420	-	-	-	sensor histidine kinase	21	26	298	355	34	16	15	537	62	77	1.00	1.00	1.00	1.51	0.18	0.22
PP_3421	-	-	-	sensor histidine kinase	58	43	611	795	77	22	27	1154	184	177	1.20	1.00	1.00	1.45	0.23	0.22
PP_3425	+	-	-	efflux transporter, RND family, MFP subunit	8	10	2	14	3808	13	21	3769	9	4	59.50	1.00	1.00	58.90	1.00	1.00
PP_3426	+	-	-	transporter, hydrophobe/amphiphile efflux-I (HAEI) family	10	10	3	5	3499	9	11	2565	1	1	54.67	1.00	1.00	40.09	1.00	1.00
PP_3427	+	-	-	RND efflux system, outer membrane lipoprotein, NodT family	41	14	20	21	2403	23	31	1596	1	14	37.54	1.00	1.00	24.94	1.00	1.00
PP_3431	+	-	-	ThiI/PlpI domain protein	212	185	754	1537	231	34	48	524	91	128	1.24	0.35	0.35	0.34	0.06	0.08
PP_3440	-	-	-	hypothetical protein	77	59	344	463	103	30	42	315	83	124	1.61	1.00	1.00	0.68	0.18	0.27
PP_3441	-	-	-	hypothetical protein	166	111	313	531	162	51	76	294	65	124	1.46	0.58	0.69	0.55	0.12	0.23
PP_3444	+	-	-	glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase	98	52	348	645	77	30	27	612	75	129	1.21	1.00	1.00	0.95	0.12	0.20
PP_3446	+	-	-	threonine dehydratase	118	81	10	20	595	62	73	120	12	11	7.38	0.79	0.91	1.87	1.00	1.00
PP_3448	+	-	-	bacteriophage N4 adsorption protein B	47	30	197	375	58	26	35	208	41	67	1.00	1.00	1.00	0.55	0.17	0.18
PP_3484	-	-	-	response regulator receiver protein	112	95	492	476	138	41	52	403	76	131	1.46	0.68	0.85	0.85	0.16	0.27
PP_3519	+	-	-	putative lipoprotein	115	130	63	64	1581	89	107	2701	31	43	12.20	0.68	0.82	41.96	0.99	0.99
PP_3520	+	-	-	hypothetical protein	215	160	29	57	224	117	113	312	14	13	1.40	0.73	0.71	4.88	1.00	1.00
PP_3539	+	-	-	transcriptional regulator, putative substrate-binding region of ABC-type glycine	358	679	426	661	550	265	280	667	115	153	0.81	0.39	0.41	1.01	0.17	0.23
PP_3558	+	-	-	betaine transport system	127	100	142	513	163	36	63	223	20	51	1.63	0.64	0.64	0.44	0.12	0.12
PP_3580	+	-	-	hypothetical protein	699	574	669	1658	609	157	221	676	166	248	1.06	0.27	0.38	0.41	0.10	0.15
PP_3587	-	-	-	redoxin domain protein	664	1548	103	191	814	382	490	124	42	53	0.53	0.25	0.32	0.65	0.33	0.33
PP_3611	-	-	-	hypothetical protein	231	157	933	1494	382	26	56	1014	142	289	2.43	0.41	0.41	0.68	0.10	0.19
PP_3612	+	-	-	TonB-dependent siderophore receptor	14	422	1	10	30	249	491	11	2	8	0.15	0.59	1.16	1.00	1.00	1.00
PP_3621	+	-	-	(2Fe-2S)-binding domain protein	169	131	368	594	232	53	143	574	126	175	1.77	0.49	1.09	0.97	0.21	0.29
PP_3649	+	-	-	GntR family transcriptional regulator	777	582	193	268	941	283	302	188	40	63	1.62	0.49	0.52	0.70	0.24	0.24
PP_3668	-	-	-	catalase/peroxidase HPI	267	253	1068	1416	345	90	191	1151	331	359	1.36	0.35	0.75	0.81	0.23	0.25

PP_3693	-	-	-	-	-	transcriptional regulator MvaT, Pl6 subunit,	K17	564	694	499	658	626	100	299	486	67	112	0.90	0.14	0.43	0.74	0.10	0.17
PP_3694	-	-	-	-	-	hypothetical protein	-	119	132	266	257	110	33	61	252	59	86	0.83	0.49	0.49	0.98	0.25	0.34
PP_3699	+	S	-	-	-	hypothetical protein	-	883	845	121	136	712	138	255	106	19	21	28.64	0.16	0.30	0.78	0.47	0.47
PP_3700	-	D	-	-	-	hypothetical protein	K2	98	91	102	117	2614	20	40	2706	17	29	28.64	0.70	0.70	23.08	0.55	0.55
PP_3704	-	-	-	-	-	hypothetical protein	-	509	489	99	139	500	87	128	173	6	25	1.02	0.18	0.26	1.25	0.46	0.46
PP_3706	-	-	-	-	-	hypothetical protein	-	719	717	1396	1472	630	168	248	1663	449	437	0.88	0.23	0.35	1.13	0.31	0.30
PP_3708	-	-	-	-	-	hypothetical protein	-	487	576	32	67	383	118	297	46	8	4	0.66	0.20	0.52	0.96	0.96	0.96
PP_3742	-	-	-	-	-	glutathione S-transferase family protein	-	299	333	189	495	222	75	166	267	74	106	0.67	0.22	0.50	0.54	0.15	0.21
PP_3742	-	O	-	-	-	hypothetical protein	-	283	437	329	386	361	224	354	275	43	125	0.83	0.51	0.81	0.71	0.17	0.32
PP_3770	+	-	-	-	-	hypothetical protein	K2	61	64	22	55	1247	65	27	2092	50	16	19.48	1.02	1.00	32.68	1.00	1.00
PP_3774	+	-	-	-	-	alginate lyase 2	K22	48	84	201	76	339	76	79	153	74	47	4.05	0.91	0.94	2.01	0.97	0.84
PP_3775	-	E	-	-	-	sarcosine oxidase, putative	K18	638	1632	377	333	609	60	667	276	31	159	0.37	0.04	0.41	0.83	0.19	0.48
PP_3776	-	R	-	-	-	radD protein	K6	475	1240	153	105	365	59	701	65	13	76	0.29	0.05	0.57	0.62	0.61	0.72
PP_3777	-	J	-	-	-	hypothetical protein	K6	501	1343	213	173	369	49	744	124	25	128	0.27	0.05	0.55	0.72	0.37	0.74
PP_3778	-	E	-	-	-	pyrroline-5-carboxylate reductase	K6	1108	2899	612	505	828	93	1134	264	14	241	0.29	0.03	0.39	0.52	0.13	0.48
PP_3779	-	K	-	-	-	LysR family transcriptional regulator	K6	572	1071	378	372	407	101	406	239	20	106	0.38	0.09	0.38	0.64	0.17	0.29
PP_3780	-	-	-	-	-	hypothetical protein	K6	334	788	122	132	280	79	402	91	29	74	0.35	0.10	0.51	0.69	0.48	0.56
PP_3781	+	H	-	-	-	oxygen-independent Coproporphyrinogen III oxidase family protein	K6	680	3290	16	21	858	1	852	21	1	18	0.26	0.02	0.26	1.00	1.00	1.00
PP_3782	+	-	-	-	-	hypothetical protein	K6	1069	4571	31	57	1353	8	1071	28	1	8	0.30	0.01	0.23	1.00	1.00	1.00
PP_3783	+	-	-	-	-	hypothetical protein	K6	875	3784	50	59	1075	7	1078	43	1	32	0.28	0.02	0.28	1.00	1.00	1.00
PP_3784	+	J	-	-	-	hypothetical protein	K6	639	2971	25	13	836	21	952	25	2	20	0.28	0.02	0.32	1.00	1.00	1.00
PP_3785	+	-	-	-	-	hypothetical protein	K6	471	2202	21	27	646	16	775	36	3	19	0.29	0.03	0.35	1.00	1.00	1.00
PP_3786	+	E	-	-	-	aminotransferase	K6	272	1096	27	24	300	32	593	32	7	15	0.27	0.06	0.54	1.00	1.00	1.00
PP_3787	+	I	-	-	-	hypothetical protein	K6	249	1052	36	40	297	46	517	57	7	15	0.28	0.06	0.49	1.00	1.00	1.00
PP_3788	+	Q	-	-	-	non-ribosomal peptide synthetase, putative	K6	237	1024	34	33	298	32	438	58	5	18	0.29	0.06	0.43	1.00	1.00	1.00
PP_3789	+	-	-	-	-	efflux transporter, putative	K22	97	395	13	24	144	45	287	26	7	18	0.36	0.16	0.73	1.00	1.00	1.00
PP_3790	+	E	-	-	-	diaminopimelate epimerase	-	187	473	66	101	204	42	194	140	15	34	0.43	0.14	0.41	1.02	0.64	0.64
PP_3794	+	M	-	-	-	D-alanyl-D-alanine endopeptidase	-	673	578	2007	1978	600	224	308	1740	274	365	1.04	0.39	0.53	0.88	0.14	0.18
PP_3795	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	302	435	211	229	296	79	126	176	33	67	0.68	0.18	0.29	0.77	0.28	0.29
PP_3796	+	Q	-	-	-	L-ornithine N5-oxygenase	K5	14	289	16	7	183	25	178	19	1	1	0.63	0.22	0.62	1.00	1.00	1.00
PP_3808	-	S	-	-	-	MbtH domain protein	K22	110	544	373	261	424	40	184	312	68	121	0.78	0.12	0.34	1.20	0.26	0.46
PP_3820	-	L	-	-	-	group II intron-encoding maturase	K1	1052	795	94	140	1228	437	594	867	130	96	1.54	0.55	0.75	6.20	0.93	0.69
PP_3821	-	M	-	-	-	UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase	-	1187	1506	117	360	1459	526	532	366	65	86	0.97	0.35	0.35	1.01	0.18	0.24
PP_3825	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	2284	2717	1135	1211	2255	939	1045	1081	289	352	0.83	0.35	0.38	0.89	0.24	0.29
PP_3832	+	T	-	-	-	carbon storage regulator	-	585	789	3673	3331	1044	70	164	2992	434	658	1.32	0.09	0.21	0.90	0.13	0.20
PP_3835	+	T	-	-	-	PAS/PAC sensor signal transduction histidine kinase	-	509	340	534	623	468	239	264	602	154	191	1.38	0.70	0.78	0.97	0.25	0.31
PP_3839	+	R	-	-	-	alcohol dehydrogenase	-	268	700	575	888	551	150	231	771	186	214	0.79	0.21	0.33	0.87	0.21	0.24
PP_3840	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	376	493	111	393	556	199	243	250	67	127	1.13	0.40	0.49	0.64	0.17	0.32
PP_3851	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	189	216	403	372	210	23	56	427	72	107	0.97	0.30	0.30	1.15	0.19	0.29
PP_3852	-	-	-	-	-	hypothetical protein	-	92	142	253	261	146	33	61	315	45	85	1.03	0.45	0.45	1.20	0.24	0.32
PP_3868	+	L	-	-	-	group II intron-encoding maturase	K1	610	571	139	132	942	213	335	603	112	115	1.65	0.37	0.59	4.55	0.84	0.87
PP_3896	+	K	-	-	-	Cro/C1 family transcriptional regulator	-	849	911	285	212	732	228	365	312	35	53	0.80	0.25	0.40	1.47	0.30	0.30
PP_3897	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	986	1132	411	243	1048	247	370	309	67	91	0.93	0.22	0.33	1.27	0.27	0.38
PP_3898	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	886	1141	213	127	761	198	269	136	20	29	0.67	0.17	0.24	1.07	0.51	0.51
PP_3901	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	1632	1705	1886	1868	1583	249	442	1846	288	429	0.93	0.15	0.26	0.99	0.15	0.23
PP_3904	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	2552	3355	1724	1057	2268	510	754	470	96	142	0.68	0.15	0.22	0.44	0.09	0.13
PP_3909	-	-	-	-	-	hypothetical protein	-	1306	1458	325	71	1197	196	256	142	35	36	0.82	0.13	0.18	2.00	0.90	0.90
PP_3921	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	700	810	45	160	837	64	100	96	13	21	1.03	0.08	0.12	0.60	0.40	0.40
PP_3924	+	I	-	-	-	sterol-binding domain protein	-	938	1546	318	235	1092	377	390	164	91	131	0.71	0.24	0.25	0.70	0.39	0.56
PP_3954	+	R	-	-	-	periplasmic binding protein, putative	K4	243	133	622	1084	241	32	73	604	89	233	1.81	0.48	0.55	0.56	0.08	0.22
PP_3963	+	-	-	-	-	hypothetical protein	K1	997	738	450	518	895	293	86	741	56	52	1.21	0.40	0.12	1.43	0.12	0.12
PP_3968	+	-	-	-	-	sensor histidine kinase	-	53	72	148	286	82	24	35	212	24	35	1.13	0.88	0.74	1.20	0.22	0.22
PP_3978	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	283	268	2403	1109	254	21	45	1331	131	171	0.95	0.24	0.24	0.24	0.12	0.15
PP_3983	+	-	-	-	-	hypothetical protein	-	470	471	639	590	403	127	158	563	106	134	0.86	0.27	0.34	0.95	0.18	0.23
PP_3984	-	-	-	-	-	ISPu13, transposase Orf3	-	152	166	996	613	145	12	25	804	86	149	0.87	0.39	0.39	1.31	0.14	0.24
PP_3988	-	L	-	-	-	hypothetical protein	-	322	385	104	102	322	74	161	82	7	21	0.84	0.19	0.42	0.80	0.62	0.62

PP_3990	R	hypothetical protein	-	766	992	1017	1816	836	582	595	1100	285	549	0.59	0.60	0.61	0.16	0.30
PP_4007	J	translation initiation factor IF-1	-	1577	2400	141	168	1768	268	408	190	9	31	0.11	0.17	1.13	0.38	0.38
PP_4009	S	ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS	-	2160	2488	4641	4193	2016	736	1074	3349	987	1291	0.30	0.43	0.80	0.24	0.31
PP_4010	K	cold-shock protein CspD	K4	219	356	2515	2842	360	21	83	2064	270	459	0.18	0.23	0.73	0.09	0.16
PP_4022	-	hypothetical protein	-	278	422	147	262	159	30	38	177	33	39	0.17	0.18	0.68	0.24	0.24
PP_4027	-	hypothetical protein	-	142	139	176	277	159	30	38	227	17	25	0.46	0.46	0.82	0.23	0.23
PP_4043	G	6-phosphogluconate dehydrogenase-like protein	K9	206	274	375	463	319	85	143	347	113	145	0.31	0.52	0.75	0.24	0.31
PP_4044	-	hypothetical protein	K4	1591	1159	4827	4682	759	234	352	3011	974	1211	0.65	0.30	0.64	0.21	0.26
PP_4050	G	glycogen synthase	K22	613	377	202	339	519	111	384	225	18	92	1.02	0.67	0.67	0.19	0.27
PP_4057	M	outer membrane autotransporter	K9	10	7	71	351	22	6	9	81	3	27	1.00	1.00	0.23	0.18	0.18
PP_4064	I	acyl-CoA dehydrogenase domain-containing protein	K22	66	150	175	435	114	74	773	400	108	424	0.76	0.49	5.16	0.92	0.97
PP_4065	I	propionyl-CoA carboxylase	-	46	104	102	175	74	58	442	183	64	198	0.71	0.62	4.27	1.05	0.37
PP_4070	P	hypothetical protein	K5	50	396	4	13	66	202	460	12	20	17	0.17	0.51	1.16	1.00	1.00
PP_4099	T	DNA-binding response regulator GacA	-	625	753	467	468	538	244	361	395	77	168	0.71	0.32	0.48	0.17	0.36
PP_4100	-	Cro/CI family transcriptional regulator	K22	296	362	404	470	193	140	254	267	98	140	0.53	0.39	0.70	0.57	0.30
PP_4102	-	hypothetical protein	-	216	200	487	657	260	74	86	591	98	131	0.30	0.37	0.43	0.15	0.20
PP_4111	J	elongation factor G	-	178	137	414	531	199	44	77	573	111	89	1.46	0.47	0.56	1.08	0.21
PP_4118	S	YhhN family protein	K4	127	92	293	529	177	112	156	307	104	233	1.92	1.22	1.71	0.58	0.44
PP_4174	I	3-hydroxydecanoyl-(acyl carrier protein)	-	423	406	206	256	469	217	271	272	62	78	1.15	0.53	0.67	1.06	0.25
PP_4196	-	hypothetical protein	-	2313	3088	447	687	2257	1062	1193	518	134	159	0.73	0.34	0.39	0.75	0.19
PP_4199	-	putative lipoprotein	-	594	667	1	23	476	116	158	36	1	1	0.71	0.17	0.24	1.00	1.00
PP_4202	C	electron transfer flavoprotein, beta subunit	K1	2892	4105	184	321	2644	1177	1413	290	65	77	0.64	0.29	0.34	0.90	0.20
PP_4204	K	Cro/CI family transcriptional regulator	-	398	589	662	724	482	84	133	398	90	76	0.82	0.14	0.23	0.55	0.12
PP_4205	-	hypothetical protein	-	374	633	592	750	420	132	141	402	62	57	0.66	0.21	0.22	0.54	0.09
PP_4217	K5	outer membrane ferripyoverdine receptor	K5	21	516	7	6	470	98	301	19	5	10	0.91	0.19	0.58	1.00	1.00
PP_4244	K	extracytoplasmic-function sigma-70 factor	K5	35	1117	20	50	82	220	587	40	16	16	0.07	0.20	0.53	1.00	1.00
PP_4247	R	exonuclease	-	134	121	209	345	158	86	98	231	48	59	1.30	0.71	0.81	0.67	0.19
PP_4251	C	cbh3-type cytochrome c oxidase subunit II	-	253	741	87	50	576	161	272	83	53	38	0.78	0.22	0.37	1.30	1.00
PP_4252	ccoQ-1	cytochrome c oxidase, cbh3-type, CcoQ subunit	-	113	665	14	25	451	96	224	21	28	32	0.68	0.14	0.34	1.00	1.00
PP_4253	ccoP-1	cytochrome c oxidase, cbh3-type, subunit III	-	198	547	64	54	447	87	188	78	31	8	0.82	0.16	0.34	1.23	1.00
PP_4254	-	hypothetical protein	K9	235	247	572	1003	370	59	76	796	39	39	1.50	0.26	0.31	0.79	0.06
PP_4255	O	cbh3-type cytochrome c oxidase subunit I	K17	889	594	624	1172	770	369	502	681	151	174	1.30	0.62	0.84	0.58	0.13
PP_4256	C	cbh3-type cytochrome c oxidase subunit II	-	605	418	450	767	506	213	266	560	111	120	1.21	0.51	0.64	0.73	0.14
PP_4257	O	Cbh3-type cytochrome oxidase component	K17	901	464	708	1206	608	354	474	655	192	248	1.31	0.76	1.02	0.54	0.16
PP_4258	C	cytochrome c oxidase, cbh3-type, subunit III	-	449	315	377	620	473	160	199	376	86	105	1.50	0.51	0.63	0.61	0.14
PP_4260	-	hypothetical protein	-	411	461	172	185	456	113	162	192	41	65	0.99	0.25	0.35	1.04	0.35
PP_4265	T	transcriptional regulator Anr	-	824	1148	451	789	941	283	485	763	130	181	0.82	0.25	0.42	0.97	0.17
PP_4268	S	hypothetical protein	-	820	1047	137	164	734	193	156	193	45	36	0.70	0.18	0.15	1.17	0.23
PP_4270	E	hypothetical protein	K4	92	116	293	379	84	45	79	230	46	124	0.73	0.55	0.68	0.61	0.17
PP_4282	G	aquaporin Z	K4	81	64	563	1152	103	40	65	973	261	543	1.60	1.00	1.01	0.84	0.23
PP_4299	I	2-hydroxy-3-oxopropionate reductase	K9	491	315	2140	2421	563	270	457	796	506	1338	1.79	0.86	1.45	0.33	0.21
PP_4345	K	GntR family transcriptional regulator	-	336	470	42	61	343	107	133	39	6	7	0.73	0.23	0.28	1.00	1.00
PP_4360	-	hypothetical protein	K12	202	189	264	345	464	66	113	683	2	15	2.45	0.35	0.59	1.98	0.19
PP_4361	N	flagellar hook-length control protein	-	230	305	448	420	345	146	194	536	62	148	1.13	0.48	0.64	1.27	0.15
PP_4362	T	Hpt protein	-	370	363	1606	1387	166	59	134	803	110	608	1.01	0.26	0.66	0.58	0.08
PP_4363	-	response regulator receiver protein	-	139	138	888	872	166	59	134	602	105	361	1.20	0.46	0.97	0.69	0.12
PP_4364	T	anti-sigma-factor antagonist	-	290	311	2308	2862	313	51	213	1817	281	987	1.01	0.21	0.68	0.63	0.10
PP_4368	N	flagellar motor switch protein G	-	244	441	352	299	404	185	256	499	66	82	0.92	0.42	0.58	1.67	0.22
PP_4373	T	sigma54 specific transcriptional regulator, Fis family	-	700	762	322	442	708	379	453	532	67	118	0.93	0.50	0.59	1.20	0.15
PP_4376	-	flagellar cap protein FlhD	-	1530	2511	1592	1267	1483	702	843	883	223	346	0.59	0.28	0.34	0.70	0.18
PP_4377	N	flagellin FlhG, putative	K18	1130	1935	486	343	1151	502	569	157	84	87	0.59	0.26	0.29	0.46	0.24
PP_4380	-	flagellar hook-associated protein FlgL	-	266	480	325	266	386	217	282	277	61	136	0.81	0.45	0.59	1.04	0.24
PP_4381	N	flagellar hook-associated protein FlgK	-	376	526	327	283	526	362	412	250	67	145	1.00	0.69	0.78	0.88	0.24
PP_4382	-	flagellar rod assembly protein FlgJ	-	301	583	301	264	406	204	233	258	39	75	0.70	0.35	0.40	0.98	0.24
PP_4384	-	flagellar basal body L-ring protein	-	231	530	387	365	388	303	374	308	90	130	0.73	0.57	0.71	0.84	0.25
PP_4386	-	flagellar basal body rod protein FlgF	-	271	524	437	441	403	275	349	349	87	154	0.77	0.52	0.67	0.79	0.20

PP_4388	flgE	-	N	flagellar hook protein FlgE	633	1250	1051	956	882	403	456	632	152	250	0.71	0.32	0.36	0.66	0.16	0.26
PP_4389	flgD	-	N	flagellar basal body rod modification protein	483	1057	680	755	714	344	403	477	104	170	0.68	0.33	0.38	0.63	0.14	0.23
PP_4390	flgC	-	N	flagellar basal body rod protein FlgC	990	1959	1700	2351	1360	447	522	1131	196	331	0.69	0.23	0.27	0.48	0.08	0.14
PP_4391	flgB	-	N	flagellar basal body rod protein FlgB	455	1012	840	1186	638	290	298	552	125	216	0.63	0.29	0.29	0.47	0.11	0.18
PP_4395	flgM	+	K	anti-sigma-28 factor, FlgM	1355	1500	1126	1131	1239	446	481	1343	180	308	0.83	0.30	0.32	1.19	0.16	0.27
PP_4397		+	M	type IV pilus assembly PilZ	523	496	224	267	337	195	226	260	56	64	0.68	0.39	0.46	0.97	0.24	0.24
PP_4406		+	-	hypothetical protein	343	841	105	776	452	118	167	91	16	56	0.54	0.14	0.20	0.12	0.08	0.08
PP_4416		+	-	hypothetical protein	204	243	552	859	225	3	36	550	18	48	0.93	0.26	0.26	0.64	0.07	0.07
PP_4447		+	K6	hypothetical protein	694	840	145	291	619	249	295	134	20	33	0.74	0.30	0.35	0.46	0.22	0.22
PP_4448		+	R	hypothetical protein	539	685	188	271	440	224	271	147	17	62	0.64	0.33	0.40	0.54	0.24	0.24
PP_4468		+	-	Cro/C1 family transcriptional regulator	352	436	20	43	331	75	126	29	2	3	0.76	0.17	0.29	1.00	1.00	1.00
PP_4470	algZ	+	-	Arc domain protein DNA binding domain protein	1712	2094	2635	2673	1978	594	776	2254	538	647	0.94	0.28	0.37	0.84	0.20	0.20
PP_4471	mgE	-	P	magnesium transporter	277	249	38	30	363	156	201	288	16	34	1.46	0.63	0.81	4.50	1.00	1.00
PP_4475	astE	-	E	succinylglutamate desuccinylase	338	419	364	531	367	151	193	387	65	108	0.88	0.36	0.46	0.73	0.12	0.20
PP_4476		-	-	hypothetical protein	1295	1594	1064	1203	1407	454	544	982	121	193	0.88	0.28	0.34	0.82	0.10	0.16
PP_4477	astB	-	E	succinylarginine dihydrolase	436	479	548	823	562	236	271	475	141	180	1.17	0.49	0.57	0.58	0.17	0.22
PP_4478	astD	-	C	succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase	259	317	193	340	355	138	181	134	33	69	1.12	0.43	0.57	0.39	0.19	0.20
PP_4479	aruG	-	E	arginine N-succinyltransferase, beta subunit	480	622	351	561	549	249	285	291	53	91	0.88	0.40	0.46	0.52	0.11	0.16
PP_4480	aruF	-	E	arginine N-succinyltransferase, alpha subunit	413	468	236	403	468	250	272	216	52	86	1.00	0.53	0.58	0.54	0.16	0.21
PP_4481	argD	-	E	bifunctional N-succinyl-diaminopimelate-aminotransferase/acetylornithine transaminase	792	921	507	730	930	365	409	467	74	91	1.01	0.40	0.44	0.64	0.10	0.13
PP_4486		-	E	cationic amino acid ABC transporter, periplasmic binding protein	518	790	187	307	755	210	285	292	47	54	0.96	0.27	0.36	0.95	0.21	0.21
PP_4487	acsA	-	I	acetyl-CoA synthetase	925	245	495	397	369	337	340	586	1453	1787	1.50	1.37	1.38	1.48	3.66	4.50
PP_4504		+	U	hypothetical protein	229	163	204	319	256	78	43	311	31	16	1.57	0.48	0.39	0.98	0.20	0.20
PP_4517		+	R	hypothetical protein	1523	1695	1062	1436	1565	701	849	1482	339	398	0.92	0.41	0.50	1.03	0.24	0.28
PP_4519	tolC	+	M	TolC family type I secretion outer membrane protein	2840	3109	309	753	2450	820	1512	423	50	102	0.79	0.26	0.49	0.56	0.08	0.14
PP_4521		-	N	aerotaxis receptor, putative	179	101	380	543	139	58	90	297	58	106	1.37	0.63	0.89	0.55	0.12	0.20
PP_4529		-	S	hypothetical protein	256	316	211	240	258	59	91	388	44	62	0.82	0.20	0.29	1.61	0.27	0.27
PP_4530		-	S	hypothetical protein	390	458	320	460	436	147	218	664	100	130	0.95	0.32	0.48	1.44	0.22	0.28
PP_4535		+	-	hypothetical protein	245	291	45	57	201	56	123	55	6	15	0.69	0.22	0.42	1.00	1.00	1.00
PP_4540		+	R	alpha/beta fold family hydrolase	190	211	148	341	267	103	145	236	69	73	1.27	0.49	0.69	0.69	0.20	0.21
PP_4541	ppiA	+	O	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	880	1014	266	476	1277	500	517	325	81	95	1.26	0.49	0.51	0.68	0.17	0.20
PP_4555		-	S	DGPFAETKE family protein	172	97	124	397	145	57	49	375	74	77	1.50	0.66	0.66	0.95	0.19	0.20
PP_4560		-	S	ribonuclease BN, putative	152	241	524	413	178	110	126	408	85	203	0.74	0.46	0.52	0.99	0.21	0.49
PP_4561		-	-	CsbD family protein	519	299	449	432	451	43	28	1170	12	51	1.51	0.21	0.21	2.71	0.15	0.15
PP_4570		-	O	hypothetical protein	824	984	202	293	862	267	449	276	37	57	0.88	0.27	0.46	0.94	0.22	0.22
PP_4571	cysK	-	E	cysteine synthase A	740	820	607	610	810	258	385	605	86	93	0.99	0.31	0.47	0.99	0.14	0.15
PP_4573		+	R	AAA family ATPase	451	721	313	451	503	191	285	366	86	108	0.70	0.27	0.40	0.81	0.19	0.24
PP_4584		+	-	hypothetical protein	1805	1692	5102	3917	1590	495	610	3708	958	1434	0.94	0.29	0.36	0.95	0.24	0.37
PP_4590		-	S	hypothetical protein	662	672	93	88	668	162	284	205	58	92	0.99	0.24	0.42	2.33	0.73	1.04
PP_4593		+	-	hypothetical protein	938	1300	7746	8308	955	91	247	5303	1523	1792	0.73	0.07	0.19	0.64	0.18	0.22
PP_4597	moaA	+	H	molybdenum cofactor biosynthesis protein A	289	231	715	775	234	224	237	764	148	193	1.01	0.97	1.03	0.99	0.19	0.25
PP_4602		+	K	AraC family transcriptional regulator	146	139	230	424	160	102	150	344	84	138	1.15	0.74	1.08	0.81	0.20	0.33
PP_4633	mscL	+	S	hypothetical protein	1396	1907	415	393	1493	409	511	452	74	49	0.78	0.21	0.27	1.15	0.19	0.16
PP_4645		+	M	large-conductance mechanosensitive channel	596	741	868	1050	628	161	313	1010	204	299	0.85	0.22	0.42	0.96	0.19	0.28
PP_4647		+	K	LuxR family transcriptional regulator	260	217	303	839	311	96	131	590	91	79	1.44	0.44	0.61	0.70	0.11	0.09
PP_4657		+	R	metallopeptidase, zinc binding	190	265	351	675	274	89	165	494	90	144	1.03	0.34	0.63	0.73	0.13	0.21
PP_4659	ggt-2	+	E	gamma-glutamyltransferase	190	261	462	777	199	103	160	379	49	140	0.76	0.39	0.61	0.49	0.08	0.18
PP_4685		+	K	hypothetical protein	648	742	2319	2773	757	88	229	1967	360	709	1.02	0.12	0.31	0.71	0.13	0.26
PP_4693		+	T	C4-type zinc finger DksA/TraR family protein	2313	3792	1340	1587	2396	644	827	1448	172	175	0.63	0.17	0.22	0.91	0.11	0.11
PP_4696		+	T	putative two component, sigma54 specific, transcriptional regulator, Fis family	647	661	465	465	640	398	493	542	109	131	0.97	0.60	0.75	1.16	0.23	0.28
PP_4701	pgi	+	G	glucose-6-phosphate isomerase	1268	1407	167	402	1207	482	656	292	48	71	0.86	0.34	0.47	0.73	0.16	0.18
PP_4704		+	M	hypothetical protein	227	215	625	680	249	44	101	548	88	179	1.16	0.30	0.47	0.81	0.13	0.26
PP_4706		+	S	antibiotic biosynthesis monooxygenase	33	63	347	333	54	9	28	199	64	168	1.00	1.00	1.00	0.60	0.19	0.51
PP_4709	mpsO	-	J	30S ribosomal protein S15	4075	5726	759	741	3920	1720	2085	1075	145	134	0.68	0.30	0.36	1.45	0.20	0.18

PP_4710	truB	-	-	K1	1251	1228	91	75	1146	711	863	428	25	64	0.93	0.58	0.70	0.85	5.69	0.86
PP_4711	rbfA	-	J	K1	1197	1088	80	31	1072	657	816	463	51	94	0.98	0.60	0.75	1.00	7.23	1.47
PP_4712	infB	-	J	K1	2152	1973	77	40	1893	1094	1253	603	51	93	0.96	0.55	0.63	1.00	9.43	1.46
PP_4713	nusA	-	K	K1	2312	2659	69	45	2261	1279	1559	421	50	76	0.85	0.48	0.59	1.00	6.58	1.19
PP_4720	fur	+	J	-	855	1078	198	230	1042	150	165	194	51	33	0.97	0.14	0.15	0.84	0.28	0.28
PP_4730	fur	-	P	-	639	923	262	393	670	176	226	340	85	107	0.73	0.19	0.25	0.87	0.22	0.27
PP_4731	omlA	+	J	-	1801	2166	537	552	2030	594	760	720	126	141	0.94	0.27	0.35	1.30	0.23	0.26
PP_4740	hsdR	+	V	-	473	494	141	212	360	108	243	126	28	55	0.73	0.22	0.49	0.60	0.30	0.30
PP_4788	+	+	R	-	1206	1218	800	762	1175	424	570	840	103	167	0.96	0.35	0.47	1.10	0.13	0.22
PP_4789	+	+	P	-	727	707	519	556	800	295	381	567	130	169	1.13	0.42	0.54	1.02	0.23	0.30
PP_4793	+	+	-	-	194	86	2058	2091	135	26	74	258	253	503	1.57	0.74	0.87	1.03	0.12	0.24
PP_4817	+	+	I	K4	90	66	486	977	95	16	33	544	41	62	1.45	0.97	0.97	0.56	0.07	0.07
PP_4821	fis	+	K	K1	1656	1517	106	177	1088	286	425	256	29	34	0.72	0.19	0.28	1.44	0.36	0.36
PP_4834	+	+	O	-	306	345	4	2	303	53	182	18	1	1	0.88	0.19	0.53	1.00	1.00	1.00
PP_4836	+	+	S	-	297	2061	486	333	1655	810	877	365	77	96	0.80	0.39	0.43	1.10	0.23	0.29
PP_4847	+	+	-	-	354	419	422	447	546	103	146	732	37	100	0.84	0.25	0.35	1.64	0.14	0.22
PP_4848	+	-	O	-	557	667	322	573	546	264	343	567	85	100	0.82	0.40	0.51	0.99	0.15	0.17
PP_4851	+	-	-	-	490	453	3806	4341	567	79	137	3898	667	858	1.25	0.17	0.30	0.90	0.15	0.20
PP_4856	+	+	P	K4	71	76	402	272	169	28	46	1306	93	94	2.23	0.85	0.85	4.79	0.34	0.34
PP_4858	+	+	-	K2	94	133	98	74	3577	76	92	5537	66	59	26.90	0.57	0.69	74.69	0.88	0.86
PP_4859	+	+	K	K2	302	204	31	74	425	221	276	535	39	53	2.09	1.08	1.35	7.28	0.87	0.87
PP_4880	vacB	-	K	-	675	799	605	474	765	350	436	551	110	171	0.96	0.44	0.55	1.16	0.23	0.36
PP_4881	+	+	P	K1	641	1067	123	117	974	360	576	498	43	63	0.91	0.34	0.54	4.27	0.55	0.55
PP_4885	+	-	-	-	116	132	329	281	105	17	50	192	11	75	0.79	0.48	0.48	0.68	0.23	0.27
PP_4886	+	-	S	-	160	189	450	473	118	17	94	299	29	137	0.62	0.34	0.50	0.63	0.14	0.29
PP_4894	hfq	-	R	-	3113	3855	2091	1901	2789	1617	1870	1562	345	359	0.72	0.42	0.49	0.82	0.18	0.19
PP_4902	om	+	A	-	806	871	1076	1095	790	148	282	921	228	316	0.91	0.17	0.32	0.84	0.21	0.29
PP_4920	+	+	-	-	291	470	38	68	459	114	184	79	10	16	0.98	0.24	0.39	1.16	0.94	0.94
PP_4923	+	+	M	-	460	555	369	528	624	127	284	381	62	73	1.12	0.23	0.51	0.72	0.12	0.14
PP_4957	+	-	S	K17	239	171	426	360	248	70	121	219	1	58	1.45	0.41	0.71	0.61	0.18	0.18
PP_4958	+	-	R	K17	414	379	613	573	428	126	205	331	5	102	1.13	0.33	0.54	0.58	0.11	0.18
PP_4959	+	-	T	K4	170	140	1055	937	146	24	130	430	25	263	1.04	0.46	0.93	0.46	0.07	0.28
PP_4960	fda	+	G	-	1989	2107	421	479	1599	683	825	430	106	147	0.76	0.32	0.39	0.90	0.22	0.31
PP_4966	metK	+	H	-	498	881	20	8	438	159	363	53	1	17	0.50	0.18	0.41	1.00	1.00	1.00
PP_4967	+	+	H	-	1079	1767	28	60	954	413	794	69	14	24	0.54	0.23	0.45	1.08	1.00	1.00
PP_4976	ahcY	+	-	K1	2099	2772	71	121	1898	616	1044	163	45	53	0.68	0.22	0.38	1.35	0.53	0.53
PP_4981	+	+	S	-	1255	1696	402	356	1423	296	423	277	55	78	0.84	0.17	0.25	0.78	0.18	0.22
PP_5004	+	-	R	-	318	433	464	390	396	283	401	375	84	204	0.91	0.65	0.92	0.96	0.22	0.52
PP_5007	+	-	S	-	659	695	3727	3707	849	164	230	2806	716	874	1.22	0.24	0.33	0.76	0.19	0.24
PP_5015	hisE	+	E	-	1023	1144	289	309	1058	386	516	400	72	70	0.92	0.34	0.45	1.30	0.23	0.23
PP_5016	tatA	+	U	-	1651	1702	794	790	1700	715	697	1137	201	193	1.00	0.42	0.41	1.44	0.25	0.24
PP_5028	pip	+	R	-	723	747	131	282	766	442	553	234	67	79	1.03	0.59	0.74	0.83	0.24	0.28
PP_5070	+	-	D	-	374	489	79	177	349	88	194	122	38	41	0.71	0.18	0.40	0.69	0.36	0.36
PP_5085	maeB	-	C	K6	2954	4388	1022	1356	2943	1701	2090	805	241	594	0.67	0.39	0.48	0.59	0.18	0.44
PP_5092	+	+	M	-	420	347	46	100	365	83	154	70	12	6	1.05	0.24	0.44	0.70	0.64	0.64
PP_5124	+	+	-	K1	912	642	80	39	625	127	235	179	1	4	0.97	0.20	0.37	2.80	1.00	1.00
PP_5129	+	-	R	-	117	148	279	369	123	22	65	304	59	102	0.83	0.43	0.44	0.82	0.17	0.28
PP_5144	+	+	S	K2	101	118	111	102	207	68	77	464	54	46	1.75	0.58	0.65	4.53	0.63	0.63
PP_5174	+	-	M	K9	98	105	212	267	147	29	75	240	31	55	1.39	0.61	0.71	0.90	0.24	0.24
PP_5181	potF-2	-	E	-	2336	3175	1044	1174	2013	1167	1363	648	253	334	0.63	0.37	0.43	0.55	0.22	0.28
PP_5183	+	-	E	-	811	722	544	740	782	337	388	528	150	170	1.08	0.47	0.54	0.71	0.20	0.23
PP_5202	+	+	S	-	723	633	481	422	684	235	266	431	84	84	1.08	0.37	0.42	1.02	0.20	0.20
PP_5204	+	-	-	-	385	463	13	22	506	94	81	66	14	17	1.09	0.20	0.17	1.03	1.00	1.00
PP_5214	rho	-	K	K1	1808	1823	52	90	1545	749	880	444	45	45	0.85	0.41	0.48	4.95	0.71	0.71

PP_5228	dapF	+	E	diaminopimelate epimerase	-	950	867	400	451	911	434	513	466	72	122	1.05	0.50	0.59	1.03	0.16	0.27
PP_5232		-	-	hypothetical protein	K15	3550	4950	3211	3121	3027	1204	1594	2403	703	631	0.61	0.24	0.32	0.77	0.23	0.20
PP_5234		-	E	nitrogen regulatory protein P-II	-	1887	2411	1458	1488	1669	539	708	1322	474	499	0.69	0.22	0.29	0.89	0.32	0.34
PP_5247		+	-	hypothetical protein	-	257	272	226	175	210	41	134	92	15	44	0.77	0.24	0.49	0.53	0.37	0.37
PP_5267		-	C	cytochrome c5	-	377	489	450	521	486	62	90	344	81	111	0.99	0.13	0.18	0.66	0.16	0.21
PP_5268		-	K	Cro/CI family transcriptional regulator	-	282	466	269	333	400	172	202	415	79	112	0.86	0.37	0.43	1.25	0.24	0.34
PP_5269	dadX	-	M	alanine racemase	K3	77	67	153	43	84	48	65	329	26	35	1.27	0.96	0.98	5.14	1.00	1.00
PP_5270	dadA-2	-	E	D-amino acid dehydrogenase small subunit	K3	81	80	888	176	93	62	77	1190	174	134	1.15	0.80	0.96	6.78	0.99	0.76
PP_5281	rpmG	-	J	50S ribosomal protein L33	K1	2689	2711	213	170	1544	585	820	243	11	9	0.57	0.22	0.30	1.43	0.38	0.38
PP_5282	rpmB	-	J	50S ribosomal protein L28	K1	3794	5893	205	329	3476	1800	2238	225	74	97	0.59	0.31	0.38	0.68	0.22	0.30
PP_5306	exbB	+	U	ferric siderophore transport system protein ExbB	K5	439	2298	24	55	499	1194	1561	89	18	17	0.22	0.52	0.68	1.39	1.00	1.00
PP_5307	exbD	+	U	biopolymer transport protein ExbD	K5	531	2751	36	68	574	1257	1787	107	15	38	0.21	0.46	0.65	1.56	0.94	0.94
PP_5319		-	S	secreted repeat of unknown function	-	316	358	664	1450	355	75	113	606	173	185	0.99	0.21	0.32	0.42	0.12	0.13
PP_5336	purE	-	F	phosphoribosylaminimidazole carboxylase, catalytic subunit	K1	1825	1732	50	97	1659	1140	1517	447	95	142	0.96	0.66	0.88	4.63	0.98	1.47
PP_5347	accC-2	-	I	pyruvate carboxylase subunit A	-	1296	1084	482	1473	1307	541	559	905	305	409	1.21	0.50	0.52	0.61	0.21	0.28
PP_5354		+	-	hypothetical protein	-	688	879	884	1480	771	363	435	861	301	338	0.88	0.41	0.50	0.58	0.20	0.23
PP_5361		-	R	CobW/P47K family protein	-	654	4217	3960	3900	2496	1115	1341	3183	1320	965	0.59	0.26	0.32	0.82	0.34	0.25
PP_5362		+	-	hypothetical protein	-	223	1991	547	593	1294	389	542	626	177	159	0.65	0.20	0.27	1.06	0.30	0.27
PP_5365		-	M	cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase	-	219	219	1753	2116	216	69	160	1642	462	657	0.98	0.32	0.73	0.78	0.22	0.31
PP_5389		-	O	hypothetical protein	-	135	424	819	543	245	74	221	753	124	162	0.58	0.17	0.52	1.39	0.23	0.30
PP_5390		-	-	hypothetical protein	K22	141	827	1074	713	347	141	313	956	116	219	0.42	0.17	0.38	1.34	0.16	0.31
PP_5391		-	-	hypothetical protein	K22	191	1102	1129	678	468	96	228	982	81	59	0.42	0.09	0.21	1.45	0.12	0.09
PP_5392		-	S	YVTN family beta-propeller repeat-containing	-	186	584	557	385	445	221	243	567	56	73	0.76	0.38	0.42	1.47	0.17	0.19
PP_5395		+	R	hypothetical protein	-	2286	3148	3742	2923	2028	828	1363	2173	319	995	0.64	0.26	0.43	0.74	0.11	0.34

謝辞

本博士論文研究を行うにあたり、素晴らしい研究の場と暖かいご配慮を頂きました東京大学生物生産工学研究センター環境保全工学研究室教授、山根久和先生に深く感謝申し上げます。日頃より貴重なご教示を頂き、時に厳しく時に励まして下さいました同研究室准教授、野尻秀昭先生に深く感謝申し上げます。同様に常に励まし温かく見守って下さいました同研究室助教、岡田憲典先生に深く感謝申し上げます。

Phenotype MicroArray 解析について、BIOLOG 培養装置の貸与、技術指導をして頂きましたセントラル科学貿易株式会社、阿部吉邦専務取締役、ピーターターナー博士、鈴木清之課長、上菌秀正氏に深く感謝申し上げます。

タイリングアレイ解析について、貴重なご指導、ご助言を賜りました、東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス人材養成ユニット特任准教授、西田洋巳先生に深く感謝申し上げます。

QT クラスタリング及び経時的アレイデータの解析について、貴重なご指導、有益なディスカッションをしていただきました、岡山理科大学工学部生体医工学科講師、原啓文先生に深く感謝申し上げます。

100S リボソームの定量について、貴重なご指導、実験器具・試薬の提供を賜りました、立教大学理学部生命理学科、河村富士夫教授、また実際の実験操作を丁寧に指導してくださった加増祐佳さんに深く感謝申し上げます。

RP4, NAH7K2 を保持する KT2440 株の作製について、貴重なアドバイス、菌株の供与を賜りました、東北大学大学院生命科学研究科、津田雅孝教授に深く感謝申し上げます。

実験操作の基本を一から教えて頂き、また研究の楽しさ・厳しさを教えて下さいました、現理化学研究所基礎特別研究員、新谷政己博士に深く感謝申し上げます。新谷博士には本研究の解析全般にわたるご助言・ご協力を賜りました。新谷博士がいなかったら本研究は成しえなかったに違いありません。

また、お名前を挙げつくせませんが、同期の岩田修くん、梅田隆志くん、宮本皓司くんをはじめとする同研究室の皆様、及び卒業生の方々には、折にふれ貴重なご助言・ご協力・励ましのお言葉を頂いただけでなく、公私にわたり様々なご配慮を頂きました。この場を借りて厚く御礼申し上げます。

最後に、本研究を進めるにあたり支えとなり常に暖かく見守ってくれた、家族・友人に深く感謝し、この論文の結びとさせていただきます。

2012 年 2 月