

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
PROGRAMA MULTI-INSTITUCIONAL DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
BIOTECNOLOGIA - PPGBIOTEC**

**CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL DE DEGRADAÇÃO DE UM  
ISOLADO BACTERIANO ORIUNDO DA REGIÃO AMAZÔNICA**

**DIOGO PEREIRA DE CASTRO**

**MANAUS - AMAZONAS  
2015**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS  
PROGRAMA MULTI-INSTITUCIONAL DE PÓS-GRADUAÇÃO EM  
BIOTECNOLOGIA - PPGBIOTEC**

**DIOGO PEREIRA DE CASTRO**

**CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL DE DEGRADAÇÃO DE UM  
ISOLADO BACTERIANO ORIUNDO DA REGIÃO AMAZÔNICA**

Tese apresentada ao Programa Multi-Institucional de Pós-Graduação em Biotecnologia da Universidade Federal do Amazonas como parte do pré-requisito para obtenção do título de Doutor em Biotecnologia na área de concentração “*Agrofloresta*”.

**Orientadora:** Dra. Patrícia Puccinelli Orlandi

**Co-Orientador:** Dr. José Odair Pereira

**MANAUS - AMAZONAS  
2015**

## Ficha Catalográfica

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

C355c Castro, Diogo Pereira de  
Caracterização do potencial de degradação de um isolado bacteriano oriundo da região Amazônica / Diogo Pereira de Castro. 2015  
154 f.: il. color; 31 cm.

Orientador: Patrícia Puccinelli Orlandi  
Coorientador: José Odair Pereira  
Tese (Doutorado em Biotecnologia) - Universidade Federal do Amazonas.

1. pETRÓLEO. 2. Biorremediação. 3. Degradação de Hidrocarbonetos. 4. Proteômica. I. Orlandi, Patrícia Puccinelli II. Universidade Federal do Amazonas III. Título

**DIOGO PEREIRA DE CASTRO**

**CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL DE DEGRADAÇÃO DE UM  
ISOLADO BACTERIANO ORIUNDO DA REGIÃO AMAZÔNICA**

**APROVADA EM:** \_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_/\_\_\_\_\_

Tese apresentada ao Programa Multi-Institucional de Pós-Graduação em Biotecnologia da Universidade Federal do Amazonas como parte do pré-requisito para obtenção do título de Doutor em Biotecnologia na área de concentração “*Agrofloresta*”.

**BANCA EXAMINADORA**

---

**Profa. Dra. Patrícia Puccinelli Orlandi, Presidente**  
**Centro de Pesquisas Leônidas e Maria Deane - FIOCRUZ Amazônia**

---

**Profa. Dra. Ieda Hortêncio Batista**  
**Universidade do Estado do Amazonas - UEA**

---

**Profa. Dra. Ana Frazão Teixeira**  
**Universidade do Estado do Amazonas - UEA**

---

**Prof. Dr. Donat Alexander De Chapeaurouge**  
**Fundação Oswaldo Cruz – FIOCRUZ/IOC**

---

**Prof. Dr. Jorge Luis López-Lozano**  
**Fundação Oswaldo Cruz – FIOCRUZ**

**MANAUS – AMAZONAS**  
**2015**

*“A minha esposa Paula Taquita, a meus familiares, a meus amigos e a todos que me ajudaram nessa jornada”.*

***Dedico***

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço a Deus pela coragem e força para estar nessa jornada;

Minha esposa Paula Taquita pela dedicação, companheirismo, entre outras qualidades - que são inúmeras - sem ela não conseguiria chegar até onde cheguei;

A meus pais e minha sogra pelo apoio nessa etapa de vida;

A minha orientadora Dra. Patrícia Orlandi pela orientação, paciência e amizade;

Ao meu co-Orientador Dr. José Odair Pereira pela orientação e apoio no desenvolvimento da tese;

Aos professores Dr. Paulo Afonso Nogueira, Dra. Priscila Aquino, Dra. Tainá Raiol Alencar pelas orientações e apoio científico;

Ao Dr. Jefferson Rocha pela orientação e colaboração;

Ao Dr. Fabrício Klerynon Marchini pelo apoio científico e colaboração;

Ao Programa de Pós Graduação em Biotecnologia (PPGBIOTEC) pela oportunidade de estudo;

A Sra. Nubiane pela amizade e apoio pedagógico;

A todos os amigos do Laboratório da FIOCRUZ-ILMD pelo apoio científico, momentos alegres e ajuda nos experimentos;

A Fundação Oswaldo Cruz (FIOCRUZ) ILMD pelo espaço para desenvolvimento do nosso estudo;

A FAPEAM e CnPQ agradeço pelo apoio financeiro fornecido no decorrer deste projeto.

*“Devemos ter fé. Não existem esforços inúteis se empregados em prol do bem comum”.*

***Getúlio Vargas***

## RESUMO

A biorremediação é a utilização de microrganismos capazes de metabolizar contaminantes e transforma-los em produtos menos tóxicos. Em estudos anteriores, foi realizado o isolamento de bactérias provenientes de área contaminada por resíduos de petróleo na Amazônia. Apesar de possuírem o potencial de degradação de petróleo, a aplicação de bactérias em ambientes contaminados pode interferir em seu equilíbrio ecológico. Este estudo propôs-se a seleção de uma linhagem bacteriana para promover estudos de caracterização gênica, identificação do potencial de degradação de hidrocarbonetos e definição das proteínas envolvidas no processo de degradação. Para alcançar os objetivos, foram identificadas substâncias degradadas por cromatografia gasosa e proteínas envolvidas por proteômica; A análise do genoma permitiu a caracterização dos genes relacionados a degradação de compostos xenobióticos através da revisão da literatura. A cepa foi identificada como *Pseudomonas putida* S16. Foram detectadas 51 substâncias por cromatografia gasosa, destas, 23 foram completamente degradadas, incluindo HPAs contendo naftaleno (100%), antraceno (11,49%) e fenantreno (7,41%). Foram identificados 89 genes relacionados a degradação de xenobióticos no genoma da *P. putida* S16 AM, genes capazes de degradar naftaleno, antraceno e fenantreno (*nah*, *phn*, *fdx*, *catA*), produção de citocromo e quimiotaxia. Na análise proteômica, foram expressas proteínas de óxido-redução, processos metabólicos, poliaminas, aldeído desidrogenase, armazenamento de carbono, quimiotaxia e síntese de aminoácidos. Foram identificadas 355 proteínas com redundância expressas durante o contato de 7h da *P. putida* S16 AM (I4) com o petróleo, e 268 no contato de 75h; Para o glicerol, foram identificadas 467 na interação de 7h, e 228 no contato de 75h. A presença de proteínas relacionadas ao metabolismo e óxido-redução quando a cepa em estudo esteve em contato com o petróleo evidenciam a utilização deste como fonte de carbono para o metabolismo bacteriano. Estes estudos são importantes devido à identificação de genes e proteínas que possuem o potencial de se tornarem produtos biotecnológicos de aplicação prática.

**Palavras-chave:** Petróleo; Biorremediação; Degradação de Hidrocarbonetos; Proteômica.



## ABSTRACT

Bioremediation is the use of microorganisms capable of metabolizing contaminants and converts them into less toxic products. In previous studies, we performed bacteria isolation from contaminated area for oil waste in Amazon. Despite its oil degradation potential, the application of bacteria in contaminated sites may interfere with their ecological balance. This study aimed to promote studies of gene characterization and hydrocarbon degradation potential with a selected bacterial strain and identify and define the proteins involved in degradation process. To achieve this objectives degraded substances have been identified by gas chromatography and proteins involved by proteomics; Genome analysis allowed characterization of genes related to xenobiotics degradation. The strain was identified as *Pseudomonas putida* S16. 51 substances were detected by gas chromatography, of these, 23 were completely degraded, including PAH containing naphthalene (100%), anthracene (11.49%) and phenanthrene (7.41%). We identified 89 genes related to xenobiotic degradation in *P. putida* S16 AM genome, genes capable of degrading naphthalene, anthracene and phenanthrene (*nah*, *phn*, *fdx*, *catA*), cytochrome production and chemotaxis. In proteome analysis, proteins were expressed oxidation-reduction, metabolic processes, polyamines, aldehyde dehydrogenase, carbon storage, chemotaxis and amino acid synthesis. 355 proteins were identified with redundancy expressed during 7h contact to *P. putida* S16 AM (I4) with petroleum, and 268 during 75h contact; For glycerol, 467 were identified in 7h interaction, and 228 in 75h contact. The presence of proteins related to metabolism and oxidation-reduction when the strain under study was in contact to the petroleum suggest the use of this as a carbon source for bacterial metabolism. These studies are important because of identification of genes and proteins with potential to become practical application of biotechnology products.

**Keywords :** Petroleum; Bioremediation; Degradation of Hydrocarbons; Proteomics.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Biodegradação de um n-alcano.....	22
<b>Figura 2.</b> Degradação inicial do benzeno por oxigenases como exemplo de biodegradação de substâncias aromáticas.....	22
<b>Figura 3.</b> Degradação do catecol pelas vias de orto e meta clivagem. ....	23
<b>Figura 4.</b> Degradação de Naftaleno. ....	26
<b>Figura 5.</b> Rota de degradação do fenantreno. ....	27
<b>Figura 6.</b> Degradação de antraceno proposto para bactérias aeróbicas .....	28
<b>Figura 7.</b> <i>Ion Torrent</i> . Reação de incorporação de uma base pela polimerase.....	31
<b>Figura 8.</b> Esquema do processo de Cromatografia Gasosa acoplada a Espectro de Massa ....	32
<b>Figura 9.</b> Esquema de um espectrômetro de massas .....	33
<b>Figura 10.</b> Micro gotas expelidas pelo cone de Taylor .....	34
<b>Figura 11.</b> Analizador Orbitrap .....	35
<b>Figura 12.</b> Passos propostos por SUTHERLAND e colaboradores (2004) da bioprospecção até o produto enzimático.....	36
<b>Figura 13.</b> Desenho Experimental .....	42
<b>Figura 14.</b> Teste de degradação de petróleo por indicador DCPIP .....	50
<b>Figura 15.</b> Cromatograma.....	52
<b>Figura 16.</b> Sequenciamento da cepa I4 ( <i>str</i> AM) pelo <i>Ion Torrent</i> <sup>TM</sup> (Thermo Fisher Scientific) .....	59
<b>Figura 17.</b> Curva de crescimento cepa I4. DO medida por hora durante 81h .....	63
<b>Figura 18.</b> Degradação de n-alcano por bactérias aeróbicas .....	68
<b>Figura 19.</b> Diagrama de Venn Petróleo x Glicerol .....	69
<b>Figura 20.</b> Diagrama de Venn Petróleo Extração Hexano x Petróleo Extração sem Hexano .	73
<b>Figura 21.</b> Desenho esquemático dos resultados encontrados neste estudo.....	76

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Estruturas químicas e efeitos tóxicos dos HPAs considerados poluentes prioritários – USEPA (2000).....	19
<b>Tabela 2.</b> Taxas de degradação de algumas espécies de HPAs .....	20
<b>Tabela 3.</b> Gêneros de microrganismos hábeis na degradação de hidrocarbonetos de petróleo .....	24
<b>Tabela 4.</b> Programas utilizados para filtragem, montagem e anotação do genoma completo da cepa estudada (ALENCAR, T. R.) .....	45
<b>Tabela 5.</b> Listagem de substâncias identificadas pelo cromatógrafo a gás .....	53
<b>Tabela 6.</b> Genes relacionados a degradação de hidrocarbonetos presentes no genoma da cepa I4 .....	60
<b>Tabela 7.</b> Proteínas expressas pela cepa I4 em contato com petróleo e glicerol .....	64
<b>Tabela 8.</b> Análise PFAM. Domínio aos quais as proteínas expressas em contato com o petróleo e o glicerol .....	67
<b>Tabela 9.</b> Proteínas expressas exclusivamente durante o contato da cepa I4 com o petróleo .	70

## LISTA DE GRÁFICOS

<b>Gráfico 1.</b> Densidade óptica do experimento com indicador DCPIP .....	51
<b>Gráfico 2.</b> Taxa de Degradação das Substâncias Presentes no Petróleo pela cepa I4 .....	54
<b>Gráfico 3.</b> <i>Gene Ontology</i> das proteínas expressas pela cepa I4 .....	65

## LISTA DE ABREVIATURAS, SIGLAS E SÍMBOLOS

%	Porcentagem
+	Positivo
>	Maior
±	Aproximadamente
μl	Microlitro
μm	Micrometro
16S	RNA Ribossomal
ABS	Absorbância
BCA	Ácido Bicinconínico
BH	Bushnell-Hass
BTEX	Benzeno, Tolueno e Xileno
C	Carbono
CaCl <sub>2</sub>	Dicloreto de Cálcio
CID	Dissociação induzida por colisão
CLAR	Cromatografia Líquida de Alta Resolução
cm	Centimetro
CMC	Concentração Micelar Crítica
CO <sub>2</sub>	Dioxido de Carbono
DCPIP	Diclorofenol indofenol
DIC	Detector de ionização de chama
DO	Densidade Ótica
EUA	Estados Unidos da América
FeCl <sub>3</sub>	Cloreto de ferro
FIOCRUZ	Fundação Oswaldo Cruz
FTMS AGC	Fourier Transformada em Espetrometria de Massas Controle Automático de íons

g.L-1	Gramas por Litro
GC/DIC	Cromatógrafo à Gás por Detector de Ionização de Chama
GLP	Gás Liquefeito de Petróleo
h	Hora
H <sub>2</sub> O	Água
HPAs	Hidrocarbonetos Policíclicos Aromáticos
K <sub>2</sub> HPO <sub>4</sub>	Fosfato de Dipotássio
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	Fosfato de Potássio
kV	Kilovolt
LB	Luria Bertani
LTQ	Linear Trap Quadrupole
m	Metro
M	Molar
m / m	Molar por Molar
m/z	Megahertz
mg.g <sup>-1</sup>	Miligrama por grama
MgSO <sub>4</sub>	Sulfato de Magnésio
min	Minuto
mL	Mililitro
mm	Milimetro
mM	Milimolar
mN/M	Milinanometro por metro
MS	Espectrometria de Massas
MSn AGC	Espectrometria de Massas Controle Automatico de íons
NADPH	Fosfato de Dinucleótido de Nicotinamida e Adenina
NH <sub>4</sub> HCO <sub>3</sub>	Bicarbonato de Amônio

NH <sub>4</sub> NO <sub>3</sub>	Nitrato de Amônia
NIR	Proteína nitrite redutase
nL/min	Nano litro por minuto
NNPC	<i>Nigerian National Petroleum Corporation</i>
°C	Grau Celsius
pH	Ponto Hidrogeniônico
TOL	Plasmídeo Exocromossomo de <i>Pseudomonas</i>
ppm	Parte por milhão
pRSET	Vetor de Expressão em <i>E. coli</i>
rpm	Rotação por Minuto
S	Enxofre
<i>ssp</i>	Subespécie
TrzN	Proteína TrzN
TS	Tempo de Retenção
UFAM	Universidade Federal do Amazonas
UFC/mL	Unidade Formadora de Colônia por Mililitro
USEPA	<i>United States Environmental Protection Agency</i>
V	Volt
v/v	Volume por Volume
β	Beta

## SUMÁRIO

<b>INTRODUÇÃO</b> .....	16
<b>2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	17
<b>2.1 Petróleo e Suas Propriedades</b> .....	17
<b>2.2 Petróleo e Problemas Ambientais</b> .....	18
<b>2.3 Biorremediação e a Biodegradação de Hidrocarbonetos</b> .....	20
<b>2.4 Espécies de <i>Pseudomonas</i> e a Degradação de Hidrocarbonetos</b> .....	24
<b>2.5 Estudos Genômicos e Proteômicos</b> .....	29
<b>2.6 Descrição das Metodologias Utilizadas neste Estudo.</b> .....	30
<b>2.6.1 Sequenciamento Genômico</b> .....	30
<b>2.6.2 Cromatografia Gasosa (GS)</b> .....	31
<b>2.6.3 Identificação de Proteínas</b> .....	32
<b>2.6.3.1 Funcionamento do Espectrômetro de Massas (MS)</b> .....	32
<b>2.7 Biorremediação Enzimática e Ferramentas Moleculares</b> .....	35
<b>3. JUSTIFICATIVA</b> .....	38
<b>4. OBJETIVOS</b> .....	39
<b>4.1 Objetivo Geral</b> .....	39
<b>4.2 Objetivos Específicos</b> .....	39
<b>5. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	40
<b>5.1 Avaliação Inicial do Potencial de Degradação de Petróleo</b> .....	40
<b>5.1.1 Cultivo Bacteriano em Contato com Petróleo – Indicador DCPIP</b> .....	40
<b>5.2 Desenho Experimental do Estudo Proposto</b> .....	41
<b>5.3 Cromatografia Gasosa acoplada a Espectrometria de Massa</b> .....	43
<b>5.4 Identificação Bacteriana – Sequenciamento do Genoma Completo</b> .....	44
<b>5.4.1. Análise do Sequenciamento do Genoma Completo</b> .....	44
<b>5.5 Determinação das Fases Exponencial e Estacionária Através de Curva de Crescimento Bacteriano</b> .....	45
<b>5.6 Análise Proteômica</b> .....	46
<b>5.6.1 Extração de Proteínas e Digestão em Solução</b> .....	46
<b>5.6.2 Dessalinização e Concentração de Amostras</b> .....	47
<b>5.6.3 Aquisição de Dados por LC-MS/MS</b> .....	47

5.6.4 Análise de Dados .....	48
<b>6. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>50</b>
6.1 Caracterização da Cepa de Estudo .....	50
6.1.1 Teste de Reação de Óxido-Redução com Indicador DCPIP .....	50
6.1.2 Detecção de Hidrocarbonetos por Cromatografia Gasosa .....	51
6.1.3 Genoma Completo da Cepa I4.....	58
6.2 Análise Proteômica. ....	62
6.2.1 Curva de Crescimento .....	62
6.2.2 Comparação entre as Proteínas Expressas: Petróleo <i>versus</i> Glicerol.....	64
6.2.3 Comparação entre as Proteínas Expressas em Diferentes Metodologias de Extração: Petróleo <i>versus</i> Petróleo Hexano.....	71
6.3 <i>Pseudomonas putida</i> S16 AM – I4.....	74
<b>CONCLUSÕES.....</b>	<b>77</b>
<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS .....</b>	<b>79</b>
<b>ANEXOS .....</b>	<b>95</b>
Anexo 01 – Cromatograma .....	95
Anexo 02 – Pesquisa do Periódico CAPES – <i>Pseudomonas putida</i> S16.....	98
Anexo 03 – Genoma da <i>Pseudomonas putida</i> AM – I4 .....	103
Anexo 04 – <i>Gene Ontology</i> Processos Biológicos – Petróleo e Glicerol .....	140
Anexo 05 – Domínios Identificados – Pfam - Petróleo e Glicerol.....	143
Anexo 06 – Proteínas exclusivas – I4 com o Glicerol.....	151
Anexo 07 – Proteínas exclusivas da extração do Petróleo com Hexano e sem Hexano	153



## INTRODUÇÃO

O derramamento de petróleo é dos principais impactos relacionados à indústria petrolífera. Os pequenos vazamentos provenientes do transporte marítimo correspondem a 98% das perdas totais de petróleo e derivados. A toxicidade do petróleo aos organismos vivos é imediata, a exposição ao óleo pode resultar em alterações em toda comunidade afetando diretamente a sucessão ecológica e o repovoamento de determinada área.

A biorremediação é a utilização de microrganismos capazes de metabolizar contaminantes e transforma-los em produtos menos tóxicos. Esta técnica, no entanto, possui algumas limitações, como a necessidade do fácil acesso ao contaminante, adequadas condições de crescimento e a adição microrganismos exógenos ao ambiente.

BATISTA (2009) realizou um estudo sobre o potencial de biodegradação de hidrocarbonetos de petróleo em bactérias epifíticas e endofíticas, isoladas a partir da macrófita aquática *Eichornia crassipes* coletada em área contaminada por resíduos de petróleo na Amazônia. Neste estudo, foi proposto um consórcio bacteriano para fins de biorremediação do petróleo, ou seja, a degradação deste produto químico por microrganismos que mostraram esta potencialidade em seu metabolismo.

Como continuidade deste estudo, propomos a identificação das rotas metabólicas relacionadas com a degradação de hidrocarbonetos de uma cepa isolada por BATISTA (2009). Para isto, foram utilizadas ferramentas moleculares como a Cromatografia Gasosa, Genômica e Proteômica, com a finalidade de avaliar a degradação de hidrocarbonetos e definir as proteínas e genes envolvidos no processo que possam vir a se tornar produtos ou metodologias de aplicação direta na biorremediação de áreas contaminadas por petróleo.

# *Revisão da Literatura*

---

## 2. REVISÃO DA LITERATURA

### 2.1. Petróleo e Suas Propriedades

O Petróleo é uma mistura heterogênea e complexa de milhares de componentes nos estados líquido, sólido e gasoso. Dentre estes, os hidrocarbonetos, compostos orgânicos altamente insolúveis em água formados por carbono e hidrogênio, se destacam como os principais encontrados, podendo atingir até 98% da composição total. Outras substâncias encontradas em menor quantidade podem ser: o enxofre (0 – 10%), nitrogênio (0 – 1%) e o oxigênio (0 - 5%); alguns elementos metálicos em baixas concentrações como níquel, cobalto, vanádio, ferro e cobre; e outros elementos como sódio, magnésio, cálcio e urânio (PEIXOTO et al., 2011).

Os hidrocarbonetos presentes no petróleo podem ser divididos em quatro frações: saturados ou alifáticos, aromáticos, resinas e asfaltenos (PIRÔLLO, 2006), os quais variam em propriedades físicas e composicionais de acordo com seu reservatório de origem. Desta forma é virtualmente impossível definir precisamente sua composição, uma vez que não existem dois óleos exatamente iguais (PEIXOTO et al., 2011).

Segundo BALBA e colaboradores (1998), as frações dos compostos presentes no petróleo incluem:

- Saturados ou Alifáticos: os n-alcenos, alcenos ramificados (isoalcenos) e cicloalcenos;
- Aromática: hidrocarbonetos monoaromáticos voláteis como benzeno, tolueno e xileno (BTEX). Os hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPAs). Os nafteno-aromáticos. E os compostos de enxofre, tais como tiofenos e dibenzotiofenos;
- As resinas e a fração asfalteno consistem de moléculas polares contendo nitrogênio, enxofre e oxigênio. As resinas caracterizam-se por serem sólidos amorfos dissolvidos no óleo, enquanto os asfaltenos apresentam-se como grandes moléculas coloidais, dispersas no óleo.

As proporções destas frações no petróleo dependem de fatores tais como fonte, história geológica, idade, migração ou alteração do mesmo. Porém, em média, o petróleo

apresenta cerca de 30 % de alcanos, 50 % de cicloalcanos e 15 % de aromáticos (UNEP, 1991).

## **2.2. Petróleo e Problemas Ambientais**

O petróleo, desde a perfuração do primeiro poço em 1869, é uma fonte de energia indispensável para as indústrias, agricultura e meios de transporte em geral, movimentando a economia mundial (BRITISH PETROLEUM, 2005). Dentre os derivados comerciais do petróleo podemos citar a gasolina, nafta, óleo diesel, óleo lubrificante, gás liquefeito de petróleo (GLP), querosene e parafinas, que se distinguem entre si pelo número de carbonos e pontos de ebulição (FRONZA, 2006).

Hidrocarbonetos podem ser encontrados na natureza em suas formas mais estáveis como produtos de biossíntese de plantas, algas e animais. Porém, os hidrocarbonetos encontrados em solo e águas, provenientes de atividades antrópicas com petróleo e seus derivados, são considerados de origem petrogênica (COIMBRA, 2006).

As mudanças econômicas causadas pelo petróleo levaram ao aumento nas buscas por novas tecnologias para a sua obtenção, diversificando as atividades da indústria do petróleo (perfuração, produção, transporte, processamento e distribuição) e gerando resíduos sólidos e líquidos nas formas de lamas, borras, efluentes líquidos e gasosos (OLLIVIER e MAGOT, 2005).


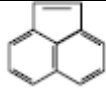

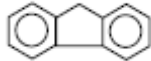
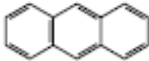
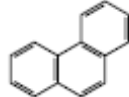
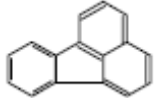
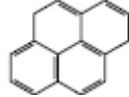
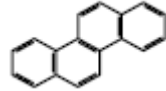
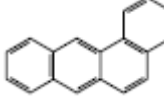
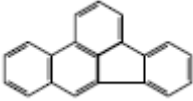
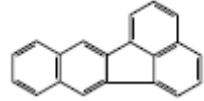
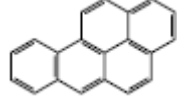
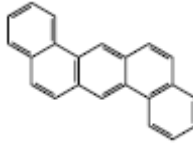

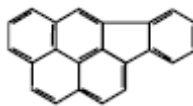
Atividades industriais utilizando petróleo e seus derivados e a combustão incompleta de combustíveis fósseis causam a acumulação de hidrocarbonetos de petróleo no ambiente (PEIXOTO et al., 2011).

Quando introduzidos no ambiente, os hidrocarbonetos petrogênicos estão sujeitos a processos de espalhamento, evaporação, dissolução, emulsificação, adsorção, biodegradação, foto-oxidação e sedimentação influenciando em suas taxas de degradação. Enquanto os compostos de baixo peso molecular podem ser mais facilmente degradados, os hidrocarbonetos alifáticos e aromáticos, de alto peso molecular, são mais resistentes à biodegradação microbiológica e podendo persistir por muitos anos no ambiente (SANTOS, 2012).

Dentre as frações de aromáticos, os Hidrocarbonetos Policíclicos Aromáticos (HPAs) representam particularmente um grande problema ambiental em acidentes envolvendo petróleo e seus derivados por possuírem estruturas com 2 a 7 anéis aromáticos condensados, com propriedades similares as do benzeno (FRONZA, 2006).

Segundo a Agência de Proteção Ambiental dos Estados Unidos (USEPA – *United States Environmental Protection Agency*) 16 HPAs são considerados máxima toxicidade (FRONZA, 2006). Estes compostos, com estruturas e efeitos, estão expostos na **Tabela 1** e o tempo de degradação de algumas destas substâncias na **Tabela 2**.

**Tabela 1.** Estruturas químicas e efeitos tóxicos dos HPAs considerados poluentes prioritários – USEPA (2003).

Nomenclatura (IUPAC)	Estrutura	Efeito	Nomenclatura (IUPAC)	Estrutura	Efeito
Naftaleno		Tóxico	Acenaftileno		Mutagênico
Acenafteno		Mutagênico	Fluoreno		Mutagênico
Antraceno		Mutagênico	Fenantreno		Tóxico e Mutagênico
Fluoranteno		Carcinogênico e Mutagênico	Pireno		Carcinogênico e Mutagênico
Criseno		Carcinogênico e Mutagênico	Benzo (a) antraceno		Carcinogênico e Mutagênico
Benzo (b) fluoranteno		Carcinogênico e Mutagênico	Benzo (k) fluoranteno		Carcinogênico e Mutagênico
Benzo (a) pireno		Carcinogênico e Mutagênico	Dibenzo (a,h) antraceno		Carcinogênico e Mutagênico
Benzo (g,h,i) perileno		Carcinogênico	Indeno (1,2,3-cd) pireno		Carcinogênico

Adaptado de FRONZA, 2006.

**Tabela 2.** Taxas de degradação de algumas espécies de HPAs.

Espécies de HPAs	Número de anéis	Meia Vida (dias)
Naftaleno	2	14 - 320
Antraceno	3	~ 130
Fluoreno	3	37
Benzo(a)antraceno	4	1100
Pireno	4	238
Criseno	4	510
Benzo(a)pireno	5	> 1400

Adaptado de USEPA, 2003.

As principais fontes dos HPAs são petrogênicas ou pirolíticas, logo em estudos sobre contaminação por petróleo, o grau de degradabilidade dos HPAs pode ser utilizado como indicador e avaliador da evolução da contaminação (YUNKER, 2002; GARCIA, 2005).

A indústria do petróleo gera poluentes desde as etapas de exploração até a distribuição dos produtos comercializáveis. Por esta razão, o setor tem investido na elaboração de processos de prevenção aos lançamentos inadequados de material no meio ambiente, bem como em pesquisas relacionadas com o tratamento de seus resíduos (MARIANO, 2005). Além disso, as operações de mitigação e de controle do aporte de óleo no meio ambiente visam ampliar a margem de lucro diminuindo os custos relacionados com a imagem negativa e com o pagamento de multas pela indústria (OLIVEIRA e DE FRANÇA, 2004).

### 2.3. Biorremediação e a Biodegradação de Hidrocarbonetos

A degradação de uma substância em outra pode ser promovida por processos físicos, como o calor ou a irradiação ultravioleta, por reações químicas decorrentes do *pH* ou da ação de certas substâncias no ambiente, e por processos biológicos por meio de enzimas existentes em animais, plantas e microrganismos (FAY et al., 2008).

Dentre vários processos existentes com o potencial de degradação e remoção do petróleo do meio ambiente, uma das mais conhecidas e discutidas é a biorremediação. Neste ponto, os microrganismos têm o potencial de desempenhar um importante papel, uma vez que utilizam essas substâncias como fonte de energia podendo, portanto, desempenhar a função de restauração dos padrões ambientais. A biodegradação de hidrocarbonetos petrogênicos pode

ser entendida como a quebra destes componentes do petróleo em componentes de menor peso molecular, ou mais polares, por ação de microrganismos (ANDRADE et al., 2010).

A atividade microbiana é responsável por grande parte das modificações na composição dos compostos orgânicos presente no ambiente, incluindo componentes do petróleo. Em geral, a ordem de degradação dos hidrocarbonetos do petróleo é dos mais simples aos mais complexos: alcanos > alcanos monocíclicos > alquil benzenos > alcanos isoprenóides > alquil naftalenos > alcanos bicíclicos > esteranos > hopanos, variando o tempo de degradação de acordo com a complexidade (JOVANCICEVIC et al., 2005; SUN et al., 2005).

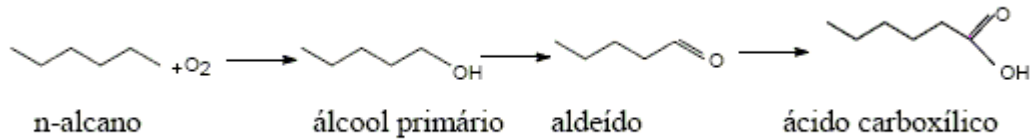
Vários estudos destacam a importância dos microrganismos no processo de biodegradação (OLIVEIRA, 2001; CRAPEZ et al., 2002; MARIANO, 2006; DIAS, 2007). Os microrganismos podem tanto degradar quanto produzir hidrocarbonetos, dependendo da presença de certas vias metabólicas específicas e condições ambientais apropriadas (PEIXOTO et al., 2011).

No processo de biorremediação há a exploração da diversidade genética e da versatilidade metabólica dos microrganismos para a transformação de contaminantes em produtos finais menos tóxicos os quais são integrados nos ciclos biogeoquímicos naturais. A biodegradação do petróleo é bastante complexa dependendo da natureza do óleo, da natureza da comunidade microbiana e da variedade de fatores ambientais que influenciam a comunidade microbiana. Pode ser realizada por meio da adição de microrganismos nativos ou exógenos, ou até microrganismos geneticamente modificados que aceleram o processo natural da biodegradação (FASANELLA, 2012).

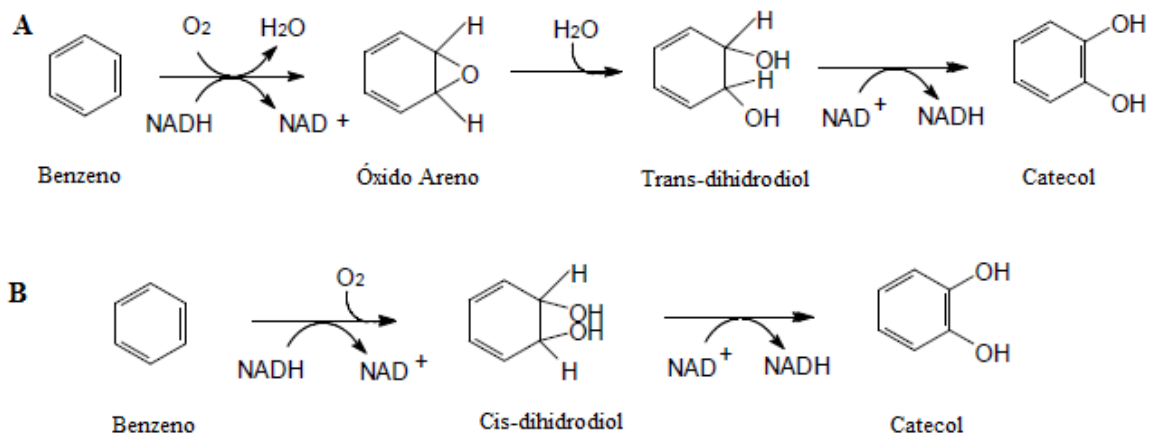
A presença de alta capacidade enzimática permite que comunidades microbianas degradem hidrocarbonetos complexos, como os presentes no petróleo, ressaltando a importância enzimática nos processos de biorremediação (TONINI et al., 2010).

De maneira geral, a principal via metabólica para a degradação de hidrocarbonetos por microrganismos envolve a oxidação do substrato por oxigenases, através da utilização do oxigênio molecular: os alcanos são convertidos em ácidos carboxílicos e degradados por  $\beta$ -oxidação com a formação de ácidos graxos com dois carbonos a menos e a formação de acetil-coenzima A, com liberação eventual de CO<sub>2</sub> (**Figura 1**); os aromáticos necessitam de reações de di-hidroxilação, com a formação de diols, seguida da clivagem do anel e formação

do catecol (**Figura 2**) que posteriormente é degradado em intermediários do ciclo do ácido tricarbóxico pelas vias de orto e meta clivagem (**Figura 3**). Os fungos transformam *trans*-diols, muitos carcinogênicos, enquanto as bactérias normalmente transformam *cis*-diols, biologicamente inativos (RESENDE, 2007).

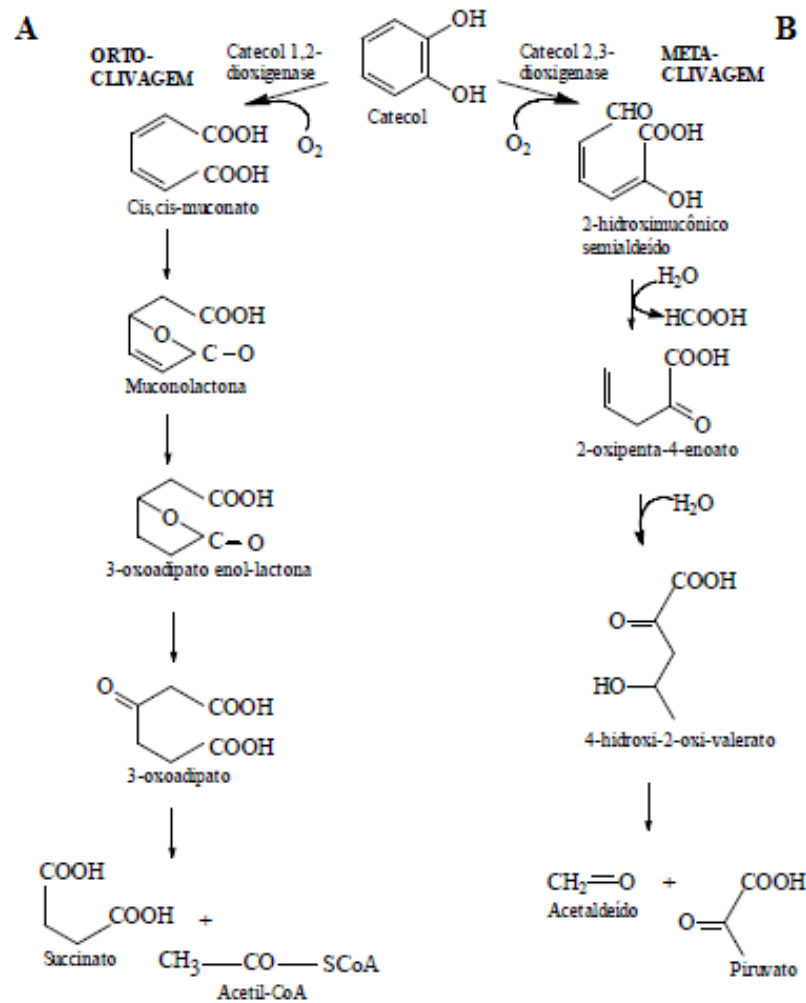


**Figura 1.** Biodegradação de um n-alcano. Após o ácido carboxílico ocorre a degradação por  $\beta$ -oxidação, formação de Acetil-coenzima A e liberação de  $\text{CO}_2$ . Adaptado de RESENDE, 2007.



**Figura 2.** Degradação inicial do benzeno por oxigenases como exemplo de biodegradação de substâncias aromáticas. **A** - Reação catalisada por uma monooxigenase, com intermediário de óxido areno, que, através de uma hidratação, forma um *trans*-dihidrodiol, característico de fungos; **B** - A reação é catalisada por uma dioxigenase, formando diretamente o *cis*-dihidrodiol, característico de bactérias. As moléculas de catecol produzidas são degradadas pelas vias de orto e meta clivagem. Adaptado de RESENDE, 2007.





**Figura 3.** Degradação do catecol pelas vias de orto e meta clivagem. **A** - Na via de orto-clivagem, a quebra do catecol se dá entre as hidroxilas do catecol, enquanto na via de meta clivagem **B**, a quebra do anel se dá próximo às duas hidroxilas do anel aromático, sendo as reações subsequentes ditadas pela natureza do produto da fissão do anel. Adaptado de RESENDE, 2007.

Várias condições têm que ser satisfeitas para que a biodegradação aconteça em determinado ambiente: a) existência de organismos que possuam enzimas necessárias para que os processos ocorram; b) que estes organismos estejam presentes no ambiente que contenha as substâncias a serem biodegradadas e c) as substâncias devem estar acessíveis ao organismo que contém estas enzimas (QUEIROZ, 2011).

Muitos microrganismos possuem a capacidade de degradação de componentes do petróleo (**Tabela 3**). Frequentemente uma única espécie não é capaz de, sozinha, promover a degradação completa do composto orgânico, sendo necessária a metabolização por outras

espécies (ZHANG e BENNETT, 2005). Alguns microrganismos degradam apenas alcanos, outros aromáticos, alguns possuem a habilidade de degradar ambos. As bactérias do gênero *Pseudomonas* ssp. se destacam pela grande versatilidade metabólica na biodegradação do petróleo (OLIVEIRA, 2001).

**Tabela 3.** Gêneros de microrganismos hábeis na degradação de hidrocarbonetos de petróleo

Bactérias	Fungos Filamentosos	Leveduras
<i>Achromobacter</i>	<i>Aspergillus</i>	<i>Candida</i>
<i>Acinetobacter</i>	<i>Cladosporium</i>	<i>Debaryomyces</i>
<i>Alcaligenes</i>	<i>Dendryphella</i>	<i>Rhodotorula</i>
<i>Arthrobacter</i>	<i>Geotrichum</i>	<i>Sporobolomyces</i>
<i>Bacillus</i>	<i>Humicola</i>	
<i>Chromobacterium</i>	<i>Mortierella</i>	
<i>Flavobacterium</i>	<i>Penicillium</i>	
<i>Micrococcus</i>	<i>Phoma</i>	
<i>Nocardia</i>	<i>Sporotrichum</i>	
<i>Pseudomonas</i>	<i>Tolypocladium</i>	
<i>Rhodococcus</i>	<i>Verticillium</i>	
<i>Serratia</i>		
<i>Streptomyces</i>		
<i>Vibrio</i>		
<i>Xanthomonas</i>		

Adaptado de OLIVEIRA, 2001.

#### 2.4. Espécies de *Pseudomonas* e a Degradação de Hidrocarbonetos

O gênero *Pseudomonas* ssp. faz parte da família Pseudomonadacea que atualmente é formado por espécies fluorescentes (*Pseudomonas aeruginosa*, *Pseudomonas fluorescens*, *Pseudomonas putida*) e não fluorescentes (*Pseudomonas stutzeri*, *Pseudomonas pseudoalcaligenes*, *Pseudomonas alcaligenes*) (HARRIS et al., 2002). Esses microrganismos são de vida livre e se apresentam como bacilos Gram-negativos, retos ou curvos, variando de 0,5 a 0,8µm de comprimento e 1,5 a 3,0µm de largura, móveis, apresentando flagelos polares que produzem antígenos termolábeis, estritamente aeróbios, ubiqüitários, hidrofílicos, não formadores de esporos, utilizam glicose e outros carboidratos pela via oxidativa, metabolizam um grande número de compostos orgânicos (YAMAMOTO et al., 2000).

O gênero *Pseudomonas* pode transformar até 100 diferentes fontes de carbono, incluindo hidrocarbonetos alifáticos, mono e poli aromáticos, sendo algumas moléculas degradadas utilizando mais de uma via metabólica (LOPES, 2010).

Em um estudo realizado na Nigéria, foram isoladas quatro cepas de *Pseudomonas* com capacidade de degradação de hidrocarbonetos, identificadas como *P. putida* P11, *P. aeruginosa* BB3, *P. putida* WL2 e *P. aeruginosa* MVL1. Estas cepas apresentaram habilidade de degradar gasolina, querosene, diesel e óleo cru, sendo que a cepa *P. aeruginosa* MVL1 possuiu maior quantidade de hidrocarbonetos removidos quando analisado a cromatografia gasosa (OBAYORI et al., 2015).

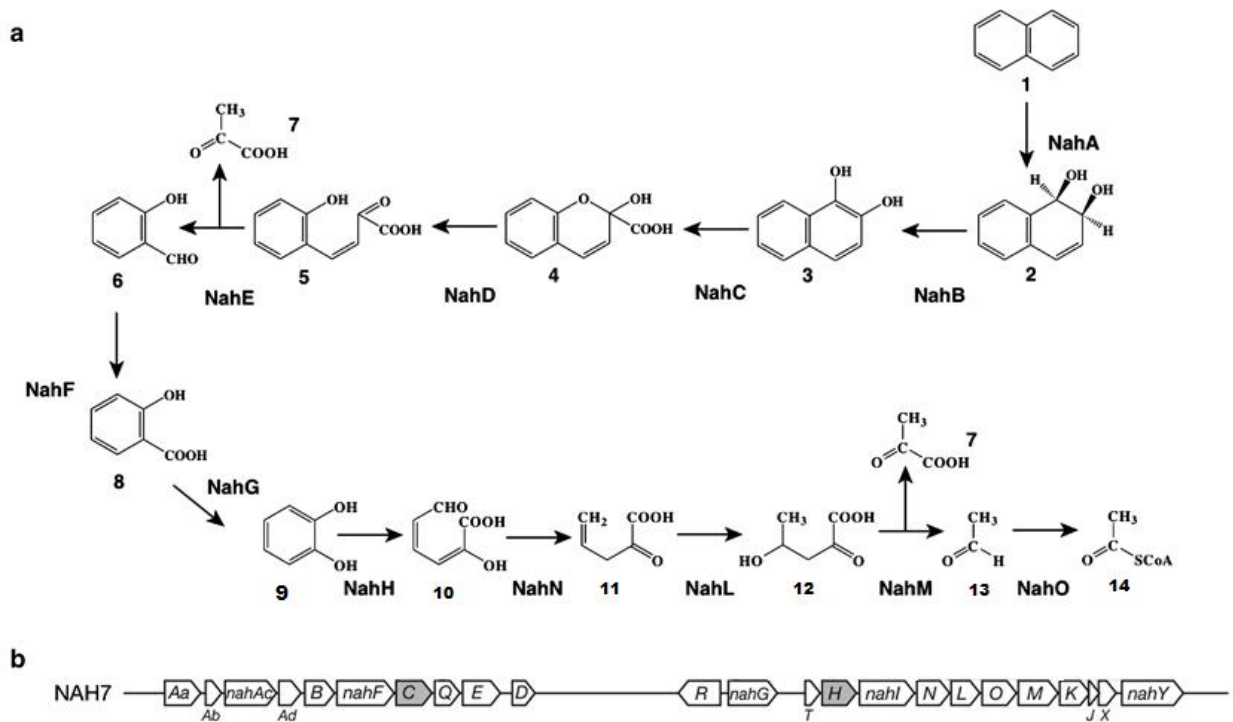
Em estudos na Índia foram isoladas microrganismos presentes em um centro automobilístico. Das bactérias isoladas, uma cepa identificada como *P. putida* demonstrou habilidade de crescimento utilizando o óleo cru como fonte de carbono (VINOTHINI et al., 2015). Da mesma forma, de 348 isolados, cinco foram utilizados em testes de degradação e biossurfactantes, como resultados, foi identificada a *P. aeruginosa* DSVP20 como possuindo o maior potencial de degradação de hidrocarbonetos e produção de surfactantes (SHARMA et al, 2015).

No Brasil, estudos de biodegradação verificaram a capacidade da *Pseudomonas stutzeri* ATCC31258 em degradar carbazol (LARENTIS et al., 2011); de uma *Pseudomonas aeruginosa* isolada de área de preservação ambiental da região Amazônica, sem contato com pesticida, em degradar atrazina (FERNANDES et al., 2014); de degradação de biodiesel por *Pseudomonas aeruginosa* (RIBEIRO et al., 2007).

Grande parte do código genético deste gênero está relacionada ao metabolismo, transporte e fluxo de compostos orgânicos, o que explica a grande capacidade de adaptação dessas bactérias, logo são vários estudos que utilizam esta espécie como objeto de estudo (LOPES, 2010).

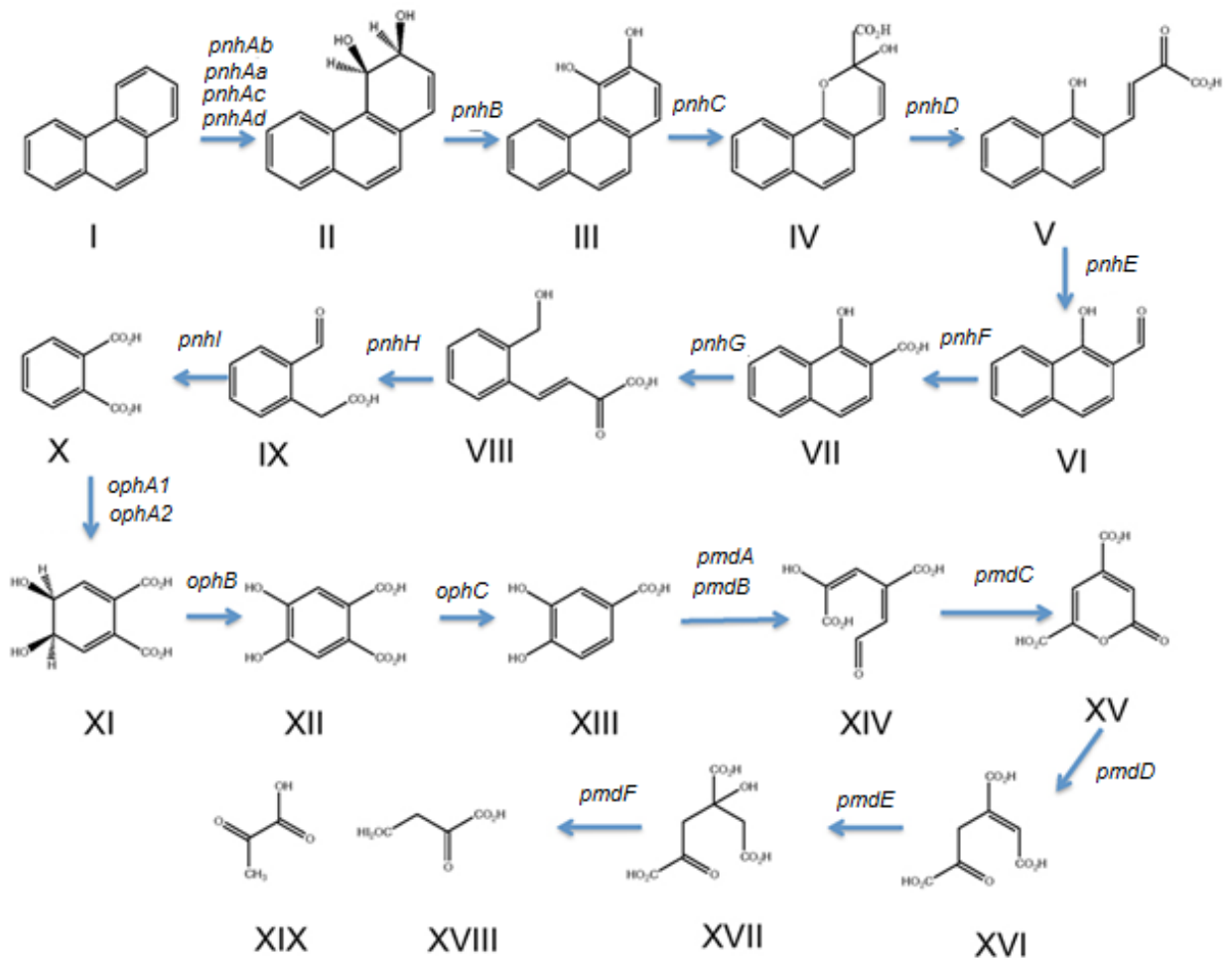
Na degradação de hidrocarbonetos pelas espécies de *Pseudomonas*, podemos destacar as rotas de degradação do naftaleno, antraceno e fenantreno. Estes compostos possuem a presença de dois e três anéis aromáticos e são compostos comumente associados ao petróleo e alvo de diversos estudos visando à degradação de hidrocarbonetos (JACQUES, 2005; MIRANDA, 2008; PHINATI et a., 2014).

Para o composto naftaleno, a *Pseudomonas* pode ter dois ciclos de degradação: o primeiro é o ciclo do ácido ftálico; o segundo é a oxidação do naftaleno em 1,2-dihidroxi-naftaleno, seguida de clivagem dos anéis para a formação de ácido salicílico, catecol e 2-hidroxi-muconico semialdeído, entrando no ciclo do ácido tricarbóxico (JIA et al., 2008) (**Figura 4**).



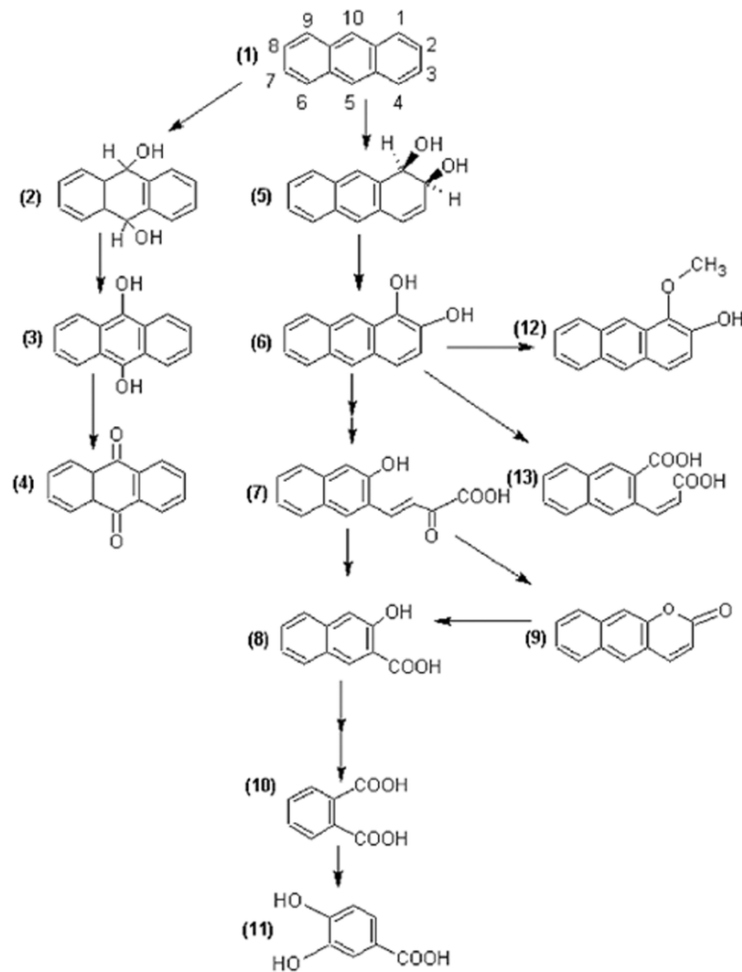
**Figura 4:** Degradação de Naftaleno. **(a)** Catabolismo de degradação do naftaleno por enzimas *nah* codificadas pelo *NAH7* de *Pseudomonas putida* G7: *nahA*, naftaleno deoxigenase; *nahB*, cis-1,2-dihidro-1,2-dihidroxi-naftaleno-1,2-desidrogenase; *nahC*, 1,2-dihidroxi-naftaleno dioxigenase; *nahD*, 2-hidroxi-cromeno-2-carboxilato isomerase; *nahE*, trans-o-hidroxi-benzilidenopiruvato hidratase-aldolase; *nahF*, salicilaldeído desidrogenase; *nahG*, salicilato 1-hidroxilase; *nahH*, 2-hidroxi-muconico semialdeído hidrolase; *nahI*, 2-oxopenta-4-dienoato hidratase; *nahL*, 4-hidroxi-2-oxovalerato aldolase; e *nahO*, acetaldeído desidrogenase. Compostos metabólicos: (1) naftaleno; (2) cis-1,2-dihidro-1,2-dihidroxi-naftaleno; (3) 1,2-dihidroxi-naftaleno; (4) 2-hidroxi-cromeno-2-carboxilato; (5) cis-o-hidroxi-benzalpiruvato; (6) salicilaldeído; (7) piruvato; (8) salicilato (9) catecol; (10) 2-hidroxi-muconico semialdeído; (11) 2-oxopenta-4-dienoato; (12) 4-hidroxi-2-oxovalerato; (13) acetaldeído; (14) acetil-CoA. **(b)** Cluster dos genes de degradação de naftaleno. As setas abertas mostram os ORFs e sua direção de transcrição. (Adaptado de SUENAGA et al., 2009).

No geral, a degradação de fenantreno é iniciada pelo 3,4-dioxigenação do *cis*-3,4-dihidroxi-3,4-dihidrofenantreno que sofre desidrogenação enzimática para 3,4-dihidroxi-fenantreno. O *diol* é catabolizado em naftaleno-1,2-diol tanto por *ortho* clivagem pelo ácido 2-(2-carboxil-vinil)-naftaleno-1-carboxílico, quanto por *meta* clivagem com o ácido 4-(1-hidroxi-naftaleno-2-il)-2-oxo-but-3-enoico (SEO et al., 2009) (**Figura 5**).



**Figura 5:** Rota de degradação do fenantreno. Compostos: (I) fenantreno, (II) fenantreno-cis-3,4-dihidrodiol, (III) 3,4-dihidroxi-fenantreno, (IV) 2-hidroxi-2H-benzo[h]cromeno-2-carboxilato, (V) trans-4-(1'-hidroxinafto-2'-il)-2-oxobut-3-enoato, (VI) 1-hidroxi-2-naftaldehido, (VII) 1-hidroxi-2-naftanoato, (VIII) trans-2'-carboxi-benzalpiruvato, (IX) 2-carboxi-benzaldeido, (X) o-ftalato, (XI) ftalato-4,5-cis-dihidrodiol, (XII) 4,5-dihidroxi-ftalato, (XIII) protocatecoato, (XIV) 4-carboxi-2-hidroxi-4-carboximuconato semialdeido, (XV) 2-pirona-4,6-dicarboxilato, (XVI) 4-carboxi-2-hidroxi-6-metoxi-6-oxohexa-2,4-dienoato, (XVII) 4-oxalomesaconato, (XVIII) 4-oxalocitramalato, (XIX) piruvato, (XX) oxaloacetato. Os genes acima das setas correspondem as enzimas e genes cognatos de cada passo: *phnAb*, ferredoxina redutase; *phnAa*, ferredoxina; *phnAc*, fenantreno dioxigenase subunidade maior; *phnAd*, fenantreno dioxigenase subunidade menor; *phnB*, fenantreno dihidrodiol desidrogenase; *phnC*, 3,4-dihidroxi-fenantreno dioxigenase; *phnD*, 2-hidroxicromeno-2-carboxilato isomerase; *phnE*, trans-o-hidroxi-benzilidenepiruvato hidratase-aldolase; *phnF*, 1-hidroxi-2-naftaldehido desidrogenase; *phnG*, 1-hidroxi-2-naftanoato dioxigenase; *phnH*, trans-2'-carboxi-benzalpiruvato hidratase-aldolase; *phnI*, 2-carboxi-benzaldeido desidrogenase; *ophA1*, ftalato 4,5-dioxigenase redutase; *ophA2*, ftalato 4,5-dioxigenase oxigenase; *ophB*, cis-ftalato dihidrodiol desidrogenase; *ophC*, 4,5-dihidroxi-ftalato decarboxilase; *pmdA*, protocatecoato meta-dioxigenase subunidade maior; *pmdB*, protocatecoato meta-dioxigenase subunidade menor; *pmdC*, 2-hidroxi-4-carboximuconato semialdeido desidrogenase; *pmdD*, ácido 2-pirona-4,6-dicarboxílico hidrolase; *pmdE*, 4-oxalomesaconato hidratase; *pmdF*, 4-oxalocitramalato aldolase. (Adaptado de HICKEY et al., 2012).

A degradação do antraceno ocorre inicialmente através de dioxigenases que produzem *cis*-1,2-dihidrodiols, atacando as posições C-1 e C-2 de modo similar ao do naftaleno. O produto é clivado e convertido em ácido 2-hidroxi-3-naftoico que é metabolizado em siliciato, entrando na via de degradação do naftaleno (PENG et al., 2008) (**Figura 6**).



**Figura 6:** Degradação de antraceno proposto para bactérias aeróbicas. Compostos (1) antraceno, (2) antraceno-9,10-dihidrodiol, (3) 10-dihidroxi-antraceno, (4) 9,10-antraquinona, (5) *cis*-1,2-dihidroxi-1,2-dihidroantraceno, (6) 1,2-dihidroxi-antraceno, (7) ácido *cis*-4-(2-hidroxi-naft-3-il)-2-oxobut-3-enoico, (8) ácido 2-hidroxi-3-naftoico, (9) 6,7-benzocoumarino, (10) ácido *o*-ftálico, (11) ácido protocatecoico, (12) 1-metoxi-2-hidroxi-antraceno, (13) ácido 3-(2-carboxivinil)naftaleno-2-carboxílico (Adaptado de PENG et al., 2008).

Os genes responsáveis pela degradação destes compostos variam de acordo com o microrganismo. Para a *Pseudomonas putida*, a degradação do naftaleno e antraceno ocorre pela ação dos genes *nah* (SUENAGA et al., 2009) e do fenantreno pelos genes *pnh*, *oph* e *pmd* (HICKEY et al., 2012).

## 2.5. Estudos Genômicos e Proteômicos

A genômica é o estudo do conjunto do DNA de um organismo, dividindo-se em genômica estrutural e funcional. O primeiro é referente a estrutura, o segundo, estuda o funcionamento dos genes (SNUTAD e SIMONS, 2001).

Para compreender a função gênica, a genômica funcional abrange os estudos do transcriptoma, proteoma, metaboloma e biologia de sistemas. O transcriptoma é o conjunto de mRNA expresso em determinada condição biológica, podendo ser diferencialmente expressos em resposta a diferentes estímulos (ZACHARIAH e DHANASEKARAN, 2004); O proteoma é o estudo do conjunto de proteínas expressas pelo genoma de uma determinada célula ou organismo em um evento fisiológico específico (MANN et al., 2003); O metaboloma é o conjunto metabólitos (aminoácidos, nucleotídeos, etc) de um organismo, abrangendo vias e contexto fisiológico (FIEHN, 2002); A biologia de sistemas é o estudo das interações entre os componentes de um sistema biológico, unido genes, enzimas e metabólitos em uma via, identificando interações (GE, 2003).

Apesar de o genoma abranger o conteúdo genético de um organismo, existe uma diferença entre potencial e expressão, levando ao estudo da proteômica para identificação de quais genes estão de fato expressos em uma condição biológica (MANN, 2003).

Os estudos de análise proteômica complementam a informação obtida pelo sequenciamento do genoma, auxiliando na compreensão do funcionamento de vias metabólicas, identificação de marcadores biológicos e moléculas bioativas de extratos naturais, caracterização de respostas celulares frente a diferentes estados fisiológicos (SILVA et al., 2007).

Vários estudos tem usado a abordagem proteômica para a identificação das proteínas expressas durante a degradação de hidrocarbonetos pela *Pseudomonas*. LIU et al (2015) utilizou o iTRAQ-LC-MS/MS para quantificar as proteínas da *Pseudomonas aeruginosa* SJTD-1 ao alcanço; MANGWANI et al. (2015) estudou as proteínas do biofilme durante a degradação de hidrocarbonetos da *P. aeruginosa* N6P6; MEHBOOB et al. (2015) verificou o genoma e proteoma da *P. chloritidismutans* AW-1 no crescimento em *n*-decano.

Na abordagem genômica, QI et al., 2015 identificou por técnicas genômicas os determinantes genéticos da degradação do naftaleno e fenantreno pela *Pseudomonas putida*, entendendo as vias metabólicas e papel dos genes regulatórios.

## 2.6. Descrição das Metodologias Utilizadas neste Estudo

### 2.6.1. Sequenciamento Genômico

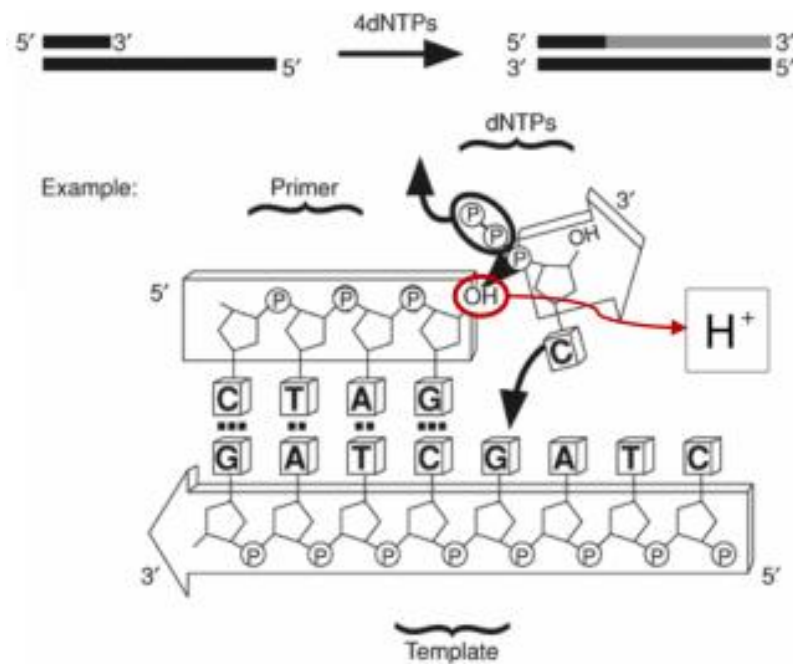
As células vivas são capazes de preservar e transferir informações genéticas para novas gerações por meio do DNA e RNA. O DNA apresenta diferentes sequências de nucleotídeos, formando unidades, os genes. O gene é o segmento de DNA que codifica a informação necessária para a produção de determinado polipeptídeo ou segmento de RNA. A totalidade do DNA presente na célula é o genoma (OLIVEIRA et al., 2007).

As duas técnicas mais importantes para o sequenciamento de DNA são o método químico de degradação de bases desenvolvido por MAXAM e GILBERT (1977) e o método didesoxi ou terminação da cadeia SANGER et al. (1978). Ambos são baseados na produção de um conjunto de fitas simples de DNA que são separadas pelo princípio de eletroforese. O método de Sanger gera dados mais facilmente interpretados, por isso, tem sido a técnica mais utilizada (VARUZZA, 2013)

Atualmente, são utilizados sequenciadores automatizados que podem ser com eletroforese vertical em placa ou eletroforese em capilar, onde as bases nitrogenadas possuem marcação com fluorescência. Os fragmentos marcados com fluorescência migram no interior dos capilares do equipamento e são detectados por um fotomultiplicador à medida que são excitados por um feixe de laser. Essa informação é transmitida e processada formando eletroferogramas ou textos (fasta), para prosseguimento com a análise de bioinformática (ZAROS et al., 2008).

A maioria dos sequenciadores utiliza uma DNA polimerase para gerar a fita complementar ao *template*, bases marcadas por fluoróforos e câmeras a detecção. O *Ion Torrent* é diferente devido a detecção ser feita diretamente. A reação de polimerização gera naturalmente um próton, que altera o *pH* do meio. Essa alteração do *pH* é detectada por um transistor ISFET[1] e convertida em um sinal elétrico (**Figura 7**) (VARUZZA, 2013).



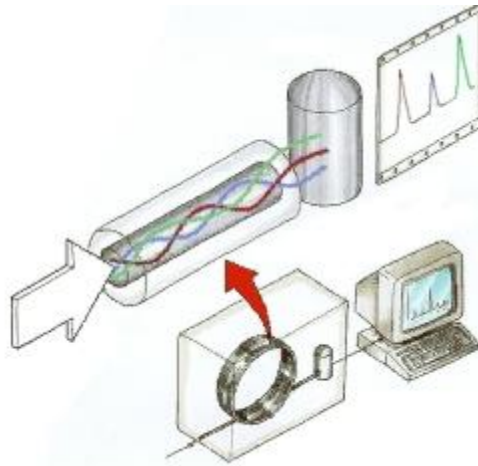


**Figura 7:** *Ion Torrent*. Reação de incorporação de uma base pela polimerase (VARUZZA, 2013).

### 2.6.2. Cromatografia Gasosa (GS)

A cromatografia é um método físico de separação com a distribuição dos componentes entre duas fases: a fase estacionária e a fase móvel. Devido a sua sensibilidade e efetividade na separação de componentes de misturas, é uma das ferramentas mais importantes em química (ADAIME, 2010).

O método consiste na introdução da amostra em uma corrente de gás inerte (hidrogênio, hélio, nitrogênio ou argônio) que atuará como gás de arraste. O fluxo de gás passa pela coluna através da qual os componentes da amostra se deslocam a velocidades influenciadas pelo grau de interação de cada componente com a fase estacionária não volátil. À medida que as substâncias eluem da coluna, podem ser quantificadas por um detector e/ou tomadas para outra análise - MALDI (PASTORELLO, 2008) (**Figura 8**).



**Figura 8:** Esquema do processo de Cromatografia Gasosa acoplada a Espectro de Massa (ADAIME, 2010)

Existem dois tipos de cromatografia de gás: cromatografia Gás - Sólido (CGS) e cromatografia Gás - Líquida (CGL). Na cromatografia Gás - Sólida a retenção das substâncias analisáveis é a consequência da absorção física. Na cromatografia Gás -Líquida os íons ou moléculas devem estar dissolvidas em um solvente.

### 2.6.3. Identificação de Proteínas

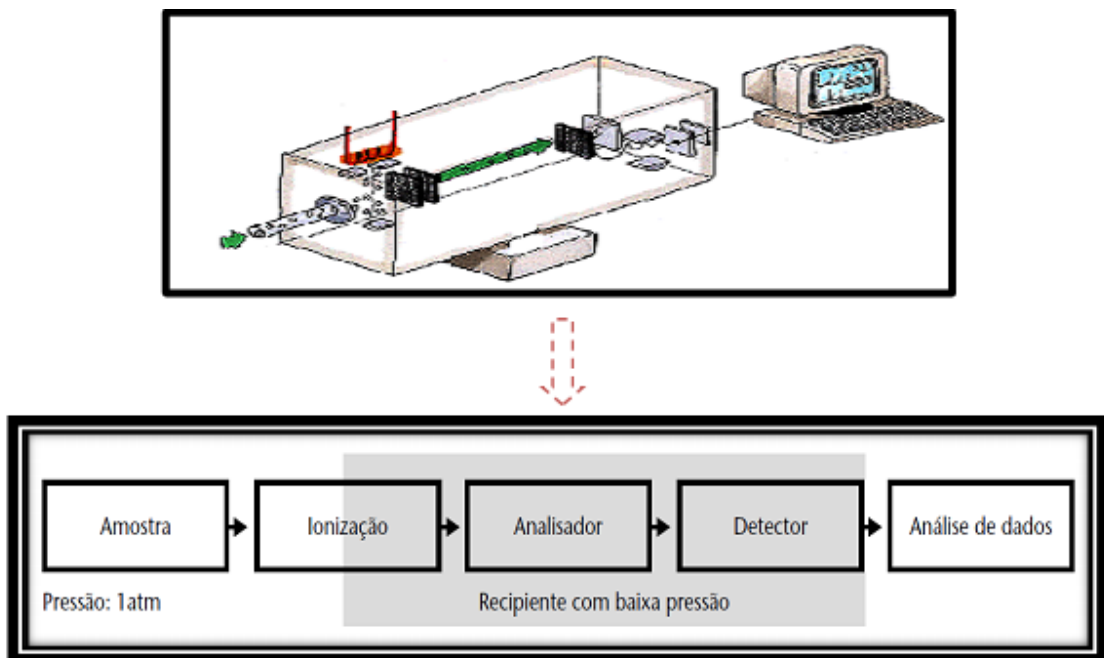
A espectrometria de massas (MS) é uma ferramenta analítica utilizada em diversas áreas, pela qual podem-se comparar padrões proteicos entre duas condições específicas. A MS é considerada o estado da arte na análise de sequência de peptídeos (LIEBLER, 2002; FERREIRA et al., 2009).

#### 2.6.3.1. Funcionamento do Espectrômetro de Massas (MS)

O espectrômetro de massa é um instrumento analítico capaz de converter moléculas neutras em íons na forma gasosa e separá-los de acordo com a sua razão massa/carga ( $m/z$ ), utilizando para isso campos elétricos ou eletromagnéticos. A análise no MS pode ser realizada por injeção direta da amostra no equipamento ou através de um equipamento de separação: cromatógrafo gasoso (GC), o cromatógrafo líquido (LC) ou aparelho de eletroforese capilar

(CE). Os íons são gerados, separados e detectados qualitativamente e/ou quantitativamente. O sinal elétrico é convertido por um processador de dados que gera o espectro de massas correspondente (CARVALHO, 2010).

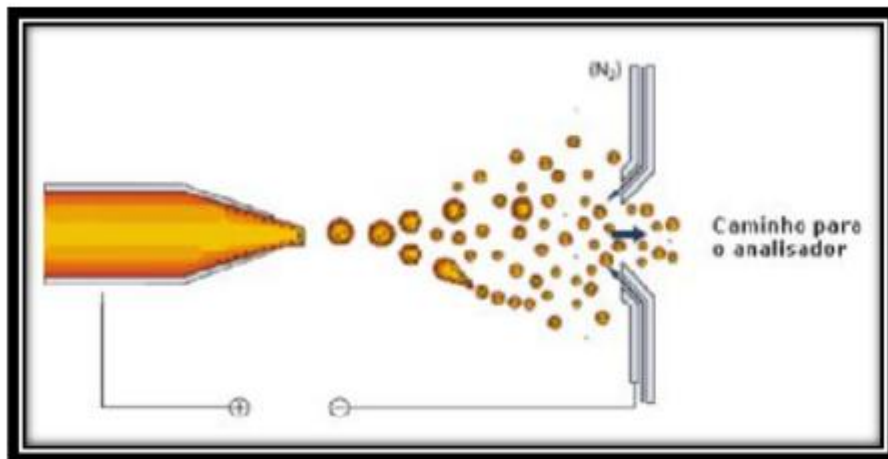
O MS é composto por uma fonte ionizante, analisador e detector (**Figura 9**). Essa tecnologia permite a interpretação das informações contidas no genoma (MANN et al., 2003), porém só passou a ser usada no estudo de biomoléculas após a criação de técnicas que não degradassem as macromoléculas, como: *Matrix Assisted Laser Desorption Ionization* - MALDI (KARAS et al., 1987) e *ElectroSpray Ionization* – ESI (FENN et al., 1989).



**Figura 9-** Esquema de um espectrômetro de massas. (AQUINO, 2012).

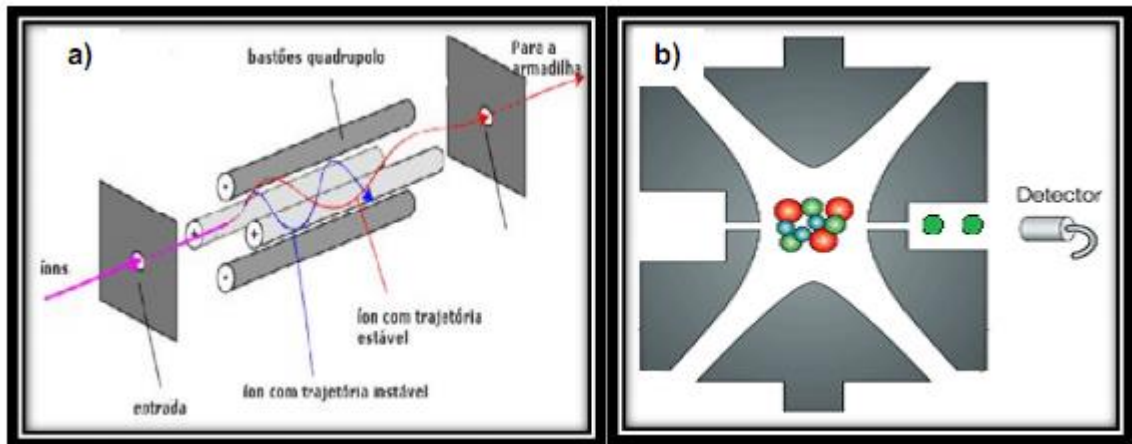
O MALDI é um método no qual a amostra é co-cristalizada em uma matriz composta de ácido de peso molecular conhecido. O analisador geralmente empregado nesse método é o tempo de voo (TOF – *Time of Flight*), no qual os íons cruzam uma região livre de campo elétrico numa velocidade inversamente proporcional a raiz quadrada da razão  $m/z$ . Logo, os íons com menor razão  $m/z$  chegam mais rapidamente ao detector (AQUINO, 2012; FISCHER, 2010; YATES et al., 2009; EIDHAMMER et al., 2007).

O ESI, ao contrário do MALDI, produz íons a partir de uma solução. Ocorre a aplicação de uma diferença de potencial entre a extremidade do capilar na câmara de ionização e o orifício de entrada no MS, concentrando os íons em gotas que, posteriormente, são transformados em um “spray eletrolítico” de micro-gotas altamente carregadas. Essas gotículas transferem carga às moléculas do analito, que seguem até o analisador. (AQUINO, 2012; CARVALHO, 2010; YATES et al., 2009; CARVALHO, 2006) (**Figura 10**).



**Figura 10** - Micro gotas expelidas pelo cone de Taylor a medida que se aplica uma diferença de potencial entre a extremidade do capilar e a entrada no MS, sofrendo a dessolvatação, resultando em gotículas altamente carregadas para o analisador (AQUINO, 2012).

O conjunto armadilha de íons/Orbitrap é um analisadores que pode ser utilizado em conjunto com o ESI. Nele, os íons provenientes da fonte de ionização são selecionados e “guiados” até a armadilha de íons (*ion trap*) por um campo elétrico quadrupolar. Ao longo do filtro, os íons possuem uma variação senoidal com uma trajetória estável (sem colisão contra os polos) (**Figura 11a**). Na armadilha de íons, os íons são separados de acordo com sua razão  $m/z$ . Quando a frequência natural dos íons se iguala a frequência imposta na armadilha, os íons são expelidos, sendo obtido o MS1 (**Figura 11b**) (AQUINO, 2012).



**Figura 11**– Analizador Orbitrap. **(a)** O quadrupolo “filtra” e “guia” os íons até a armadilha de íons. O íon representado pelo caminho azul demonstra uma trajetória instável, colidindo em uma das varetas de onde o campo elétrico se origina. O íon representado pelo caminho vermelho possui uma trajetória estável, seguindo para a armadilha de íons. **(b)** A armadilha de íons (*Ion trap*) seleciona os íons de acordo com sua razão  $m/z$  à medida que a intensidade dos campos eletromagnéticos cresce fazendo com que os íons saiam do “aprisionamento” e sejam expelidos e detectados, obtendo-se o MS1. (AQUINO, 2012).

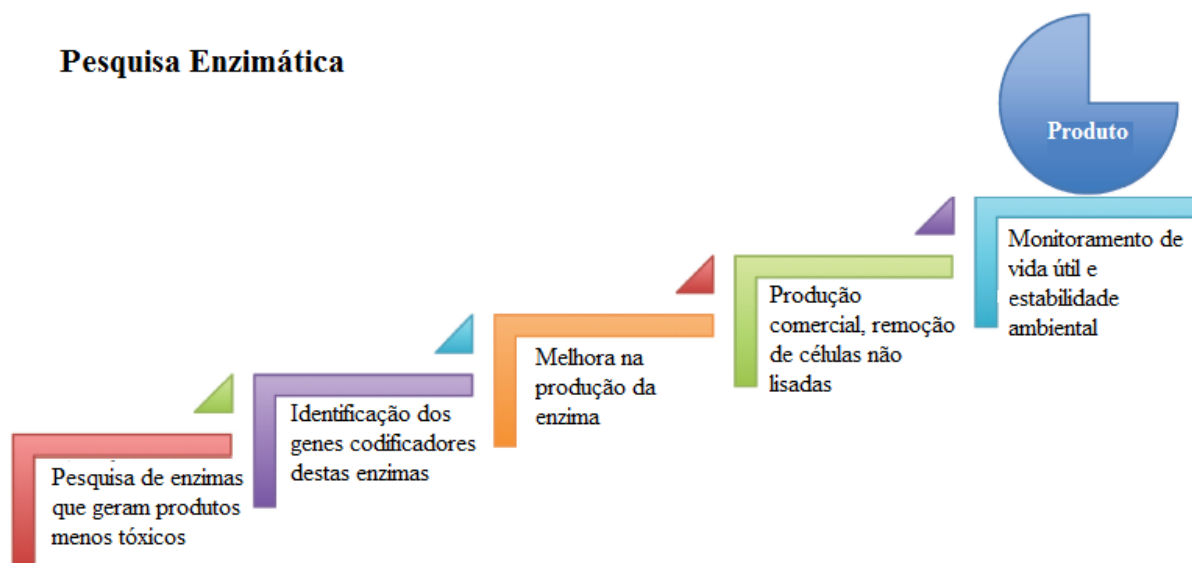
## 2.7. Biorremediação Enzimática e Ferramentas Moleculares

De acordo com NYER (1998), biorremediação refere-se a reações bioquímicas de atenuação natural, as quais incluem todos os processos bióticos e abióticos. Biodegradação é o mecanismo primário que reduz contaminantes biodegradáveis, oferecendo menos riscos para locais contaminados (CRAPEZ et al., 2002).

Como alternativas para a descontaminação de petróleo do ambiente, as principais estratégias discutidas são a bioaugmentação e a bioestimulação. A primeira refere-se à introdução de bactérias com potencial de degradação no ambiente; A segunda, a inserção de nutrientes ou condições que estimulem a degradação da substância pela comunidade microbiana nativa. Ambas, porém, devem ser cuidadosamente estudadas e planejadas, possuindo vantagens e desvantagens. A bioaugmentação necessita de estudos sobre a competição da bactéria introduzida com a comunidade bacteriana nativa, além de problemas com legislações ambientais. A bioestimulação, por sua vez, necessita da presença de microrganismos nativos que possuam naturalmente a habilidade de degradação. As altas dependências destas técnicas resultam nas constantes procuras por novas alternativas (ALCALDE et al., 2006).

A utilização da Biocatálise como um novo caminho para a obtenção de produtos levou a Biorremediação Enzimática como uma das novas alternativas encontradas para a degradação de hidrocarbonetos. A técnica demonstra-se mais simples que introduzir o organismo inteiro. Possui a possibilidade de aumento do potencial enzimático em laboratório e elimina a necessidade de estudos sobre a comunidade nativa e competitividade (SUTHERLAND, et al., 2004).

De modo geral, a pesquisa para a produção de Biorremediação Enzimática deve: Selecionar uma enzima com capacidade de degradar o contaminante alvo em um produto menos tóxico. É importante também que esta enzima não dependa de co-fatores, o que aumentaria seu custo comercial; Identificar o gene alvo e, se necessário, aumentar sua produção enzimática; Produção da enzima em larga escala; Purificação enzimática; Avaliação de estabilidade e tempo de vida útil; Efetividade contra o contaminante (**Figura 12**) (SUTHERLAND, et al., 2004).



**Figura 12.** Passos propostos por SUTHERLAND e colaboradores (2004) da bioprospecção até o produto enzimático. Adaptado de PEIXOTO et al., 2011.

Estudos propondo a remediação enzimática de HPAs têm sido amplamente propostos (ALCALDE et al., 2006; WHITELEY e LEE, 2006). Dentre suas vantagens podemos citar que em substâncias hidrofóbicas ou pouco solúveis, como os HPAs, a oxidação enzimática pode ocorrer na presença de solventes orgânicos (ALCALDE et al., 2006). Até 2004, mais de

1000 enzimas envolvidas em biodegradação de sistemas aromáticos já haviam sido descritas (WHITELEY e LEE, 2006).

SCOTT e colaboradores (2010) recentemente notificaram um teste em campo inicial como um produto enzimático baseado na enzima TrzN, demonstrando que a tecnologia pode eficientemente remediar corpos d'água contaminadas com herbicidas.

A Agência de Proteção Ambiental dos Estados Unidos (USEPA), em 2011, listou 20 agentes de biorremediação e um aditivo de enzima pura. O produto “*Oil Spill Eater II*” é descrito como tendo 5 anos de vida útil, indicando uma redução de 36,9% de alcanos e 33,6% de aromáticos após 7 dias de aplicação; e redução de 89,8% de alcanos e 89,6% de aromáticos após 28 dias. Apesar da redução surpreendente, produtos como este ainda possuem a desvantagem do alto custo financeiro.

A Biorremediação Enzimática, no entanto, está diretamente ligada à utilização de ferramentas moleculares como estudos em engenharia de proteínas, metagenômica e proteômica para a construção e identificação de proteínas viáveis (ALCALDE et al., 2006). A manipulação genética permite a melhora, por exemplo, na eficiência e rapidez da degradação do petróleo. Os avanços nas técnicas de “ômicas” permitiram progressos no estudo de microbiologia ambiental, identificando e quantificando as enzimas bacterianas responsáveis pela degradação de hidrocarbonetos (KIM et al., 2009).

Diversas metodologias são empregadas no processo de biorremediação, desde a remoção dos contaminantes até a utilização de microrganismos. A adição destes últimos *in situ*, no entanto, torna o processo dispendioso, perigoso e oneroso, podendo levar ao descontrole biológico do meio ambiente. Uma das alternativas é a utilização de plantas filtradoras, como as macrófitas aquáticas, em áreas de derramamento de petróleo. Estas plantas aumentam seu potencial de degradação de petróleo pela simbiose com fungos e bactérias endofíticas, diminuindo o impacto ambiental.

Em estudos anteriores, BATISTA (2009) realizou o isolamento de fungos e bactérias endofíticos da macrófita *Eichhornia crassipes* retirada saída dos efluentes da Refinaria Isaac Sabá, localizado em Manaus/Am. O principal objetivo foi à determinação do potencial de degradação destes microrganismos, além de propor um consorcio bacteriano efetivo em degradar petróleo. Porém, apesar do sucesso deste estudo, a utilização de microrganismos não

autóctones pode causar desastres naturais, tais com a transferência horizontal de genes de virulência e resistência a microrganismos nativos, levando a um desequilíbrio ambiental.

Isto dito, nosso grupo propôs o estudo de análise proteômica de um isolado bacteriano visando à identificação de proteínas envolvidas no processo de degradação de petróleo, primeiro passo na produção de um produto biotecnológico.

A ideia principal é contornar o problema encontrado por BATISTA (2009) identificar metodologias que possam ser utilizadas em locais com impacto ambiental com petróleo ou em sistemas fechados. Em oposição à adição do microrganismo, a utilização deste produto não causaria problemas ambientais futuros, devido ao fato de tratar-se de um conjunto de aminoácidos, que após a utilização do substrato, deverá se tornar inativo.



# *Objetivos*

---

---

## 4. OBJETIVOS

### 4.1. Objetivo Geral

Avaliar o Potencial de Degradação de Petróleo por Isolado Bacteriano Proveniente da Região Amazônica.

### 4.2. Objetivos Específicos

- Determinar o potencial de degradação de petróleo;
- Caracterizar a identidade dos genes relacionados a degradação de petróleo;
- Identificar proteínas secretadas pela cepa bacteriana selecionada em contato com o petróleo pela técnica proteômica de *Shotgun*;
- Analisar os perfis genômico e proteômico para buscar proteínas diferencialmente expressas entre o petróleo e outras fontes de carbono.

# *Material e Métodos*

---

## 5. MATERIAL E MÉTODOS

### 5.1. Avaliação Inicial do Potencial de Degradação de Petróleo

Durante os anos de 2006 a 2009, BATISTA (2009) realizou um estudo visando à identificação de microrganismos com potencial de degradação de petróleo presentes em um lago de dejetos na Refinaria Isaac Sabá – Amazonas (REMAN). Foram realizadas coletas da macrófita aquática *Eichornia crassipes* presente na saída dos efluentes da refinaria e isoladas as bactérias endofíticas e epifíticas presentes nas folhas, caules, bulbos e raízes.

O presente estudo foi proposto como uma continuação deste de BATISTA (2009) objetivando a eleição de uma única cepa para prosseguimento da caracterização genética e molecular. Para atingir estes objetivos, inicialmente foi realizada uma triagem dos isolados em meio inorgânico sintético BH enriquecido com 1% de petróleo.

A cepa selecionada para dar prosseguimento aos estudos foi a I4, uma bactéria epifítica, isolada da raiz, devido ao melhor desempenho visual na degradação do petróleo bruto.

#### 5.1.1. Cultivo Bacteriano em Contato com Petróleo – Indicador DCPIP

Após a reativação, a cepa I4 foi estriada em placa de LB ágar contendo 0,5% de petróleo e incubada em estufa a 30°C por 24h, para o processo de adaptação. Após o crescimento, uma colônia isolada foi selecionada como representante da cepa bacteriana.

A colônia selecionada foi inoculada em 3mL de LB (30° C, 24h, sob agitação). Foi medida a densidade óptica (DO) e realizada a diluição para atingir a  $DO_{600nm}$  1,5 ( $1,5 \times 10^8$  UFC/mL).

O 2,6-diclorofenol indofenol (DCPIP) é um indicador utilizado em testes de biodegradação. O DCPIP possui a coloração azul, quando reações de oxido-redução ocorrem no meio em que este se encontra, há perda de coloração (HANSON et al., 1993).

O teste foi realizado em *erlenmeyers* de 125mL, aos quais foram adicionados 50mL de meio sintético Bushnell-Hass - BH (g.L-1 =  $MgSO_4$ : 0,2;  $CaCl_2$ : 0,02;  $KH_2PO_4$ : 1,0;  $K_2HPO_4$ : 1,0;  $NH_4NO_3$ : 1,0;  $FeCl_3$ : 0,05), petróleo (1%) e 0,005mg/mL de DCPIP. Foi preparado um inoculo microbiano ( $DO_{600nm}$  1,5) e adicionados aos *erlenmeyers*, em duplicatas, mantidos sob

agitação (240rpm), a 30°C, por 24h. A mudança de coloração de azul para incolor representou a realização de reações de óxido-redução pela cepa I4.

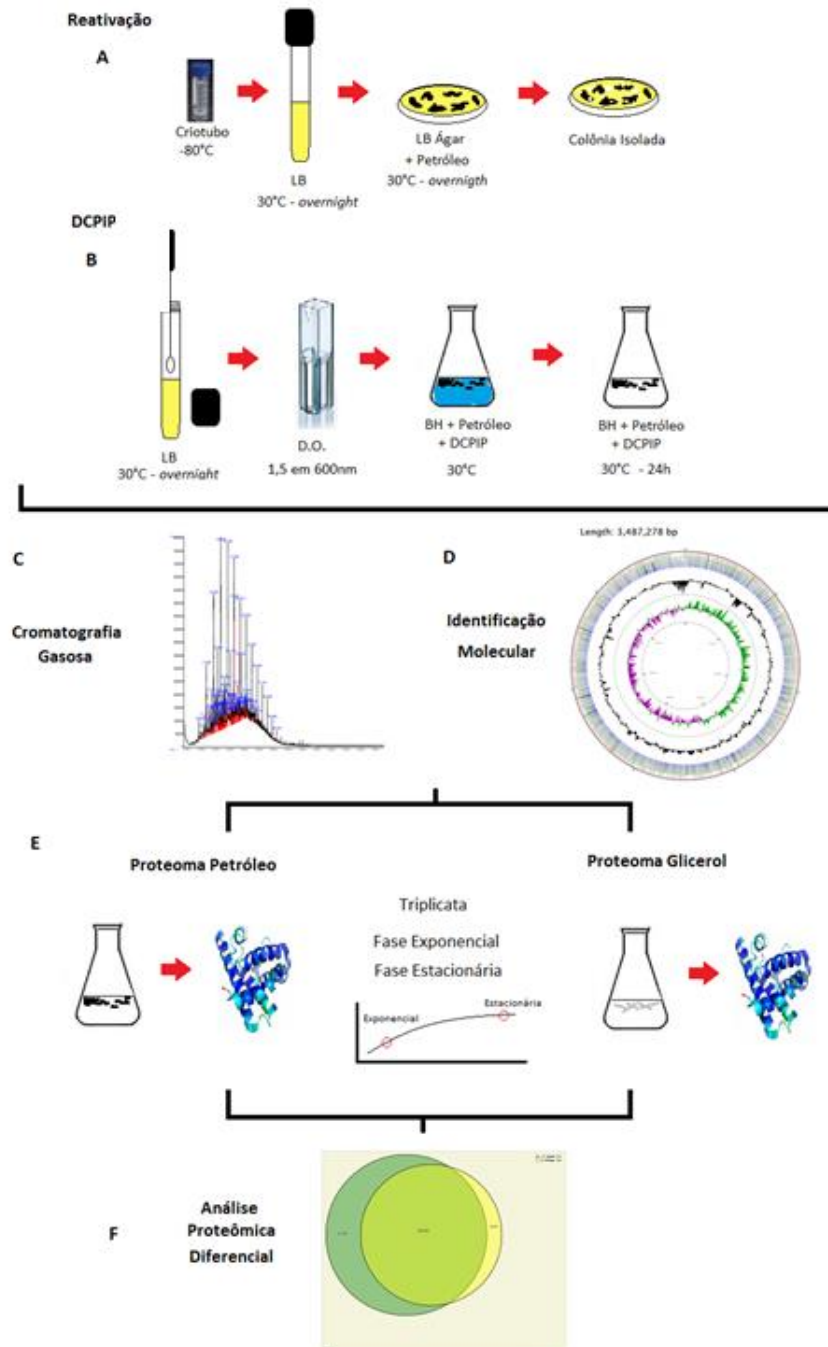
## 5.2. Desenho Experimental do Estudo Proposto

Este estudo possui como objetivos a utilização de uma cepa bacteriana de origem Amazônica com o potencial de degradação de petróleo para a caracterização genética e proteômica frente ao petróleo e glicerol.

Desta forma, após a triagem inicial com indicador DCPIP para verificar reações de oxido-redução frente ao petróleo, para confirmar seu potencial de degradação, foi realizada uma cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massa (GCMS-QP2012 - Shimadzu). A cepa selecionada foi submetida ao sequenciamento de seu genoma completo no equipamento Ion Torrent<sup>TM</sup> (Thermo Fisher Scientific) para confirmação de identidade e verificação dos genes com potencial de degradação de petróleo. Para estudos proteômicos, inicialmente foi realizada uma curva de crescimento para a identificação das fases exponencial e estacionária da cepa estudada. Em seguida, foram realizados os experimentos com a cepa selecionada, em suas fases exponencial e estacionária, em contato com o petróleo e com uma fonte alternativa e mais simples de carbono, neste estudo, o glicerol. O proteoma foi realizado com a técnica *shotgun* em no espectrômetro de massas LTQ Orbitrap XL<sup>TM</sup> (Thermo Fisher Scientific) (**Figura 13**).

As análises propostas neste estudo visam à identificação de proteínas envolvidas na degradação de hidrocarbonetos, tanto em seu potencial genômico, quanto em expressão proteômica. A avaliação diferencial das proteínas expressas em duas fontes de carbono com complexidades diferentes fornecerá informações sobre quais as proteínas expressas pela cepa em estudo quando em contato com o petróleo.

Este estudo propôs a caracterização de uma cepa isolada na região Amazônica de local contaminado por dejetos da indústria petrolífera. Acreditamos que os resultados encontrados possibilitarão a identificação de proteínas relacionadas à degradação de petróleo que poderão ser aplicadas em estudos futuros visando à produção de enzimas recombinantes.



**Figura 13:** Desenho Experimental. **A-** Reativação da cepa I4 de BATISTA (2009); **B-** Experimento inicial com indicador DCPIP; **C-** Testes de Cromatografia Gasosa acoplada à espectrometria de massa (GCMS-QP2012 – Shimadzu) para determinação do potencial de degradação de petróleo; **D-** Sequenciamento de seu genoma completo (Ion Torrent™ - Thermo Fisher Scientific); **E-** Curva de crescimento para a identificação das fases exponencial e estacionária. Foram realizados os experimentos com a cepa selecionada, em suas fases exponencial e estacionária, em contato com o petróleo e com o glicerol (LTQ Orbitrap XL™ - Thermo Fisher Scientific); **F-** Análise Proteômica diferencial entre as proteínas identificadas frente as duas fontes de carbono (petróleo e glicerol).

### 5.3. Cromatografia Gasosa acoplada a Espectrometria de Massa

A metodologia de Cromatografia Gasosa acoplada a Espectrometria de Massa (GCMS-QP2012 - Shimadzu) foi realizada em parceria com Dr. Jefferson Rocha do Departamento de Química Analítica da Universidade Federal do Amazonas (UFAM).

As condições experimentais foram o **Petróleo Bruto**, o controle negativo (**BH + Petróleo**) e o experimento (**BH + Petróleo + Bactéria**). A cepa selecionada ( $DO_{600nm}$  1,5) foi inoculada em meio BH contendo 1 % de petróleo incubado por 72h a 30°C, sob agitação. Os testes foram realizados em triplicatas biológicas.

Os hidrocarbonetos presentes nas amostras foram extraídos com 30mL de hexano, na concentração 1:1 (v/v), em funil de separação conforme descrito por CHHATRE e colaboradores (1996). As amostras foram feitas em triplicatas biológicas. Após a extração, foi acrescentado sulfato de sódio para retirada de água remanescente. Após esse processo, cada amostra foi submetida à cromatografia a gás para análise do percentual de degradação.

As amostras foram analisadas por cromatografia em fase gasosa, por meio da injeção de 1 $\mu$ L de amostra, utilizando uma coluna capilar DB-5 (0,25 $\mu$ m de espessura de fase 5% fenil em metil silicone, 0,25mm de diâmetro interno e 30m de comprimento), detector de ionização de chama (DIC) a 300°C, injetor a 250°C, razão de *split* 1:20 e hélio como gás de arraste em fluxo de 2,35 mL/min. A coluna foi mantida a 70°C por 2 minutos e em seguida, por meio de um incremento na temperatura de 6°C/min, a temperatura foi elevada até 250°C dentro de um intervalo de tempo de 20min. Os hidrocarbonetos foram identificados por comparação com o tempo de retenção da mistura de padrões submetido à análise via GC/DIC, nas mesmas condições das amostras. O método utilizado para determinação quantitativa dos hidrocarbonetos foi o cálculo da concentração relativa média baseada na proporcionalidade das áreas sob os picos cromatográficos dos hidrocarbonetos em estudo nas amostras e a área de hidrocarboneto padrão.

## 5.4. Identificação Bacteriana – Sequenciamento do Genoma Completo

O sequenciamento do genoma completo da cepa selecionada foi realizado com a colaboração da Plataforma de Genômica e Proteômica da FIOCRUZ-AM (ILMD) em equipamento Ion Torrent™ (Thermo Fisher Scientific) utilizando o Ion chip 316.

A cepa selecionada foi inoculada em 3mL de caldo LB em estufa a 30°C sob agitação. O DNA foi extraído e purificado pelo kit QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN) conforme as instruções do fabricante, com a modificação final de ressuspensão em água Mili-Q® esterilizada.

A concentração do DNA foi quantificada em espectrofotômetro BioDrop Duo e uma alíquota superior a 10µL com concentração entre 2-3µg foi encaminhada a Plataforma de Sequenciamento da FIOCRUZ AM, conforme Protocolo Operacional Padrão (POP) disponível ([http://plataformas.fiocruz.br/subunidade/exibe\\_sub/63](http://plataformas.fiocruz.br/subunidade/exibe_sub/63)). O sequenciamento foi realizado em equipamento Ion Torrent™ conforme padronização da plataforma.

### 5.4.1. Análise do Sequenciamento do Genoma Completo

A análise dos resultados do sequenciamento foi realizada com a colaboração da Dra. Tainá Raiol Alencar da FIOCRUZ – AM com programas de bioinformática e códigos de programas – *scripts* – próprios.

Os dados foram filtrados utilizando FastQC e PRINSEQ-lite; Montados com Bowtie2, samtools e *scripts* na linguagem de programação Perl; Anotados com GLIMMER, BLAST, banco de dados Swiss-Prot e *scripts* na linguagem de programação Perl (**Tabela 4**).

Após a identificação da cepa selecionada, o resultado do sequenciamento foi confrontado com o genoma completo de outras cepas pertencentes à mesma espécie depositados em banco de dados NCBI para fins de comparação.



**Tabela 4:** Programas utilizados para filtragem, montagem e anotação do genoma completo da cepa estudada (ALENCAR, T. R.).

<b>Programa</b>	<b>Versão</b>	<b>Referência</b>
FastQC	0.11.2	<a href="http://www.bioinformatics.bbsrc.ac.uk/projects/fastqc/">http://www.bioinformatics.bbsrc.ac.uk/projects/fastqc/</a>
PRINSEQ-lite	0.20.4	Schmieder, R., & Edwards, R. (2011). Quality control and preprocessing of metagenomic datasets. <i>Bioinformatics</i> , 27(6), 863-864.
Bowtie 2	2.2.4	Langmead, B., & Salzberg, S. L. (2012). Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. <i>Nature methods</i> , 9(4), 357-359.
Samtools	0.1.18	Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., Marth, G. , Abecasis, G. & Durbin, R. (2009). The sequence alignment/map format and SAMtools. <i>Bioinformatics</i> , 25(16), 2078-2079.
GLIMMER	3.02	Delcher, A. L., Bratke, K. A., Powers, E. C., & Salzberg, S. L. (2007). Identifying bacterial genes and endosymbiont DNA with Glimmer. <i>Bioinformatics</i> , 23(6), 673-679.
BLAST	2.2.29+	Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. <i>Journal of molecular biology</i> , 215(3), 403-410.
SwissProt*	2015_07	Bairoch, A., & Boeckmann, B. (1992). The SWISS-PROT protein sequence data bank. <i>Nucleic acids research</i> , 20(Suppl), 2019.

\* Banco de dados de proteínas. Versão utilizada para anotação possui ORFs com 549.008 sequencias de aminoácidos.

### **5.5. Determinação das Fases Exponencial e Estacionária Através de Curva de Crescimento Bacteriano**

A cepa selecionada foi inoculada em *erlenmeyers* de 250mL, contendo meio BH e 1% de petróleo. O inóculo inicial foi de DO<sub>600nm</sub> 1,5, mantidos sob agitação (240rpm), a 30°C, por 81h.

O experimento foi realizado com triplicatas técnicas e duplicatas biológicas. A curva foi realizada com duas fontes de carbono com complexidades diferentes, sendo o petróleo (1%) e o glicerol (1%).

O experimento teve sua  $DO_{600nm}$  mensurada por hora durante as primeiras 6h de cultivo e de 3 em 3h até atingir sua fase estacionária. Os dados foram tabulados e os gráficos construídos em programa GraphPad Prism<sup>®</sup> versão 5.0 no qual foi calculada a média e desvio padrão dos experimentos.

A fase de crescimento exponencial foi selecionada como aquela intermediária as fases de adaptação Lag e estacionária. A fase de crescimento estacionária foi selecionada como superior às 72h de crescimento. Os horários selecionados foram comuns ao petróleo e glicerol.

Os horários selecionados como representantes das fases de crescimento exponencial e estacionário foram utilizados para os experimentos proteômicos.

## **5.6. Análise Proteômica**

Esta análise consistiu na avaliação do perfil proteico da cepa selecionada na fase de crescimento exponencial (7 horas) e crescimento estacionário (72 horas) em duas fontes de carbono (petróleo e glicerol, respectivamente), sendo cada condição realizada em triplicata. Além disso, também foi avaliado o perfil proteico de duas amostras resultantes do crescimento na fase exponencial e estacionária, tendo o petróleo como fonte de carbono; estas posteriormente foram submetidas a uma partição líquido – líquido com hexano/água na proporção 1:1.

### **5.6.1. Extração de Proteínas e Digestão em Solução**

Após o cultivo, as amostras foram centrifugadas em tubos tipo falcon de 50mL por 30min, a 4°C e 12000 rpm. Os sobrenadantes foram retirados, concentrados em *Centriprep Y-3* (Merck Millipore) e liofilizados. A extração de proteínas foi realizada com RapiGest<sup>®</sup> (Waters) a uma concentração de 0,1% (p/v) preparado com bicarbonato de amônio ( $NH_4HCO_3$ ) a 50 mM. Uma agitação por alguns segundos, seguida de um “*spin down*” foi realizado em cada amostra. Feito isso, a quantificação de proteínas foi feita através do ensaio fluorimétrico *Qubit*<sup>®</sup> 2.0 (Invitrogen), de acordo com as instruções do fabricante.

A digestão em solução foi realizada com 100 µg de proteínas. Estas foram reduzidas com adição de 20 mM de ditioneitol (DTT) por trinta minutos a uma temperatura de 60° C. Após cada amostra voltar a temperatura ambiente, adicionou-se iodoacetamida (IAA) a 66,7 mM por trinta minutos e no escuro. Na sequência, a enzima tripsina (Promega) na proporção de 1/50 (p/p) de enzima/substrato foi adicionada. Incubou-se a 37°C por 20 horas. A reação foi parada com ácido fórmico a 10% (v/v) para uma concentração final de 1% (v/v) deixando por cinquenta minutos a temperatura ambiente. Centrifugou-se novamente a 4°C a 14000 rpm por 30 minutos (AQUINO, 2012).

### 5.6.2. Dessalinização e Concentração de Amostras

A dessalinização e retirada de outras impurezas dos peptídeos ocorreu mediante o uso de *stage tips* (mini-colunas) contendo resina de C18, com capacidade de até 10 µg. Cada coluna foi ativada com 100 µL de metanol. Centrifugou-se a 14 rpm a temperatura ambiente por 2 minutos. Equilibrou-se cada coluna com 100 µL da solução contendo 0,1% de ácido fórmico. Centrifugou-se a 14 rpm por 5 minutos a temperatura ambiente. Este procedimento foi repetido duas vezes. As amostras resultantes da digestão que estavam em ácido fórmico 1% foram aplicadas nas respectivas colunas. Centrifugou-se a 14 rpm por 5 minutos. A lavagem foi realizada duas vezes com 100 µL da solução contendo 0,1% de ácido fórmico. Os peptídeos foram eluídos com a solução acetonitrila 40% e ácido fórmico 0,1%. Estes foram concentrados no *Speed Vacuum (Thermo Fisher Scientific)* e ressuspensos em 12 µL da solução da 5% de DMSO em 0,1% de ácido fórmico para a posterior análise no espectrômetro de massas.

### 5.6.3 Aquisição de Dados por LC-MS/MS

Em triplicata técnica, as amostras foram submetidas à uma análise de nanocromatografia líquida acoplada a espectrometria de massas *in tandem* (nLC-MS/MS), no Instituto Carlos Chagas – Fiocruz Paraná (PDTIS-RPT02H). O sistema de nanocromatografia utilizado foi o *Easy-nLC 1000 (Thermo Fisher Scientific)*. Neste, os peptídeos foram carregados em uma coluna de fase reversa que foi empacotada *in house* com a fase estacionária *ReprosilPur C18 Aqua* (esferas de 1.9 µm de diâmetro, Dr. Maisch), com

comprimento de 30 cm e diâmetro interno de 75  $\mu\text{m}$ . A eluição desses peptídeos ocorreu com um fluxo de 250 nL/min, com um gradiente cromatográfico de 125 minutos, composto da seguinte maneira: 5 – 40% da fase B (acetonitrila, 5% de DMSO em 0,1% de fórmico) por 120 minutos, seguido por 40 – 100% com a mesma fase móvel por 5 minutos.

Os espectros foram adquiridos no espectrômetro de massas LTQ Orbitrap XL-ETD (*Thermo Fischer Scientific*). O modo de análise usado foi o *data dependent acquisition* (DDA), alternando automaticamente entre a aquisição do *full scan* MS e MS/MS, com uma lista de exclusão dinâmica de 90 s. A varredura inicial do MS ( $m/z$  300-2000) foi no sistema com uma resolução de 60 000 em 400  $m/z$ . Os dez íons mais intensos com carga  $\geq 2+$  foram isolados, um de cada vez, e fragmentados pela dissociação induzida por colisão (CID) usando uma energia de colisão normalizada de 35 e um tempo de ativação de 30 ms. Todas as funções de *scan* do espectrômetro de massas e os gradientes dos solventes no nLC controlados pelo *software Xcalibur 2.0* (*Thermo Fischer Scientific*).

#### 5.6.4 Análise de Dados

A análise de dados foi realizada através de ferramentas do programa *PatternLab for proteomics* (PL) versão 4.0 (disponível em “<http://patternlabforproteomics.org>”). O banco de dados foi preparado usando a abordagem “*target-decoy*”, sendo composto de sequências de *Pseudomonas putida* cepa S16 obtidas do UniProt ( “<http://www.uniprot.org>” ) em 17 de outubro de 2015, incluindo também a versão reversa de cada sequência encontrada no banco de dados e as sequências de 127 contaminantes mais comuns na espectrometria de massas (exemplos: queratina, tripsina). Já os arquivos dos espectros de massas (*.raw*) foram convertidos para o formato MS2 e MS1 usando a ferramenta *RawReader*.

A ferramenta de busca empregada foi o *Comet*, para comparar os espectros de massas em *tandem* obtidos experimentalmente com os espectros teóricos gerados a partir do banco de dados, selecionando os candidatos mais prováveis (ENG et al., 2013). Resumidamente, a busca foi limitada a candidatos trípticos e semi-trípticos, a carbamidometilação foi imposta como uma modificação fixa, e a oxidação da metionina como a modificação variável. Foram aceitas sequências com tolerância de 40 ppm a partir da

medida  $m/z$  do precursor, e o  $XCorr$  foi utilizado como métrica de semelhança primária (AQUINO, 2012).

A validação foi realizada pelo *Search Engine Processor* (CARVALHO et al., 2012), onde para cada resultado foi gerado um discriminador Bayesiano que classificou as identificações em uma ordem crescente de acordo com os valores do discriminador. Pontuações mínimas (*cut-off*) foram estabelecidas para que as identificações tivessem 1% de *false discovery rate* (FDR) baseado no número de labeled decoys (AQUINO, 2012).

A quantificação das proteínas foi feita por contagem espectral, cujo os dados foram normalizados de acordo com a distribuição normalizada de fatores de abundância espectrais (dNSAF) (ZHANG et al., 2010). A expressão diferencial foi analisada pelo módulo do diagrama de *Venn* com o intuito de identificar as proteínas exclusivamente identificadas em cada condição e também aquelas proteínas compartilhadas entre as condições analisadas (CARVALHO et al., 2010).

Visando auxiliar na interpretação dos dados e compreensão do conteúdo proteico, foi realizada também uma análise funcional das proteínas identificadas, onde foi possível observar nos dados obtidos, a distribuição e a frequência das vinte categorias mais frequentes do *Gene Ontology* em três classes (processo biológico, compartimento celular e função molecular). De maneira complementar, foi verificado também os domínios PFAM mais comuns para cada condição.

# *Resultados e Discussão*

---

## 6. RESULTADOS E DISCUSSÃO

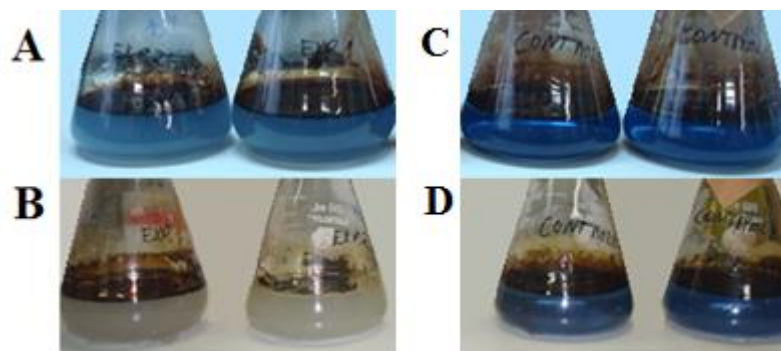
### 6.1. Caracterização da Cepa de Estudo

#### 6.1.1. Teste de Reação de Óxido-Redução com Indicador DCPIP

A utilização do indicador 2,6-diclorofenol indofenol (DCPIP) em meio mineral BH parte do princípio que, para a degradação de hidrocarbonetos, são necessárias reações de oxidação-redução nas quais elétrons são transferidos para os aceptores aeróbicos, como o oxigênio, e anaeróbicos, como o nitrato e o sulfato. A coloração azul do indicador é modificada conforme a reação ocorre. Ao adicionar um aceptor de elétron como o DCPIP ao meio de cultura, é possível verificar a capacidade dos microrganismos em utilizar hidrocarbonetos como fonte de carbono pela mudança de cor do DCPIP de azul (oxidado -  $C_{12}H_7NCl_2O_2$ ) para incolor (forma reduzida -  $C_{12}H_9NCl_2O_2$ ) (HANSON et al., 1993).

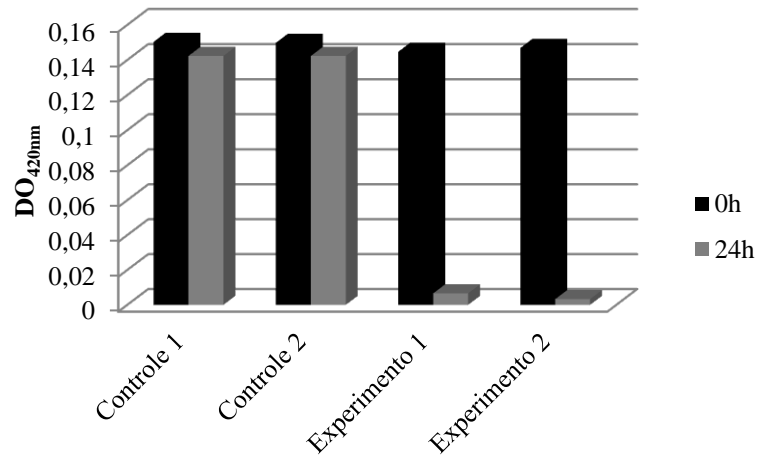
A utilização do indicador redox (DCPIP) pode ser visualizada em diversos trabalhos, como os citados por HANSON et al. (1993), VAN AKEN et al. (2004), PEIXOTO e VIEIRA (2005), MARIANO et al. (2007), SILVA (2012). Neste estudo, o meio sintético BH possuiu o petróleo como única fonte de carbono. Desta maneira, a modificação da coloração do indicador implica possível oxidação dos hidrocarbonetos do petróleo pela cepa estudada.

Foi realizado a inoculação da cepa I4 ( $DO_{600nm}$  de 1,5) na presença de 0,005mg/mL indicador DCPIP e 1% de petróleo em frascos tipo *erlenmeyer* de 125mL incubados por 24h a 30°C sob agitação (**Figura 14**).



**Figura 14:** Teste de degradação de petróleo por indicador DCPIP. Realizado em duplicata. **A e B** - experimento (BH + Petróleo + Indicador + I4), **C e D** - controles (BH + Petróleo + Indicador). **A e C** - Antes do Experimento, 0h; **B e D** - Após 24h.

Na **Figura 14b** pode ser visualizada a diminuição da coloração no experimento contendo cepa I4 em 24h de incubação, implicando a oxidação de hidrocarbonetos presentes no petróleo e confirmando a escolha desta cepa como objeto deste estudo. A diminuição da coloração foi confirmada por medição da  $DO_{420nm}$  (**Gráfico 1**).



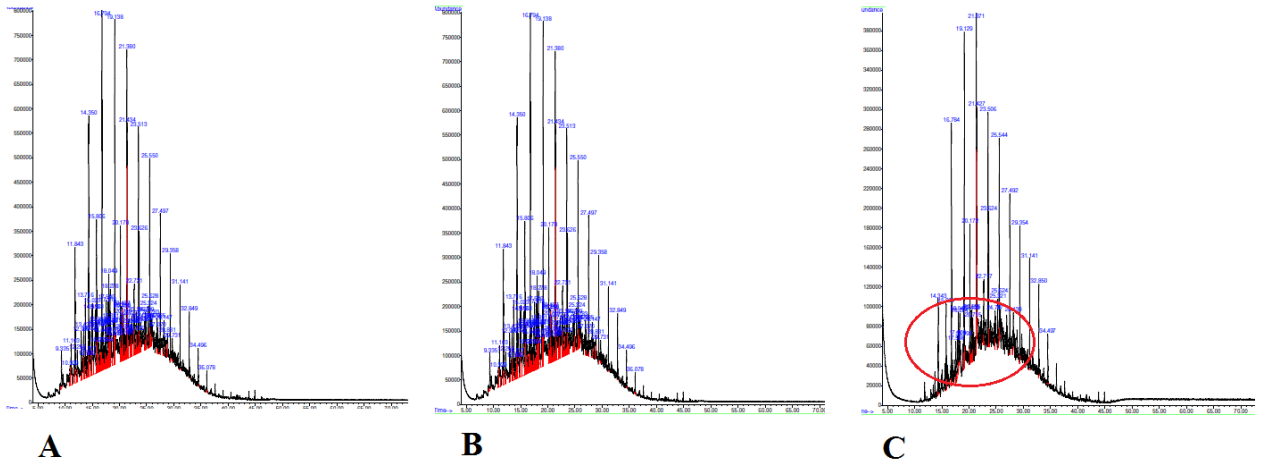
**Gráfico 1:** Densidade óptica do experimento com indicador DCPIP. Amostras em duplicata medidas no tempo 0h e após 24h de incubação.

### 6.1.2. Detecção de Hidrocarbonetos por Cromatografia Gasosa

Para confirmar a degradação pela presença de hidrocarbonetos e a taxa de degradação foi utilizada a Cromatografia Gasosa acoplada a Espectrometria de Massa Shimadzu (GCMS-QP2012).

As condições experimentais foram o **Petróleo Bruto**, o sistema **BH + Petróleo** (Controle) e a condição experimental (**BH + Petróleo + Bactéria**). O cromatograma do experimento pode ser visualizado na **Figura 15** na qual cada pico representa um tempo de retenção (TS) que leva a identificação de uma substância.





**Figura 15.** Cromatograma. **A** – Petróleo Bruto; **B** – Controle (BH + Petróleo); **C** – Experimento (BH + Petróleo + Bactéria) após 72h. Em destaque **C**, ausência de picos presentes em **A** e **B**.

O cromatograma (**Figura 15**) representa todas as substâncias presentes nas condições experimentais. Visualmente, pode-se notar a ausência de um grupo de substâncias no experimento (Destaque na **Figura – 15c**), presentes no Petróleo Bruto e Controle (**Figura 15 – a e b**). Os gráficos gerados pelo cromatógrafo estão presentes no **Anexo 1** em tamanho original para melhor visualização.

A listagem das substâncias identificadas está presente na **Tabela 5**, bem como a porcentagem de degradação do experimento em relação ao controle. Os mesmos dados estão representados visualmente no **Gráfico 2**.

O petróleo é uma mistura complexa podendo conter centenas de compostos diferentes. Este estudo nos auxiliou a identificar quais os componentes presentes no petróleo proveniente de Urucu (AM) e quais substâncias degradadas pela cepa I4.

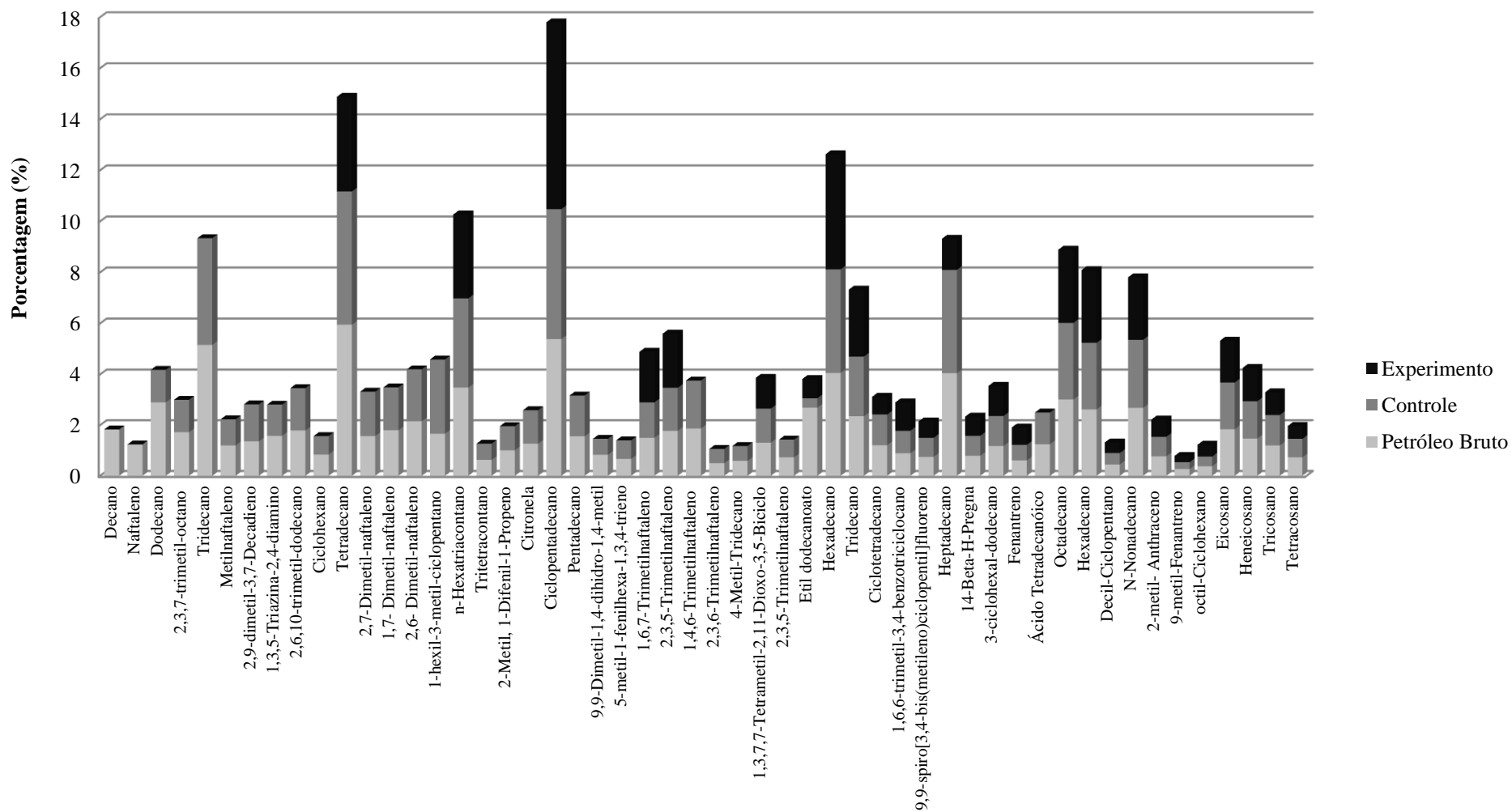
Foram identificadas 51 substâncias diferentes entre as amostras de Petróleo Bruto, Controle e Experimento. A bactéria I4 demonstrou sucesso em degradar completamente 23 substâncias (taxa de degradação de 100%) quando comparadas com o controle negativo. As substâncias foram: Dodecano; 2,3,7-trimetil-octano; Tridecano; Metilnaftaleno; 2,9-dimetil-3,7-decadieno; 1,3,5-triazina-2,4-diamino; 2,6,10-trimetil-dodecano; Ciclohexano; 2,7-dimetil-naftaleno; 1,7-dimetil-naftaleno; 2,6-dimetil-naftaleno; 1-hexil-3-metil-ciclopentano; Tritetracontano; 2-metil-1-difenil-1-propeno; Citronela; Pentadecano; 9,9-dimetil-1,4-dihidro-1,4-metil; 5-metil-1-fenilhexa-1,3,4-trieno; 1,4,6-trimetilnaftaleno; 2,3,6-trimetilnaftaleno; 2,3,5-trimetilnaftaleno; Ácido tetradecanóico (**Tabela 5**).

**Tabela 5:** Listagem de substâncias identificadas pelo cromatógrafo a gás

	<b>Petróleo Bruto</b> (%)	<b>Controle</b> (%)	<b>Experimento</b> (%)	<b>Degradação</b> (%)
Decano	1,83	0	0	-
Naftaleno	1,24	0	0	-
Dodecano	2,9	1,28	0	100,00
2,3,7-trimetil-octano	1,72	1,28	0	100,00
Tridecano	5,16	4,18	0	100,00
Metilnaftaleno	1,2	1,03	0	100,00
2,9-dimetil-3,7-decadieno	1,36	1,46	0	100,00
1,3,5-triazina-2,4-diamino	1,58	1,23	0	100,00
2,6,10-trimetil-dodecano	1,79	1,67	0	100,00
Ciclohexano	0,84	0,73	0	100,00
Tetradecano	5,95	5,22	3,71	28,93
2,7-dimetil-naftaleno	1,57	1,75	0	100,00
1,7- dimetil-naftaleno	1,8	1,69	0	100,00
2,6- dimetil-naftaleno	2,15	2,05	0	100,00
1-hexil-3-metil-ciclopentano	1,66	2,93	0	100,00
n-hexatriacontano	3,48	3,5	3,29	6,00
Tritetracontano	0,63	0,64	0	100,00
2-metil-1-difenil-1-propeno	1,01	0,95	0	100,00
Citronela	1,27	1,32	0	100,00
Ciclopentadecano	5,39	5,09	7,32	> 43,81
Pentadecano	1,56	1,61	0	100,00
9,9-dimetil-1,4-dihidro-1,4-metil	0,83	0,63	0	100,00
5-metil-1-fenilhexa-1,3,4-trieno	0,67	0,73	0	100,00
1,6,7-trimetilnaftaleno	1,5	1,4	1,99	> 42,14
2,3,5-trimetilnaftaleno	1,78	1,69	2,13	> 26,04
1,4,6-trimetilnaftaleno	1,87	1,89	0	100,00
2,3,6-trimetilnaftaleno	0,5	0,56	0	100,00
4-metil-tridecano	0,59	0,59	0	100,00
1,3,7,7-tetrametil-2,11-dioxo-3,5-biciclo	1,31	1,34	1,22	8,96
2,3,5-trimetilnaftaleno	0,73	0,7	0	100,00
Etil dodecanoato	2,69	0,37	0,76	> 105,41
Hexadecano	4,06	4,06	4,51	> 11,08
Tridecano	2,35	2,35	2,63	> 11,91
Ciclotetradecano	1,21	1,21	0,70	42,15
1,6,6-trimetil-3,4-benzotriciclocano	0,89	0,89	1,12	> 25,84
9,9-spiro[3,4-bis(metileno)ciclopentil]fluoreno	0,75	0,75	0,65	13,33
Heptadecano	4,05	4,05	1,22	69,88
14-beta-H-pregna	0,79	0,79	0,76	3,80
3-ciclohexal-dodecano,	1,18	1,18	1,19	> 0,85
Fenantreno	0,61	0,61	0,69	> 13,11
Ácido tetradecanóico	1,25	1,25	0	100,00
Octadecano	3,01	3,01	2,87	4,65
Hexadecano	2,62	2,62	2,85	> 8,78
Decil-ciclopentano	0,45	0,45	0,42	6,67
N-nonadecano	2,68	2,68	2,45	8,58
2-metil-anthraceno	0,77	0,77	0,68	11,69
9-metil-fenantreno	0,27	0,27	0,25	7,41
Octil-ciclohexano	0,38	0,38	0,47	> 23,68
Eicosano	1,84	1,84	1,65	10,33
Heneicosano	1,47	1,47	1,32	10,20
Tricosano	1,2	1,20	0,90	25,00
Tetracosano	0,73	0,73	0,51	30,14

> Detecção da substancia em valores superiores no experimento em relação ao controle e petróleo bruto. Em destaque (cinza) as substancias com 100% de degradação no experimento.

**Gráfico 2:** Taxa de Degradação das Substâncias Presentes no Petróleo pela cepa I4.



Dentre as substâncias que apresentaram 100% de degradação na cromatografia gasosa, os compostos contendo naftaleno (Metilnaftaleno; 2,7-dimetil-naftaleno; 1,7-dimetil-naftaleno; 2,6-dimetil-naftaleno; 1,4,6-trimetilnaftaleno; 2,3,6-trimetilnaftaleno; 2,3,5-trimetilnaftaleno) destacam-se por pertencerem ao grupo HPA com a presença de 2 anéis aromáticos (USEPA, 2003) (**Tabela 5**).

A capacidade de degradação do composto naftaleno já é conhecida pela cepa de *Pseudomonas putida* devido à presença de dois *operons*: o primeiro está relacionado a conversão do naftaleno em silicilato (*nahAaAbAcAdBFCE*); o segundo, com a conversão do silicilato em intermediários do ciclo do ácido tricarbóxico (*nahGTHINLOMKJ*) (FERRERO et al., 2002). Estes genes estão associados à tolerância da *Pseudomonas* ao naftaleno (LI et al., 2015).

As vias referentes à degradação de naftaleno já foram determinados para várias espécies de *Pseudomonas*, como a *Pseudomonas* C18 (DENOME et al., 1993), *P. putida* OUS82 (TAKIZAWA et al., 1994), *P. stutzeri* NA10 (BOSCH et al., 1999), *P. putida* BS202 (GenBank no. [AF010471](#)), *P. aeruginosa* PaK1 (GenBank no. [D84146](#)) e *P. putida* G7 (SUENAGA et al., 2009).

Na cepa de *Pseudomonas putida* AK5, os genes catabólicos relacionados à degradação de naftaleno estão localizados no plasmídeo pAK5 de 115pb. Os *operons nah* e *sgp* (Rota salicilato-gentisato) estão ambos envolvidos na degradação de naftaleno nesta espécie. O *operon gsp* possui quatro ORFs que codificam para o componente salicilato: 5-hidroxilase-oxidoreductase (*sgpA*), oxigenase (*sgpG* e *sgpH*) e 2Fe-2S ferredoxina (*sgpB*); e dois para o componente gentisato: 1,2-dioxigenase (*sgpI*) e fumarilpiruvato hidrolase (*sgpK*) (IZMALKOVA et al., 2013).

O genoma *P. putida* S16 realizado neste estudo não abrange genes pertencentes à plasmídeos, desta forma, não foi possível a identificação de todos os genes pertencentes ao *operon nah* e *gsp*. No sequenciamento de seu genoma completo, foram encontrados na cepa I4 os genes *nahR* e *nahY*. O gene *nahY* foi relacionado a identificação e quimiotaxia do composto naftaleno em *P. putida* G7 (LUU et al., 2015). O gene *nahR*, por sua vez, está relacionado a regulação positiva dos *operons* de degradação do naftaleno, sendo o gene que liga os dois *operons nah* (FERRERO et al., 2002; PENG et al., 2008).

O gene naftaleno dioxigenase (*nahA*) é o primeiro passo na degradação do naftaleno e contém três componentes: ferredoxina (*nahAb*), ferredoxina redutase (*nahAa*) e dioxigenase terminal (*nahAcAd*) (FERRERO et al., 2002). Em nosso estudo, foram identificados os genes Ferredoxina e Ferredoxina-NADP redutase (*frp*) que possuem atividades semelhantes aos componentes do gene *nahA*. Ferredoxinas são proteínas de ferro e enxofre que mediam atividades de óxido redução (SEVRIOUKOVA, 2005).

Apesar de não serem observados genes relacionados ao *operon gsp*, foram encontrados os genes similares: 2Fe-2S ferredoxina (*fdx*), Catecol 1,2-dioxigenase (*catA*), referentes aos genes 2Fe-2S ferredoxina (*sgpB*) e 1,2-dioxigenase (*sgpI*), respectivamente (IZMALKOVA et al., 2013).

Sondas utilizando o gene *nah* consegue detectar cerca de 45% dos fenótipos degradadores de naftaleno e 15% dos de fenantreno, uma vez que as enzimas responsáveis pela conversão do naftaleno em siliciato também podem converter fenantreno em naftaleno-1,2-diol (PENG et al., 2008). Na cepa de *Burkholderia* sp. a degradação de naftaleno ocorre com a presença dos genes *phn*, porém há ausência de genes relacionados a ferredoxina e redutase, sendo estas compensadas por outros genes constitutivos (LLOYD-JONES et al., 1999)

A presença dos genes *nah*, ferredoxinas e os genes similares ao *operon gsp* encontrados no genoma da cepa I4, associados à degradação de total de sete compostos contendo naftaleno (**Tabela 5**) neste estudo, indicam a capacidade desta cepa em degradar naftaleno e a probabilidade da cepa estudada estar utilizando-se dessas vias metabólicas.

Do total de substâncias identificadas, 11 possuíram maior detecção no experimento quando comparadas ao controle negativo, sugerindo subprodutos de degradação. Estas substâncias foram: Ciclopentadecano; 1,6,7-trimetilnaftaleno; 2,3,5-trimetilnaftaleno; Etil dodecanoato; Hexadecano; Tridecano; 1,6,6-trimetil-3,4-benzotriciclocano; 3-ciclohexal-dodecano; Fenantreno; Hexadecano; Octil-Ciclohexano (**Tabela 5**).

As 17 substâncias restantes apresentaram taxas de degradação parciais no experimento que variaram entre 69,88% a 3,80% (**Tabela 5**).

Em nosso estudo, foram identificados as substâncias com taxas de degradação parciais: 2-metil-antraceno e 9-metil-fenantreno, ambas com 3 anéis, com degradação de 11,49% e 7,41%, respectivamente (**Tabela 5**).

Os compostos fenantreno e antraceno são hidrocarbonetos contendo três anéis aromáticos encontrados em altas concentrações em lagos de dejetos, em solos e águas contaminadas por HPAs (MODDY et al., 2001). Estes compostos, juntamente com o naftaleno, são considerados HPAs de dois e três anéis com baixo peso molecular extremamente tóxicos em ambientes aquáticos, sendo degradados por três famílias genéticas relacionadas: a família dos genes *nah*, *dnt/ntd*, *phn* (QI et al., 2015).

Além dos genes *nahR* e *nahY*, foram identificados no genoma da cepa I4 os genes *phnA*, *phnC* e *phnW*. Os genes *phn* foram originalmente identificados em *Burkholderia* sp. RP007 e são relacionados à degradação de naftaleno, fenantreno e antraceno. Para a degradação do composto fenantreno são necessárias a presença de genes *nah* e *phn* em *Pseudomonas aeruginosa* PAO1 (QI et al., 2015).

Os genes *phn* estão relacionados à degradação de compostos contendo fosfonato e carbonos do grupo *alcil*, podendo ser encontrado em um número limitado de cepas bacterianas, incluindo na espécie *Pseudomonas* (SINGH et al., 2014).

Em estudos realizados por MOSCOSO et al. (2014) relatam que apesar da *Pseudomonas stutzeri* ser conhecida por possuir o potencial de degradação de fenantreno e pireno, o estudo realizado por seu grupo foi o primeiro a relatar a degradação de benzo[a]antraceno (BaA) após uma incubação de 5 dias. Estudos relatando a degradação de fenantreno também puderam ser encontrados em *Pseudomonas putida* DSMZ 8368 após a adição de surfactantes (PANTSYRNAYA et al., 2012).

Com relação ao composto antraceno, em um estudo realizado com solo contaminado na Índia identificou uma cepa de *Pseudomonas* sp. com capacidade de degradar antraceno (74,8%) após 10 dias de incubação (KUMAR et al., 2010).

Em nosso estudo, os HPAs antraceno e o fenetreno obtiveram taxas de degradação parciais (11,49% e 7,41%, respectivamente) em 72h de contato com a cepa I4 (**Tabela**). Estudos com este composto demonstram a necessidade de 5 a 10 dias para a degradação destes por espécies de *Pseudomonas* (KUMAR et al., 2010; MOSCOSO et al., 2014), acreditamos que a degradação parcial do antraceno e fenantreno, juntamente com a presença dos genes *nah* e *phn*, aqui encontrados confirmam a habilidade de degradação de compostos complexos pela cepa I4.

### 6.1.3. Genoma Completo da Cepa I4

O sequenciamento do genoma completo da cepa I4 foi realizado com a colaboração da Plataforma de Genômica e Proteômica da FIOCRUZ-AM (ILMD) em equipamento Ion Torrent™ (Thermo Fisher Scientific).

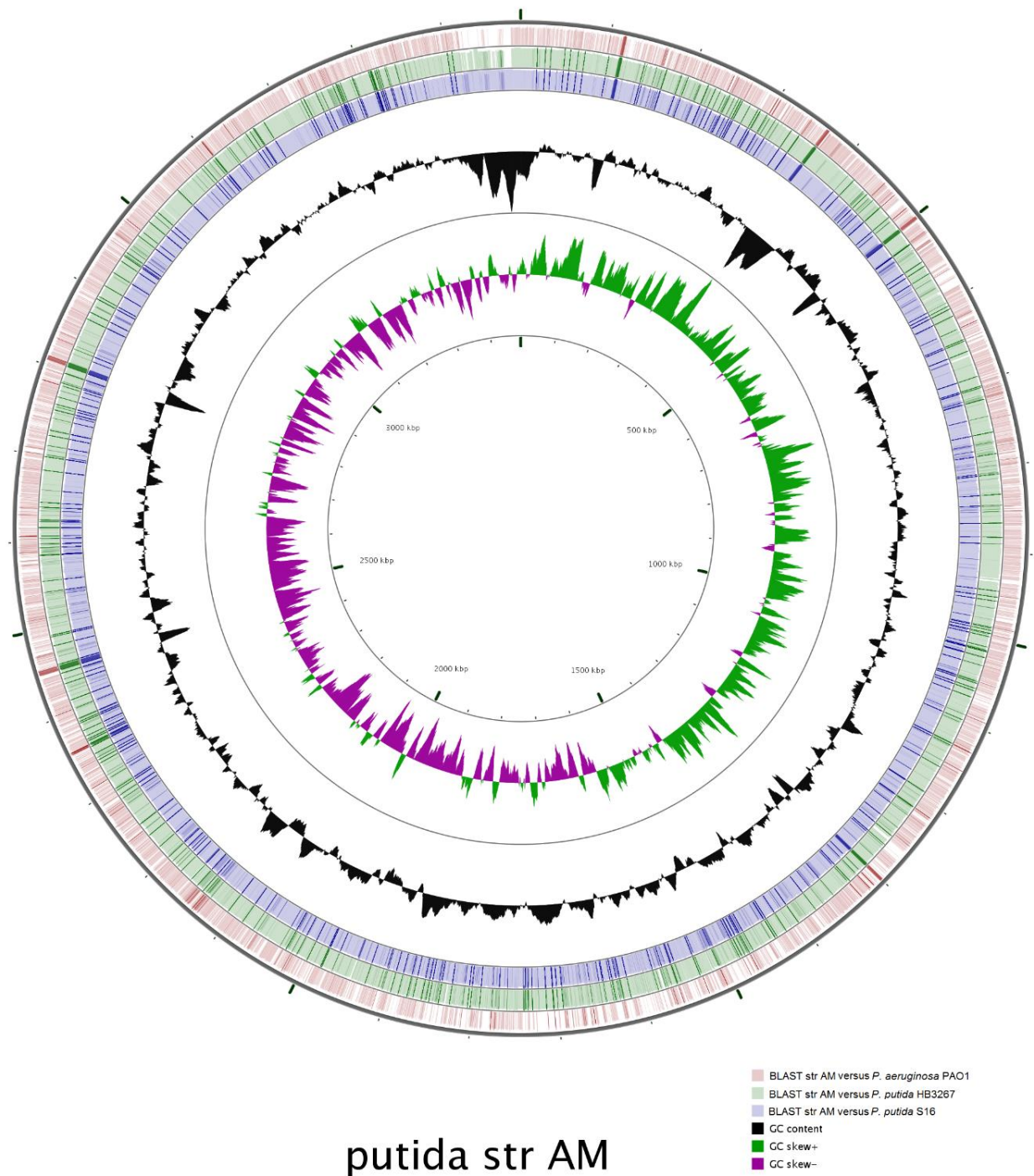
Foram identificados 4267 ORFs, 2788 anotações e conteúdo G+C de 63,18%. A amostra I4 registrada como *strain* AM (*str* AM) possui um genoma de 3.487.278pb, sendo identificada como *Pseudomonas putida* S16.

O genoma da cepa *str* AM foi analisado contra o genoma completo de cepas de *Pseudomonas* padrão, sendo *P. putida* S16 (azul) e HB3267 (verde) e a cepa de *P. aeruginosa* PAO1 (vermelho). A cepa *str* AM obteve maior similaridade com a *P. putida* S16, seguida da cepa HB3267 e PAO1, como observada com o aumento de *gaps* (**Figura 16**).

Na literatura, várias espécies de *Pseudomonas* já foram associadas a estudos sobre degradação de hidrocarbonetos: *P. aeruginosa* N002 relacionada à degradação de óleo cru (DAS et al., 2015); *P. putida* WL2, *P. putida* PP1, *P. aeruginosa* BB3, *P. aeruginosa* MVL1, foram relacionados quando a degradação de querosene, óleo cru, gasolina e diesel (OBAYORI et al., 2009); *P. putida* ATCC 17484 relacionada a degradação de fenantreno (RENTZ et al., 2004); *P. putida* F1 relacionada a degradação de tolueno (WACKETT e GIBSON, 1988).

A cepa de *Pseudomonas* identificada neste estudo, teve identidade próxima a *P. putida* S16, possui apenas estudos associados à degradação de nicotina (JIANG et al., 2015; HU et al., 2011; TANG et al., 2008; WANG et al., 2007). O estudo mais recente foi realizado em 2015 no qual foi realizada a identificação de um novo gene, *moaE*, na rota de degradação de nicotina pela *P. putida* S16 (JIANG et al., 2015).

Length: 3,487,278 bp



**Figura 16:** Sequenciamento da cepa I4 (*str* AM) pelo Ion Torrent™ (Thermo Fisher Scientific), DNA circular. O círculo em azul representa o resultado do *Blast* do genoma completo da cepa I4 contra a cepa de *P. putida* S16, em verde contra a cepa de *P. putida* HB3267 e em rosa contra *P. aeruginosa* PAO1.



Em pesquisa realizada em novembro de 2015 no Periódicos CAPES (<http://www.periodicos.capes.gov.br/>) com o assunto “*Pseudomonas putida* S16”, foram encontrados 51 artigos relacionados a *P. putida* S16 na degradação de nicotina (**Anexo 2**).

O presente estudo possui o potencial de ser o primeiro a relatar a associação da cepa *P. putida* S16 com a degradação de hidrocarbonetos presentes no petróleo bruto. Cepas de *P. putida* S16 estão comumente associadas a solos contendo plantações de tabaco (YU et al., 2011), a cepa aqui estudada foi isolada de um lago de dejetos presente em uma refinaria de petróleo na região Amazônica, podendo ser alvo de estudos visando a biorremediação de sítios contaminados.

No sequenciamento de seu genoma completo, a revisão bibliográfica ajudou a identificar 89 genes associados à degradação de hidrocarbonetos (**Tabela 6**). Dentre eles estão genes relacionados ao citocromo c monooxigenase (LÜCHMANN et al., 2015; WONG et al., 2015), degradação de alcanos (AMIN et al., 2015; CHAI et al., 2015; SHIN et al., 2015), genes de quimiotaxia que sugerem papel na xenobiose (AMIN et al., 2015), genes *cyp* que possuem papel na degradação de compostos tóxicos (HARKITIS et al., 2015), genes *isp* de ferro e enxofre (HAMMAN et al., 1999), catalases e superóxido dismutases (LÜCHMANN et al., 2015), genes relacionados a degradação do tolueno (WANG et al., 1996) e benzeno (AMIN et al., 2015). A listagem completa dos genes referentes a *P. putida* S16 AM encontra-se no **Anexo 3**.

**Tabela 6:** Genes relacionados a degradação de hidrocarbonetos presentes no genoma da cepa I4.

#ORF	Gene	Gene Name	Reference
orf00157	-	Cytochrome c5	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf03585	-	Gluconate 2-dehydrogenase cytochrome c subunit	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf03916	adhB	Alcohol dehydrogenase cytochrome c subunit	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf03596	alkB	Alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB	Shin, T. et al., 2015; Chai, L-J. et al., 2015
orf07125	alkT	Rubredoxin-NAD(+) reductase	Amer, R. A. et al., 2015
orf03490	benE	Benzoate membrane transport protein	Amin, S. et al., 2015
orf03493	benK	Benzoate transport protein	Amin, S. et al., 2015
orf00158	cc4	Cytochrome c4	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04745	ccmA	Cytochrome c biogenesis ATP-binding export protein CcmA	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04739	ccmE	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05255	ccmE1	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE 1	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04737	ccmF	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmF	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04735	ccmH	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmH	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04609	ccoN1	Cbb3-type cytochrome c oxidase subunit CcoN1	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04613	ccoP2	Cbb3-type cytochrome c oxidase subunit CcoP2	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf04770	cheA	Chemotaxis protein CheA	Amin, S. et al., 2015
orf04767	cheB1	Chemotaxis response regulator of group 1 operon	Amin, S. et al., 2015
orf04757	cheW	Chemotaxis protein CheW	Amin, S. et al., 2015
orf04773	cheY	Chemotaxis protein CheY	Amin, S. et al., 2015
orf04772	cheZ	Protein phosphatase CheZ	Amin, S. et al., 2015
orf00124	ctaC	Probable cytochrome c oxidase subunit 2	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf00125	ctaD	Probable cytochrome c oxidase subunit 1	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf00126	ctaG	Cytochrome c oxidase assembly protein CtaG	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015

orf04732	cycH	Cytochrome c-type biogenesis protein CycH	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05959	cydA	Cytochrome bd ubiquinol oxidase subunit 1	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05956	cydB	Cytochrome bd ubiquinol oxidase subunit 2	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf01395	cyoA	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 2	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf01397	cyoC	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 3	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf01398	cyoD	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 4	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf03766	cyp18	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp18	Harticks, P. et al., 2015
orf00853	fdoI	Formate dehydrogenase, cytochrome b556(fdo) subunit	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf02274	gstB	Glutathione S-transferase GstB	Wang, W. et al., 1996
orf04581	hcrC	4-hydroxybenzoyl-CoA reductase subunit gamma	Selesi, D. et al., 2010
orf05903	hmgA	Homogentisate 1,2-dioxygenase	Gunsch, C. K., et al., 2005
orf03645	hpd	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	Guazzaroni, M. E. et al., 2013
orf00388	hslR	Heat shock protein 15	Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf00907	ispA	Farnesyl diphosphate synthase	Hamann, C. et al., 1999
orf01168	ispB	Octaprenyl-diphosphate synthase	Hamann, C. et al., 1999
orf01897	ispD	2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase	Hamann, C. et al., 1999
orf01266	ispE	4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase	Hamann, C. et al., 1999
orf01904	ispF	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase	Hamann, C. et al., 1999
orf01468	ispG	4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (flavodoxin)	Hamann, C. et al., 1999
orf01079	ispH	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	Hamann, C. et al., 1999
orf00836	katA	Catalase	Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf00143	katE	Catalase HP11	Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf03987	katG	Catalase-peroxidase	Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf03990	katG	Catalase-peroxidase	Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf02249	LIGB	Extradiol ring-cleavage dioxygenase	Amin, S. et al., 2015
orf00128	MT-CO3	Cytochrome c oxidase subunit 3	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf02197	mntD	Acireductone dioxygenase	Fetzner, S. 2012
orf03049	nahR	HTH-type transcriptional activator NahR	Schell, M. A., 1985
orf00517	nahY	Methyl-accepting chemotaxis protein NahY	Schell, M. A., 1985
orf03724	nirF	Protein NirF	Song, M. et al., 2015
orf03065	PA1210	Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA1210	Fetzner, S. 2012
orf03602	PA2418	Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA2418	Fetzner, S. 2012
orf03603	PA2418	Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA2418	Fetzner, S. 2012
orf05967	pcaG	Protocatechuate 3,4-dioxygenase alpha chain	Frazeo, R. W. et al., 1993
orf05969	pcaH	Protocatechuate 3,4-dioxygenase beta chain	Frazeo, R. W. et al., 1993
orf05592	pcaK	4-hydroxybenzoate transporter PcaK	Amin, S. et al., 2015
orf05760	petA	Ubiquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur subunit	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05759	petB	Cytochrome b	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05757	petC	Cytochrome c1	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf01166	phnA	Protein PhnA	Song, M. et al., 2015
orf00180	phnC	Phosphonates import ATP-binding protein PhnC	Song, M. et al., 2015
orf01415	phnC	Phosphonates import ATP-binding protein PhnC	Song, M. et al., 2015
orf02652	phnW	2-aminoethylphosphonate--pyruvate transaminase	Song, M. et al., 2015
orf03801	pobA	p-hydroxybenzoate hydroxylase	Amin, S. et al., 2015
orf00273	Pput_0205	Glutathione S-transferase	Wang, W. et al., 1996
orf04529	sdhC	Succinate dehydrogenase cytochrome b556 subunit	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05653	sodB	Superoxide dismutase [Fe]	Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf05174	tolA	Protein TolA	A. M. Chakrabarty, et al., 1978
orf05172	tolB	Protein TolB	A. M. Chakrabarty, et al., 1978
orf06478	tolC	Outer membrane protein TolC	A. M. Chakrabarty, et al., 1978
orf05178	tolQ	Protein TolQ	A. M. Chakrabarty, et al., 1978
orf05176	tolR	Protein TolR	A. M. Chakrabarty, et al., 1978
orf01595	ttg2D	Toluene tolerance protein ttg2D	Kim, D et al., 2002
orf05573	ttgA	Probable efflux pump periplasmic linker TtgA	Van Hamme, J. D., et al 2003
orf05575	ttgB	Toluene efflux pump membrane transporter TtgB	Kim, D et al., 2002
orf04562	ttgF	Toluene efflux pump outer membrane protein TtgF	Kim, D et al., 2002
orf05571	ttgR	Probable HTH-type transcriptional regulator TtgR	Van Hamme, J. D., et al 2003
orf07131	ubiA	4-hydroxybenzoate octaprenyltransferase	Amin, S. et al., 2015
orf03495	xyiL	1,6-dihydroxycyclohexa-2,4-diene-1-carboxylate dehydrogenase	Wang, W. et al., 1996
orf03501	xyiS1	XylDLEGF operon transcriptional activator 1	Wang, W. et al., 1996
orf03502	xyiS3	XylDLEGF operon transcriptional activator 3	Wang, W. et al., 1996
orf03500	xyiX	Toluene 1,2-dioxygenase subunit alpha	Wang, W. et al., 1996
orf03498	xyiY	Toluene 1,2-dioxygenase subunit beta	Wang, W. et al., 1996
orf03497	xyiZ	Toluene 1,2-dioxygenase electron transfer component	Wang, W. et al., 1996
orf06570	yceJ	Cytochrome b561 homolog 2	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015
orf02409	yodB	Cytochrome b561 homolog 1	Wong, M.L. et al., 2015; Lüchmann, K.H. et al., 2015

Dentre os genes identificados, chamam a atenção pela quantidade de genes presentes os referentes à transcrição do citocromo (**Tabela 6**). O citocromo possui a habilidade de inserção de oxigênio em uma grande variedade de compostos, por isso é conhecido como

agente de detoxificação de xenobióticos (SHIMADA, 2006). Está localizado na membrana interna das mitocôndrias, podendo possuir um papel na apoptose quando é liberado no citosol (NAGAO et al., 2015).

Para as espécies de *P. aeruginosa*, dois tipos de citocromo foram associados com a formação de biofilme. Nos estágios iniciais do biofilme é expresso o sistema de desnitrificação (*nirN*); Nos estágios finais ocorre a expressão predominante do citocromo c oxidase (WILSON, 2015).

Desta forma, a quantidade de genes citocromo encontrados neste estudo justifica-se, não apenas pela possibilidade de degradação de xenobióticos, mas também devido a ativa formação de biofilme pelas espécies de *Pseudomonas*.

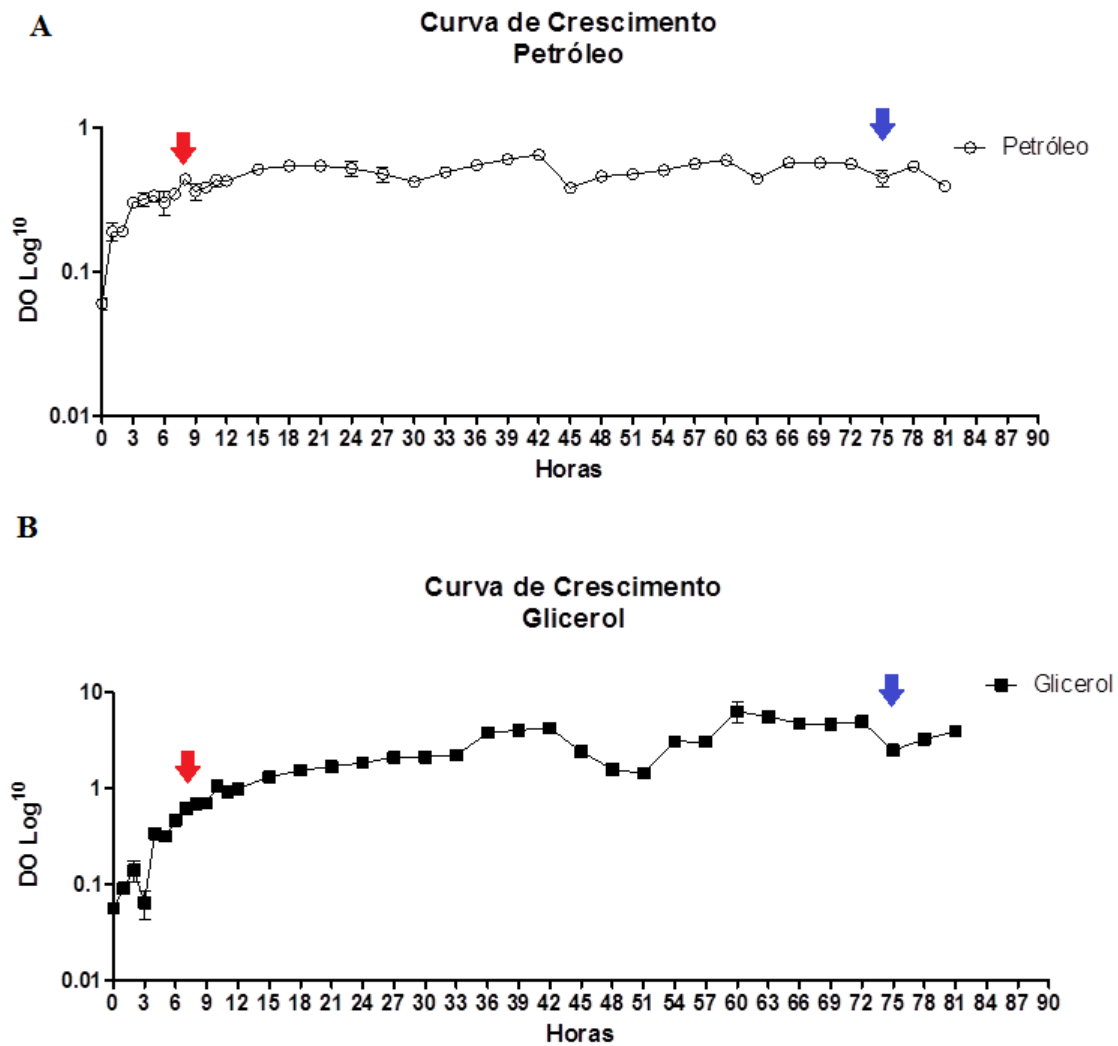
## 6.2. Análise Proteômica

### 6.2.1. Curva de Crescimento

A curva de crescimento foi realizada para determinar as fases de crescimento exponencial e estacionária da cepa estudada. Este conhecimento foi necessário para a definição dos pontos de coleta para os experimentos de degradação para a proteômica. A curva foi realizada com duas fontes de carbono com complexidades diferentes, sendo o petróleo (1%) e o glicerol (1%).

As fases de crescimento exponencial e estacionária representam a etapa de divisão e parada de divisão celular, respectivamente. Na primeira, são expressas proteínas relacionadas à transcrição, tradução, montagem de proteínas de ferro e enxofre, metabolismo de nucleotídeos, biossíntese de LPS e respiração aeróbica (ROLFE et al., 2012). Na segunda, são expressas principalmente proteínas relacionadas à conversão de carboidratos e fontes de carbono (COHEN et al., 2006).

Como resultados, foram definidos os pontos coleta de 7h como representante do crescimento exponencial e 75h como pertencente ao crescimento estacionário, tanto para a cepa I4 em contato com petróleo (**Figura 17a**), quanto para a do glicerol (**Figura 17b**). Estes resultados foram utilizados para a realização dos experimentos de proteômica.



**Figura 17:** Curva de crescimento cepa I4. DO medida por hora durante 81h. A seta azul marca o horário representativo do crescimento exponencial (7h) e a seta vermelha o da fase estacionária (75h). A – Petróleo de Urucu; B - Glicerol.

Neste estudo, foram propostas as seguintes condições experimentais: proteoma da cepa I4 em contato com o petróleo e outra fonte de carbono mais simples, o glicerol; e duas metodologias de extração de proteínas da cepa I4 em contato com petróleo, com e sem hexano.

### 6.2.2. Comparação entre as Proteínas Expressas: Petróleo *versus* Glicerol

O perfil proteômico da cepa de *Pseudomonas putida* S16 (I4) demonstrou que na fração coletada as 7 horas, representando a fase exponencial, foram identificadas 362 proteínas com redundância e *Maximum Parsimony* 358; Na fração das 75h, fase estacionária, foram identificadas 282 proteínas com redundância e *Maximum Parsimony* 269. No glicerol, por sua vez, na fração coletada às 7 horas foram identificadas 480 proteínas com redundância e *Maximum Parsimony* 471; Na fração das 75h, foram identificadas 232 proteínas com redundância e *Maximum Parsimony* 229 (**Tabela 7**).

**Tabela 7:** Proteínas expressas pela cepa I4 em contato com petróleo e glicerol

	Petróleo		Glicerol	
	7h	75h	7h	75h
<b>Proteínas Únicas</b>	362	282	480	232
<b><i>Maximum Parsimony</i></b>	358	269	471	229

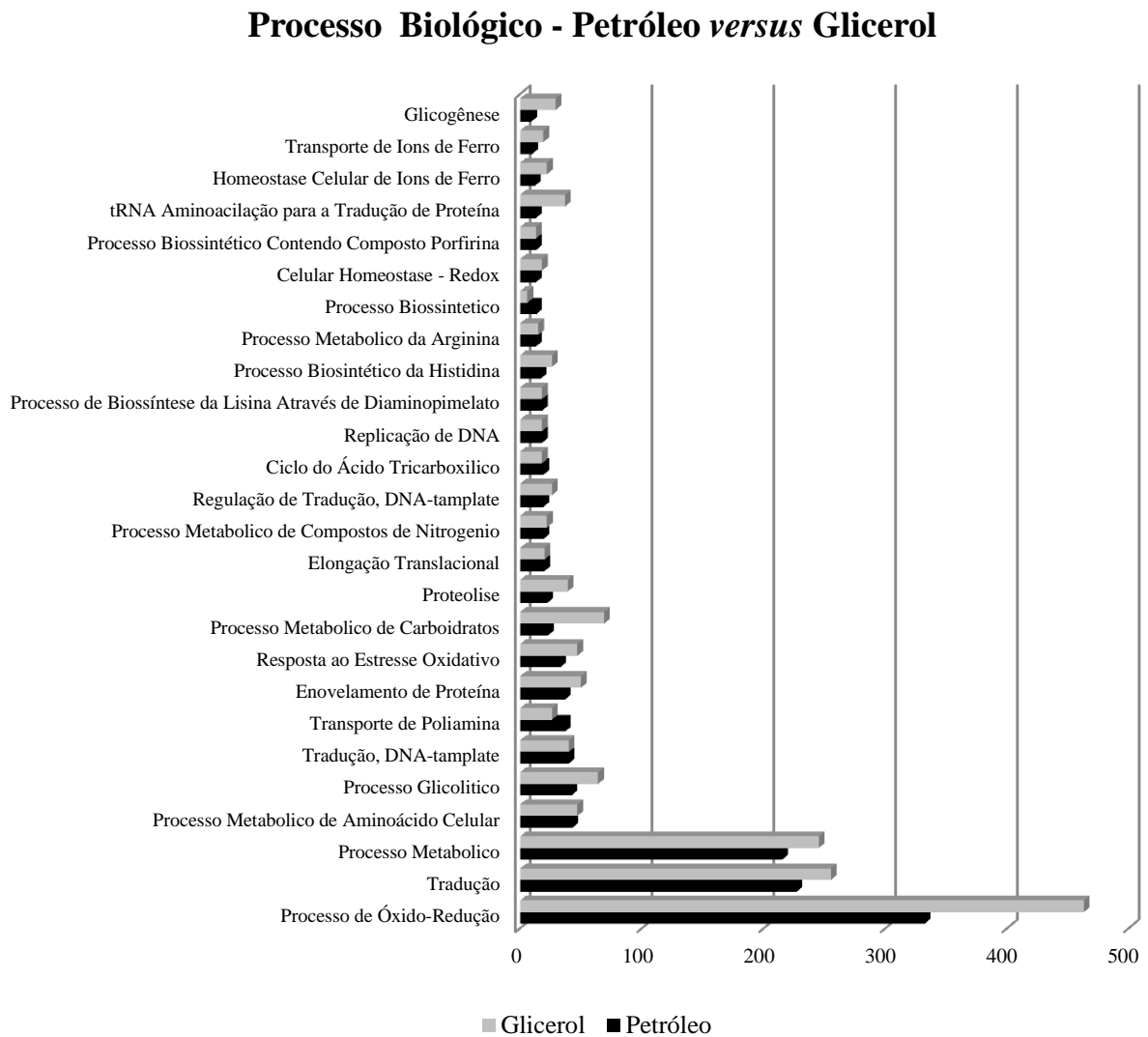
O conceito de *maximum parsimony* é utilizado para estimar o valor real das proteínas encontradas, de forma não paramétrica, excluindo possíveis *decoys* ou ruídos que possam surgir durante o sequenciamento. Desta forma, é utilizado para excluir os valores estatisticamente inconsistentes e estimar a força dos dados (KOLACZKOWSK e THORNTON, 2004).

Neste estudo, os valores encontrados para *maximum parsimony* foram próximos aos referentes as proteínas únicas em todas as condições testadas, indicando uma previsão acurada das proteínas expressas em cada condição biológica.

No presente estudo, em ambas as condições (petróleo e glicerol) foram encontradas maior quantidade de proteínas na fase exponencial que na estacionária. Este resultado era esperado, pois na fase de crescimento exponencial a bactéria produz os componentes necessários ao crescimento, logo, considerada mais metabolicamente ativa (ROLFE et al., 2012). Acredita-se que ao passar da fase exponencial para a estacionária a bactéria diminua em 80% sua produção proteica (GEFEN et al., 2014).

As sequências genômicas possuem grandes frações gênicas específicas para funções biológicas essenciais divididas por todos os eucariotos. A iniciativa de bioinformática *Gene Ontology* realizou a junção destas informações em um consórcio que permitiu extrapolar as informações para outros microrganismos (ASHBURNER et al., 2000).

As análises funcionais relacionadas aos processos biológicos da cepa I4 em contato com o glicerol e o petróleo, maior parte das proteínas encontradas foram pertencentes a reações de oxido-redução, seguida de tradução e processos metabólicos em ambas as condições (**Gráfico 3**). A listagem completa destes processos encontra-se no **Anexo 4**.



**Gráfico 3:** *Gene Ontology* das proteínas expressas pela cepa I4.

A função molecular das enzimas é definida como sua habilidade de catalisar reações químicas. As reações de óxido-redução são comuns em microrganismos devido à necessidade de produção de compostos necessários a manutenção e fonte de energia (CUESTA et al., 2015).

Para a degradação de compostos xenobióticos são necessárias reações de óxido-redução para modificações nos compostos químicos (RICKEN et al., 2015). Para as espécies de *Pseudomonas*, as reações de oxidação são necessárias para obtenção de fontes de carbono através da via Entner-Doudoroff e do ciclo do ácido tricarbóxico (PABLO et al., 2013).

No presente estudo, a cepa I4 foi inoculada em meio sintético BH cuja única fonte de carbono foi proveniente do petróleo ou glicerol. O glicerol foi utilizado para prover um proteoma diferencial devido a capacidade que as espécies de *Pseudomonas* possuem de degradar glicerol (SCHWISER et al., 1996). A identificação de proteínas associadas a reações de óxido-redução evidenciam a habilidade da cepa I4 obter carbono para o funcionamento de seu metabolismo. A produção de proteínas de óxido-redução, seguida de tradução e processos metabólicos sugere a multiplicação da cepa e utilização das fontes de carbono disponíveis.

Em todos os processos evidenciados no **Gráfico 3**, foi encontrada maior quantidade de proteínas na condição experimental glicerol, exceto para os processos biossintéticos e transporte de poliamina, nos quais foram encontradas maiores quantidades quando em contato com o petróleo.

As poliaminas são hidrocarbonetos com múltiplos grupos aminos, como a putrecina, espermidina, espermina e cadaverina. Suas funções fisiológicas estão relacionadas a formação de biofilme, escape de fagolisossomos, atividade de toxinas e proteção contra estresse oxidativo por ácido (SHAH e SWIATLO, 2008).

Em um estudo envolvendo a *P. putida* S12 na tolerância a compostos químicos tóxicos como solventes ou compostos aromáticos encontrou genes envolvidos no transporte e metabolismo de poliaminas expressos diferencialmente em análises proteômicas (BANDOUNAS et al., 2011). Neste estudo, a expressão do transporte de poliaminas confirma o funcionamento do metabolismo celular pela cepa I4 em contato com o petróleo.

O banco de dados Pfam possui famílias de proteínas, cada qual definidas por dois alinhamentos e um perfil HMM (*Hidden Markov Model*), utilizado para inferência estatística

de homologia. Em um alinhamento de alta qualidade é possível identificar as posições específicas de cada aminoácido (FINN et al., 2013).

Quando analisados o domínio proteico no Pfam, foram identificadas as famílias as quais as proteínas da cepa I4 em contato com o petróleo e o glicerol pertencem, as famílias que obtiveram maiores associações foram: Aldeído desidrogenase e Piridina nucleotídeo-disulfídeo oxidoreductase (**Tabela 8**). A listagem completa dos domínios identificados encontra-se no **Anexo 5**.

**Tabela 8:** Análise PFAM. Domínio aos quais as proteínas expressas em contato com o petróleo e o glicerol.

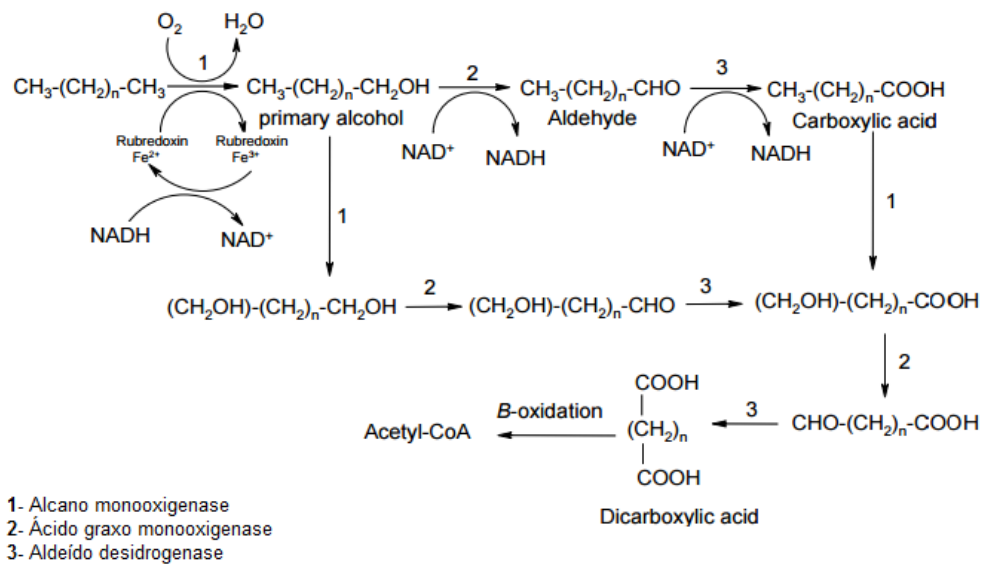
Domínio	Proteínas Petróleo	Proteínas Glicerol
Aldeído desidrogenase - Família	9	11
Piridina nucleotídeo-disulfídeo oxidoreductase	5	6
Piridina nucleotídeo-disulfídeo oxidoreductase, domínio de dimerização	4	5
Citocromo c	2	2
Citocromo C1 – Família	1	0
Ferredoxina <i>anticodon</i> , domínio de ligação	1	1
CheW-like domínio	1	1
Citocromo C oxidase, tipo cbb3, subunidade III	1	1

A família do aldeído desidrogenase é responsável por fornecer instruções de produção de enzimas relacionadas ao metabolismo de vários compostos, incluindo aminoácidos, ácidos graxos, colesterol e substâncias tóxicas. Sua função específica reside na alteração de grupos aldeídos (R-CHO) (VASILOU et al., 2000).

Estudos proteômicos demonstram a presença do aldeído desidrogenase expresso pelas cepas *Pseudomonas* A9 (AHMED et al., 2015), *P. putida* G7 (ARAUJO et al., 2015), *P. chloritidismutans* AW-1 (MEHBOOB et al., 2015) e *P. putida* KT2440 (VALLON et al., 2015). Sua expressão pode estar relacionada rota de degradação de n-alcenos (**Figura 18**).



### Oxidação de n-alcacos



**Figura 18:** Degradação de n-alcano por bactérias aeróbicas. 1- alcaco monooxigenase; 2- ácido graxo monooxigenase; 3- aldeído desidrogenase. (Adaptado de OLAJIRE e ESSIEN, 2014).

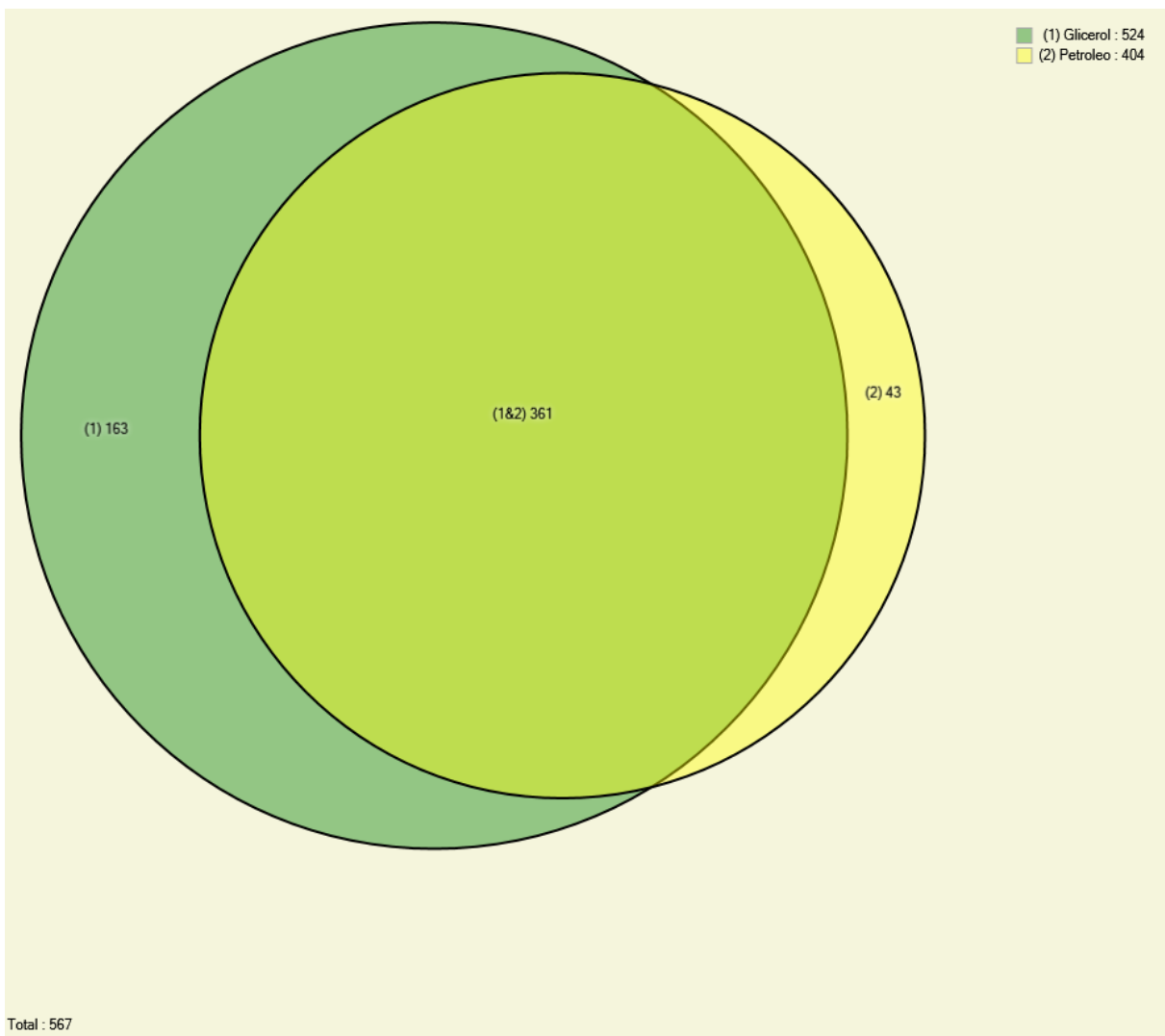
Nas bactérias, a piridina nucleotídeo-disulfídeo oxidoreductase está relacionado ao alcil hidroperóxido redutase (TARTAGLIA et al., 1990), parte da degradação de peróxidos orgânicos (ROOR') (CHEN et al., 1998). Em um proteoma realizado com uma *P. aeruginosa* PAO1 resistente ao antimicrobiano ZSB (Zinc Shiff-base) encontrou abundância de alcil hidroperóxido redutase subunidade F, citando-a como provável agente na detoxificação de derivados do benzeno (CIERNIAK et al., 2013).

A presença da família aldeído desidrogenase encontrada neste estudo pode estar relacionada à degradação de alcanos pela cepa I4. O maior número de genes referentes a esta família encontrados no contato com o glicerol justifica-se devido a habilidade da *Pseudomonas* em degradar este composto. A identificação de genes referentes a família piridina nucleotídeo-disulfídeo oxidoreductase sugere degradação de peróxidos orgânicos pela cepa estudada.

A comparação entre as diferentes fontes de carbono gerou um diagrama de venn (**Figura 19**) no qual foi identificado um total de 567 proteínas: 43 proteínas expressas somente em contato com o petróleo; 163 expressas somente no glicerol; e 361 proteínas em comum entre estas duas fontes de carbono.

Na **Tabela 9** pode ser visualizadas as proteínas expressas somente durante o contato da cepa I4 com o petróleo. As proteínas exclusivas de contato com o glicerol podem ser acessadas no **Anexo 6**.

Dentre as proteínas encontradas exclusivamente no contato da I4 com o petróleo destacam-se: *carbon storage regulator*, *methyl-accepting chemotaxis sensory transducer*, *ubiquinol-cytochrome c reductase* e *iron-sulfur subunit* (**Tabela 9**).



**Figura 19:** Diagrama de Venn Petróleo x Glicerol. Em amarelo, proteínas expressas no petróleo; Em verde escuro proteínas expressas no glicerol; Em verde claro proteínas em comum entre estas duas fontes de carbono.

**Tabela 9:** Proteínas expressas exclusivamente durante o contato da cepa I4 com o petróleo

GI	Description
339489426	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase
339487711	3-oxoacid CoA-transferase subunit A
339485196	agmatine deiminase
339487307	bifunctional aconitate hydratase 2/2-methylisocitrate dehydratase
339488213	carbon storage regulator
339488572	cell division protein ZipA
339489883	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase
339489060	dihydroorotase
339490031	endoribonuclease L-PSP
339485871	extracellular solute-binding protein
339485971	extracellular solute-binding protein
339487763	gluconate 2-dehydrogenase
339485947	glycine cleavage system protein H
339485913	hypothetical protein PPS_0982
339486212	hypothetical protein PPS_1285
339486535	hypothetical protein PPS_1608
339486902	hypothetical protein PPS_1983
339487674	hypothetical protein PPS_2771
339486944	inosine/uridine-preferring nucleoside hydrolase
339485188	LysM domain/BON superfamily protein
339488277	malate synthase G
339486608	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer
339488080	muconate and chloromuconate cycloisomerase
339485198	outer membrane porin
339488340	phenylhydantoinase
339487640	putative outer membrane protein
339486465	ribonuclease
339485252	serine hydroxymethyltransferase
339485694	short-chain dehydrogenase/reductase SDR
339486406	sulfatase
339486481	TatD family deoxyribonuclease
339489441	translation initiation factor IF-2
339489419	TraR/DksA family transcriptional regulator
339489261	ubiquinol-cytochrome c reductase, iron-sulfur subunit
339489245	UDP-N-acetylmuramoyl-tripeptide--D-alanyl-D-alanine ligase

A proteína *carbon storage regulator* é sintetizada pelo sistema *Csr* (*csrA*, *csrB*, *csrC*, *csrD*) estando relacionada a utilização e controle de nutrientes. O *csrA*, principalmente, parece ser o componente chave na nutrição por carbono em *Escherichia coli* Nissle 1917 (REVELLES et al., 2013). Em espécies de *Pseudomonas*, *RsmA/CsrA* são uma família de proteínas relacionados a processos fisiológicos associados a motilidade, patogenicidade e metabolismo de carbono (MAYAZAKI et al., 2015).

A cepa I4 possui em seu genoma a presença ambos os genes *csrA* e *RsmA/RsmG* - *Ribosomal RNA small subunit methyltransferase A* e *G*. Como o experimento proposto possui

o petróleo como única fonte de carbono à cepa I4, a presença da proteína *carbon storage regulator* e os genes a ela relacionados demonstram um importante fator em seu metabolismo. Sua presença é importante para expressão como virulência, motilidade e formação de biofilme (ROMEO et al., 2012).

A proteína *methyl-accepting chemotaxis sensory transducer* é relacionada à quimiotaxia de compostos contendo metil, na espécie *Pseudomonas* é codificado pelo gene *mcp* (PARALES et al., 2015). Os genes *mcpS* e *mcp4*, e outros relacionados a quimiotaxia (*cheA*, *cheBI*, *cheW*, *cheY* e *cheZ*), foram identificados no genoma da cepa I4 sendo responsáveis pela atração de compostos xenobióticos (AMIN et al., 2015).

A proteína *ubiquinol-cytochrome c reductase* faz parte de um grupo de hemoproteínas extracelulares envolvidas em vários tipos de reações químicas de redução (WILSON, 2015). Na cepa em estudo, foram identificados 28 genes relacionados a produção de cytochrome. Estudos com cytochrome P-450 de *Pseudomonas putida* relataram papéis importantes no metabolismo oxidativo de fármacos, produtos de agricultura e de significância ambiental (GUENGERICH, 2008). Muitas cepas bacterianas que possuem a habilidade de degradar alcanos com C<sub>5</sub>-C<sub>10</sub> possuem hidrolases que fazem parte da família das monoxigenases cytochrome P-450 (ROJO, 2011; NAGAO et al., 2015).

A proteína *iron-sulfur subunit* é uma unidade do *cytochrome c oxidoreductase* expressa pelos genes *isp* (JAFARI et al., 2015). Os genes *ispA*, *ispB*, *ispD*, *ispE*, *ispF*, *ispG* e *ispH* foram encontrados no genoma da cepa I4.

O painel de proteínas encontradas durante o contato da cepa I4 com o petróleo é diferente daquelas presentes durante o contato com o glicerol 1% (**Anexo 6**), os quais grande parte estão relacionada à síntese de aminoácidos. Dentre as proteínas expressas em contato com o glicerol destacam-se: *formaldehyde dehydrogenase*, *methylcitrate synthase* e *virulence factor family protein*.

A enzima *formaldehyde dehydrogenase* é responsável pela oxidação do formaldeído em um composto menos tóxico. Sua ação é usualmente dependente de glutathione, exceto nas espécies de *Pseudomonas* (ZHANG et al., 2013). Atualmente, sua utilização tem sido relatada na imobilização de nanopartículas magnéticas (NAKAMURA et al., 2015; NETTO et al., 2015). O gene *fdhA* (*Glutathione-independent formaldehyde dehydrogenase*) foi relacionado a expressão desta enzima e identificado na cepa em estudo.

A proteína *methylcitrate synthase* está envolvida no metabolismo de ácidos graxos de cadeia curta - rota de degradação do acetil - e na rota de degradação do propionato (MARKER et al., 2005). Esta enzima faz parte do grupo das transferases, especialmente alciltransferases (BURKEL et al., 1997). Em fungos, a enzima *Methylcitrate synthase* é necessária para a degradação do propionato como fonte de carbono (MARKER et al., 2005). O gene responsável por sua expressão é o *prp*, localizado no *cluster prpBCD* (CLAES et al., 2002). Este grupo gênico – *prpB*, *prpC*, *prpD* – foi identificado no genoma da cepa I4.

No ambiente, as bactérias tendem a viver grande parte de sua existência em fase estacionária. Microrganismos em fase estacionária necessitam lidar com estresse gerado pela limitação de nutrientes, altas concentrações de ácidos orgânicos, estresse osmótico e oxidativo e mudanças de *pH* (KLAUCK et al., 2012). Cepas de *E. coli* podem sobreviver na fase estacionária reutilizando aminoácidos sintetizados na fase exponencial (GEFEN et al., 2014).

Em nosso estudo, a cepa I4 teve seu proteoma comparado entre a degradação de petróleo e glicerol. As cepas de *Pseudomonas* são conhecidas por possuir a habilidade de degradar glicerol, de fato, seu meio seletivo (PIA) necessita da adição de glicerol para inibir o crescimento de outros microrganismos. A capacidade de degradar glicerol é expresso pelos genes *glp* (SCHWISER et al., 1996). Na cepa em estudo, os genes *glpF*, *glpK*, *glpD* e *glpM* foram identificados.

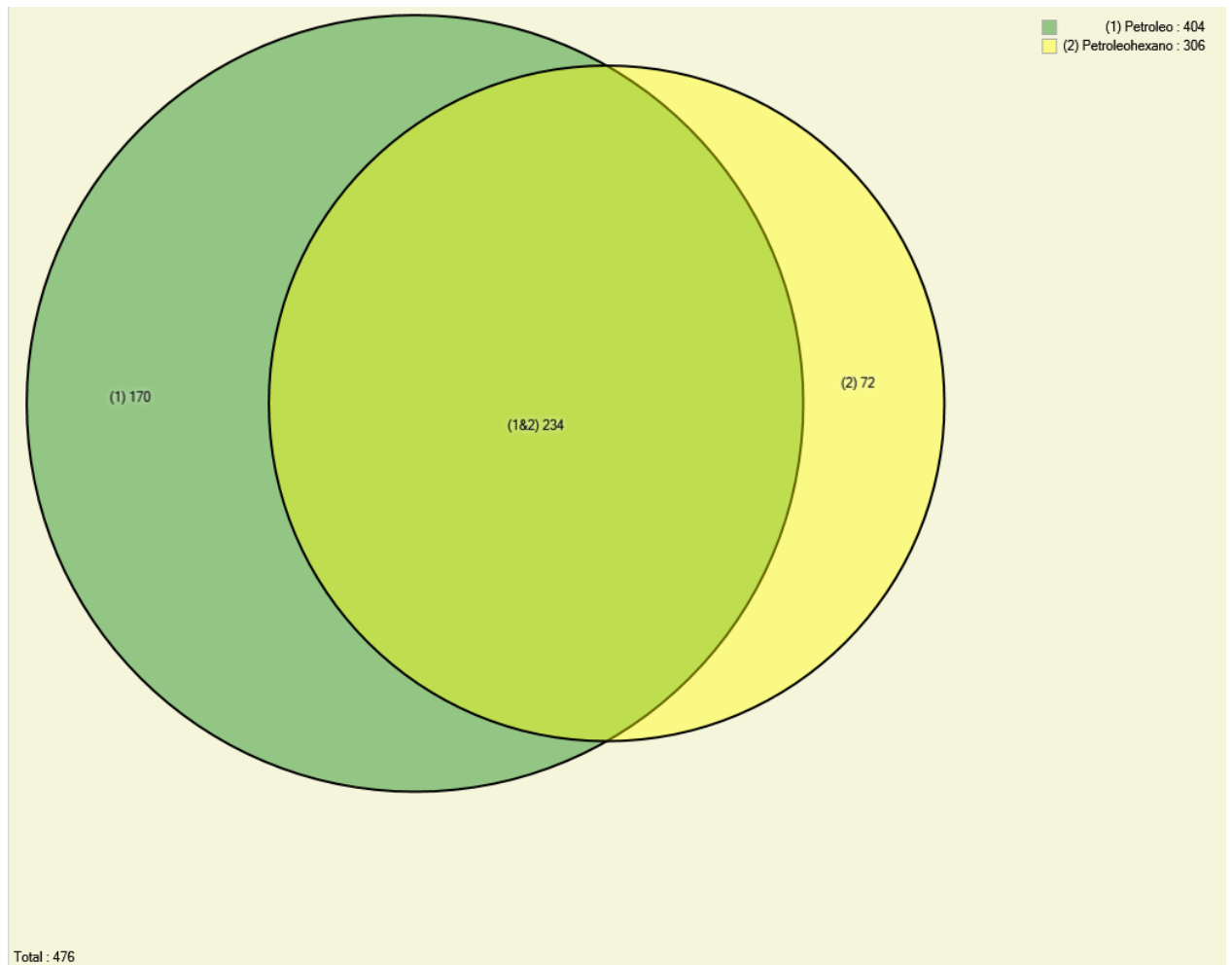
A expressão de proteínas relacionadas à síntese de aminoácidos e de virulência pela cepa I4 revela relativa habilidade de degradar o glicerol. O glicerol é incorporado em vários estudos utilizando a *Pseudomonas*, principalmente àqueles relacionados a produção de HPAs derivados de resíduos de glicerol provenientes de biodiesel (FU et al., 2015; KUEPPER et al., 2015).

Estudos utilizando a *Pseudomonas* em experimentos de degradação de petróleo ainda estão sendo realizados (PRYA e SHANMUGAPRYA, 2015; VINOETHINI et al., 2015; WANG et al., 2015). Propostas, como a aqui realizada, contam com novas tecnologias e ferramentas que permitem a identificação precisa de genes e proteínas em diferentes condições experimentais.

### 6.2.3. Comparação entre as Proteínas Expressas em Diferentes Metodologias de Extração: Petróleo *versus* Petróleo Hexano

Neste estudo foram realizadas diferentes metodologias de extração de proteínas da cepa I4 quando em contato com o petróleo, sendo elas com e sem a presença de hexano para obtenção das proteínas hidrofóbicas.

A comparação destas diferentes formas de extração gerou um diagrama de venn (**Figura 20**) no qual foi identificado um total de 476 proteínas da cepa I4 em contato com o petróleo: 170 proteínas expressas somente em na extração sem hexano; 72 expressas somente na extração com hexano; e 234 proteínas em comum entre estas ambas (**Anexo 7**).



**Figura 20:** Diagrama de Venn Petróleo Extração Hexano x Petróleo Extração sem Hexano. Em amarelo, proteínas expressas na extração do petróleo com hexano; Em verde escuro proteínas expressas na extração do petróleo sem hexano; Em verde claro proteínas em comum.

O hexano é utilizado comumente na extração de óleos devido à alta taxa de recuperação, deixando apenas 0,5-0,7% de óleo residual (PROCTOR e BOWEN, 1996). A utilização de solventes hidrofóbicos são comumente empregados para recuperações mais eficientes (NOVAES et al., 2015).

Apesar das proteínas exclusivamente na extração com hexano possuir um número alto (72), também foi expressivo a quantidade de proteínas expressas exclusivamente na extração sem hexano (170). Neste estudo, a ausência de replicatas biológicas desta condição impede inferências mais consistentes, porém, frente a estes resultados, acreditamos que a extração com hexano possua validade metodológica.

### **6.3. *Pseudomonas putida* S16 AM – I4**

A *Pseudomonas putida* S16 é conhecida por degradar nicotina através da rota da pirolidina. Ela foi isolada pela primeira vez em solo de plantação tabaco em Shandong, China. Seu genoma completo foi sequenciado em 2011 ([CP002870](#)) (YU et al., 2011), revelando genes com papel na degradação de nicotina em uma grande ilha genômica (TANG et al., 2013).

A capacidade de degradação de nicotina também está presente em outras espécies de *Pseudomonas* como *P. putida* KT2440 (cluster gênico *nic*) (JIMÉNEZ et al., 2008), *Pseudomonas* HF-1 (plasmídeo pMH1) (WANG et al., 2009) e *Pseudomonas* HZN6 (cluster *nox*) (ACTON, 2013).

A cepa de *Pseudomonas putida* S16 – I4 – isolada neste estudo não possui todos os genes identificados por TANG et al (2013), a exceção do gene *amiC* (N-acetilmuramoil-L-alanina amidase), que foi encontrado no sequenciamento do seu genoma completo. O motivo da ausência destes genes permanece desconhecido, mais estudos são necessários para determinar se estes são genes plasmidiais que não foram identificados neste estudo, ou uma possível mutação levou a perda desta característica. Vale ressaltar que a cepa em estudo foi isolada de um lago de dejetos constantemente exposta a resíduos de petróleo.

Interessantemente, a capacidade de degradação de nicotina pela *P. putida* S16 levou XUE et al (2014) do The Scripps Research Institute (TSRI), localizado na Califórnia – EUA – a utilizar a enzima *nicA2* para desenvolver um produto que ajude a metabolizar a nicotina.

Testes em camundongos foram realizados e a enzima foi capaz de reduzir o tempo de vida da nicotina referente a um cigarro de 2-3 horas para 9-15 minutos. Apesar de preliminar, este estudo visa a criação de um medicamento que impeça a nicotina de circular no cérebro e ajude a parar de fumar.

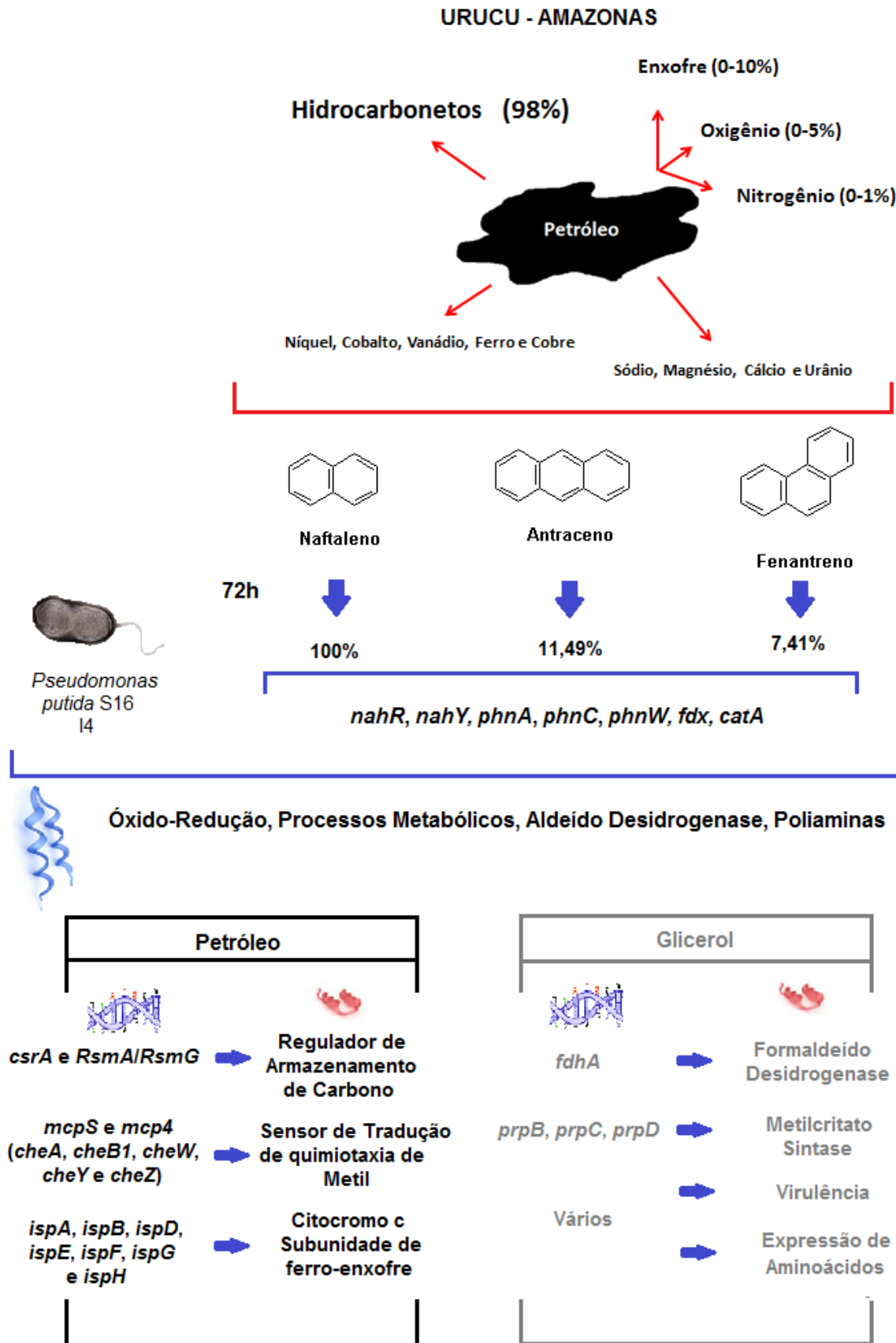
Estudos como o de XUE et al (2014) com a *P. putida* S16 degradadora de nicotina é um exemplo de como a caracterização genética e proteômica podem ser utilizadas para identificar produtos capazes de resolver problemas de natureza prática.

No presente estudo, foi caracterizado o potencial de degradação de petróleo por uma cepa de origem Amazônica identificada como *P. putida* S16. Em seu genoma, foram identificados genes capazes de degradar naftaleno, antraceno e fenantreno (*nah*, *phn*, *fdx*, *catA*), produção de citocromo e quimiotaxia. Em seu proteoma, foram expressas proteínas de óxido-redução, processos metabólicos, poliaminas, aldeído desidrogenase, armazenamento de carbono, quimiotaxia e síntese de aminoácidos (**Figura 21**).

Na comparação de duas fontes de carbono distintas (petróleo e glicerol) houve diferença nas quantidades e funções das proteínas expressas no glicerol, uma vez que a espécie *Pseudomonas* possui a habilidade de degradação deste composto pela presença dos genes *gsp*. A presença de proteínas relacionadas ao metabolismo e óxido-redução quando a cepa em estudo esteve em contato com o petróleo evidenciam a utilização deste como fonte de carbono para o metabolismo bacteriano.

A utilização de compostos tóxicos pela indústria ainda gera resíduos que são passíveis de contaminação ambiental. Estudos como o realizado por XUE et al (2014) persistiram durante cerca de 30 anos até tornar-se um produto eficiente. Trabalhos de pesquisa como aqui apresentado são um passo no caminho para a identificação de genes e enzimas diferenciais de ocorrência natural devido a adaptações a ambientes contaminados que possam ser aplicados em um produto final.





**Figura 21:** Desenho esquemático dos resultados encontrados neste estudo.

*Conclusão*

---

## CONCLUSÕES

Com o presente estudo, pudemos concluir que:

- A cepa I4 foi identificada pelo sequenciamento de seu genoma como *Pseudomonas putida* S16, possuindo 89 genes que podem ser relacionados à degradação de hidrocarbonetos e quimiotaxia de compostos xenobióticos;
- Foi atribuída a *P. putida* S16 (I4) o potencial de degradação de petróleo através da Cromatografia Gasosa. Foram identificadas 51 substâncias diferentes, sendo degradados completamente 23 compostos incluindo alifáticos e saturados, dentre eles HPAs contendo Naftaleno (2 anéis aromáticos);
- Dois HPAs contendo Antraceno e Fenetreno, ambos com 3 anéis aromáticos, sofreram degradação parcial (11,49% e 7,41%, respectivamente), demonstrando a habilidade em degradar substâncias mais complexas em um período de tempo curto (72h);
- Na análise proteômica, foram identificadas 362 proteínas com redundância expressas durante o contato de 7h da *P. putida* S16 AM (I4) com o petróleo, e 282 no contato de 75h; Para o glicerol, foram identificadas 480 na interação de 7h, e 232 no contato de 75h. A quantidade de proteínas expressas durante o contato com o glicerol foi superior a do petróleo, devido à capacidade de degradar glicerol pelas espécies de *Pseudomonas* pela presença dos genes *gsp*;
- Foram identificadas proteínas relacionadas a reações de óxido-redução e processos metabólicos (*Gene Ontology*), pertencentes principalmente à família do aldeído desidrogenase e piridina nucleotídeo-disulfideo oxidoreductase (Pfam), relacionadas à degradação de aminoácidos/compostos tóxicos e n-alcanos, respectivamente;
- Dentre as proteínas exclusivas do contato com o petróleo, foram identificadas proteínas referentes a regulação do armazenamento de carbono, tradução de sensor de quimiotaxia de metil, citocrome c redutase, subunidade de ferro-enxofre (citocromo). Dentre as exclusivas do contato com o glicerol, foram identificadas proteínas relacionadas a síntese de aminoácidos, formaldeído desidrogenase e metilcitrate sintase. Os genes referentes a estas proteínas foram encontrados no genoma da *P. putida* (I4);
- A expressão de proteínas relacionadas ao metabolismo, síntese de aminoácido e reações de óxido redução evidenciam que a cepa *P. putida* S16 – AM (I4), quando em

contato com o petróleo como fonte única de carbono, possui a habilidade de degradá-lo para o funcionamento de seu metabolismo. O potencial proteômico foi confirmado pela presença de genes relacionados à degradação em seu genoma;

- Estudos como o atual são importantes devido à identificação de genes e proteínas que possuem o potencial de se tornarem produtos biotecnológicos de aplicação prática.

*Referências  
Bibliográficas*

---

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADAIME, M. **Cromatografia Fundamentos, Instrumentação e Aplicações**. Universidade Federal de Santa Maria (UFSM) Departamento de Química, 2010. 71p.
- AEBERSOLD, R; MANN, M. Mass spectrometry-based proteomics. **Nature**. 13; 422(6928):198-207, 2003.
- AHMED, I.A.M., ELTAYEB, M.E., MORI, N., ARIMA, J., TANAKA, H., TANIGUCHI, T., YAMANAKA, N. Proteomic analysis of homocholine catabolic pathway in *Pseudomonas* sp. strain A9. **Process Biochemistry**, <http://dx.doi.org/10.1016/j.procbio.2015.07.001>, 2015.
- ALCALDE, M; FERRER, M; PLOU, JF; BALLESTEROS, A. Environmental biocatalysis: from remediation with enzymes to novel green processes. **Trends in Biotechnology**, 24(6):281–287, 2006.
- ALTSCHUL, S. F., GISH, W., MILLER, W., MYERS, E. W., LIPMAN, D. J. Basic local alignment search tool. **Journal of molecular biology**, 215(3):403-410, 1990.
- AMIN, S., SHAH, B., JAIN, K., PATEL, A., PATEL, N., JOSHI, C.G., MADAMWAR, D. Draft Genome Sequence of *Achromobacter* sp. Strain DMS1, Capable of Degrading Polyaromatic Hydrocarbons Isolated from the Industrially Perturbed Environment of Amlakhadi Canal, India. **Genome Announc**. 22;3(5), 2001.
- ANDRADE, J.A.; AUGUSTO, F.; JARDIM, I.C.S.F. Biorremediação de solos contaminados por petróleo e seus derivados. **Eclet. Quím.**, 35(3):17-43, 2010.
- AQUINO, P. F. **Prospecção de candidatos a biomarcadores oncológicos de cânceres gástricos por espectrometria de massas**. **Dissertação** — Universidade Federal do Amazonas, 2012. 174p.
- ARAÚJO, S.S., NEVES, C.M.L., GUIMARÃES, S. L., WHITMAN, C. P., JOHNSON Jr., W.H., APARICIO, R., NAGEM, R.A.P. Structural and kinetic characterization of recombinant 2-hydroxymuconate semialdehyde dehydrogenase from *Pseudomonas putida* G7, **Archives of Biochemistry and Biophysics**, 579:8-17, 2015.

ASHBURNER, M., BALL, C.A., BLAKE, J.A., BOTSTEIN, D., BUTLER, H., CHERRY, J.M., DAVIS, A.P., DOLINSKI, K., DWIGHT, S.S., EPPIG, J., HARRIS, M.A., HILL, D.P., ISSEL-TARVER, L., KASARSKIS, A., LEWIS, S., MATESE, J.C., RICHARDSON, J. E., RINGWALD, M., RUBIN, G. M., SHERLOCK, G. Gene Ontology: tool for the unification of biology **Nature Genetics**. 25:25–29, 2000.

BAIROCH, A., BOECKMANN, B. The SWISS-PROT protein sequence data bank. **Nucleic acids research**, 1992.

BALBA, MT; AL-AWADHI, N; AL-DAHER, R. Biorremediation of oil-contaminated soil: microbiological methods for feasibility assessment and field evaluation. **Journal of Microbiology Methods**, 32: 155-167, 1998.

BANDOUNAS, L., BALLERSTEDT, H., WINDE, J.H., RUIJSSENAARS, H.J. Redundancy in putrescine catabolism in solvent tolerant *Pseudomonas putida* S12, **Journal of Biotechnology**, 154(1): 1-10, 2011.

BATISTA, IH. **Biorremediação de ambientes aquáticos contaminados por resíduos de petróleo: um estudo com bactérias isoladas de *Eichiornia crassipes* na Amazônia**. Tese de Doutorado da Universidade Federal do Amazonas. 2009. 135p.

BOSCH, R., E. GARCÍA-VALDÉS, MOORE, E. R. B. Genetic characterization and evolutionary implications of a chromosomally encoded naphthalene-degradation upper-pathway from *Pseudomonas stutzeri* AN10. **Gene** 236:149-157, 1999.

BRITISH PETROLEUM, 2005. **Statistical Review of World Energy**. Disponível em: [www.bp.com/statisticalreview](http://www.bp.com/statisticalreview).

BUCKEL, W.; WENDISCH, V.F.; DE GRAAF, A.A.; MÜLLER, U.; LINDER, M.I.; LINDER, D.; BUCKEL, W. Propionate oxidation in *Escherichia coli*: evidence for operation of a methylcitrate cycle in bacteria. **Arch. Microbiol.** 168 (5): 428–36, 1997.

CARVALHO, P. C. **Um ambiente computacional para proteômica**. Tese (Doutorado) – Departamento de Engenharia de Sistemas e Computação (COPPE), Rio de Janeiro, 2010.

CARVALHO, P. C.; FISCHER J. S. G.; DEGRAVE, W. M.; CARVALHO, M. G. C. Marcadores séricos e espectrometria de massas no diagnóstico do câncer. **J. Bras Patol Med Lab.** 42(6): 431-436, 2006.

CARVALHO,P. C.; YATES,J. R., III; BARBOSA,V. C. Improving the TFold test for differential shotgun proteomics. **Bioinformatics**, 2012.

CHAI, L., JIANG, X., ZHANG, F., et al. Isolation and characterization of a crude oil degrading bacteria from formation water: comparative genomic analysis of environmental *Ochrobactrum intermedium* isolate versus clinical strains .**Journal of Zhejiang University Science B.**16(10):865-874, 2015.

CHEN, L., XIE, Q.W., NATHAN, C. Alkyl hydroperoxide reductase subunit C (AhpC) protects bacterial and human cells against reactive nitrogen intermediates. **Mol Cell.** 1(6):795-805, 1998.

CHHATRE, S; PUROHIT, H; SHANKER, R; KHANNA, P. Bacterial consortia for crude oil spill remediation. **Water Science Technology**, v. 34, n. 10, p. 187 –193, 1996.

CIERNIAK, P., JÜBNER, M., MÜLLER, S., BENDER, K. Insights into Mechanisms an Proteomic Characterisation of *Pseudomonas aeruginosa* Adaptation to a Novel Antimicrobial Substance. **PLoS ONE** 8(7): e66862. 2013.

CLAES, W.A., PÜHLER, A., KALINOWSKI, J. Identification of two prpDBC gene clustersin *Corynebacterium glutamicum* and their involvement in propionate degradation via the 2-methylcitrate cycle. **J Bacteriol.** 184(10):2728-39, 2002.

COHEN, D.P.A., RENES, J., BOUWMAN, F.G., ZOETENDAL, E. G., MARIMAN, E., DE VOS, W. M., VAUGHAN, E.E. Proteomic analysis of log to stationary growth phase *Lactobacillus plantarum* cells and a 2-DE database. **Proteomics** 6: 0000–0000, 2006.

COIMBRA, M. A.C. **Avaliação dos resultados analíticos de hidrocarbonetos como instrumento jurídico em caso de derrames de petróleo: mangue de Bertioaga.** Universidade de São Paulo, 2006. 110p.

CRAPEZ, MAC; BORGES, ALN; BISPO, MGS; PEREIRA, DC. Biorremediação: Tratamento para derrames de petróleo, **Ciência Hoje**, v. 30, n. 179, 2002.



CUESTA, S.M., RAHMAN, S.A., FURNHAM, N., THORNTON, J.M. The Classification and Evolution of Enzyme Function, **Biophysical Journal**, 109(6):1082-1086, 2015.

DAS, D., BARUAH, R., ROY, S. A., SINGH, A. K., BORUAH, H.P.D., KALITA, J., BORA, T.C. Complete genome sequence analysis of *Pseudomonas aeruginosa* N002 reveals its genetic adaptation for crude oil degradation, **Genomics**, 105(3):182-190, 2015.

DELCHER, A. L., BRATKE, K. A., POWERS, E. C., SALZBERG, S. L. Identifying bacterial genes and endosymbiont DNA with Glimmer. *Bioinformatics*, 23(6), 673-679, 2007.

DENOME, S. A., STANLEY, D. C., OLSON, E. S., YOUNG, K. D. Metabolism of dibenzothiophene and naphthalene in *Pseudomonas* strains: complete DNA sequence of an upper naphthalene catabolic pathway. **J. Bacteriol.** 175:6890-6901, 1993.

DIAS, FG. **Utilização de consórcio microbiano para biorremediação do meio ambiente contaminado com derivados de petróleo.** Tese apresentada à Faculdade de Engenharia de Alimentos da Universidade Estadual de Campinas –SP, 2007. 106p.

EIDHAMMER, I.; FLIKKA, K.; MARTENS, L.; MIKALSEN, S. Computational Methods for Mass Spectrometry Proteomics. **England: John Wiley & Sons Ltda**, 2007.

ENG, J. K., JAHAN, T. A., HOOPMANN, M. R. Comet: An open-source MS/MS sequence database search tool. **Proteomics**, 13: 22–24, 2013.

FASANELLA, C.C. **Diversidade da comunidade de fundo nos manguezais do Estado de São Paulo.** Universidade de São Paulo. 2012. 99p.

FAY, EF; SILVA, CMS; MELO, IS. Degradação de xenobióticos. In MELO, IS; AZEVEDO, JL. **Microbiologia Ambiental.** 2ª ed. Jaguariúna: Embrapa Meio Ambiente, 2008.

FENN, J. B.; MANN, M.; MENG, C. K.; WONG, S. F.; WHITEHOUSE, C. M. Electrospray ionization for mass spectrometry of large biomolecules. **Science**, 246:64 – 71, 1989.

FERNANDES, A.F.T; SILVA, M.B.P; MARTINS, V.V; MIRANDA, C.E.S; STEHLING, E.G. Isolation and characterization of a *Pseudomonas aeruginosa* from a virgin Brazilian Amazon region with potential to degrade atrazine. **Environmental Science and Pollution Research**, 21 (24): 13974-13978, 2014.

FERREIRA, C. R. et al. **Princípios e aplicações da espectrometria de massas em produção animal**. Anais do II Simpósio de Biologia Molecular Aplicada à Produção Animal. São Paulo: 109-136, 2009.

FERRERO, M; LLOBET-BROSSA, E; LALUCAT, J; GARCÍA-VALDÉS, E; ROSSELLÓ-MORA, R; BOSCH, R. Coexistence of Two Distinct Copies of Naphthalene Degradation Genes in *Pseudomonas* Strains Isolated from the Western Mediterranean Region. **Applied and Environmental Microbiology**. 68(2):957-962. doi:10.1128/AEM.68.2.957-962.2002.

FIEHN, O. Metabolomics – the link between genotypes and phenotypes. **Plant Molecular Biology**, v. 48, p.155-171. 2002.

FINN, RD; BATEMAN, A; CLEMENTS, J; COGGILL, P; EBERHARDT, R.Y; EDDY, S.R; HEGER, A; HETHERINGTON, K; HOLM, L; MISTRY, J; SONNHAMMER, E.L; TATE, J; PUNTA, M. Pfam: the protein families database. **Nucleic Acids Res**. Jan;42 (Database issue):D222-30. doi: 10.1093/nar/gkt1223. Epub 2013 Nov 27. PubMed PMID: 24288371; PubMed Central PMCID: PMC3965110. 2014.

FISCHER, J. S. G. **Proteoma diferencial do plasma de pacientes com glioblastoma recidivo e de células A172 em resposta ao álcool perílico**. Tese (Doutorado) – Departamento de bioquímica, Rio de Janeiro, 2010.

FRONZA, L. **Capacidade de Liberação de Hidrocarbonetos dos Sedimentos de Áreas contaminadas do Estuário da Lagoa dos Patos – RS**. Dissertação de Mestrado apresentado ao Curso de Pós-Graduação em Oceanografia Física, Química e Geológica, Rio Grande, 2006. 128p.

FU, J; SHARMA, P; SPICER, V; KROKHIN, O.V; ZHANG, X; FRISTENSKY, B; WILKINS, J.A; CICEK, N; SPARLING, R; LEVIN, D.B. Effects of impurities in biodiesel-derived glycerol on growth and expression of heavy metal ion homeostasis genes and gene products in *Pseudomonas putida* LS46. **Appl Microbiol Biotechnol**. 99 (13):5583-92, 2015.

FUKAYAMA, M. Epstein-Barr virus and gastric carcinoma. **Pathology International** 60: 337–350. 2010.

GARCIA, MRD. **Contribuição de efluentes urbano-industriais da cidade do Rio Grande na contaminação por HPAs dos sedimentos do estuário da Lagoa dos Patos (Rio Grande,**

**RS).** Dissertação de Mestrado apresentado ao Curso de Pós-Graduação em Oceanografia Física, Química e Geológica, Rio Grande, 2005.

GE, H; WALHOUT, A.J.M; VIDAL, M. Integrating ‘omic’ information: a bridge between genomics and systems biology. **Trends in Genetics**, 19:551-560. 2003.

GEFEN, O; FRIDMAN, O; RONIN, I; BALABAN, N.Q. Direct observation of single stationary-phase bacteria reveals a surprisingly long period of constant protein production activity. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**. 111(1):556-561, 2014.

GUENGERICH, F.P. Cytochrome p450 and chemical toxicology. **Chemical Research in Toxicology**, 21(1): 70–83, 2008.

HAMANN C; HEGEMANN J; HILDEBRANDT A. Detection of polycyclic aromatic hydrocarbon degradation genes in different soil bacteria by polymerase chain reaction and DNA hybridization. **FEMS Microbiol Lett**. 173 (1):255-63,1999.

HANSON, K. G.; DESAI, J. D.; DESAI, A. J. *A rapid and simple screening technique for potential crude oil degrading microorganisms*. **Biotechnology Techniques**, 7:745-748, 1993.

HARKITIS, P; DASKALOPOULOS, E.P; MALLIOU, F; LANG, M.A; MARSELOS, M; FOTOPOULOS, A; ALBUCHARALI, G; KONSTANDI, M. Dopamine D2-Receptor Antagonists Down-Regulate CYP1A1/2 and CYP1B1 in the Rat Liver. **PLoS One**. 10(10):e0128708, 2015.

HARRIS, A.D; SMITH, D; JOHNSON, J.A; BRADHAM, D.D; ROGHMANN, M.C. Risk factors for imipenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* among hospitalized patients. **Clin Infect Dis**. 34(3):340-5, 2002.

HICKEY, W.J; CHEN, S; ZHAO, J. The phn Island: A New Genomic Island Encoding Catabolism of Polynuclear Aromatic Hydrocarbons. **Front Microbiol**. 3:125, 2012.

IZMALKOVA, T.Y; SAZONOVA, O.I; KOSHELEVA, I.A; BORONIN, A.M. Phylogenetic analysis of the genes for naphthalene and phenanthrene degradation in *Burkholderia* sp. strains. **Genetika**. 49(6):703-11, 2013.

JIA, Y; YIN, H; YE, J.S; PENG, H; HE, B.Y; QIN, H.M; ZHANG, N; QIANG, J. Characteristics and pathway of naphthalene degradation by *Pseudomonas* sp. N7. **Huan Jing Ke Xue**. 29(3):756-62, 2008.

JIANG, Y; WANG, Y; PANG, W; CHEN, L; SUN, H; LIANG, Y; BLANZIERI, E. Essential protein identification based on essential protein-protein interaction prediction by Integrated Edge Weights. **Methods**. 83:51-62, 2015.

JIMÉNEZ, J.I; CANALES, A; JIMÉNEZ-BARBERO, J; GINALSKI, K; RYCHLEWSKI, L; GARCÍA, J.L; DÍAZ, E. Deciphering the genetic determinants for aerobic nicotinic acid degradation: the nic cluster from *Pseudomonas putida* KT2440. **Proc Natl Acad Sci U S A**. 105(32):11329-34, 2008.

JING Q., BOBO W., JING L., HUANHUAN N., YINGJUAN W., WEINA K., LIXIN S., Genetic determinants involved in the biodegradation of naphthalene and phenanthrene in *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, **Environmental Science and Pollution Research**, 22(9): 6743, 2015.

JOVANCICEVIC, B; ANTIC, MP; SOLEVIC, TM; VRVIC, MM; KRONIMUS, A; SCHWARZBAUER, J. Investigations of interactions between surface water and petroleum type pollutants. **Environment Science & Pollution Research**, 12(4): 205-212, 2005.

KARAS, M; BACHMANN, D; BAHR, U; HILLENKAMP, F. Matrix-assisted ultraviolet laser desorption of non-volatile compounds. **Internacional Journal of Mass Spectrometry and Ion Processes**, 78:53-68, 1987.

KIM, S.J; KWEON, O; CERNIGLIA, C.E. Proteomic applications to elucidate bacterial aromatic hydrocarbon metabolic pathways. **Current Opinion in Microbiology**, 12(13): 301–309, 2009.

KLAUCK, E; HENGGE, R. Controlling Networks in *Escherichia coli*. In: Filloux AAM, editor. **Bacterial Regulatory Networks**. UK: Caister Academic Press; 2012.

KOLACZKOWSKI, B; THORNTON, J.W. Performance of maximum parsimony and likelihood phylogenetics when evolution is heterogeneous. **Nature**. 431(7011): 980-984., 2004.

KUEPPER, J; DICKLER, J; BIGGEL, M; BEHNKEN, S; JAEGER, G; WIERCKX, N; BLANK, L.M. Metabolic engineering of *Pseudomonas putida* KT2440 to produce anthranilate from glucose. **Frontiers in Microbiology**. 6: 1310, 2015.

KUMAR, G; SINGLA, R; KUMAR, R. Plasmid Associated Anthracene Degradation by *Pseudomonas* sp. Isolated from Filling Station Site. **Nature and Science**; 8 (4) 89. 2010.

LANGMEAD, B; SALZBERG, S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. **Nature methods**, 9(4), 357-359. 2012.

LARENTIS, A.L; SAMPAIO, H.C.C; CARNEIRO, C.C; MARTINS, O.B; ALVES, T.L.M. Evaluation of growth, carbazole biodegradation and anthranilic acid production by *Pseudomonas stutzeri*. **Braz. J. Chem. Eng.**, 28(1): 37-44, 2011.

LI, H; HANDSAKER, B; WYSOKER, A; FENNEL, T; RUAN, J; HOMER, N; MARTH, G; ABECASIS, G; DURBIN, R. The sequence alignment/map format and SAM tools. **Bioinformatics**, 25(16), 2078-2079. 2009.

LI, S-S., HU, X., ZHAO, H., LI, Y.-X., GONG, L.-J, GUO, J. and ZHAO, H.-B., Quantitative analysis of cellular proteome alterations of *Pseudomonas putida* to naphthalene induced stress, **Biotechnology Letters**, 2015, v. 37, n. 8, p. 1645-1654.

LIEBLER, D.C. Introduction to proteomics: tools for the new biology. **New jersey: humana press**, 2002.

LIU, H; SUN, W.B; LIANG, R.B; HUANG, L; HOU, J.L; LIU, J.H. iTRAQ-based quantitative proteomic analysis of *Pseudomonas aeruginosa* SJTD-1: A global response to n-octadecane induced stress. **Journal of Proteomics**. 123:14-28, 2015.

LLOYD-JONES, G; LAURIE, A.D; HUNTER, E.W.F; FRASER, R. Analysis of catabolic genes for naphthalene and phenanthrene degradation in contaminated New Zealand soils. **FEMS Microbiol Ecol** 29: 69–79,1999.

LOPES, P. F. **Diversidade taxonômica e potencial de biodegradação de bactérias isoladas de reservatórios de petróleo da Bacia de Campo (RJ)**. Instituto Butantan, 2010. 69p.

LÜCHMANN, K.H; CLARK, M.S; BAINY, A.C; GILBERT, J.A; CRAFT, J.A; CHIPMAN, J.K; THORNE, M.A; MATTOS, J.J; SIEBERT, M.N; SCHROEDER, D.C. Key metabolic

pathways involved in xenobiotic biotransformation and stress responses revealed by transcriptomics of the mangrove oyster *Crassostrea brasiliana*. **Aquat Toxicol.** 166:10-20, 2015.

LUU, R.A, KOOTSTRA, J.D; NESTERYUK, V; BRUNTON, C.N; PARALES, J.V; DITTY, J.L. ParalesRE. Integration of chemotaxis, transport and catabolism in *Pseudomonas putida* and identification of the aromatic acid chemoreceptor PcaY. **Mol Microbiol.** 96(1):134-47, 2015.

MAERKER, C; ROHDE, M; BRAKHAGE, A.A; BROCK, M. Methylcitrate synthase from *Aspergillus fumigatus*. Propionyl-CoA affects polyketide synthesis, growth and morphology of conidia. **FEBS J.**; 272(14):3615-30, 2005.

MANGWANI, N; KUMARI, S; DAS, S. Involvement of quorum sensing genes in biofilm development and degradation of polycyclic aromatic hydrocarbons by a marine bacterium *Pseudomonas aeruginosa* N6P6. **Appl Microbiol Biotechnol.** Dec;99(23):10283-97, 2015.

MARIANO, AP. **Avaliação do Potencial de Biorremediação de Solos e de Águas Subterrâneas Contaminados com Óleo Diesel.** Tese de doutorado, Instituto de Geociências e Ciências Exatas. Universidade Estadual Paulista. Rio Claro, SP, 2006. 162 p.

MARIANO, JB. **Impactos Ambientais do Refino de Petróleo.** 1 ed., Rio de Janeiro, Interciência. 2005.

MEHBOOB, F; OOSTERKAMP, M.J; KOEHORST, J.J; FARRAKH, S; VEUSKENS, T; PLUGGE, C.M; BOEREN, S; DE VOS, W.M; SCHRAA, G; STAMS, A.J.M; SCHAAP, P.J. Genome and proteome analysis of *Pseudomonas chloritidismutans* AW-1<sup>T</sup> that grows on *n*-decane with chlorate or oxygen as electron acceptor. **Environmental Microbiology.** doi: 10.1111/1462-2920.12880, 2015.

MIRANDA, M.J.M. **Degradação de naftaleno, fenantreno e benzo(a)pireno em solos e sedimentos de ambientes costeiros, oceânicos e antárticos.** Universidade Federal de Viçosa, 2008.

MIYAZAKI, R; BERTELLI, C; BENAGLIO, P; CANTON, J; DE COI, N; GHARIB, W. H; GJOKSI, B; GOESMANN, A; GREUB, G; HARSHMAN, K; LINKE, B; Mikulic, J; MUELLER, L; NICOLAS, D; ROBINSON-RECHAVI, M; RIVOLTA, C; ROGGO, C;

ROY, S; SENTCHILO, V; SIEBENTHAL, A.V; FALQUET, L; VAN DER MEER, J. R. Comparative genome analysis of *Pseudomonas knackmussii* B13, the first bacterium known to degrade chloroaromatic compounds. **Environmental Microbiology**, 17: 91–104, 2015.

MOODY, J. D; FREEMAN, J.P; DOERGE, D.R; CERNIGLIA, C.E. Degradation of phenanthrene and anthracene by Cell Suspensions of *Mycobacterium* sp. Strain PYR-1. **Applied and Environmental Microbiology**.67(4):1476-1483, 2001.

MOSCOSO F; DEIVE, F.J; LONGO, M.A; SANROMÁN M. A. Insights into polyaromatic hydrocarbon biodegradation by *Pseudomonas stutzeri* CECT 930: operation at bioreactor scale and metabolic pathways. **International Journal of Environmental Science and Technology**, 2014.

NAGAO, S; UEDA, M; OSUKA, H; KOMORI, H; KAMIKUBO, H; KATAOKA, M; HIGUCHI, Y; HIROTA, S. Domain-swapped dimer of *Pseudomonas aeruginosa* cytochrome c551: structural insights into domain swapping of cytochrome c family proteins. **PLoS One**.8;10(4):e0123653, 2015.

NAKAMURA, H; KATO, K; MASUDA, Y; KATO K. Activity of formaldehyde dehydrogenase on titanium dioxide films with different crystallinities, **Applied Surface Science**, 329:262-268, 2015.

NETTO, C.G.C.M; ANDRADE, L.H; TOMA, H.E. Association of *Pseudomonas putida* formaldehyde dehydrogenase with superparamagnetic nanoparticles: an effective way of improving the enzyme stability, performance and recycling. **New J. Chem.**, 39:2162-2167, 2015.

NIKEL, P.I.; PÉREZ-PANTOJA, D.; LORENZO, V. Why are chlorinated pollutants so difficult to degrade aerobically? Redox stress limits 1,3-dichloroprop-1-ene metabolism by *Pseudomonas pavonaceae*. **Phil. Trans. R. Soc. B.**, 2013, p 368.

NOVAES, L.F.T., SAROTTI, A.M., Pilli, R.M. **Total synthesis and stereochemical assignment of cryptolatifolione**. *RSC Advances* 5(66): 53471-53476, 2015.

NYER, EK. **Groundwater and Petroleum Remediation: Pratical Methods and Strategies**, Ann Arbor Press, USA, 1998.

OBAYORI, O. S. et al. Differential degradation of crude oil (Bonny Light) by four *Pseudomonas* strains. **Journal of Environmental Sciences**, 1(2):109-114, 2015.

OLIVEIRA, FJS; DE FRANÇA, FP. The use of biostimulation and intrinsic bioremediation for crude-oil contaminated sandy soil treatment. **Solos e Rochas - Revista Brasileira de Geotecnia**, 27( 3): 287-292, 2004.

OLIVEIRA, FJSO. **Biorremediação de solo arenoso contaminado por óleo cru**. Dissertação de mestrado apresentado a Universidade Federal do Rio de Janeiro, 2001. 101p.

OLIVEIRA, T. B. O Patenteamento de seres vivos e as repercussões jurídicas na biotecnologia. Universidade Federal da Bahia, 2007.

OLLIVIER, B; MAGOT, M. **Petroleum Microbiology**. Washington D.C., USA, 2005.

PANTSURNAYA T., DELAUNAY S., GOERGEN J-L, *et al.* Biodegradation of Phenanthrene by *Pseudomonas putida* and a Bacterial Consortium in the Presence and in the Absence of a Surfactant. **Indian Journal of Microbiology**. 52: 420-426, 2012.

PARALES R. E., LUU R. A., HUGHES J. G., DITTY J. L., Bacterial chemotaxis to xenobiotic chemicals and naturally-occurring analogs, **Current Opinion in Biotechnology**, 33:318-326, 2015.

PASTORELLO, N.A.H. Avaliação dos riscos ocupacionais a compostos orgânicos voláteis em ambientes aeroportuários: implementação de metodologia. **Instituto de Pesquisas Energéticas e Nucleares Associada a Universidade de São Paulo**. 2008.

PEIXOTO, R. M.; VIEIRA, J. D. G. Determination of the degrading potential of bacteria isolated from an environment impacted by petroleum and derivatives using 2,6-dichlorophenolindophenol (DCPIP). **First Brazilian Symposium on Petroleum Biotechnology**, Natal-RN, 2005.

PEIXOTO, R.S.; VERMELHO, A.B.; ROSADO, A.S.. Petroleum-Degrading Enzymes: Bioremediation and New Prospects. **Enzyme Research**, 1-7, 2011.

PENG R.H., XIONG A.S., XUE Y., FU X.Y., GAO F., ZHAO W., TIAN Y.S., YAO Q.H.. Microbial biodegradation of polyaromatic hydrocarbons. **FEMS Microbiol Rev.**, 32(6):927-55, 2008.



PINHATI, F.R. *et al.* Avaliação da eficiência de degradação de hidrocarbonetos aromáticos por bactérias provenientes de estação de tratamento de efluente de refinaria de petróleo. **Química Nova**, 37( 8): 1269-1274, 2014.

PIRÔLLO, MPS. Estudo da produção de Biossurfactantes Utilizando Hidrocarbonetos. **Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas**, 2006. 73p.

PRIVA S., SHANMUGAPRIVA O.N., Studies on the biodegradation of hydrocarbons using *Pseudomonas aeruginosa* and *Aspergillus niger*, **International Journal of Prevention and Control of Industrial Pollution**, 1(1), 2015.

PROCTOR A., BOWEN D.J., Ambient-temperature extraction of rice bran oil with hexane and isopropanol. **Short Communication**, Journal of the American Oil Chemists Society, , 73( 6): 811-813,1996.

QI, J; WANG, B; LI, J; NING, H; WANG, Y; KONG, W; SHEN, L. Genetic determinants involved in the biodegradation of naphthalene and phenanthrene in *Pseudomonas aeruginosa* PAO1. **Environ Sci Pollut Res Int**. 22(9):6743-55, 2015.

QIU J., MA Y., ZHANG J., WEN Y., LIU W. Cloning of a Novel Nicotine Oxidase Gene from *Pseudomonas* sp. Strain HZN6 Whose Product Nonenantioselectively Degrades Nicotine to Pseudooxynicotine. **Applied and Environmental Microbiology**., 79(7): 2164-2171, 2013.

QUEIROZ, M. S. M., **Hidrocarbonetos policíclicos aromáticos em sedimentos de fundo do estuário do rio Potengi, região da grande Natal (RN): implicações ambientais**. Universidade Federal do Rio Grande do Norte, Natal, 2011. 114p.

RESENDE, AA. Mecanismos gerais de degradação bacteriana dos compostos hidrocarbonetos monoaromáticos: Benzeno, Tolueno, Etilbenzeno e Xileno (BTEX). **Monografia apresentada ao Departamento de Microbiologia do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade Federal de Minas Gerais**, BH, 2007, 64 p.

REVELLES, O., MILLARD, P., NOUGAYRÈDE, J.P., DOBRINDT, U., OSWALD E., *et al.* The Carbon Storage Regulator (Csr) System Exerts a Nutrient-Specific Control over Central Metabolism in *Escherichia coli* Strain Nissle 1917. **PLoS ONE**, 8( 6), 2013.

RIBEIRO, D. L. R., VERAS, S. T. S. , PACHECO FILHO, J. G. A. , CAMPOS-TAKAKI G. M., PALHA M.de L. A. P. F., **Acompanhamento por espectroscopia de infravermelho (FTIR) da degradação do diesel e do biodiesel por *Pseudomonas aeruginosa***, Universidade Federal de Pernambuco, 2007.

RICKEN, B., KOLVENBACH, B. A., CORVINI, P., Ipso-substitution the hidden gate to xenobiotic degradation pathways, **Current Opinion in Biotechnology**, 33: 220-227, 2015.

ROJO, F. Enzymes for Aerobic Degradation of Alkanes. **Centro Nacional de Biotecnologia, CSIC**, 2011.

ROLFE, M.D., RICE, C.J., LUCCHINI, S., *et al.* Lag phase is a distinct growth phase that prepares bacteria for exponential growth and involves transient metal accumulation. **Journal of Bacteriology**. 194(3): 686-701, 2012.

SANTOS, E.C. **Hidrocarbonetos policíclicos aromáticos (HPA's) e saturados em sedimentos superficiais de manguezais da ilha de itaparica**, Universidade Federal da Bahia, 2012.

Seo, J.-S., Keum, Y.-S., & Li, Q. X. Bacterial Degradation of Aromatic Compounds. **International Journal of Environmental Research and Public Health**, 6(1), 278–309, 2009.

SHAH, P., SWIATLO, E., A multifaceted role for polyamines in bacterial pathogens. **Molecula Microbiology**, 68(1):4-16, 2008.

SHARMA, D., ANSARI, M. J., AL-GHAMDI, A., ADGABA, N., KHAN, K. A., PRUTHI, V., AL-WAILI, N., Biosurfactant production by *Pseudomonas aeruginosa* DSVP20 isolated from petroleum hydrocarbon-contaminated soil and its physicochemical characterization, 22 (22): 17636-17543, 2015.

SHIMADA, T., Xenobiotic-metabolizing enzymes involved in activation and detoxification of carcinogenic polycyclic aromatic hydrocarbons. **Drug Metabolic Pharmacokinet**, 21: 257–276, 2012.

SHIN, H.B., YOON, J., LEE Y, KIM, M.S., LEE, K., Comparison of MALDI-TOF MS, Housekeeping Gene Sequencing, and 16S rRNA Gene Sequencing for Identification of *Aeromonas* Clinical Isolates. **Yonsei Medical Journal**, 56( 2) 550-555, 2015.

SILVA, A.M.S., CORRÊA, C. G., REIS, E. M. Proteomica-Uma abordagem funcional do genoma. **Saúde e Ambiente em Revista.**, 2( 2): 1-10, 2007.

SILVA, D.S.P. **Degradação de óleo diesel por consórcio microbiano misto isolado de ambiente poluído**, Universidade Federal de Pernambuco, 2012.

SINGH, B.N., RAWAT, A.K.S., KHAN, W.N., SINGH, BR, Biosynthesis of stable antioxidante ZnO nanoparticles by *Pseudomonas aeruginosa* rhamnolipids, **PLoS ONE**, 9: 9, 2014.

SNUSTAD, P.; SIMMONS, M. J. Fundamentos de Genética. **Ed. Guanabara Koogan S.A.** Rio de Janeiro, RJ, 2001, 756p.

SUENAGA, H., KOYAMA, Y., MIYAKOSHI, M., MIYAZAKI, R., YANO, H., SOTA, M., OHTSUBO, Y., TSUDA, M. and MIYAZAKI, K., Novel organization of aromatic degradation pathway genes in a microbial community as revealed by metagenomic analysis, **The ISME Journal**, 3: 1335-1348, 2009.

SUN, Y., CHEN, Z., XU, S., CAI, P., Stable carbon and hydrogen isotopic fraction of individual *n*-alkanes accompanying biodegradation: evidence from group of progressively biodegraded oils. **Organic Geochemistry.**, 36: 225-238, 2005.

SUTHERLAND, TD., HORNE, I., WEIR, KM., COPPIN, CW., WILLIAMS, MR., SELLECK, M., RUSSELL, RJ., OAKESHOTT, JG. Enzymatic bioremediation: from enzyme discovery to applications. **Clinical and Experimental Pharmacology and Physiology**v. 31: 817-821, 2004.

TAKIZAWA, N., KAIDA, N., TORIGOE, S., MORITANI, T., SAWADA, T., S. SATOH, S. and KIYUOHARA, H., Identification and characterization of genes encoding polycyclic aromatic hydrocarbon dioxygenase and polycyclic aromatic hydrocarbon dihydrodiol dehydrogenase in *Pseudomonas putida* OUS82. **Journal. Bacteriology**, 176: 2444-2449, 1994.

TANG, H., WANG, S., MA, L., MENG, X., DENG, Z., ZHANG, D., MA, C., XU, P. A novel gene, encoding 6-hydroxy-3-succinoylpyridine hydroxylase, involved in nicotine degradation by *Pseudomonas putida* strain S16. **Appl Environ Microbiol.** 74(5):1567-74, 2008.

TANG, H., YAO, Y., WANG, L., YU, H., REN, Y., WU, G., XU, P. Genomic analysis of *Pseudomonas putida*: genes in a genome island are crucial for nicotine degradation **Scientific Reports** 2: 377, 2014.

TANG, H., YAO, Y., ZHANG, D., MENG, X., WANG, L., YU, H., MA, L., XU, P. A novel NADH-dependent and FAD-containing hydroxylase is crucial for nicotine degradation by *Pseudomonas putida*. **J Biol Chem.** 11;286(45):39179-87, 2011.

TARTAGLIA, L.A., STORZ, G., BRODSKY, M.H., LAI, A., AMES, B.N. Alkyl hydroperoxide reductase from *Salmonella typhimurium*. Sequence and homology to thioredoxin reductase and other flavoprotein disulfide oxidoreductases. **J Biol Chem.**;265(18) 10535-10540, 1990.

TONINI, R.M.C.W., REZENDE, C.E. , GRATIVOL, A.D. DEGRADAÇÃO E BIORREMEDIAÇÃO DE COMPOSTOS DO PETRÓLEO POR BACTÉRIAS: REVISÃO. **Oecologia Australis** 14(4): 1025-1035, 2010.

UNEP – UNITED NATIONS ENVIRONMENT PROGRAMME. **Determinations of petroleum hydrocarbons in sediments.** Reference methods for marine pollution studies, n. 20, 1991.

USEPA - U.S. Environmental Protection Agency. ***Procedures for the Derivation of Equilibrium Partitioning Sediment Benchmarks (ESBs) for the Protection of Benthic Organisms: PAH Mixtures.*** Disponível em: [www.epa.gov/nheerl/publications/files/PAHESB.pdf](http://www.epa.gov/nheerl/publications/files/PAHESB.pdf), 2003.

USEPA - U.S. Environmental Protection Agency. **States Environmental Protection Agency National Contingency Plan Product.** Disponível em: [http://www.epa.gov/osweroe1/content/ncp/product schedule](http://www.epa.gov/osweroe1/content/ncp/product%20schedule), 2011.

VALLON, T., SIMON, O., RENDGEN-HEUGLE, B., FRANA, S., MÜCKSCHEL, B., BROICHER, A., SIEMANN-HERZBERG, M., PFANNENSTIEL, J., HAUER, B., HUBER, A., BREUER, M. TAKORS, R. Applying systems biology tools to study *n*-butanol degradation in *Pseudomonas putida* KT2440. **Eng. Life Sci.**, 15: 760–771., 2015.

VASILIOU, V., PAPPA, A., PETERSEN, D.R. Role of aldehyde dehydrogenases in endogenous and xenobiotic metabolism. **Chem Biol Interact.**;129(1-2):1-19, 2000.

VINOTHINI, C., SUDHAKAR, S., RAVIKUMAR, R. Biodegradation of petroleum and crude oil by *Pseudomonas putida* and *Bacillus cereus*. **Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci** 4(1): 318-329, 2015.

WACKETT, L.P., GIBSON, D.T. Degradation of trichloroethylene by toluene dioxygenase in whole-cell studies with *Pseudomonas putida* F1. **Appl Environ Microbiol.** 54(7):1703-8, 1988.

WANG, J.N., SHI, Y.Y., ZHENG, L.Y., WANG, Z., CAI, Z., LIU, J. Isolation and Identification of Petroleum Degradation Bacteria and Interspecific Interactions Among Four *Bacillus* Strains. **Huan Jing Ke Xue.** 36(6) 2245-2251, 2015.

WANG, M., YANG, G., MIN, H., LV, Z. A novel nicotine catabolic plasmid pMH1 in *Pseudomonas* sp. strain HF-1. **Can J Microbiol.** 55(3):228-33, 2009.

WANG, S. N., LIU, Z., TANG, H. Z., MENG, J., XU, P. Characterization of environmentally friendly nicotine degradation by *Pseudomonas putida* biotype A strain S16. **Microbiology,** 153: 1556-1565, 2007.

WANG, Y., LAU, P.C., BUTTON, D.K. A marine oligobacterium harboring genes known to be part of aromatic hydrocarbon degradation pathways of soil pseudomonads. **Appl Environ Microbiol.** 62(6):2169-73, 1996.

WHITELEY, CG; LEE, DJ. Enzyme technology and biological remediation, **Enzyme and Microbial Technology,** 38(3-4): 291–316, 2006.

WILSON, Adam. Bacterial c-type cytochromes and pathogenicity. **European Journal of BioMedical Research,** 1(1):17-21, 2015

WONG, M.L., AN, D., CAFFREY SM, SOH, J., DONG, X., SENSEN, C.W., OLDENBURG, T.B., LARTER, S.R., VOORDOUW, G. Roles of Thermophiles and Fungi in Bitumen Degradation in Mostly Cold Oil Sands Outcrops. **Appl Environ Microbiol.** Oct;81(19):6825-38. 2015

XUE, S., SCHLOSBERG, J. E., JANDA' K. D. A New Strategy for Smoking Cessation: Characterization of a Bacterial Enzyme for the Degradation of Nicotine. **J. Am. Chem. Soc.,** 137 (32):10136–10139, 2015.

YAMAMOTO, S; KASAI, H; ARNOL, DA. Phylogeny of the genus *Pseudomonas*: intrageneric structure reconstructed from de nucleotide sequences of gyrB and rpoD genes. **Microbiology**, 146: 2385-2394, 2000.

YAMANAKA, T; KIJIMOTO, S; OKUNUKI, K. Biological significance of *Pseudomonas* cytochrome oxidase in *Pseudomonas aeruginosa*. **Journal Biochemistry**, 53:416-421, 1963.

YATES, J. R., III; PARK,S. K.; DELAHUNTY,C. M.; XU,T.; SAVAS,J. N.; COCIORVA,D.; CARVALHO,P. C. Toward objective evaluation of proteomic algorithms. **Nat. Methods** 9:455-456, 2012.

YATES, J.; RUSE, C. I.; NAKORCHEVSKY, A. Proteomics by mass spectrometry: approaches, advances, and applications. *Annual Reviews Biomed. Eng.*, 11:49-79, 2009.

YU H, TANG H, WANG L, YAO Y, WU G, XU P. Complete genome sequence of the nicotine-degrading *Pseudomonas putida* strain S16. **J Bacteriol.** 193(19):5541-2, 2011

YUNKER, MB; MACDONALD, RW; VINGARZAN, R; MITCHELL, RH; GOYETTE, D; SYLVESTRE, S. PAHs in the Fraser River basin: a critical appraisal of PAH ratios as indicators of PAH source and composition. **Organic Geochemistry**, 33(4): 489-515, 2002.

ZACHARIAH, G.G.; DHANASEKARAN, N. The Microrevolution: Applications and Impacts of Microarray Technology on Molecular Biology and Medicine. **International Journal of Molecular Medicine**,13: 483-495. 2004.

ZAROS, L. G., NIRLEI, A. S., NINOV, K. **APOSTILA DE SEQUENCIAMENTO DE DNA**. SEQUENCIAMENTO - KIT AMERSHAM (GE), 2008.

ZHANG, C; BENNETT, GN. Biodegradation of xenobiotics by anaerobic bacteria. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 67, p. 600-618, 2005.

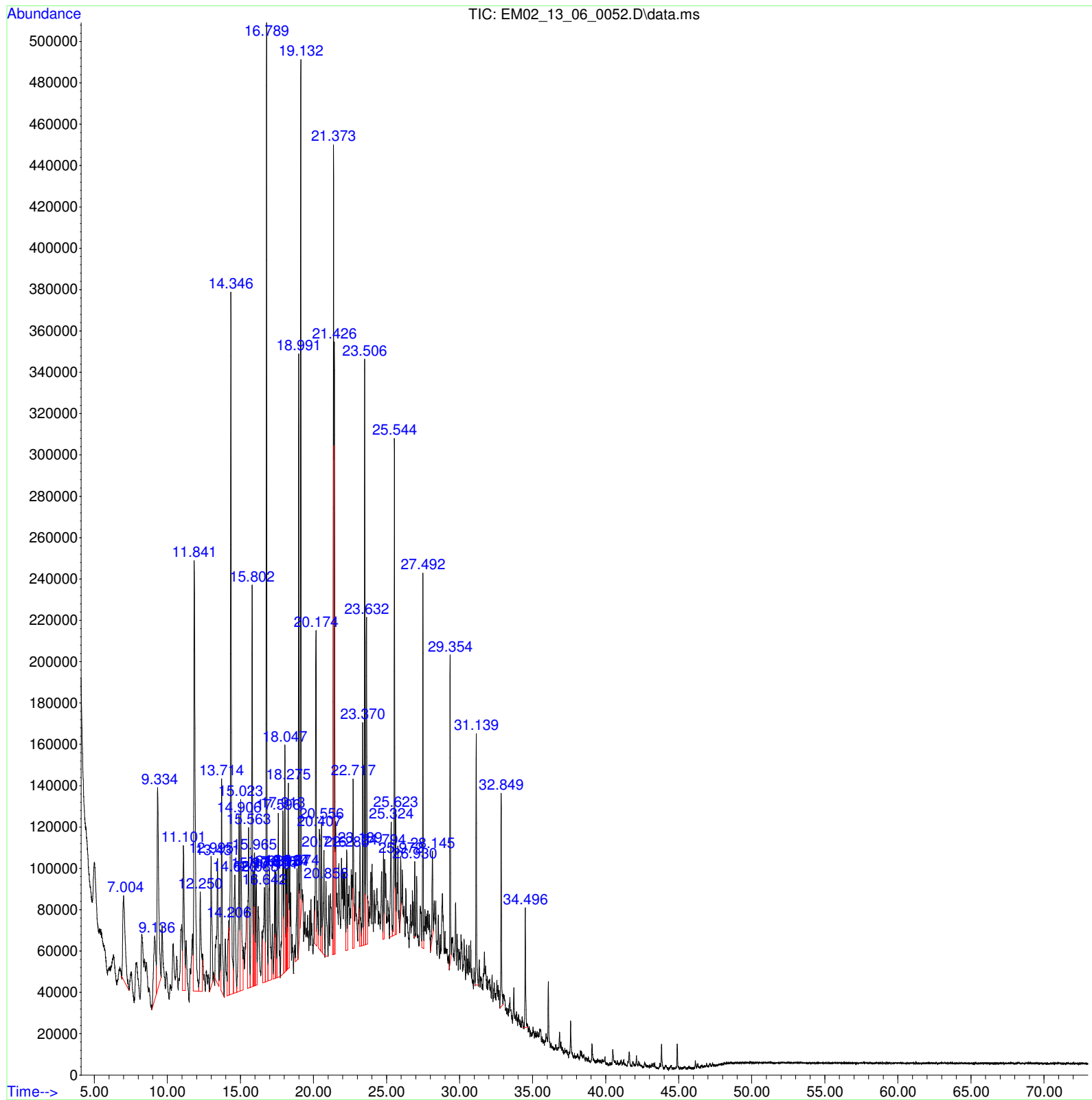
ZHANG, X.; FANG, A.; RILEY, C. P.; WANG, M.; REGNIER, F. E.; BUCK, C. Multi-dimensional liquid chromatography in proteomics – a review. **Analytica Chimica Acta**, 664:101 – 113, 2010.

*Anexos*

---

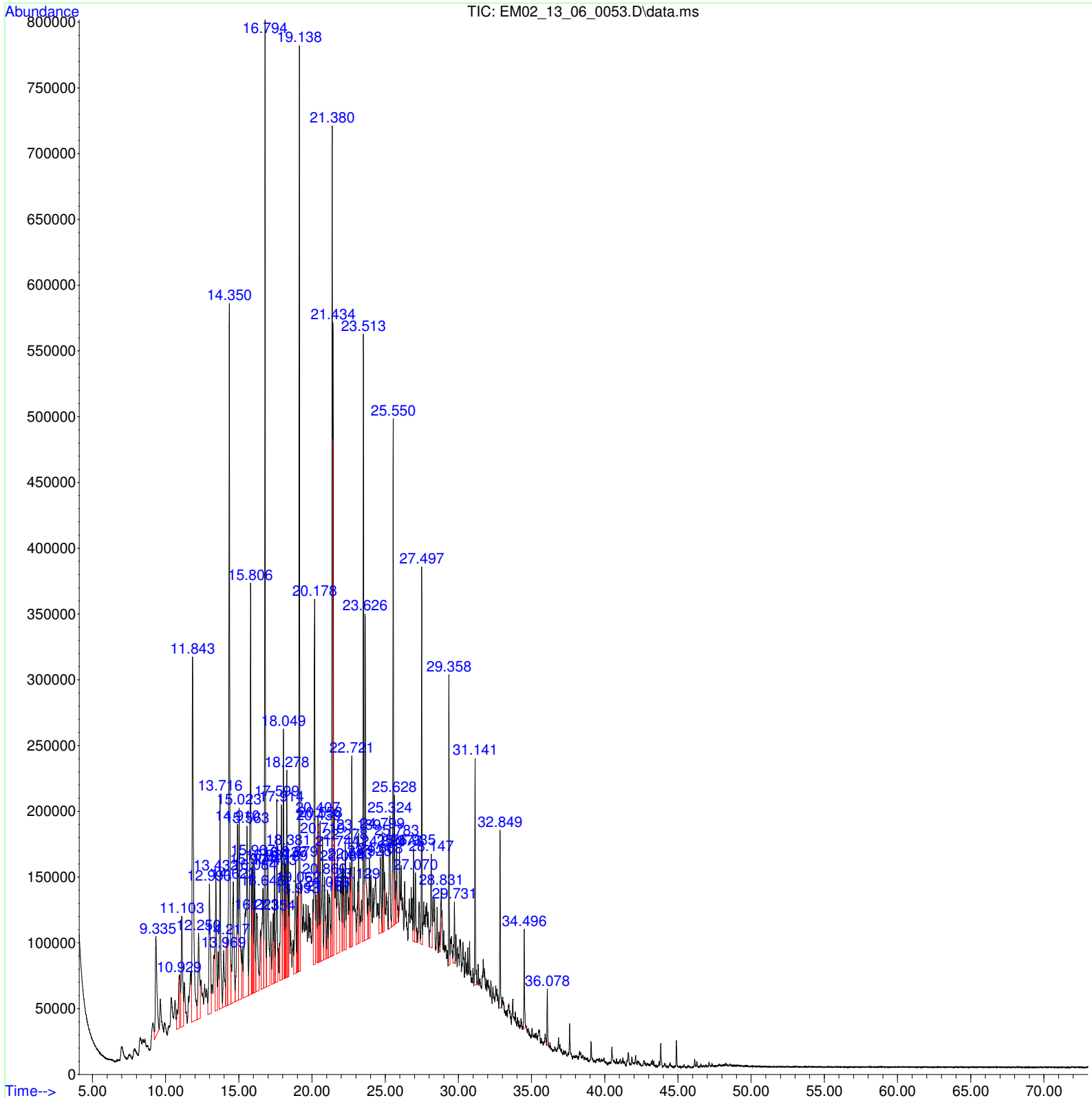
---

Petróleo Bruto



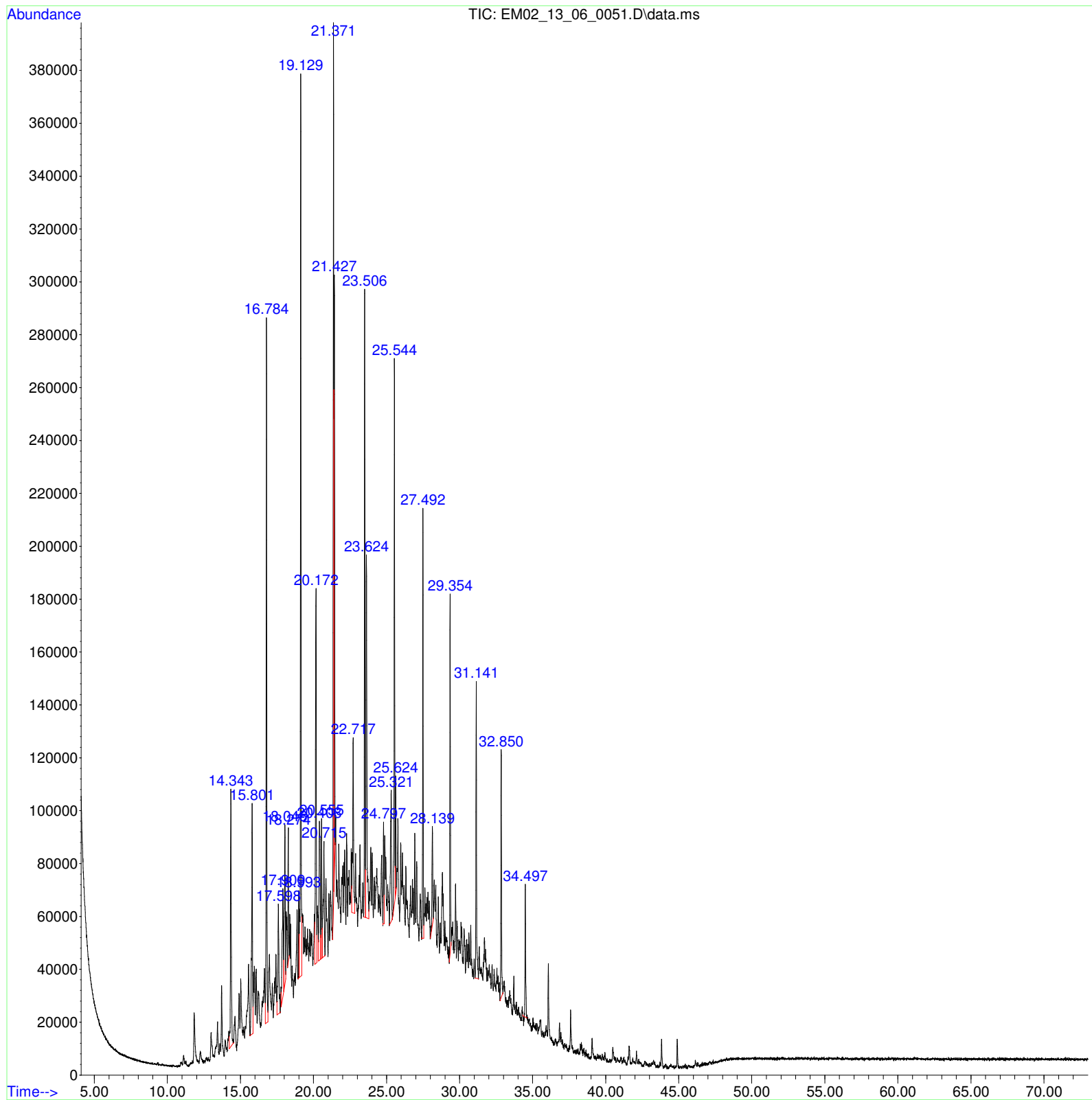


Controle (BH + Petr leo)



Experimento

BH + Petróleo + I4



## ANEXO 2

Pesquisa do Periódico CAPES – *Pseudomonas putida* S16

The screenshot shows the CAPES Periódicos website interface. The search bar contains the text 'pseudomonas putida 516'. Below the search bar, the results are displayed as 'Resultados de 1 - 10 para 50 para Portal de Periódicos'. The search results are ordered by 'Título' and show 'Mostrar somente Periódicos revisados por pares (43)'. The website header includes navigation links like 'Participe', 'Serviços', 'Legislação', and 'Canais'. The footer includes 'Perguntas frequentes' and 'Contato'.

[6-hydroxy-3-succinylpyridine hydroxylase catalyzes a central step of nicotine degradation in \*Agrobacterium tumefaciens\* S33](#)

Li, Huili ; Xie, Kebo ; Huang, Haiyan ; Wang, Shuning  
PloS one, 2014, Vol.9(7), pp.e103324

[6-Hydroxy-3-Succinylpyridine Hydroxylase Catalyzes a Central Step of Nicotine Degradation in \*Agrobacterium tumefaciens\* S33.\(Research Article\)](#)

Li, Huili ; Xie, Kebo ; Huang, Haiyan ; Wang, Shuning  
PLoS ONE, July 23, 2014, Vol.9(7)

[A Novel Gene, Encoding 6-Hydroxy-3-Succinylpyridine Hydroxylase, Involved in Nicotine Degradation by \*Pseudomonas putida\* Strain S16](#)

Tang, Hongzhi ; Wang, Shuning ; Ma, Lanying ; Meng, Xiangzhou ; Deng, Zixin ; Zhang, Dake ; Ma, Cuiqing ; Xu, Ping  
Applied and Environmental Microbiology, 2008, Vol. 74(5), p.1567

[A novel NADH-dependent and FAD-containing hydroxylase is crucial for nicotine degradation by \*Pseudomonas putida\*](#)

Tang, Hongzhi ; Yao, Yuxiang ; Zhang, Dake ; Meng, Xiangzhou ; Wang, Lijuan ; Yu, Hao ; Ma, Lanying ; Xu, Ping  
The Journal of biological chemistry, 11 2011, Vol.286(45), pp.39179-87

[A novel nicotine catabolic plasmid pMH1 in \*Pseudomonas\* sp. strain HF-1](#)

Wang, Meizhen ; Yang, Guiqin ; Min, Hang ; Lv, Zhenmei  
Canadian journal of microbiology 2009, Vol.55(3), pp.228-33

[An enoate reductase Achr-OYE4 from \*Achromobacter\* sp. JA81: characterization and application in asymmetric bioreduction of C=C bonds.\(BIOTECHNOLOGICALLY RELEVANT ENZYMES AND PROTEINS\)\(Report\)](#)

Wang, Hai-Bo ; Pei, Xiao-Qiong ; Wu, Zhong-Liu  
Applied Microbiology and Biotechnology, Jan 15, Vol.98(2), p.705(11)

[An unusual repressor controls the expression of a crucial nicotine-degrading gene cluster in \*Pseudomonas putida\* S16](#)

Wang, Lijuan ; Tang, Hongzhi ; Yu, Hao ; Yao, Yuxiang ; Xu, Ping  
Molecular microbiology 2014, Vol.91(6), pp.1252-69

**[Analysis of the draft genome of \*Pseudomonas fluorescens\* ATCC17400 indicates a capacity to take up iron from a wide range of sources, including different exogenous pyoverdines](#)**

Ye, Lumeng ; Matthijs, Sandra ; Bodilis, Josselin ; Hildebrand, Falk ; Raes, Jeroen ; Cornelis, Pierre  
BioMetals, 2014, Vol.27(4), pp.633-644

**[Analysis of the microbial gene landscape and transcriptome for aromatic pollutants and alkane degradation using a novel internally calibrated microarray system](#)**

Vilchez - Vargas, Ramiro ; Geffers, Robert ; Suarez - Diez, Maria ; Conte, Ianina ; Waliczek, Agnes ; Vanessa Sabrina Kaser ; Kralova, Monika ; Junca, Howard ; Pieper, Dietmar H.  
Environmental Microbiology, April, 2013, Vol.15(4), p.1016(24)

**[Biodegradation of nicotine by a novel strain \*Pseudomonas\*](#)**

Ma, Yun ; Wen, Rongti ; Qiu, Jiguo ; Hong, Jun ; Liu, Meng ; Zhang, Dou  
Research in Microbiology, February-March 2015, Vol.166(2), pp.67-71

**[Data on microbiology described by researchers at Zhejiang University](#)**

Science Letter, June 2, 2009, p.1796  
Cengage Learning, Inc.

**[Bioremediation of the tobacco waste-contaminated soil by \*Pseudomonas\* sp. HF-1: nicotine degradation and microbial community analysis.\(ENVIRONMENTAL BIOTECHNOLOGY\)](#)**

Wang, Xin ; Tang, Lu ; Yao, Yanlai ; Wang, Haixia ; Min, Hang ; Lu, Zhenmei  
Applied Microbiology and Biotechnology, July 1, 2013, Vol.97(13), p.6077(12)

**[ClubSub-P: Cluster-Based Subcellular Localization Prediction for Gram-Negative Bacteria and Archaea](#)**

Paramasivam, Nagarajan ; Linke, Dirk  
Frontiers in Microbiology, 2011, Vol.2

**[Comparative genomic analysis of four representative plant growth-promoting rhizobacteria in \*Pseudomonas\*.\(Research article\)](#)**

Shen, Xuemei ; Hu, Hongbo ; Peng, Huasong ; Wang, Wei ; Zhang, Xuehong  
BMC Genomics, April 22, 2013, Vol.14, p.271

**[Complete Genome Sequence of the Nicotine-Degrading \*Pseudomonas putida\* Strain S16](#)**

Yu, Hao ; Tang, Hongzhi ; Wang, Lijuan ; Yao, Yuxiang ; Wu, Geng ; Xu, Ping  
Journal of Bacteriology, 2011, Vol. 193(19), p.5541

**[Degradation of polyurethane by bacterium isolated from soil and assessment of polyurethanolytic activity of a \*Pseudomonas putida\* strain](#)**

Peng, Yu-Huei ; Shih, Yang-hsin ; Lai, Yen-Chun ; Liu, Yuan-Zan ; Liu, Ying-Tong ; Lin, Nai-Chun  
Environmental Science and Pollution Research, 2014, Vol.21(16), pp.9529-9537

**[Diversity analysis of the bacterial community in tobacco waste extract during reconstituted tobacco process](#)**

Liu, Huagui ; He, Houlong ; Cheng, Changhe ; Liu, Jinli ; Shu, Ming ; Jiao, Yang ; Tao, Feng ; Zhong, Weihong  
Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, Vol.99(1), pp.469-476

**[Effect of \*Pseudomonas\* sp. HF-1 inoculum on construction of a bioaugmented system for tobacco wastewater treatment: analysis from quorum sensing](#)**

Wang, Mei-Zhen ; He, Hong-Zhen ; Zheng, Xin ; Feng, Hua-Jun ; Lv, Zhen-Mei ; Shen, Dong-Sheng  
Environmental Science and Pollution Research, 2014, Vol.21(13), pp.7945-7955

**[Evidence for existence of quorum sensing in a bioaugmented system by acylated homoserine lactone-dependent quorum quenching](#)**

Zhang, Kun ; Zheng, Xin ; Shen, Dong-sheng ; Wang, Mei-zhen ; Feng, Hua-jun ; He, Hong-zhen ; Wang, Shuo ; Wang, Jue-hua  
Environmental Science and Pollution Research, 2015, Vol.22(8), pp.6050-6056

**Evolution, substrate specificity and subfamily classification of glycoside hydrolase family 5 (GH5).(Research article)(Report)**

Aspeborg, Henrik ; Coutinho, Pedro M. ; Wang, Yang ; Brumer, Harry , Iii ; Henrissat, Bernard  
BMC Evolutionary Biology, Sept 20, 2012, Vol.12, p.18

**Evolution, substrate specificity and subfamily classification of glycoside hydrolase family 5 (GH5)**

Aspeborg, Henrik ; Coutinho, Pedro M ; Wang, Yang ; Brumer, Harry ; Henrissat, Bernard  
BMC Evolutionary Biology, 2012, Vol.12, p.186-186

**Functional Identification of a Novel Gene, moaE, for 3-Succinoylpyridine Degradation in Pseudomonas putida S16**

Jiang, Yi ; Tang, Hongzhi ; Wu, Geng ; Xu, Ping  
Scientific reports, 2015, Vol.5, pp.13464

**Genome features of Pseudomonas putida LS46, a novel polyhydroxyalkanoate producer and its comparison with other P. putida strains**

Sharma, Parveen ; Fu, Jilagamazhi ; Zhang, Xiangli ; Fristensky, Brian ; Sparling, Richard ; Levin, David  
AMB Express, 2014, Vol.4(1), pp.1-18

**Genome-wide investigation of the genes involved in nicotine metabolism in Pseudomonas putida J5 by Tn 5 transposon mutagenesis**

Xia, Zhenyuan ; Zhang, Wei ; Lei, Liping ; Liu, Xingzhong ; Wei, Hai-Lei  
Applied Microbiology and Biotechnology, 2015, Vol.99(15), pp.6503-6514

**Genomic analysis of Pseudomonas putida: genes in a genome island are crucial for nicotine degradation**

Tang, Hongzhi ; Yao, Yuxiang ; Wang, Lijuan ; Yu, Hao ; Ren, Yiling ; Wu, Geng ; Xu, Ping  
Scientific reports, 2012, Vol.2, pp.377

**Green strategy from waste to value-added-chemical production: efficient biosynthesis of 6-hydroxy-3-succinoyl-pyridine by an engineered biocatalyst**

Yu, Hao ; Tang, Hongzhi ; Xu, Ping  
Scientific Reports, 2014, Vol.4

**Homologous gene clusters of nicotine catabolism, including a new  $\omega$ -amidase for  $\alpha$ -ketoglutarate, in species of three genera of Gram-positive bacteria**

Cobzaru, Cristina ; Ganas, Petra ; Mihasan, Marius ; Schleberger, Paula ; Brandsch, Roderich  
Research in Microbiology, 2011, Vol.162(3), pp.285-291

**Identification of nicotine biotransformation intermediates by Agrobacterium tumefaciens strain S33 suggests a novel nicotine degradation pathway.(APPLIED MICROBIAL AND CELL PHYSIOLOGY)**

Wang, Shuning ; Huang, Haiyan ; Xie, Kebo ; Xu, Ping  
Applied Microbiology and Biotechnology, Sept 15, 2012, Vol.95(6), p.1567(12)

**Industrial biotechnology of Pseudomonas putida and related species**

Poblete-Castro, Ignacio ; Becker, Judith ; Dohnt, Katrin ; Santos, Vitor Martins Dos ; Wittmann, Christoph  
Applied Microbiology and Biotechnology, March 15, 2012, Vol.93(6), p.2279(12)

**Isolation, transposon mutagenesis, and characterization of the novel nicotine-degrading strain Shinella sp. HZN7.(ENVIRONMENTAL BIOTECHNOLOGY)(Report)**

Ma, Yun ; Wei, Yin ; Qiu, Jiguo ; Wen, Rongti ; Hong, Jun ; Liu, Weiping  
Applied Microbiology and Biotechnology, March 15, Vol.98(6), p.2625(12)

**Kinetics of medium-chain-length polyhydroxyalkanoate production by a novel isolate of Pseudomonas putida LS46**

Sharma, Parveen K ; Fu, Jilagamazhi ; Cicek, Nazim ; Sparling, Richard ; Levin, David B

Canadian journal of microbiology 2012, Vol.58(8), pp.982-9

**Mechanism of the 6-hydroxy-3-succinoyl-pyridine 3-monooxygenase flavoprotein from *Pseudomonas putida* S16**

Yu, Hao ; Hausinger, Robert P ; Tang, Hong-Zhi ; Xu, Ping  
The Journal of biological chemistry, 17 2014, Vol.289(42), pp.29158-70

**Molecular mechanism of nicotine degradation by a newly isolated strain, *Ochrobactrum* sp. strain SJY1**

Yu, Hao ; Tang, Hongzhi ; Zhu, Xiongyu ; Li, Yangyang ; Xu, Ping  
Applied and environmental microbiology 2015, Vol.81(1), pp.272-81

**Monoterpenes as nitrofurantoin resistance modulating agents: minimal structural requirements, molecular dynamics simulations, and the effect of piperitone on the emergence of nitrofurantoin resistance in *Enterobacteriaceae***

Shahverdi, Ahmad ; Mirzaie, Sako ; Rafii, Fatemeh ; Kakavand, Marjan ; Foroumadi, Alireza  
Journal of Molecular Modeling, 2015, Vol.21(8), pp.1-12

**New enzyme research study findings have been reported by scientists at Shanghai Jiao Tong University**

Biotech Week, March 4, 2009, p.958  
Cengage Learning, Inc.

**New findings in microbiology described from Shandong University.(Report)**

Health & Medicine Week, August 13, 2007, p.4588  
Cengage Learning, Inc.

**New *Pseudomonas putida* Study Findings Recently Were Reported by Researchers at Shanghai Jiao-Tong University**

Obesity, Fitness & Wellness Week, Jan 21, 2012, p.1287  
Cengage Learning, Inc.

**New *Pseudomonas* Study Findings Recently Were Reported by Researchers at Beijing Institute of Genomics**

Obesity, Fitness & Wellness Week, Dec 17, 2011, p.946  
Cengage Learning, Inc.

**Nicotine-degrading microorganisms and their potential applications**

Liu, Jianli ; Ma, Guanghui ; Chen, Tao ; Hou, Ying ; Yang, Shihua ; Zhang, Ke-Qin ; Yang, Jinkui  
Applied microbiology and biotechnology, May 2015, Vol.99(9), pp.3775-85

**Novel Nicotine Oxidoreductase-Encoding Gene Involved in Nicotine Degradation by *Pseudomonas putida* Strain S16**

Tang, Hongzhi ; Wang, Lijuan ; Meng, Xiangzhou ; Ma, Lanying ; Wang, Shuning ; He, Xiaofei ; Wu, Geng ; Xu, Ping  
Applied and Environmental Microbiology, 2009, Vol. 75(3), p.772

**Occurrence and variability of tobacco rhizosphere and phyllosphere bacterial communities associated with nicotine biodegradation**

Lei, Liping ; Xia, Zhenyuan ; Liu, Xingzhong ; Wei, Hai-Lei  
Annals of Microbiology, 2015, Vol.65(1), pp.163-173

***Pseudomonas putida* CSV86: A Candidate Genome for Genetic Bioaugmentation**

Paliwal, Vasundhara ; Raju, Sajjan C ; Modak, Arnab ; Phale, Prashant S ; Purohit, Hemant J ; Battista, John R  
PLoS ONE, 2014, Vol.9(1)

**Pseudomonas putida S16 mineralizes nicotine, an environmental toxicant, to carbon dioxide and water. Degradation of nicotine relies on enzymes in the pyrrolidine pathway that are regulated by the NicR2 repressor, a member of the TetR family of regulatory proteins. For further details of the NicR2-mediated regulatory mechanism, readers are referred to the article by Xu et al. on pp. 1252-1269 of this issue**

Molecular Microbiology, March, 2014, Vol.91(6), p.i(1)

**Revised phylogeny and novel horizontally acquired virulence determinants of the model soft rot phytopathogen Pectobacterium wasabiae SCC3193**

Nykyri, Johanna ; Niemi, Outi ; Koskinen, Patrik ; Nokso - Koivisto, Jussi ; Pasanen, Miia ; Broberg, Martin ; Plyusnin, Ilja ; Toronen, Petri ; Holm, Liisa ; Pirhonen, Minna ; Palva, E. Tapio  
PLoS Pathogens, Nov, 2012, Vol.8(11)

**Ribosomally encoded antibacterial proteins and peptides from**

Ghequire, Maarten G. K ; De Mot, René  
FEMS Microbiology Reviews, 2014, Vol. 38(4), pp.523-568

**Structural and computational studies of the maleate isomerase from Pseudomonas putida S16 reveal a breathing motion wrapping the substrate inside**

Chen, Duoduo ; Tang, Hongzhi ; Lv, Yang ; Zhang, Zhenyi ; Shen, Kunlong ; Lin, Kui ; Zhao, Yi - Lei ; Wu, Geng ; Xu, Ping  
Molecular Microbiology, March, 2013, Vol.87(6), p.1237(8)

**Structural insights into the specific recognition of N-heterocycle biodegradation-derived substrates by microbial amide hydrolases**

Wu, Geng ; Chen, Duoduo ; Tang, Hongzhi ; Ren, Yiling ; Chen, Qihua ; Lv, Yang ; Zhang, Zhenyi ; Zhao, Yi-Lei ; Yao, Yuxiang ; Xu, Ping  
Molecular microbiology 2014, Vol.91(5), pp.1009-21

**Studies from Shanghai Jiao-Tong University Reveal New Findings on Molecular Microbiology**

Life Science Weekly, April 9, 2013, p.3950  
Cengage Learning, Inc.

**Study Findings from Shanghai Jiao-Tong University Broaden Understanding of Environmental Microbiology (Molecular Mechanism of Nicotine Degradation by a Newly Isolated Strain, Ochrobactrum sp Strain SJY1).(Report)**

Life Science Weekly, Feb 17, p.518  
Cengage Learning, Inc.

**Systematic Unraveling of the Unsolved Pathway of Nicotine Degradation in Pseudomonas (Molecular Mechanism of Nicotine Degradation)**

Tang, Hongzhi ; Wang, Lijuan ; Wang, Weiwei ; Yu, Hao ; Zhang, Kunzhi ; Yao, Yuxiang ; Xu, Ping  
Copenhaver, Gregory P. (Editor)  
2013, Vol.9(10), p.e1003923

## ANEXO 3

Genoma da *Pseudomonas putida* AM – I4

#ORF	Gene Symbol	Gene Name	Start	End	Length	Frame
orf00001	atpI	ATP synthase protein I	120	5986255	48	-1
orf00002	parB	Probable chromosome-partitioning protein ParB	873	1019	147	-1
orf00004	-	Uncharacterized protein in gidB 3'region	792	1820	1029	1
orf00006	rsmG	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase G	651	2489	1839	1
orf00007	mmnG	tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme MnmG	1893	4378	2486	1
orf00011	mmnE	tRNA modification GTPase MnmE	1095	4678	5772	1
orf00013	mmnE	tRNA modification GTPase MnmE	147	6209	6355	-1
orf00015	yidC	Membrane protein insertase YidC	1683	8092	6410	-2
orf00018	PSEEN5557	Putative membrane protein insertion efficiency factor	246	8340	8095	1
orf00019	rnpA	Ribonuclease P protein component	450	8782	8333	1
orf00020	rpmH	50S ribosomal protein L34	135	8885	8751	1
orf00026	dnaA	Chromosomal replication initiator protein DnaA	1539	9483	11021	1
orf00028	dnaN	DNA polymerase III subunit beta	1104	11062	12165	1
orf00030	recF	DNA replication and repair protein RecF	1104	12181	13284	1
orf00031	gyrB	DNA gyrase subunit B	2421	13289	15709	1
orf00034	BURPS1710b_2304	Probable metallo-hydrolase BURPS1710b_2304	885	17460	18344	1
orf00036	sqrdI	Sulfide:quinone oxidoreductase, mitochondrial	1272	18384	19655	1
orf00038	tttR	HTH-type transcriptional activator TttR	888	21346	20459	1
orf00041	-	L-sorbose 1-dehydrogenase	1803	21570	23372	1
orf00042	ydfJ	Putative inner membrane metabolite transport protein YdfJ	1662	23410	25071	1
orf00044	SLC1	Probable 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase	786	25909	25124	1
orf00046	gmhB	D-glycero-beta-D-manno-heptose-1,7-bisphosphate 7-phosphatase	528	26498	25971	1
orf00048	glyS	Glycine--tRNA ligase beta subunit	2052	28553	26502	1
orf00050	glyQ	Glycine--tRNA ligase alpha subunit	957	29506	28550	1
orf00051	tag	DNA-3-methyladenine glycosylase 1	552	29585	30136	1
orf00052	lpxP	Lipid A biosynthesis palmitoleoyltransferase	888	30178	31065	1
orf00053	PA0015	TPR repeat-containing protein PA0015	315	31477	31163	1
orf00054	trkA	Trk system potassium uptake protein TrkA	1374	32863	31490	1
orf00057	rsmB	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B	1311	34197	32887	1
orf00060	fnt	Methionyl-tRNA formyltransferase	933	35126	34194	1
orf00062	defI	Peptide deformylase 1	498	35684	35187	1
orf00066	smf	Protein smf	1098	35901	36998	1
orf00068	tsaC	Threonylcarbamoyl-AMP synthase	540	37060	37599	1
orf00072	qor	Quinone oxidoreductase	435	38921	39355	1
orf00073	hemF	Oxygen-dependent coproporphyrinogen-III oxidase	834	39628	40461	-2
orf00074	hemF	Oxygen-dependent coproporphyrinogen-III oxidase	114	40427	40540	2
orf00075	aroE	Shikimate dehydrogenase (NADP(+))	825	40566	41390	1
orf00078	SULTR3;5	Probable sulfate transporter 3.5	909	41359	42267	1
orf00080	-	Uncharacterized protein ORF1 (Fragment)	1083	43078	44160	-1
orf00082	betC	Choline-sulfatase	405	44537	44133	-1
orf00083	betC	Choline-sulfatase	237	44778	44542	1
orf00084	betC	Choline-sulfatase	765	45654	44890	1
orf00087	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	900	45764	46663	1
orf00091	trpB	Tryptophan synthase beta chain	1218	49842	48625	1
orf00093	trpI	HTH-type transcriptional regulator TrpI	921	49930	50850	1
orf00094	HhaI_0546	Dodecin	216	51321	51536	1
orf00095	yqjD	Uncharacterized protein YqjD	324	51170	50847	1
orf00097	yvbT	Uncharacterized protein YvbT	522	52012	52533	1
orf00100	osmC	Peroxiredoxin OsmC	876	53115	53990	-1
orf00107	PA0065	5'-nucleotidase	1719	54832	56550	1
orf00109	prlC	Oligopeptidase A	2052	57470	59521	-1
orf00110	yrdA	Protein YrdA	549	57367	56819	1
orf00111	yheV	Uncharacterized protein YheV	282	59518	59799	1
orf00119	cynT	Carbonic anhydrase 1	720	63481	64200	1
orf00120	SLC26A11	Sodium-independent sulfate anion transporter	1533	64393	65925	1
orf00124	ctaC	Probable cytochrome c oxidase subunit 2	1128	67072	68199	1
orf00125	ctaD	Probable cytochrome c oxidase subunit 1	1581	68252	69832	1
orf00126	ctaG	Cytochrome c oxidase assembly protein CtaG	567	69843	70409	1
orf00128	MT-CO3	Cytochrome c oxidase subunit 3	1005	70426	71430	1
orf00135	cyoE1	Protoheme IX farnesyltransferase 1	894	74041	74934	1
orf00136	scoP	Putative copper-binding protein	633	74931	75563	1
orf00138	metQ	Probable D-methionine-binding lipoprotein MetQ	771	76453	75683	1
orf00139	metI	Probable D-methionine transport system permease protein MetI	675	77192	76518	1
orf00141	metN2	Methionine import ATP-binding protein MetN 2	1008	78196	77189	1
orf00143	katE	Catalase HP11	2559	78341	80899	1
orf00146	znuB	High-affinity zinc uptake system membrane protein ZnuB	783	82287	81505	1
orf00147	zur	Zinc uptake regulation protein	486	83538	83053	1
orf00148	znuC	Zinc import ATP-binding protein ZnuC	801	83080	82280	1
orf00149	znuA	High-affinity zinc uptake system protein ZnuA	957	83557	84513	1
orf00150	thrB	Homoserine kinase	1467	84479	85945	1
orf00154	polA	DNA polymerase I	2808	87111	89918	-3



orf00155	engB	Probable GTP-binding protein EngB	378	90206	90583	1
orf00157	-	Cytochrome c5	303	91156	91458	-2
orf00158	cc4	Cytochrome c4	618	91490	92107	1
orf00159	dsbA	Thiol:disulfide interchange protein DsbA	633	92259	92891	1
orf00162	PA3311	Uncharacterized signaling protein PA3311	2325	93788	96112	1
orf00163	amiD	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase AmiD	486	96220	96705	1
orf00164	yjcC	Putative cyclic-di-GMP phosphodiesterase YjcC	1851	96723	98573	1
orf00165	kinB	Alginate biosynthesis sensor protein KinB	117	98590	98706	1
orf00166	algB	Alginate biosynthesis transcriptional regulatory protein AlgB	1659	98767	100425	-1
orf00169	algB	Alginate biosynthesis transcriptional regulatory protein AlgB	255	101563	101309	-2
orf00174	PA5481	Uncharacterized protein PA5481	462	103210	103671	3
orf00176	glpP	Proton glutamate symport protein	1683	104393	106075	1
orf00178	spmB	Spore maturation protein B	1947	106042	107988	1
orf00180	phnC	Phosphonates import ATP-binding protein PhnC	441	109211	109651	1
orf00181	metN	Methionine import ATP-binding protein MetN	348	109185	108838	-2
orf00182	RT0041	Probable ABC transporter permease protein RT0041	927	110558	109632	1
orf00188	yjbB	Uncharacterized protein YjbB	1680	115220	113541	1
orf00191	HL_0056	UPF0053 protein HL_0056	771	116256	115486	1
orf00193	citN	Citrate transporter	1308	117636	116329	1
orf00205	catI	Succinyl-CoA:coenzyme A transferase	1494	123866	122373	1
orf00208	pntB	NAD(P) transhydrogenase subunit beta	522	124574	124053	1
orf00209	pntAB	NAD(P) transhydrogenase subunit alpha part 2	315	125822	125508	1
orf00211	pntAA	NAD(P) transhydrogenase subunit alpha part 1	1122	126955	125834	1
orf00217	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	876	128250	127375	1
orf00220	GCDH	Glutaryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1182	128442	129623	1
orf00222	Suget	Succinate--hydroxymethylglutarate CoA-transferase	1455	129639	131093	1
orf00243	foxA	Ferrioxamine B receptor	705	137654	138358	1
orf00244	foxA	Ferrioxamine B receptor	912	138380	139291	-1
orf00245	foxA	Ferrioxamine B receptor	549	137596	137048	-1
orf00249	fecI	Probable RNA polymerase sigma factor FecI	825	140883	141707	1
orf00252	yfgF	Cyclic di-GMP phosphodiesterase YfgF	3438	142985	146422	-1
orf00260	slyA	Transcriptional regulator SlyA	465	178852	179316	1
orf00262	ydhK	Uncharacterized transporter YdhK	2088	179313	181400	1
orf00265	ydhJ	Uncharacterized protein YdhJ	897	181585	182481	1
orf00266	nodT	Nodulation protein T	2490	182478	184967	1
orf00270	efeU	Ferrous iron permease EfeU	2073	185066	187138	1
orf00273	Pput_0205	Glutathione S-transferase	573	187299	187871	1
orf00276	argH	Argininosuccinate lyase	1440	189991	188552	3
orf00278	algR	Positive alginate biosynthesis regulatory protein	744	190248	190991	1
orf00279	hemC	Porphobilinogen deaminase	942	191188	192129	1
orf00280	hemD	Uroporphyrinogen-III synthase	768	192126	192893	1
orf00284	algQ	Transcriptional regulatory protein AlgQ	1110	196064	197173	1
orf00289	algP	Transcriptional regulatory protein AlgP	1458	197735	199192	1
orf00291	yheS	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YheS	1911	199263	201173	1
orf00294	rhtB	Homoserine/homoserine lactone efflux protein	846	201308	202153	1
orf00295	AF_1420	Uncharacterized protein AF_1420	906	202322	203227	1
orf00298	PH1510	Membrane-bound protease PH1510	474	203655	204128	-2
orf00305	CBSX3	CBS domain-containing protein CBSX3, mitochondrial	1293	205042	206334	-1
orf00313	yvoA	HTH-type transcriptional repressor YvoA	750	227336	228085	-1
orf00314	tfrA	Fumarate reductase (CoM/CoB) subunit A	1779	228082	229860	1
orf00315	-	Ferredoxin	339	229857	230195	1
orf00317	tauA	Taurine-binding periplasmic protein	1389	230335	231723	1
orf00318	ssuC	Putative aliphatic sulfonates transport permease protein SsuC	783	231739	232521	1
orf00319	MJ0412	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein MJ0412	852	232521	233372	1
orf00324	davD	Glutarate-semialdehyde dehydrogenase DavD	1512	235189	236700	1
orf00325	davT	5-aminovaleate aminotransferase DavT	1278	236888	238165	1
orf00334	NGR_a02630	Uncharacterized protein y4IL	825	245019	245843	1
orf00337	ADS3.2	Probable lipid desaturase ADS3.2, chloroplastic	1185	247000	245816	-1
orf00339	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	2835	247111	249945	1
orf00341	metQ	D-methionine-binding lipoprotein MetQ	801	251681	250881	1
orf00342	dmoA	Dimethyl-sulfide monooxygenase	1392	253065	251674	1
orf00343	soxC	Dibenzothiophene desulfurization enzyme C	996	254060	253065	1
orf00344	soxC	Dibenzothiophene desulfurization enzyme C	1455	254113	255567	1
orf00349	yecS	Inner membrane amino-acid ABC transporter permease protein YecS	669	258574	257906	-1
orf00351	fliY	Cystine-binding periplasmic protein	795	259365	258571	1
orf00355	srpH	Serine acetyltransferase, plasmid	1080	259760	260839	1
orf00356	betT	High-affinity choline transport protein	2127	260850	262976	1
orf00358	tauD	Alpha-ketoglutarate-dependent taurine dioxygenase	876	263978	263103	1
orf00360	tauC	Taurine transport system permease protein TauC	840	264824	263985	1
orf00361	tauB	Taurine import ATP-binding protein TauB	1788	266608	264821	1
orf00362	oprD	Porin D	1335	267119	268453	1
orf00366	DDB_G0282517	Peroxioredoxin-like protein DDB_G0282517, mitochondrial	666	268622	269287	1
orf00368	ssuE	FMN reductase (NADPH)	171	269485	269655	1
orf00369	ssuE	FMN reductase (NADPH)	1548	269649	271196	3
orf00371	ssuD	Alkanesulfonate monooxygenase	1149	271257	272405	1
orf00372	ssuC	Putative aliphatic sulfonates transport permease protein SsuC	798	272416	273213	1
orf00374	ssuB	Aliphatic sulfonates import ATP-binding protein SsuB	813	273210	274022	1

orf00375	mopII	Molybdenum-pterin-binding protein 2	216	274066	274281	1
orf00379	gshA	Glutamate--cysteine ligase	1593	276603	275011	1
orf00381	SSO1253	Putative esterase SSO1253	384	277125	276742	1
orf00383	yhgF	Protein YhgF	2544	279668	277125	1
orf00384	ompR	Transcriptional regulatory protein OmpR	741	279667	280407	1
orf00385	envZ	Osmolarity sensor protein EnvZ	1314	280421	281734	1
orf00386	rimK	Probable alpha-L-glutamate ligase	1041	282754	281714	1
orf00387	rimK	Probable alpha-L-glutamate ligase	540	283290	282751	1
orf00388	hsrR	Heat shock protein 15	402	283343	283744	1
orf00396	hslO	33 kDa chaperonin	900	284790	285689	1
orf00399	pckA	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP]	1521	285890	287410	1
orf00405	ydeP	Protein YdeP	2034	289263	291296	1
orf00406	ygaU	Uncharacterized protein YgaU	660	292069	292728	-1
orf00408	yrfG	GMP/IMP nucleotidase YrfG	663	293502	292840	1
orf00410	nudE	ADP compounds hydrolase NudE	567	293567	294133	1
orf00411	cysQ	3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase CysQ	1449	294130	295578	1
orf00413	dctD	C4-dicarboxylate transport transcriptional regulatory protein DctD	1407	296981	295575	1
orf00415	dctB	C4-dicarboxylate transport sensor protein DctB	1815	298792	296978	1
orf00416	rmlC	dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase	375	299166	298792	1
orf00417	aguA	Agmatine deiminase	2205	299176	301380	1
orf00418	fiu	Catecholate siderophore receptor Fiu	2262	301412	303673	1
orf00422	oprD	Porin D	1611	303871	305481	-1
orf00436	occM	Octopine transport system permease protein OccM	690	317538	316849	1
orf00437	artQ	Arginine ABC transporter permease protein ArtQ	693	318230	317538	1
orf00439	artJ	ABC transporter arginine-binding protein 1	753	319037	318285	1
orf00440	aotP	Arginine/ornithine transport ATP-binding protein AotP	774	319822	319049	1
orf00447	bauD	Probable GABA permease	1386	320490	321875	1
orf00452	-	Uncharacterized protein in chlN 3' region (Fragment)	1338	322539	323876	1
orf00454	PP_0285	Probable Fe(2+)-trafficking protein	273	324189	323917	-1
orf00455	mutY	A/G-specific adenine glycosylase	366	324551	324186	1
orf00456	mutY	A/G-specific adenine glycosylase	648	325257	324610	1
orf00464	hisB	Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase	843	329667	330509	2
orf00465	hisH	Imidazole glycerol phosphate synthase subunit HisH	438	330502	330939	1
orf00469	hisA	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino] imidazole-4-carboxamide isomerase	738	331228	331965	1
orf00471	hisF	Imidazole glycerol phosphate synthase subunit HisF	771	331976	332746	1
orf00472	proV	Glycine betaine/L-proline transport ATP-binding protein ProV	1179	334042	332864	1
orf00474	opuAB	Glycine betaine transport system permease protein OpuAB	846	334884	334039	1
orf00477	-	Uncharacterized protein ORF1 (Fragment)	756	335897	335142	1
orf00478	sdaA	L-serine dehydratase	1626	336124	337749	1
orf00481	cdhR	HTH-type transcriptional regulator CdhR	1107	338208	339314	1
orf00487	lcdH	L-carnitine dehydrogenase	966	341565	340600	1
orf00490	kce	3-keto-5-aminohexanoate cleavage enzyme	885	342468	341584	1
orf00493	-	Uncharacterized protein ORF1 (Fragment)	969	343558	342590	1
orf00494	cdhR	HTH-type transcriptional regulator CdhR	3510	343616	347125	1
orf00496	CPSG_01350	Putative dipeptidase CPSG_01350	1044	347466	348509	1
orf00500	stcD	Probable N-methylproline demethylase	2061	349133	351193	1
orf00502	fadF	Uncharacterized protein FadF	1950	351356	353305	1
orf00504	ETFa	Electron transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial	1233	353324	354556	1
orf00506	etfB	Electron transfer flavoprotein subunit beta	771	354567	355337	1
orf00508	yeaW	Putative dioxygenase subunit alpha YeaW	1293	358266	356974	1
orf00510	hmp	Flavo-hemoprotein	933	358562	359494	1
orf00511	ascD	CDP-6-deoxy-L-threo-D-glycero-4-hexulose-3-dehydrase reductase	171	359494	359664	1
orf00517	nahY	Methyl-accepting chemotaxis protein NahY	921	360720	359800	1
orf00522	pctA	Methyl-accepting chemotaxis protein PctA	1938	362415	364352	1
orf00523	ltaE	Low specificity L-threonine aldolase	1041	365546	364506	1
orf00526	glyA1	Serine hydroxymethyltransferase 1	1278	365863	367140	1
orf00528	soxB	Sarcosine oxidase subunit beta	1251	367156	368406	1
orf00529	soxD	Sarcosine oxidase subunit delta	339	368421	368759	1
orf00530	soxA	Sarcosine oxidase subunit alpha	3018	368756	371773	1
orf00533	soxG	Sarcosine oxidase subunit gamma	633	371956	372588	1
orf00535	fdhA	Glutathione-independent formaldehyde dehydrogenase	807	373378	374184	1
orf00538	fdhA	Glutathione-independent formaldehyde dehydrogenase	4326	374181	378506	3
orf00540	plaP	Low-affinity putrescine importer PlaP	1479	379081	380559	1
orf00541	plaP	Low-affinity putrescine importer PlaP	612	379101	378490	-1
orf00542	yihG	Probable acyltransferase YihG	564	380532	381095	1
orf00543	creB	Transcriptional regulatory protein CreB	1650	381155	382804	-1
orf00544	creC	Sensor protein CreC	1356	382795	384150	1
orf00545	msrA	Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA	2781	384101	386881	1
orf00548	PA3311	Uncharacterized signaling protein PA3311	2613	389624	387012	-1
orf00551	aceF	Dihydropolyllysine-residue acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	1641	391703	390063	1
orf00553	aceE	Pyruvate dehydrogenase E1 component	1182	392898	391717	1
orf00554	aceE	Pyruvate dehydrogenase E1 component	1122	394364	393243	1
orf00559	glnE	Glutamate-ammonia-ligase adenylyltransferase	2919	394749	397667	1
orf00562	rfaF	ADP-heptose--LPS heptosyltransferase 2	1050	397912	398961	1
orf00563	rfaC	Lipopolysaccharide heptosyltransferase 1	1059	398962	400020	1
orf00566	rfaG	Lipopolysaccharide core biosynthesis protein RfaG	1128	400017	401144	1
orf00568	rfaP	Lipopolysaccharide core heptose(1) kinase RfaP	807	401141	401947	1

orf00571	inaA	Protein InaA	804	402678	403481	1
orf00577	pupA	Ferric-pseudobactin 358 receptor	3333	408693	412025	1
orf00579	fecI	Probable RNA polymerase sigma factor FecI	519	413281	412763	-1
orf00580	polC	DNA polymerase III PolC-type	921	413354	414274	1
orf00581	-	Uncharacterized 17.7 kDa protein in bps2 3'region	1836	416067	414232	-1
orf00584	glcB	Malate synthase G	2232	416286	418517	1
orf00586	glcB	Malate synthase G	378	419164	418787	-1
orf00592	PA0485	Uncharacterized transporter PA0485	888	421355	420468	3
orf00593	srkA	Stress response kinase A	432	421851	421420	1
orf00594	srkA	Stress response kinase A	2340	421822	424161	1
orf00596	bioB	Biotin synthase	1059	424300	425358	-1
orf00598	bioF	8-amino-7-oxononanoate synthase	1173	425360	426532	1
orf00599	bioC	Biotin biosynthesis bifunctional protein BioHC	732	426525	427256	1
orf00600	bioC	Malonyl-[acyl-carrier protein] O-methyltransferase	822	427246	428067	1
orf00601	bioD	ATP-dependent dethiobiotin synthetase BioD	834	428078	428911	1
orf00606	mmgC	Acyl-CoA dehydrogenase	1866	429513	431378	1
orf00608	cph2	Phytochrome-like protein cph2	1230	431748	432977	1
orf00612	-	Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific	2394	433132	435525	1
orf00619	argD2	Acetylmethionine aminotransferase 2	1005	436268	437272	1
orf00621	argD	Acetylmethionine aminotransferase	438	437244	437681	2
orf00624	PA0567	UPF0057 membrane protein PA0567	750	437647	438396	1
orf00627	pqqE	Coenzyme PQQ synthesis protein E	1161	440947	439787	2
orf00629	pqqD1	Coenzyme PQQ synthesis protein D 1	276	441194	440919	1
orf00630	pqqC	Pyrrroloquinoline-quinone synthase	738	441928	441191	1
orf00633	pqqB	Coenzyme PQQ synthesis protein B	978	443077	442100	1
orf00635	pqqF	Coenzyme PQQ synthesis protein F	465	443239	443703	1
orf00636	pqqF	Coenzyme PQQ synthesis protein F	2289	443756	446044	-3
orf00637	iaaM	Tryptophan 2-monooxygenase	1209	447800	446592	-1
orf00638	iaaM	Tryptophan 2-monooxygenase	339	448274	447936	1
orf00647	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	3303	457103	453801	1
orf00649	rpoD	RNA polymerase sigma factor RpoD	1098	458399	459496	1
orf00650	rpoD	RNA polymerase sigma factor RpoD	684	458440	457757	-1
orf00653	dnaG	DNA primase	1983	461657	459675	1
orf00654	rpsU	30S ribosomal protein S21	216	462182	461967	1
orf00657	tsaD	tRNA N6-adenosine threonylcarbamoyltransferase	1011	462402	463412	1
orf00658	plsY	Glycerol-3-phosphate acyltransferase	435	463422	463856	1
orf00662	folB	Dihydroneopterin aldolase	519	464060	464578	-1
orf00663	cca	CCA-adding enzyme	1482	464539	466020	1
orf00664	cca	CCA-adding enzyme	363	466077	466439	-2
orf00666	ycgB	Uncharacterized protein YcgB	1464	466432	467895	-1
orf00667	PputW619_4806	UPF0229 protein PputW619_4806	1272	469121	467850	-1
orf00669	yeaG	Uncharacterized protein YeaG	1923	471173	469251	1
orf00671	glpE	Thiosulfate sulfurtransferase GlpE	330	471789	471460	1
orf00673	apaH	Bis(5'-nucleosyl)-tetraphosphatase, symmetrical	834	472665	471832	1
orf00674	apaG	Protein ApaG	381	473051	472671	1
orf00676	rsmA	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase A	831	474057	473227	1
orf00677	pdxA	4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase	315	474546	474860	1
orf00679	pdxA	4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase	513	474566	474054	-1
orf00681	surA	Chaperone SurA	1320	476359	475040	1
orf00684	lptD	LPS-assembly protein LptD	927	477266	476340	1
orf00687	MPG1	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase	2520	480300	482819	1
orf00689	degS	Signal transduction histidine-protein kinase/phosphatase DegS	2388	482966	485353	1
orf00690	uvrY	Response regulator UvrY	630	485364	485993	1
orf00692	potA	Spermidine/putrescine import ATP-binding protein PotA	1125	486291	487415	1
orf00694	potD-A	Spermidine/putrescine-binding periplasmic protein 2	1035	487456	488490	1
orf00695	potH	Putrescine transport system permease protein PotH	1236	488660	489895	1
orf00696	potC	Spermidine/putrescine transport system permease protein PotC	981	489907	490887	1
orf00698	rpe	Ribulose-phosphate 3-epimerase	675	490930	491604	1
orf00700	PP_0416	Phosphoglycolate phosphatase	819	491601	492419	1
orf00701	trpE	Anthranilate synthase component 1	3186	492489	495674	1
orf00704	estP	Esterase EstP	555	496555	497109	1
orf00707	trpG	Anthranilate synthase component 2	594	497525	498118	-1
orf00709	trpD	Anthranilate phosphoribosyltransferase	1050	498128	499177	1
orf00711	trpC	Indole-3-glycerol phosphate synthase	1083	499180	500262	1
orf00712	H16_B0148	Uncharacterized protein H16_B0148	648	500231	500878	1
orf00714	vfr	Cyclic AMP receptor-like protein	792	501666	500875	1
orf00715	yhfA	Protein YhfA	738	501711	502448	1
orf00716	coq7	2-nonaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase	648	503927	503280	1
orf00718	HINT1	Histidine triad nucleotide-binding protein 1	339	504331	503993	1
orf00721	RHOS4_28450	UPF0093 membrane protein RHOS4_28450	1437	505211	506647	1
orf00724	argC	N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase	1035	506799	507833	-1
orf00725	erpA	Iron-sulfur cluster insertion protein ErpA	351	507981	508331	1
orf00727	anmK	Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase	1092	509482	508391	1
orf00730	mepM	Murein DD-endopeptidase MepM	1083	510569	509487	1
orf00731	tyrS	Tyrosine-tRNA ligase	1251	511096	512346	1
orf00754	birA	Bifunctional ligase/repressor BirA	930	517947	518876	1
orf00757	coaX	Type III pantothenate kinase	750	519128	519877	2

orf00761	tufI	Elongation factor Tu	1194	520830	522023	1
orf00762	nusG	Transcription termination/antitermination protein NusG	534	522577	523110	1
orf00763	secE	Protein translocase subunit SecE	447	522603	522157	1
orf00764	rplK	50S ribosomal protein L11	432	523230	523661	-1
orf00766	rplA	50S ribosomal protein L1	696	523661	524356	1
orf00768	rplJ	50S ribosomal protein L10	588	524467	525054	1
orf00769	rplL	50S ribosomal protein L7/L12	372	525135	525506	1
orf00773	rpoB	DNA-directed RNA polymerase subunit beta	4074	525728	529801	1
orf00775	rpoC	DNA-directed RNA polymerase subunit beta'	4200	529866	534065	1
orf00777	rpsL	30S ribosomal protein S12	372	534277	534648	1
orf00779	rpsG	30S ribosomal protein S7	471	534755	535225	1
orf00780	fusA	Elongation factor G	2148	535256	537403	1
orf00782	tufI	Elongation factor Tu	1194	537434	538627	1
orf00786	rpsJ	30S ribosomal protein S10	285	538802	539086	1
orf00787	rplC	50S ribosomal protein L3	669	539135	539803	1
orf00788	rplD	50S ribosomal protein L4	603	539816	540418	1
orf00790	rplW	50S ribosomal protein L23	300	540415	540714	1
orf00792	rplB	50S ribosomal protein L2	825	540729	541553	1
orf00794	rpsS	30S ribosomal protein S19	276	541570	541845	1
orf00796	rplV	50S ribosomal protein L22	279	541911	542189	1
orf00797	rpsC	30S ribosomal protein S3	687	542203	542889	1
orf00799	rplP	50S ribosomal protein L16	414	542902	543315	1
orf00801	rpmC	50S ribosomal protein L29	195	543312	543506	1
orf00803	rpsQ	30S ribosomal protein S17	273	543503	543775	1
orf00805	rplN	50S ribosomal protein L14	369	543799	544167	1
orf00806	rplX	50S ribosomal protein L24	315	544179	544493	1
orf00807	rplE	50S ribosomal protein L5	540	544514	545053	1
orf00809	rpsN	30S ribosomal protein S14	306	545067	545372	1
orf00813	rpsH	30S ribosomal protein S8	393	545582	545974	1
orf00814	rplF	50S ribosomal protein L6	534	545987	546520	1
orf00816	rplR	50S ribosomal protein L18	351	546531	546881	1
orf00817	rpsE	30S ribosomal protein S5	501	546885	547385	1
orf00819	rpmD	50S ribosomal protein L30	177	547388	547564	1
orf00820	rplO	50S ribosomal protein L15	435	547568	548002	1
orf00821	secY	Protein translocase subunit SecY	1332	548003	549334	1
orf00823	rpmJ	50S ribosomal protein L36	117	549363	549479	1
orf00825	rpsM	30S ribosomal protein S13	357	549611	549967	1
orf00827	rpsK	30S ribosomal protein S11	390	549986	550375	1
orf00829	rpsD	30S ribosomal protein S4	621	550391	551011	1
orf00831	rpoA	DNA-directed RNA polymerase subunit alpha	1002	551034	552035	1
orf00834	rplQ	50S ribosomal protein L17	387	552078	552464	1
orf00836	katA	Catalase	1440	552637	554076	1
orf00838	bfr	Bacterioferritin	465	554241	554705	1
orf00839	uvrA	UvrABC system protein A	2973	557656	554684	1
orf00840	yajR	Inner membrane transport protein YajR	1395	557786	559180	1
orf00841	ssb	Single-stranded DNA-binding protein	1137	559190	560326	1
orf00844	HI_1430	Probable NADP-dependent dehydrogenase HI_1430	1728	560746	562473	1
orf00845	HI_1430	Probable NADP-dependent dehydrogenase HI_1430	762	562442	563203	2
orf00847	fdoG	Formate dehydrogenase-O major subunit	591	563300	563890	1
orf00848	fdoG	Formate dehydrogenase-O major subunit	837	563903	564739	1
orf00849	fdoG	Formate dehydrogenase-O major subunit	1524	564788	566311	1
orf00852	fdoH	Formate dehydrogenase-O iron-sulfur subunit	951	566369	567319	2
orf00853	fdoI	Formate dehydrogenase, cytochrome b556(fdo) subunit	657	567316	567972	1
orf00856	fdhE	Protein FdhE homolog	921	567977	568897	1
orf00857	selA	L-seryl-tRNA(Sec) selenium transferase	1512	568973	570484	1
orf00859	selB	Selenocysteine-specific elongation factor	1926	570481	572406	1
orf00861	ansA	L-asparaginase 1	291	573349	573639	1
orf00863	alsT	Amino-acid carrier protein AlsT	1443	575138	573696	-1
orf00869	rmlD	dTDP-4-dehydrorhamnose reductase	885	578252	579136	1
orf00871	MJ0211	Putative UDP-glucose 4-epimerase	1398	579129	580526	1
orf00872	Mb3122	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator Mb3122	186	580487	580672	1
orf00874	ompW	Outer membrane protein W	351	581832	582182	-2
orf00880	MJ0796	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein MJ0796	519	584699	584181	-1
orf00882	ybbN	Uncharacterized protein YbbN	873	586888	586016	1
orf00885	Mettl20	Protein N-lysine methyltransferase METTL20	546	587465	586920	1
orf00886	nrdR	Transcriptional repressor NrdR	543	588086	588628	1
orf00888	ribD	Riboflavin biosynthesis protein RibD	1131	588631	589761	1
orf00889	ribE	Riboflavin synthase	666	589805	590470	1
orf00891	ribB	3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	1092	590489	591580	1
orf00893	ribH	6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase	477	591673	592149	1
orf00895	nusB	N utilization substance protein B homolog	501	592146	592646	1
orf00897	thiL	Thiamine-monophosphate kinase	969	592665	593633	1
orf00898	pgpA	Phosphatidylglycerophosphatase A	504	593630	594133	1
orf00900	ribA	GTP cyclohydrolase-2	1128	594150	595277	1
orf00902	ribA	GTP cyclohydrolase-2	486	595247	595732	3
orf00907	ispA	Farnesyl diphosphate synthase	888	600069	599182	1
orf00908	xseB	Exodeoxyribonuclease 7 small subunit	243	600308	600066	1

orf00911	ribB	3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	696	601211	600516	1
orf00912	rtcB	RNA-splicing ligase RtcB	3405	601480	604884	1
orf00916	copB	Copper resistance protein B	1776	604969	606744	1
orf00924	mtfA	Protein MtfA	816	611317	610502	-1
orf00926	dedA	Protein DedA	657	611983	611327	1
orf00928	yhfO	Uncharacterized N-acetyltransferase YhfO	459	612683	612225	1
orf00931	eutC	Ethanolamine ammonia-lyase light chain	588	612930	613517	1
orf00932	eutC	Ethanolamine ammonia-lyase light chain	135	612926	612792	-1
orf00934	eutB	Ethanolamine ammonia-lyase heavy chain	1395	615013	613619	1
orf00937	yhdG	Uncharacterized amino acid permease YhdG	1458	616517	615060	1
orf00939	aldA	Aldehyde dehydrogenase	1521	618255	616735	1
orf00940	acoR	Acetoin catabolism regulatory protein	1770	618259	620028	1
orf00941	acoR	Acetoin catabolism regulatory protein	495	620006	620500	1
orf00942	mpl	UDP-N-acetylmuramate--L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-2,6-diaminoheptandioate ligase	1350	620567	621916	1
orf00944	PA4019	Probable aromatic acid decarboxylase	630	621913	625242	1
orf00947	yraR	Uncharacterized protein YraR	1296	622672	623967	1
orf00948	PIP5K8	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 8	2772	624523	627294	-1
orf00953	acoB	Acetoin:2,6-dichlorophenolindophenol oxidoreductase subunit beta	1023	629289	628267	-1
orf00954	acoA	Acetoin:2,6-dichlorophenolindophenol oxidoreductase subunit alpha	1035	630357	629323	1
orf00956	acoX	Acetoin catabolism protein X	996	630377	631372	1
orf00961	accC	Biotin carboxylase	3600	631663	635262	-1
orf00964	accB	Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase	132	635434	635565	-1
orf00966	aroQ1	3-dehydroquinate dehydratase 1	603	636231	635629	-2
orf00967	dsbD1	Thiol:disulfide interchange protein DsbD 1	1104	636423	637526	1
orf00969	dsbD1	Thiol:disulfide interchange protein DsbD 1	2184	637542	639725	-1
orf00971	ctpL	Methyl-accepting chemotaxis protein CtpL	903	639737	640639	-1
orf00972	ctpL	Methyl-accepting chemotaxis protein CtpL	840	640694	641533	-1
orf00974	pleD	Response regulator PleD	750	641620	642369	-1
orf00979	PA4841	Uncharacterized Nudix hydrolase PA4841	690	644488	645177	-1
orf00981	HL_1225	Uncharacterized protein HL_1225	372	645329	645700	1
orf00982	speA	Biosynthetic arginine decarboxylase	1869	645898	647766	1
orf00985	dinF	DNA-damage-inducible protein F	624	649387	650010	1
orf00987	yfhM	Uncharacterized lipoprotein YfhM	450	650052	650501	-1
orf00989	yfhM	Uncharacterized lipoprotein YfhM	4926	650498	655423	1
orf00992	pbpC	Penicillin-binding protein 1C	5091	655530	660620	1
orf01001	smtA	Protein SmtA	420	662987	662568	1
orf01003	fabG	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase FabG	1470	663470	664939	1
orf01008	fadI	3-ketoacyl-CoA thiolase	1272	667145	668416	-2
orf01009	PA4778	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator PA4778	726	670040	670765	2
orf01011	copA	Copper-exporting P-type ATPase A	2400	673265	670866	-2
orf01018	ydgK	Uncharacterized MFS-type transporter YdgK	1182	674242	675423	1
orf01022	PSEEN0674	Adenine deaminase	687	676321	677007	1
orf01023	PP_0591	Adenine deaminase	768	677098	677865	-1
orf01027	csgA	C-factor	585	678422	677838	-1
orf01029	yigZ	IMPACT family member YigZ	657	678828	679484	1
orf01031	rutR	HTH-type transcriptional regulator RutR	663	680150	679488	-1
orf01034	bauR	HTH-type transcriptional activator BauR	810	681050	680241	1
orf01036	-	Omega-amino acid--pyruvate aminotransferase	390	681615	681226	1
orf01038	-	Omega-amino acid--pyruvate aminotransferase	960	681665	682624	-1
orf01040	bauC	Putative 3-oxopropanoate dehydrogenase	1257	682701	683957	1
orf01042	bauC	Putative 3-oxopropanoate dehydrogenase	198	684001	684198	1
orf01065	pqiA	Paraquat-inducible protein A	624	690660	691283	1
orf01067	yebT	Uncharacterized protein YebT	2442	691276	693717	1
orf01069	rpsT	30S ribosomal protein S20	279	694022	693744	1
orf01070	murJ	Putative lipid II flippase MurJ	1539	694273	695811	1
orf01073	ribF	Riboflavin biosynthesis protein RibF	990	695891	696880	1
orf01074	ileS	Isoleucine--tRNA ligase	2865	696844	699708	1
orf01076	lspA	Lipoprotein signal peptidase	459	699758	700216	1
orf01078	yaaD	Probable FKBP-type 16 kDa peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	438	700209	700646	1
orf01079	ispH	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	948	700661	701608	1
orf01081	PA4548	Probable D-amino acid oxidase PA4548	1917	703580	705496	1
orf01082	rluD	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D	1059	706610	707668	1
orf01083	bamD	Outer membrane protein assembly factor BamD	1020	706558	705539	1
orf01084	PA4543	Laccase domain protein PA4543	1086	707665	708750	1
orf01085	clpB	Chaperone protein ClpB	2472	708755	711226	1
orf01090	ndh	NADH dehydrogenase	1296	713597	712302	1
orf01096	yacG	DNA gyrase inhibitor YacG	1602	714664	716265	1
orf01099	coaE	Dephospho-CoA kinase	624	716858	716235	-1
orf01101	pilD	Type 4 prepilin-like proteins leader peptide-processing enzyme	246	717103	716858	1
orf01103	pilC	Type 4 fimbrial assembly protein PilC	948	717102	718049	1
orf01105	pilC	Type 4 fimbrial assembly protein PilC	819	718207	719025	-3
orf01106	pilA	Fimbrial protein	417	719151	719567	-1
orf01116	ykgN	Putative transposase YkgN	279	737968	738246	1
orf01118	insF	Transposase InsF for insertion sequence IS3	882	738237	739118	1
orf01127	mdh	Malate dehydrogenase	10053	740165	750217	1
orf01128	mdh	Malate dehydrogenase	1035	750178	751212	3
orf01132	glyA2	Serine hydroxymethyltransferase 2	13827	751229	765055	1

orf01139	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	3231	768458	765228	-1
orf01143	ettA	Energy-dependent translational throttle protein EttA	1668	770002	771669	1
orf01144	gdhA	NADP-specific glutamate dehydrogenase	3684	771719	775402	1
orf01155	ycbZ	Putative Lon protease homolog	2439	778657	781095	1
orf01159	PputW619_4503	UPF0114 protein PputW619_4503	681	781596	782276	1
orf01163	fkIB	FKBP-type 22 kDa peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	624	782821	783444	1
orf01166	phnA	Protein PhnA	342	784243	783902	1
orf01168	ispB	Octaprenyl-diphosphate synthase	1167	784228	785394	1
orf01171	rplU	50S ribosomal protein L21	315	785626	785940	-1
orf01174	rpmA	50S ribosomal protein L27	258	785979	786236	1
orf01175	obg	GTPase Obg	1392	786264	787655	1
orf01177	proB	Glutamate 5-kinase	1200	787660	788859	1
orf01178	creA	Protein CreA	462	788856	789317	1
orf01187	rimI	Ribosomal-protein-alanine acetyltransferase	456	795348	795803	1
orf01193	trpI	HTH-type transcriptional regulator TrpI	807	797848	798654	1
orf01194	yrhP	Uncharacterized membrane protein YrhP	792	798677	799468	-1
orf01196	fsr	Fosmidomycin resistance protein	2370	799532	801901	1
orf01198	ada	Bifunctional transcriptional activator/DNA repair enzyme Ada	3573	801980	805552	1
orf01199	mscM	Miniconductance mechanosensitive channel MscM	1998	805690	807687	1
orf01203	betB	NAD/NADP-dependent betaine aldehyde dehydrogenase	366	809891	810256	1
orf01204	BADHI	Betaine aldehyde dehydrogenase 1	141	809890	809750	-1
orf01207	yxIA	Putative purine-cytosine permease YxIA	1752	812693	810942	1
orf01209	NGR_a01510	Probable amino-acid ABC transporter ATP-binding protein y4tH	2007	813275	815281	1
orf01211	NGR_a01520	Probable amino-acid ABC transporter permease protein y4tG	657	816153	815497	-1
orf01212	NGR_a01530	Probable amino-acid ABC transporter permease protein y4tF	660	816809	816150	1
orf01215	NGR_a01540	Probable amino-acid ABC transporter periplasmic-binding protein y4tE	609	817480	816872	1
orf01217	RHOS4_30730	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator RHOS4_30730	2889	817729	820617	1
orf01220	ocdI	Ornithine cyclodeaminase 1	993	820577	821569	1
orf01221	doeA	Ectoine hydrolase	1191	821606	822796	1
orf01223	doeB	N-alpha-acetyl-L-2,4-diaminobutyric acid deacetylase	1020	822800	823819	1
orf01225	doeC	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (Non-phosphorylating)	1467	823856	825322	1
orf01228	doeD	Diaminobutyrate--2-oxoglutarate transaminase	1812	825335	827146	1
orf01229	ycaC	Uncharacterized protein YcaC	324	827143	827466	1
orf01230	-	Uncharacterized protein in chlN 3' region (Fragment)	621	828014	828634	1
orf01231	kefB	Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB	2298	828586	830883	1
orf01233	cusC	Cation efflux system protein CusC	1521	830897	832417	1
orf01234	aaeA	p-hydroxybenzoic acid efflux pump subunit AaeA	519	832414	832932	1
orf01236	mdtN	Multidrug resistance protein MdtN	606	832907	833512	1
orf01239	MT1781	Probable sulfate transporter MT1781	1206	835043	836248	1
orf01248	yqaJ	Uncharacterized protein YqaJ	840	849430	848591	-1
orf01256	uvrA	UvrABC system protein A	18138	858634	876771	1
orf01259	ychF	Ribosome-binding ATPase YchF	1101	877861	876761	1
orf01260	pth	Peptidyl-tRNA hydrolase	585	878470	877886	1
orf01262	rplY	50S ribosomal protein L25	594	879143	878550	1
orf01265	prs	Ribose-phosphate pyrophosphokinase	786	880050	879265	1
orf01266	ispE	4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase	1089	881209	880121	1
orf01268	lolB	Outer-membrane lipoprotein LolB	618	881830	881213	1
orf01269	PA4667	TPR repeat-containing protein PA4667	1104	882938	881835	1
orf01271	PA4667	TPR repeat-containing protein PA4667	12726	882924	895649	1
orf01274	hemA	Glutamyl-tRNA reductase	1278	895702	896979	-1
orf01275	prfA	Peptide chain release factor 1	1083	896976	898058	1
orf01276	prmC	Release factor glutamine methyltransferase	831	898059	898889	1
orf01277	moeB	Molybdopterin-synthase adenylyltransferase	756	898883	899638	1
orf01279	murI	Glutamate racemase	2427	899631	902057	1
orf01280	phrB	Deoxyribodipyrimidine photo-lyase	1194	902065	903258	1
orf01287	yfcH	Epimerase family protein YfcH	579	906432	907010	-1
orf01288	yfcH	Epimerase family protein YfcH	318	907024	907341	1
orf01290	hemH	Ferrocyclase	1014	907355	908368	1
orf01292	uraA	Probable uracil permease	1275	909766	908492	1
orf01295	upp	Uracil phosphoribosyltransferase	639	910407	909769	1
orf01297	hprT	Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase	558	910569	911126	1
orf01303	mqoI	Probable malate:quinone oxidoreductase 1	765	913517	912753	1
orf01306	mqoI	Probable malate:quinone oxidoreductase 1	618	913685	914302	1
orf01319	omaI	Mitochondrial metalloendopeptidase OMA1	816	918963	919778	-1
orf01323	rsmC	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C	999	921665	920667	1
orf01325	hprA	Glycerate dehydrogenase	681	922400	921720	1
orf01326	hprA	Glycerate dehydrogenase	570	922356	922925	1
orf01329	TTHA0604	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase	1683	922998	924680	-1
orf01331	PA3922	Uncharacterized protein PA3922	1653	926924	928576	1
orf01333	malT	HTH-type transcriptional regulator MalT	4485	928628	933112	1
orf01334	sasA	Adaptive-response sensory-kinase SasA	693	933109	933801	1
orf01335	ycbL	Uncharacterized protein YcbL	1458	933798	935255	1
orf01336	pta	Phosphate acetyltransferase	1164	935365	936528	1
orf01340	slyD	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD	501	938661	939161	-1
orf01341	gpo	Glutathione peroxidase	1374	939294	940667	1
orf01343	bdIA	Biofilm dispersion protein BdIA	531	941492	942022	1
orf01344	bdIA	Biofilm dispersion protein BdIA	576	942019	942594	1

orf01349	cysZ	Sulfate transporter CysZ	192	945422	945231	1
orf01350	-	Glucosaminat ammonia-lyase	963	945907	946869	2
orf01356	ampD	1,6-anhydro-N-acetylmuramyl-L-alanine amidase AmpD	3000	948025	951024	1
orf01360	cra	Catabolite repressor/activator	363	953050	952688	3
orf01362	cra	Catabolite repressor/activator	777	953220	953996	1
orf01363	fruB(HI)	Multiphosphoryl transfer protein	2823	953999	956821	-1
orf01364	fruK	1-phosphofructokinase	948	956822	957769	1
orf01366	fruA	PTS system fructose-specific EIIBC component	2022	957760	959781	1
orf01370	cph2	Phytochrome-like protein cph2	336	960622	960957	1
orf01374	oprD	Porin D	723	962961	962239	-2
orf01376	oprD	Porin D	639	963575	962937	1
orf01387	cheV	Chemotaxis protein CheV	900	972864	971965	1
orf01388	norR1	Nitric oxide reductase transcription regulator NorR1	639	972863	973501	1
orf01389	hmp	Flavoheмоprotein	1323	974628	975950	-1
orf01390	dsbB1	Disulfide bond formation protein B 1	900	975950	976849	1
orf01391	dsbB1	Disulfide bond formation protein B 1	213	976806	977018	2
orf01395	cyoA	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 2	945	977578	978522	1
orf01396	cyoB	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 1	2019	978526	980544	1
orf01397	cyoC	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 3	624	980548	981171	1
orf01398	cyoD	Cytochrome bo(3) ubiquinol oxidase subunit 4	333	981171	981503	1
orf01400	cyoE	Protoheme IX farnesyltransferase	441	981521	981961	1
orf01401	cyoE2	Protoheme IX farnesyltransferase 2	456	981949	982404	3
orf01403	alaC	Glutamate-pyruvate aminotransferase AlaC	429	982440	982868	1
orf01404	alaC	Glutamate-pyruvate aminotransferase AlaC	1017	982829	983845	3
orf01405	alaC	Glutamate-pyruvate aminotransferase AlaC	1704	983820	985523	2
orf01408	selU	tRNA 2-selenouridine synthase	2286	986507	988792	1
orf01409	selU	tRNA 2-selenouridine synthase	603	988814	989416	-1
orf01411	selD	Selenide, water dikinase	1041	990657	989617	-1
orf01413	ptxB	Probable phosphite transport system-binding protein PtxB	855	990780	991634	1
orf01415	phnC	Phosphonates import ATP-binding protein PhnC	1194	991631	992824	1
orf01416	ptxC	Phosphite transport system permease protein PtxC	453	992818	993270	1
orf01422	insF	Transposase InsF for insertion sequence IS3	882	998741	997860	1
orf01424	ykgN	Putative transposase YkgN	279	999010	998732	1
orf01430	queA	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase	10185	999023	1009207	1
orf01431	tgt	Queuine tRNA-ribosyltransferase	1134	1009204	1010337	1
orf01432	yajC	UPF0092 membrane protein YajC	327	1010389	1010715	1
orf01434	secD	Protein translocase subunit SecD	1866	1010780	1012645	1
orf01436	secF	Protein translocase subunit SecF	909	1012656	1013564	1
orf01439	suhB	Inositol-1-monophosphatase	819	1015117	1014299	1
orf01441	trmJ	tRNA (cytidine/uridine-2'-O-)-methyltransferase TrmJ	831	1015195	1016025	1
orf01442	cysE	Serine acetyltransferase	786	1016031	1016816	1
orf01444	-	Putative HTH-type transcriptional regulator ORF2	462	1017026	1017487	1
orf01446	iscS	Cysteine desulfurase IscS	1215	1017534	1018748	1
orf01448	iscU	Iron-sulfur cluster assembly scaffold protein IscU	387	1018795	1019181	1
orf01450	iscA	Iron-binding protein IscA	324	1019210	1019533	1
orf01452	hscB	Co-chaperone protein HscB homolog	534	1019530	1020063	1
orf01454	hscA	Chaperone protein HscA homolog	444	1020107	1020550	1
orf01455	hscA	Chaperone protein HscA homolog	1416	1020555	1021970	1
orf01456	fdx	2Fe-2S ferredoxin	342	1021974	1022315	1
orf01458	PA3808	Uncharacterized protein PA3808	201	1022326	1022526	1
orf01460	ndk	Nucleoside diphosphate kinase	432	1022616	1023047	1
orf01461	rlmN	Dual-specificity RNA methyltransferase RlmN	1158	1023060	1024217	1
orf01467	rodZ	Cytoskeleton protein RodZ	1041	1024991	1026031	1
orf01468	ispG	4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (flavodoxin)	1110	1026034	1027143	1
orf01469	hisS	Histidine--tRNA ligase	1290	1027170	1028459	1
orf01472	yfgM	UPF0070 protein YfgM	639	1028499	1029137	1
orf01474	bamB	Outer membrane protein assembly factor BamB	1143	1029138	1030280	1
orf01477	der	GTPase Der	1623	1030386	1032008	1
orf01479	ybdL	Methionine aminotransferase	1149	1032072	1033220	1
orf01480	yafV	Hydrolase YafV	852	1033208	1034059	1
orf01482	cysJ	Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component	1008	1035218	1036225	1
orf01483	cysJ	Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component	195	1034323	1034129	-1
orf01487	PputGB1_0905	PKHD-type hydroxylase PputGB1_0905	744	1039419	1040162	1
orf01488	ldc	Lysine/ornithine decarboxylase	1164	1042235	1041072	1
orf01493	fecI	Probable RNA polymerase sigma factor FecI	498	1042732	1043229	1
orf01498	fecA	Fe(3+) dicitrate transport protein FecA	2424	1044321	1046744	1
orf01501	osmW	Osmoprotectant import permease protein OsmW	654	1048724	1048071	1
orf01503	osmX	Osmoprotectant-binding protein OsmX	915	1049635	1048721	1
orf01506	osmY	Osmoprotectant import permease protein OsmY	714	1050362	1049649	1
orf01507	prfC	Peptide chain release factor 3	393	1050602	1050994	1
orf01509	prfC	Peptide chain release factor 3	1485	1051023	1052507	2
orf01512	spuD	Putrescine-binding periplasmic protein SpuD	1224	1053724	1052501	1
orf01518	ordL	Probable oxidoreductase OrdL	696	1054848	1054153	1
orf01519	puuB	Gamma-glutamylputrescine oxidoreductase	858	1054864	1055721	1
orf01521	dppF	Dipeptide transport ATP-binding protein DppF	675	1056557	1057231	-1
orf01523	dppD	Dipeptide transport ATP-binding protein DppD	969	1058742	1057774	-1
orf01525	dppC	Dipeptide transport system permease protein DppC	927	1059679	1058753	1

orf01526	dppB	Dipeptide transport system permease protein DppB	1011	1060700	1059690	1
orf01529	hbpA	Heme-binding protein A	1611	1062401	1060791	1
orf01531	oprD	Porin D	1113	1063589	1062477	1
orf01537	dppA	Periplasmic dipeptide transport protein	1512	1065601	1064090	1
orf01540	dppA	Periplasmic dipeptide transport protein	1626	1067454	1065829	1
orf01542	regB	Sensor histidine kinase RegB	1260	1068848	1070107	1
orf01543	regA	Photosynthetic apparatus regulatory protein RegA	561	1070104	1070664	1
orf01549	aroP	Aromatic amino acid transport protein AroP	2040	1071826	1073865	1
orf01551	caxA	Putative antiporter CaxA	564	1074251	1074814	1
orf01553	PM1926	RlpA-like protein	375	1075225	1074851	-1
orf01555	gatB	Aspartyl/glutamyl-tRNA(Asn/Gln) amidotransferase subunit B	1446	1076814	1075369	1
orf01556	gatA	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A	1452	1078277	1076826	1
orf01558	gatC	Aspartyl/glutamyl-tRNA(Asn/Gln) amidotransferase subunit C	405	1078697	1078293	1
orf01559	mreB	Rod shape-determining protein MreB	1038	1078788	1079825	1
orf01561	mreC	Cell shape-determining protein MreC	1011	1080046	1081056	1
orf01563	mreD	Rod shape-determining protein MreD	489	1081056	1081544	1
orf01565	maf-1	Maf-like protein PP_0936	612	1081578	1082189	1
orf01566	rng	Ribonuclease G	1458	1082244	1083701	1
orf01567	yhdP	Uncharacterized protein YhdP	3855	1096318	1087638	1
orf01569	NIT1	Nitrilase homolog 1	852	1087635	1088486	1
orf01571	tldD	Metalloprotease TldD homolog	2436	1088489	1090924	1
orf01572	pmbA	Metalloprotease PmbA	1065	1090893	1091957	1
orf01577	PSEEN1090	Nucleotide-binding protein PSEEN1090	855	1096167	1095313	1
orf01578	ptsN	Nitrogen regulatory protein	465	1096634	1096170	1
orf01579	hpf	Ribosome hibernation promoting factor	309	1096955	1096647	1
orf01581	rpoN	RNA polymerase sigma-54 factor	1494	1098529	1097036	1
orf01582	lptB	Lipopolysaccharide export system ATP-binding protein LptB	726	1099430	1098705	1
orf01584	lptA	Lipopolysaccharide export system protein LptA	459	1099889	1099431	1
orf01587	kdsC	3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase KdsC	525	1101047	1100523	1
orf01591	mlaF	Probable phospholipid import ATP-binding protein MlaF	810	1102287	1103096	1
orf01592	kdsD	Arabinose 5-phosphate isomerase KdsD	1038	1102097	1101060	1
orf01593	mlaE	Probable phospholipid ABC transporter permease protein MlaE	801	1103093	1103893	1
orf01594	mlaD	Probable phospholipid ABC transporter-binding protein MlaD	486	1103893	1104378	1
orf01595	ttg2D	Toluene tolerance protein ttg2D	648	1104388	1105035	1
orf01597	TM_1442	Putative anti-sigma factor antagonist TM_1442	303	1105032	1105334	1
orf01599	-	Uncharacterized protein in rpoN-murA intergenic region	240	1105452	1105691	1
orf01601	murA	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase	1266	1105715	1106980	1
orf01605	hisG	ATP phosphoribosyltransferase	636	1107104	1107739	1
orf01606	hisD	Histidinol dehydrogenase	1326	1107874	1109199	1
orf01607	hisC	Histidinol-phosphate aminotransferase	2589	1109202	1111790	1
orf01609	yeaN	Inner membrane transport protein YeaN	2208	1111751	1113958	1
orf01610	PP_0972	UPF0213 protein PP_0972	561	1113955	1114515	1
orf01611	PP_0972	UPF0213 protein PP_0972	249	1114472	1114720	2
orf01612	PputGB1_0980	Nucleoid-associated protein PputGB1_0980	942	1115686	1114745	1
orf01614	Pmen_3549	Nucleoid-associated protein Pmen_3549	174	1115649	1115822	1
orf01619	hupA	DNA-binding protein HU-alpha	282	1116124	1116405	-1
orf01621	rlmF	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F	951	1117406	1116456	1
orf01623	valS	Valine--tRNA ligase	2847	1120370	1117524	1
orf01626	hoIC	DNA polymerase III subunit chi	432	1121383	1120952	1
orf01628	pepA	Probable cytosol aminopeptidase	1629	1123061	1121433	1
orf01630	lptF	Lipopolysaccharide export system permease protein LptF	1116	1123228	1124343	1
orf01631	lptG	Lipopolysaccharide export system permease protein LptG	1062	1124336	1125397	1
orf01635	tapB	Temperature acclimation protein B (Fragment)	213	1127545	1127333	1
orf01640	gcvT	Aminomethyltransferase, mitochondrial	1122	1129032	1127911	1
orf01642	sdaA	L-serine dehydratase	1377	1130436	1129060	1
orf01643	gcvP1	Glycine dehydrogenase (decarboxylating) 1	2856	1133445	1130590	1
orf01646	gcvH1	Glycine cleavage system H protein 1	255	1133841	1133587	1
orf01648	gltS	Sodium/glutamate symport carrier protein	177	1137293	1137469	1
orf01655	arcC	Carbamate kinase	930	1141537	1140608	-1
orf01658	arcB	Ornithine carbamoyltransferase, catabolic	1041	1142759	1141719	1
orf01659	arcA	Arginine deiminase	1254	1144052	1142799	1
orf01661	arcD	Arginine/ornithine antiporter	1428	1145515	1144088	1
orf01663	arcD	Arginine/ornithine antiporter	1806	1145573	1147378	1
orf01664	ybaN	Inner membrane protein YbaN	417	1147774	1147358	1
orf01666	HI_1565/HI_1567	Probable hemoglobin and hemoglobin-haptoglobin-binding protein 4	2556	1148335	1150890	1
orf01670	fecR	Protein FecR	1107	1153581	1152475	-1
orf01671	carQ	RNA polymerase sigma factor CarQ	588	1154225	1153638	1
orf01672	gap	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	822	1154252	1155073	1
orf01675	edd	Phosphogluconate dehydratase	1827	1155763	1157589	-1
orf01677	glk	Glucokinase	960	1157586	1158545	1
orf01678	ompR	Transcriptional regulatory protein OmpR	927	1158514	1159440	1
orf01679	envZ	Osmolarity sensor protein EnvZ	3261	1159430	1162690	1
orf01680	BMEII0590	Probable sugar-binding periplasmic protein	1272	1162687	1163958	1
orf01682	PH1215	Probable ABC transporter permease protein PH1215	825	1164039	1164863	1
orf01685	PH1216	Probable ABC transporter permease protein PH1216	846	1164856	1165701	1
orf01687	yurJ	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YurJ	1155	1165705	1166859	1
orf01688	oprB	Porin B	1353	1166901	1168253	1



orf01689	yeaD	Putative glucose-6-phosphate 1-epimerase	912	1168313	1169224	1
orf01690	hexR	HTH-type transcriptional regulator HexR	864	1170080	1169217	1
orf01692	zwf	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	1470	1170294	1171763	1
orf01694	pgl	6-phosphogluconolactonase	729	1171735	1172463	1
orf01696	eda	2-dehydro-3-deoxy-phosphogluconate aldolase	681	1172481	1173161	1
orf01697	leuA	2-isopropylmalate synthase	1899	1175074	1173176	1
orf01701	xseA	Exodeoxyribonuclease 7 large subunit	249	1176581	1176333	1
orf01703	xseA	Exodeoxyribonuclease 7 large subunit	2196	1176690	1178885	1
orf01707	guaB	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase	1470	1180410	1181879	-1
orf01709	guaA	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	1578	1181958	1183535	1
orf01716	mco	Multicopper oxidase mco	1296	1207079	1208374	1
orf01718	tadA	tRNA-specific adenosine deaminase	708	1208374	1209081	1
orf01719	mltF	Membrane-bound lytic murein transglycosylase F	1212	1210423	1209212	1
orf01721	purL	Phosphoribosylformylglycinamide synthase	3900	1210749	1214648	1
orf01729	hpmA	Hemolysin	15324	1220797	1236120	1
orf01734	yafK	Putative L,D-transpeptidase YafK	2265	1236635	1238899	-1
orf01735	NUDT23	Nudix hydrolase 23, chloroplastic	294	1239352	1239059	-1
orf01738	nudL	Uncharacterized Nudix hydrolase NudL	576	1239502	1240077	1
orf01740	PA3753	Uncharacterized protein PA3753	945	1240123	1241067	1
orf01742	purT	Phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2	2142	1241039	1243180	1
orf01746	yfjD	UPF0053 inner membrane protein YfjD	759	1245216	1244458	1
orf01748	ypjD	Inner membrane protein YpjD	810	1246482	1245673	1
orf01751	fhf	Signal recognition particle protein	1377	1246807	1248183	1
orf01752	rpsP	30S ribosomal protein S16	330	1248365	1248694	1
orf01753	rimM	Ribosome maturation factor RimM	537	1248700	1249236	1
orf01755	trmD	tRNA (guanine-N(1)-)-methyltransferase	753	1249240	1249992	1
orf01756	rplS	50S ribosomal protein L19	351	1250035	1250385	1
orf01759	ykhA	Uncharacterized acyl-CoA thioester hydrolase YkhA	591	1250480	1251070	1
orf01760	xerD	Tyrosine recombinase XerD	897	1251058	1251954	1
orf01762	dsbC	Thiol:disulfide interchange protein DsbC	897	1251955	1252851	1
orf01763	hom	Homoserine dehydrogenase	1305	1252936	1254240	1
orf01766	thrC	Threonine synthase	4293	1254299	1258591	1
orf01768	Caur_2266	Succinyl-CoA--D-citramalate CoA-transferase	537	1259423	1259959	1
orf01769	yaeQ	Uncharacterized protein YaeQ	543	1260471	1261013	-1
orf01771	recJ	Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ	1710	1261022	1262731	1
orf01774	namA	NADPH dehydrogenase	969	1264111	1265079	1
orf01777	prf	Gamma-aminobutyraldehyde dehydrogenase	1425	1267381	1265957	1
orf01779	ydcV	Inner membrane ABC transporter permease protein YdcV	807	1268206	1267400	1
orf01782	ydcU	Inner membrane ABC transporter permease protein YdcU	753	1268948	1268196	1
orf01785	ydcS	Putative ABC transporter periplasmic-binding protein YdcS	1152	1271442	1270291	1
orf01787	mcp4	Methyl-accepting chemotaxis protein 4	1554	1272680	1274233	1
orf01788	wspC	Probable biofilm formation methyltransferase WspC	681	1274239	1274919	1
orf01789	wspC	Probable biofilm formation methyltransferase WspC	1089	1274928	1276016	3
orf01791	cheA	Chemotaxis protein CheA	1008	1276672	1277679	1
orf01792	cheA	Chemotaxis protein CheA	1323	1277648	1278970	1
orf01794	cheB3	Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase of group 3 operon	1014	1278967	1279980	1
orf01796	cph2	Phytochrome-like protein cph2	1191	1280032	1281222	1
orf01797	prfB	Peptide chain release factor 2	915	1281329	1282243	1
orf01798	lysS	Lysine--tRNA ligase	1503	1282336	1283838	1
orf01804	yhfR	Uncharacterized protein YhfR	870	1286765	1287634	1
orf01808	oprF	Outer membrane porin F	792	1287910	1288119	1
orf01812	ppc	Phosphoenolpyruvate carboxylase	2613	1290293	1292905	1
orf01814	adk	Adenylate kinase	651	1293164	1293814	1
orf01817	tsaB	tRNA threonylcarbamoyladenosine biosynthesis protein TsaB	696	1294079	1294774	1
orf01820	yecE	UPF0759 protein YecE	870	1295200	1296069	1
orf01821	prpB	2-methylisocitrate lyase	2103	1296099	1298201	1
orf01822	rsmJ	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase J	867	1298266	1299132	1
orf01824	mdtA	Multidrug resistance protein MdtA	993	1300205	1301197	1
orf01826	mdtB	Multidrug resistance protein MdtB	1209	1301204	1302412	1
orf01827	mdtB	Multidrug resistance protein MdtB	2190	1302372	1304561	1
orf01830	plsB	Glycerol-3-phosphate acyltransferase	1524	1305578	1307101	1
orf01831	plsB	Glycerol-3-phosphate acyltransferase	1818	1307113	1308930	-2
orf01832	ybaY	Uncharacterized lipoprotein YbaY	366	1305612	1305247	-1
orf01835	cspA	Major cold shock protein CspA	210	1309693	1309902	1
orf01837	rlnA	23S rRNA (guanine(745)-N(1))-methyltransferase	813	1311231	1310419	1
orf01838	dapE	Succinyl-diaminopimelate desuccinylase	1152	1312382	1311231	1
orf01841	bcsAI	Cellulose synthase 1 catalytic subunit [UDP-forming]	2490	1314959	1312470	1
orf01844	tcdA	tRNA threonylcarbamoyladenosine dehydratase	1359	1315286	1316644	1
orf01846	csdA	Probable cysteine desulfurase	678	1316641	1317318	1
orf01847	dapD	2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase	1035	1318980	1317946	-1
orf01849	yffB	Protein YffB	348	1319360	1319013	1
orf01852	yjcE	Uncharacterized Na(+)/H(+) exchanger YjcE	1974	1319732	1321705	1
orf01854	dapL	LL-diaminopimelate aminotransferase	1077	1321677	1322753	1
orf01855	glnD	Bifunctional uridylyltransferase/uridylyl-removing enzyme	2703	1325459	1322757	-1
orf01856	map	Methionine aminopeptidase	297	1326192	1326488	1
orf01857	map	Methionine aminopeptidase	705	1326206	1325502	-1
orf01859	rpsB	30S ribosomal protein S2	804	1326566	1327369	1

orf01861	tsf	Elongation factor Ts	864	1327557	1328420	1
orf01863	pyrH	Uridylate kinase	744	1328602	1329345	1
orf01865	frr	Ribosome-recycling factor	558	1329342	1329899	1
orf01866	uppS	Ditrans,polycis-undecaprenyl-diphosphate synthase ((2E,6E)-farnesyl-diphosphate specific)	756	1329915	1330670	1
orf01867	cdsA	Phosphatidate cytidyltransferase	816	1330670	1331485	1
orf01868	dxr	1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase	1191	1331482	1332672	1
orf01870	PA3649	Putative zinc metalloprotease PA3649	1359	1332738	1334096	1
orf01871	bamA	Outer membrane protein assembly factor BamA	2361	1334171	1336531	1
orf01872	PA3647	Skp-like protein	504	1336576	1337079	1
orf01875	lpxD	UDP-3-O-acylglucosamine N-acyltransferase	1056	1337081	1338136	1
orf01877	fabZ	3-hydroxyacyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase FabZ	441	1338252	1338692	1
orf01878	lpxA	Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase	777	1338689	1339465	1
orf01880	lpxB	Lipid-A-disaccharide synthase	1128	1339467	1340594	1
orf01882	rnhB	Ribonuclease HII	624	1340596	1341219	1
orf01885	dnaE	DNA polymerase III subunit alpha	3555	1341441	1344995	1
orf01886	accA	Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha	948	1345103	1346050	1
orf01888	tilS	tRNA(Ile)-lysine synthase	141	1347329	1347469	1
orf01891	pyrG	CTP synthase	1629	1347739	1349367	1
orf01892	kdsA	2-dehydro-3-deoxyphosphoactonate aldolase	846	1349371	1350216	1
orf01894	eno	Enolase	1350	1350310	1351659	1
orf01896	ftsB	Cell division protein FtsB	285	1351824	1352108	1
orf01897	ispD	2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase	1140	1352105	1353244	1
orf01899	frmA	S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase	1161	1353901	1355061	1
orf01901	yeiG	S-formylglutathione hydrolase YeiG	1011	1355070	1356080	1
orf01904	ispF	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase	474	1356101	1356574	1
orf01905	truD	tRNA pseudouridine synthase D	1059	1356571	1357629	1
orf01907	surE	5'-nucleotidase SurE	750	1357617	1358366	1
orf01909	pcm	Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase	660	1358381	1359040	1
orf01912	PA3623	Lipoprotein NlpD/LppB homolog	915	1359201	1360115	1
orf01914	rpoS	RNA polymerase sigma factor RpoS	1008	1360225	1361232	1
orf01918	fdxA	Ferredoxin I	324	1362173	1361850	1
orf01919	mutS	DNA mismatch repair protein MutS	2574	1364889	1362316	1
orf01925	int	Integrase	939	1365878	1364940	1
orf01932	ybcO	Uncharacterized protein YbcO	4956	1374261	1379216	1
orf01938	intA	Prophage CP4-57 integrase	1758	1379638	1381395	1
orf01945	pncC	Nicotinamide-nucleotide amidohydrolase PncC	32517	1382539	1415055	1
orf01947	recA	Protein RecA	1068	1415160	1416227	1
orf01948	recX	Regulatory protein RecX	483	1416294	1416776	1
orf01951	LOGL10	Probable cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOGL10	1119	1417887	1416769	1
orf01954	yfiP	DTW domain-containing protein YfiP	903	1418722	1419624	1
orf01955	agmR	Glycerol metabolism activator	651	1419703	1420353	1
orf01957	dgkA	Diacylglycerol kinase	366	1420427	1420792	1
orf01959	yeiE	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YeiE	1002	1421790	1420789	1
orf01960	fpr	Ferredoxin--NADP reductase	780	1421837	1422616	1
orf01961	sprT	Protein SprT	369	1424195	1424563	1
orf01963	yohC	Inner membrane protein YohC	405	1424993	1424589	-1
orf01965	ttcA	tRNA 2-thiocytidine biosynthesis protein TtcA	867	1425452	1426318	1
orf01967	guaA	Probable GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]	672	1426282	1426953	1
orf01970	PA0949	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)	606	1428067	1427462	1
orf01971	yfgD	Uncharacterized protein YfgD	354	1428417	1428064	1
orf01973	resA	Thiol-disulfide oxidoreductase ResA	762	1428503	1429264	1
orf01977	gacS	Sensor protein GacS	903	1430916	1431818	1
orf01978	ddh	2-hydroxyacid dehydrogenase homolog	978	1430933	1429956	-1
orf01979	gacS	Sensor protein GacS	2772	1433109	1435880	1
orf01980	pfeS	Sensor protein PfeS	306	1435858	1436163	-1
orf01983	cysM	Cysteine synthase B	1056	1436284	1437339	1
orf01985	rlmD	23S rRNA (uracil(1939)-C(5))-methyltransferase RlmD	1293	1437290	1438582	1
orf01986	relA	GTP pyrophosphokinase	2292	1438628	1440919	1
orf01991	mazG	Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase	834	1441044	1441877	1
orf01993	yaiL	Uncharacterized protein YaiL	552	1441894	1442445	1
orf01999	purN	Phosphoribosylglycinamide formyltransferase	654	1444222	1443569	1
orf02001	purM	Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase	1059	1445280	1444222	1
orf02003	RP630	UPF0118 membrane protein RP630	1260	1446723	1447982	1
orf02005	hda	DnaA regulatory inactivator Hda	789	1448091	1448879	1
orf02006	mepH	Murein DD-endopeptidase MepH	615	1448969	1449583	1
orf02011	mepH	Murein DD-endopeptidase MepH	3750	1449724	1453473	1
orf02013	cobO	Cob(I)yrinic acid a,c-diamide adenosyltransferase	612	1453938	1454549	1
orf02014	cobB	Hydrogenobyrrinate a,c-diamide synthase	1572	1454546	1456117	1
orf02015	bluB	5,6-dimethylbenzimidazole synthase	375	1456114	1456488	1
orf02016	cobD	Cobalamin biosynthesis protein CobD	924	1456470	1457393	1
orf02018	cobC	Threonine-phosphate decarboxylase	993	1456738	1458378	1
orf02019	cobQ	Cobyric acid synthase	1455	1458375	1459829	1
orf02021	cobP	Bifunctional adenosylcobalamin biosynthesis protein CobP	120	1459816	1459935	1
orf02022	cobP	Bifunctional adenosylcobalamin biosynthesis protein CobP	402	1459951	1460352	1
orf02023	cobT	Nicotinate-nucleotide--dimethylbenzimidazole phosphoribosyltransferase	1056	1460349	1461404	1
orf02025	cobS	Adenosylcobinamide-GDP ribazoletransferase	2727	1461969	1464695	1
orf02026	ybfB	Uncharacterized MFS-type transporter YbfB	1098	1464667	1465764	1

orf02029	gpwA	Glutathione peroxidase	3504	1465873	1469376	1
orf02031	fadL	Long-chain fatty acid transport protein	297	1469674	1469378	1
orf02032	fadL	Long-chain fatty acid transport protein	1047	1469696	1470742	1
orf02048	rmuC	DNA recombination protein RmuC homolog	1023	1473784	1474806	-1
orf02049	pleC	Non-motile and phage-resistance protein	3516	1478293	1474778	1
orf02052	LPAT1	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase 1, chloroplastic	1878	1479924	1481801	1
orf02053	sugE	Quaternary ammonium compound-resistance protein SugE	318	1482128	1481811	1
orf02055	slr0786	Methionine aminopeptidase B	1077	1484730	1485806	1
orf02056	map	Methionine aminopeptidase	333	1485909	1486241	-1
orf02061	pcaQ	HTH-type transcriptional regulator PcaQ	8886	1486220	1495105	-1
orf02062	fkIB	FKBP-type 22 kDa peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	942	1495138	1496079	1
orf02064	ykvA	Uncharacterized membrane protein YkvA	756	1496197	1496952	1
orf02069	prc	Tail-specific protease	2235	1500713	1498479	1
orf02071	TP5313	Quinone oxidoreductase PIG3	963	1500827	1501789	1
orf02074	-	Inhibition of morphological differentiation protein	789	1501811	1502599	1
orf02076	potA	Spermidine/putrescine import ATP-binding protein PotA	990	1503571	1502582	-1
orf02081	cysT	Probable sulfate transport system permease protein cysT	531	1504887	1504357	1
orf02095	ybiO	Moderate conductance mechanosensitive channel YbiO	2319	1510483	1508165	1
orf02101	apeB	Probable M18 family aminopeptidase 2	1290	1512173	1510884	1
orf02103	rluA	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A	1026	1512133	1513158	1
orf02106	minE	Cell division topological specificity factor	255	1513393	1513139	-1
orf02108	minD	Septum site-determining protein MinD	813	1514209	1513397	1
orf02110	minC	Probable septum site-determining protein MinC	759	1515069	1514311	1
orf02112	lpxL	Lipid A biosynthesis lauroyltransferase	1212	1515181	1516392	1
orf02114	RF_0076	Uncharacterized protein RF_0076	1470	1516389	1517858	1
orf02115	RT0044	Uncharacterized protein RT0044	438	1517911	1518348	-3
orf02120	opuAC	Glycine betaine-binding protein OpuAC	861	1522019	1522879	-1
orf02123	yjcH	Inner membrane protein YjcH	312	1523122	1523433	1
orf02125	actP	Cation/acetate symporter ActP	1776	1523430	1525205	1
orf02130	yhfE	Putative aminopeptidase YhfE	132	1527347	1527478	1
orf02133	cphA	Cyanophycin synthetase	2025	1530216	1528192	-1
orf02135	asnB	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] 1	1788	1532007	1530220	1
orf02137	mmmC	tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine biosynthesis bifunctional protein MmmC	2322	1532216	1534537	1
orf02138	-	Uncharacterized protein in chlN 3' region (Fragment)	1608	1534488	1536095	-1
orf02142	fumC	Fumarate hydratase class II	2580	1536092	1538671	1
orf02145	bolA	Protein Bola	297	1539218	1539514	-1
orf02147	PputW619_1365	UPF0176 protein PputW619_1365	933	1539744	1540676	1
orf02149	ywjA	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YwjA	1782	1541356	1543137	1
orf02151	yegE	Probable diguanylate cyclase YegE	4392	1543412	1547803	1
orf02153	mtnA	Methylthioribose-1-phosphate isomerase	1296	1549161	1550456	1
orf02154	ubiG	Ubiquinone biosynthesis O-methyltransferase	699	1549076	1548378	1
orf02155	gyrA	DNA gyrase subunit A	3033	1550632	1553664	1
orf02157	serC	Phosphoserine aminotransferase	1092	1553639	1554730	1
orf02158	pheA	P-protein	1098	1554727	1555824	1
orf02159	aroA	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	2409	1555821	1558229	1
orf02161	cmk	Cytidylate kinase	687	1558226	1558912	1
orf02162	rpsA	30S ribosomal protein S1	1677	1559037	1560713	1
orf02165	ihfB	Integration host factor subunit beta	13851	1561202	1575052	1
orf02170	pgi	Glucose-6-phosphate isomerase	39336	1575065	1614400	1
orf02172	pgi	Glucose-6-phosphate isomerase	9417	1614457	1623873	3
orf02175	pyrF	Orotidine 5'-phosphate decarboxylase	2883	1623903	1626785	1
orf02178	mcpS	Methyl-accepting chemotaxis protein McpS	1941	1627065	1629005	1
orf02180	ydcO	Inner membrane protein YdcO	1191	1630339	1629149	1
orf02182	gstA	Protein GstA	603	1630487	1631089	1
orf02185	folE2	GTP cyclohydrolase 1 2	546	1632197	1631652	1
orf02187	VP2204	UPF0115 protein VP2204	561	1632828	1632268	1
orf02191	yddQ	Uncharacterized isochorismatase family protein YddQ	591	1633935	1633345	1
orf02193	prmB	50S ribosomal protein L3 glutamine methyltransferase	2757	1634117	1636873	1
orf02194	aroC	Chorismate synthase	1092	1637324	1638415	1
orf02196	hcaT	Probable 3-phenylpropionic acid transporter	1155	1638660	1639814	1
orf02197	mtnD	Acireductone dioxygenase	699	1639814	1640512	1
orf02198	PA3287	Putative ankyrin repeat protein PA3287	663	1640819	1641481	1
orf02202	gufA	Protein GufA	873	1643072	1642200	1
orf02203	HI_1246	Uncharacterized protein HI_1246	2841	1643139	1645979	1
orf02214	YLR126C	Putative glutamine amidotransferase YLR126C	831	1648123	1648953	1
orf02218	plsC	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase	756	1650625	1649870	1
orf02222	fata	Ferric anguibactin receptor	609	1651933	1652541	1
orf02223	fatA	Ferric anguibactin receptor	1305	1652707	1654011	-1
orf02228	bdcA	Cyclic-di-GMP-binding biofilm dispersal mediator protein	324	1656641	1656964	-1
orf02229	bdcA	Cyclic-di-GMP-binding biofilm dispersal mediator protein	411	1656640	1656230	-1
orf02230	ycaN	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YcaN	1575	1657056	1658630	1
orf02237	efp	Elongation factor P	570	1660329	1660898	1
orf02240	ohrR	Organic hydroperoxide resistance transcriptional regulator	456	1662135	1661680	1
orf02242	tttR	HTH-type transcriptional activator TttR	1953	1662122	1664074	1
orf02246	speE	Polyamine aminopropyltransferase	1128	1667939	1669066	-1
orf02247	deaD	ATP-dependent RNA helicase DeaD	1680	1669205	1670884	1
orf02249	LIGB	Extradial ring-cleavage dioxygenase	432	1671469	1671038	1

orf02250	ygiD	4,5-DOPA dioxygenase extradiol	426	1671479	1671904	1
orf02251	tpm	Thiopurine S-methyltransferase	900	1671907	1672806	-1
orf02252	htpX	Protease HtpX	939	1672799	1673737	1
orf02255	msrB	Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB	396	1675289	1675684	-1
orf02256	bsaA	Glutathione peroxidase homolog BsaA	489	1675698	1676186	1
orf02262	dhkK	Hybrid signal transduction histidine kinase K	354	1676529	1676176	1
orf02263	msrC	Free methionine-R-sulfoxide reductase	579	1675226	1680104	1
orf02272	fadE	Acyl-coenzyme A dehydrogenase	1014	1695476	1696489	1
orf02273	fadE	Acyl-coenzyme A dehydrogenase	1467	1696586	1698052	-1
orf02274	gstB	Glutathione S-transferase GstB	828	1698084	1698911	-1
orf02277	yadG	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YadG	933	1699056	1699988	1
orf02278	yadH	Inner membrane transport permease YadH	780	1699985	1700764	1
orf02284	MTH_1022	Putative biopolymer transport protein ExbB homolog	669	1703824	1704492	1
orf02287	lpxK	Tetraacyldisaccharide 4'-kinase	138	1705787	1705924	1
orf02288	PSEEN1604	UPPF0434 protein PSEEN1604	186	1705970	1706155	1
orf02289	kdsB	3-deoxy-manno-octulosonate cytidylyltransferase	765	1706152	1706916	1
orf02292	slr0328	Putative low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase slr0328	465	1706916	1707380	1
orf02293	murB	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase	1410	1707331	1708740	1
orf02295	rne	Ribonuclease E	1719	1711817	1710099	1
orf02301	rluC	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C	1182	1712402	1713583	1
orf02302	ppaX	Pyrophosphatase PpaX	690	1713587	1714276	1
orf02306	maf-2	Maf-like protein PP_1909	768	1715194	1715961	1
orf02307	HL_0159	Uncharacterized protein HL_0159	528	1716071	1716598	-1
orf02308	rpmF	50S ribosomal protein L32	183	1716612	1716794	1
orf02309	pIsX	Phosphate acyltransferase	1152	1716798	1717949	1
orf02312	fabD	Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase	939	1718061	1718999	1
orf02313	fabG	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase FabG	741	1719015	1719755	1
orf02319	acpP	Acyl carrier protein	237	1719961	1720197	1
orf02324	fabF	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 2	1287	1720344	1721630	1
orf02325	pabC	Aminodeoxychorismate lyase	819	1721267	1722445	1
orf02326	HL_0457	UPPF0755 protein HL_0457	975	1722451	1723425	1
orf02329	tmk	Thymidylate kinase	633	1723663	1724295	1
orf02330	hoIb	DNA polymerase III subunit delta'	987	1724288	1725274	1
orf02331	HL_0454	Uncharacterized deoxyribonuclease HL_0454	912	1725306	1726217	1
orf02334	slmA	Nucleoid occlusion factor SlmA	810	1726328	1727137	1
orf02337	moaA	Cyclic pyranopterin monophosphate synthase	984	1727276	1728259	1
orf02343	aspC	Aspartate aminotransferase	1197	1732782	1731586	1
orf02347	uvrB	UvrABC system protein B	2052	1733071	1735122	1
orf02350	emrB	Multidrug export protein EmrB	1563	1735309	1736871	1
orf02353	gltX	Glutamate--tRNA ligase	1566	1737874	1739439	-1
orf02363	dusC	tRNA-dihydrouridine(16) synthase	3378	1742695	1746072	1
orf02367	-	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator in <i>ibpB-leuC</i> intergenic region	879	1750048	1749170	1
orf02369	leuC	3-isopropylmalate dehydratase large subunit	1434	1750180	1751613	1
orf02371	leuD	3-isopropylmalate dehydratase small subunit	645	1751610	1752254	1
orf02372	leuB	3-isopropylmalate dehydrogenase	1083	1753223	1754305	1
orf02373	asd	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase	1113	1754369	1755481	1
orf02376	usg	USG-I protein homolog	1638	1755478	1757115	1
orf02377	truA	tRNA pseudouridine synthase A	3783	1757187	1760969	1
orf02379	trpF	N-(5'-phosphoribosyl)anthranilate isomerase	621	1761032	1761652	1
orf02381	accD	Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit beta	894	1761874	1762767	1
orf02383	folC	Bifunctional protein FolC	1311	1762764	1764074	1
orf02386	cvpA	Colicin V production protein homolog	558	1765012	1765569	1
orf02387	purF	Amidophosphoribosyltransferase	1515	1765603	1767117	1
orf02389	metZ	O-succinylhomoserine sulphydrylase	1212	1767134	1768345	1
orf02390	PA3106	Uncharacterized oxidoreductase PA3106	774	1768342	1769115	1
orf02400	oruR	Ornithine utilization regulator	351	1774313	1773963	1
orf02405	fadH	2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH]	2067	1776292	1778358	1
orf02409	yodB	Cytochrome b561 homolog 1	546	1779938	1779393	1
orf02413	nadK	NAD kinase	891	1781184	1782074	1
orf02417	gluP	Rhomboid protease GluP	876	1783042	1783917	1
orf02419	yeaC	Uncharacterized protein YeaC	261	1783944	1784204	1
orf02421	MPA1	Puromycin-sensitive aminopeptidase	2658	1785046	1787703	1
orf02422	CYA_0848	Ycf48-like protein	837	1788154	1788990	1
orf02426	pgl	6-phosphogluconolactonase	762	1792147	1792908	1
orf02433	sbcC	Nuclease SbcCD subunit C	453	1794417	1793965	1
orf02434	sbcD	Nuclease SbcCD subunit D	1239	1798844	1797606	1
orf02442	BB_0173	Uncharacterized protein BB_0173	1077	1812142	1811066	1
orf02451	yeaC	Uncharacterized protein YeaC	960	1814551	1813592	1
orf02458	gdhB	NAD-specific glutamate dehydrogenase	4866	1835874	1840739	1
orf02462	PputGB1_1592	Putative phosphoenolpyruvate synthase regulatory protein	924	1841796	1840873	1
orf02463	ppsA	Phosphoenolpyruvate synthase	2412	1841835	1844246	1
orf02465	Pput_3656	Putative 4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase	492	1845563	1846054	1
orf02466	zntB	Zinc transport protein ZntB	996	1846082	1847077	1
orf02474	sigG	ECF RNA polymerase sigma factor SigG	591	1848471	1849061	1
orf02475	oprF	Outer membrane porin F	1038	1849173	1850210	1
orf02480	pyrD	Dihydroorotate dehydrogenase (quinone)	1047	1856199	1857245	1
orf02483	rnf	Ribosome modulation factor	216	1857655	1857440	1

orf02485	rlmL	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase K/L	324	1857983	1858306	1
orf02486	rlmL	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase K/L	3069	1858308	1861376	2
orf02487	dacB	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase DacB	2985	1861363	1864347	1
orf02490	yggL	Uncharacterized protein YggL	1068	1864564	1865631	-1
orf02492	bvgS	Virulence sensor protein BvgS	3114	1865640	1868753	-1
orf02494	bvgA	Virulence factors putative positive transcription regulator BvgA	819	1868852	1869670	-1
orf02496	dgt2	Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase-like protein	2052	1869780	1871831	-1
orf02502	MJ1343	Putative ammonium transporter MJ1343	1260	1872404	1873663	-1
orf02505	SPAC18B11.02c	Uncharacterized protein C18B11.02c	1404	1874672	1876075	1
orf02506	ctpH	Methyl-accepting chemotaxis protein CtpH	972	1876221	1877192	1
orf02508	aer	Aerotaxis receptor	336	1877355	1877690	-1
orf02509	acnA	Aconitate hydratase A	1530	1877700	1879229	-1
orf02510	acnA	Aconitate hydratase A	1077	1879971	1881047	-1
orf02514	rlmM	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase M	1833	1881627	1883459	-1
orf02515	tusA	Sulfurtransferase TusA homolog	243	1883440	1883682	1
orf02518	pdxB	Erythronate-4-phosphate dehydrogenase	2382	1883743	1886124	1
orf02519	abcB4	ABC transporter B family member 4	1116	1886096	1887211	1
orf02520	ctpH	Methyl-accepting chemotaxis protein CtpH	1617	1887404	1889020	1
orf02522	mqo1	Probable malate:quinone oxidoreductase I	2040	1888992	1891031	1
orf02525	moaB	Molybdenum cofactor biosynthesis protein B	795	1891353	1892147	1
orf02526	moeA	Molybdopterin molybdenumtransferase	1476	1892131	1893606	1
orf02529	PP_2125	Probable lipid kinase YegS-like	258	1895479	1895736	1
orf02531	nreC	Oxygen regulatory protein NreC	489	1896208	1895720	1
orf02535	gacA	Response regulator GacA	156	1896381	1896226	1
orf02537	cheV	Chemotaxis protein CheV	936	1898499	1899434	1
orf02539	slt	Soluble lytic murein transglycosylase	1245	1899491	1900735	1
orf02543	uup	ABC transporter ATP-binding protein uup	2265	1902457	1904721	-1
orf02545	fadB	Fatty acid oxidation complex subunit alpha	3039	1905358	1908396	1
orf02546	fadA	3-ketoacyl-CoA thiolase	1176	1908428	1909603	1
orf02550	topA	DNA topoisomerase I	2610	1910036	1912645	1
orf02554	sulA	Cell division inhibitor SulA	477	1914160	1913684	1
orf02556	lexA	LexA repressor	609	1914782	1914174	1
orf02558	yttP	Probable HTH-type transcriptional regulator YttP	714	1914998	1915711	1
orf02561	nagZ	Beta-hexosaminidase	1821	1916287	1918107	1
orf02562	nagZ	Beta-hexosaminidase	372	1918119	1918490	1
orf02566	ywqA	Uncharacterized ATP-dependent helicase YwqA	4656	1918487	1923142	1
orf02569	mfd	Transcription-repair-coupling factor	615	1924298	1923684	-1
orf02570	mfd	Transcription-repair-coupling factor	2877	1927134	1924258	1
orf02571	gap2	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase-like protein	1449	1927317	1928765	2
orf02572	apbE	FAD:protein FMN transferase	1179	1928781	1929959	1
orf02574	sthA	Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase	1395	1930162	1931556	1
orf02576	yqiK	Uncharacterized protein YqiK	723	1932321	1931599	1
orf02580	lolC	Lipoprotein-releasing system transmembrane protein LolC	1251	1933028	1934278	1
orf02581	lolD	Lipoprotein-releasing system ATP-binding protein LolD	699	1934271	1934969	1
orf02582	lolC	Lipoprotein-releasing system transmembrane protein LolC	1785	1935019	1936803	1
orf02584	copS	Sensor protein CopS	873	1936869	1937741	1
orf02586	copR	Transcriptional activator protein CopR	528	1938283	1937756	-1
orf02587	cusR	Transcriptional regulatory protein CusR	312	1938302	1938613	1
orf02588	queF	NADPH-dependent 7-cyano-7-deazaguanine reductase	2013	1938644	1940656	-1
orf02591	RP093	Uncharacterized protein RP093	1080	1940750	1941829	1
orf02592	rssB	Regulator of RpoS	1530	1941835	1943364	1
orf02599	tal	Transaldolase	927	1946967	1946041	1
orf02600	dusA	tRNA-dihydrouridine(20/20a) synthase	28347	1946989	1975335	1
orf02605	gpFI	Putative prophage major tail sheath protein	1026	1975329	1976354	-1
orf02607	FII	Tail tube protein	5328	1976367	1981694	1
orf02610	D	Probable baseplate hub protein	2142	1981934	1984075	1
orf02613	CVIBIM	Modification methylase CviBI	7554	1984364	1991917	1
orf02619	agmo	Alkylglycerol monooxygenase	14025	1991965	2005989	1
orf02621	nuoE	NADH-quinone oxidoreductase subunit E	483	2005959	2006441	1
orf02622	hndC	NADP-reducing hydrogenase subunit HndC	1578	2006435	2008012	1
orf02623	yjgC	Probable oxidoreductase YjgC	2883	2008009	2010891	1
orf02627	uspE	Universal stress protein E homolog	537	2011570	2012106	1
orf02629	miaE	tRNA-(ms[2]jio[6]A)-hydroxylase	618	2012252	2012869	-1
orf02638	spuD	Putrescine-binding periplasmic protein SpuD	1089	2019116	2020204	1
orf02641	speB	Agmatinase	2412	2020230	2022641	1
orf02643	yliI	Soluble aldose sugar dehydrogenase YliI	1554	2022628	2024181	1
orf02649	aq_740	UPF0118 membrane protein aq_740	1293	2029231	2030523	1
orf02652	phnW	2-aminoethylphosphonate--pyruvate transaminase	1107	2032401	2031295	1
orf02656	cysL	HTH-type transcriptional regulator CysL	11379	2032515	2043893	1
orf02661	acsA	Acetyl-coenzyme A synthetase	1482	2043884	2045365	1
orf02664	HSD17B10	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2	768	2045378	2046145	1
orf02666	DDB_G0271544	Probable acetyl-CoA acetyltransferase	1194	2046157	2047350	1
orf02667	mmgC	Acyl-CoA dehydrogenase	1128	2047359	2048486	1
orf02669	fadB1	Probable enoyl-CoA hydratase	837	2048500	2049336	1
orf02672	dksA	RNA polymerase-binding transcription factor DksA	846	2049725	2050570	1
orf02676	phaF	Probable K(+)/H(+) antiporter subunit F	279	2052242	2051964	1
orf02680	phaE	Probable K(+)/H(+) antiporter subunit E	246	2052484	2052239	1

orf02684	phaD	Probable K(+)/H(+) antiporter subunit D	1440	2054163	2052724	1
orf02685	phaAB	Probable K(+)/H(+) antiporter subunit A/B	2916	2057659	2054744	1
orf02688	AF_0788	Uncharacterized transporter AF_0788	516	2058432	2058947	1
orf02694	MT2364	Uncharacterized protein MT2364	771	2062384	2061614	-2
orf02700	xpnep1	Xaa-Pro aminopeptidase 1	1596	2063920	2065515	1
orf02720	HI_0036	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein HI_0036	2103	2072945	2075047	1
orf02722	pfeA	Ferric enterobactin receptor	2361	2076054	2078414	1
orf02723	yjnA	UPF0721 transmembrane protein YjnA	786	2079874	2079089	1
orf02726	dauA	FAD-dependent catabolic D-arginine dehydrogenase DauA	1137	2080802	2081938	1
orf02727	PH0854	RutC family protein PH0854	378	2081951	2082328	1
orf02728	ykvI	Uncharacterized membrane protein YkvI	1188	2082572	2083759	1
orf02730	pctB	Methyl-accepting chemotaxis protein PctB	1887	2085635	2083749	1
orf02733	ltrA	Probable HTH-type transcriptional regulator LtrA	1119	2085634	2086752	1
orf02739	dctA1	C4-dicarboxylate transport protein 1	1359	2091306	2089948	-1
orf02748	folD1	Bifunctional protein FolD 1	15192	2091377	2106568	1
orf02755	tig	Trigger factor	1314	2108094	2109407	-1
orf02757	clpP	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit	651	2109491	2110141	1
orf02759	clpX	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX	1329	2110205	2111533	1
orf02761	lon	Lon protease	2397	2111697	2114093	1
orf02763	hupB	DNA-binding protein HU-beta	273	2114247	2114519	1
orf02766	ppiD	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D	1575	2115003	2116577	1
orf02770	Mb1092c	Uncharacterized NTE family protein Mb1092c	1083	2117801	2116719	1
orf02774	mcpS	Methyl-accepting chemotaxis protein McpS	1398	2120592	2121989	1
orf02779	mhqP	Putative oxidoreductase MhqP	540	2124713	2125252	-1
orf02781	greB	Transcription elongation factor GreB	1059	2125697	2126755	1
orf02784	ybbA	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YbbA	684	2129487	2128804	1
orf02785	tesA	Esterase TesA	618	2129486	2130103	1
orf02788	ycfS	Probable L,D-transpeptidase YcfS	978	2130564	2131541	1
orf02790	oprI	Major outer membrane lipoprotein	321	2132000	2131680	1
orf02792	natD1	Protein NATD1	282	2132442	2132723	1
orf02793	aroF	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase, Tyr-sensitive	1116	2133972	2132857	1
orf02794	all1319	Putative 2-dehydropantoate 2-reductase	987	2134232	2135218	1
orf02798	cysB	HTH-type transcriptional regulator CysB	975	2135865	2136839	1
orf02800	cysH	Phosphoadenosine phosphosulfate reductase	864	2137128	2137991	1
orf02801	pabB	Aminodeoxychorismate synthase component 1	861	2137993	2138853	-1
orf02808	rimK	Probable alpha-L-glutamate ligase	645	2142580	2141936	-1
orf02812	ydhC	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YdhC	717	2142802	2143518	1
orf02813	prpB	2-methylisocitrate lyase	891	2143515	2144405	1
orf02814	prpC	2-methylcitrate synthase	312	2144377	2144688	1
orf02815	prpC	2-methylcitrate synthase	1056	2144664	2145719	3
orf02817	acnM	Aconitate hydratase A	2802	2145676	2148477	1
orf02819	-	2-methylaconitate isomerase	1191	2148611	2149801	1
orf02821	prpD	2-methylcitrate dehydratase	1485	2149956	2151440	1
orf02822	acnB	Aconitate hydratase B	2610	2154226	2151617	1
orf02835	qseB	Transcriptional regulatory protein QseB	669	2157639	2158307	1
orf02836	phoQ	Virulence sensor histidine kinase PhoQ	1494	2158304	2159797	1
orf02841	hdIR	HTH-type transcriptional regulator HdIR	867	2161959	2161093	1
orf02842	PA3568	Uncharacterized protein PA3568	2856	2162140	2164995	1
orf02854	ZMO1242	Uncharacterized protein ZMO1242	765	2179526	2178762	1
orf02858	dkgB	2,5-diketo-D-gluconic acid reductase B	804	2187039	2186236	1
orf02861	sir	Sulfite reductase [ferredoxin]	1653	2189525	2187873	1
orf02864	ytfQ	ABC transporter periplasmic-binding protein YtfQ	948	2189868	2190815	1
orf02869	metH	Methionine synthase	4440	2195248	2190809	1
orf02876	exoZ	Exopolysaccharide production protein ExoZ	1035	2197885	2198919	1
orf02877	nfuA	Fe/S biogenesis protein NfuA	585	2198978	2199562	1
orf02879	RP587	SCO2-like protein RP587	609	2199784	2200392	1
orf02881	Lxx21020	Putative lipoprotein Lxx21020	699	2200393	2201091	1
orf02886	ybfI	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YbfI	159	2207993	2208151	1
orf02897	dcsA	Putative N(omega)-hydroxy-L-arginine synthase DcsA	324	2212884	2212561	-1
orf02899	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	921	2213511	2214431	1
orf02903	polB	DNA polymerase II	7143	2214567	2221709	1
orf02907	HI_1602	Uncharacterized protein HI_1602	3066	2222169	2225234	1
orf02913	ompR	Transcriptional regulatory protein OmpR	741	2228068	2227328	-2
orf02916	dipZ	Protein DipZ	537	2228842	2229378	1
orf02918	aroQ2	3-dehydroquinate dehydratase 2	450	2230504	2230055	1
orf02920	czcC	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcC	1707	2230544	2232250	1
orf02921	czcB	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcB	852	2232315	2233166	1
orf02922	czcA	Cation efflux system protein CzcA	3528	2233183	2236710	1
orf02928	fct	Ferrichrysoactin receptor	576	2238733	2238158	1
orf02930	fpvA	Ferripyoverdine receptor	1572	2240308	2238737	1
orf02933	oprD	Porin D	3384	2241419	2244802	1
orf02934	oprD	Porin D	270	2244849	2245118	-1
orf02935	TP_0272	Protein Soj homolog	543	2241415	2240873	-2
orf02942	foxA	Ferrioxamine receptor	2184	2252280	2250097	1
orf02944	nhaR	Transcriptional activator protein NhaR	1011	2253469	2252459	1
orf02948	yoaE	UPF0053 inner membrane protein YoaE	969	2253873	2254841	1
orf02952	puuB	Gamma-glutamylputrescine oxidoreductase	2160	2255158	2257317	1

orf02954	relA	GTP pyrophosphokinase	531	2258711	2259241	-1
orf02958	ansB	Glutaminase-asparaginase	1089	2260605	2259517	1
orf02962	rbsA3	Ribose import ATP-binding protein RbsA 3	2532	2261012	2263543	1
orf02964	rbsC	Ribose transport system permease protein RbsC	996	2263540	2264535	1
orf02966	purR	HTH-type transcriptional repressor PurR	1023	2264540	2265562	1
orf02968	rbsK	Ribokinase	909	2265578	2266486	1
orf02969	rbsD	D-ribose pyranase	639	2266483	2267121	1
orf02970	SPBC1683.06c	Uncharacterized protein C1683.06c	969	2267079	2268047	1
orf02977	capA	Cold shock protein CapA (Fragment)	195	2269167	2269361	1
orf02980	thrS	Threonine--tRNA ligase	1923	2270077	2271999	-1
orf02981	infC	Translation initiation factor IF-3	552	2271999	2272550	1
orf02982	rpmI	50S ribosomal protein L35	195	2272613	2272807	1
orf02984	rpmI	50S ribosomal protein L20	357	2272836	2273192	1
orf02985	pheS	Phenylalanine--tRNA ligase alpha subunit	1017	2273304	2274320	1
orf02988	pheT	Phenylalanine--tRNA ligase beta subunit	2382	2274352	2276733	1
orf02989	ihfA	Integration host factor subunit alpha	303	2276739	2277041	1
orf02992	-	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator in himA 3'region (Fragment)	357	2277022	2277378	1
orf02998	yhcK	Uncharacterized protein YhcK	3762	2277618	2281379	1
orf03005	ACIAD0131	Alpha-ketoglutaric semialdehyde dehydrogenase	1350	2281749	2289098	-1
orf03012	SPBC428.11	O-acetylhomoserine (thiol)-lyase	837	2298250	2299086	3
orf03013	cysD	O-acetylhomoserine (thiol)-lyase	396	2299913	2299518	-3
orf03023	exuT	Hexuronate transporter	10335	2305709	2316043	2
orf03026	phbB	Acetoacetyl-CoA reductase	1509	2316033	2317541	-1
orf03035	pgrR	HTH-type transcriptional regulator PgrR	5595	2322731	2328325	1
orf03036	hpgT	(S)-3,5-dihydroxyphenylglycine transaminase	225	2328283	2328507	-1
orf03040	gabP	GABA permease	1410	2329628	2331037	-1
orf03042	tam	Trans-aconitate 2-methyltransferase	849	2331095	2331943	1
orf03044	cysL	HTH-type transcriptional regulator CysL	702	2332263	2332964	1
orf03045	rbcR	RuBisCO operon transcriptional regulator	459	2333063	2333521	-2
orf03046	pgtP	Phosphoglycerate transporter protein	2799	2333546	2336344	-1
orf03047	PP_2550	Probable transcriptional regulatory protein PP_2550	711	2336443	2337153	2
orf03049	nahR	HTH-type transcriptional activator NahR	1143	2337427	2338569	1
orf03050	ELI5	Tyrosine decarboxylase 1	1443	2338541	2339983	1
orf03054	ydfJ	Putative inner membrane metabolite transport protein YdfJ	1230	2341194	2339965	1
orf03055	vily	Hemolysin VIIY	3072	2341629	2344700	1
orf03065	PA1210	Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA1210	2847	2365359	2368205	1
orf03068	yjcD	Putative ATP-dependent DNA helicase YjcD	2523	2368360	2370882	-1
orf03074	DDB_G0286239	Serine hydrolase-like protein DDB_G0286239	2808	2376106	2378913	1
orf03076	proP	Proline/betaine transporter	1581	2378463	2380445	1
orf03077	ydfJ	Putative inner membrane metabolite transport protein YdfJ	1737	2380400	2382136	3
orf03081	vdIC	Probable short-chain type dehydrogenase/reductase VdIC	1038	2385004	2386041	1
orf03084	pmrA	Transcriptional regulatory protein PmrA	435	2387130	2387564	2
orf03085	rssA	Swarming motility regulation sensor protein RssA	1368	2387561	2388928	1
orf03089	yvbU	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YvbU	6108	2388939	2395046	1
orf03090	cptA	Phosphoethanolamine transferase CptA	177	2395141	2395317	1
orf03093	cptA	Phosphoethanolamine transferase CptA	1026	2395376	2396401	-3
orf03102	puuP	Putrescine importer PuuP	6147	2398160	2404306	-1
orf03108	doeD	Diaminobutyrate--2-oxoglutarate transaminase	49032	2404303	2453334	-1
orf03112	kup	Probable potassium transport system protein kup	1755	2453550	2455304	1
orf03113	kup	Probable potassium transport system protein kup	459	2455402	2455860	-1
orf03115	kup	Probable potassium transport system protein kup	609	2455974	2456582	-2
orf03117	kup	Probable potassium transport system protein kup	8739	2456691	2465429	-1
orf03122	puuA	Gamma-glutamylputrescine synthetase PuuA	1347	2468038	2469384	-1
orf03123	puuD	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase	795	2469448	2470242	1
orf03125	GABA-TP1	Gamma aminobutyrate transaminase 1, mitochondrial	1449	2470313	2471761	1
orf03129	phrB	(6-4) photolyase	312	2475216	2475527	1
orf03130	ufaA1	Tuberculoheptanoic acid methyltransferase UfaA1	1992	2475481	2477472	1
orf03142	bluR	HTH-type transcriptional repressor BluR	22725	2481306	2504030	-1
orf03143	Rru_A0931	Aldehyde dehydrogenase	189	2504050	2504238	1
orf03148	puuC	Aldehyde dehydrogenase PuuC	21771	2514028	2535798	1
orf03155	jhp_0969	Uncharacterized MscS family protein jhp_0969	1569	2537524	2539092	1
orf03159	ybdR	Uncharacterized zinc-type alcohol dehydrogenase-like protein YbdR	5151	2539558	2544708	-1
orf03164	bauD	Probable GABA permease	2163	2548860	2551022	-1
orf03167	-	Creatinase	1212	2551041	2552252	-2
orf03174	gap3	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3	1005	2558155	2557151	1
orf03176	arsH	NADPH-dependent FMN reductase ArsH	465	2558643	2558179	1
orf03179	nac	Nitrogen assimilation regulatory protein nac	1242	2560802	2562043	1
orf03180	ifcA	Fumarate reductase flavoprotein subunit	1305	2562036	2563340	1
orf03182	citB	Citrate utilization protein B	1182	2563321	2564502	1
orf03183	ybhD	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YbhD	861	2565423	2564563	1
orf03185	ybhH	Putative isomerase YbhH	1164	2565520	2566683	1
orf03186	dctA	C4-dicarboxylate transport protein	1314	2566757	2568070	1
orf03188	yraO	Uncharacterized transporter YraO	1305	2568196	2569500	1
orf03190	nicP	Porin-like protein NicP	1197	2569618	2570814	1
orf03193	cph2	Phytochrome-like protein cph2	663	2571931	2572593	1
orf03200	iutA	Ferric aerobactin receptor	2439	2576545	2578983	-1
orf03203	leuA	2-isopropylmalate synthase	15006	2578977	2593982	1

orf03209	opuAA	Glycine betaine transport ATP-binding protein OpuAA	60240	2599034	2659273	1
orf03213	alsS	Acetolactate synthase	1689	2599039	2597351	-2
orf03214	PA2652	Methyl-accepting chemotaxis protein PA2652	2958	2685179	2688136	1
orf03215	prpB	2-methylisocitrate lyase	843	2688130	2688972	-1
orf03216	prpC	2-methylcitrate synthase	1209	2688948	2690156	1
orf03217	acnD	2-methylcitrate dehydratase (2-methyl-trans-aconitate forming)	4176	2690153	2694328	1
orf03224	bauC	Putative 3-oxopropanoate dehydrogenase	41613	2694315	2735927	1
orf03227	leuO	Probable HTH-type transcriptional regulator LeuO	621	2736221	2736841	1
orf03228	nahR	HTH-type transcriptional activator NahR	321	2736214	2735894	-1
orf03232	ppsC	Phthiocerol synthesis polyketide synthase type I PpsC	11709	2737015	2748723	1
orf03240	V	Protein P5	258	2796321	2796578	1
orf03249	fanI	Fanconi-associated nuclease I homolog	10296	2796575	2806870	1
orf03252	PF1868	Probable tyrosine recombinase XerC-like	396	2811093	2811488	1
orf03253	ureD	Urease accessory protein UreD	678	2811463	2812140	1
orf03254	ureD	Urease accessory protein UreD	573	2812143	2812715	3
orf03255	ureA	Urease subunit gamma	303	2812725	2813027	1
orf03257	ureB	Urease subunit beta	354	2813011	2813364	1
orf03258	ureC	Urease subunit alpha	1704	2813361	2815064	1
orf03260	ureE	Urease accessory protein UreE	627	2815075	2815701	1
orf03262	ureF	Urease accessory protein UreF	597	2816138	2816734	1
orf03263	ureF	Urease accessory protein UreF	114	2816703	2816816	1
orf03264	ureG	Urease accessory protein UreG	1854	2816828	2818681	1
orf03268	opgB	Phosphoglycerol transferase I	2085	2818729	2820813	1
orf03272	lagD	Lactococcin-G-processing and transport ATP-binding protein LagD	681	2823563	2822883	-1
orf03284	mcp4	Methyl-accepting chemotaxis protein 4	537	2829184	2829720	1
orf03287	uppP	Undecaprenyl-diphosphatase	1536	2829799	2831334	-1
orf03288	ptxR	HTH-type transcriptional regulator PtxR	795	2831503	2832297	1
orf03291	azoR1	FMN-dependent NADH-azoreductase 1	612	2832548	2833159	-1
orf03297	-	NADH oxidase	618	2835671	2836288	1
orf03298	namA	NADPH dehydrogenase	459	2836428	2836886	-3
orf03300	-	NADH oxidase	381	2836902	2837282	-1
orf03302	CC_1201	Putative aldolase class 2 protein CC_1201	774	2838502	2839275	-1
orf03303	eamA	Probable amino-acid metabolite efflux pump	1140	2839281	2840420	1
orf03304	Pput_2816	UPF0145 protein Pput_2816	1041	2840392	2841432	1
orf03312	PA2026	Uncharacterized protein PA2026	1197	2843265	2844461	1
orf03316	puuR	HTH-type transcriptional regulator PuuR	594	2847166	2847759	1
orf03323	sigR	ECF RNA polymerase sigma factor SigR	522	2850725	2851246	-1
orf03327	cdhR	HTH-type transcriptional regulator CdhR	1008	2853104	2852097	1
orf03332	yacH	Uncharacterized protein YacH	4533	2854058	2858590	1
orf03334	yacH	Uncharacterized protein YacH	1755	2858574	2860328	2
orf03344	ilvE	Branched-chain-amino-acid aminotransferase	1041	2867362	2866322	1
orf03345	cobW	Protein CobW	1068	2870152	2871219	1
orf03347	cobN	Aerobic cobaltochelate subunit CobN	3762	2871223	2874984	1
orf03348	chlI	Magnesium-chelate subunit ChlI	1011	2874998	2876008	1
orf03353	atoC	Acetoacetate metabolism regulatory protein AtoC	2244	2877004	2879247	1
orf03355	yghU	Disulfide-bond oxidoreductase YghU	558	2879425	2879982	1
orf03360	ybiT	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YbiT	1587	2884083	2882497	-1
orf03370	ogt	Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase	1842	2915833	2917674	1
orf03377	PA4757	Uncharacterized membrane protein PA4757	3189	2920657	2923845	2
orf03380	ppiC	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase C	276	2924071	2923796	1
orf03382	acsA1	Acetyl-coenzyme A synthetase 1	321	2924110	2924430	1
orf03385	eco	Ecotin	2364	2924511	2926874	-2
orf03387	hbdH1	D-beta-hydroxybutyrate dehydrogenase	693	2927034	2927726	-1
orf03389	yxjC	Uncharacterized transporter YxjC	1392	2929083	2927692	-1
orf03390	-	Limonene hydroxylase	945	2929088	2930032	1
orf03391	yqiR	Putative sigma L-dependent transcriptional regulator YqiR	927	2929992	2930918	-3
orf03392	yejE	Inner membrane ABC transporter permease protein YejE	501	2930986	2931486	-1
orf03395	yejB	Inner membrane ABC transporter permease protein YejB	1059	2932949	2931891	-1
orf03399	BRA0576	Putative binding protein BRA0576/BS1330_II0571	1569	2934514	2932946	1
orf03401	ppiC	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase C	282	2935167	2934886	1
orf03402	aroF	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase, Tyr-sensitive	1152	2936399	2935248	1
orf03414	budB	Acetolactate synthase, catabolic	11550	2938614	2950163	1
orf03415	SPAC977.08	Uncharacterized oxidoreductase C977.08/C1348.09	615	2950196	2950810	1
orf03418	ycaN	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YcaN	2664	2950884	2953547	-1
orf03420	ydaP	Putative thiamine pyrophosphate-containing protein YdaP	1209	2954684	2955892	1
orf03434	actP	Cation/acetate symporter ActP	5391	2992554	2997944	-1
orf03438	ymdF	Uncharacterized protein YmdF	546	2997932	2998477	1
orf03440	-	Uncharacterized 104.1 kDa protein in hypE 3'region	3972	2998474	3002445	-2
orf03444	ybhP	Uncharacterized protein YbhP	786	3005171	3005956	1
orf03445	clsB	Cardiolipin synthase B	1359	3005953	3007311	1
orf03447	ybhN	Inner membrane protein YbhN	1062	3007266	3008327	1
orf03452	ligD	Multifunctional non-homologous end joining protein LigD	4599	3009573	3014171	1
orf03454	ku	Non-homologous end joining protein Ku	1125	3015612	3016736	1
orf03456	yhxD	Uncharacterized oxidoreductase YhxD	1620	3016865	3018484	-1
orf03464	BASS2	Sodium/pyruvate cotransporter BASS2, chloroplastic	2526	3025305	3027830	-1
orf03468	crtZ	Beta-carotene hydroxylase	4950	3027886	3032835	1
orf03475	-	Bilirubin oxidase	7905	3034497	3042401	-1



orf03477	PA3311	Uncharacterized signaling protein PA3311	4794	3042968	3047761	1
orf03478	glxK	Glycerate kinase	2115	3047748	3049862	1
orf03481	nicT	Putative metabolite transport protein NicT	2586	3050023	3052608	-1
orf03482	Aifm3	Apoptosis-inducing factor 3	558	3052587	3053144	1
orf03483	KAB1	Probable voltage-gated potassium channel subunit beta	5502	3053141	3058642	1
orf03489	nicP	Porin-like protein NicP	1299	3060167	3061465	1
orf03490	benE	Benzoate membrane transport protein	657	3061485	3062141	-1
orf03493	benK	Benzoate transport protein	1353	3064714	3063362	-1
orf03495	xylL	1,6-dihydroxycyclohexa-2,4-diene-1-carboxylate dehydrogenase	762	3065533	3064772	1
orf03497	xylZ	Toluate 1,2-dioxygenase electron transfer component	1011	3066688	3065678	1
orf03498	xylY	Toluate 1,2-dioxygenase subunit beta	486	3067247	3066762	1
orf03500	xylX	Toluate 1,2-dioxygenase subunit alpha	1248	3068491	3067244	1
orf03501	xylS1	XylDLEGF operon transcriptional activator 1	1803	3068483	3070285	1
orf03502	xylS3	XylDLEGF operon transcriptional activator 3	945	3070400	3071344	-1
orf03504	HISN7	Bifunctional phosphatase IMPL2, chloroplastic	765	3071337	3072101	-1
orf03505	HISN7	Bifunctional phosphatase IMPL2, chloroplastic	2043	3072260	3074302	-2
orf03506	foxA	Ferrioxamine B receptor	1968	3074266	3076233	-1
orf03510	pagL	Lipid A deacylase PagL	444	3076658	3076215	1
orf03512	yneJ	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YneJ	768	3078150	3079282	1
orf03513	sad	Succinate semialdehyde dehydrogenase [NAD(P)+] Sad	1386	3079279	3080664	-1
orf03520	puuA	Gamma-glutamylputrescine synthetase PuuA	1359	3084451	3085809	1
orf03521	spuE	Spermidine-binding periplasmic protein SpuE	1182	3085856	3087037	1
orf03523	puuB	Gamma-glutamylputrescine oxidoreductase	1200	3087150	3088349	1
orf03525	sdaA	L-serine dehydratase	2403	3088346	3090748	1
orf03531	wcaL	Putative colanic acid biosynthesis glycosyltransferase WcaL	2436	3093855	3096290	-1
orf03541	wbbL	N-acetylglucosaminyl-diphospho-decaprenol L-rhamnosyltransferase	201	3099741	3099541	-2
orf03548	galE	UDP-glucose 4-epimerase	5697	3105202	3110898	1
orf03560	lpsJ	Succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase subunit B	657	3117208	3116552	1
orf03562	scoA	Probable succinyl-CoA:3-ketoacid coenzyme A transferase subunit A	765	3118008	3117244	1
orf03564	ybhD	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YbhD	966	3118023	3118988	1
orf03565	yeaE	Uncharacterized protein YeaE	1161	3118985	3120145	1
orf03566	dnaE2	Error-prone DNA polymerase	1296	3120321	3121616	1
orf03567	dnaE2	Error-prone DNA polymerase	1512	3121620	3123131	-1
orf03573	lexA2	LexA repressor 2	519	3125703	3125185	-1
orf03578	uvrA	UvrABC system protein A (Fragment)	48993	3127849	3176841	1
orf03581	ycaD	Uncharacterized MFS-type transporter YcaD	3042	3178302	3181343	1
orf03584	kdgK	2-dehydro-3-deoxygluconokinase	4524	3181606	3186129	1
orf03585	-	Gluconate 2-dehydrogenase cytochrome c subunit	876	3186162	3187037	-1
orf03591	-	Gluconate 2-dehydrogenase flavoprotein	4722	3187137	3191858	-1
orf03594	csgB	Minor curlin subunit	2850	3192924	3195773	-1
orf03596	alkB	Alpha-ketoglutarate-dependent dioxygenase AlkB	1080	3197332	3198411	1
orf03602	PA2418	Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA2418	1278	3199563	3200840	1
orf03603	PA2418	Putative quercetin 2,3-dioxygenase PA2418	2166	3201267	3203432	-1
orf03607	atsI	N-acetyltransferase atsI	1014	3204112	3205125	-1
orf03608	eamB	Cysteine/O-acetylserine efflux protein	465	3204087	3203623	1
orf03613	cobM	Precorrin-4 C(11)-methyltransferase	3348	3206604	3209951	1
orf03618	CHK1	Histidine protein kinase I	18864	3209908	3228771	1
orf03621	idnK	Thermosensitive gluconokinase	540	3229134	3229673	1
orf03622	gnuT	Gluconate permease	885	3229785	3230669	1
orf03623	gnuT	Gluconate permease	456	3230682	3231137	1
orf03628	zraS	Sensor protein ZraS	3060	3233291	3236350	1
orf03629	gchK	Globin-coupled histidine kinase	198	3233278	3233081	-1
orf03631	yjbj	Putative murein lytic transglycosylase Yjbj	1167	3236331	3237497	1
orf03632	xpsG	Type II secretion system protein G	195	3237517	3237711	-1
orf03634	pilC	Type 4 fimbrial assembly protein PilC	1110	3237723	3238832	1
orf03637	bepF	Efflux pump periplasmic linker BepF	1257	3239072	3240328	1
orf03638	bepE	Efflux pump membrane transporter BepE	3180	3240341	3243520	1
orf03639	nodT	Nodulation protein T	2541	3243517	3246057	1
orf03642	virA	Wide host range VirA protein	747	3247109	3247855	1
orf03645	hpd	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	1878	3250098	3251975	1
orf03646	hpd	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	1044	3251972	3253015	-2
orf03647	yahA	Cyclic di-GMP phosphodiesterase YahA	1587	3253117	3254703	-1
orf03648	PM1281	Uncharacterized transporter PM1281	1086	3254736	3255821	1
orf03658	astD	N-succinylglutamate 5-semialdehyde dehydrogenase	1485	3265857	3267341	1
orf03659	Mb0911c	Uncharacterized protein Mb0911c	516	3267452	3267967	1
orf03662	ilvA	L-threonine dehydratase biosynthetic IlvA	951	3269778	3270728	1
orf03667	ycdT	Probable diguanylate cyclase YcdT	1365	3277909	3279273	-1
orf03670	ompR	Transcriptional regulatory protein OmpR	1911	3279648	3281558	1
orf03672	acrE	Multidrug export protein AcrE	1059	3281512	3282570	-1
orf03675	ttgB	Probable efflux pump membrane transporter TtgB	3129	3282582	3285710	1
orf03676	mobA	Molybdenum cofactor guanylyltransferase	675	3285772	3286446	1
orf03679	yngI	Putative acyl-CoA synthetase YngI	1728	3286592	3288319	1
orf03681	qhmDH	Quinohemoprotein amine dehydrogenase subunit gamma	324	3289708	3289385	-1
orf03683	aslB	Anaerobic sulfatase-maturing enzyme homolog AslB	1431	3291140	3289710	1
orf03687	dhaS	Putative aldehyde dehydrogenase DhaS	1494	3293214	3294707	1
orf03693	ABCB1	ABC transporter B family member 1	633	3298896	3298264	1
orf03694	acoR	Acetoin dehydrogenase operon transcriptional activator AcoR	1416	3300773	3302188	1

orf03696	stc	Signal-transduction and transcriptional-control protein	744	3300742	3299999	-1
orf03697	csgG	Curli production assembly/transport component CsgG	360	3304197	3304556	1
orf03702	csgE	Curli production assembly/transport component CsgE	402	3305785	3305384	-1
orf03708	outD	Type II secretion system protein D	1908	3309005	3307098	1
orf03714	outE	Type II secretion system protein E	1515	3312894	3311380	1
orf03715	ycyF	Transcriptional regulatory protein YcyF	600	3313851	3313252	1
orf03717	ypmQ	SCO1 protein homolog	990	3337488	3316852	1
orf03721	ypmQ	SCO1 protein homolog	705	3317738	3317034	-2
orf03724	nirF	Protein NirF	1494	3319228	3317735	1
orf03731	hibch	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial	12462	3325010	3337471	1
orf03733	mmgC	Acyl-CoA dehydrogenase	1524	3337488	3339011	1
orf03738	HMF1	Protein HMF1	420	3341102	3341521	1
orf03739	ycdP	Uncharacterized protease YcdP	2025	3341563	3343587	2
orf03741	Sds	L-serine dehydratase/L-threonine deaminase	3810	3343784	3347593	1
orf03743	nspC	Carboxynorspermidine/carboxyspermidine decarboxylase	1098	3347594	3348691	1
orf03746	VC_1624	Carboxynorspermidine synthase	1245	3348725	3349969	1
orf03748	mgo3	Probable malate:quinone oxidoreductase 3	4026	3349932	3353957	1
orf03749	mgo3	Probable malate:quinone oxidoreductase 3	528	3354087	3354614	-1
orf03753	mgo3	Probable malate:quinone oxidoreductase 3	7080	3354615	3361694	-1
orf03755	proP	Proline/betaine transporter	4116	3361932	3366047	-1
orf03758	csiD	Protein CsiD	3954	3366122	3370075	-1
orf03760	cusR	Transcriptional regulatory protein CusR	181	3370135	3370815	-1
orf03761	irlS	Sensor protein IrlS	686	3370799	3372184	1
orf03762	cysS	Cysteine--tRNA ligase	1383	3373702	3372320	1
orf03764	glnS	Glutamine--tRNA ligase	1752	3375463	3373712	1
orf03766	cyp18	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp18	489	3375574	3376062	1
orf03767	cyp18	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp18	132	3376034	3376165	1
orf03769	lpxH	UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase	723	3376162	3376884	1
orf03770	pvdQ	Acyl-homoserine lactone acylase PvdQ	972	3376844	3377815	1
orf03771	pvdQ	Acyl-homoserine lactone acylase PvdQ	174	3377998	3378171	-1
orf03772	pvdQ	Acyl-homoserine lactone acylase PvdQ	1209	3378164	3379372	-3
orf03777	tamB	Translocation and assembly module TamB	441	3383322	3383762	-1
orf03780	tamA	Translocation and assembly module TamA	2283	3384351	3386633	-1
orf03782	tamA	Translocation and assembly module TamA	1944	3386798	3388741	-2
orf03785	xthA	Exodeoxyribonuclease III	1308	3388975	3390282	-1
orf03787	nicS	HTH-type transcriptional repressor NicS	741	3390301	3391041	1
orf03788	ssuA	Putative aliphatic sulfonates-binding protein	867	3391055	3391921	-1
orf03790	dmoA	Dimethyl-sulfide monooxygenase	1392	3391938	3393329	1
orf03792	alle	(S)-ureidoglycine aminohydrolase	837	3393436	3394272	1
orf03795	PA1579	Uncharacterized protein PA1579	753	3394586	3395338	1
orf03797	pecT	HTH-type transcriptional regulator PecT	723	3395571	3396293	1
orf03798	ggt	Gamma-glutamyltranspeptidase	357	3396368	3396724	-1
orf03800	Lxx09580	Putative ankyrin-containing lipoprotein Lxx09580	1926	3396941	3398866	-2
orf03801	pobA	p-hydroxybenzoate hydroxylase	501	3398916	3399416	1
orf03802	pobA	p-hydroxybenzoate hydroxylase	597	3399498	3400094	-1
orf03806	cueR	HTH-type transcriptional regulator CueR	399	3401198	3401596	-1
orf03807	liuE	3-hydroxy-3-isohexenylglutaryl-CoA/hydroxy-methylglutaryl-CoA lyase	900	3401617	3402516	1
orf03813	srpB	Protein SrpB	423	3403472	3403050	1
orf03814	rdxB	Protein RdxB	1404	3404162	3405565	1
orf03816	ycdR	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YcdR	1410	3405616	3407025	1
orf03817	ygfF	Uncharacterized oxidoreductase YgfF	150	3410540	3410689	1
orf03819	ygfF	Uncharacterized oxidoreductase YgfF	405	3410887	3411291	-2
orf03821	emrB	Multidrug export protein EmrB	5025	3411251	3416275	-1
orf03824	emrA	Multidrug export protein EmrA	1014	3417531	3416518	-1
orf03825	marR	Multiple antibiotic resistance protein MarR	699	3417565	3418263	1
orf03829	dctS	C4-dicarboxylate transport sensor protein DctS	507	3419665	3419159	-1
orf03831	AAE7	Acetate/butyrate--CoA ligase AAE7, peroxisomal	1623	3420763	3422385	1
orf03835	bcd	Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific	2034	3422551	3424584	1
orf03838	VP2115	Uncharacterized membrane protein VP2115	1368	3426922	3425555	1
orf03839	mcpS	Methyl-accepting chemotaxis protein McpS	3465	3426921	3430385	1
orf03840	opuAB	Glycine betaine transport system permease protein OpuAB	1821	3430382	3432202	1
orf03843	ykwd	Uncharacterized protein Ykwd	1071	3434224	3435294	1
orf03847	rhtB	Homoserine/homoserine lactone efflux protein	3468	3436438	3439905	1
orf03850	qumA	Probable quinate dehydrogenase (quinone)	2418	3439959	3442376	1
orf03851	oprB	Porin B	1191	3442583	3443773	1
orf03853	argE	Acetylmethionine deacetylase	1209	3444386	3445594	1
orf03854	GK0582	Uncharacterized oxidoreductase CzcO-like	1884	3445657	3447540	-1
orf03855	dfrA	Protein DfrA	4503	3447498	3452000	1
orf03857	celB	Phosphoglucomutase	876	3451984	3452859	1
orf03861	celB	Phosphoglucomutase	3561	3452950	3456510	-1
orf03862	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	252	3456489	3456740	-1
orf03863	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	195	3456747	3456941	-1
orf03864	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	1224	3457254	3458477	-1
orf03866	mdtC	Multidrug resistance protein MdtC	1173	3460980	3459808	-1
orf03867	mdtC	Multidrug resistance protein MdtC	1806	3462745	3460940	1
orf03870	mdtB	Multidrug resistance protein MdtB	3147	3466011	3462865	1
orf03872	mdtA	Multidrug resistance protein MdtA	1323	3467330	3466008	1

orf03874	tpx	Probable thiol peroxidase	738	3467460	3468197	1
orf03877	sdaC	Serine transporter	1359	3469618	3468260	-1
orf03879	dpkA	Delta(1)-pyrroline-2-carboxylate/Delta(1)-piperidine-2-carboxylate reductase	2718	3469710	3472427	1
orf03885	argT	Lysine/arginine/ornithine-binding periplasmic protein	753	3473403	3474155	-1
orf03886	hisQ	Histidine transport system permease protein HisQ	720	3474328	3475047	1
orf03887	nocM	Nopaline transport system permease protein NocM	711	3475044	3475754	1
orf03889	dadA	D-amino acid dehydrogenase	1245	3475771	3477015	1
orf03891	aapP	General L-amino acid transport ATP-binding protein AapP	1296	3477038	3478333	1
orf03892	puuD	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase	753	3478299	3479051	1
orf03894	ACIAD0131	Alpha-ketoglutaric semialdehyde dehydrogenase	5283	3479140	3484422	1
orf03907	bfrD	Probable TonB-dependent receptor BfrD	4398	3493266	3497663	3
orf03910	ycaO	Ribosomal protein S12 methyltransferase accessory factor YcaO	2178	3497648	3499825	1
orf03913	nicA	Nicotinate dehydrogenase subunit A	456	3500200	3500655	-1
orf03915	-	Gluconate 2-dehydrogenase cytochrome c subunit	2763	3500655	3503417	1
orf03916	adhB	Alcohol dehydrogenase cytochrome c subunit	2691	3520266	3506065	3
orf03923	betP	Glycine betaine transporter BetP	4080	3506837	3510916	1
orf03928	argC2	N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase 2	1770	3513894	3515663	1
orf03932	cmpB	Bicarbonate transport system permease protein CmpB	738	3518111	3518848	1
orf03936	ssaB2	Aliphatic sulfonates import ATP-binding protein SsuB 2	822	3520660	3519839	-1
orf03940	HL_1052	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator HL_1052	1551	3522484	3524034	1
orf03942	MT1860	NADH dehydrogenase-like protein MT1860	2091	3524301	3526391	1
orf03944	yxIA	Putative purine-cytosine permease YxIA	522	3526578	3527099	1
orf03946	hsaB	Flavin-dependent monooxygenase, reductase subunit HsaB	570	3527297	3527866	-1
orf03949	NGR_a01140	Uncharacterized protein y4vJ	1041	3527942	3528982	1
orf03953	catD	3-oxoadipate enol-lactonase 2	834	3529981	3530814	1
orf03954	ALDHI	Aldehyde dehydrogenase, cytosolic 1	1500	3530811	3532310	1
orf03955	hsaB	Flavin-dependent monooxygenase, reductase subunit HsaB	486	3532307	3532792	1
orf03957	pcaC	4-carboxymuconolactone decarboxylase	390	3532945	3533334	1
orf03958	ydhC	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YdhC	750	3533422	3534171	1
orf03959	NUDT23	Nudix hydrolase 23, chloroplastic	3414	3534193	3537606	1
orf03969	yxIA	Putative purine-cytosine permease YxIA	795	3540366	3539572	1
orf03971	cynR	HTH-type transcriptional regulator CynR	399	3554005	3554403	-1
orf03972	PP_3661	UPF0324 membrane protein PP_3661	891	3554458	3555348	-1
orf03973	PP_3661	UPF0324 membrane protein PP_3661	222	3555299	3555520	1
orf03977	ygdH	LOG family protein YgdH	1473	3555733	3557205	1
orf03985	ycbK	Uncharacterized transporter YcbK	2892	3559497	3562388	1
orf03987	katG	Catalase-peroxidase	2211	3562345	3564555	1
orf03990	katG	Catalase-peroxidase	3798	3564878	3568675	-3
orf03992	NGR_a02630	Uncharacterized protein y4IL	1671	3568754	3570424	-1
orf03993	CC_0091	Uncharacterized signaling protein CC_0091	1530	3570722	3572251	-1
orf03999	catA	Catechol 1,2-dioxygenase	930	3573402	3574331	-1
orf04000	catC	Muconolactone Delta-isomerase	126	3574294	3574419	-1
orf04002	dsdA	Probable D-serine dehydratase	3567	3575594	3579160	-1
orf04003	catB	Muconate cycloisomerase 1	1047	3575584	3574538	1
orf04005	NGR_a01380	Uncharacterized aminotransferase y4uB	1413	3580662	3579250	1
orf04007	spuD	Putrescine-binding periplasmic protein SpuD	1104	3581800	3580697	1
orf04008	Nqo2	Ribosylidihydroxycotinamide dehydrogenase [quinone]	1434	3581884	3583317	1
orf04013	alr	Alanine racemase	477	3585228	3585704	-1
orf04014	aruH	Arginine--pyruvate transaminase AruH	990	3585218	3584229	-2
orf04016	aruI	Probable 2-ketoarginine decarboxylase AruI	1653	3588314	3586662	1
orf04020	MJ0590	Acetate--CoA ligase [ADP-forming]	2118	3590424	3588307	1
orf04023	acdA	Acyl-CoA dehydrogenase	1161	3591603	3590443	1
orf04024	Msed_2001	3-hydroxypropionyl-coenzyme A dehydratase	735	3591679	3592413	1
orf04028	rocE	Amino-acid permease RocE	1407	3594178	3592772	-1
orf04034	aruR	Transcriptional regulatory protein AruR	717	3598134	3597418	1
orf04042	mrDA	Penicillin-binding protein 2	5661	3613803	3619463	1
orf04043	glcD	Glycolate oxidase subunit GlcD	597	3619453	3620049	1
orf04044	glcE	Glycolate oxidase subunit GlcE	1053	3620049	3621101	1
orf04048	glcF	Glycolate oxidase iron-sulfur subunit	5196	3621111	3626306	1
orf04049	mocR	Probable rhizopine catabolism regulatory protein MocR	906	3626287	3627192	1
orf04051	cynX	Cyanate transport protein CynX	672	3627692	3628363	1
orf04052	guaD	Guanine deaminase	459	3628836	3628378	-1
orf04053	ydfG	Uncharacterized protein YdfG	567	3628905	3629471	1
orf04055	oruR	Ornithine utilization regulator	996	3629606	3630601	1
orf04056	bktB	Beta-ketothiolase BktB	1185	3630720	3631904	-1
orf04059	hbd	3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase	1446	3631918	3633363	1
orf04062	mtrB	Sensor histidine kinase MtrB	1227	3635122	3633896	1
orf04066	cheR3	Putative methyltransferase Cher3	822	3636509	3635688	1
orf04067	barA	Signal transduction histidine-protein kinase BarA	588	3637093	3636506	1
orf04068	arcB	Aerobic respiration control sensor protein ArcB homolog	753	3637627	3638379	1
orf04070	pleD	Response regulator PleD	516	3637605	3637090	-1
orf04073	cobF	Precorrin-6A synthase [deacetylating]	756	3640222	3640977	1
orf04076	nicP	Porin-like protein NicP	1266	3641637	3642902	-3
orf04081	gloA	Lactoylglutathione lyase	528	3643747	3644274	-1
orf04084	HI_0607	Shikimate 5-dehydrogenase-like protein HI_0607	975	3644388	3645362	1
orf04091	pbpG	D-alanyl-D-alanine endopeptidase	1107	3651309	3652415	-2
orf04094	pvdA	L-ornithine N(5)-monooxygenase	1914	3653062	3654975	1

orf04100	mntA	Manganese-binding lipoprotein MntA	903	3657271	3658173	1
orf04101	zurA	Zinc uptake system ATP-binding protein ZurA	747	3658170	3658916	1
orf04103	znuB	High-affinity zinc uptake system membrane protein ZnuB	900	3658916	3659815	1
orf04106	yaiW	Uncharacterized protein YaiW	657	3661290	3661946	1
orf04107	lgrE	Linear gramicidin dehydrogenase LgrE	1014	3662310	3663323	-1
orf04114	ribB	3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	1257	3674527	3675783	-1
orf04116	potD-B	Spermidine/putrescine-binding periplasmic protein I	1083	3675925	3677007	1
orf04117	potH	Putrescine transport system permease protein PotH	918	3677004	3677921	1
orf04119	potC	Spermidine/putrescine transport system permease protein PotC	810	3677928	3678737	1
orf04121	potA	Spermidine/putrescine import ATP-binding protein PotA	1248	3678766	3680013	1
orf04123	RBE_0082	Uncharacterized membrane protein RBE_0082	1593	3681546	3683138	1
orf04124	Acad10	Acyl-CoA dehydrogenase family member 10	594	3683365	3683958	1
orf04125	iscS	Cysteine desulfurase IscS	3597	3684288	3687884	-1
orf04126	NGR_a02420	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator y4mQ	2769	3688212	3690980	1
orf04131	sotB	Probable sugar efflux transporter	4263	3691771	3696033	1
orf04135	ASPHD2	Aspartate beta-hydroxylase domain-containing protein 2	957	3697534	3698490	-1
orf04137	HI_1053	Uncharacterized protein HI_1053	462	3698494	3698955	1
orf04141	sstT	Serine/threonine transporter SstT	1173	3699721	3700893	1
orf04144	PP_2442	UPF0502 protein PP_2442	648	3701061	3701708	1
orf04149	ahpF	Alkyl hydroperoxide reductase subunit F	1719	3703666	3701948	1
orf04152	ahpC	Alkyl hydroperoxide reductase subunit C	645	3704402	3703758	1
orf04153	gor	Glutathione reductase	1584	3704396	3705979	1
orf04155	galU	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	840	3706974	3706135	-1
orf04159	tsdA	Thiosulfate dehydrogenase	609	3707885	3707277	1
orf04161	tsdB	Thiosulfate dehydrogenase electron acceptor	762	3708240	3709001	1
orf04168	yrpB	Probable nitronate monooxygenase	1359	3709963	3711321	-2
orf04169	modA	Molybdate-binding periplasmic protein	597	3711407	3712003	1
orf04171	modB	Molybdenum transport system permease protein ModB	681	3712003	3712683	1
orf04174	modC	Molybdenum import ATP-binding protein ModC	2205	3712773	3714977	1
orf04177	csrA	Carbon storage regulator homolog	315	3714994	3715308	3
orf04182	tcsA	Two-component system protein A	1872	3716964	3718835	1
orf04186	yphA	Inner membrane protein YphA	5475	3718959	3724433	-1
orf04198	sohB	Probable protease SohB	522	3729284	3730345	2
orf04199	sohB	Probable protease SohB	1329	3730384	3731712	-2
orf04203	Acad11	Acyl-CoA dehydrogenase family member 11	1068	3732293	3733360	-1
orf04205	DHRS4	Dehydrogenase/reductase SDR family member 4	411	3733397	3733807	1
orf04206	-	NADP-dependent 7-alpha-hydroxysteroid dehydrogenase	1575	3733782	3735356	1
orf04211	yfbS	Uncharacterized transporter YfbS	2679	3736371	3739049	1
orf04213	yneF	Uncharacterized protein YneF	1542	3739016	3740557	1
orf04214	-	UPF0721 transmembrane protein ORF9	990	3740526	3741515	1
orf04233	gcl	Glyoxylate carboligase	22161	3764470	3786630	-1
orf04239	insF	Transposase InsF for insertion sequence IS3	834	3794051	3793218	1
orf04248	PA2604	Uncharacterized protein PA2604	672	3824898	3825569	1
orf04252	xanP	Xanthine permease XanP	1380	3825804	3827183	1
orf04253	tusD	Sulfurtransferase TusD homolog	408	3827353	3827760	1
orf04254	tusC	Protein TusC homolog	360	3827762	3828121	1
orf04257	tusE	Sulfurtransferase TusE	336	3828414	3828749	1
orf04258	trpD	Anthranilate phosphoribosyltransferase	1005	3828746	3829750	1
orf04260	yqjG	Glutathionyl-hydroquinone reductase YqjG	960	3829843	3830802	1
orf04263	serS	Serine--tRNA ligase	1281	3833591	3832311	1
orf04264	crcB	Putative fluoride ion transporter CrcB	375	3833997	3833623	1
orf04267	rarA	Replication-associated recombination protein A	705	3834698	3833994	1
orf04269	rarA	Replication-associated recombination protein A	663	3835323	3834661	1
orf04272	lolA	Outer-membrane lipoprotein carrier protein	636	3835971	3835336	1
orf04274	ftsK	DNA translocase FtsK	2454	3838487	3836034	1
orf04276	aat	Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase	897	3838753	3839649	1
orf04277	ate	Putative arginyl-tRNA--protein transferase	714	3839699	3840412	1
orf04279	infA	Translation initiation factor IF-1	219	3840516	3840734	1
orf04282	clpA	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA	2271	3843089	3840819	1
orf04283	clpS	ATP-dependent Clp protease adapter protein ClpS	363	3843482	3843120	1
orf04286	cspD	Cold shock-like protein CspD	366	3843695	3844060	1
orf04289	icd	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	552	3844598	3844047	1
orf04290	icd	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	756	3845313	3844558	1
orf04294	icd	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	2226	3845735	3847960	2
orf04296	nudJ	Phosphatase NudJ	585	3848008	3848592	1
orf04297	mmmA	tRNA-specific 2-thiouridylase Mmna	1125	3848653	3849777	1
orf04299	purB	Adenylosuccinate lyase	2250	3849759	3852008	1
orf04300	roxA	50S ribosomal protein L16 arginine hydroxylase	1173	3852084	3853256	1
orf04302	MW0937	Putative acetyltransferase MW0937	603	3853243	3853845	1
orf04303	topB	DNA topoisomerase 3	2286	3853879	3856164	1
orf04305	puuB	Gamma-glutamylputrescine oxidoreductase	1146	3856200	3857345	1
orf04306	-	UPF0721 transmembrane protein ORF9	1932	3857672	3859603	1
orf04308	Ech1	Delta(3,5)-Delta(2,4)-dienoyl-CoA isomerase, mitochondrial	813	3861170	3860358	1
orf04309	nhaB	Na(+)/H(+) antiporter NhaB	1590	3861234	3862823	1
orf04311	UAH	Probable ureidoglycolate hydrolase	2832	3862850	3865681	1
orf04315	pucI	Probable allantoin permease	1611	3868335	3866725	-1
orf04316	dht	D-hydantoinase/dihydropyrimidinase	2106	3868387	3870492	1

orf04317	sudA	Sulfide dehydrogenase subunit alpha	1032	3870692	3871723	1
orf04318	preA	NAD-dependent dihydropyrimidine dehydrogenase subunit PreA	1275	3871724	3872998	1
orf04321	MSMEG_4535	Trehalase	1149	3873512	3874660	1
orf04322	zwf	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	2322	3875551	3877872	-2
orf04330	glgA	Glycogen synthase	1560	3886057	3887616	-1
orf04331	treZ	Malto-oligosyltrehalose trehalohydrolase	2514	3887625	3890138	1
orf04332	malQ	4-alpha-glucanotransferase	1155	3890285	3891439	1
orf04334	treY	Putative maltooligosyl trehalose synthase	2775	3891436	3894210	1
orf04335	glgX	Glycogen operon protein GlgX homolog	2754	3894225	3896978	1
orf04336	ybhP	Uncharacterized protein YbhP	918	3896959	3897876	1
orf04342	glgB	1,4-alpha-glucan branching enzyme GlgB	5529	3904794	3899266	1
orf04344	glgE	Alpha-1,4-glucan:maltose-1-phosphate maltosyltransferase	510	3905443	3904934	1
orf04347	glgE	Alpha-1,4-glucan:maltose-1-phosphate maltosyltransferase	1479	3906952	3905474	1
orf04351	ACSF2	Acyl-CoA synthetase family member 2, mitochondrial	1887	3909076	3907190	1
orf04355	Os05g0125500	Isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial	1164	3909398	3910561	1
orf04357	Mccc2	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial	1638	3910821	3912458	1
orf04358	Msed_2001	3-hydroxypropionyl-coenzyme A dehydratase	537	3912472	3913008	1
orf04360	mccA	Methylcrotonoyl-CoA carboxylase subunit alpha, mitochondrial	2514	3913005	3915518	1
orf04366	gluA	Glutamate transport ATP-binding protein GluA	7959	3917129	3925087	1
orf04372	aer	Aerotaxis receptor	12249	3925071	3937319	-3
orf04376	pgsA	CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase	561	3937912	3937352	1
orf04378	uvrC	UvrABC system protein C	1824	3939769	3937946	1
orf04379	gacA	Response regulator GacA	639	3940714	3939776	1
orf04384	yfcG	Disulfide-bond oxidoreductase YfcG	3447	3941992	3945438	1
orf04386	gabP	GABA permease	714	3945895	3946608	-1
orf04390	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	897	3946718	3947614	-1
orf04393	gabT	4-aminobutyrate aminotransferase GabT	1254	3947850	3949103	1
orf04398	fusB	Elongation factor G 2	2658	3950038	3952695	1
orf04400	ybaR	Putative sulfate transporter YbaR	267	3953142	3952876	1
orf04401	ybaR	Putative sulfate transporter YbaR	369	3953584	3953952	1
orf04404	aceA	Isocitrate lyase	1326	3955203	3956528	-1
orf04406	nuoA	NADH-quinone oxidoreductase subunit A	414	3958950	3959363	1
orf04408	nuoB	NADH-quinone oxidoreductase subunit B	678	3959373	3960050	1
orf04409	nuoC	NADH-quinone oxidoreductase subunit C/D	1782	3960129	3961910	1
orf04411	nuoE	NADH-quinone oxidoreductase subunit E	498	3961913	3962410	1
orf04412	nuoF	NADH-quinone oxidoreductase subunit F	1365	3962407	3963771	1
orf04415	nuoG	NADH-quinone oxidoreductase subunit G	2715	3963905	3966619	1
orf04416	nuoH	NADH-quinone oxidoreductase subunit H	1008	3966616	3967623	1
orf04418	nuoI	NADH-quinone oxidoreductase subunit I	549	3967635	3968183	1
orf04421	nuoJ	NADH-quinone oxidoreductase subunit J	501	3968194	3968694	1
orf04423	nuoK	NADH-quinone oxidoreductase subunit K	309	3968698	3969006	1
orf04424	nuoL	NADH-quinone oxidoreductase subunit L	1854	3969003	3970856	1
orf04426	nuoM	NADH-quinone oxidoreductase subunit M	1533	3970906	3972438	1
orf04428	nuoN	NADH-quinone oxidoreductase subunit N	1470	3972446	3973915	1
orf04431	PP_4138	Chromate reductase	2649	3976210	3978858	1
orf04436	ldcC	Lysine decarboxylase, constitutive	1044	3980239	3979196	-1
orf04438	adiA	Biodegradative arginine decarboxylase	1251	3981446	3980196	1
orf04440	rmhA	Ribonuclease HI	1458	3981439	3982896	1
orf04441	-	ATP synthase subunits region ORF 4	774	3983629	3982856	-1
orf04442	gloB	Hydroxyacylglutathione hydrolase	780	3983717	3984496	1
orf04444	BMEII0691	Putative binding protein BMEII0691	3453	3984684	3988136	1
orf04445	BMEII0691	Putative binding protein BMEII0691	1809	3988160	3989968	1
orf04447	yejB	Inner membrane ABC transporter permease protein YejB	1074	3989970	3991043	1
orf04449	yejE	Inner membrane ABC transporter permease protein YejE	1020	3991045	3992064	1
orf04451	yejF	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein YejF	1842	3992066	3993907	1
orf04457	ETNPPL	Ethanolamine-phosphate phospho-lyase	10065	3996466	4006530	1
orf04462	kdpD	Sensor protein KdpD	2562	4009737	4007176	1
orf04464	kdpC	Potassium-transporting ATPase C chain	408	4009730	4010137	1
orf04466	kdpC	Potassium-transporting ATPase C chain	237	4010335	4010571	-2
orf04468	kdpB	Potassium-transporting ATPase B chain	1650	4012198	4010549	-1
orf04469	kdpB	Potassium-transporting ATPase B chain	420	4012605	4012186	1
orf04472	kdpA	Potassium-transporting ATPase A chain	1695	4014309	4012615	1
orf04474	ydiK	UPF0118 inner membrane protein YdiK	2220	4014423	4016642	1
orf04477	serhI	Serine hydrolase-like protein	855	4017471	4016617	-1
orf04478	sixA-A	Phosphohistidine phosphatase SixA homolog	957	4018278	4019234	1
orf04482	gpsA	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+]	1032	4020430	4019399	-1
orf04484	btuB	Vitamin B12 transporter BtuB	2049	4020746	4022794	1
orf04487	luxQ	Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ	1932	4023681	4025612	1
orf04491	fabA	3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase	516	4025825	4026340	1
orf04493	fabB	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 1	1221	4026352	4027572	1
orf04497	CC_3178	Pirin-like protein CC_3178	864	4028870	4029733	1
orf04501	htpG	Chaperone protein HtpG	1050	4031701	4030652	1
orf04502	htpG	Chaperone protein HtpG	795	4032566	4031772	1
orf04514	braZ	Branched-chain amino acid transport system 3 carrier protein	3483	4034425	4037907	2
orf04517	sucD	Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit alpha	885	4039264	4038380	-1
orf04518	sucC	Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta	1167	4040430	4039264	1
orf04519	lpdG	Dihydrolipoyl dehydrogenase	1437	4042039	4040603	1

orf04520	sucB	Dihydropolyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex	1221	4043353	4042133	1
orf04522	sucA	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component	2817	4046212	4043396	1
orf04525	sdhB	Succinate dehydrogenase iron-sulfur subunit	525	4047177	4046653	1
orf04526	sdhA	Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit	1773	4048961	4047189	1
orf04527	sdhD	Succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor subunit	369	4049333	4048965	1
orf04529	sdhC	Succinate dehydrogenase cytochrome b556 subunit	387	4049713	4049327	1
orf04531	gltA	Citrate synthase	1290	4050068	4051357	1
orf04532	PA1579	Uncharacterized protein PA1579	234	4051414	4051647	1
orf04535	PA1578.1	UPF0153 protein PA1578.1	489	4051996	4052484	-2
orf04539	yjiR	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YjiR	501	4053658	4054158	-2
orf04540	viaD	Probable lipoprotein ViaD	1332	4054408	4055739	-1
orf04546	etfA	Electron transfer flavoprotein subunit alpha	930	4057873	4056944	-1
orf04549	etfB	Electron transfer flavoprotein subunit beta	750	4058623	4057874	1
orf04552	PA2953	Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase	1665	4059185	4060849	1
orf04556	ydfJ	Putative inner membrane metabolite transport protein YdfJ	1560	4061567	4063126	1
orf04560	macA	Macrolide export protein MacA	1173	4063727	4064899	-1
orf04561	macB	Macrolide export ATP-binding/permease protein MacB	1965	4064900	4066864	1
orf04562	ttgF	Toluene efflux pump outer membrane protein TtgF	2226	4066868	4069093	1
orf04565	Dpep1	Dipeptidase 1	2715	4069198	4071912	1
orf04568	cefD	Isopenicillin N epimerase	3660	4071879	4075538	1
orf04569	rhbA	Diaminobutyrate--2-oxoglutarate aminotransferase	732	4075559	4076290	1
orf04570	dat	Diaminobutyrate--2-oxoglutarate aminotransferase	726	4076360	4077085	-1
orf04573	qseC	Sensor protein QseC	564	4077378	4077941	-1
orf04577	qseB	Transcriptional regulatory protein QseB	684	4078876	4078193	-1
orf04578	-	Gluconate 2-dehydrogenase cytochrome c subunit	1212	4085863	4084652	1
orf04581	hcrC	4-hydroxybenzoyl-CoA reductase subunit gamma	537	4086402	4085866	1
orf04582	xdhA	Xanthine dehydrogenase molybdenum-binding subunit	2832	4089226	4086395	1
orf04585	dsbD	Thiol:disulfide interchange protein DsbD	795	4089551	4090345	1
orf04586	dsbD2	Thiol:disulfide interchange protein DsbD 2	966	4090302	4091267	2
orf04587	yneN	Thioredoxin-like protein YneN	837	4091267	4092103	1
orf04589	dsbG	Thiol:disulfide interchange protein DsbG	2280	4092105	4094384	1
orf04593	lgrC	Linear gramicidin synthase subunit C	3441	4094381	4097821	1
orf04594	lgrB	Linear gramicidin synthase subunit B	1149	4100633	4101781	-1
orf04595	lgrC	Linear gramicidin synthase subunit C	1968	4102862	4104829	-1
orf04602	lgrC	Linear gramicidin synthase subunit C	1176	4106498	4107673	-1
orf04603	tycC	Tyrocidine synthase 3	942	4105972	4105031	-1
orf04605	SPBC17G9.06c	Putative lysine N-acyltransferase C17G9.06c	3273	4109366	4112638	1
orf04606	eri2	ERI1 exoribonuclease 2	414	4112595	4113008	-1
orf04607	PP_4248	UPF0345 protein PP_4248	285	4113083	4113367	1
orf04609	ccoN1	Cbb3-type cytochrome c oxidase subunit CcoN1	1443	4114205	4115647	1
orf04613	ccoP2	Cbb3-type cytochrome c oxidase subunit CcoP2	942	4116470	4117411	1
orf04616	ccoN1	Cbb3-type cytochrome c oxidase subunit CcoN1	1458	4117854	4119311	1
orf04622	ccoP2	Cbb3-type cytochrome c oxidase subunit CcoP2	1326	4120119	4121444	1
orf04623	rdxB	Protein RdxB	1419	4121416	4122834	1
orf04627	fixI	Nitrogen fixation protein FixI	2184	4123824	4126007	1
orf04628	fixS	Nitrogen fixation protein FixS	216	4125986	4126201	1
orf04629	hemN	Oxygen-independent coproporphyrinogen-III oxidase	1629	4126194	4127822	1
orf04630	hemN	Oxygen-independent coproporphyrinogen-III oxidase	624	4127794	4128417	2
orf04632	anr	Transcriptional activator protein Anr	762	4128575	4129336	1
orf04633	apt	Adenine phosphoribosyltransferase	549	4129392	4129940	1
orf04635	recR	Recombination protein RecR	594	4130015	4130608	1
orf04636	PP_4268	Nucleoid-associated protein PP_4268	231	4131220	4130990	-1
orf04644	ykqN	Putative transposase YkqN	279	4137416	4137694	1
orf04646	insF	Transposase InsF for insertion sequence IS3	882	4137685	4138566	1
orf04653	ligA	DNA ligase	498	4153366	4152869	1
orf04654	ligA	DNA ligase	1695	4153844	4155538	1
orf04655	zipA	Cell division protein ZipA homolog	894	4155492	4156385	-1
orf04658	smc	Chromosome partition protein Smc	1542	4157785	4159326	-1
orf04659	smc	Chromosome partition protein Smc	1209	4157742	4156534	-1
orf04661	smc	Chromosome partition protein Smc	1437	4159342	4160778	1
orf04665	hxA	Xanthine dehydrogenase	1455	4160955	4162409	-1
orf04667	XDH	Xanthine dehydrogenase/oxidase	2400	4162402	4164801	1
orf04669	yqeB	Uncharacterized protein YqeB	786	4164980	4165765	1
orf04670	guaD	Guanine deaminase	1305	4165776	4167080	1
orf04671	aqpZ	Aquaporin Z	705	4167781	4167077	1
orf04679	MJ0326	Putative permease MJ0326	1350	4169050	4170399	1
orf04681	PA1518	5-hydroxyisourate hydrolase	345	4171651	4171307	1
orf04685	cdaI	Chitin deacetylase 1	1248	4171739	4172986	1
orf04687	HVO_B0301	2-oxo-4-hydroxy-4-carboxy-5-ureidoimidazole decarboxylase	516	4172986	4173501	1
orf04688	allA	Ureidoglycolate lyase	504	4173558	4174061	1
orf04692	uacT	Uric acid transporter UacT	1281	4175741	4177021	1
orf04698	yedI	Inner membrane protein YedI	1017	4180143	4179127	1
orf04699	rutR	HTH-type transcriptional regulator RutR	612	4180270	4180881	1
orf04700	-	Uncharacterized 15.0 kDa protein in dhaT-dhaS intergenic region	441	4181444	4181004	1
orf04702	gcl	Glyoxylate carboligase	1590	4181702	4183291	1
orf04704	hyi	Hydroxypyruvate isomerase	972	4183549	4184520	2
orf04705	glxR	2-hydroxy-3-oxopropionate reductase	894	4184513	4185406	1

orf04706	ttuD	Putative hydroxypyruvate reductase	1311	4185614	4186924	1
orf04707	pyk	Pyruvate kinase	1806	4186921	4188726	1
orf04711	RPA4233	Putative potassium channel protein RPA4233	1032	4189427	4190458	1
orf04712	sbp	Sulfate-binding protein	1395	4190482	4191876	1
orf04717	yxxF	Uncharacterized transporter YxxF	1719	4191981	4193699	1
orf04722	pucI	Probable allantoin permease	1533	4194707	4196239	-1
orf04725	hyuE	Hydantoin racemase	2793	4196256	4199048	1
orf04727	FPR1	FK506-binding protein 1	561	4199060	4199620	1
orf04729	PA2770	Uncharacterized isomerase PA2770	2526	4199654	4202179	-2
orf04732	cycH	Cytochrome c-type biogenesis protein CycH	927	4202461	4203387	-1
orf04735	ccmH	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmH	480	4204335	4203856	-2
orf04736	dsbE	Thiol:disulfide interchange protein DsbE	537	4204877	4204341	1
orf04737	ccmF	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmF	1989	4206862	4204874	1
orf04739	ccmE	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE	456	4207314	4206859	1
orf04740	ccmD	Heme exporter protein D	177	4207487	4207311	1
orf04742	ccmC	Heme exporter protein C	771	4208254	4207484	1
orf04744	ccmB	Heme exporter protein B	678	4208975	4208298	1
orf04745	ccmA	Cytochrome c biogenesis ATP-binding export protein CcmA	633	4209595	4208963	1
orf04753	ylqH	Uncharacterized protein YlqH	12597	4214601	4227197	1
orf04757	cheW	Chemotaxis protein CheW	480	4227958	4227479	1
orf04762	soj	Sporulation initiation inhibitor protein Soj	1419	4228350	4229768	1
orf04763	motB	Motility protein B	297	4229807	4230103	-1
orf04764	motB	Motility protein B	582	4230158	4230739	-2
orf04766	motA	Motility protein A	750	4231506	4230757	-2
orf04767	cheB1	Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase of group 1 operon	294	4232038	4232331	1
orf04768	cheB1	Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase of group 1 operon	333	4232379	4232711	-2
orf04769	cheB1	Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase of group 1 operon	549	4232045	4231497	-1
orf04770	cheA	Chemotaxis protein CheA	1410	4233511	4234920	1
orf04771	cheA	Chemotaxis protein CheA	849	4233531	4232683	-1
orf04772	cheZ	Protein phosphatase CheZ	789	4235718	4234930	1
orf04773	cheY	Chemotaxis protein CheY	387	4236125	4235739	1
orf04775	fliA	RNA polymerase sigma factor FliA	741	4236959	4236219	1
orf04777	ylxH	Flagellum site-determining protein YlxH	834	4237789	4236956	1
orf04779	flhF	Flagellar biosynthesis protein FlhF	1311	4239193	4237883	1
orf04781	flhA	Flagellar biosynthesis protein FlhA	2130	4241334	4239205	1
orf04783	flhB	Flagellar biosynthetic protein FlhB	1335	4241409	4242743	1
orf04787	fliQ	Flagellar biosynthetic protein FliQ	270	4243736	4243467	-1
orf04789	fliP	Flagellar biosynthetic protein FliP	759	4244516	4243758	1
orf04790	fliO	Flagellar protein FliO	447	4244959	4244513	1
orf04791	fliN	Flagellar motor switch protein FliN	489	4245448	4244960	1
orf04794	fliM	Flagellar motor switch protein FliM	969	4246446	4245478	1
orf04809	PA14_20770	STAS-domain containing protein PA14_20770	177	4250781	4250605	1
orf04810	fliI	Flagellum-specific ATP synthase	1935	4251276	4253210	1
orf04814	fliG	Flagellar motor switch protein FliG	1020	4254869	4253850	-1
orf04815	fliF	Flagellar M-ring protein	1302	4256163	4254862	1
orf04818	fliE	Flagellar hook-basal body complex protein FliE	1221	4256125	4257345	1
orf04820	atoS	Signal transduction histidine-protein kinase AtoS	1221	4259782	4258562	-1
orf04824	fliC	A-type flagellin	4056	4265046	4269101	1
orf04825	fabH	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 3	483	4269133	4269615	-1
orf04831	flgI	Flagellar P-ring protein	1116	4276312	4275197	-1
orf04833	flgH	Flagellar L-ring protein	696	4277014	4276319	1
orf04835	flgG	Flagellar basal-body rod protein FlgG	786	4277850	4277065	1
orf04836	flgF	Flagellar basal-body rod protein FlgF	717	4278615	4277899	1
orf04839	flgC	Flagellar basal-body rod protein FlgC	2532	4279182	4281713	1
orf04842	flgB	Flagellar basal body rod protein FlgB	345	4281932	4282276	-1
orf04844	cheR2	Chemotaxis protein methyltransferase Cher2	912	4283230	4282319	-2
orf04846	cheW	Chemotaxis protein CheW	339	4283870	4284208	1
orf04852	ycgR	Flagellar brake protein YcgR	2688	4286109	4288796	-1
orf04858	bkdR	Bkd operon transcriptional regulator	1116	4289850	4290965	1
orf04860	bkdR	Bkd operon transcriptional regulator	318	4290928	4291245	-1
orf04861	bkdA1	2-oxoisovalerate dehydrogenase subunit alpha	1233	4291335	4292567	-2
orf04862	bkdA2	2-oxoisovalerate dehydrogenase subunit beta	720	4292569	4293288	1
orf04863	bkdA2	2-oxoisovalerate dehydrogenase subunit beta	348	4293282	4293629	1
orf04865	bkdB	Lipoamide acyltransferase component of branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase complex	1287	4293630	4294916	1
orf04867	lpdV	Dihydrolipoyl dehydrogenase	1380	4294919	4296298	1
orf04868	cph2	Phytochrome-like protein cph2	603	4296321	4296923	1
orf04877	TTHA1060	Magnesium transporter MgtE	1080	4301198	4302277	-1
orf04885	csrA	Carbon storage regulator homolog	189	4303995	4303807	-1
orf04887	PP_4473	Aspartate kinase	1236	4305396	4304161	1
orf04889	alaS	Alanine--tRNA ligase	2502	4307982	4305481	1
orf04892	astE	Succinylglutamate desuccinylase	2808	4307969	4310776	1
orf04894	astB	N-succinylarginine dihydrolase	1350	4312345	4310996	-1
orf04896	astD	N-succinylglutamate 5-semialdehyde dehydrogenase	1464	4313832	4312369	1
orf04899	aruG	Arginine N-succinyltransferase subunit beta	2127	4315959	4313833	1
orf04901	argD	Acetylornithine aminotransferase	1221	4317326	4316106	1
orf04907	aotP	Arginine/ornithine transport ATP-binding protein AotP	780	4319617	4318838	1

orf04908	occM	Octopine transport system permease protein OccM	699	4320323	4319625	1
orf04910	hisQ	Histidine transport system permease protein HisQ	690	4321009	4320320	1
orf04912	argT	Lysine/arginine/ornithine-binding periplasmic protein	840	4321942	4321103	1
orf04915	acsA1	Acetyl-coenzyme A synthetase 1	2253	4324569	4322317	1
orf04918	tyrR	Transcriptional regulatory protein TyrR	1269	4325052	4326320	1
orf04919	phhA	Phenylalanine-4-hydroxylase	789	4327124	4327912	-1
orf04922	PputW619_3780	Putative pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase	702	4327919	4328620	1
orf04924	PSPA7_3302	UPF0226 membrane protein PSPA7_3302	1386	4328805	4330190	1
orf04926	ydiJ	Uncharacterized protein YdiJ	1965	4333186	4331222	1
orf04928	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	1236	4333327	4334562	1
orf04929	aroP	Aromatic amino acid transport protein AroP	1167	4334619	4335785	1
orf04934	rluB	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B	3969	4336112	4340080	-1
orf04936	scpA	Segregation and condensation protein A	855	4341408	4340554	-1
orf04938	HL_1198	Uncharacterized protein HL_1198	696	4341381	4342076	1
orf04939	HL_1400	PHP domain-containing protein HL_1400	774	4342821	4342048	-1
orf04941	PSEEN3905	Probable intracellular septation protein A	663	4342907	4343569	1
orf04942	yciI	Protein YciI	300	4343571	4343870	1
orf04945	cpxR	Transcriptional regulatory protein CpxR	804	4344075	4344878	1
orf04948	pfeS	Sensor protein PfeS	1503	4345337	4346839	1
orf04949	ydjA	Putative NAD(P)H nitroreductase YdjA	498	4346946	4347443	1
orf04951	trkI	Trk system potassium uptake protein TrkI	1455	4347480	4348934	-1
orf04953	oruR	Ornithine utilization regulator	1113	4350003	4348891	1
orf04958	lumQ	Probable transcriptional regulator LumQ	3225	4351402	4354626	1
orf04960	ylbK	Uncharacterized NTE family protein YlbK	2646	4354771	4357416	1
orf04963	recQ	ATP-dependent DNA helicase RecQ	2355	4360023	4357669	1
orf04966	ybaN	Inner membrane protein YbaN	645	4360663	4361307	1
orf04968	bepC	Outer membrane efflux protein BepC	2277	4361340	4363616	1
orf04969	aer	Aerotaxis receptor	1623	4363613	4365235	1
orf04971	bauR	HTH-type transcriptional activator BauR	642	4365453	4366094	-1
orf04975	gbuA	Guanidinobutyrase	3588	4366331	4369918	-1
orf04983	srmB	ATP-dependent RNA helicase SrmB	1281	4375303	4374023	1
orf04985	ybdG	Miniconductance mechanosensitive channel YbdG	1623	4375422	4377044	1
orf04987	yxIA	Putative purine-cytosine permease YxIA	873	4377307	4378179	1
orf04989	PA3474	Uncharacterized membrane protein PA3474	927	4379274	4378348	-1
orf04991	azoR2	FMN-dependent NADH-azoreductase 2	600	4380162	4379563	1
orf04993	ydhB	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YdhB	924	4380638	4381561	1
orf04994	rutD	Putative aminoacylate hydrolase RutD	813	4381575	4382387	1
orf04996	ppiA	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase A	558	4382381	4382938	1
orf04998	HL_1051	Uncharacterized ABC transporter ATP-binding protein HL_1051	2076	4383002	4385077	1
orf05005	hrpA	ATP-dependent RNA helicase HrpA	3504	4392653	4389150	1
orf05008	hrpA	ATP-dependent RNA helicase HrpA	486	4393200	4392715	1
orf05009	puuA	Gamma-glutamylputrescine synthetase PuuA	1665	4393291	4394955	1
orf05011	puuB	Gamma-glutamylputrescine oxidoreductase	1308	4394979	4396286	1
orf05012	fadD	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase	1698	4398111	4396414	1
orf05017	fadD	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase	1689	4400136	4398448	1
orf05025	croR	3-hydroxybutyryl-CoA dehydratase	402	4401405	4401806	1
orf05028	R00370	Uncharacterized protein R00370	153	4402653	4402805	1
orf05030	R00369	Uncharacterized protein R00369	822	4403312	4404133	-1
orf05041	yfkH	Putative ribonuclease-like protein YfkH	960	4407184	4406225	-1
orf05045	yitL	Uncharacterized protein YitL	837	4408990	4408154	1
orf05047	aceK	Isocitrate dehydrogenase kinase/phosphatase	2958	4409122	4412079	1
orf05052	pkn1	Serine/threonine-protein kinase pkn1	5433	4414494	4419926	-1
orf05054	tycC	Tyrocidine synthase 3	135	4419899	4420033	1
orf05058	lgrB	Linear gramicidin synthase subunit B	2322	4422043	4424364	-2
orf05061	entF	Enterobactin synthase component F	8598	4424416	4433013	-1
orf05069	syrD	ATP-binding protein SyrD	7749	4437569	4445317	-1
orf05072	ASPHD2	Aspartate beta-hydroxylase domain-containing protein 2	936	4446237	4445302	1
orf05074	cysK	Cysteine synthase A	975	4447384	4446410	1
orf05084	HL_1730	Uncharacterized protein HL_1730	912	4451073	4451984	1
orf05085	PP_4577	UPF0271 protein PP_4577	492	4452314	4452805	-1
orf05087	PP_4577	UPF0271 protein PP_4577	117	4453247	4453363	-2
orf05089	mmlH	Probable 4-methylmuconolactone transporter	1326	4454685	4453360	-2
orf05090	gltR	HTH-type transcriptional regulator GltR	1002	4454685	4455686	1
orf05093	yafJ	Putative glutamine amidotransferase YafJ	774	4457125	4456352	1
orf05096	dapB1	Dipeptidyl aminopeptidase BI	2781	4457680	4460460	1
orf05097	yajD	Uncharacterized protein YajD	372	4460496	4460867	1
orf05105	PP_4587	UPF0260 protein PP_4587	162	4464784	4464623	1
orf05107	PputGB1_4117	UPF0260 protein PputGB1_4117	300	4465073	4464774	1
orf05108	-	Uncharacterized 15.4 kDa protein in ask 5' region	978	4465072	4466049	2
orf05110	ghrB	Glyoxylate/hydroxypyruvate reductase B	774	4466211	4466984	1
orf05112	rnd	Ribonuclease D	1206	4467310	4468515	-1
orf05114	eptA	Phosphoethanolamine transferase EptA	1653	4468506	4470158	-1
orf05116	metB	Cystathionine gamma-synthase	1161	4470171	4471331	-1
orf05118	metB	Probable cystathionine gamma-synthase (Fragment)	1152	4471413	4472564	-1
orf05121	ydeP	Protein YdeP	2163	4475284	4473122	-1
orf05122	moaA	Cyclic pyranopterin monophosphate synthase	789	4475267	4476055	1
orf05124	moaA	Cyclic pyranopterin monophosphate synthase	621	4476018	4476638	1



orf05125	mll4386	UPF0187 protein mll4386	900	4476659	4477558	1
orf05127	moaB	Molybdenum cofactor biosynthesis protein B	999	4477748	4478746	1
orf05129	cynR	HTH-type transcriptional regulator CynR	639	4478701	4479339	-1
orf05131	yveA	Aspartate-proton symporter	951	4480046	4480996	1
orf05133	yveA	Aspartate-proton symporter	1593	4480998	4482590	2
orf05136	ACIAD0131	Alpha-ketoglutaric semialdehyde dehydrogenase	1857	4483893	4485749	1
orf05138	mgo2	Probable malate:quinone oxidoreductase 2	7629	4485762	4493390	1
orf05143	purC	Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase	711	4497946	4497236	-1
orf05145	yycJ	Putative metallo-hydrolase YycJ	651	4498736	4498086	1
orf05147	bamC	Outer membrane protein assembly factor BamC	1122	4499858	4498737	1
orf05148	dapA	4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate synthase	888	4500763	4499876	1
orf05149	gcvR	Glycine cleavage system transcriptional repressor	561	4501023	4501583	1
orf05152	perM	Putative permease PerM	1662	4501595	4503256	1
orf05153	tusA	Sulfurtransferase TusA homolog	261	4503533	4503273	-1
orf05155	VC_2164	Putative beta-barrel assembly-enhancing protease	1602	4503620	4505221	1
orf05156	nadA	Quinolinate synthase A	1059	4506239	4505181	1
orf05160	puuP	Putrescine importer PuuP	3675	4508480	4512154	1
orf05162	queC	7-cyano-7-deazaguanine synthase	675	4514065	4513391	1
orf05163	queE	7-carboxy-7-deazaguanine synthase	174	4514072	4514245	1
orf05164	queE	7-carboxy-7-deazaguanine synthase	372	4514347	4514718	-2
orf05168	-	Uncharacterized protein in oprL 3' region	798	4515688	4514891	-1
orf05170	pal	Peptidoglycan-associated lipoprotein	501	4516201	4515701	1
orf05172	tolB	Protein TolB	1302	4517557	4516256	1
orf05174	tolA	Protein TolA	1107	4518660	4517554	1
orf05176	tolR	Protein TolR	453	4519112	4518660	1
orf05178	tolQ	Protein TolQ	696	4519822	4519127	1
orf05180	ybgC	Acyl-CoA thioester hydrolase YbgC	453	4520277	4519825	1
orf05184	ruvB	Holliday junction ATP-dependent DNA helicase RuvB	1047	4521449	4520403	1
orf05185	ruvA	Holliday junction ATP-dependent DNA helicase RuvA	246	4521507	4521752	1
orf05187	ruvC	Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC	606	4522778	4522173	-2
orf05189	PP_1214	Probable transcriptional regulatory protein PP_1214	828	4523710	4522883	1
orf05190	aspS	Aspartate--tRNA(Asp/Asn) ligase	1776	4525519	4523744	1
orf05193	slr1894	Uncharacterized protein slr1894	990	4526127	4527116	1
orf05194	slyX	Protein SlyX homolog	852	4527256	4528107	-1
orf05201	oprD	Porin D	891	4529232	4530122	-1
orf05202	oprD	Porin D	390	4530112	4530501	1
orf05203	proS	Proline--tRNA ligase	1716	4530663	4532378	1
orf05207	dinB	DNA polymerase IV	891	4533562	4534452	1
orf05208	dinB	DNA polymerase IV	162	4533543	4533382	-1
orf05212	mprF	Phosphatidylglycerol lysyltransferase	2643	4535207	4537849	1
orf05215	kup	Probable potassium transport system protein kup	2082	4541335	4539254	1
orf05216	rimO	Ribosomal protein S12 methylthiotransferase RimO	4107	4541400	4545506	1
orf05222	yehS	Uncharacterized protein YehS	354	4548630	4548983	1
orf05223	rcsF	Putative S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase RcsF	867	4548990	4549856	1
orf05225	dctA	C4-dicarboxylate transport protein	1323	4551209	4549887	1
orf05229	phoP	Transcriptional regulatory protein PhoP	678	4553641	4552964	1
orf05238	rstB	Sensor protein RstB	828	4570039	4556212	1
orf05242	rstA	Transcriptional regulatory protein RstA	699	4558514	4557816	1
orf05245	nrdA	Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit alpha	2880	4559347	4562226	1
orf05247	nrdB	Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit beta	1251	4562473	4563723	1
orf05250	cycH	Cytochrome c-type biogenesis protein CycH	12444	4563720	4576163	1
orf05252	cycH	Cytochrome c-type biogenesis protein CycH	2502	4576276	4578777	-3
orf05253	ccmF	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmF	480	4578885	4579364	-1
orf05255	ccmE1	Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE 1	840	4579437	4580276	-1
orf05257	ccmD	Heme exporter protein D	177	4580446	4580270	-1
orf05261	ccmC	Heme exporter protein C	51789	4580431	4632219	1
orf05265	yafC	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YafC	4068	4632204	4636271	-1
orf05267	hmp	Flavoheмоprotein	813	4636285	4637097	-1
orf05269	gstA	Protein GstA	1899	4637209	4639107	-1
orf05271	yecA	Uncharacterized protein YecA	666	4639076	4639741	-1
orf05274	alsS	Acetolactate synthase	7170	4639809	4646978	-1
orf05304	Mb0930	Uncharacterized protein Mb0930	4302	4653603	4657904	-1
orf05307	ydhJ	Uncharacterized protein YdhJ	3741	4657894	4661634	-1
orf05325	rapA	RNA polymerase-associated protein RapA	717	4665222	4665938	-1
orf05326	rapA	RNA polymerase-associated protein RapA	5340	4665935	4671274	3
orf05335	braC	Leucine-, isoleucine-, valine-, threonine-, and alanine-binding protein	1116	4672997	4674112	1
orf05338	braD	High-affinity branched-chain amino acid transport system permease protein BraD	924	4674302	4675225	1
orf05339	braE	High-affinity branched-chain amino acid transport system permease protein BraE	1257	4675222	4676478	1
orf05341	braF	High-affinity branched-chain amino acid transport ATP-binding protein BraF	768	4676475	4677242	1
orf05343	braG	High-affinity branched-chain amino acid transport ATP-binding protein BraG	702	4677243	4677944	1
orf05345	Cbei_0202	Uncharacterized protein Cbei_0202	2271	4678898	4681168	1
orf05346	nhaA	Na(+)/H(+) antiporter NhaA	873	4681119	4681991	1
orf05347	slyB	Outer membrane lipoprotein SlyB	465	4682525	4682061	1
orf05348	pdxH	Pyridoxine/pyridoxamine 5'-phosphate oxidase	429	4682696	4683124	1
orf05352	yiaD	Probable lipoprotein YiaD	978	4684590	4683613	-3
orf05356	lact-2	Beta-lactamase domain-containing protein 2	1320	4684831	4686150	1
orf05358	dinG	Probable ATP-dependent helicase DinG homolog	2397	4686549	4688945	-1

orf05365	oprF	Outer membrane porin F	324	4693462	4693139	-1
orf05368	PputGB1_4297	UPF0225 protein PputGB1_4297	480	4694489	4694968	1
orf05372	secA	Protein translocase subunit SecA	198	4695464	4695661	1
orf05378	quiP	Acyl-homoserine lactone acylase QuiP	5463	4695646	4701108	1
orf05380	lig	Probable DNA ligase	1017	4701059	4702075	1
orf05382	lig	Probable DNA ligase	1659	4702072	4703730	1
orf05383	dcd	Deoxycytidine triphosphate deaminase	4764	4704008	4708771	1
orf05387	dcd	Deoxycytidine triphosphate deaminase	627	4708740	4709366	-3
orf05388	capB	Cold shock protein CapB	303	4709472	4709774	-1
orf05390	-	Uncharacterized ATP-binding protein in capB 3'region	1107	4710974	4709868	1
orf05392	metG	Methionine--tRNA ligase	3207	4711041	4714247	1
orf05393	PSPA7_1637	Electron transport complex subunit D	1725	4714238	4715962	1
orf05395	nth	Endonuclease III	639	4715967	4716605	1
orf05399	bvgA	Virulence factors putative positive transcription regulator BvgA	1347	4717161	4718507	1
orf05400	argG	Argininosuccinate synthase	942	4718767	4719708	-1
orf05404	pyrC	Dihydroorotase	1047	4720878	4721924	-1
orf05405	rnt	Ribonuclease T	675	4721921	4722595	1
orf05407	tsaA	Probable peroxiredoxin	687	4723441	4722755	1
orf05408	bfd	Bacterioferritin-associated ferredoxin	219	4723588	4723806	1
orf05412	bfr	Bacterioferritin	474	4724009	4724482	1
orf05415	grxD	Glutaredoxin-4	336	4724875	4724540	1
orf05418	argF	Ornithine carbamoyltransferase	921	4727475	4728395	1
orf05420	potA	Spermidine/putrescine import ATP-binding protein PotA	1542	4728392	4729933	1
orf05424	glpF	Glycerol uptake facilitator protein	852	4730316	4731167	1
orf05426	glpK	Glycerol kinase	2688	4731219	4733906	1
orf05427	glpD	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase	5991	4734003	4739993	1
orf05432	glI	Glutamate/aspartate periplasmic-binding protein	918	4740141	4741058	1
orf05434	glIJ	Glutamate/aspartate transport system permease protein GlIJ	747	4741200	4741946	1
orf05437	glIK	Glutamate/aspartate transport system permease protein GlIK	672	4741947	4742618	1
orf05438	gltL	Glutamate/aspartate transport ATP-binding protein GltL	735	4742615	4743349	1
orf05440	dctB	C4-dicarboxylate transport sensor protein DctB	1908	4743419	4745326	1
orf05442	dctD	C4-dicarboxylate transport transcriptional regulatory protein DctD	1329	4745323	4746651	1
orf05444	glpM	Membrane protein GlpM	543	4746677	4747219	1
orf05447	rutD	Putative aminoacylate hydrolase RutD	810	4747363	4748172	1
orf05449	metR	HTH-type transcriptional regulator MetR	918	4748363	4749280	-1
orf05452	lhr	Probable ATP-dependent helicase lhr	3741	4749451	4753191	1
orf05453	yerD	Glutamate synthase large subunit-like protein YerD	2871	4753176	4756046	1
orf05455	ytnA	Uncharacterized amino acid permease YtnA	1419	4757588	4756170	1
orf05461	yqjI	Uncharacterized protein YqjI	474	4761402	4761875	1
orf05463	yqjH	NADPH-dependent ferric-chelate reductase	1281	4761844	4763124	1
orf05470	NMB0964	Probable TonB-dependent receptor NMB0964	2274	4763763	4766036	1
orf05471	oprB	Porin B	1335	4766046	4767380	1
orf05473	gdhA	Quinoprotein glucose dehydrogenase A	762	4767413	4768174	1
orf05475	gdhA	Quinoprotein glucose dehydrogenase A	1689	4768137	4769825	1
orf05477	lon2	Lon protease 2	3135	4770043	4773177	1
orf05478	cmoA	tRNA (cmo5U34)-methyltransferase	744	4773174	4773917	1
orf05479	cmoB	tRNA (mo5U34)-methyltransferase	1620	4773914	4775533	1
orf05480	czcR	Transcriptional activator protein CzcR	675	4775493	4776167	1
orf05482	irlS	Sensor protein IrlS	1563	4776164	4777726	1
orf05483	pdxJ	Pyridoxine 5'-phosphate synthase	687	4777743	4778429	1
orf05485	recO	DNA repair protein RecO	828	4778506	4779333	-1
orf05488	rnc	Ribonuclease 3	690	4780850	4780161	-1
orf05491	lepB	Signal peptidase I	855	4781867	4781013	1
orf05492	lepA	Elongation factor 4	1800	4783672	4781873	1
orf05495	PputGB1_4377	Probable periplasmic serine endoprotease DegP-like	1563	4786708	4785146	1
orf05496	mucB	Sigma factor AlgU regulatory protein MucB	963	4787741	4786779	1
orf05498	mucA	Sigma factor AlgU negative regulatory protein	591	4788344	4787754	1
orf05501	algU	RNA polymerase sigma-H factor	276	4788935	4788660	1
orf05502	algU	RNA polymerase sigma-H factor	288	4788663	4788376	3
orf05507	nadB	L-aspartate oxidase	1476	4789370	4790845	1
orf05509	PP_1424	Uncharacterized protein PP_1424	255	4791790	4791536	2
orf05510	VP2583	tRNA-modifying protein YgfZ	942	4791924	4792865	1
orf05513	basS	Sensor protein BasS	2343	4792921	4795263	1
orf05516	tctD	Transcriptional regulatory protein tctD	672	4795888	4795217	-1
orf05519	nicP	Porin-like protein NicP	1293	4796086	4797378	1
orf05520	yflP	UPF0065 protein YflP	1185	4797425	4798609	1
orf05522	-	Uncharacterized 52.8 kDa protein in TAR-I ttuC' 3'region	1515	4799068	4800582	1
orf05528	ung	Uracil-DNA glycosylase	693	4802420	4801728	1
orf05529	hibch	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase, mitochondrial	1785	4802547	4804331	1
orf05533	rsuA	Ribosomal small subunit pseudouridine synthase A	1044	4804679	4805722	1
orf05534	phaG	(R)-3-hydroxydecanoyl-ACP:CoA transacylase	1014	4805761	4806774	1
orf05535	MT1781	Probable sulfate transporter MT1781	3660	4806804	4810463	1
orf05541	bgIX	Periplasmic beta-glucosidase	3015	4813616	4816630	1
orf05542	dctB	C4-dicarboxylate transport sensor protein DctB	1224	4816599	4817822	1
orf05543	kgpP	Alpha-ketoglutarate permease	2931	4817819	4820749	1
orf05550	BH2278	Uncharacterized protein BH2278	606	4822636	4823241	1
orf05554	yqhC	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YqhC	1083	4824054	4825136	1

orf05556	aruI	Probable 2-ketoarginine decarboxylase AruI	1491	4825271	4826761	1
orf05558	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	2220	4826861	4829080	-1
orf05562	yobT	Uncharacterized protein YobT	387	4830179	4830565	1
orf05564	tttR	HTH-type transcriptional activator TttR	906	4830630	4831535	-1
orf05566	PP_1389	Oxaloacetate decarboxylase	876	4832436	4831561	1
orf05569	SPAC1399.02	Uncharacterized MFS-type transporter C1399.02	360	4832889	4833248	1
orf05570	yusP	Uncharacterized MFS-type transporter YusP	1476	4833245	4834720	3
orf05571	ttgR	Probable HTH-type transcriptional regulator TtgR	462	4834813	4835274	1
orf05573	ttgA	Probable efflux pump periplasmic linker TtgA	1344	4835298	4836641	-1
orf05575	ttgB	Toluene efflux pump membrane transporter TtgB	3153	4836645	4839797	1
orf05577	ttgC	Probable efflux pump outer membrane protein TtgC	1458	4839794	4841251	1
orf05579	galP	Porin-like protein GalP	1626	4841616	4843241	1
orf05580	YGL010W	Uncharacterized endoplasmic reticulum membrane protein YGL010W	753	4843192	4843944	1
orf05582	pcaB	3-carboxy-cis,cis-muconate cycloisomerase (Fragment)	1353	4846390	4845038	1
orf05584	kgtP	Alpha-ketoglutarate permease	1290	4847689	4846400	1
orf05585	pcaF	Beta-ketoadipyl-CoA thiolase	531	4848845	4849375	1
orf05586	pcaF	Beta-ketoadipyl-CoA thiolase	1005	4848883	4847879	-1
orf05589	catI	3-oxoadipate CoA-transferase subunit A	861	4850717	4849857	1
orf05590	pcaK	4-hydroxybenzoate transporter PcaK	360	4850718	4851077	1
orf05592	pcaK	4-hydroxybenzoate transporter PcaK	534	4851147	4851680	-2
orf05595	pcaR	Pca regulon regulatory protein	255	4853236	4853490	-2
orf05598	pitA	Low-affinity inorganic phosphate transporter I	1407	4854502	4855908	-2
orf05604	pctA	Methyl-accepting chemotaxis protein PctA	1875	4857116	4859590	1
orf05605	mgtA	GDP-mannose-dependent alpha-mannosyltransferase	1122	4859824	4860945	1
orf05608	purU	Formyltetrahydrofolate deformylase	2052	4861830	4863881	1
orf05617	pykA	Pyruvate kinase II	1722	4867150	4868871	-1
orf05620	-	Ferredoxin	1017	4868868	4869884	1
orf05622	fumA	Fumarate hydratase class I, aerobic	1524	4869915	4871438	-3
orf05626	DJID	Protein DJ-1 homolog D	642	4873871	4874512	1
orf05628	clsB	Cardiolipin synthase B	681	4874810	4875490	-1
orf05639	plsC	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase	1140	4879420	4880559	-1
orf05640	acpH	Acyl carrier protein phosphodiesterase	315	4880666	4880980	1
orf05641	ybzH	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YbzH	303	4881087	4881389	-1
orf05642	nemA	N-ethylmaleimide reductase	1050	4881407	4882456	1
orf05648	ybjS	Uncharacterized protein YbjS	390	4883911	4883522	1
orf05650	argP	HTH-type transcriptional regulator ArgP	891	4885453	4884563	1
orf05651	yggA	Putative amino-acid transporter YggA	843	4885551	4886393	1
orf05653	sodB	Superoxide dismutase [Fe]	597	4886461	4887057	1
orf05657	CC_0091	Uncharacterized signaling protein CC_0091	2055	4891123	4893177	1
orf05663	HI_0894	Uncharacterized protein HI_0894	1461	4898845	4900305	1
orf05665	HI_0895	Uncharacterized transporter HI_0895	3174	4900274	4903447	1
orf05670	inaA	Protein InaA	498	4903947	4903450	1
orf05673	irlR	Transcriptional activator protein IrlR	684	4906932	4906249	1
orf05677	groL	60 kDa chaperonin	1641	4909665	4908025	1
orf05679	groS	10 kDa chaperonin	294	4910009	4909716	1
orf05695	ampG4	Putative transporter AmpG 4	1080	4914781	4913702	1
orf05697	Pput_4372	UPF0234 protein Pput_4372	3144	4914841	4917984	-1
orf05699	panE	Probable 2-dehydropantoate 2-reductase	918	4917950	4918867	-1
orf05701	atoS	Signal transduction histidine-protein kinase AtoS	2031	4918906	4920936	1
orf05704	gst-42	Probable maleylacetoacetate isomerase	633	4923203	4922571	1
orf05705	argJ	Arginine biosynthesis bifunctional protein ArgJ	1197	4924543	4923347	1
orf05706	secA	Protein translocase subunit SecA	396	4924529	4924924	1
orf05709	secA	Protein translocase subunit SecA	2556	4927476	4924921	-1
orf05712	lpxC	UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase	912	4929281	4928370	1
orf05716	ftsZ	Cell division protein FtsZ	1197	4930590	4929394	1
orf05717	ftsA	Cell division protein FtsA	1257	4931903	4930647	1
orf05719	ftsQ	Cell division protein FtsQ	870	4932787	4931918	1
orf05721	ddl	D-alanine--D-alanine ligase	957	4933748	4932792	1
orf05722	murC	UDP-N-acetylmuramate--L-alanine ligase	1449	4935193	4933745	1
orf05724	murG	UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase	1080	4936265	4935186	1
orf05726	ftsW	Putative lipid II flippase FtsW	1215	4937469	4936255	1
orf05728	murD	UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase	1341	4938806	4937466	1
orf05730	mraY	Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase	1083	4939901	4938819	1
orf05731	murF	UDP-N-acetylmuramoyl-tripeptide--D-alanyl-D-alanine ligase	1014	4940327	4941340	1
orf05732	murF	UDP-N-acetylmuramoyl-tripeptide--D-alanyl-D-alanine ligase	432	4940332	4939901	-1
orf05734	ftsI	Peptidoglycan synthase FtsI	1932	4944495	4942564	1
orf05736	ftsL	Cell division protein FtsL	294	4944785	4944492	1
orf05738	rsmH	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase H	567	4945348	4944782	1
orf05739	rsmH	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase H	399	4945731	4945333	1
orf05741	mraZ	Transcriptional regulator MraZ	456	4946183	4945728	3
orf05743	rsmI	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase I	876	4947795	4946920	1
orf05747	lpoA	Penicillin-binding protein activator LpoA	1818	4947982	4949799	1
orf05749	PputGB1_4524	UPF0102 protein PputGB1_4524	372	4949799	4950170	1
orf05751	gmhA	Phosphoheptose isomerase	594	4950257	4950850	1
orf05754	yraP	Uncharacterized protein YraP	579	4950847	4951425	1
orf05756	sspA	Stringent starvation protein A	624	4952923	4952300	1
orf05757	petC	Cytochrome cI	783	4953823	4953041	1

orf05759	petB	Cytochrome b	1215	4955037	4953823	1
orf05760	petA	Ubiquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur subunit	447	4955480	4955034	1
orf05764	tpsI	30S ribosomal protein S9	393	4956283	4955891	1
orf05766	rplM	50S ribosomal protein L13	429	4956726	4956298	1
orf05769	tas	Protein tas	1101	4956928	4958028	1
orf05772	cdhR	HTH-type transcriptional regulator CdhR	999	4958213	4959211	1
orf05774	zapE	Cell division protein ZapE	1095	4960423	4959329	1
orf05776	trpS	Tryptophan--tRNA ligase	1719	4960480	4962198	1
orf05777	RP471	Uncharacterized protein RP471	411	4962203	4962613	-1
orf05782	mdeA	Methionine gamma-lyase	309	4963479	4963787	-1
orf05783	mdeA	Methionine gamma-lyase	333	4963908	4964240	-1
orf05786	ybaO	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YbaO	780	4964656	4965435	-1
orf05787	cysNC	Bifunctional enzyme CysN/CysC	1902	4967293	4965392	1
orf05789	cysD	Sulfate adenyltransferase subunit 2	918	4968228	4967311	1
orf05793	PA4445	GTP cyclohydrolase 1 type 2 homolog	678	4968617	4969294	1
orf05794	PA4445	GTP cyclohydrolase 1 type 2 homolog	186	4968661	4968476	-1
orf05795	Pmen_1471	Probable periplasmic serine endoprotease DegP-like	1089	4969294	4970382	1
orf05799	yhdZ	Uncharacterized amino-acid ABC transporter ATP-binding protein YhdZ	765	4971463	4970699	1
orf05800	yhdY	Inner membrane amino-acid ABC transporter permease protein YhdY	1098	4972571	4971474	1
orf05803	yhdX	Putative amino-acid ABC transporter permease protein YhdX	936	4973517	4972582	1
orf05804	yhdX	Putative amino-acid ABC transporter permease protein YhdX	237	4973760	4973524	1
orf05807	yhdW	Putative amino-acid ABC transporter-binding protein YhdW	1020	4974848	4973829	1
orf05811	estB	Carboxylesterase 2	645	4975202	4975846	1
orf05812	rhlB	ATP-dependent RNA helicase RhlB	1464	4975948	4977411	1
orf05815	moaD	Molybdopterin synthase sulfur carrier subunit	249	4978237	4977989	1
orf05816	moaC	Cyclic pyranopterin monophosphate synthase accessory protein	471	4978704	4978234	1
orf05817	ylaK	Uncharacterized protein YlaK	1395	4980213	4978819	1
orf05821	PputGB1_4560	UPF0246 protein PputGB1_4560	870	4981843	4982712	1
orf05827	algD	GDP-mannose 6-dehydrogenase	1317	4983493	4984809	1
orf05830	alg8	Glycosyltransferase alg8	1491	4984874	4986364	1
orf05832	alg44	Alginate biosynthesis protein Alg44	1167	4986401	4987567	1
orf05834	algK	Alginate biosynthesis protein AlgK	1311	4987688	4988998	1
orf05836	algE	Alginate production protein AlgE	1479	4989008	4990486	1
orf05838	algG	Poly(beta-D-mannuronate) C5 epimerase	1560	4990511	4992070	1
orf05840	algX	Alginate biosynthesis protein AlgX	1446	4992084	4993529	1
orf05842	algL	Alginate lyase	1212	4993537	4994748	1
orf05843	algI	Probable alginate O-acetylase AlgI	1458	4994824	4996281	1
orf05845	algJ	Probable alginate O-acetylase AlgJ	807	4996292	4997098	1
orf05846	algJ	Probable alginate O-acetylase AlgJ	246	4997205	4997450	2
orf05848	algF	Alginate biosynthesis protein AlgF	648	4997467	4998114	1
orf05850	algA	Alginate biosynthesis protein AlgA	1788	4998150	4999937	1
orf05853	ybbO	Uncharacterized oxidoreductase YbbO	1479	5000317	5001795	1
orf05855	emrK	Probable multidrug resistance protein EmrK	705	5004263	5003559	1
orf05857	yhcA	Uncharacterized MFS-type transporter YhcA	1482	5006130	5004649	1
orf05861	linR	HTH-type transcriptional regulator LinR	849	5006502	5007350	1
orf05866	ydhJ	Uncharacterized protein YdhJ	1470	5007607	5009076	-1
orf05871	fusC	Fusaric acid resistance protein FusC	2193	5011415	5009223	-1
orf05872	fusA	Fusaric acid resistance protein FusA	1530	5012941	5011412	1
orf05875	ghrB	Glyoxylate/hydroxypyruvate reductase B	3102	5013143	5016244	1
orf05879	lumQ	Probable transcriptional regulator LumQ	876	5017297	5018172	1
orf05892	psiE	Protein PsiE homolog	471	5026104	5025634	1
orf05894	yqiT	Leucine dehydrogenase	981	5027256	5028236	1
orf05895	PA3419	UPF0162 protein PA3419	951	5028256	5029206	-1
orf05897	fah	Fumarylacetoacetase	498	5030198	5029701	1
orf05898	Fah	Fumarylacetoacetase	693	5030993	5030301	1
orf05903	hmgA	Homogentisate 1,2-dioxygenase	954	5031950	5030997	1
orf05907	Mest	Mesoderm-specific transcript protein	3801	5033435	5037235	1
orf05909	ywbG	Uncharacterized protein YwbG	687	5038209	5037523	-1
orf05915	ywbI	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YwbI	1281	5038682	5039962	1
orf05918	lmo0799	Blue-light photoreceptor	1932	5040290	5042221	1
orf05920	Synpcc7942_2318	Uncharacterized protein Synpcc7942_2318	561	5042529	5043089	1
orf05922	folM	Dihydropyrimidin reductase	708	5043153	5043860	1
orf05929	PputGB1_4621	Putative reductase PputGB1_4621	1212	5046832	5045621	1
orf05934	atoB	Acetyl-CoA acetyltransferase	561	5048516	5047956	1
orf05936	metE	5-methyltetrahydropteroyltryglutamate--homocysteine methyltransferase	2508	5051655	5049148	-1
orf05938	yjiA	Uncharacterized GTP-binding protein YjiA	747	5053830	5054576	1
orf05941	ybdD	Uncharacterized protein YbdD	201	5054743	5054543	-1
orf05943	yjiY	Inner membrane protein YjiY	1254	5056007	5054754	1
orf05944	yjiY	Inner membrane protein YjiY	849	5056821	5055973	1
orf05946	PA4608	Cyclic diguanosine monophosphate-binding protein PA4608	366	5057001	5057366	1
orf05948	uacT	Uric acid transporter UacT	1428	5057718	5059145	1
orf05951	radA	DNA repair protein RadA homolog	1653	5059160	5060812	1
orf05952	mscL	Large-conductance mechanosensitive channel	633	5060809	5061441	-1
orf05953	fpr	Ferredoxin--NADP reductase	1827	5061449	5063275	1
orf05955	rlmG	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase G	981	5063259	5064239	-1
orf05956	cydB	Cytochrome bd ubiquinol oxidase subunit 2	1008	5065528	5064521	1
orf05959	cydA	Cytochrome bd ubiquinol oxidase subunit 1	1404	5066968	5065565	1

orf05964	adeP	Adenine permease AdeP	1296	5068814	5070109	1
orf05965	trmA	tRNA/tmRNA (uracil-C(5))-methyltransferase	1086	5070106	5071191	1
orf05967	pcaG	Protocatechuate 3,4-dioxygenase alpha chain	606	5071932	5071327	1
orf05969	pcaH	Protocatechuate 3,4-dioxygenase beta chain	720	5072662	5071943	1
orf05972	ypfJ	Uncharacterized protein YpfJ	885	5072891	5073775	1
orf05973	mcpS	Methyl-accepting chemotaxis protein McpS	1962	5073982	5075943	1
orf05975	ggt	Gamma-glutamyltranspeptidase	1731	5077812	5076082	1
orf05977	yafC	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YafC	753	5078619	5077867	1
orf05978	mdaB	Modulator of drug activity B homolog	567	5078603	5079169	1
orf05980	mdaB	Modulator of drug activity B	267	5079521	5079255	-3
orf05981	slI1783	Uncharacterized protein slI1783	315	5079695	5080009	1
orf05988	ynbA	Inner membrane protein YnbA	2007	5080842	5082848	1
orf05991	ynbC	Uncharacterized protein YnbC	1755	5082879	5084633	1
orf05992	ynbD	Uncharacterized protein YnbD	1425	5084673	5086097	1
orf05995	ynbB	Uncharacterized protein YnbB	933	5087161	5088093	1
orf05996	-	Uncharacterized protein in bioA 5' region	426	5088103	5088528	1
orf06005	HIBADH	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial	162	5091209	5091048	-1
orf06007	hibA	Probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase, mitochondrial	888	5095928	5095041	1
orf06008	ALDH6A1	Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial	1527	5097465	5095939	1
orf06009	mauR	Mau operon transcriptional activator	1671	5097451	5099121	1
orf06010	yfiN	Probable diguanylate cyclase YfiN	1743	5099088	5100830	1
orf06012	recD	RecBCD enzyme subunit RecD	738	5100918	5101655	-1
orf06014	recD	RecBCD enzyme subunit RecD	867	5102544	5103410	-1
orf06016	recB	RecBCD enzyme subunit RecB	1098	5104139	5105236	-1
orf06017	recB	RecBCD enzyme subunit RecB	699	5105432	5106130	-1
orf06020	recB	RecBCD enzyme subunit RecB	717	5104135	5103419	-1
orf06026	recC	RecBCD enzyme subunit RecC	1194	5108164	5109357	1
orf06027	recC	RecBCD enzyme subunit RecC	723	5110060	5110782	-1
orf06054	yedZ	Sulfoxide reductase heme-binding subunit YedZ	525	5116320	5116844	-1
orf06055	yedY	Sulfoxide reductase catalytic subunit YedY	243	5117240	5116998	-3
orf06057	yedY	Sulfoxide reductase catalytic subunit YedY	747	5118011	5117265	1
orf06059	pssA	CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase	852	5118942	5118091	1
orf06062	ilvC	Ketol-acid reductoisomerase	1017	5120110	5119094	1
orf06064	ilvH	Acetolactate synthase isozyme 3 small subunit	492	5120659	5120168	1
orf06066	ilvI	Acetolactate synthase isozyme 3 large subunit	1734	5122394	5120661	1
orf06074	mrcB	Penicillin-binding protein 1B	1035	5124996	5123962	1
orf06075	mrcB	Penicillin-binding protein 1B	1275	5126284	5125010	1
orf06078	Mb2027c	Uncharacterized protein Mb2027c	468	5126402	5126869	1
orf06080	Mb2027c	Uncharacterized protein Mb2027c	1275	5126877	5128151	1
orf06082	tfoX2	DNA transformation protein TfoX2	279	5128206	5128484	1
orf06085	hmuV	Hemin import ATP-binding protein HmuV	1839	5129121	5130959	1
orf06088	hmuT	Hemin-binding periplasmic protein HmuT	249	5131843	5132091	-1
orf06090	sfsA	Sugar fermentation stimulation protein homolog	681	5133421	5132741	-1
orf06092	MJ0684	Probable aspartate aminotransferase 2	1173	5134626	5133454	1
orf06094	dksA	RNA polymerase-binding transcription factor DksA	444	5134837	5135280	1
orf06095	gluQ	Glutamyl-Q tRNA(Asp) synthetase	1083	5135330	5136412	1
orf06097	kinA	Sporulation kinase A	2970	5136644	5139613	1
orf06099	zraR	Transcriptional regulatory protein ZraR	1875	5139618	5141492	1
orf06105	pcnB	Poly(A) polymerase I	1905	5141953	5143857	1
orf06107	panB	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase	801	5144087	5144887	1
orf06109	panC	Pantothenate synthetase	477	5144884	5145360	1
orf06110	panC	Pantothenate synthetase	1770	5145351	5147120	3
orf06111	pgi	Glucose-6-phosphate isomerase	660	5147192	5147851	1
orf06112	pgi	Glucose-6-phosphate isomerase	996	5147860	5148855	3
orf06113	acsA2	Acetyl-coenzyme A synthetase 2	1488	5148992	5150479	1
orf06114	acsA2	Acetyl-coenzyme A synthetase 2	498	5150430	5150927	2
orf06121	pnp	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase	2106	5158554	5156449	1
orf06124	rpsO	30S ribosomal protein S15	270	5159074	5158805	1
orf06127	truB	tRNA pseudouridine synthase B	918	5160139	5159222	1
orf06129	rbfA	Ribosome-binding factor A	399	5160541	5160143	1
orf06130	infB	Translation initiation factor IF-2	2541	5163200	5160660	1
orf06132	nusA	Transcription termination/antitermination protein NusA	1482	5164709	5163228	1
orf06135	rimP	Ribosome maturation factor RimP	510	5165278	5164769	1
orf06139	secE	Protein-export membrane protein SecE	399	5166040	5165642	1
orf06142	tpiA	Triosephosphate isomerase	486	5166530	5166045	1
orf06144	tpiA	Triosephosphate isomerase	243	5166789	5166547	1
orf06147	glmM	Phosphoglucosamine mutase	1341	5168207	5166867	2
orf06149	folP	Dihydropteroate synthase	852	5169075	5168224	1
orf06151	ftsH	ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH	1665	5170748	5169084	1
orf06155	rlmE	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase E	627	5171818	5171192	1
orf06156	PA4753	Probable RNA-binding protein PA4753	351	5171879	5172229	1
orf06158	greA	Transcription elongation factor GreA	162	5172795	5172956	1
orf06161	carB	Carbamoyl-phosphate synthase large chain	3231	5176500	5173270	-2
orf06164	carA	Carbamoyl-phosphate synthase small chain	1137	5177733	5176597	1
orf06167	dapB	4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate reductase	297	5178355	5178059	1
orf06169	dnaJ	Chaperone protein DnaJ	1647	5178354	5180000	1
orf06172	dnaK	Chaperone protein DnaK	1926	5182133	5180208	-1

orf06176	grpE	Protein GrpE	558	5182792	5182235	1
orf06179	recN	DNA repair protein RecN	1329	5182964	5184292	1
orf06181	recN	DNA repair protein RecN	384	5184276	5184659	1
orf06183	fur	Ferric uptake regulation protein	537	5185369	5184833	1
orf06184	bamE	Outer membrane protein assembly factor BamE	498	5185374	5185871	1
orf06186	ratA	Ribosome association toxin RatA	549	5186481	5185933	1
orf06187	smpB	SsrA-binding protein	483	5186530	5187012	1
orf06190	pdhR	Pyruvate dehydrogenase complex repressor	768	5187915	5187148	1
orf06194	glcA	Glycolate permease GlcA	1671	5188172	5189842	1
orf06196	lldD	L-lactate dehydrogenase	1146	5189906	5191051	1
orf06198	glcD	Glycolate oxidase subunit GlcD	3090	5191127	5194216	1
orf06199	PA14_33160	Uncharacterized protein PA14_33160	396	5194213	5194608	1
orf06206	bauD	Probable GABA permease	765	5204302	5205066	1
orf06208	SPBC1773.06c	Zinc-type alcohol dehydrogenase-like protein C1773.06c	5373	5205649	5211021	-1
orf06210	tesB	Acyl-CoA thioesterase 2	870	5212343	5211474	-1
orf06212	PA3944	Acetyltransferase PA3944	570	5213060	5212491	1
orf06213	ais	Lipopolysaccharide core heptose(II)-phosphate phosphatase	1116	5213066	5214181	1
orf06214	SYNPCC7002_A1628	Uncharacterized protein SYNPCC7002_A1628	915	5214166	5215080	1
orf06218	yedA	Uncharacterized inner membrane transporter YedA	939	5218894	5217956	1
orf06226	hrpB	ATP-dependent RNA helicase HrpB	1290	5224147	5225436	1
orf06229	fieF	Cation-efflux pump FieF	1854	5226221	5228074	-1
orf06231	lrp	Leucine-responsive regulatory protein	477	5228293	5228769	1
orf06233	rluE	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E	618	5228848	5229465	1
orf06234	aidB	Putative acyl-CoA dehydrogenase AidB	1806	5231178	5232983	-2
orf06238	barA	Signal transduction histidine-protein kinase BarA	5730	5233044	5238773	-1
orf06240	amn	AMP nucleosidase	1233	5231012	5229780	-1
orf06241	thiD	Hydroxymethylpyrimidine/phosphomethylpyrimidine kinase	819	5234099	5240499	1
orf06243	thiE	Thiamine-phosphate synthase	624	5240513	5241136	1
orf06244	hemL	Glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase	1284	5241151	5242434	1
orf06249	ybeZ	PhoH-like protein	999	5243737	5244735	1
orf06251	ybeY	Endoribonuclease YbeY	474	5244728	5245201	1
orf06252	corC	Magnesium and cobalt efflux protein CorC	840	5245233	5246072	1
orf06254	lnt	Apolipoprotein N-acyltransferase	597	5246081	5246677	1
orf06255	lnt	Apolipoprotein N-acyltransferase	921	5246678	5247598	1
orf06257	HI_1701	Uncharacterized protein HI_1701	1245	5247595	5248839	1
orf06261	leuS	Leucine--tRNA ligase	2823	5248951	5251773	-1
orf06262	lptE	LPS-assembly lipoprotein LptE	606	5251834	5252439	1
orf06264	holA	DNA polymerase III subunit delta	1407	5252479	5253885	1
orf06269	lipA	Lipoyl synthase	2250	5255216	5257465	1
orf06270	lipB	Octanoyltransferase	648	5258073	5257426	-1
orf06272	PputGB1_4855	UPF0250 protein PputGB1_4855	276	5258348	5258073	1
orf06275	dacC	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase DacC	1161	5259582	5258422	1
orf06280	rlpA	RlpA-like lipoprotein	1002	5260853	5259852	1
orf06281	mltB	Membrane-bound lytic murein transglycosylase B	1032	5261884	5260853	1
orf06282	mrdB	Rod shape-determining protein RodA	1146	5263026	5261881	1
orf06284	mrdA	Penicillin-binding protein 2	1890	5264912	5263023	1
orf06285	rlmH	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase H	468	5265396	5264929	1
orf06286	rsfS	Ribosomal silencing factor RsfS	477	5265883	5265407	1
orf06287	nadD	Probable nicotinate-nucleotide adenyltransferase	660	5266529	5265870	1
orf06290	PSPTO_4830	Putative 3-methyladenine DNA glycosylase	600	5268202	5268801	1
orf06291	proA	Gamma-glutamyl phosphate reductase	1272	5267802	5266531	1
orf06292	yabI	Inner membrane protein YabI	1347	5268805	5270151	1
orf06297	yohK	Inner membrane protein YohK	717	5271566	5270850	1
orf06304	prmA	Ribosomal protein L11 methyltransferase	675	5272982	5273656	1
orf06307	dusB	tRNA-dihydrouridine synthase B	1272	5275057	5276328	1
orf06308	PA4853	Putative Fis-like DNA-binding protein	279	5276367	5276645	1
orf06310	purH	Bifunctional purine biosynthesis protein PurH	1620	5276717	5278336	1
orf06312	purD	Phosphoribosylamine--glycine ligase	1407	5278469	5279875	1
orf06315	gacS	Sensor protein GacS	2931	5279909	5282839	1
orf06317	cobI	Precorrin-2 C(20)-methyltransferase	4128	5282858	5286985	1
orf06319	cobH	Precorrin-8X methylmutase	627	5287991	5287365	-2
orf06323	cobL	Precorrin-6Y C(5,15)-methyltransferase [decarboxylating]	1212	5289561	5290772	1
orf06324	cbiD	Cobalt-precorrin-5B C(1)-methyltransferase	1095	5290765	5291859	1
orf06327	cobK	Precorrin-6A reductase	3765	5291856	5295620	1
orf06334	Lxx21020	Putative lipoprotein Lxx21020	486	5296088	5296573	1
orf06339	pfeA	Ferric enterobactin receptor	2052	5297097	5299148	1
orf06346	cycA	D-serine/D-alanine/glycine transporter	7839	5300800	5308638	1
orf06349	cbpA	Curved DNA-binding protein	954	5309990	5309037	1
orf06352	yegD	Uncharacterized chaperone protein YegD	2826	5310160	5312985	1
orf06355	yeaM	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YeaM	882	5312945	5313826	1
orf06357	yyaM	Uncharacterized transporter YyaM	822	5314052	5314873	-1
orf06358	lip	Lactonizing lipase	948	5315817	5314870	1
orf06359	osmE	Osmotically-inducible lipoprotein E	342	5315884	5316225	1
orf06362	yhjG	Uncharacterized protein YhjG	123	5317133	5317255	1
orf06363	yhjG	Uncharacterized protein YhjG	1734	5317717	5319450	-2
orf06365	fabR	HTH-type transcriptional repressor FabR	633	5320006	5320638	-1
orf06366	sdh	Serine 3-dehydrogenase	1545	5320622	5322166	1

orf06369	isfD2	Sulfoacetaldehyde reductase 2	351	5322690	5322340	-2
orf06371	livF	High-affinity branched-chain amino acid transport ATP-binding protein LivF	717	5324089	5323373	1
orf06372	braF	High-affinity branched-chain amino acid transport ATP-binding protein BraF	876	5324961	5324086	1
orf06374	braE	High-affinity branched-chain amino acid transport system permease protein BraE	1302	5326259	5324958	1
orf06376	livH	High-affinity branched-chain amino acid transport system permease protein LivH	915	5327176	5326262	1
orf06381	pncB	Nicotinate phosphoribosyltransferase	1209	5328938	5330146	1
orf06382	nadE	NH(3)-dependent NAD(+) synthetase	828	5330150	5330977	1
orf06383	BR1785	Leu/Ile/Val-binding protein homolog 1	1137	5328469	5327333	1
orf06385	-	Azurin	453	5331571	5331119	1
orf06390	PP_4872	UPF0313 protein PP_4872	3360	5335039	5331680	1
orf06392	dnaB	Replicative DNA helicase	1449	5336514	5335066	1
orf06393	rpII	50S ribosomal protein L9	447	5337023	5336577	1
orf06397	rpsR	30S ribosomal protein S18	231	5338174	5337944	1
orf06399	rpsF	30S ribosomal protein S6	426	5338628	5338203	1
orf06401	rlmB	23S rRNA (guanosine-2'-O-)-methyltransferase RlmB	747	5339680	5338934	1
orf06403	rnr	Ribonuclease R	2577	5342253	5339677	1
orf06408	fbpA	Iron-utilization periplasmic protein	1266	5342814	5344079	1
orf06411	fbpB2	Fe(3+)-transport system permease protein FbpB 2	6381	5344079	5350459	1
orf06416	purA	Adenylosuccinate synthetase	1293	5353383	5352091	1
orf06418	hisZ	ATP phosphoribosyltransferase regulatory subunit	1338	5354777	5353440	1
orf06421	hflC	Protein HflC	870	5355798	5354929	1
orf06423	hflK	Protein HflK	1185	5356982	5355798	1
orf06425	hflX	GTPase HflX	1302	5358380	5357079	1
orf06427	hfq	RNA-binding protein Hfq	312	5358704	5358393	1
orf06429	miaA	tRNA dimethylallyltransferase	1008	5359756	5358749	1
orf06431	mutL	DNA mismatch repair protein MutL	1896	5361617	5359722	1
orf06433	amiC	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase AmiC	1443	5363056	5361614	1
orf06435	tsaE	tRNA threonylcarbamoyladenine biosynthesis protein TsaE	474	5363530	5363057	1
orf06437	nnr	Bifunctional NAD(P)H-hydrate repair enzyme Nnr	213	5363730	5363518	1
orf06440	queG	Epoxyqueuosine reductase	1035	5364600	5365634	1
orf06441	HI_1240	UPF0126 membrane protein HI_1240	786	5365634	5366419	1
orf06444	orn	Oligoribonuclease	672	5366490	5367161	-1
orf06445	rsgA	Putative ribosome biogenesis GTPase RsgA	888	5367158	5368045	-1
orf06446	motA	Motility protein A	852	5370103	5369252	1
orf06450	rhdA	Thiosulfate sulfurtransferase	810	5371816	5372625	1
orf06452	psd	Phosphatidylserine decarboxylase proenzyme	1308	5372635	5373942	1
orf06453	serB	Phosphoserine phosphatase	708	5374188	5374895	1
orf06459	parC	DNA topoisomerase 4 subunit A	702	5377608	5378309	-1
orf06462	parE	DNA topoisomerase 4 subunit B	1905	5383156	5381252	-2
orf06465	yqiA	Esterase YqiA	609	5383800	5383192	1
orf06466	cpdA	3',5'-cyclic adenosine monophosphate phosphodiesterase CpdA	1122	5383877	5384998	1
orf06469	nudF	ADP-ribose pyrophosphatase	618	5385988	5385371	-1
orf06477	thiC	Phosphomethylpyrimidine synthase	1872	5390224	5388353	1
orf06478	tolC	Outer membrane protein TolC	1587	5390499	5392085	1
orf06483	cyaB	Cyclolysin secretion/processing ATP-binding protein CyaB	8451	5394508	5402958	1
orf06485	yeeY	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YeeY	891	5404938	5404048	-1
orf06486	PA4990	Multidrug transporter PA4990	333	5405026	5405358	1
orf06489	yqkF	Uncharacterized oxidoreductase YqkF	813	5407875	5408687	1
orf06490	hldE	Bifunctional protein HldE	1179	5408738	5409916	1
orf06491	hldE	Bifunctional protein HldE	324	5410192	5410515	-2
orf06494	msbA	Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA	1371	5412757	5411387	-1
orf06496	msbA	Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA	393	5413198	5412806	1
orf06503	lpsE	Lipopolysaccharide core biosynthesis glycosyltransferase LpsE	456	5420246	5420701	1
orf06506	sll1178	Uncharacterized protein sll1178	1758	5423239	5421482	-2
orf06508	rlmJ	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase J	882	5423607	5424488	1
orf06509	putP	Sodium/proline symporter	1452	5425924	5424473	-1
orf06512	putA	Bifunctional protein PutA	558	5426761	5426204	1
orf06514	putA	Bifunctional protein PutA	2892	5430103	5432994	-1
orf06515	putA	Bifunctional protein PutA	1773	5430148	5428376	2
orf06518	MTH_856	Metalloprotease MTH_856	1443	5433091	5434533	-1
orf06523	mdtD	Putative multidrug resistance protein MdtD	1725	5435686	5437410	1
orf06525	dbpA	ATP-dependent RNA helicase DbpA	1542	5437475	5439016	1
orf06526	yhiN	Uncharacterized protein YhiN	1167	5439013	5440179	1
orf06528	yccS	Inner membrane protein YccS	2742	5440310	5443051	1
orf06530	elaA	Protein ElaA	372	5443598	5443969	1
orf06532	ygiP	Uncharacterized protein YgiP	441	5444751	5444311	1
orf06534	faa	Fructose-bisphosphate aldolase	3777	5444761	5448537	1
orf06539	pgk	Phosphoglycerate kinase	1164	5450308	5449145	-1
orf06540	epd	D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase	1062	5451382	5450321	1
orf06542	tkt2	Transketolase 2	1998	5453530	5451533	1
orf06544	Mettl10	Protein-lysine N-methyltransferase Mettl10	846	5453908	5454753	1
orf06545	metK	S-adenosylmethionine synthase	1191	5454773	5455963	1
orf06547	yqiC	Protein YqiC	2235	5456100	5458334	1
orf06549	mltA	Membrane-bound lytic murein transglycosylase A	993	5459133	5460125	1
orf06557	nhaP	Na(+)/H(+) antiporter NhaP	1236	5461744	5462979	1
orf06559	ahcY	Adenosylhomocysteinase	1410	5463802	5465211	1
orf06562	metF	5,10-methylenetetrahydrofolate reductase	846	5465378	5466223	1

orf06566	rhIE	ATP-dependent RNA helicase RhIE	1344	5468568	5469911	1
orf06569	PputGB1_5030	UPF0312 protein PputGB1_5030	579	5471191	5470613	1
orf06570	yceJ	Cytochrome b561 homolog 2	552	5471777	5471226	1
orf06571	bioA	Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononoate aminotransferase	2964	5472571	5475534	1
orf06572	rsmE	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E	825	5475559	5476383	1
orf06573	-	Hemolysin-3	618	5477001	5476384	1
orf06575	cheA	Chemotaxis protein CheA	1740	5479364	5477625	1
orf06577	pilJ	Protein PilJ	3762	5479395	5483156	1
orf06579	pilI	Protein PilI	117	5484795	5484679	-2
orf06580	pilH	Protein PilH	366	5485597	5485232	1
orf06583	pilG	Protein PilG	234	5485906	5486139	1
orf06584	pilG	Protein PilG	231	5485875	5485645	-1
orf06586	gshB	Glutathione synthetase	954	5486259	5487212	1
orf06589	PputW619_0469	UPF0301 protein PputW619_0469	570	5488381	5488950	1
orf06590	PP_4996	Putative Holliday junction resolvase	438	5488950	5489387	1
orf06591	pyrR	Bifunctional protein PyrR	519	5489437	5489955	1
orf06592	pyrB	Aspartate carbamoyltransferase	1005	5489968	5490972	1
orf06594	pyrC'	Dihydroorotase-like protein	1272	5490969	5492240	1
orf06595	hslV	ATP-dependent protease subunit HslV	531	5492454	5492984	1
orf06596	hslU	ATP-dependent protease ATPase subunit HslU	1395	5493010	5494404	1
orf06601	phaA	Poly(3-hydroxyalkanoate) polymerase 1	1680	5495248	5496927	1
orf06603	phaC	Poly(3-hydroxyalkanoate) polymerase 2	2889	5496990	5499878	1
orf06611	ubiE	Ubiquinone/menaquinone biosynthesis C-methyltransferase UbiE	771	5502185	5502955	1
orf06614	ubiB	Probable protein kinase UbiB	1620	5503575	5505194	1
orf06616	hisI	Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase	405	5505255	5505659	1
orf06617	hisE	Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase	336	5505661	5505996	1
orf06618	tatA	Sec-independent protein translocase protein Tata	273	5506170	5506442	1
orf06619	tatB	Sec-independent protein translocase protein TatB	378	5506446	5506823	1
orf06622	tatC	Sec-independent protein translocase protein TatC	789	5506820	5507608	1
orf06623	rsmE	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E	708	5507605	5508312	1
orf06625	mcpS	Methyl-accepting chemotaxis protein McpS	531	5510223	5509693	1
orf06628	glnQ	Glutamine transport ATP-binding protein GlnQ	4299	5510247	5514545	-2
orf06633	fliY	Cystine-binding periplasmic protein	822	5516346	5515525	-1
orf06634	opgH	Glucans biosynthesis glucosyltransferase H	2691	5516450	5519140	1
orf06636	opgG	Glucans biosynthesis protein G	1635	5520776	5519142	-1
orf06638	dtd	D-aminoacyl-tRNA deacylase	438	5521564	5521127	1
orf06642	pip	Proline iminopeptidase	972	5522532	5521561	1
orf06644	hutI	Imidazolonepropionase	1206	5530310	5529105	1
orf06646	proY	Proline-specific permease ProY	1350	5531676	5530327	1
orf06647	hutH	Histidine ammonia-lyase	1047	5531684	5532730	1
orf06650	hutU	Urocanate hydratase	1674	5535201	5533528	-1
orf06655	-	Uncharacterized 21.2 kDa protein in hutC 3'region	729	5535329	5536057	1
orf06656	hutC	Histidine utilization repressor	840	5536866	5536027	-1
orf06659	hutI	Imidazolonepropionase	1773	5536884	5538656	1
orf06664	fbp	Fructose-1,6-bisphosphatase class 1	1011	5541078	5540068	-1
orf06667	glgP	Glycogen phosphorylase	2580	5543914	5541335	1
orf06671	typA	GTP-binding protein TypA/BipA	5289	5543918	5549206	1
orf06673	thiI	tRNA sulfurtransferase	1455	5550725	5549271	-1
orf06676	glnA	Glutamine synthetase	1407	5551196	5552602	1
orf06679	ntrB	Nitrogen regulation protein NtrB	1086	5553964	5555049	1
orf06681	glnG	Nitrogen regulation protein NR(I)	2304	5555046	5557349	1
orf06682	trmL	tRNA (cytidine(34)-2'-O)-methyltransferase	333	5557405	5557737	1
orf06684	secB	Protein-export protein SecB	486	5558297	5557812	1
orf06687	grx	Glutaredoxin	261	5558597	5558337	1
orf06689	yibN	Uncharacterized protein YibN	414	5559007	5558594	1
orf06691	gpmI	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase	1539	5559214	5560752	1
orf06693	envC	Murein hydrolase activator EnvC	1305	5560984	5562288	1
orf06694	ctpA	Carboxy-terminal-processing protease	1317	5562366	5563682	1
orf06699	betT	High-affinity choline transport protein	1515	5570764	5569250	1
orf06701	opuD	Glycine betaine transporter OpuD	372	5571253	5570882	1
orf06706	betI	HTH-type transcriptional regulator BetI	642	5571748	5572389	1
orf06708	betB	NAD/NADP-dependent betaine aldehyde dehydrogenase	1473	5572430	5573902	1
orf06709	betA	Oxygen-dependent choline dehydrogenase	1299	5573982	5575280	1
orf06710	betA	Oxygen-dependent choline dehydrogenase	450	5575232	5575681	3
orf06715	nhaP2	K(+)/H(+) antiporter NhaP2	1743	5575946	5577688	1
orf06718	mscK	Mechanosensitive channel MscK	2949	5578112	5581060	1
orf06719	Pput_4941	UPF0061 protein Pput_4941	1635	5581061	5582695	1
orf06720	trxC	Thioredoxin-2	267	5582933	5583199	1
orf06724	soj	Sporulation initiation inhibitor protein Soj	774	5583969	5583196	1
orf06726	ynfL	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YnfL	966	5584951	5583986	1
orf06727	ynfM	Inner membrane transport protein YnfM	1302	5585005	5586306	1
orf06730	hemE	Uroporphyrinogen decarboxylase	1263	5586923	5588185	1
orf06732	gltD	Glutamate synthase [NADPH] small chain	1419	5589588	5588170	-1
orf06735	gltB	Glutamate synthase [NADPH] large chain	4446	5594140	5589695	1
orf06738	damX	Cell division protein DamX (Fragment)	249	5594763	5594515	1
orf06743	aroB	3-dehydroquinate synthase	1158	5597306	5596149	1
orf06745	aroK	Shikimate kinase	519	5597862	5597344	1



orf06748	pilQ	Fimbrial assembly protein PilQ	498	5598364	5597867	1
orf06751	mrcA	Penicillin-binding protein 1A	2454	5601693	5604146	1
orf06752	maeB	NADP-dependent malic enzyme	1458	5604170	5605627	1
orf06755	nucI	Thermonuclease	618	5606632	5606015	-1
orf06757	rpmE	50S ribosomal protein L31	255	5606889	5606635	1
orf06758	priA	Primosomal protein N'	2277	5607018	5609294	1
orf06759	argS	Arginine--tRNA ligase	1737	5609359	5611095	1
orf06765	yafL	Probable endopeptidase YafL	594	5612461	5613054	1
orf06767	PA0394	UPF0001 protein PA0394	687	5614247	5614933	1
orf06769	proC	Pyroline-5-carboxylate reductase	549	5614972	5615520	1
orf06770	proC	Pyroline-5-carboxylate reductase	264	5615529	5615792	3
orf06772	PA0392	Uncharacterized protein PA0392	591	5615803	5616393	1
orf06774	metX	Homoserine O-acetyltransferase	1140	5616493	5617632	1
orf06779	PP_5100	Non-canonical purine NTP pyrophosphatase	594	5618717	5619310	1
orf06781	yggW	Oxygen-independent coproporphyrinogen-III oxidase-like protein YggW	1176	5619307	5620482	1
orf06782	trmB	tRNA (guanine-N(7)-)-methyltransferase	1227	5620492	5621718	1
orf06785	thiG	Thiazole synthase	795	5623142	5622348	-2
orf06786	thiG	Thiazole synthase	213	5623408	5623196	1
orf06790	mtgA	Monofunctional biosynthetic peptidoglycan transglycosylase	1011	5623936	5624946	1
orf06792	rpoH	RNA polymerase sigma factor RpoH	699	5625054	5625752	1
orf06794	ftsX	Cell division protein FtsX	1023	5626811	5625789	-1
orf06796	ftsE	Cell division ATP-binding protein FtsE	672	5627479	5626808	1
orf06797	ftsY	Signal recognition particle receptor FtsY	618	5628093	5627476	1
orf06798	ftsY	Signal recognition particle receptor FtsY	996	5628127	5629122	1
orf06800	NGR_a01040	Uncharacterized zinc protease y4wA	1356	5629239	5630594	-1
orf06802	NGR_a01030	Uncharacterized zinc protease-like protein y4wB	1491	5630587	5632077	1
orf06804	rsmD	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase D	543	5632137	5632679	1
orf06809	yheT	Putative esterase YheT	4098	5632664	5636761	1
orf06811	uidR	HTH-type transcriptional regulator UidR	654	5638178	5637525	1
orf06812	calB	Probable coniferyl aldehyde dehydrogenase	1584	5638189	5639772	1
orf06814	Rv0492c	Uncharacterized GMC-type oxidoreductase Rv0492c	1599	5640291	5641889	1
orf06817	coaD	Phosphopantetheine adenylyltransferase	480	5642002	5642481	1
orf06818	fdx	Ferredoxin	252	5642590	5642841	1
orf06820	mutM	Formamidopyrimidine-DNA glycosylase	813	5643822	5643010	1
orf06822	TP_0073	Uncharacterized protein TP_0073	873	5644698	5643826	1
orf06823	rlmI	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase I	2073	5644701	5646773	1
orf06824	ilvD	Dihydroxy-acid dehydratase	1842	5647046	5648887	1
orf06831	ydjN	Uncharacterized symporter YdjN	1509	5651928	5653436	1
orf06832	folA	Dihydrofolate reductase	465	5653925	5653461	1
orf06837	HI_0131	Uncharacterized protein HI_0131	1026	5658528	5657503	1
orf06840	fbpB	Ferric transport system permease protein FbpB	1725	5660271	5658547	1
orf06842	cysA2	Sulfate/thiosulfate import ATP-binding protein CysA 2	1059	5661331	5660273	1
orf06845	cmpR	HTH-type transcriptional activator CmpR	864	5662408	5661545	1
orf06846	cadA	Probable cadmium-transporting ATPase	2133	5664550	5662418	1
orf06847	zntR	HTH-type transcriptional regulator ZntR homolog	615	5664545	5665159	1
orf06848	thyA	Thymidylate synthase	972	5666248	5665277	1
orf06850	lgt	Prolipoprotein diacylglycerol transferase	807	5667106	5666300	1
orf06852	HI_0902	UPF0721 transmembrane protein HI_0902	783	5667905	5667123	1
orf06854	Tango2	Transport and Golgi organization 2 homolog	747	5668037	5668783	1
orf06856	ptsP	Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase PtsP	2280	5671197	5668918	1
orf06858	rppH	RNA pyrophosphohydrolase	480	5671699	5671220	1
orf06860	ilvA	L-threonine dehydratase biosynthetic IlvA	3795	5671731	5675525	1
orf06861	yjiK	Uncharacterized protein YjiK	2223	5677090	5679312	-1
orf06862	yjiK	Uncharacterized protein YjiK	1575	5677086	5675512	-1
orf06865	d2hgdh	D-2-hydroxyglutarate dehydrogenase, mitochondrial	1158	5680746	5679589	1
orf06867	serA	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	1230	5681161	5682390	1
orf06871	ybbK	Uncharacterized protein YbbK	2049	5682997	5685045	1
orf06880	nodL	Nodulation protein L	3477	5687220	5690696	-1
orf06882	pac	Penicillin G acylase	2469	5690736	5693204	-1
orf06883	metQ	Probable D-methionine-binding lipoprotein MetQ	1173	5693201	5694373	1
orf06889	cysA	Sulfate/thiosulfate import ATP-binding protein CysA	990	5698251	5697262	-2
orf06891	cysW	Sulfate transport system permease protein CysW	873	5699127	5698255	1
orf06893	cysT	Probable sulfate transport system permease protein cysT	819	5699957	5699139	1
orf06896	sbp	Sulfate-binding protein	1029	5701171	5700143	1
orf06900	mdtB	Multidrug resistance protein MdtB	3054	5704685	5701632	1
orf06903	mdtA	Multidrug resistance protein MdtA	990	5705671	5704682	1
orf06904	mdtE	Multidrug resistance protein MdtE	1149	5705680	5706828	1
orf06909	potI	Putrescine transport system permease protein PotI	894	5710454	5709561	-1
orf06911	potH	Putrescine transport system permease protein PotH	921	5711371	5710451	1
orf06913	potG	Putrescine transport ATP-binding protein PotG	1176	5712543	5711368	1
orf06914	spuE	Spermidine-binding periplasmic protein SpuE	1110	5713691	5712582	1
orf06917	spuD	Putrescine-binding periplasmic protein SpuD	1098	5714934	5713837	1
orf06920	GABA-TP1	Gamma aminobutyrate transaminase 1, mitochondrial	1362	5716467	5715106	1
orf06923	puuA	Gamma-glutamylputrescine synthetase PuuA	1359	5717873	5716515	1
orf06925	puuA	Gamma-glutamylputrescine synthetase PuuA	1269	5718556	5719824	1
orf06927	argA	Amino-acid acetyltransferase	1299	5721274	5719976	1
orf06928	argE	Acetylornithine deacetylase	624	5722022	5721399	1

orf06929	argE	Acetylornithine deacetylase	558	5722017	5722574	1
orf06931	HL_1598	Inorganic triphosphatase	1368	5722761	5724128	-1
orf06934	ybaO	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YbaO	471	5724700	5724230	1
orf06935	tapB	Type IV pilus assembly protein TapB	1893	5724695	5726587	1
orf06940	gcvP2	Glycine dehydrogenase (decarboxylating) 2	1938	5729193	5727256	2
orf06941	gcvP2	Glycine dehydrogenase (decarboxylating) 2	657	5730429	5729773	1
orf06942	gcvH2	Glycine cleavage system H protein 2	384	5731007	5730624	1
orf06944	gcvT	Aminomethyltransferase	1083	5732141	5731059	1
orf06945	fbpB2	Fe(3+)-transport system permease protein FbpB 2	1569	5733835	5732267	1
orf06947	PA5217	Probable binding protein component of ABC iron transporter PA5217	1002	5735066	5734065	1
orf06949	ubiI	2-octaprenylphenol hydroxylase	1278	5736408	5735131	1
orf06953	ubiH	2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase	798	5737245	5738042	1
orf06954	ubiH	2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase	363	5737256	5736894	-1
orf06955	pepP	Xaa-Pro aminopeptidase	1335	5739424	5738090	1
orf06957	PputGB1_5261	UPF0149 protein PputGB1_5261	555	5740000	5739446	1
orf06960	zapA	Cell division protein ZapA	225	5740361	5740585	1
orf06966	Thyn1	Thymocyte nuclear protein 1	5952	5741921	5747872	1
orf06969	v1g238856	Quinone oxidoreductase-like protein 2 homolog	1515	5748164	5749678	1
orf06970	ascD	CDP-6-deoxy-L-threo-D-glycero-4-hexulose-3-dehydrase reductase	1350	5749790	5751139	1
orf06971	ubiD	3-octaprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase	1467	5752587	5751121	-1
orf06974	rho	Transcription termination factor Rho	1260	5754048	5752789	1
orf06976	trxA	Thioredoxin	330	5754708	5754379	1
orf06978	ppx	Exopolyphosphatase	1767	5754707	5756473	1
orf06979	ppk	Polyphosphate kinase	2241	5758700	5756460	1
orf06981	agmo	Alkylglycerol monooxygenase	2451	5758737	5761187	1
orf06982	elbB	Enhancing lycopene biosynthesis protein 2	600	5761150	5761749	-1
orf06985	cyaA	Adenylyate cyclase	4485	5761900	5766384	1
orf06989	lysA	Diaminopimelate decarboxylase	1248	5766883	5768130	1
orf06991	dapF	Diaminopimelate epimerase	831	5768135	5768965	1
orf06993	yigA	Uncharacterized protein YigA	711	5768979	5769689	1
orf06995	xerC	Tyrosine recombinase XerC	888	5769701	5770588	1
orf06996	yigB	Flavin mononucleotide phosphatase YigB	696	5770585	5771280	1
orf07001	amtB	Ammonia channel	1332	5773558	5772227	1
orf07003	glnB	Nitrogen regulatory protein P-II	339	5773943	5773605	1
orf07008	yifB	Uncharacterized protein YifB	11685	5774207	5785891	1
orf07011	kefB	Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB	1443	5785857	5787299	1
orf07012	kefB	Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB	1650	5787293	5788942	1
orf07013	ycaC	Uncharacterized protein YcaC	681	5788914	5789594	1
orf07014	HL_1364	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator HL_1364	912	5789653	5790564	-1
orf07024	-	Arylesterase	843	5796833	5795991	1
orf07028	ycaC	Uncharacterized protein YcaC	1953	5797089	5799041	1
orf07030	ordL	Probable oxidoreductase OrdL	2244	5799044	5801287	-3
orf07032	alh-9	Putative aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 homolog	1491	5802732	5801242	-1
orf07033	gcvA	Glycine cleavage system transcriptional activator	1116	5802845	5803960	1
orf07034	ydcJ	Uncharacterized protein YdcJ	1395	5803963	5805357	1
orf07036	blaA	HTH-type transcriptional regulator BlaA	1044	5805324	5806367	1
orf07038	norM	Probable multidrug resistance protein NorM	1662	5806554	5808215	-1
orf07039	AZC_3085	Uncharacterized protein AZC_3085	315	5808218	5808532	1
orf07042	rep	ATP-dependent DNA helicase Rep	2010	5809965	5811974	-2
orf07044	xpt	Xanthine phosphoribosyltransferase	573	5812039	5812611	1
orf07049	-	Cytochrome c5	681	5814768	5815448	1
orf07051	puuR	HTH-type transcriptional regulator PuuR	549	5815968	5815420	-1
orf07054	alr	Alanine racemase	1074	5817152	5816079	1
orf07055	dadA	D-amino acid dehydrogenase	1239	5817464	5818702	1
orf07056	lrp	Leucine-responsive regulatory protein	597	5818653	5819249	-1
orf07058	puuB	Gamma-glutamylputrescine oxidoreductase	1443	5819587	5821029	1
orf07061	yjiR	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator YjiR	1650	5821583	5823232	1
orf07063	clsC	Cardiolipin synthase C	1419	5823351	5824769	1
orf07068	puuC	Aldehyde dehydrogenase PuuC	1494	5827446	5825953	1
orf07073	rpmG	50S ribosomal protein L33	156	5828330	5828175	1
orf07074	rpmB	50S ribosomal protein L28	237	5828577	5828341	1
orf07077	hbpA	Heme-binding protein A	114	5829159	5829272	1
orf07078	dppA	Periplasmic dipeptide transport protein	1458	5829288	5830745	1
orf07079	PputGB1_5335	UPF0758 protein PputGB1_5335	708	5830700	5831407	1
orf07081	coaBC	Coenzyme A biosynthesis bifunctional protein CoaBC	1281	5831425	5832705	-1
orf07082	dut	Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase	456	5832711	5833166	1
orf07083	algC	Phosphomannomutase/phosphoglucosylase	1416	5833265	5834680	1
orf07084	argB	Acetylglutamate kinase	1134	5834711	5835844	1
orf07086	exoA	Exodeoxyribonuclease	918	5836514	5837431	1
orf07090	rph	Ribonuclease PH	723	5838538	5837816	1
orf07091	HL_0467	UPF0701 protein HL_0467	915	5838718	5839632	1
orf07094	gmk	Guanylate kinase	861	5839646	5840506	1
orf07097	puuD	Gamma-glutamyl-gamma-aminobutyrate hydrolase	753	5842709	5841957	1
orf07100	puuA	Gamma-glutamylputrescine synthetase PuuA	1383	5844117	5842735	1
orf07101	rpoZ	DNA-directed RNA polymerase subunit omega	264	5845463	5845726	1
orf07103	spoT	Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase	2109	5845786	5847894	1
orf07104	-	RutC family protein in vnfA 5'region	381	5847918	5848298	1

orf07111	exbB	Biopolymer transport protein ExbB	975	5850270	5851244	1
orf07114	exbD	Biopolymer transport protein ExbD	429	5851248	5851676	1
orf07117	tonB	Protein TonB	831	5851273	5852503	1
orf07118	oxyR	Hydrogen peroxide-inducible genes activator	927	5852500	5853426	1
orf07121	recG	ATP-dependent DNA helicase RecG	1308	5854259	5855566	1
orf07123	TP_0073	Uncharacterized protein TP_0073	1923	5855588	5857510	1
orf07125	alkT	Rubredoxin-NAD(+) reductase	1017	5859143	5858127	1
orf07129	rubA1	Rubredoxin-1	168	5859461	5859294	1
orf07130	ubiC	Probable chorismate pyruvate-lyase	558	5859689	5860246	1
orf07131	ubiA	4-hydroxybenzoate octaprenyltransferase	891	5860246	5861136	1
orf07134	phoB	Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB	690	5868413	5862491	1
orf07136	phoR	Phosphate regulon sensor protein PhoR	1536	5862540	5864075	1
orf07137	yugS	UPF0053 protein YugS	1290	5864072	5865361	1
orf07139	cheY	Chemotaxis protein CheY homolog	2136	5865358	5867493	1
orf07143	phoU	Phosphate-specific transport system accessory protein PhoU homolog	771	5868413	5867643	-1
orf07145	pstB2	Phosphate import ATP-binding protein PstB 2	846	5869427	5868582	1
orf07147	pstA	Phosphate transport system permease protein PstA	1671	5871158	5869488	1
orf07149	yqgH	Probable ABC transporter permease protein YqgH	2295	5873470	5871176	1
orf07151	pstS	Phosphate-binding protein PstS	999	5874602	5873604	1
orf07153	proP	Proline/betaine transporter	1353	5874695	5876047	1
orf07157	HI_0827	Uncharacterized acyl-CoA thioester hydrolase HI_0827	399	5876480	5876878	-1
orf07160	yeaD	Putative glucose-6-phosphate 1-epimerase	1149	5876900	5878048	1
orf07164	purK	N5-carboxyaminoimidazole ribonucleotide synthase	1083	5879979	5878897	1
orf07168	purE	N5-carboxyaminoimidazole ribonucleotide mutase	468	5880459	5879992	1
orf07169	yjiE	HTH-type transcriptional regulator YjiE	1944	5880434	5882377	1
orf07170	aspA	Aspartate ammonia-lyase	1425	5882475	5883899	-1
orf07173	oruR	Ornithine utilization regulator	1152	5884157	5885308	1
orf07174	aphA	Acetylpolyamine aminohydrolase	1044	5885311	5886354	1
orf07179	paiB	Protease synthase and sporulation protein PAI 2	630	5889123	5889752	1
orf07180	HPA2	Histone acetyltransferase HPA2	588	5889926	5890513	1
orf07183	YIR042C	Uncharacterized protein YIR042C	537	5890514	5891050	1
orf07185	pycB	Pyruvate carboxylase subunit B	1809	5892883	5891075	1
orf07187	cfiB	2-oxoglutarate carboxylase small subunit	1554	5894448	5892895	1
orf07188	cmpR	HTH-type transcriptional activator CmpR	963	5894500	5895462	1
orf07191	hexR	HTH-type transcriptional regulator HexR	189	5896025	5895837	1
orf07193	zwf	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase	2001	5896792	5898792	1
orf07194	uvrD	DNA helicase II	819	5898782	5899600	1
orf07195	uvrR	DNA helicase II	1245	5899725	5900969	1
orf07200	ybaL	Inner membrane protein YbaL	1974	5904756	5902783	1
orf07201	vdID	Protein VdID	564	5904888	5905451	1
orf07202	pdxY	Pyridoxamine kinase	492	5905500	5905991	1
orf07210	yeiR	Uncharacterized protein YeiR	1050	5907423	5908472	-2
orf07214	yciC	Putative metal chaperone YciC	1431	5908769	5910199	-1
orf07215	folE2	GTP cyclohydrolase FolE2	876	5910201	5911076	-1
orf07217	clsA	Cardiolipin synthase A	1440	5911350	5912789	1
orf07218	-	Probable fatty acid methyltransferase	624	5913135	5913758	1
orf07220	-	Probable fatty acid methyltransferase	213	5913969	5914181	-1
orf07222	lpd3	Dihydrolipoyl dehydrogenase 3	1095	5914252	5915346	-1
orf07223	lpd3	Dihydrolipoyl dehydrogenase 3	417	5915309	5915725	2
orf07229	gap3	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3	1005	5918578	5917574	1
orf07232	arsH	NADPH-dependent FMN reductase ArsH	717	5919843	5919127	1
orf07234	arsB	Arsenite resistance protein ArsB	1062	5920908	5919847	1
orf07235	arsC	Protein ArsC	525	5921451	5920927	1
orf07236	arsR	Arsenical resistance operon repressor	357	5921773	5921417	1
orf07238	arsC	Protein ArsC	531	5922312	5921782	1
orf07239	MJ1325	Uncharacterized HTH-type transcriptional regulator MJ1325	339	5922311	5922649	1
orf07240	GK0582	Uncharacterized oxidoreductase CzcO-like	543	5922692	5923234	1
orf07243	eptA	Phosphoethanolamine transferase EptA	1704	5925147	5923444	1
orf07247	czcD	Cation efflux system protein CzcD	906	5926034	5926939	1
orf07249	tnpA	Transposase for transposon Tn501	2955	5930019	5927065	1
orf07250	tnpR	Transposon Tn501 resolvase	561	5930595	5930035	1
orf07252	merE	Uncharacterized mercuric resistance protein MerE	237	5931992	5931756	1
orf07253	PA1727	Uncharacterized signaling protein PA1727	990	5931759	5930770	1
orf07254	merD	HTH-type transcriptional regulator MerD	366	5932354	5931989	1
orf07256	merA	Mercuric reductase	1686	5934057	5932372	1
orf07258	merP	Mercuric transport protein periplasmic component	276	5934404	5934129	1
orf07260	merT	Mercuric transport protein	417	5934833	5934417	1
orf07262	merR	Mercuric resistance operon regulatory protein	435	5934839	5935273	1
orf07268	czcR	Transcriptional activator protein CzcR	675	5936864	5937538	1
orf07270	irlS	Sensor protein IrlS	1419	5937535	5938953	1
orf07284	czcA	Cation efflux system protein CzcA	3162	5944671	5941510	1
orf07287	czcB	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcB	1281	5945976	5944696	1
orf07289	czcC	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcC	1293	5947338	5946046	1
orf07291	oprD	Porin D	1344	5947719	5949062	1
orf07294	czcR	Transcriptional activator protein CzcR	675	5949553	5950227	1
orf07305	yhjQ	Uncharacterized cysteine-rich protein YhjQ	333	5951878	5951546	1
orf07307	cusF	Cation efflux system protein CusF	354	5952386	5952033	1

orf07308	cusA	Cation efflux system protein CusA	3159	5955541	5952383	1
orf07309	silB	Putative membrane fusion protein SilB	1464	5957001	5955538	1
orf07313	copS	Sensor protein CopS	1410	5960128	5958719	1
orf07314	copR	Transcriptional activator protein CopR	666	5960790	5960125	1
orf07318	copA	Copper resistance protein A	2010	5961356	5963365	1
orf07320	copB	Copper resistance protein B	366	5963362	5963727	1
orf07322	copB	Copper resistance protein B	1146	5963687	5964832	1
orf07337	tnsD	Transposon Tn7 transposition protein TnsD	1479	5969995	5968517	1
orf07340	tnsC	Transposon Tn7 transposition protein TnsC	1440	5971459	5970020	1
orf07343	tnsB	Transposon Tn7 transposition protein TnsB	2169	5973633	5971465	1
orf07345	tnsA	Transposon Tn7 transposition protein TnsA	891	5974516	5973626	1
orf07348	glmS	Glutamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing]	1836	5976628	5974793	1
orf07349	srlR	Glucitol operon repressor	816	5977448	5976633	1
orf07352	glmU	Bifunctional protein GlmU	1110	5978006	5979115	1
orf07353	atpC	ATP synthase epsilon chain	414	5979620	5979207	-1
orf07355	atpD	ATP synthase subunit beta	1377	5981047	5979671	1
orf07356	atpG	ATP synthase gamma chain	861	5981935	5981075	1
orf07358	atpA	ATP synthase subunit alpha	1545	5983528	5981984	1
orf07360	atpH	ATP synthase subunit delta	537	5984086	5983550	1
orf07361	atpF	ATP synthase subunit b	471	5984569	5984099	1
orf07364	atpE	ATP synthase subunit c	258	5984884	5984627	1
orf07365	atpB	ATP synthase subunit a	870	5985899	5985030	1
p	atpI	ATP synthase protein I	333	5986248	5985916	1

---

## ANEXO 4

*Gene Ontology* relacionadas aos Processos Biológicos – Petróleo e Glicerol

Biological Function - Glycerol	Protein	Biological Function - Petroleum	Protein
oxidation-reduction process	463	oxidation-reduction process	332
translation	255	translation	227
metabolic process	245	metabolic process	215
carbohydrate metabolic process	69	cellular amino acid metabolic process	43
glycolytic process	64	glycolytic process	42
protein folding	50	transcription, DNA-templated	40
response to oxidative stress	47	protein folding	37
cellular amino acid metabolic process	47	polyamine transport	37
transcription, DNA-templated	40	response to oxidative stress	33
proteolysis	39	carbohydrate metabolic process	23
tRNA aminoacylation for protein translation	37	proteolysis	22
gluconeogenesis	29	translational elongation	20
histidine biosynthetic process	26	regulation of transcription, DNA-templated	19
polyamine transport	26	tricarboxylic acid cycle	19
regulation of transcription, DNA-templated	26	nitrogen compound metabolic process	19
nitrogen compound metabolic process	22	DNA replication	18
cellular iron ion homeostasis	22	lysine biosynthetic process via diaminopimelate	18
translational elongation	20	histidine biosynthetic process	17
iron ion transport	19	cell redox homeostasis	13
DNA replication	18	tRNA aminoacylation for protein translation	13
lysine biosynthetic process via diaminopimelate	18	biosynthetic process	13
cell redox homeostasis	18	porphyrin-containing compound biosynthetic process	13
tricarboxylic acid cycle	18	arginine metabolic process	13
purine nucleotide biosynthetic process	16	amino acid transport	12
arginine metabolic process	15	signal transduction	12
iron-sulfur cluster assembly	15	DNA topological change	12
'de novo' IMP biosynthetic process	13	ATP synthesis coupled proton transport	12
porphyrin-containing compound biosynthetic process	13	cellular iron ion homeostasis	12
glutathione metabolic process	13	tetrapyrrole biosynthetic process	11
arginyl-tRNA aminoacylation	13	superoxide metabolic process	11
DNA topological change	12	S-adenosylmethionine biosynthetic process	11
ATP synthesis coupled proton transport	12	'de novo' IMP biosynthetic process	11
amino acid transport	12	transport	11
transport	11	carboxylic acid metabolic process	11
protein transport	11	phenylalanyl-tRNA aminoacylation	11
superoxide metabolic process	11	translational initiation	11
signal transduction	11	alanine metabolic process	11
tetrapyrrole biosynthetic process	11	'de novo' pyrimidine nucleobase biosynthetic process	10
S-adenosylmethionine biosynthetic process	11	nucleobase-containing compound metabolic process	10
alanine metabolic process	11	iron ion transport	10
phenylalanyl-tRNA aminoacylation	11	regulation of nitrogen utilization	10
carboxylic acid metabolic process	11	protein peptidyl-prolyl isomerization	10
riboflavin biosynthetic process	10	gluconeogenesis	9
phosphorelay signal transduction system	10	arginine catabolic process	9
protein peptidyl-prolyl isomerization	10	purine nucleotide biosynthetic process	8
'de novo' pyrimidine nucleobase biosynthetic process	10	UTP biosynthetic process	8
glycyl-tRNA aminoacylation	10	nucleoside diphosphate phosphorylation	8
regulation of nitrogen utilization	10	GTP biosynthetic process	8
nucleobase-containing compound metabolic process	10	protein transport	8
purine nucleobase biosynthetic process	9	CTP biosynthetic process	8
arginine catabolic process	9	fatty acid biosynthetic process	7
arginine biosynthetic process	9	one-carbon metabolic process	7
tRNA aminoacylation	9	barrier septum assembly	7
leucyl-tRNA aminoacylation	9	protein refolding	7
UTP biosynthetic process	8	leucine biosynthetic process	7
proline biosynthetic process	8	mRNA catabolic process	7
methionyl-tRNA aminoacylation	8	nucleoside metabolic process	6
aromatic amino acid family metabolic process	8	aromatic amino acid family metabolic process	6
translational initiation	8	glucose catabolic process	6
nucleoside diphosphate phosphorylation	8	chemotaxis	6
GTP biosynthetic process	8	phosphorylation	6
CTP biosynthetic process	8	purine nucleobase biosynthetic process	6
protein refolding	7	isoleucyl-tRNA aminoacylation	6
fatty acid biosynthetic process	7	glyoxylate cycle	6
leucine biosynthetic process	7	regulation of DNA-templated transcription, elongation	5
pyridoxine biosynthetic process	7	arginine biosynthetic process	5
lysyl-tRNA aminoacylation	7	transmembrane transport	5
one-carbon metabolic process	7	lipid A biosynthetic process	5

tRNA processing	7	tRNA processing	5
threonyl-tRNA aminoacylation	7	riboflavin biosynthetic process	5
protein metabolic process	7	phosphate-containing compound metabolic process	5
nucleoside metabolic process	7	RNA processing	4
phosphorylation	6	propionate catabolic process, 2-methylcitrate cycle	4
biosynthetic process	6	proton transport	4
coenzyme A biosynthetic process	6	polyamine biosynthetic process	4
phosphatidylinositol phosphorylation	6	ATP metabolic process	4
glucose catabolic process	6	regulation of carbohydrate metabolic process	4
isoleucyl-tRNA aminoacylation	6	primary metabolic process	4
pyrimidine nucleotide biosynthetic process	6	GMP biosynthetic process	4
transmembrane transport	6	tetrahydrobiopterin biosynthetic process	4
organic substance metabolic process	6	glycine metabolic process	4
glutamine biosynthetic process	5	cellular amino acid biosynthetic process	4
translational termination	5	metal ion transport	4
phosphate-containing compound metabolic process	5	pantothenate biosynthetic process	4
metal ion transport	5	response to stress	4
branched-chain amino acid biosynthetic process	5	ATP hydrolysis coupled proton transport	4
lipid metabolic process	5	alanyl-tRNA aminoacylation	3
response to stress	5	L-phenylalanine catabolic process	3
regulation of DNA-templated transcription, elongation	5	pyrimidine nucleobase biosynthetic process	3
lipid A biosynthetic process	5	glutamine biosynthetic process	3
pteridine-containing compound metabolic process	5	L-serine biosynthetic process	3
chemotaxis	4	regulation of DNA-templated transcription, termination	3
proton transport	4	fatty acid metabolic process	3
propionate catabolic process, 2-methylcitrate cycle	4	DNA-templated transcription, termination	3
polyamine biosynthetic process	4	pyrimidine nucleotide biosynthetic process	3
pentose-phosphate shunt	4	glycine catabolic process	3
GMP biosynthetic process	4	pentose-phosphate shunt	3
ATP hydrolysis coupled proton transport	4	putrescine biosynthetic process	3
primary metabolic process	4	branched-chain amino acid biosynthetic process	3
cellular amino acid biosynthetic process	4	cysteine biosynthetic process from serine	3
RNA modification	4	pentose-phosphate shunt, non-oxidative branch	3
L-phenylalanine catabolic process	4	methionine biosynthetic process	2
ATP metabolic process	4	fatty acid catabolic process	2
tetrahydrobiopterin biosynthetic process	4	L-serine metabolic process	2
pseudouridine synthesis	4	iron-sulfur cluster assembly	2
glycerol ether metabolic process	3	lipopolysaccharide transport	2
glycine catabolic process	3	cell cycle	2
regulation of DNA-templated transcription, termination	3	pyruvate metabolic process	2
glycogen biosynthetic process	3	choline transport	2
pentose-phosphate shunt, non-oxidative branch	3	tRNA aminoacylation	2
cell adhesion	3	fumarate metabolic process	2
glyoxylate cycle	3	lipoprotein transport	2
fatty acid metabolic process	3	molybdate ion transport	2
alanyl-tRNA aminoacylation	3	isoleucine biosynthetic process	2
ATP synthesis coupled electron transport	3	branched-chain amino acid metabolic process	2
mRNA catabolic process	3	protein metabolic process	2
glutathione biosynthetic process	3	glutamine metabolic process	2
DNA-templated transcription, termination	3	cellular amino acid catabolic process	2
glycine metabolic process	3	gamma-aminobutyric acid catabolic process	2
methionine biosynthetic process	3	glycerol ether metabolic process	2
L-serine biosynthetic process	3	carbon utilization	2
RNA processing	3	histidine catabolic process	2
cysteine biosynthetic process from serine	3	glycine decarboxylation via glycine cleavage system	2
deoxyribonucleoside diphosphate metabolic process	2	NAD biosynthetic process	2
glutamine metabolic process	2	glycerol-3-phosphate metabolic process	2
gamma-aminobutyric acid catabolic process	2	tyrosine metabolic process	2
glycerol-3-phosphate metabolic process	2	malate metabolic process	2
fumarate metabolic process	2	acetyl-CoA biosynthetic process from acetate	2
molybdate ion transport	2	AMP salvage	2
carbon utilization	2	peptide biosynthetic process	2
arginine biosynthetic process via ornithine	2	arginine biosynthetic process via ornithine	2
DNA repair	2	histidine catabolic process to glutamate and formamide	2
NAD biosynthetic process	2	threonine biosynthetic process	2
branched-chain amino acid metabolic process	2	polysaccharide transport	1
thiamine biosynthetic process	2	aspartate metabolic process	1
[2Fe-2S] cluster assembly	2	response to heat	1
protein import	2	glycogen catabolic process	1
fatty acid catabolic process	2	guanine catabolic process	1
ubiquinone biosynthetic process	2	maintenance of stationary phase	1
choline transport	2	homocysteine biosynthetic process	1
tyrosine biosynthetic process	2	sulfate transport	1
acetyl-CoA biosynthetic process from acetate	2	ribosome biogenesis	1
malate metabolic process	2	protein processing	1
histidine catabolic process	2	glutathione metabolic process	1
threonine biosynthetic process	2	nitrogen fixation	1

histidine catabolic process to glutamate and formamide	2	transcription antitermination	1
tyrosine metabolic process	2	UDP-glucose metabolic process	1
negative regulation of transcription, DNA-templated	2	cell division	1
ribosomal small subunit biogenesis	2	DNA metabolic process	1
isoleucine biosynthetic process	2	removal of superoxide radicals	1
glycine betaine biosynthetic process from choline	2	ornithine metabolic process	1
lipoprotein transport	2	gamma-aminobutyric acid metabolic process	1
aromatic amino acid family biosynthetic process	2	protein stabilization	1
peptide biosynthetic process	2	asparagine metabolic process	1
AMP salvage	2	mercury ion transport	1
pyruvate metabolic process	2	biofilm formation	1
aspartate metabolic process	1	tyrosine catabolic process	1
		Gram-negative-bacterium-type cell outer membrane assembly	1
polysaccharide transport	1	regulation of cell shape	1
L-serine metabolic process	1	regulation of RNA metabolic process	1
asparagine metabolic process	1	response to mercury ion	1
UDP-glucose metabolic process	1	glutamate biosynthetic process	1
electron transport chain	1	chaperone mediated protein folding requiring cofactor	1
response to mercury ion	1		
biofilm formation	1		
glucose metabolic process	1		
tyrosine catabolic process	1		
removal of superoxide radicals	1		
glycogen catabolic process	1		
mercury ion transport	1		
ornithine metabolic process	1		
folic acid-containing compound biosynthetic process	1		
glutamate catabolic process to 2-oxoglutarate	1		
glycine decarboxylation via glycine cleavage system	1		
gamma-aminobutyric acid metabolic process	1		
DNA metabolic process	1		
Gram-negative-bacterium-type cell outer membrane assembly	1		
transcription antitermination	1		
protein processing	1		
regulation of RNA metabolic process	1		
adenine catabolic process	1		
chaperone mediated protein folding requiring cofactor	1		
sulfate transport	1		
methionine metabolic process	1		
response to heat	1		
ribosome biogenesis	1		
tryptophan metabolic process	1		
protein stabilization	1		
Entner-Doudoroff pathway through 6-phosphogluconate	1		
glutamyl-tRNA aminoacylation	1		
cellular metabolic process	1		
peptidoglycan metabolic process	1		
maintenance of stationary phase	1		
homocysteine biosynthetic process	1		
guanine catabolic process	1		
generation of precursor metabolites and energy	1		
glutamate biosynthetic process	1		
nitrogen fixation	1		
shikimate metabolic process	1		

---

## ANEXO 5

## Domínios Identificados – Pfam - Petróleo e Glicerol

Domain- Glycerol	Protein	Domain- Petroleum	Protein
Aldehyde dehydrogenase family	11	S1 RNA binding domain	9
Bacterial extracellular solute-binding proteins, family 3	9	Aldehyde dehydrogenase family	9
S1 RNA binding domain	8	Bacterial extracellular solute-binding proteins, family 3	8
Bacterial extracellular solute-binding protein	6	Bacterial extracellular solute-binding protein	6
DNA gyrase C-terminal domain, beta-propeller	6	DNA gyrase C-terminal domain, beta-propeller	6
Aminotransferase class-III	6	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase	5
Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase	6	Aconitase family (aconitate hydratase)	5
OmpA family	5	Amidohydrolase family	5
Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, dimerisation domain	5	Elongation factor Tu GTP binding domain	5
Alcohol dehydrogenase GroES-like domain	4	OmpA family	5
Bacterial extracellular solute-binding proteins, family 5 Middle	4	Substrate binding domain of ABC-type glycine betaine transport system	4
Biotin-requiring enzyme	4	Elongation factor Tu domain 2	4
Aconitase family (aconitate hydratase)	4	Bacterial extracellular solute-binding proteins, family 5 Middle	4
Elongation factor Tu GTP binding domain	4	Pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase, dimerisation domain	4
Zinc-binding dehydrogenase	4	Biotin-requiring enzyme	4
WD40-like Beta Propeller Repeat	4	Aminotransferase class-III	4
Elongation factor Tu domain 2	4	outer membrane porin, OprD family	3
Substrate binding domain of ABC-type glycine betaine transport system	4	'Cold-shock' DNA-binding domain	3
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	4	Zinc-binding dehydrogenase	3
3' exoribonuclease family, domain 2	3	Transketolase, thiamine diphosphate binding domain	3
Glutamine amidotransferase class-I	3	Lyase	3
Bacterial extracellular solute-binding protein	3	Enoyl-CoA hydratase/isomerase	3
Phosphoenolpyruvate phosphomutase	3	Phosphoenolpyruvate phosphomutase	3
Enoyl-CoA hydratase/isomerase	3	Alcohol dehydrogenase GroES-like domain	3
AhpC/TSA family	3	Aconitase C-terminal domain	3
Amidase	3	Bacterial extracellular solute-binding protein	3
Ferritin-like domain	3	NAD synthase	2
Thiolase, C-terminal domain	3	Pyridoxal-dependent decarboxylase, pyridoxal binding domain	2
AIR synthase related protein, C-terminal domain	3	Clp amino terminal domain, pathogenicity island component	2
tRNA synthetases class I (I, L, M and V)	3	Thiolase, C-terminal domain	2
C-terminal domain of 1-Cys peroxiredoxin	3	Ribosomal protein L6	2
Transketolase, thiamine diphosphate binding domain	3	Pyridoxal-phosphate dependent enzyme	2
Amidohydrolase family	3	Cyclophilin type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase/CLD	2
Aconitase C-terminal domain	3	3' exoribonuclease family, domain 2	2
Pyridoxal-dependent decarboxylase, C-terminal sheet domain	3	CoA-ligase	2
Molybdopterine-binding domain of aldehyde dehydrogenase	3	Domain of unknown function (DUF4398)	2
3' exoribonuclease family, domain 1	3	Malic enzyme, N-terminal domain	2
Thiolase, N-terminal domain	3	C-terminal domain of 1-Cys peroxiredoxin	2
'Cold-shock' DNA-binding domain	3	Elongation factor G, domain IV	2
Amino acid kinase family	3	Periplasmic binding protein	2
Alpha amylase, catalytic domain	3	Aconitate hydratase 2 N-terminus	2
Putative modulator of DNA gyrase	3	Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal domain	2
PDZ domain	3	ATP cone domain	2
Lyase	3	Transketolase, pyrimidine binding domain	2
Transcriptional regulatory protein, C terminal	2	Semialdehyde dehydrogenase, NAD binding domain	2
Phosphoglucomutase/phosphomannomutase, C-terminal domain	2	Fumarase C C-terminus	2
Catalase-related immune-responsive	2	Glycine cleavage H-protein	2
Ribosomal protein L6	2	ATP synthase alpha/beta family, nucleotide-binding domain	2
Malic enzyme, N-terminal domain	2	Malate synthase	2
Isocitrate lyase family	2	Elongation Factor G, domain II	2
DJ-1/PfpI family	2	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	2
Periplasmic binding protein	2	NADH:flavin oxidoreductase / NADH oxidase family	2
Citrate synthase	2	Amino acid kinase family	2
Uncharacterised protein family (UPF0149)	2	KOW motif	2
Domain of unknown function (DUF4398)	2	Peroxidase	2
ATP synthase alpha/beta family, nucleotide-binding domain	2	AhpC/TSA family	2
Clp amino terminal domain, pathogenicity island component	2	ATP synthase alpha/beta family, beta-barrel domain	2
NAD binding domain of 6-phosphogluconate dehydrogenase	2	Thiolase, N-terminal domain	2
KOW motif	2	Bacterial extracellular solute-binding protein	2
Carbohydrate-binding module 48 (Isoamylase N-terminal domain)	2	2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase (catalytic domain)	2
short chain dehydrogenase	2	Glutamine amidotransferase class-I	2
ATP synthase alpha/beta chain, C terminal domain	2	Isocitrate lyase family	2
Bacterial extracellular solute-binding protein	2	Serine hydroxymethyltransferase	2
Domain amino terminal to FKBP-type peptidyl-prolyl isomerase	2	ATP synthase alpha/beta chain, C terminal domain	2



Glutathione peroxidase	2	AIR synthase related protein, C-terminal domain	2
Semialdehyde dehydrogenase, NAD binding domain	2	3' exoribonuclease family, domain 1	2
Phosphoglucomutase/phosphomannomutase, alpha/beta/alpha domain I	2	Flavin containing amine oxidoreductase	2
2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase (catalytic domain)	2	short chain dehydrogenase	2
Cupin domain	2	Ferritin-like domain	2
AAA domain (Cdc48 subfamily)	2	Pyridoxal-dependent decarboxylase, C-terminal sheet domain	2
Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, Asp/Orn binding domain	2	Semialdehyde dehydrogenase, dimerisation domain	2
Fumarase C C-terminus	2	Carbamoyl-phosphate synthase L chain, ATP binding domain	2
Acyl-CoA dehydrogenase, C-terminal domain	2	Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, carbamoyl-P binding domain	2
CoA-ligase	2	Electron transfer flavoprotein domain	2
Peroxidase	2	Elongation factor Tu C-terminal domain	2
Pyridoxal-dependent decarboxylase, pyridoxal binding domain	2	Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, Asp/Orn binding domain	2
Bacterial DNA-binding protein	2	Acyl-CoA dehydrogenase, middle domain	2
Acyl-CoA dehydrogenase, middle domain	2	Acyl-CoA dehydrogenase, C-terminal domain	2
ATPase family associated with various cellular activities (AAA)	2	Bacterial DNA-binding protein	2
RNA polymerase Rpb2, domain 2	2	Aconitate B N-terminal domain	2
Anticodon-binding domain of tRNA	2	Elongation factor G C-terminus	2
SLBB domain	2	Cupin domain	2
Phosphoribosyl transferase domain	2	Secreted repeat of unknown function	2
Phosphoglucose isomerase	2	RNA polymerase Rpb1, domain 2	2
Threonyl and Alanyl tRNA synthetase second additional domain	2	e3 binding domain	2
Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase	2	RNA polymerase Rpb2, domain 2	2
Flavin containing amine oxidoreductase	2	NLPA lipoprotein	2
NAD synthase	2	Glycine cleavage system P-protein	2
Carbamoyl-phosphate synthase L chain, ATP binding domain	2	Cytochrome c	2
Glutamine synthetase, catalytic domain	2	MlaC protein	1
Semialdehyde dehydrogenase, dimerisation domain	2	Zinc finger found in FPG and IleRS	1
Nitrite and sulphite reductase 4Fe-4S domain	2	Trans-2-enoyl-CoA reductase catalytic region	1
Aspartate/ornithine carbamoyltransferase, carbamoyl-P binding domain	2	LeuA allosteric (dimerisation) domain	1
Aminotransferase class-V	2	Phosphoenolpyruvate carboxykinase	1
ATP synthase alpha/beta family, beta-barrel domain	2	Metalloenzyme superfamily	1
Elongation factor Tu C-terminal domain	2	Phosphoglycerate kinase	1
Dehydratase family	2	ATP synthase	1
Elongation factor G, domain IV	2	PrkA serine protein kinase C-terminal domain	1
Acyl-CoA dehydrogenase, N-terminal domain	2	Hydroxyphenylpyruvate dioxygenase, HPPD, N-terminal	1
Cytochrome c	2	Dihydrodipicolinate synthetase family	1
Electron transfer flavoprotein domain	2	PEP-utilising enzyme, TIM barrel domain	1
e3 binding domain	2	RNA polymerase Rpb1, domain 4	1
Putative tRNA binding domain	2	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, NAD binding domain	1
Peptidase family S41	2	AAA domain (Cdc48 subfamily)	1
Phage tail sheath protein	2	Osta-like protein	1
Elongation factor G C-terminus	2	BON domain	1
NADH:flavin oxidoreductase / NADH oxidase family	2	Amidinotransferase	1
Pyridoxal-phosphate dependent enzyme	2	GMC oxidoreductase	1
Elongation Factor G, domain II	2	Protein of unknown function VcgC/VcgE (DUF2780)	1
Phosphoglucomutase/phosphomannomutase, alpha/beta/alpha domain III	2	YceI-like domain	1
RNA polymerase Rpb1, domain 2	2	Endoribonuclease L-PSP	1
Nitrite/Sulfite reductase ferredoxin-like half domain	2	Carbohydrate-binding module 48 (Isoamylase N-terminal domain)	1
outer membrane porin, OprD family	2	Lipid A 3-O-deacetylase (PagL)	1
alpha/beta hydrolase fold	2	Cytochrome C1 family	1
Cyclophilin type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase/CLD	2	Ribosomal protein L17	1
Rhodanese-like domain	2	Aminotransferase class-V	1
Glycine zipper 2TM domain	2	Ribosomal protein S12/S23	1
OB-fold nucleic acid binding domain	2	TolA binding protein trimerisation	1
Transketolase, pyrimidine binding domain	2	Ribonuclease E/G family	1
ATP cone domain	2	Ribosomal protein L23	1
MGS-like domain	2	Enoyl reductase FAD binding domain	1
Response regulator receiver domain	2	Periplasmic binding protein domain	1
Thioredoxin	2	Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA	1
Phosphoglucomutase/phosphomannomutase, alpha/beta/alpha domain II	2	2-oxoglutarate dehydrogenase N-terminus	1
tRNA synthetases class I (M)	2	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily	1
NLPA lipoprotein	2	OB-fold nucleic acid binding domain	1
tRNA synthetases class II (D, K and N)	2	Carbamoyl-phosphate synthase small chain, CPSase domain	1
Glycine cleavage system P-protein	2	Methyl-accepting chemotaxis protein (MCP) signalling domain	1
Secreted repeat of unknown function	2	S-adenosylmethionine synthetase, central domain	1
Catalase	2	Ribosomal protein S5, N-terminal domain	1
LysM domain	2	Inorganic pyrophosphatase	1

RNA polymerase Rpb2, domain 6	1	Argininosuccinate lyase C-terminal	1
Histidyl-tRNA synthetase	1	DNA polymerase III beta subunit, C-terminal domain	1
Ribosomal protein S16	1	Ribosomal protein TL5, C-terminal domain	1
Thiazole biosynthesis protein ThiG	1	HAMP domain	1
Glutamate-cysteine ligase	1	NusA N-terminal domain	1
AMP-binding enzyme	1	Transaldolase	1
PrkA AAA domain	1	Phosphopantetheine attachment site	1
Oxidoreductase FAD-binding domain	1	PPIC-type PPIASE domain	1
Serine hydroxymethyltransferase	1	NusA-like KH domain	1
Saccharopine dehydrogenase C-terminal domain	1	AMP-binding enzyme C-terminal domain	1
Glycyl-tRNA synthetase alpha subunit	1	Dihydrodipicolinate reductase, N-terminus	1
Bacterial trigger factor protein (TF)	1	GAD domain	1
Glutamine amidotransferases class-II	1	Putative quorum-sensing-regulated virulence factor	1
Translation initiation factor IF-3, N-terminal domain	1	S4 domain	1
Glycosyl hydrolase family 3 C-terminal domain	1	Mur ligase family, glutamate ligase domain	1
Ribosomal protein L20	1	Ribosomal L18p/L5e family	1
Ribosomal protein L23	1	Protein of unknown function (DUF493)	1
Ribosomal protein S4/S9 N-terminal domain	1	Pyruvate kinase, alpha/beta domain	1
Alanine racemase, N-terminal domain	1	DNA gyrase/topoisomerase IV, subunit A	1
FAD binding domain	1	Elongation factor P, C-terminal	1
Ribosomal protein S19	1	Protein of unknown function (DUF3359)	1
Methyltransferase domain	1	Mur ligase middle domain	1
PDZ domain (Also known as DHR or GLGF)	1	Polysaccharide biosynthesis/export protein	1
CoA binding domain	1	Alanine racemase, N-terminal domain	1
TCP-1/cpn60 chaperonin family	1	Protein of unknown function (DUF3108)	1
		Mandelate racemase / muconate lactonizing enzyme, N-terminal domain	1
TGS domain	1	Ribosomal protein L22p/L17e	1
Glu/Leu/Phe/Val dehydrogenase, dimerisation domain	1	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, NAD binding domain	1
Ribosomal protein L3	1	Ribosomal protein L7/L12 C-terminal domain	1
Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA	1	Threonyl and Alanyl tRNA synthetase second additional domain	1
		Citrate synthase	1
PrkA serine protein kinase C-terminal domain	1	Histidinol dehydrogenase	1
LeuA allosteric (dimerisation) domain	1	KDPG and KHG aldolase	1
NADH-ubiquinone oxidoreductase-F iron-sulfur binding region	1	Ribosomal protein L14p/L23e	1
Clp protease	1	Ribosomal protein L30p/L7e	1
AIR synthase related protein, N-terminal domain	1	Cys/Met metabolism PLP-dependent enzyme	1
Ribosomal protein L5	1	Ribosomal protein L13	1
2Fe-2S iron-sulfur cluster binding domain	1	ACT domain	1
Helical bimodular sensor domain	1	Phosphoribosylglycinamide synthetase, C domain	1
Dihydrodipicolinate synthetase family	1	4Fe-4S binding domain	1
Ribosomal protein S3, C-terminal domain	1	lactate/malate dehydrogenase, alpha/beta C-terminal domain	1
GMP synthase C terminal domain	1	Transcription termination factor nusG	1
Ribosomal protein S12/S23	1	Global regulator protein family	1
Bacterial RNA polymerase, alpha chain C terminal domain	1	Uncharacterized protein conserved in bacteria (DUF2345)	1
Elongation factor P, C-terminal	1	Ribosomal protein L1p/L10e family	1
ribosomal L5P family C-terminus	1	Ribosomal protein S9/S16	1
Pterin binding enzyme	1	Ribosomal protein S3, C-terminal domain	1
Glycosyl hydrolase family 3 N terminal domain	1	S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	1
DHHA1 domain	1	GAF domain	1
GAD domain	1	tRNA synthetase B5 domain	1
DNA polymerase III beta subunit, central domain	1	Dihydrodipicolinate reductase, C-terminus	1
RNA polymerase Rpb3/Rpb11 dimerisation domain	1	Porphyrinomonas-type peptidyl-arginine deiminase	1
Ribosomal protein S9/S16	1	Single-strand binding protein family	1
CheW-like domain	1	Acetyl-CoA dehydrogenase C-terminal like	1
Iron-sulphur cluster biosynthesis	1	Fumarylacetoacetase N-terminal	1
Fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase family	1	Ribosomal protein S10p/S20e	1
Helix-hairpin-helix domain	1	Ribosomal protein S21	1
Ribosomal protein S14p/S29e	1	FGGY family of carbohydrate kinases, N-terminal domain	1
Ribosomal protein L30p/L7e	1	Ribosomal Proteins L2, C-terminal domain	1
RNA polymerase Rpb1, domain 1	1	Thioredoxin	1
Cytosol aminopeptidase family, N-terminal domain	1	Cytidylate kinase	1
NADP oxidoreductase coenzyme F420-dependent	1	Oxidoreductase NAD-binding domain	1
Protein of unknown function (DUF520)	1	Fructose-bisphosphate aldolase class-II	1
Anti-sigma-28 factor, FlgM	1	tRNA synthetases class II (D, K and N)	1
PBP superfamily domain	1	ribosomal L5P family C-terminus	1
Luciferase-like monooxygenase	1	Ribosomal protein L10	1
Endonuclease/Exonuclease/phosphatase family	1	Glutamate/Leucine/Phenylalanine/Valine dehydrogenase	1
Pyruvate kinase, alpha/beta domain	1	Ribosomal protein L18e/L15	1
Thioesterase superfamily	1	ATP-grasp domain	1
Hsp33 protein	1	Phosphorylase superfamily	1
Protein of unknown function (DUF1311)	1	OsmC-like protein	1
Ribosomal protein S10p/S20e	1	Nucleotidyl transferase	1
Indole-3-glycerol phosphate synthase	1	Ribosomal L29 protein	1
Ribosomal prokaryotic L21 protein	1		
Aconitate B N-terminal domain	1		
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase, RNA binding domain	1	Ribosome recycling factor	1

Prolyl oligopeptidase family	1	Bacterial protein of unknown function (DUF903)	1
CobB/CobQ-like glutamine amidotransferase domain	1	RNA polymerase Rpb2, domain 6	1
Glutamine amidotransferase domain	1	NAD binding domain of 6-phosphogluconate dehydrogenase	1
Ribosomal protein L7/L12 C-terminal domain	1	Adenylate kinase	1
Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, NAD binding domain	1	Electron transfer flavoprotein FAD-binding domain	1
Alanine racemase, C-terminal domain	1	Carbonic anhydrase	1
NusA N-terminal domain	1	NusB family	1
Peptidase family M3	1	Helix-hairpin-helix domain	1
Isochorismatase family	1	Elongation factor P (EF-P) KOW-like domain	1
Aromatic amino acid lyase	1	Sigma 54 modulation protein / S30EA ribosomal protein	1
Carbamoyl-phosphate synthetase large chain, oligomerisation domain	1	Ribosomal protein L19	1
Ribosomal protein L22p/L17e	1	DHHA1 domain	1
HutD	1	RNA polymerase beta subunit	1
RNA polymerase Rpb3/RpoA insert domain	1	Aminotransferase class I and II	1
Glutamate synthase central domain	1	Ribosomal L25p family	1
Activator of Hsp90 ATPase homolog 1-like protein	1	KH domain	1
D-ala D-ala ligase C-terminus	1	6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase	1
EPSP synthase (3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase)	1	SLBB domain	1
Succinylarginine dihydrolase	1	Peptidase propeptide and YPEB domain	1
Enolase, C-terminal TIM barrel domain	1	Bacterial trigger factor protein (TF)	1
Barrel-sandwich domain of CusB or HlyD membrane-fusion	1	Amidohydrolase family	1
Ribosomal protein S5, C-terminal domain	1	Ferredoxin-fold anticodon binding domain	1
Histidinol dehydrogenase	1	Inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase	1
Prephenate dehydrogenase	1	Phosphoribosylglycinamide synthetase, ATP-grasp (A) domain	1
Transaldolase	1	Outer membrane protein beta-barrel domain	1
tRNA pseudouridylylase B C-terminal domain	1	Domain of unknown function (DUF4892)	1
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase	1	ABC transporter, phosphonate, periplasmic substrate-binding protein	1
Shikimate / quinate 5-dehydrogenase	1	RNA polymerase Rpb1, domain 5	1
lactate/malate dehydrogenase, NAD binding domain	1	Prokaryotic dksA/traR C4-type zinc finger	1
RNA polymerase Rpb1, domain 4	1	Copper binding periplasmic protein CusF	1
Outer membrane lipoprotein	1	Glutamate synthase central domain	1
RNA polymerase Rpb2, domain 7	1	Lactonase, 7-bladed beta-propeller	1
Tetratricopeptide repeat	1	Adenylate kinase, active site lid	1
NADH-ubiquinone oxidoreductase-G iron-sulfur binding region	1	Ribosomal protein L33	1
Sigma 54 modulation protein / S30EA ribosomal protein	1	Urocanase	1
Nucleotidyl transferase	1	Acyl-CoA dehydrogenase N terminal	1
Ribonucleotide reductase, barrel domain	1	Peptidase family M3	1
Nitrogen regulatory protein P-II	1	Phosphoribosyl-ATP pyrophosphohydrolase	1
Outer membrane protein (OmpH-like)	1	TatD related DNase	1
Adenylosuccinate synthetase	1	Uncharacterised protein family (UPF0149)	1
Ribosomal L29 protein	1	RNA polymerase Rpb3/RpoA insert domain	1
Ribosomal protein S11	1	S-adenosylmethionine synthetase, C-terminal domain	1
Ribosome recycling factor	1	Ribosomal prokaryotic L21 protein	1
Endoribonuclease L-PSP	1	Domain of unknown function (DUF4404)	1
Bacterial AMP nucleoside phosphorylase N-terminus	1	C-terminal domain of tail specific protease (DUF3340)	1
DALR anticodon binding domain	1	RNA polymerase Rpb6	1
tRNA synthetases class I (R)	1	RNA polymerase beta subunit external I domain	1
Anti sigma-E protein RseA, N-terminal domain	1	Ribosomal protein L4/L1 family	1
NIF3 (NGG1p interacting factor 3)	1	PPIC-type PPIASE domain	1
Ribosomal silencing factor during starvation	1	2-oxoglutarate dehydrogenase C-terminal	1
Protein of unknown function (DUF3108)	1	GXGXG motif	1
2Fe-2S iron-sulfur cluster binding domain	1	Chaperonin 10 Kd subunit	1
Ribosomal protein L7/L12 dimerisation domain	1	RNA polymerase Rpb3/Rpb11 dimerisation domain	1
Domain of unknown function (DUF4426)	1	PrkA AAA domain	1
Domain of unknown function (DUF4892)	1	Elongation factor P (EF-P) OB domain	1
[2Fe-2S] binding domain	1	Ketopantoate hydroxymethyltransferase	1
Ribosomal protein L14p/L23e	1	Asparaginase	1
Zinc finger found in FPG and IleRS	1	Protein of unknown function (DUF461)	1
tRNA synthetases class I (E and Q), catalytic domain	1	S-adenosylmethionine synthetase, N-terminal domain	1
Single-strand binding protein family	1	Enolase, C-terminal TIM barrel domain	1
4Fe-4S dicluster domain	1	Ribosomal Proteins L2, RNA binding domain	1
BolA-like protein	1	Protein of unknown function (DUF1311)	1
ABC transporter, phosphonate, periplasmic substrate-binding protein	1	Glyoxalase-like domain	1
Saccharopine dehydrogenase NADP binding domain	1	AIR carboxylase	1
MiaC protein	1	TCP-1/cpn60 chaperonin family	1
GTP cyclohydrolase II	1	Ribosomal protein L35	1
DSBA-like thioredoxin domain	1	Threonine synthase N terminus	1
RNA polymerase beta subunit	1	Glutathione peroxidase	1
Trm112p-like protein	1	Nitrogen regulatory protein P-II	1
TolA binding protein trimerisation	1	Domain of unknown function (DUF2383)	1
Glycine zipper	1	RNA polymerase Rpb2, domain 3	1
Aconitate hydratase 2 N-terminus	1	Carbon-nitrogen hydrolase	1

Amidino-transferase	1	ATPase family associated with various cellular activities (AAA)	1
Alpha amylase, C-terminal all-beta domain	1	NAD-binding of NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase	1
TruB family pseudouridylate synthase (N terminal domain)	1	Peptidase family S41	1
Adenylate kinase, active site lid	1	Ribosomal protein S7p/S5e	1
MltD lipid attachment motif	1	NlpB/DapX lipoprotein	1
Amidohydrolase family	1	Isocitrate/isopropylmalate dehydrogenase	1
AICARFT/IMPCHase bienzyme	1	Translation initiation factor IF-3, N-terminal domain	1
Asparaginase	1	Demethylmenaquinone methyltransferase	1
Ribonucleotide reductase, all-alpha domain	1	Aminopeptidase I zinc metalloprotease (M18)	1
S-adenosylmethionine synthetase, N-terminal domain	1	START domain	1
Pyridoxal phosphate biosynthesis protein PdxJ	1	Domain of unknown function (DUF4174)	1
Leucyl-tRNA synthetase, Domain 2	1	DSBA-like thioredoxin domain	1
Ferredoxin-fold anticodon binding domain	1	Mur ligase family, catalytic domain	1
Ribosomal protein S7p/S5e	1	Domain of unknown function (DUF3458)	1
Triosephosphate isomerase	1	Translation initiation factor IF-2, N-terminal region	1
Fibronectin type III-like domain	1	Ribosomal protein S16	1
PCRF domain	1	Protein of unknown function (DUF2388)	1
Ribosomal protein L11, RNA binding domain	1	PBP superfamily domain	1
Ribosomal protein L35	1	Catalase-related immune-responsive	1
Conserved region in glutamate synthase	1	B3/4 domain	1
Pyruvate kinase, barrel domain	1	PDZ domain (Also known as DHR or GLGF)	1
Argininosuccinate lyase C-terminal	1	ArgJ family	1
Ribosomal protein L9, C-terminal domain	1	Amino-transferase class IV	1
D-ala D-ala ligase N-terminus	1	Glu/Leu/Phe/Val dehydrogenase, dimerisation domain	1
SAICAR synthetase	1	CoA binding domain	1
Biopterin-dependent aromatic amino acid hydroxylase	1	CheW-like domain	1
Hexapeptide repeat of succinyl-transferase	1	Alpha amylase, catalytic domain	1
Ribosomal protein S15	1	Ribonucleotide reductase, all-alpha domain	1
Protein of unknown function (DUF493)	1	Glutamine synthetase, catalytic domain	1
Copper binding proteins, plastocyanin/azurin family	1	KH domain	1
Glycine cleavage T-protein C-terminal barrel domain	1	HMGL-like	1
Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase	1	ACT domain	1
PEP-utilising enzyme, TIM barrel domain	1	Ribosomal protein L5	1
Haloacid dehalogenase-like hydrolase	1	M42 glutamyl aminopeptidase	1
Trans-2-enoyl-CoA reductase catalytic region	1	lactate/malate dehydrogenase, NAD binding domain	1
Protein of unknown function (DUF3359)	1	Nucleoside diphosphate kinase	1
Glutamate/Leucine/Phenylalanine/Valine dehydrogenase	1	Coproporphyrinogen III oxidase	1
Glutathione S-transferase, C-terminal domain	1	Acetohydroxy acid isomeroeductase, catalytic domain	1
Biotin-lipoyl like	1	Dehydrogenase E1 component	1
Domain of unknown function (DUF5064)	1	Phage late control gene D protein (GPD)	1
Ecotin	1	Delta-aminolevulinic acid dehydratase	1
Zinc-uptake complex component A periplasmic	1	DNA polymerase III beta subunit, N-terminal domain	1
Ribosomal protein L10	1	Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	1
Glutathione S-transferase, N-terminal domain	1	Ecotin	1
Domain of unknown function (DUF3458)	1	Thioesterase superfamily	1
Molybdopterin oxidoreductase Fe4S4 domain	1	haloacid dehalogenase-like hydrolase	1
S-adenosylmethionine synthetase, central domain	1	Carbamoyl-phosphate synthetase large chain, oligomerisation domain	1
Carbamoyl-phosphate synthase small chain, CPSase domain	1	Copper binding proteins, plastocyanin/azurin family	1
Monomeric isocitrate dehydrogenase	1	Iron/manganese superoxide dismutases, alpha-hairpin domain	1
Redoxin	1	BPG-independent PGAM N-terminus (iPGM_N)	1
NusA-like KH domain	1	Enolase C-terminal domain-like	1
3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase	1	Domain of unknown function (DUF4426)	1
Ribosomal protein L17	1	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, C-terminal domain	1
Argininosuccinate synthase	1	Membrane dipeptidase (Peptidase family M19)	1
Dienelactone hydrolase family	1	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase, RNA binding domain	1
Protein of unknown function (DUF3015)	1	Ribosomal protein L9, N-terminal domain	1
S-adenosylmethionine synthetase, C-terminal domain	1	Coenzyme A transferase	1
AMP-binding enzyme C-terminal domain	1	Uncharacterized lipoprotein	1
RNA polymerase Rpb2, domain 3	1	NiFU-like N terminal domain	1
tRNA synthetases class I (E and Q), anti-codon binding domain	1	NAD(P)H-binding	1
Nucleoside diphosphate kinase	1	Monomeric isocitrate dehydrogenase	1
Tetrahydrodipicolinate N-succinyltransferase middle	1	Aldo/keto reductase family	1
Bacterial protein of unknown function (DUF903)	1	Pyruvate kinase, barrel domain	1
Tetratricopeptide repeat	1	Ribosomal protein L16p/L10e	1
Malic enzyme, NAD binding domain	1	Acetyl-coenzyme A synthetase N-terminus	1
Amino-transferase class IV	1	tRNA synthetases class I (I, L, M and V)	1
FGGY family of carbohydrate kinases, N-terminal domain	1	Domain amino terminal to FKBP-type peptidyl-prolyl isomerase	1
ArgJ family	1	AMP-binding enzyme	1
Protein of unknown function (DUF1329)	1	C-terminal, D2-small domain, of ClpB protein	1
Ribosomal protein L13	1	DJ-1/PfpI family	1
Beta-ketoacyl synthase, N-terminal domain	1	Protein of unknown function (DUF1329)	1
Membrane dipeptidase (Peptidase family M19)	1	Translation-initiation factor 2	1
C-terminal domain of tail specific protease (DUF3340)	1	Tetrahydrodipicolinate N-succinyltransferase middle	1

4Fe-4S binding domain	1	Catalase	1
Ribosomal L25p family	1	ZipA, C-terminal FtsZ-binding domain	1
Ribosomal protein L16p/L10e	1	NAD(P)-binding Rossmann-like domain	1
ATP synthase	1	tRNA synthetases class II (A)	1
homogentisate 1,2-dioxygenase	1	S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase, NAD binding domain	1
Ribosomal Proteins L2, C-terminal domain	1	Anticodon-binding domain of tRNA	1
Malate synthase	1	Ribosomal protein L20	1
		D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase, catalytic domain	1
2-oxoglutarate dehydrogenase N-terminus	1	NAD(P)H binding domain of trans-2-enoyl-CoA reductase	1
DNA polymerase III beta subunit, N-terminal domain	1	Enolase, N-terminal domain	1
Aldo/keto reductase family	1	Glycine cleavage T-protein C-terminal barrel domain	1
Bacterial trigger factor protein (TF) C-terminus	1	LysM domain	1
Cytidylate kinase	1	RNA polymerase Rpb1, domain 1	1
Tripartite tricarboxylate transporter family receptor	1	NIF3 (NGG1p interacting factor 3)	1
RF-1 domain	1	Malic enzyme, NAD binding domain	1
2Fe-2S iron-sulfur cluster binding domain	1	Ribosomal protein S4/S9 N-terminal domain	1
tRNA synthetases class II (A)	1	GMC oxidoreductase	1
RNA polymerase beta subunit external 1 domain	1	Sulfatase	1
Pseudouridine synthase II TruB, C-terminal	1		
Phosphoribosylglycinamide synthetase, ATP-grasp (A) domain	1	Iron/manganese superoxide dismutases, C-terminal domain	1
Inorganic pyrophosphatase	1	Isochorismatase family	1
KH domain	1	Conserved region in glutamate synthase	1
Protein of unknown function (DUF3203)	1	Domain of unknown function (DUF4399)	1
Polysaccharide biosynthesis/export protein	1	Peptidase family M1	1
RNA polymerase Rpb6	1	Ribosomal protein L9, C-terminal domain	1
Domain of unknown function (DUF1338)	1	Adenylosuccinate synthetase	1
Methylenetetrahydrofolate reductase	1	Ribosomal protein S13/S18	1
Arginyl tRNA synthetase N terminal domain	1	Putative tRNA binding domain	1
Carbon-nitrogen hydrolase	1	Outer membrane lipoprotein	1
Dihydrodipicolinate reductase, C-terminus	1	Domain of unknown function (DUF3470)	1
NAD(P)H-binding	1	Ribosomal protein S11	1
Phosphoribosylglycinamide synthetase, C domain	1	Ribosomal protein S5, C-terminal domain	1
NlpB/DapX lipoprotein	1	Glycine zipper	1
Ribosomal protein L11, N-terminal domain	1	Glutamine amidotransferases class-II	1
KH domain	1	Amidase	1
Anti sigma-E protein RseA, C-terminal domain	1	ATP-grasp domain	1
Ribosomal protein L33	1	homogentisate 1,2-dioxygenase	1
Protein of unknown function (DUF2388)	1	Domain of unknown function (DUF4142)	1
ATP-grasp domain	1	Elongation factor TS	1
HAMP domain	1	Ribonucleotide reductase, barrel domain	1
S4 domain	1	Clp protease	1
Phosphopantetheine attachment site	1	Rieske [2Fe-2S] domain	1
SurA N-terminal domain	1	Pterin 4 alpha carbinolamine dehydratase	1
Domain of unknown function (DUF2383)	1	UDP-3-O-acyl N-acetylglucosamine deacetylase	1
Methyl-accepting chemotaxis protein (MCP) signalling domain	1		
		Ribosomal protein S15	1
2-oxoglutarate dehydrogenase C-terminal	1	Ribosomal protein S8	1
Cytidyltransferase-like	1	Bacterial trigger factor protein (TF) C-terminus	1
PPIC-type PPIASE domain	1	Bacterial RNA polymerase, alpha chain C terminal domain	1
Electron transfer flavoprotein FAD-binding domain	1	Phosphoribosylglycinamide synthetase, N domain	1
PEP-utilising enzyme, mobile domain	1	MGS-like domain	1
Inositol monophosphatase family	1	Ribosomal silencing factor during starvation	1
Phosphoribosylglycinamide synthetase, N domain	1	Histidyl-tRNA synthetase	1
Acetohydroxy acid isomeroreductase, catalytic domain	1	Ribosomal L32p protein family	1
ATP-grasp domain	1	GMP synthase C terminal domain	1
Ribosomal protein S21	1	Fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase family	1
Protein of unknown function VcgC/VcgE (DUF2780)	1	Bacterial translation initiation factor IF-2 associated region	1
Respiratory-chain NADH dehydrogenase 51 Kd subunit	1	Polypeptide deformylase	1
Ribosomal L18p/L5e family	1	Aromatic amino acid lyase	1
Ribose 5-phosphate isomerase A (phosphoriboisomerase A)	1	Ribosomal protein S2	1
3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, NAD binding domain	1	Redoxin	1
Ribosomal protein S5, N-terminal domain	1	Ribulose-phosphate 3 epimerase family	1
Frataxin-like domain	1	OprF membrane domain	1
Elongation factor P (EF-P) OB domain	1	PEP-utilising enzyme, mobile domain	1
Putative ribosome maturation factor RimP	1	Ribose 5-phosphate isomerase A (phosphoriboisomerase A)	1
TolB amino-terminal domain	1	Bacterial AMP nucleoside phosphorylase N-terminus	1
Heavy-metal-associated domain	1	Ribosomal protein L3	1
Outer membrane protein beta-barrel domain	1	Cytochrome C oxidase, cbb3-type, subunit III	1
Glycine cleavage H-protein	1	DNA polymerase III beta subunit, central domain	1
Protein of unknown function (DUF4197)	1	RNA polymerase Rpb1, domain 3	1
Elongation factor TS	1	Hexapeptide repeat of succinyl-transferase	1
Glutamine synthetase, beta-Grasp domain	1	Glutamine synthetase, beta-Grasp domain	1
Acyl-CoA dehydrogenase N terminal	1	Ribosomal protein L7/L12 dimerisation domain	1
Pyroline-5-carboxylate reductase dimerisation	1	Succinylarginine dihydrolase	1
Translation initiation factor IF-3, C-terminal domain	1	Alanine racemase, C-terminal domain	1
Pterin 4 alpha carbinolamine dehydratase	1	Oxidoreductase FAD-binding domain	1
Tetratricopeptide repeat	1	Heavy-metal-associated domain	1

3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase, C-terminal domain	1	CobB/CobQ-like glutamine amidotransferase domain	1
Ribosomal protein L9, N-terminal domain	1	Phosphoribosyl transferase domain	1
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase family	1	Trm112p-like protein	1
GAF domain	1	FGGY family of carbohydrate kinases, C-terminal domain	1
Elongation factor P (EF-P) KOW-like domain	1	Transketolase, C-terminal domain	1
UDP-3-O-acyl N-acetylglucosamine deacetylase	1	Ribosomal protein S6	1
Bacterial virulence protein (VirJ)	1	SurA N-terminal domain	1
Acetyl-CoA dehydrogenase C-terminal like	1	Hsp70 protein	1
Transcription termination factor nusG	1	RNA polymerase Rpb2, domain 7	1
		Acetohydroxy acid isomeroreductase, NADPH-binding domain	1
Pyruvate phosphate dikinase, PEP/pyruvate binding domain	1	DAHP synthetase I family	1
Imelysin	1	Aminomethyltransferase folate-binding domain	1
ACT domain	1	Translation initiation factor IF-3, C-terminal domain	1
Ribosomal protein L18e/L15	1	Ribosomal protein S14p/S29e	1
SpoVR like protein	1		
RNA polymerase Rpb1, domain 5	1		
Ribosomal Proteins L2, RNA binding domain	1		
GXGXXG motif	1		
Oxidoreductase NAD-binding domain	1		
Adenosine/AMP deaminase	1		
PPIC-type PPIASE domain	1		
Tetratricopeptide repeat	1		
Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily	1		
Phosphoribosyl-ATP pyrophosphohydrolase	1		
OsmC-like protein	1		
Anticodon binding domain	1		
Trypsin-like peptidase domain	1		
DNA polymerase III beta subunit, C-terminal domain	1		
AIR carboxylase	1		
Molybdopterin oxidoreductase	1		
YceI-like domain	1		
Pyridoxal phosphate biosynthetic protein PdxA	1		
Phosphoglycerate kinase	1		
tRNA synthetase class II core domain (G, H, P, S and T)	1		
ACT domain	1		
Transketolase, C-terminal domain	1		
S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase, NAD binding domain	1		
Glutathione S-transferase, N-terminal domain	1		
Domain of unknown function (DUF3470)	1		
Thioredoxin-like [2Fe-2S] ferredoxin	1		
Fumarylacetoacetase N-terminal	1		
HMGL-like	1		
Fructose-bisphosphate aldolase class-II	1		
Metalloenzyme superfamily	1		
Domain of unknown function (DUF4399)	1		
FGGY family of carbohydrate kinases, C-terminal domain	1		
Beta-ketoacyl synthase, C-terminal domain	1		
Dehydrogenase E1 component	1		
NAD(P)-binding Rossmann-like domain	1		
Acetohydroxy acid isomeroreductase, NADPH-binding domain	1		
Ribulose-phosphate 3 epimerase family	1		
Hsp70 protein	1		
DAHP synthetase I family	1		
Domain of unknown function (DUF4404)	1		
HIT domain	1		
Fumarase C-terminus	1		
KDPG and KHG aldolase	1		
Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, C-terminal domain	1		
Protein of unknown function (DUF2789)	1		
Peptidase family M1	1		
RNA polymerase Rpb1, domain 3	1		
Glyoxalase-like domain	1		
YceG-like family	1		
Hydroxyphenylpyruvate dioxygenase, HPPD, N-terminal	1		
Uncharacterized lipoprotein	1		
Shikimate dehydrogenase substrate binding domain	1		
Acetyl-coenzyme A synthetase N-terminus	1		
Protein of unknown function (DUF461)	1		
Class-II DAHP synthetase family	1		
Phosphoenolpyruvate carboxykinase	1		
Fumarate hydratase (Fumerase)	1		
Coproporphyrinogen III oxidase	1		
Enolase, N-terminal domain	1		
Ethanolamine ammonia-lyase light chain (EutC)	1		
NusB family	1		

ATP phosphoribosyltransferase	1
Cysteine-rich secretory protein family	1
LppC putative lipoprotein	1
NifU-like N terminal domain	1
NADPH-dependent FMN reductase	1
GDSL-like Lipase/Acylhydrolase family	1
tRNA synthetase B5 domain	1
Cys/Met metabolism PLP-dependent enzyme	1
Fumarate reductase flavoprotein C-term	1
NAD-binding of NADP-dependent 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase	1
Ribosomal protein S13/S18	1
Ribosomal protein L4/L1 family	1
haloacid dehalogenase-like hydrolase	1
Demethylmenaquinone methyltransferase	1
Aminopeptidase I zinc metalloprotease (M18)	1
Ribosomal L32p protein family	1
Gamma-glutamyltranspeptidase	1
S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase	1
Enoyl reductase FAD binding domain	1
Glutathione S-transferase, N-terminal domain	1
Periplasmic binding protein domain	1
Iron/manganese superoxide dismutases, C-terminal domain	1
B3/4 domain	1
DNA gyrase/topoisomerase IV, subunit A	1
Ribosomal protein L1p/L10e family	1
Histidine biosynthesis protein	1
Ribosomal protein S8	1
Threonine synthase N terminus	1
OprF membrane domain	1
Carbonic anhydrase	1
Aminomethyltransferase folate-binding domain	1
Transglycosylase SLT domain	1
lactate/malate dehydrogenase, alpha/beta C-terminal domain	1
Chaperonin 10 Kd subunit	1
Ribonucleotide reductase, small chain	1
Bacterial NAD-glutamate dehydrogenase	1
Urocanase	1
6-phosphogluconate dehydrogenase, C-terminal domain	1
Ribosomal protein S6	1
Peptidase propeptide and YPEB domain	1
Ribosomal protein TL5, C-terminal domain	1
Glutathione S-transferase, C-terminal domain	1
Copper binding periplasmic protein CusF	1
Aminotransferase class I and II	1
Delta-aminolevulinic acid dehydratase	1
Ribosomal protein S2	1
Polypeptide deformylase	1
Phosphorylase superfamily	1
Cytochrome C oxidase, cbb3-type, subunit III	1
START domain	1
Ribosomal protein S18	1
Ribosomal protein L19	1
BPG-independent PGAM N-terminus (iPGM_N)	1
M42 glutamyl aminopeptidase	1
Adenylate kinase	1
Cytosol aminopeptidase family, catalytic domain	1
Dihydrodipicolinate reductase, N-terminus	1
C-terminal, D2-small domain, of ClpB protein	1
Iron/manganese superoxide dismutases, alpha-hairpin domain	1
NAD(P)H binding domain of trans-2-enoyl-CoA reductase	1
Iron-sulphur cluster assembly	1
Acetyltransferase (GNAT) domain	1

---

## ANEXO 6

## Proteínas exclusivas – I4 com o Glicerol

GI	Description
339485355	Indole-3-glycerol phosphate synthase
339488432	NADPH-dependent FMN reductase
339489019	FAD dependent oxidoreductase
339485328	SpoVR family protein
339489674	peptidase U62 modulator of DNA gyrase
339488009	2Fe-2S iron-sulfur cluster binding domain-containing protein
339486778	endoribonuclease L-PSP
339486283	FKBP-type peptidylprolyl isomerase
339485527	adenosine deaminase
339488719	bifunctional N-succinyldiaminopimelate-aminotransferase/acetylmethionine transaminase protein
339486514	amidophosphoribosyltransferase
339489443	hypothetical protein PPS_4560
339489136	glycoside hydrolase family protein
339487959	hypothetical protein PPS_3058
339486332	phosphoglycolate phosphatase
339490017	phosphomannomutase
339485841	iron-sulfur cluster assembly protein IscA
339486333	3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase
339488691	anti-sigma-28 factor FlgM
339485834	hypothetical protein PPS_0903
339485475	ethanolamine ammonia-lyase, small subunit
339489633	rhodanese domain-containing protein
339489958	frataxin-like protein
339486949	threonyl-tRNA synthetase
339489439	tRNA pseudouridine synthase B
339486377	glucose-6-phosphate isomerase, partial
339489783	carboxyl-terminal protease
339485176	osmolarity response regulator
339486801	hypothetical protein PPS_1880
339489991	hypothetical protein PPS_5112
339489828	thiazole synthase
339489984	alpha/beta hydrolase fold protein
339488173	extracellular solute-binding protein
339489154	RND family efflux transporter, MFP subunit
339489620	RNA-binding protein Hfq
339485182	Hsp33-like chaperonin
339486115	uridylate kinase
339485353	anthranilate synthase component II
339488793	activator of Hsp90 ATPase 1 family protein
339489446	dihydropteroate synthase
339489349	acetyl-CoA acetyltransferase
339485924	ATP phosphoribosyltransferase, catalytic subunit
339485415	bacterioferritin
339485738	hypothetical protein PPS_0807
339486430	phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
339488037	luciferase family protein
339487641	hypothetical protein PPS_2738
339486642	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase
339485025	periplasmic solute binding protein
339488743	hypothetical protein PPS_3850
339489819	pyrroline-5-carboxylate reductase
339486338	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase
339489444	triosephosphate isomerase
339485335	4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase
339488405	hypothetical protein PPS_3506
339489853	dihydroxy-acid dehydratase
339485611	hypothetical protein PPS_0678
339487034	hypothetical protein PPS_2121
339488439	MltD domain-containing protein
339489738	phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase
339485116	hypothetical protein PPS_0175
339489372	gamma-glutamyltransferase
339487935	hypothetical protein PPS_3034
339489847	phosphopantetheine adenylyltransferase
339488728	phenylalanine 4-hydroxylase
339485173	glutamate--cysteine ligase
339489916	glutamate-putrescine ligase
339485450	bifunctional 3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase/GTP cyclohydrolase II-like protein
339487671	histidinol-phosphate phosphatase
339489021	17 kDa surface antigen



339488909	virulence factor family protein
339485966	phosphogluconate dehydratase
339484965	glycyl-tRNA synthetase subunit alpha
339488362	glycogen branching protein
339484978	shikimate 5-dehydrogenase
339486838	methylcitrate synthase
339489758	hypothetical protein PPS_4879
339485258	formaldehyde dehydrogenase
339488417	NADH dehydrogenase subunit F
339489914	putative aminotransferase
339485020	hydroperoxidase II
339486009	phosphoribosylformylglycinamide synthase
339489121	tricarboxylate transport protein TctC
339486822	arylesterase
339485165	peroxidase
339489231	glutathione S-transferase domain-containing protein
339489519	leucyl-tRNA synthetase
339488416	NADH dehydrogenase subunit E
339484976	alcohol dehydrogenase
339489112	anti sigma-E protein, RseA
339490022	ribonuclease PH (RNase PH), tRNA nucleotidyltransferase
339488320	isocitrate dehydrogenase
339487974	phosphoglucomutase
339490094	dihydrolipoamide dehydrogenase
339489813	arginyl-tRNA synthetase
339487887	carboxynorspermidine decarboxylase
339487624	oxidoreductase
339489110	protease Do
339489226	nucleotide-binding protein
339488347	6-phosphogluconate dehydrogenase
339490020	exodeoxyribonuclease III Xth
339489748	amino acid ABC transporter periplasmic amino acid-binding protein
339489603	30S ribosomal protein S18
339485005	hypothetical protein PPS_0064
339489702	5,10-methylenetetrahydrofolate reductase
339486690	pyocin R2_PP, tail sheath protein
339489574	branched chain amino acid ABC transporter ATP-binding protein
339485954	hypothetical protein PPS_1025
339488757	YecA family protein
339486325	BolA family protein
339486095	hypothetical protein PPS_1168
339487676	hypothetical protein PPS_2773
339485223	1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino] imidazole-4-carboxamide isomerase
339488472	dienelactone hydrolase
339489252	LppC family lipoprotein
339488330	alpha/beta hydrolase fold protein
339485444	thioredoxin
339488418	NADH dehydrogenase subunit G
339486876	sulfite reductase (ferredoxin)
339485903	C69 family peptidase
339486478	aminodeoxychorismate lyase
339489103	pyridoxine 5'-phosphate synthase
339489430	glucose-6-phosphate isomerase, partial
339485901	peptidase U62 modulator of DNA gyrase
339488357	maltooligosyl trehalose synthase
339486074	lysyl-tRNA synthetase
339489239	D-alanine--D-alanine ligase
339489536	gamma-glutamyl phosphate reductase
339485845	hypothetical protein PPS_0914
339488307	glutathione S-transferase domain-containing protein
339486073	peptide chain release factor 2
339485839	cysteine desulfurase
339488988	glutathione S-transferase family protein
339489205	hypothetical protein PPS_4320
339488010	aldehyde oxidase and xanthine dehydrogenase molybdopterin binding protein
339485939	leucyl aminopeptidase
339485361	histidine triad (HIT) protein
339485730	FAD dependent oxidoreductase
339487908	glutaminy-tRNA synthetase

---

## ANEXO 7

### Proteínas exclusivas da extração do Petróleo com Hexano

GI	Description
394896023	30S ribosomal protein S17
339485391	30S ribosomal protein S19
339485537	30S ribosomal protein S20
339489387	3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase
339486474	3-ketoacyl-ACP reductase
339488469	3-oxoacyl-ACP synthase
339485376	50S ribosomal protein L11
339485621	50S ribosomal protein L27, partial
339485492	acetyl-CoA carboxylase biotin carboxylase subunit
339486129	acetyl-CoA carboxylase carboxyltransferase subunit alpha
339485878	alkaline phosphatase
339487884	amidase
339489058	argininosuccinate synthase
339488317	ATP-dependent Clp protease ATP-binding protein ClpA
339486805	ATP-dependent protease La
339486804	ATP-dependent protease, ATP-binding subunit ClpX
339489726	ATP-dependent protease, ATP-binding subunit HslU
339489788	betaine aldehyde dehydrogenase
339489547	bifunctional phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase/IMP cyclohydrolase
339489272	bifunctional sulfate adenylyltransferase subunit 1/adenylylsulfate kinase
339485975	carbohydrate-selective porin OprB
339489236	cell division protein FtsZ
339486432	DEAD/DEAH box helicase
339489705	DEAD/DEAH box helicase
339485270	dihydrolipoamide acetyltransferase
339488500	electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase
339490156	F0F1 ATP synthase subunit B
339489459	ferric uptake regulator family protein
339485763	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
339489915	glutamate-putrescine ligase
339486639	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
339489770	GTP-binding protein TypA
339488473	heat shock protein 90
339485028	hypothetical protein PPS_0087
339485987	inosine 5'-monophosphate dehydrogenase
339489646	lipoprotein
339485739	malate:quinone oxidoreductase
339486112	methionine aminopeptidase
339489049	methionyl-tRNA synthetase
339489744	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer
339486569	NAD-glutamate dehydrogenase
339486122	outer membrane chaperone Skp
339486241	phosphoribosylaminoimidazole synthetase
339488870	phosphoribosylaminoimidazolesuccinocarboxamide synthase
339489077	polar amino acid ABC transporter inner membrane subunit
339489424	poly(A) polymerase
339485606	putative ABC transporter ATP-binding protein
339488476	putative lipoprotein
339486208	recombinase A
339488929	ribonucleotide-diphosphate reductase subunit beta
339485706	ribose-phosphate pyrophosphokinase
339485320	RNA polymerase sigma factor RpoD
339485894	rod shape-determining protein MreB
339487888	saccharopine dehydrogenase
339486302	septum site-determining protein MinD
339488309	seryl-tRNA synthetase

339489671	sodium/proline symporter
339488487	succinate dehydrogenase, flavoprotein subunit
339488486	succinate dehydrogenase, iron-sulfur subunit
339485974	sugar ABC transporter ATP-binding protein
339489182	tartrate/fumarate subfamily Fe-S type hydro-lyase subunit alpha
339485962	TonB-dependent hemoglobin/transferrin/lactoferrin family receptor
339489947	transcription termination factor Rho
339488888	translocation protein TolB
339489672	trifunctional transcriptional regulator/proline dehydrogenase/pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase
339489267	tryptophanyl-tRNA synthetase
339488922	two component transcriptional regulator
339489259	ubiquinol-cytochrome c reductase, cytochrome c1
339485923	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase
339486622	UspA domain-containing protein
339486653	VacJ family lipoprotein

---