

Université du Québec
Institut National de la Recherche Scientifique
Institut Armand-Frappier

CARACTÉRISATION DE LA SOUCHE *METHYLOPHAGA SP.* GP59, UNE NOUVELLE BACTÉRIE DÉNITRIFIANTE

Par
Valérie Geoffroy

Mémoire présentée pour l'obtention du grade de
Maître ès sciences (M.Sc.)
en microbiologie appliquée

Jury d'évaluation

Président du jury et
examineur interne

Philippe Constant
Institut Armand-Frappier

Examineur externe

France Daigle
Département de microbiologie, infectiologie
et immunologie
Université de Montréal

Directeur de recherche

Richard Villemur
Institut Armand-Frappier

REMERCIEMENTS

Je tiens d'abord à remercier mon directeur de recherche, Prof. Richard Villemur, pour la confiance qu'il m'a accordée, sa gentillesse, sa patience et sa grande disponibilité tout au long de mon projet. Je remercie également Richard pour toute l'aide qu'il m'a accordé. Merci à Karla pour sa présence et son aide tellement précieuse au laboratoire. Merci à tous les membres de mon laboratoire et mes collègues de bureau qui sont devenus des amis ; Alexandra, Sarah, Asma, Karla, Julien, Mondher et Anne, avec qui l'ambiance était toujours agréable. Ils m'ont tous apportés du soutien, chacun à leur manière. Merci à Philippe Constant pour son aide et à tous les professeurs qui m'ont aidé pendant mon parcours.

Merci également à ma famille et mes amis qui m'ont soutenu et sans qui, réaliser ce projet aurait été beaucoup plus difficile.

RÉSUMÉ

La dénitrification est un processus respiratoire microbien où le nitrate est réduit séquentiellement en nitrite, oxyde nitrique, oxyde nitreux et azote gazeux. La souche *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1 est l'une des deux bactéries les plus abondantes isolées d'un biofilm issu d'un bioréacteur dénitrifiant, alimenté au méthanol. Elle peut réduire le nitrate en nitrite, l'oxyde nitrique en oxyde nitreux, et ce dernier en azote gazeux. Elle ne peut pas réduire le nitrite en oxyde nitrique, ce qui corrèle avec l'absence de gènes codant pour une nitrite réductase de type NirK ou NirS dans son génome. Lors d'expériences visant à adapter le biofilm à différentes conditions physicochimiques, une nouvelle souche (GP59), associée à *Methylophaga nitratireducenticrescens*, capable d'effectuer la dénitrification complète a été isolée. L'objectif de mon projet était de caractériser la souche GP59. Le séquençage de la souche GP59 a démontré que celle-ci possède environ 85% de gènes communs avec la souche JAM1. Un gène codant pour une nitrite réductase a été retrouvé parmi des gènes associés à un prophage Mu, suggérant l'acquisition du gène lors d'une infection lysogénique. Les quelques différences entre ces souches sont que la souche JAM1 peut croître à une plus grande gamme de température et de pH que la souche GP59 et qu'elle réduit le nitrate en nitrite en conditions aérobies, ce que ne peut pas faire la souche GP59. Également, la souche GP59 a un temps de latence de croissance et de réduction du nitrate en conditions anaérobies, contrairement à la souche JAM1.

ABSTRACT

Denitrification is a respiration system used by microbes where nitrate is subsequently reduced to nitrite, nitric oxide, nitrous oxide and dinitrogen. *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1 is one of the two most abundant bacteria isolated from a biofilm within a methanol-fed denitrification reactor. Strain JAM1 can reduce nitrate to nitrite, nitric oxide to nitrous oxide and the latter to nitrogen gas. It cannot reduce nitrite to nitric oxide which correlates with the absence of genes encoding for a nitrite reductase NirK or NirS in its genome. Biofilm acclimation to different conditions led us to isolate a new strain (GP59) affiliated with *Methylophaga nitratireducenticrescens* that can perform all denitrification steps. My objective was to characterize the new strain GP59. Strain GP59 genome sequencing showed that the two strains share approximately 85% of their genes. A nitrite reductase gene was found flank by Mu prophage affiliated genes, indicating that the gene acquisition may be from a lysogenic infection. The few differences between the strains are that strain JAM1 can grow at greater temperature and pH range than strain GP59 and that it can reduce nitrate to nitrite under aerobic conditions, which strain GP59 cannot do. Also, strain GP59 showed a time lag in growth and nitrate reduction under anaerobic conditions contrarily to strain JAM1.

TABLE DES MATIÈRES

1	INTRODUCTION	1
2	REVUE DE LITTÉRATURE	3
2.1	CYCLE DE L'AZOTE.....	3
2.2	DENITRIFICATION.....	5
	2.2.1 <i>Enzymes impliquées dans la dénitrification</i>	5
	2.2.2 <i>Bioprocédés de dénitrification</i>	9
2.3	ÉTUDE DU BIOFILM DENITRIFIANT DU BIODOME DE MONTREAL.....	10
	2.3.1 <i>Efficacité du biofilm dénitrifiant</i>	13
	2.3.2 <i>Diversité et composition microbienne du biofilm</i>	13
	2.3.3 <i>Hyphomicrobium nitrativorans NL23</i>	14
	2.3.4 <i>Genre Methylophaga</i>	15
	2.3.5 <i>Methylophaga nitratireducenticrescens JAM1</i>	15
	2.3.6 <i>Découverte de la souche Methylophaga sp. GP59</i>	18
3	MATÉRIEL ET MÉTHODES	21
3.1	PRESERVATION DES SOUCHES	21
3.2	MILIEU DE CULTURE.....	21
3.3	PRODUCTION DES PRECULTURES	22
3.4	PARAMETRES OPTIMAUX DE CROISSANCE	22
	3.4.1 <i>Concentration protéique</i>	23
	3.4.2 <i>Bioscreen</i>	24
3.5	MESURE DU TAUX DE DENITRIFICATION	25
3.6	SUIVI DE PRODUCTION D'OXYDE NITREUX.....	26
3.7	CARACTERISATION MICROBIOLOGIQUE.....	27
	3.7.1 <i>Résistance aux antibiotiques</i>	28
	3.7.2 <i>Source de carbone alternative</i>	29
3.8	CARACTERISATION GENETIQUE.....	30
	3.8.1 <i>Extraction et quantification d'ADN et d'ARN</i>	30
	3.8.2 <i>Études des génomes</i>	32
	3.8.3 <i>Études des transcriptomes</i>	33
	3.8.4 <i>Calcul du pourcentage d'ADN conservé</i>	34
	3.8.5 <i>Étude phylogénétique du gène nirK</i>	34

3.9	QUANTIFICATION DES SOUCHES DENITRIFIANTES DANS LES BIOFILMS ACCLIMATES	34
4	RÉSULTATS	39
4.1	PARAMETRES OPTIMAUX DE CROISSANCE	39
	4.1.1 <i>Température d'incubation</i>	39
	4.1.2 <i>pH du milieu</i>	41
	4.1.3 <i>Pourcentage de NaCl</i>	44
4.2	TAUX DE DENITRIFICATION.....	46
	4.2.1 <i>Conditions anaérobies</i>	46
	4.2.2 <i>Conditions aérobies</i>	50
4.3	SUIVI DE PRODUCTION DE L'OXYDE NITREUX.....	52
4.4	CARACTERISATION MICROBIOLOGIQUE.....	54
	4.4.1 <i>Test de sensibilité aux antibiotiques</i>	55
	4.4.2 <i>Source de carbone alternative</i>	56
4.5	CARACTERISATION GENETIQUE.....	56
	4.5.1 <i>Étude des génomes</i>	56
	4.5.2 <i>Études des transcriptomes</i>	61
4.6	QUANTIFICATION DES SOUCHES DENITRIFIANTES DANS LES BIOFILMS ADAPTES	64
5	DISCUSSION	67
5.1	PARAMETRES OPTIMAUX DE CROISSANCE	68
5.2	TAUX DE DENITRIFICATION.....	69
5.3	PRODUCTION D'OXYDE NITREUX	71
5.4	CARACTERISATION MICROBIOLOGIQUE.....	72
5.5	CARACTERISATION GENETIQUE.....	72
	5.5.1 <i>Analyse phylogénique du gène nirK</i>	74
	5.5.2 <i>Pourcentage de conservation d'ADN</i>	75
	5.5.3 <i>Étude des transcriptomes</i>	75
5.6	QUANTIFICATION DES SOUCHES DENITRIFIANTES DANS LES BIOFILMS ADAPTES	76
6	CONCLUSION	79
7	ANNEXES	89

LISTE DES TABLEAUX

TABLEAU 3.1 CONCENTRATIONS TESTEES POUR DETERMINER LA RESISTANCE AUX ANTIBIOTIQUES DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	29
TABLEAU 3.2 PAIRES D'AMORCES UTILISEES POUR PRODUIRE LES FRAGMENTS DES COURBES D'ETALONNAGES CHEZ M. NITRATIREDUCTENTICRESCENS JAM1 ET METHYLOPHAGA SP. GP59	36
TABLEAU 3.3 PAIRES D'AMORCES UTILISEES POUR FAIRE LA QUANTIFICATION DES SOUCHES M. NITRATIREDUCTENTICRESCENS JAM1, METHYLOPHAGA SP. GP59 ET H. NITRATIVORANS NL23	37
TABLEAU 4.1 PH DES MILIEUX AVANT ET APRES LES CULTURES DE 48 HEURES DES SOUCHES JAM1 ET GP59 ...	43
TABLEAU 4.2 RECAPITULATIF DES RESISTANCES AUX ANTIBIOTIQUES DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	55
TABLEAU 4.3 RECAPITULATIF DES INFORMATIONS GENOMIQUES DES SOUCHES JAM1 ET GP59	57
TABLEAU 4.4 RATIOS D'EXPRESSIONS TPM DES GENES DE L'ILOT DE DENITRIFICATION DES SOUCHES JAM1 ET GP59	63
TABLEAU 5.1 PRINCIPALES DIFFERENCES ENTRE LES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	67
TABLEAU 7.1 GENES ANNOTES DU PLASMIDE DE 33 560 PB DE LA SOUCHE GP59	104
TABLEAU 7.2 GENES ANNOTES DU PLASMIDE DE 32 421 PB DE LA SOUCHE GP59	105
TABLEAU 7.3 TRANSCRITS DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	106

LISTE DES FIGURES

FIGURE 2.1 CYCLE DE L'AZOTE.....	4
FIGURE 2.2 LES GRANDES ETAPES DE LA DENITRIFICATION.....	5
FIGURE 2.3 LES ENZYMES IMPLIQUEES DANS LA DENITRIFICATION.....	8
FIGURE 2.4 REPRESENTATION DE LA FILIERE DE DENITRIFICATION DU MESOCOSME DU GOLFE DU SAINT-LAURENT	12
FIGURE 2.5 ARRANGEMENT CHROMOSOMIQUE DES OPERONS DES GENES DE DENITRIFICATION DE HYPHOMICROBIUM NITRATIVORANS NL23.....	15
FIGURE 2.6 ARRANGEMENT CHROMOSOMIQUE DES OPERONS DES GENES DE DENITRIFICATION DE H. NITRATIREDUCTICRESCENS JAM1.....	17
FIGURE 2.7 INTERRACTIONS POSSIBLES ENTRE LES BACTERIES M. NITRATIREDUCTICRESCENS JAM1 ET H. NITRATIVORANS NL23.....	18
FIGURE 2.8 SCHEMA D'ADAPTATION DU BIOFILM CONGELE AU MILIEU EMS.....	19
FIGURE 2.9 QUANTIFICATION DES SOUCHES M. NITRATIREDUCTICRESCENS JAM1 ET H. NITRATIVORANS NL23 APRES LES REPIQUAGES HEBDOMADAIRES DANS LE MILIEU EMS.....	20
FIGURE 4.1 CROISSANCE DES SOUCHES JAM1 ET GP59 A DIFFERENTES TEMPERATURES.....	39
FIGURE 4.2 CINETIQUE DE CROISSANCE A DIFFERENTES TEMPERATURES DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	40
FIGURE 4.3 CROISSANCE A DIFFERENTS PH DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	41
FIGURE 4.4 CINETIQUE DE CROISSANCE A DIFFERENTS PH DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	42
FIGURE 4.5 CROISSANCE A DIFFERENTS POURCENTAGES DE NaCl DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	44
FIGURE 4.6 CINETIQUE DE CROISSANCE SELON LE POURCENTAGE DE NaCl DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	45
FIGURE 4.7 CROISSANCES DES SOUCHES JAM1 ET GP59 SELON DIFFERENTES CONCENTRATIONS INITIALES DE NITRATE EN CONDITIONS ANAEROBIES.....	46
FIGURE 4.8 VITESSE DE CROISSANCE DES SOUCHES GP59 ET JAM1 SELON LA CONCENTRATION INITIALE DE NITRATE EN CONDITIONS ANAEROBIES.....	47
FIGURE 4.9 CINETIQUE DE REDUCTION DU NITRATE ET DU NITRITE DES SOUCHES JAM1 ET GP59 SELON DIFFERENTES CONCENTRATIONS INITIALES DE NITRATE EN CONDITIONS ANAEROBIES.....	48
FIGURE 4.10 VITESSE DE REDUCTION DU NITRATE DES SOUCHES JAM1 ET GP59 SELON LA CONCENTRATION INITIALE DE NITRATE EN CONDITIONS ANAEROBIES.....	49
FIGURE 4.11 CROISSANCE DES SOUCHES JAM1 ET GP59 SELON DIFFERENTES CONCENTRATIONS INITIALES DE NITRATE EN CONDITIONS AEROBIES.....	50
FIGURE 4.12 CINETIQUE DE REDUCTION DU NITRATE ET DU NITRITE DES SOUCHES JAM1 ET GP59 SELON DIFFERENTES CONCENTRATIONS INITIALES DE NITRATE EN CONDITIONS AEROBIES.....	51
FIGURE 4.13 VITESSE DE REDUCTION DU NITRATE DE LA SOUCHE JAM1 SELON DIFFERENTES CONCENTRATIONS INITIALES DE NITRATE EN CONDITIONS AEROBIES.....	52
FIGURE 4.14 CROISSANCE DES SOUCHES JAM1 ET GP59 EN CONDITIONS ANAEROBIES.....	52

FIGURE 4.15 SUIVI DE LA PRODUCTION DES PRODUITS DE DENITRIFICATION PAR LES SOUCHES GP59 ET JAM1 .	53
FIGURE 4.16 OBSERVATION DE LA SOUCHE GP59 PAR MICROSCOPIE ELECTRONIQUE.....	54
FIGURE 4.17 CROISSANCE DE LA SOUCHE GP59 AVEC LA METHYLAMINE COMME SOURCE DE CARBONE	56
FIGURE 4.18 ALIGNEMENT DES GENOMES DES SOUCHES JAM1 ET GP59.	59
FIGURE 4.19 PHYLOGENIE DU GENE NIRK.....	60
FIGURE 4.20 TAUX D'EXPRESSIONS DIFFERENTIELS DES DIFFERENTES VOIES METABOLIQUES DES SOUCHES JAM1 ET GP59.....	62
FIGURE 4.21 QUANTIFICATION DES SOUCHES JAM1, GP59 ET NL23 DANS LES BIOFILMS ACCLIMATES.....	64
FIGURE 7.1 VISUALISATION DE LA SOUCHE JAM1 PAR MICROSCOPIE ELECTRONIQUE.....	89
FIGURE 7.2 COLONIES DE LA SOUCHE GP59	98
FIGURE 7.3 FORMATION DE FLOCS PAR LA SOUCHE GP59	98
FIGURE 7.4 SENSIBILITE DE LA SOUCHE JAM1 A L'ANTIBIOTIQUE CHLORAMPHENICOL	99
FIGURE 7.5 SENSIBILITE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE CHLORAMPHENICOL	99
FIGURE 7.6 SENSIBILITE DE LA SOUCHE JAM1 A L'ANTIBIOTIQUE TRIMETHOPRIME	100
FIGURE 7.7 SENSIBILITE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE TRIMETHOPRIME	100
FIGURE 7.8 SENSIBILITE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE AMPICILLINE.....	101
FIGURE 7.9 SENSIBILITE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE TETRACYCLINE.....	101
FIGURE 7.10 SENSIBILITE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE STREPTOMYCINE.....	102
FIGURE 7.11 SENSIBILILTE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE GENTAMYCINE.....	102
FIGURE 7.12 SENSIBILITE DE LA SOUCHE GP59 A L'ANTIBIOTIQUE KANAMYCINE.....	103

LISTE DES ÉQUATIONS

ÉQUATION 1 CALCUL DE LA VITESSE DE CROISSANCE ET DE REDUCTION DU NITRATE.....	26
ÉQUATION 2 CALCUL DE LA QUANTITE TOTALE D'OXYDE NITREUX	27
ÉQUATION 3 CONVERSION DE LA QUANTITE TOTALE D'OXYDE NITREUX EN MG N/VIAL	27

LISTE DES ABRÉVIATIONS

°C	degré Celsius
µg	microgramme
µl	microlitre
ADN	acide désoxyribonucléique
ARN	acide ribonucléique
ATP	adénosine triphosphate
EMS	Eau de mer artificielle
FISH	hybridation <i>in situ</i> en fluorescence
h	heure
HAA	hybridation ADN-ADN
IO	milieu «Instant Ocean»
kpb	Kilo paire de bases
L	litre
M	molaire
mg	milligramme
ml	millilitre
mm	millimètre
mM	milimolaire

ng	nanogramme
nm	nanomètre
pb	paire de bases
PCR	réaction en chaîne par polymérase
pH	potentiel hydrogène
ppm	parti par million
psi	livre-force par pouce carré (pounds per square inch)
qPCR	réaction en chaîne par polymérase quantitative
rpm	révolution par minute
RT-PCR	transcriptase inverse suivi d'un réaction en chaîne par polymérase
TPM	transcrits par million
UV	ultraviolet

1 INTRODUCTION

Le nitrate est une molécule azotée présente naturellement dans l'eau et les sols. Son accumulation dans un milieu donné peut par contre devenir nocive et engendrer des complications. Ceci s'est produit dans l'aquarium du mésocosme représentant l'estuaire du Golfe Saint-Laurent au Biodôme de Montréal. Malgré le système de filtration mis en place, les déchets des organismes, les surplus de nourriture et la recirculation constante de l'eau ont fait en sorte que la concentration du nitrate a augmentée à un niveau dangereux. Le nitrate étant difficile à extraire puisque c'est un ion soluble, peu de moyens de remédiation sont disponibles. Pour corriger la situation, le Biodôme a installé un bioréacteur à l'intérieur duquel un biofilm s'est installé. Les conditions internes du réacteur; absence d'oxygène et concentration de nitrate élevée, ont permis l'enrichissement d'un biofilm dénitrifiant composé des bactéries qui étaient présentes dans l'aquarium. La dénitrification est la réduction successive du nitrate (NO_3^-), en nitrite (NO_2^-), en oxyde nitrique (NO), oxyde nitreux (N_2O) et finalement en diazote gazeux (N_2) en quatre étapes successives dépendantes de quatre enzymes distinctes. Le biofilm du bioréacteur est étudié depuis plus de quinze ans par le laboratoire du Prof. Villemur. Celui-ci contient au moins 15 espèces bactériennes, les deux espèces les plus présentes et responsables principales de l'activité dénitrifiante sont deux nouvelles espèces isolées et décrites par notre laboratoire : *Hyphomicrobium nitrations* NL23 et *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1 qui représentent à elles seules environ 80% de la composition du biofilm. La souche NL23 est capable d'effectuer les quatre étapes de la dénitrification. La souche JAM1 ne peut pas réduire le nitrite, mais peut effectuer la réduction du nitrate et également de l'oxyde nitrique et de l'oxyde nitreux. L'hypothèse a été émise qu'il s'est établi une relation de syntrophie entre les deux souches principales et que le nitrite produit par la souche JAM1 est utilisé par la souche NL23.

Lors de tests en laboratoire visant à adapter le biofilm à différents paramètres physico-chimiques, il a été observé que la souche NL23 avait complètement disparue sans que cela n'affecte le taux de dénitrification, suggérant l'émergence d'une nouvelle espèce dénitrifiante dans le biofilm. Une recherche de nouvelles souches dénitrifiantes a abouti à l'isolement d'une nouvelle souche fortement apparentée à la souche JAM1 et qui a démontré une capacité à effectuer la réduction du nitrate et du nitrite. Cette souche a été nommée GP59.

L'objectif de ce projet de recherche a été de caractériser la nouvelle souche GP59 et de déterminer s'il s'agit d'une nouvelle espèce du genre *Methylophaga* ou s'il s'agit d'une souche différente mais appartenant à l'espèce *Methylophaga nitratireducenticrescens*. Les conditions de

croissance optimales ont été déterminées, la cinétique de réduction de nitrate a été effectuée et la caractérisation microbiologique et génétique a été réalisée.

2 REVUE DE LITTÉRATURE

2.1 Cycle de l'azote

L'azote est l'un des six éléments les plus abondants de tout organisme vivant et est essentiel à la formation de l'ADN et des protéines. L'azote est très abondant à la surface de la Terre, mais peu disponible pour les organismes, se retrouvant en grande partie sous forme de N_2 atmosphérique. L'azote peut être rendu disponible sous forme d'ammonium (NH_4^+) par la réaction bactérienne de fixation d'azote, ou par intervention humaine. L'invention du procédé Haber-Bosch, qui transforme l'azote gazeux en ammoniac (NH_3), a permis de grandes avancées dans le monde de l'agriculture et permet encore aujourd'hui de subvenir aux besoins d'un grand pourcentage de la population mondiale grâce à l'épandage d'engrais contenant de NH_3 . Par contre, l'utilisation intensive d'engrais et l'utilisation de combustibles fossiles, entre autres, ont mené à des déséquilibres dans le cycle de l'azote et entraînent la production de gaz à effets de serre, l'accumulation de produits azotés dans les eaux (Follett & Hatfield, 2001) et aggravent le phénomène des pluies acides. Une accumulation massive de nutriments sous forme azotée, entre autres, mène à une croissance excessive de phytoplanctons et d'algues, nuisant à la qualité de l'eau. Toute cette nouvelle matière organique s'accumulant sera décomposée par des microorganismes utilisant l'oxygène dissout et provoquant l'hypoxie et l'eutrophisation précoce des cours d'eau. Ces brusques changements dans le cycle de l'azote et les changements dans les années à venir montrent à quel point il est important de bien connaître ce cycle et de comprendre comment certaines étapes peuvent être contrôlées.

Les différentes étapes du cycle de l'azote biologique sont orchestrées en majeure partie par des groupes bactériens hautement spécialisés. Premièrement, le N_2 est réduit en NH_4^+ : la fixation de l'azote. Cette étape est effectuée par des bactéries et archées fixatrices d'azote. C'est la première étape permettant de former de l'azote «réactif », qui peut être utilisé par les autres procaryotes et tous les autres organismes (Thamdrup, 2012). Les organismes peuvent ensuite utiliser le NH_4^+ provenant de cette réaction directement ou de la décomposition d'organismes. Ils peuvent également performer la réduction assimilatoire du nitrate (NO_3^-), aussi nommée ammonification, pour se procurer du NH_4^+ . Le NH_4^+ peut ensuite être recyclé de deux façons par deux réactions dissimilatoires. Premièrement, le NH_4^+ est oxydé en nitrate, en passant par les

intermédiaires hydroxylamine (NH_2OH) et nitrite (NO_2^-) par les bactéries réalisant la nitrification, en conditions aérobies. Les protons et électrons libérés par cette réaction permettent à ces bactéries de fixer une source de carbone inorganique, comme le CO_2 par exemple. Deuxièmement, le nitrate peut être réduit jusqu'en N_2 atmosphérique par la réaction de dénitrification en conditions anaérobies ou jusqu'en NH_4^+ par la réaction de réduction dissimilatoire du nitrate. La réduction du nitrate est couplée à l'oxydation de la matière organique (Canfield *et al.*, 2010; Thamdrup, 2012). Une alternative de dissimilation de produits d'azote réactif se retrouve chez le groupe bactérien des planctomycètes où l'oxydation du NH_4^+ est couplé à la réduction du nitrite pour former de l'hydrazine (N_2H_4) et ensuite de l'azote gazeux (Strous *et al.*, 2006), cette réaction est nommée anammox.

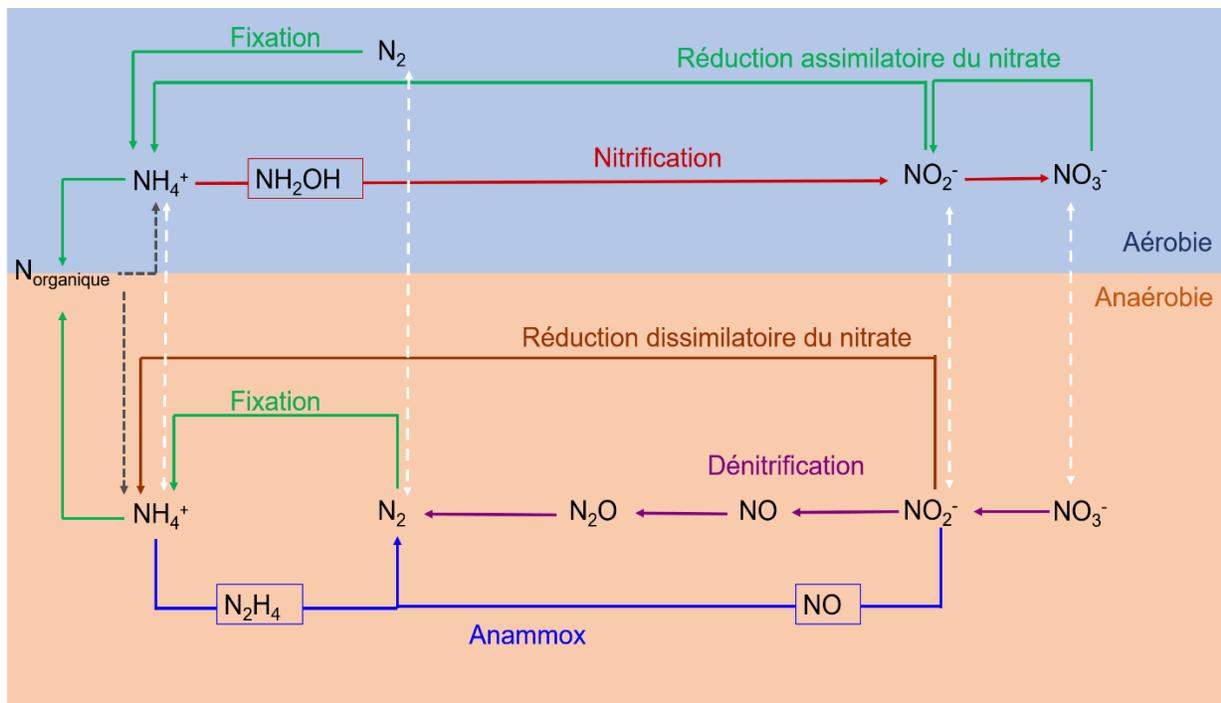


Figure 2.1 Cycle de l'azote

Figure modifiée de (Thamdrup, 2012). Les réactions symbolisées par des flèches vertes représentent les réactions assimilatoires classiques. Les réactions d'autres couleurs représentent des réactions dissimilatoires distinctes discutées dans la section 2.1. Les flèches grises pointillées représentent le retour de l'ammonium dans l'environnement par la mort et la dégradation des organismes. Les flèches blanches représentent les échanges ou transports effectués entre les environnements aérobie et anaérobie. Les réactions se dirigeant vers la droite de la figure sont des réactions d'oxydation alors que les réactions pointant vers la gauche sont des réactions réduction.

2.2 Dénitrification

La dénitrification est la portion du cycle de l'azote où le nitrate est réduit en diazote gazeux en quatre étapes successives à l'aide d'enzymes spécifiques, effectuées par certains microorganismes. Elle est présente dans plusieurs habitats incluant les eaux et les sols et permet de retourner une grande quantité de l'azote fixée dans l'atmosphère. C'est une forme de respiration microbienne alternative, utilisée en absence d'oxygène. Le nitrate (NO_3^-) est réduit successivement en nitrite (NO_2^-), oxyde nitrique (NO), oxyde nitreux (N_2O) et diazote (N_2) par les enzymes respectives nitrate réductase, nitrite réductase, oxyde nitrique réductase et oxyde nitreux réductase (figure 2.2). Le nitrate et le nitrite sont sous forme d'anions alors que les trois derniers produits de la dénitrification sont des gaz.

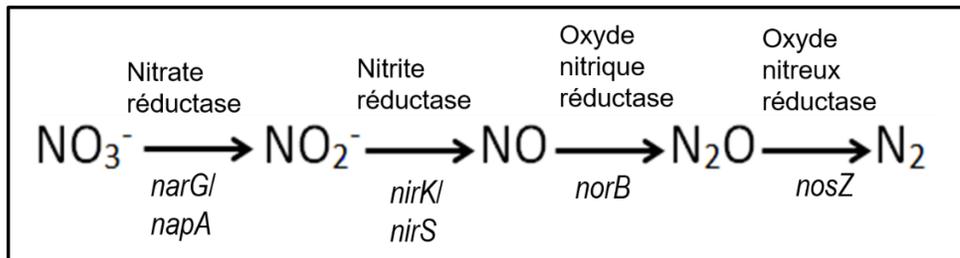


Figure 2.2 Les grandes étapes de la dénitrification

Les gènes codant pour les enzymes de réductions respectives sont inscrits sous les flèches représentant chacune des réactions.

De façon générale, les protéines nécessaires à la dénitrification sont produites seulement en conditions d'anoxie totale ou partielle. En majeure partie, la présence d'oxygène inhibe l'expression de cette voie métabolique. Lors de la respiration en utilisant des produits azotés comme accepteur d'électrons, plutôt que l'oxygène, moins de protons (H^+) sont pompés au travers la membrane cytoplasmique, ce qui réduit la force proton-motrice et diminue donc la quantité d'ATP synthétisée par les cellules. C'est pourquoi la respiration aérobie est favorisée (van Spanning *et al.*, 2007).

2.2.1 Enzymes impliquées dans la dénitrification

Nitrate réductase

Il existe trois types de nitrate réductases chez les procaryotes ; la nitrate réductase assimilatrice codée par les gènes *nas*, la nitrate réductase périplasmique codée par les gènes

nap et la nitrate réductase ancrée dans la membrane cytoplasmique codée par l'opéron *nar*. Elles sont toutes liées à un cofacteur Mo-*bis*-molybdopterin guanine dinucléotide (cofacteur MGD) et à au moins un centre fer-soufre 4Fe-4S (Richardson *et al.*, 2007).

Le système de réduction du nitrate assimilatrice est situé dans le cytoplasme et participe, comme son nom l'indique, à l'assimilation des produits azotés. Ce système est fonctionnel en présence de nitrate, en absence d'ammonium et en conditions aérobies ou anaérobies. Chez la bactérie *Paracoccus denitrificans*, bien étudiée pour son métabolisme de l'azote, la sous-unité NasC effectue la réduction du nitrate en nitrite et le nitrite est ensuite réduit en ammonium par la sous-unité NasD (Luque-Almagro *et al.*, 2011; Richardson *et al.*, 2007). Le système nitrate réductase codé par l'opéron *nap* peut être utilisé pour réduire le nitrate lors de la dénitrification ou lors de la réduction assimilatrice du nitrate. Ce système est situé dans le périplasme bactérien (Richardson, 2011).

Le système Nar est ancré dans la membrane cytoplasmique avec le site actif orienté vers le cytoplasme. Ce système peut être impliqué dans la dénitrification ou dans la respiration anaérobie où le nitrate est l'accepteur d'électrons final. Trois sous-unités catalytiques sont impliquées dans le système de réduction Nar : la sous-unité α (NarG) liée à un cofacteur MGD et contient un centre 4Fe-4S, la sous-unité β (NarH) possédant un centre 3Fe-4S et trois centres 4Fe-4S et la sous-unité transmembranaire γ (NarI) composée d'un bihème *b* oxydant l'ubiquinol (Richardson *et al.*, 2007). La sous-unité NarI reçoit les électrons par l'oxydation de l'ubiquinol et ceux-ci sont ensuite transférés à la sous-unité NarH via les centres Fer-Soufre puis à la sous-unité NarG où la réduction du nitrate en nitrite a lieu via le cofacteur MGD (figure 2.3) (Berks *et al.*, 1995; Moreno-Vivián *et al.*, 1999).

Nitrite réductase

La nitrite réductase est une enzyme clé de la dénitrification : elle entraîne la formation du premier produit sous forme gazeuse et toxique en grande concentration. Il existe deux familles de nitrite réductase, selon la nature de leur cofacteur ; les enzymes avec comme cofacteur le cuivre ou un hème forment respectivement les familles d'enzymes NirK (CuNIR) ou NirS (cd₁NIR). Les deux types d'enzymes Nir peuvent recevoir des électrons de cytochrome de type *c* ou de protéines avec un cofacteur cuivre tel l'azurin ou le pseudoazurin (Suzuki *et al.*, 2000).

L'enzyme de type NirK est hydrosoluble et située dans le périplasme. L'enzyme est un homotrimère, et contient deux centres cuivre de types 1 et 2. Le premier est lié au centre de chacun des monomères alors que le centre cuivre de type 2 est lié à l'interface de deux

monomères, pour un total de six centres cuivre. Les électrons reçus sont acheminés au centre cuivre de type 1 puis transférés au centre cuivre du type 2, le site actif, où la réduction du nitrite en oxyde nitrique a lieu (Suzuki *et al.*, 2000).

Oxyde nitrique réductase

L'oxyde nitrique produit par la réduction du nitrite, doit être rapidement réduit par les cellules, vue sa grande toxicité, par l'oxyde nitrique réductase. Lors de cette réaction, deux molécules d'oxyde nitrique sont réduites en une molécule d'oxyde nitreux et une molécule d'eau. Il existe trois types d'enzymes oxyde nitrique réductases bactériennes membranaires, cNOR, qNOR et qCU_ANOR. L'enzyme qNOR utilise des protéines quinones comme donneurs d'électrons et peut être retrouvés dans certains microorganismes dénitrifiants du sol ou dans des espèces pathogènes ou elle joue un rôle de détoxification lors d'une défense impliquant la production d'oxyde nitrique par l'hôte (Hendriks *et al.*, 2000). Le type qCU_ANOR est retrouvé chez une seule espèce bactérienne ; *Bacillus azotoformans* et peut être utilisée pour des fonctions bioénergétique ou de détoxification, dépendamment de quelle est sa source d'électrons (Suharti & de Vries, 2005; Suharti *et al.*, 2001).

L'enzyme de type cNOR est la plus étudiée : elle est transmembranaire et son site catalytique est orienté vers le périplasma. Chez *Paracoccus denitrificans*, elle est formée d'un hétérotétramère de deux sous-unités, NorB et NorC qui sont responsables de l'activité catalytique. La sous-unité NorC est un cytochrome de type c, contenant un groupe hème c, périplasmique dont le rôle est d'accepter les électrons provenant des donneurs d'électrons périplasmiques, le pseudoazurin ou un cytochrome de type c. Les électrons sont ensuite transférés au site actif, où l'oxyde nitrique est réduit en oxyde nitreux, se trouvant dans la sous-unité NorB contenant un double centre Fer dont l'un est compris dans un hème b (Hendriks *et al.*, 1998; Suharti de Vries & Pouvreau, 2007).

Oxyde nitreux réductase

La réduction de l'oxyde nitreux est la dernière étape de la dénitrification et permet le retour du N₂ dans l'atmosphère. La respiration de l'oxyde nitreux est retrouvée chez plusieurs organismes dans des milieux variés, allant des habitats extrêmes aux environnements marins, sédiments et sols contaminés. La réaction est effectuée par l'enzyme NosZ, qui se retrouve sous forme d'homodimère dans le périplasma. Chacun des monomères contient généralement deux centres liants de multiples atomes de cuivres ; les centres Cu_A et Cu_Z (Zumft & Körner, 2007). Les principaux donneurs d'électrons sont le cytochrome c₅₅₀ et le pseudoazurin (Berks *et al.*,

1995). Les électrons sont premièrement accueillis au centre Cu_A , puis sont transférés au centre Cu_Z du monomère opposé où la réaction de réduction de l'oxyde nitreux en azote gazeux a lieu (Chan *et al.*, 2004).

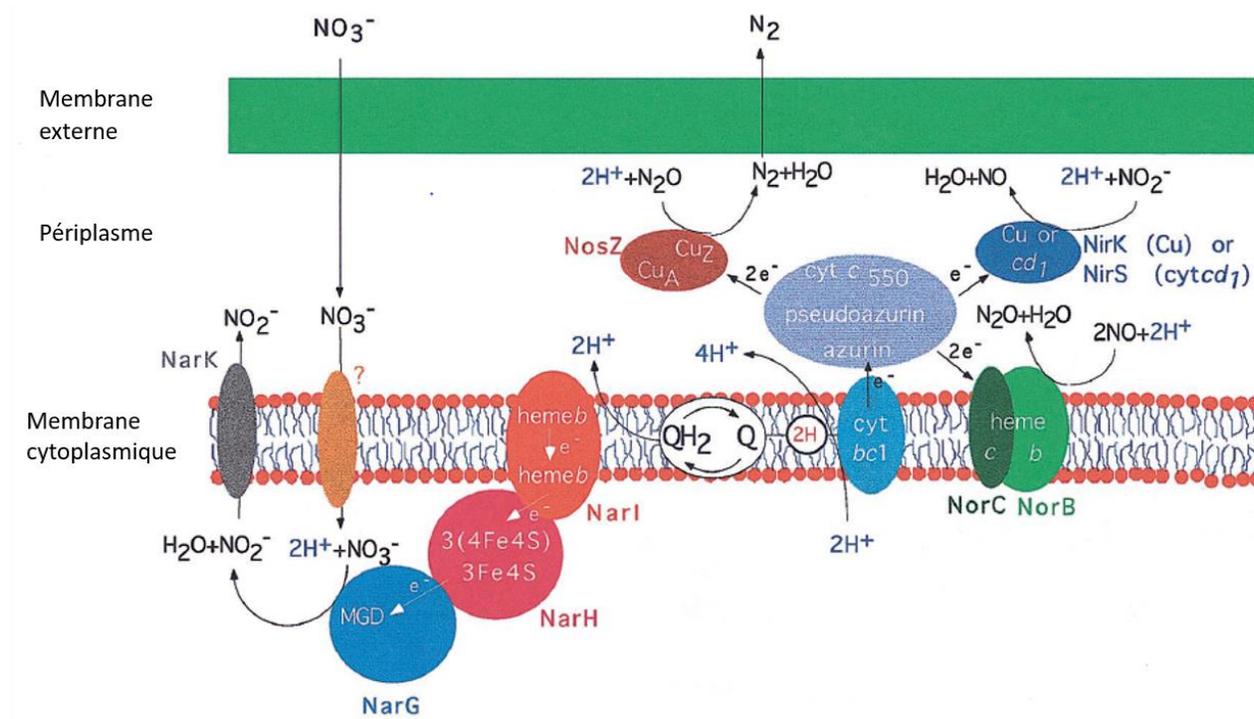


Figure 2.3 Les enzymes impliquées dans la dénitrification

Figure modifiée de (Moreno-Vivián *et al.*, 1999). Exemple de système de dénitrification comprenant l'îlot de réduction du nitrate NarG et l'îlot de réduction de l'oxyde nitrique cNor. Cyt : cytochrome.

Transport

Étant donné la position des enzymes dénitrifiantes de réduction du nitrate et de nitrite, le transport des ions nitrate et nitrite est nécessaire afin d'atteindre le cytoplasme des cellules. Chez les bactéries capables de réduction dissimilatoire du nitrate, telle la dénitrification, il est reconnu que les protéines de la famille NarK (faisant partie de la famille des *Major Facilitator Superfamily*) ont un rôle à jouer dans le transport du nitrate et du nitrite. Il est fréquent de rencontrer un homologue du gène *narK* en amont de l'îlot de gènes codant pour le système de nitrate réductase (*narGHJI*) (Moir & Wood, 2001). Certaines études ont démontré que le système NarK est un antiporteur, capable autant de transporter le nitrate et le nitrite, chez *Escherichia coli* et *Paracoccus pantotrophus*. Dans le cas de la dénitrification, ce système permettrait d'acheminer le nitrate dans le cytoplasme où il est réduit en nitrite, puis de retraverser la membrane

cytoplasmique pour retourner le nitrite dans le périplasma où se trouve la nitrite réductase (Fukuda *et al.*, 2015; Wood *et al.*, 2002).

Régulation de la dénitrification

La majorité des bactéries dénitrifiantes sont des organismes anaérobies facultatifs : leur système respiratoire est organisé pour fonctionner préférentiellement avec l'oxygène comme accepteur d'électrons puisque cela permet une plus grande production d'énergie. Les enzymes de dénitrification sont exprimées lorsque la concentration d'oxygène est limitante et qu'il y a présence de molécules azotées pouvant faire office d'accepteur d'électrons ou s'il y a accumulation de molécules azotées toxiques (Zumft, 1997).

Il existe deux types de régulateurs sensibles à l'oxygène : les systèmes FixL et FNR, tous deux sont des régulateurs de la transcription. Le plus répandu, le système FNR, est actif en absence d'oxygène : il se lie à l'ADN en amont du site de fixation de l'ARN polymérase afin de promouvoir la transcription des gènes cibles en aval (van Spanning *et al.*, 2007). La présence d'oxygène pourrait aussi jouer un rôle inhibiteur indirect sur les transporteurs de nitrate empêchant son entrée dans le cytoplasme (Ferguson, 1994).

Les senseurs de nitrate et nitrite de type NarXL et NarQP ont des modes d'action similaires avec des affinités préférentielles pour le nitrate (NarX) et le nitrite (NarQ). NarX et NarQ sont les senseurs et NarL et NarP induisent la réponse en se liant à l'ADN et en induisant l'expression de la nitrate et nitrite réductase ou en inhibant l'expression d'enzymes respiratoires alternatives. Le senseur de nitrate et nitrite de type NarR, est un régulateur de transcription de type FNR, comme mentionné ci-haut, mais actif lorsqu'il se retrouve en présence de nitrate ou nitrite. Il existe également deux types de régulateurs sensibles à l'oxyde nitrique : les systèmes NNR et NorR. Ceux-ci agissent en rétroaction : la présence d'oxyde nitrique stimule l'expression des systèmes Nir et Nor de réduction du nitrite et de l'oxyde nitrique. Le système NNR est aussi un régulateur de transcription de type FNR actif en présence d'oxyde nitrique et est présent chez presque tous les microorganismes possédant les gènes *nir* et *nor*. Le système NorR est aussi un régulateur de transcription, appartenant à la famille des régulateurs de réponse NtrC (van Spanning *et al.*, 2007).

2.2.2 Bioprocédés de dénitrification

Les systèmes de dénitrifications biologiques sont largement employés pour retirer le nitrate lors de traitements des eaux usées et sont rencontrés sous forme de boues activées, où

les microorganismes sont libres, ou en systèmes employant un biofilm. L'utilisation de systèmes à biofilm est souvent favorisée puisque qu'ils demandent moins d'équipements et d'entretien, sont moins énergivores et sont plus aptes à s'adapter rapidement à l'arrivée massive et rapide de nouveaux déchets. Les bioréacteurs à biofilm peuvent être divisés en deux catégories : à lit fixe ou à lit mobile. Un exemple d'un système à lit mobile est le bioréacteur à lit fluidisé. Dans ce type de réacteur, un biofilm colonise de petits supports qui voyagent librement dans le milieu. Le mouvement est créé par aération, ou dans le cas de bioréacteur en anaérobiose, par mélangeur mécanique (Rodgers & Zhan, 2003).

Les bioréacteurs dénitrifiants sont largement utilisés dans le traitement des eaux usées municipales et industrielles, mais plus rarement en milieu d'eau salée. Dans des infrastructures à circuit fermé où l'eau est recircularisée, comme les aquariums ou les bassins d'aquaculture, il n'est pas rare de voir s'accumuler le nitrate. Ce nitrate provient de la dégradation de la matière organique des animaux présents. En eau douce, il est relativement facile de faire des changements d'eau, mais le coût élevé de production de l'eau salée dans des systèmes artificiels rend ces changements très dispendieux. L'installation de bioréacteurs dénitrifiants est donc une option intéressante pour palier à ce problème. L'implantation de bioréacteur dénitrifiant en milieu salé s'est montrée fructueuse pour quelques systèmes : pour le traitement d'un bassin de 2,9 millions de litres d'eau salée à l'aquarium du New-Jersey (Grguric *et al.*, 2000), pour traiter des eaux usées industrielles ayant une teneur très élevée en nitrate et en sel (Glass & Silverstein, 1999), pour traiter l'eau d'un bassin d'aquaculture (Soto *et al.*, 2002) et pour traiter les eaux salées provenant d'égouts au Japon (Wang *et al.*, 2009).

2.3 Étude du biofilm dénitrifiant du Biodôme de Montréal

Le Biodôme de Montréal est un musée de sciences naturelles, ouvert depuis 1992, qui présente différentes reproductions d'écosystèmes comprenant une flore et faune diversifiées. Un des écosystèmes exposés est une représentation du Golfe du Saint-Laurent abritant une grande communauté de poissons, animaux et invertébrés et comprenant un aquarium de 2,5 millions de litres d'eau de mer artificielle (28 à 30 mg sel/L), maintenu à 10 °C (www.espacepouirlavie.ca). L'eau de mer est préparée à partir d'un mélange salé commercial, l'Instant Ocean (Spectrum Brands, Blacksburg, États-Unis).

En 1998, la concentration en nitrate dans le bassin du mésocosme du Golfe du Saint-Laurent a atteint un niveau très élevé de 180 mg NO₃⁻-N/L. Dans l'estuaire du fleuve Saint-

Laurent, des mesures de la fin des années 1980, montrent que la concentration de nitrate est globalement sous 1 mg NO_3^- -N/L (Yeats, 1990). Il est habituel de voir des concentrations de nitrate plus élevées en aquarium ou systèmes fermés qu'en milieu naturel en raison de la recirculation constante de l'eau, de la dégradation des déchets des organismes et des surplus de nourriture. Pour les invertébrés et poissons de milieux marins, une concentration en nitrate de 20 mg NO_3^- -N/L est proposée comme maximale afin de n'engendrer aucune toxicité (Camargo *et al.*, 2005). La mort de plusieurs invertébrés et des problèmes de santé des poissons du Biodôme semblait être causé par l'augmentation rapide de la concentration de nitrate. Un système de dénitrification biologique a été installé en continu avec le système de traitement des eaux de l'aquarium en 1998 afin de corriger la situation.

Le système comprenait un désoxygénateur de 1000 L à lit fixe et un bioréacteur à lit fluidisé de 1000 L, un à la suite de l'autre, contenant des supports de plastiques poreux permettant la colonisation par des microorganismes (figure 2.4). Ces deux réacteurs étaient alimentés en méthanol (Labbé *et al.*, 2003). Le méthanol avait été choisi puisqu'il a été démontré efficace être dans des systèmes de dénitrification. Celui-ci permettait une faible accumulation de nitrite et produisait moins de biomasse diminuant donc les problèmes de colmatage (Gomez *et al.*, 2000; Müller-Belecke *et al.*, 2013). Les supports des bioréacteurs ont été colonisés naturellement par les microorganismes présents dans le bassin. Les microorganismes de premier réacteur consomment l'oxygène du milieu. L'eau sortant ainsi du désoxygénateur et allant vers le dénitrificateur était pauvre en O_2 . La quantité élevée de nitrate et l'absence d'oxygène sont des conditions de dénitrification idéales et ont favorisé l'implantation d'un biofilm dénitrifiant dans le deuxième bioréacteur.

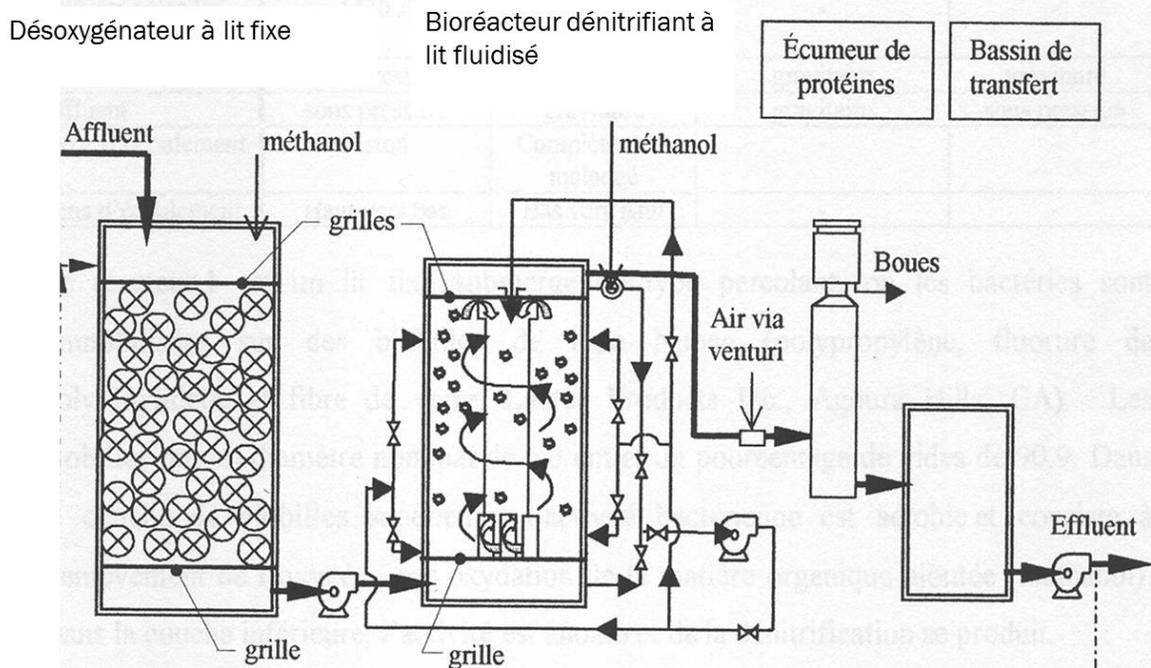


Figure 2.4 Représentation de la filière de dénitrification du mésocosme du Golfe du Saint-Laurent
L'eau filtrée arrive dans le désoxygénéateur et passe ensuite dans le bioréacteur dénitrifiant, puis
retourne dans le bassin. Figure tirée de (Sauvé, 2000).

La formation de biofilms par les microorganismes est un mode de vie très répandu, plus présent que le mode de vie planctonique. Un biofilm est une communauté microbienne, pouvant être constituée d'une ou plusieurs espèces procaryotes ou eucaryotes, entourée d'une matrice de polymères extracellulaires attachée à une surface quelconque. La vie en biofilm offre plusieurs avantages pour les bactéries : protection de prédateurs ou produits nocifs, accès et partage des ressources et diversification génétique (Donlan, 2002). Les cellules vivant dans un biofilm forment des microcolonies séparées entre elles par des canaux aqueux permettant le passage des nutriments, de l'oxygène et l'exportation des déchets (Lewandowski, 2005). La proximité des cellules permet aussi la conjugaison de plasmides et le transfert de gènes tels que des gènes de résistance à certains antibiotiques par exemple (Donlan, 2002). Cette proximité permet aussi une communication entre les cellules par le système de détection du quorum et a pour effet de réguler l'expression des gènes de bactéries sessiles différemment que de leurs homologues planctoniques. Plusieurs études ont démontré cette différence d'expression, notamment chez les bactéries *Pseudomonas aeruginosa* et *Escherichia coli* (Tremoulet *et al.*, 2002; Vilain *et al.*, 2004; Waite *et al.*, 2005).

2.3.1 Efficacité du biofilm dénitrifiant

Avec l'installation de la filière de dénitrification, le Biodôme espérait diminuer graduellement la concentration de nitrate à 20 mg NO_3^- -N/L dans le bassin du Saint-Laurent marin. Malheureusement, aucune baisse significative de la concentration du nitrate n'a été observée. Le Biodôme a fait intervenir des chercheurs ingénieurs de l'École Polytechnique de Montréal ainsi que le laboratoire du Prof. Villemur pour essayer de corriger la situation. Des essais d'ajout de métaux traces tel le fer et le manganèse ont permis une nette amélioration du taux de dénitrification (Labbe *et al.*, 2003). Il a été suggéré à l'époque que ces métaux sont essentiels aux réductases et leur ajout dans l'eau de mer, pauvre justement en ceux-ci, permettait un accroissement de l'activité enzymatique.

2.3.2 Diversité et composition microbienne du biofilm

Dans le but d'étudier la diversité microbienne du biofilm formé sur les supports du bioréacteur dénitrifiant de Biodôme, plusieurs méthodes de culture et de biologie moléculaire ont été employées. Premièrement, trois souches ont été obtenues lorsque la biomasse du biofilm a été étalée sur différentes géloses de milieux nutritifs. L'analyse des séquences du gène de l'ARN ribosomal (ARNr) 16S de ces souches a montré qu'elles appartenaient toutes à la classe des α -protéobactéries. La souche NL23, la plus abondante, a été affiliée au genre *Hyphomicrobium*. Elle est capable de faire la réduction complète du nitrate en N_2 . Afin d'identifier des bactéries non-cultivables, une librairie de séquences de gène de l'ARN ribosomal (ARNr) 16S a été développée suite à l'extraction de l'ADN totale du biofilm. Il a été estimé à 15 espèces les plus abondantes (>1%) la composition de la communauté bactérienne dans le biofilm. Plus de 70% des clones ont été toutefois affiliés au genre *Methylophaga* de la classe des γ -protéobactéries (Labbe *et al.*, 2003). Des expériences de FISH (hybridation *in situ* en fluorescence) sur la structure du biofilm et de qPCR avec des gènes spécifiques a mis en lumière que les genres associés aux *Hyphomicrobium* et *Methylophaga* constituait de 50 à 80% de la communauté du biofilm (Auclair *et al.*, 2012; Labbe *et al.*, 2007).

Des expériences de DNA-SIP (*stable isotope probing*) avec du méthanol ^{13}C a permis de déterminer que les bactéries affiliées au genre *Methylophaga* étaient également impliqués dans la dénitrification, ce qui n'avait jamais été reporté dans la littérature. Une souche associée au *Methylophaga*, appelé JAM1, a pu être isolée du biofilm. Des essais en culture liquide ont permis de constater que la souche JAM1 peut réduire le nitrate en présence ou en absence d'oxygène,

et qu'il y a une production équivalente de nitrite. L'utilisation d'amorces dégénérées de différents gènes de dénitrification a permis de détecter la présence de deux gènes *narG* permettant la réduction du nitrate chez la souche JAM1. Il a été suggéré à ce moment que le nitrite produit par la souche JAM1 est utilisé par d'autres microorganismes du biofilm, étant donné que ce dernier ne s'accumule pas à l'intérieur du bioréacteur (Auclair *et al.*, 2010).

2.3.3 *Hyphomicrobium nitratorans* NL23

Lors de l'analyse de diversité du biofilm, la souche NL23 avait été isolée sur une gélose de milieu R2A et le séquençage de son gène de l'ARNr 16S l'avait affilié au genre des *Hyphomicrobium* et avait montré une grande similarité de séquences (99,4 %) à *Hyphomicrobium zavarzinii* de la famille des α -protéobactéries (Labbe *et al.*, 2003). Par contre, un test d'hybridation ADN-ADN entre la souche NL23 et *H. zavarzinii* n'a montré que 12% d'appariement, ce qui en fait des espèces distincts selon le seuil de 70% minimum établi pour 2 génomes appartenant à la même espèce (Wayne *et al.*, 1987). Plusieurs tests physiologiques ont également permis de distinguer ces deux espèces : test de catalase, utilisation de différentes sources de carbone et conditions de croissances optimales à différents pH et concentration de NaCl. La souche NL23 a été décrite comme une nouvelle espèce par notre laboratoire : *Hyphomicrobium nitratorans* NL23 (Martineau *et al.*, 2013).

Le séquençage du génome de *Hyphomicrobium nitratorans* NL23 a permis de déterminer qu'il est constitué d'un chromosome d'une longueur de 3 653 837 paires de base (pb) (Martineau *et al.*, 2014). Le séquençage a permis de confirmer la présence de quatre cadres de lecture ouvert associés aux quatre enzymes permettant la réduction complète du nitrate en azote gazeux (Nap, Nir, Nor et Nos) (figure 2.5) (Auclair *et al.*, 2012; Martineau *et al.*, 2013). Lors des essais de RT-PCR sur l'ARN extrait du biofilm, seuls les transcrits associées aux gènes *nirK*, *cnorB* et *nosZ* ont été détectés : le gène *napA* n'étant pas ou peu exprimé (Auclair *et al.*, 2012).

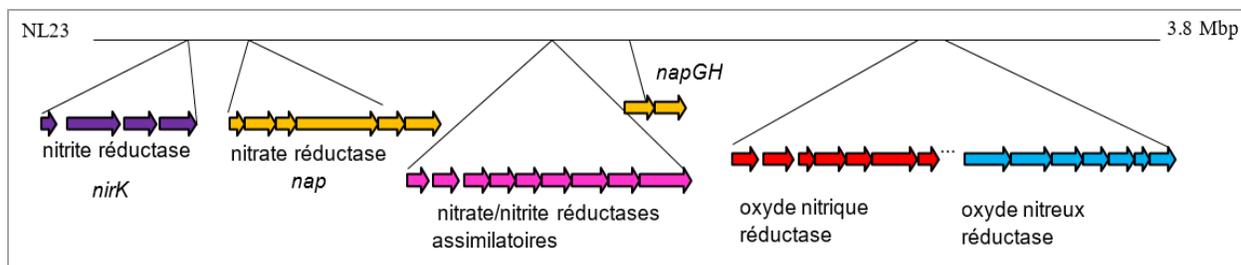


Figure 2.5 Arrangement chromosomique des opérons des gènes de dénitrification de *Hyphomicrobium nitrativorans* NL23

Figure fournie par Richard Villemur, communication personnelle.

2.3.4 Genre *Methylophaga*

Le genre *Methylophaga* initialement décrit en 1985 (Janvier *et al.*, 1985) compte à ce jour 10 espèces reconnues, dont deux ont été décrites par notre laboratoire : *M. nitratireducenticrescens* (voir section 2.3.4) et *M. frappieri* (Villeneuve *et al.*, 2013). Les autres espèces reconnues sont *M. marina*, *M. thalassica*, *M. alcalica*, *M. aminisulfidivorans*, *M. thiooxydans*, *M. sulfidovorans*, *M. muralis* et *M. lonarensis* (Antony *et al.*, 2012; Boden *et al.*, 2010; de Zwart *et al.*, 1996; Doronina *et al.*, 2003; Janvier *et al.*, 1985; Kim *et al.*, 2007). Les bactéries du genre *Methylophaga* sont des bâtonnets de type Gram négatif, motile par un flagelle polaire. Elles sont typiquement isolées d'environnements marins. Elles ont un besoin strict de NaCl pour pouvoir croître, elles sont oxydase et catalase positives. Elles utilisent les composés à un carbone comme source d'énergie et source de carbone et l'assimile par la voie du ribulose-monophosphate (RuMP), une variante de la voie d'Entner-Doudoroff. Certaines espèces sont auxotrophes pour la vitamine B12. Certaines espèces peuvent réduire le nitrate en nitrite, mais ne peuvent pas l'utiliser comme accepteur d'électrons en conditions anaérobies. Elles ne peuvent croître qu'en conditions strictement aérobies, excepté la nouvelle souche JAM1, découverte par notre laboratoire, qui peut utiliser le nitrate comme accepteur d'électrons et ainsi croître en conditions anaérobies (Boden, 2012).

2.3.5 *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1

La bactérie *M. nitratireducenticrescens* JAM1 est de type Gram négatif et a la forme d'un court bâtonnet (0,6 x 1,5 μm) (voir Annexe I). Les colonies formées sur des géloses de milieu *Methylophaga* 1403 (milieu proposé par l'ATCC), sont circulaires, de 2 à 3 mm de diamètre, lisses et convexes de couleur beige. Elle peut croître entre 15 et 37°C avec une température de

croissance optimale à 30°C. Elle peut croître dans un milieu au pH entre 6 et 11 avec un pH optimal de 8. Elle peut croître dans un milieu avec concentration de NaCl entre 0,5 et 7% avec une concentration en NaCl optimale de 3%. La souche JAM1 est sensible aux antibiotiques gentamicine, kanamycine, streptomycine, tétracycline et triméthoprim et est résistante à l'ampiciline et au chloramphénicol jusqu'à des concentrations de 500 µg/ml. La vitamine B₁₂ et des ions Na⁺ sont essentiels à sa croissance (Villeneuve *et al.*, 2013). Lors de la croissance en milieu liquide en conditions aérobies, il y a formation de floccs. Elle peut réduire le nitrate en nitrite en présence ou en absence d'oxygène et peut croître avec le nitrate comme accepteur final d'électrons. Une meilleure croissance a été observée en conditions aérobies et spécialement en absence de nitrate. Une diminution importante de la croissance a aussi été observée lorsque du nitrite est ajouté au milieu en début de culture (Auclair *et al.*, 2010).

Deux gènes *narG* codant pour les nitrates réductases de *M. nitratireducentiscrescens* JAM1 ont été détectés. Leur séquences en acide nucléiques est assez différentes (61% d'identité). Des analyses phylogénétiques ont démontré que la séquence du gène *narG1* à 88% d'identité à la séquence du gène *narG* de la bactérie *Thiobacillus denitrificans* ce qui suggère que ce gène aurait pu être acquis par transfert horizontal. Le gène *narG2* est affilié au γ-protéobactéries suggérant plutôt une présence indigène ou une acquisition provenant d'une bactérie de même classe. Des expériences par RT-PCR ont démontrés que les deux gènes sont exprimés de façon constitutive que ce soit en conditions aérobies ou anaérobies (Auclair *et al.*, 2010). Ceci s'est avéré surprenant, étant donné que la dénitrification est généralement finement régulée et est observée en absence d'oxygène. Des analyses de RT-PCR également, mais cette fois-ci effectuée avec le biofilm dénitrifiant, ont révélé que seul les transcrits du gène *narG1* étaient détectable, indiquant une probable différence dans la régulation des deux gènes *narG* (Auclair *et al.*, 2012). L'importance de chacun des deux gènes a été étudié en produisant des mutants knock-out de chacun des gènes. Ces expériences ont démontré que les deux gènes étaient importants pour la croissance de la souche JAM1 en conditions anaérobies. Le mutant JAM1Δ*narG1* a une réduction importante au niveau de taux de réduction du nitrate, alors que le mutant JAM1Δ*narG2*, montre le même taux de réduction que la souche sauvage mais avec un temps de latence de 20 heures. De plus, l'absence du système Nar2 provoque une baisse dans l'expression des gènes du système Nar1. Ces résultats suggèrent que les gènes *nar1* codent pour la nitrate réductase principale de la souche JAM1 mais que Nar2 joue aussi un rôle important dans la régulation de ce dernier (Mauffrey *et al.*, 2015).

Le génome de *M. nitratireducentescens* JAM1 a été séquencé et consiste en un chromosome de 3 137 192 paires de bases (pb). Le génome comprend 3043 cadres de lecture ouvert, dont 2476 ont des fonctions prédites. Le séquençage a permis de confirmer la présence de deux opérons *nar*, deux opérons *nor* et un opéron *nos*, tous regroupés dans une région chromosomique de 67 kpb (figure 2.6) (Villeneuve et al., 2012).

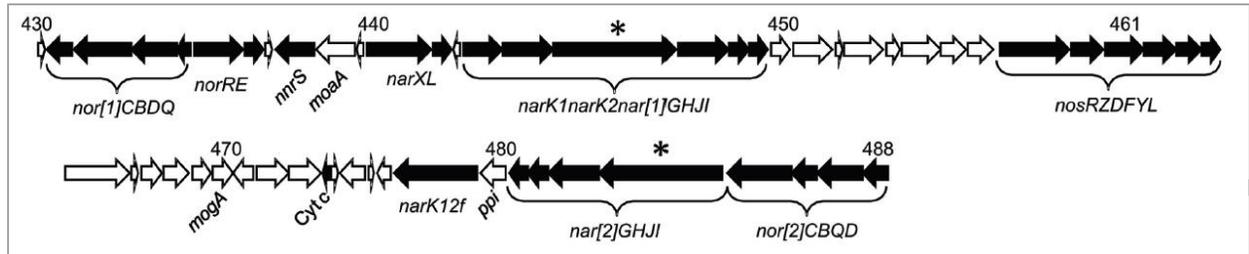


Figure 2.6 Arrangement chromosomique des opérons des gènes de dénitrification de *H. nitratireducentescens* JAM1

Figure tirée de (Mauffrey et al., 2015).

Comme mentionné précédemment, les bactéries *M. nitratireducentescens* JAM1 et *H. nitrativorans* NL23 sont les plus présentes dans le biofilm et sont les principales responsables de la dénitrification. Un modèle proposé par notre laboratoire est qu'il s'est installé une relation de syntrophie entre ces deux bactéries pour permettre une meilleure dénitrification. Il serait possible que le nitrite produit par la souche JAM1 en grande quantité soit utilisé par la souche NL23 et que cette dernière complète ainsi la dénitrification avec l'aide de la souche JAM1. En contrepartie, la souche JAM1 pourrait aider la souche NL23 à survivre aux conditions marines en produisant un osmo-protectant, comme l'ectoïne qu'elle produit. Effectivement, la souche NL23 est reconnue pour être intolérante aux milieux salés lorsque cultivée en cultures pures (Martineau et al., 2013).

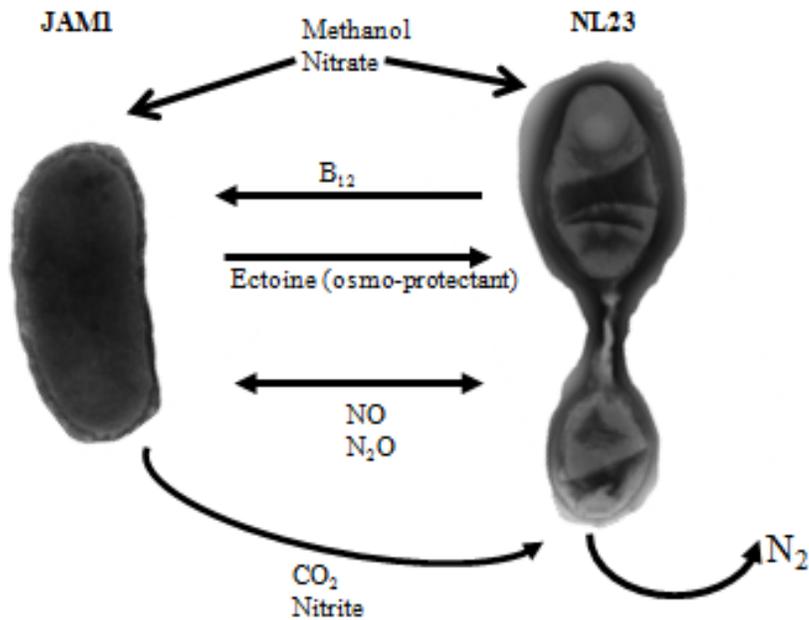


Figure 2.7 Interactions possibles entre les bactéries *M. nitratireducens* JAM1 et *H. nitrativorans* NL23

Figure tirée de (Payette, 2014). Modèle hypothétique représentant les interactions possibles entre la souche JAM1 et la souche NL23 à l'intérieur du biofilm de la filière de dénitrification du Biodôme de Montréal.

Malgré plusieurs études et interventions de la part de l'équipe de recherche à l'époque, le Biodôme a dû délaisser son système pour des raisons logistiques. En 2007, le laboratoire du Prof. Villemur a pu collecter la biomasse active du dénitrificateur et le préserver dans du glycérol à -20°C . Les études ultérieures à cette année ont porté sur le biofilm congelé et les souches isolées.

2.3.6 Découverte de la souche *Methylophaga* sp. GP59

Des expériences au laboratoire du Prof. Villemur par l'étudiante Geneviève Payette ont été effectuées pour tester la résilience du biofilm à des changements physico-chimiques tels la température, le pH, les concentrations de NaCl, de méthanol et de nitrate. Ces tests consistaient premièrement à disperser la population du biofilm et d'inoculer celle-ci dans du nouveau milieu avec des supports de type Bioflow en conditions anaérobies. Pour faire ces tests, un milieu de mer artificielle (EMS) (formulation en Annexe II) a dû être utilisé plutôt que le milieu Instant Ocean (IO) (formulation en Annexe III) du Biodôme, parce qu'il était plus facile de modifier les constituants de ce dernier. Ainsi, les supports seulement, avec le nouveau biofilm, ont été

transférés dans du milieu frais à chaque semaine pendant cinq semaines et du nitrate et du méthanol ont été ajoutés au besoin entre les repiquages hebdomadaires (figure 2.8). Comme contrôle, le même type d'expérience a été fait mais avec le milieu IO. Dans les deux cas et à la fin du 5^{ème} repiquage, un biofilm s'était établi. Une différence notable entre les deux types de cultures est que le taux de dénitrification du biofilm dans le milieu EMS était 2,5 fois plus rapide que celui du biofilm dans le milieu IO. Ce résultat s'expliquait par une meilleure croissance dans le milieu EMS que dans le milieu IO. En fait, le taux spécifique de dénitrification (calculé par unité de biomasse) était semblable entre les deux biofilms. En examinant la communauté bactérienne des deux biofilms (par qPCR et métaséquençage des gènes de l'ARNr 16S), G. Payette a observé que la concentration de la souche *Hyphomicrobium nitratorans* NL23 avait diminué drastiquement dans le biofilm développé dans le milieu EMS, mais que celle-ci s'est maintenue dans le biofilm développé dans le milieu IO (figure 2.9). La souche JAM1, par contre, s'est maintenue dans les deux types de biofilm.

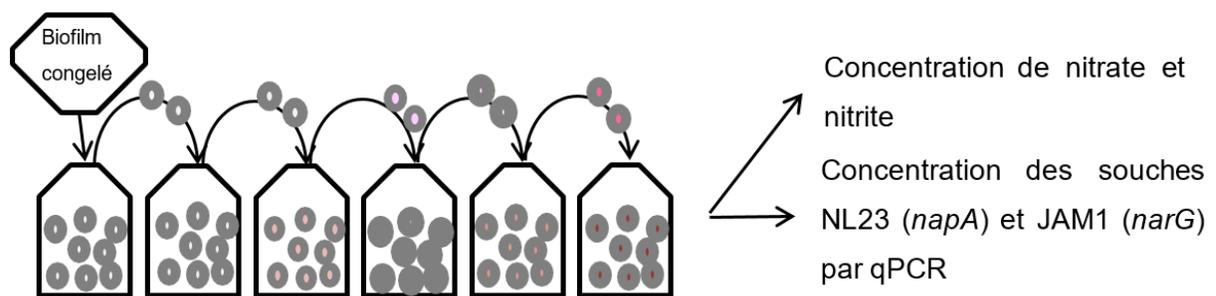


Figure 2.8 Schéma d'adaptation du biofilm congelé au milieu EMS

Figure tirée de (Payette, 2014).

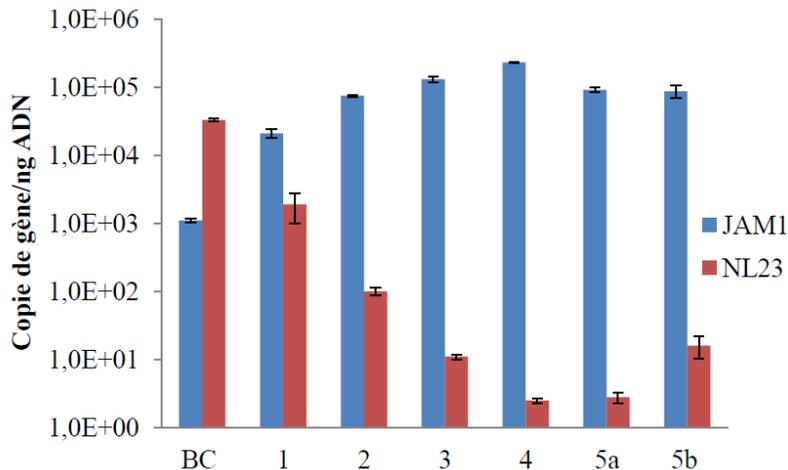


Figure 2.9 Quantification des souches *M. nitratireducenticrescens* JAM1 et *H. nitrativorans* NL23 après les repiquages hebdomadaires dans le milieu EMS

Figure tirée de (Payette, 2014). La quantification par qPCR a été effectuée en ciblant les gènes de la nitrate réductase de chacune des souches : *narG* pour la souche JAM1 et *napA* pour la souche NL23. BC : biofilm congelé. 1 à 5b : semaines 1 à 5, qPCR effectuée à partir de l'ADN extrait de biomasse en suspension. 5a : semaine 5, qPCR effectuée à partir de la biomasse grattée sur les supports.

La cinétique de dénitrification exécutée en milieu EMS frais effectuée à la cinquième semaine a montrée une réduction du nitrate et du nitrite similaire à celle observée dans le biofilm d'origine. Ce résultat semblait surprenant étant donné la disparition presque complète de la souche NL23 qui était la bactérie principale capable de dénitrification complète. Une hypothèse a été émise à l'époque que d'autres bactéries capables de dénitrification complète avaient remplacé la souche NL23 et/ou qu'une sous-population de la souche JAM1 capable de dénitrification complète est apparue dans le biofilm développé dans le milieu EMS. Cette hypothèse était basée sur le fait que la souche JAM1 possède toutes les enzymes de dénitrification exceptée la nitrite réductase, selon le séquençage de son génome. Le biofilm du cinquième repiquage développé dans le milieu EMS a été étalé sur des milieux de cultures gélosés et chaque colonie ayant un aspect différent a été analysée pour sa capacité de dénitrification et leur gène de l'ARNr 16S a été séquencé. Parmi les quelques souches capables de dénitrification complète, un isolat affilié à la souche JAM1 (séquence du gène de l'ARNr 16S à 100% d'identité), a été trouvé ; cette nouvelle souche a été nommée *Methylophaga* sp. GP59.

3 MATÉRIEL ET MÉTHODES

3.1 Préservation des souches

Les stocks de *M. nitratireducenticrescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 sont conservés dans un mélange de glycérol à -80 °C. Le stock que j'ai utilisé pour mes expériences a été produit à partir des stocks de Geneviève Payette. Une bouclée de stock congelé a étéensemencée dans 15 ml de milieu 1403 complet liquide et incubée pendant 3 jours, à 30 °C, en conditions aérobies, avec agitation à 150 rpm. Une bouclée de ce milieu liquide a été étalée sur une gélose de milieu 1403 complet et incubée à 30 °C, en conditions aérobies, pendant environ 1 semaine, afin de s'assurer qu'il n'y a pas de contamination. Une seule colonie a étéensemencée dans un bouillon de milieu 1403 complet et a été incubée à 30 °C pendant 3 jours en conditions aérobies. Ensuite, 1 ml de cette culture a étéensemencée dans 30 ml de milieu 1403 complet et incubée pendant environ 20 heures, jusqu'à ce que les cellules soient en phase exponentielle de croissance, à 30 °C, en conditions aérobies. La culture a été mélangée à volume 1 :1 avec une solution de glycérol 25% stérile et congelée à -80 °C dans des microtubes de congélation de 2ml.

3.2 Milieu de culture

Le milieu de culture methylophaga 1403 (American Type Culture Collection (ATCC), Manassas, États-Unis) a été utilisé pour la croissance des souches JAM1 et GP59. La base minérale de ce milieu est composée de 24g de NaCl, 3g de MgCl₂·6 H₂O, 2g de MgSO₄·7 H₂O, 0,5g de KCl, 1g de CaCl₂, et 0,5g de Bis-Tris pour 990ml d'eau osmose inverse. Le pH a été ajusté à 8 par l'ajout de NaOH. La solution a ensuite été autoclavée à 121°C pendant 60 minutes. Ensuite 3ml de méthanol filtré par une filtre 0.2µM, 1ml de solution de vitamine B₁₂ 0,1mg/ml filtrée, 20ml de solution T (ATCC) stérile et 10ml de solution de Wolf (ATCC) stérile ont été ajoutés. La solution T est composée de 0,7g de KH₂PO₄, 10g de NH₄Cl, 10g de Bis-Tris et 0,3g de citrate d'ammonium ferrique pour 100ml d'eau osmose inverse. La solution de Wolf est composée de 1,5g d'acide nitriloacétique, 3g de MgSO₄·7 H₂O, 0,5g de MnSO₄·H₂O, 1g de NaCl, 0,1g de FeSO₄·7 H₂O, 0,1g de CoCl₂·6 H₂O, 0,1g de CaCl₂, 0,1g de ZnSO₄·7 H₂O, 0,01g de

CuSO₄·5 H₂O, 0,01g de AlK(SO₄)₂·12 H₂O, 0,01g de H₃BO₃ et 0,01g de Na₂MoO₄·2 H₂O pour 1 litre d'eau osmose inverse. La solution T et la solution de Wolf ont été autoclavées à 121°C pendant 60 minutes. Du nitrate peut être ajouté selon les expériences, sous forme de NaNO₃.

Pour faire les géloses de milieu methylophaga 1403, une solution de base minérale concentrée 2X et une solution d'agar 3% de même volume ont été autoclavées séparément. Les deux solutions ont été réunies et le méthanol, la solution de vitamine B₁₂, la solution T et la solution de Wolf ont été ajoutées stérilement. Environ 15 ml de milieu ont ensuite été distribués dans des boîtes de Pétri.

3.3 Production des précultures

Afin que les triplicatas de chacune des expériences aient un inoculum de départ équivalent, un système de précultures a été établi et pour toutes les expériences. Une bouclée de stock congelé de *Methylophaga* spp. a été étalée sur une gélose methylophaga 1403 et incubée à 30°C, en conditions aérobies durant 1 semaine. La préculture 1 est constituée de 15ml de milieu methylophaga 1403 complet, a étéensemencée d'une colonie, dans un flasque Erlenmeyer de 250ml. La préculture 1 a été incubée à 30°C, en conditions aérobies, sous agitation à 150 rpm pendant 3 jours. La préculture 2 est constituée de 30ml de milieu methylophaga 1403 complet et a étéensemencée de 1ml de la préculture 1. La préculture 2 a été incubée à 30°C, en conditions aérobies, sous agitation à 150 rpm, pendant environ 20 heures, afin de s'assurer que la culture soit en phase exponentielle de croissance. La préculture 2 a été homogénéisée à l'aide d'un homogénéisateur de type Potter-Elvehjem, afin de défaire les floccs que les souches produisent en phase exponentielle et d'avoir une lecture de densité optique (600 nm) valable par spectrophotométrie.

3.4 Paramètres optimaux de croissance

Les profils de croissance selon trois paramètres ont été déterminés pour la souche *Methylophaga* sp. GP59 et confirmés pour la souche *M. nitratireducenticresceens* JAM1. Ces paramètres avaient été étudiés précédemment pour la souche JAM1 (Villeneuve, 2012), mais ont été réétudiés simultanément à la souche GP59 afin de bien pouvoir comparer les résultats. Les paramètres étudiés sont la température de croissance, entre 15 et 37 °C, le pH, entre 5 et 11 et le % de NaCl dans le milieu de culture, entre 0 et 10%. Un paramètre à la fois est étudié, alors

que les deux autres demeurent stables aux conditions optimales de croissance de la souche JAM1 déjà déterminées, soit ; 30 °C, pH 8 et 2.4% de NaCl.

3.4.1 Concentration protéique

Le calcul de la concentration protéique par la méthode de Bradford permet d'évaluer et de faire un suivi de la croissance bactérienne en calculant la concentration de protéines solubilisées dans le milieu de culture.

Les températures de 15, 22, 30, 34 et 37°C ont été testées en triplicata avec un témoin négatif non-inoculé pour chaque température testée. Chaque flasque Erlenmeyer contenant 30ml de milieu 1403 complet a été inoculée avec la préculture 2 (section 3.3) pour atteindre une densité optique initiale (600 nm) de 0,025. Les échantillons ont été incubés 48 heures, avec agitation à 150 rpm et en conditions aérobies. La concentration protéique a été mesurée à l'inoculation et après 48 heures.

Concernant les tests de pH, une gamme de pH 6 à 11 (6, 7, 8, 9, 10 et 11) a été testée en triplicata avec un témoin négatif non-inoculé pour chacun des pH. La base minérale de milieu methylophaga 1403 a été ajustée aux différents pH avec du NaOH ou du HCl. Après la stérilisation, le milieu a été complété et le pH mesuré à nouveau. Le volume total de la préculture 2 a été centrifugé (8 minutes à 8000 g) et lavé dans une solution saline (0,85% NaCl) deux fois. Suivant la deuxième centrifugation, le culot a été dispersé dans un demi volume de solution saline afin de concentrer la préculture 2, et l'utiliser pour l'inoculation. Chaque éprouvette contenant 5 ml de milieu a été inoculée avec la préculture 2 pour atteindre une densité optique initiale (600 nm) de 0,025. Les échantillons ont été incubés 48 heures, avec agitation à 150 rpm et en conditions aérobies. La concentration protéique a été mesurée à l'inoculation et après 48 heures. Le pH a également été mesuré après 48 heures d'incubation.

Une gamme de 0 à 10% (0, 1, 3, 5, 8 et 10%) de NaCl a été testée en triplicata avec un témoin négatif non-inoculé pour chacun des pourcentages testés. La préparation de l'inoculum et le suivi de la culture ont été effectués comme décrit au paragraphe précédent, excepté que les lavages des cellules ont été faits dans du milieu Methylophaga sans NaCl.

La concentration protéique a été mesurée avec la trousse Bio-Rad Protein Assay (Bio-Rad, Californie, États-Unis). Après homogénéisation des cultures, 1ml a été récolté et centrifugé. Le culot a été dispersé dans 1ml de NaOH 0,1M, vortexé et incubé 30 minutes dans un bloc chauffant à 70°C. Les échantillons ont été vortexés et incubés 30 minutes supplémentaires à

70°C. Les échantillons ont été dilués selon le volume du culot bactérien. La courbe d'étalonnage a été effectuée avec la solution d'albumine de sérum bovin dans une gamme de 0 à 50 µg/ml, dilué dans du NaOH 0.1M. Des triplicatas des solutions étalons et des échantillons ont été distribués dans une plaque de 96 puits, à raison de 160µl et le colorant Protein Assay Dye Reagent (40 µl) a été ajouté à tous les puits. Après un temps de repos de 5 minutes, la plaque a été lue au lecteur Cytation3 Imaging reader (BioTek, Winooski, États-Unis) à une longueur d'onde 595nm. La concentration protéique des échantillons a été calculée selon la courbe standard et en prenant compte des dilutions effectuées si nécessaire. La concentration protéique calculée après l'inoculation au temps initial a été soustraite du résultat des 48 heures d'incubation.

3.4.2 Bioscreen

La cinétique de croissance a été également suivie de façon plus précise à l'aide de l'incubateur Bioscreen C (Oy Growth Curves Ab Ltd, Helsinki, Finlande) pour tester les mêmes paramètres de croissance. Cet appareil est un incubateur pouvant accueillir deux plaques de 100 puits et est également un spectrophotomètre permettant de mesurer la densité optique dans chacun des puits à des temps rapprochés. Chacun des puits contenant 200 µl ont été inoculé avec la préculture 2 (section 3.3) afin d'atteindre une densité optique de 0,1.

Les températures de 22, 30, 34 et 37°C ont été testées afin de confirmer quelle est la température de croissance optimale. Des courbes de croissance pour les pH 6, 7, 8, 9 et 10 ont été produites. La base minérale de milieu methylophaga 1403 a été ajustée aux différents pH avec du NaOH ou du HCl. Après la stérilisation, le milieu a été complété et le pH mesuré à nouveau. La préculture 2 a été lavée et concentrée dans la solution saline comme expliqué à la section 3.4.1. Des courbes de croissance pour 0, 1, 3, 5, 8 et 10% de NaCl ont été produites. La préculture 2 a été lavée et concentrée dans le milieu methylophaga 1403 sans NaCl, comme expliqué dans la section 3.4.1.

Chaque condition a été testée en réplica de sept puits et avec trois témoins négatifs non-inoculés. Les plaques ont été incubées pendant 72 heures, à agitation moyenne, en conditions aérobies et avec lecture de densité optique à toutes les 30 minutes. La longueur d'onde « wide band » (420-580nm) a été utilisée pour mesurer la turbidité des puits. Ce filtre de type lumière blanche n'est pas affecté par un changement de couleur dans le milieu, comme pourrait l'être un filtre d'une longueur d'onde précise et est donc habituellement utilisé pour les mesures de croissances bactériennes.

3.5 Mesure du taux de dénitrification

Plusieurs concentrations de nitrate (NO_3^-) initiales ont été testées afin de vérifier jusqu'à quelle concentration les souches JAM1 et GP59 peuvent retirer le nitrate complètement et si cela aurait une incidence sur la vitesse de croissance ou de réduction du nitrate. Des tests ont été fait en conditions aérobies et en conditions dénitrifiantes, avec des concentrations en nitrate initiales allant de 135 à 2000 mg N/L (équivalent de 9,67 à 142,79 mM NO_3^-). Les différentes concentrations de nitrate ont été testées en triplicata avec un témoin négatif non-inoculé pour chaque concentration.

La densité optique de la préculture 2 (section 3.3) a été mesurée (600 nm) avec le spectrophotomètre Milton Roy Spectronic 1001+ et tous les échantillons ont été inoculés afin d'obtenir une densité optique initiale de 0,025. Les essais aérobies ont été faits en erlenmeyer de 125 ml dans 30 ml de milieu 1403 complet additionné de nitrate, à 30 °C sous agitation à 150 rpm. Les tests en conditions dénitrifiantes ont été faits dans des fioles de 60 ml fermés hermétiquement avec des bouchons de caoutchouc et barbotés à l'azote 10 minutes afin de retirer l'oxygène du milieu. Les fioles contenaient également 30 ml de milieu 1403 complet additionné de nitrate et ont été incubés à 30 °C. Afin de conserver un environnement sans oxygène, l'échantillonnage des fioles a été effectué à l'aide de seringues et d'aiguilles. La croissance a été suivie par densité optique grâce au spectrophotomètre Milton Roy Spectronic 1001+. Pour ces expériences, la croissance a été suivie par densité optique uniquement, et non par mesure de la concentration protéique comme c'était le cas pour la détermination des paramètres optimaux de croissance, pour des fins pratiques vue le très grand nombre d'échantillons. Des échantillons ont été récoltés à plusieurs moments durant la croissance, centrifugés afin de retirer la charge bactérienne et congelés si la mesure d'ions ne pouvait pas être effectuée immédiatement. La concentration d'ions nitrate et nitrite a été mesurée par le chromatographe ionique 850 Professional IC avec la colonne échangeuse d'anion Metrosep A Supp 5 de 250 x 4 mm (Metrohm, Herisau, Suisse). Les échantillons testés sont dilués par l'appareil et circulent dans la colonne ou les anions NO_3^- et NO_2^- seront retenus. L'éluant composé de Na_2CO_3 3,2 mM et NaHCO_3 1 mM circule également dans la colonne afin de faire compétition au nitrate et nitrite et ainsi faire éluer ceux-ci qui seront détectés par le détecteur «887 Professional UV/Vis Detector». Le programme MagIC Net 2.3 calcul la concentration de nitrate et nitrite en ppm selon le volume d'élution de chacun des anions.

Les courbes de croissance et de réduction du nitrate ont été produites à partir des moyennes des triplicatas de densité optique et de concentration d'ions à chaque point d'échantillonnage avec le programme Microsoft Excel. Les deux points aux extrémités de la portion linéaire ont été utilisés pour en calculer la pente selon l'équation 1.

Équation 1 Calcul de la vitesse de croissance et de réduction du nitrate

$$\left| \frac{(y_2 - y_1)}{(x_2 - x_1)} \right| = \text{vitesse}$$

Où : y_2 et y_1 représente les valeurs de densité optique ou de concentration de nitrate et x_2 et x_1 représente les valeurs de temps.

La valeur de la pente de la portion linéaire des courbes de croissance ou de réduction du nitrate représente la vitesse de croissance (h^{-1}) ou la vitesse de réduction du nitrate (mg N/L h^{-1}).

3.6 Suivi de production d'oxyde nitreux

Lors des tests précédents, seules les concentrations de nitrate et de nitrite ont été mesurées. Pour le test suivant, la concentration des ions a été mesurée mais également la production d'oxyde nitreux a été suivie pour vérifier la cinétique de dénitrification complète de *Methylophaga* sp. GP59. La concentration initiale en nitrate a été fixée à 300 mg N/L, une valeur utilisée comme valeur de base dans notre laboratoire.

La densité optique (600 nm) de la préculture 2 (section 3.3) a été mesurée avec le spectrophotomètre Milton Roy Spectronic 1001+ et tous les échantillons ont été inoculés afin d'obtenir une densité optique initiale de 0,025. Ces tests ont été effectués dans des bouteilles de 720 ml contenant 60 ml de milieu methylophaga 1403 complet additionné de nitrate, en conditions anaérobies, barbotées à l'azote pendant 20 minutes, afin d'avoir suffisamment d'espace pour pouvoir récolter la phase gazeuse lors des échantillonnages. Ces bouteilles sont équipées de bouchons vissables avec un septum de caoutchouc permettant la prise d'échantillons à l'aide d'aiguilles et seringues. Afin de s'assurer qu'il n'y ait pas d'entrée d'oxygène, les échantillonnages ont été effectués en atmosphère d'azote à l'intérieur d'un «glovebag » (Glas-Col LLC, Terre-Haute, États-Unis). Ce test a été effectué en triplicat et avec trois témoins négatifs non-inoculés. La croissance a été suivie par densité optique avec le spectrophotomètre Milton Roy Spectronic 1001+. Des échantillons ont été récoltés à plusieurs moments durant la croissance, centrifugés afin de retirer la charge bactérienne et congelés si la

mesure d'ions ne pouvait pas être effectuée immédiatement. La concentration d'ions nitrate et nitrite a été mesurée par le chromatographe ionique 850 Professional IC IC avec la colonne échangeuse d'anion Metrosep A Supp 5 de 250 x 4 mm (Metrohm, Herisau, Suisse). La concentration d'oxyde nitreux a été mesurée par le chromatographe en phase gazeuse Agilent technologies 7890B GC avec la colonne Haye Sep Q80/100 (Agilent Technologies, Santa Clara, États-Unis). La quantité totale d'oxyde nitreux en mole dans les bouteilles de cultures (phase aqueuse et gazeuse) a été calculée selon l'équation 2 (Mauffrey *et al.*, 2017).

Équation 2 Calcul de la quantité totale d'oxyde nitreux

$$X_{N_2O} = [K_{cpH30sw} * A * P * V_l]_{aq} + \left[A * \frac{V_g}{V_n} \right]_{gaz}$$

Où: **A** : la rapport de mélange du N₂O mesuré dans l'espace gazeux (en ppmv/10⁶), **P** : 1atm, **V_l** et **V_g**: volume de la phase aqueuse (0,06L) et gazeuse respectivement (0,066L) et **V_n** : volume molaire [RT : constante gazeuse (0,08206 L atm K⁻¹ mole⁻¹) * 303K = 24,8864 L mole⁻¹]. **K_{H30sw}** est la constante d'Henry corrigée pour l'eau de mer et à 30°C (0,01809 mole L⁻¹ atm⁻¹) selon (Weiss & Price, 1980).

La concentration d'oxyde nitreux (X_{N₂O}) a ensuite été convertie en mg N/vial pour faciliter la comparaison avec les autres produits de dénitrification selon l'équation 3.

Équation 3 Conversion de la quantité totale d'oxyde nitreux en mg N/vial

$$X_N = X_{N_2O} \left[\frac{2N}{N_2O} \right] [0,014 \text{ mg} - N \mu\text{mole}^{-1}]$$

3.7 Caractérisation microbiologique

Le stock congelé a été étalé sur une gélose de milieu methylophaga 1403 complet et incubé pendant 5 jours, en conditions aérobies afin de permettre l'observation des colonies.

Les cellules de la préculture 2 (section 3.3) ont été observées par le service de microscopie de l'Institut Armand-Frappier équipé d'un microscope électronique à transmission Hitachi H-7000. Les cellules ont été précipitées sur une grille de cuivre recouverte de formvar-carbone dans une ultra-centrifugeuse Airfuge (Beckman Coulter, Indianapolis, États-Unis) à environ 25 psi pendant 5 minutes. La grille a ensuite été déposée sur une goutte d'acide phosphotungstique (PTA) 1% à pH 6 pendant environ 1 minute puis asséchée et a pu être observée. Les ions métalliques du colorant PTA se lient aux différentes charges négatives

composant les cellules et empêchent le passage du flux d'électrons permettant un contraste négatif facilitant la visualisation des cellules (Alain *et al.*, 1989).

Le test de Gram a été effectué en étalant une colonie dans une goutte d'eau sur une lame de microscope, en fixant celle-ci à la flamme et la coloration a été effectuée avec les colorants de la trousse «Gram Staining» (Sigma-Aldrich, Saint-Louis, États-Unis). La coloration a été effectuée comme suit avec un rinçage léger à l'eau entre chaque étape : crystal violet pendant 1 minute, iode pendant 1 minute, alcool pendant 30 secondes et safranine pendant 1 minute (Wiley *et al.*, 2010). La lame a été asséchée par légers tapotements et les résultats ont été visualisés avec un microscope Laborlux D de Leitz.

3.7.1 Résistance aux antibiotiques

Les antibiotiques suivants ont été testés dans différentes gammes de concentrations, entre 5 à 500 µg/ml de milieu de culture : gentamycine, streptomycine, tétracycline, kanamycine, triméthoprime, rifampycine, ampiciline et chloramphenicol. L'appareil Bioscreen décrit à la section 3.4.2 a également été utilisé pour ces tests. L'effet de ces antibiotiques a été testé sur la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 et avait été testé préalablement pour la souche JAM1. Après avoir comparé les résultats avec ceux de Céline Villeneuve (2012), quelques antibiotiques ont été testés de nouveau pour la souche JAM1, simultanément à la souche GP59 pour pouvoir les comparer correctement.

La densité optique (600 nm) de la préculture 2 homogénéisée (section 3.3) a été mesurée à l'aide du spectrophotomètre Milton Roy Spectronic 1001+ et la culture a été diluée avec du milieu 1403 complet pour atteindre une densité optique de 0,2. Chacun des antibiotiques a été mis en solution dans de l'eau stérile à de fortes concentrations; environ de 20 à 50 mg/ml. Des dilutions en série ont été effectuées dans le milieu 1403 complet afin d'atteindre les concentrations voulues à concentration 2X. Dans les puits pouvant accueillir 200 µl de milieu, 100 µl de préculture 2 à densité optique 0,2 et 100 µl de milieu 1403 avec antibiotiques à concentration 2X ont été mélangés. La densité optique initiale était donc de 0,1 dans tous les puits. Les concentrations testées spécifiquement pour chaque antibiotique sont inscrites dans le tableau 3.1. Les concentrations spécifiques ont été choisies selon les résultats obtenus pour la souche *M. nitratireducenticrescens* JAM1 par Céline Villeneuve (2012). Chaque concentration a été testée en réplica de 7 puits avec 3 puits témoins non-inoculés. Un témoin de 7 puits sans antibiotique a également été effectué afin de s'assurer de la bonne croissance des cultures.

Tableau 3.1 Concentrations testées pour déterminer la résistance aux antibiotiques des souches JAM1 et GP59

Antibiotique	Concentrations testées (µg/ml)
Gentamycine	5, 15, 30, 50
Streptomycine	5, 50, 100, 500
Tétracycline	5, 25, 50, 100, 500
Kanamycine	5, 50, 100, 500
Triméthoprime	5, 15, 25, 50
Rifampycine	5, 50, 100, 500
Ampiciline	5, 100, 300, 500
Chloramphenicol	5, 100, 300, 500

3.7.2 Source de carbone alternative

Le méthylamine a été testé comme source de carbone alternative au méthanol en culture liquide pour la bactérie *Methylophaga* sp. GP59. Pour ce faire, des flasques Erlenmeyers de 250 ml contenant 30 ml de milieu methylophaga 1403 complet ont été inoculées avec la préculture 2 à pour atteindre une DO initiale (600 nm) de 0,025, mais supplémenté en monoéthylamine, sans méthanol. L'expérience a été effectuée en triplicata, avec trois témoins de milieu methylophaga 1403 complet supplémenté en méthanol, en conditions aérobies, avec agitation à 150 rpm. La densité optique a été mesurée par spectrophotométrie après 48 heures et 7 jours de culture pour vérifier la présence de croissance.

3.8 Caractérisation génétique

3.8.1 Extraction et quantification d'ADN et d'ARN

Les extractions d'ARN effectuées dans le but d'étudier le transcriptome des souches *Methylophaga* GP59 et JAM1 ont été effectuées par d'autres étudiants du laboratoire. Voir l'annexe IV pour le protocole complet.

Extraction d'ADN de culture pure

Les extractions ont été effectuées en modifiant légèrement le protocole fourni avec la trousse DNeasy Blood & Tissue Extraction Kit de Qiagen (Qiagen, Hilden, Allemagne). Le culot d'environ 2 ml de préculture 2 (section 3.3) a été dissout dans 180 µl de tampon de lyse (20 mM Tris-HCl à pH 8,2, 2 mM EDTA, 1,2% triton et 5 mg/ml lysozyme) et chauffé à 37°C pendant 30 minutes. La protéinase K et la solution AL ont été ajoutés à raison de 25 µl et 200 µl respectivement, et le mélange a été chauffé à 56 °C pendant 30 minutes. Après avoir refroidi les tubes, 5 µl de RNase 10 mg/ml a été ajoutée. Les tubes ont été incubés 15 minutes à température pièce, 200µl d'éthanol a été ajouté et les tubes ont été vortexés. Le mélange a été transféré sur une colonne « DNeasy Mini Spin Columns » et a été centrifugé 1 minute à 8000 g. La colonne a été transférée dans un nouveau tube de récolte, 500 µl de solution AW1 a été ajoutée et la colonne a été centrifugée 1 minute à 8000 g. La colonne a été transférée dans un nouveau tube de récolte, 500 µl de solution AW2 a été ajoutée et la colonne a été centrifugée 3 minutes à 13 000 g. La colonne a été transférée dans un nouveau tube de récolte et a été centrifugée 1 minute à 13 000 g. La colonne a été transférée dans un microtube de type Eppendorf, 100 µl de solution AE ont été ajoutés et la colonne a été incubée 1 minute à température pièce. La colonne a été centrifugée 1 minute à 8000 g et l'éluat a été récupéré. Cette dernière étape a été répétée une deuxième fois dans un nouveau microtube. Les concentrations d'ADN ont été mesurées et l'intégrité des ADN extraits a été vérifiée par électrophorèse sur un gel d'agarose 1 %. Toutes les extractions ont été effectuées en triplicata. Les ADN ont été conservés à -20 °C. Les solutions AL, AW1, AW2 et AE, la protéinase K, ainsi que les colonnes sont fournies dans la trousse d'extraction.

Extraction d'ADN de biofilm

La biomasse des biofilms adaptés à différentes conditions physicochimiques par Geneviève Payette (2014) a été conservée à -80°C, en solution avec 50% de glycérol. Les supports provenant de la filière de dénitrification du Biodôme ont été conservés dans un mélange de glycérol 15% à -20°C. Les biofilms dont l'adaptation a été faite dans le milieu Instant Ocean ont également été conservés sur les supports dans un mélange de glycérol à -20°C. Dans les deux cas, la biomasse a été grattée des supports ou des tubes de façon rapide afin que le reste du matériel demeure congelé pour utilisation ultérieure et récoltée dans un microtube de type Eppendorf de 1,5 ml.

La biomasse a été lavée deux fois consécutives dans 500 µl de TEN (50 mM Tris-HCl pH 8.0, 10 mM de EDTA-2 Na, 150 mM de NaCl) en centrifugeant 2 minutes à 8000 g pour chaque lavage. Le culot a été dispersé dans 500 µl de TEN, 25 µl de lysozyme 50 mg/ml a été ajouté et le tube a été incubé à 37 °C pendant 30 minutes. Du SDS (dodécylsulfate de sodium) 20% et du β-mercaptoéthanol ont été ajoutés à raison de 50 et 5 µl respectivement. Trois cycles de congélation-décongélation ont ensuite été effectués. La congélation a été réalisée dans un mélange d'éthanol 70% et de glace sèche pendant 10 minutes et la décongélation a été effectuée dans un bloc chauffant à 65 °C pendant 5 minutes. Après avoir ajouté 2 µl de protéinase K 20 mg/ml dissout dans le TEN, le tube a été incubé à 45 °C pendant 2 heures. Après avoir ajouté 1 µl de RNase 10 mg/ml, le mélange a été incubé 15 minutes à 37 °C. Environ 1 volume (500 µl) de phénol/chloroforme/isoamyl alcool (25 :24 :1) a été ajouté dans le tube et la solution a été mélangée par inversion jusqu'à obtenir une émulsion. Le tube a été centrifugé à 13 000 g pendant 8 minutes, la phase supérieure a été transférée dans un nouveau microtube et cette même étape a été répétée une deuxième fois. La phase supérieure a été récupérée dans un nouveau microtube, environ 1 volume (500 µl) de chloroforme/isoamyl alcool (24 :1) a été ajouté dans le tube et la solution a été mélangée par inversion jusqu'à obtenir une émulsion. La phase supérieure a été transférée dans un nouveau microtube contenant 1/4 volume (environ 125 µl) d'acétate d'ammonium 10M, puis 2 volumes (environ 1 ml) d'éthanol 95% ont été ajoutés au tube. Le mélange a été placé à -20 °C pour environ 16 heures. Le mélange a été centrifugé à 13 000 g pendant 10 minutes à 4 °C. Le culot d'ADN a été rincé avec de l'éthanol 70%, centrifugé de nouveau pendant 2 minutes à 13 000 g et a ensuite été laissé à sécher pendant 20 minutes sous la flamme. Le culot d'ADN a été dissout dans 50 à 100 µl d'eau Mili-Q stérile, selon la taille du culot visible. La concentration d'ADN a été mesurée par méthode de fluorescence et l'intégrité de

l'ADN extrait a été vérifiée par électrophorèse sur un gel d'agarose 1 %. L'ADN a été conservé à -20 °C.

Quantification d'ADN

Les ADN extraits ont d'abord été quantifiés au spectrophotomètre NanoDrop ND-1000 (Thermo Scientific, Welmington, États-Unis) à longueur d'onde de 230 nm puis par méthode de fluorescence

La quantification par fluorescence a été exécutée avec la trousse quantiFluor dsDNA system (Promega, Madison, États-Unis). Celle-ci comprend un colorant fluorescent se liant à l'ADN double-brin et de l'ADN étalon lambda à concentration connue permettant de faire une courbe d'étalonnage et d'ainsi déterminer la concentration d'ADN des échantillons testés. La courbe étalonnage a été effectuée en triplicata dans une gamme de concentration de 0,125 à 1 ng/μl d'ADN lambda dilué dans le tampon TE, également fourni dans la trousse. Les échantillons, aussi mesurés en triplicata, ont été dilués selon leur quantification préliminaire au NanoDrop pour se situer dans la gamme de concentration de la courbe d'étalonnage. Des échantillons blancs contenant seulement le tampon TE ont été également utilisés afin d'éliminer le bruit de fond. Le colorant QuantiFluor dsDNA dye dilué dans le tampon TE a été ajouté en proportion égale aux échantillons, aux solutions étalons et aux blancs. Les tubes ont été laissés à reposer pendant 5 minutes à température pièce, à l'abri de la lumière, puis la fluorescence a été mesurée à l'aide de l'appareil Corbett rotor gene 6000 (Corbett Life Science, Concord, Australie) avec le logiciel Rotor Gene Series Software en fonction «nucleic acid concentration measurement», avec une longueur d'onde d'émission de 470 nm et une longueur d'onde de détection de 510 nm. La concentration des échantillons a été calculée selon la courbe d'étalonnage et ajustée selon les dilutions préalables.

3.8.2 Études des génomes

L'ADN de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 a été séquencée et assemblée par la Plateforme d'Analyses Génomiques de l'Institut de biologie intégrative et des systèmes (IBIS) de l'Université Laval par la technologie de séquençage en temps réel Pacific Biosciences (PacBio RS II) et les annotations ont été effectuées avec le serveur de Rapid Annotation using Subsystem Technology (RAST) (<https://rast.nmpdr.org/>) (Aziz *et al.*, 2008). Le séquençage du génome de

M. nitratireducenticrescens JAM1 a déjà été effectué par notre laboratoire (Villeneuve *et al.*, 2012).

Les comparaisons pour trouver les gènes communs entre les souches JAM1 et GP59 ont été effectuées avec le serveur de RAST (Aziz *et al.*, 2008). Les génomes des deux souches ont été alignés avec le logiciel Mauve 2.4.0 (Darling *et al.*, 2004).

3.8.3 Études des transcriptomes

Les souches *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 ont été cultivées en triplicata, en conditions anaérobies, dans le milieu methylophaga 1403 complet supplémenté avec 300 mg N/L de nitrate. La cinétique de dénitrification a été suivie, et l'ARN des deux souches a été extrait (annexe IV) lorsque le nitrate était presque complètement réduit, afin de s'assurer que les deux souches étaient dans des états physiologiques comparables.

L'ARN extrait a été séquencé au Centre d'innovation de Génome Québec de l'Université McGill, par la méthode Illumina de façon paired-ended, ce qui permet de séquencer les fragments dans les deux sens (séquences de types R1 et R2). Les analyses de séquences ont été effectuées sur le supercalculateur Briarée de l'Université de Montréal, sous la gouverne de Calcul Québec et Calcul Canada. Avec la suite de logiciels FASTX, les séquences de type R2 ont été transformées en leur séquence inverse complémentaire. Les séquences de mauvaises qualités, de type R1 et R2, ont été retirées, puis les deux ensembles de séquences ont été rassemblés. La qualité des séquences a été évaluée avec l'attribution d'un score phred Q pour chacun des nucléotides. Les séquences dont plus de 10% des bases ont un score Q sous 20 (probabilité de 1 pour 100 ou moins d'identification erronée) ont été éliminées. Les séquences ont ensuite été alignées sur leur génome respectif en utilisant la suite de logiciels Bowtie. Les suites de logiciels SAMtools et BEDtools ont été utilisées pour créer les fichiers sam et bam respectivement (script complet en annexe V) et pour calculer le pourcentage en nucléotides G-C des gènes des deux souches. La normalisation du nombre de transcrits en TPM (transcrits par million) a été effectuée. La suite de logiciels NOIseq sur R (R Development Core Team, 2008) a été utilisée pour déterminer les différences significatives dans les expressions des gènes entre les deux souches (script complet en annexe VI). L'affiliation des gènes aux différentes voies métaboliques a été effectuée avec le serveur RAST.

3.8.4 Calcul du pourcentage d'ADN conservé

Le pourcentage d'ADN conservé entre *M. nitratireducenticrescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 a été calculé afin de déterminer si les deux souches sont considérées de la même espèce. Pour ce faire, le génome de la souche GP59 a été fragmenté en segments de 1000 pb à l'aide de la fonction «Extract Positions» du programme BioEdit (Hall). Chacun de ses fragments a été aligné avec le génome de la souche JAM1 à l'aide de l'algorithme BLASTn (BLAST nucleotides) disponible sur le site du National Center for Biology Information (NCBI), avec les paramètres de base. Les nucléotides alignés des fragments ayant plus de 90% d'identité avec le génome de la souche JAM1 ont été additionnés. La somme des nucléotides alignés a été divisée par le nombre total de nucléotide du génome de la souche GP59 pour obtenir un pourcentage de nucléotides alignés (Goris *et al.*, 2007).

Le même travail a été effectué mais avec le génome de la souche JAM1 fragmenté et ces fragments ont été alignés sur le génome de la souche GP59.

3.8.5 Étude phylogénétique du gène *nirK*

La séquence déduite en acide aminé du gène *nirK* a été alignée avec l'algorithme BlastP (ProteinBLAST) avec la banque de données du NCBI. Afin d'avoir une représentation générale des résultats, un représentant de chaque famille bactérienne des 100 meilleurs résultats d'alignements a été choisi. À l'aide du logiciel MEGA7 (Kumar *et al.*, 2016), l'alignement des séquences a été effectué avec l'algorithme Muscle et l'arbre phylogénétique de type «Maximum likelihood» a été produit. Un rééchantillonnage de type «Bootstrap» a été effectué 1000 fois.

3.9 Quantification des souches dénitrifiantes dans les biofilms acclimatés

Pour les souches JAM1 et GP59, des fragments d'environ 1000 pb ont été produits en grande quantité par PCR à partir de l'ADN génomique de ces deux souches afin d'engendrer suffisamment d'amplicons pour produire la courbe standard. Des réactions de 50 µl ont été effectuées contenant : 5 µl de tampon «ThermoPol Reaction Buffer» 10X, 0,25 µl de polymérase *Taq* DNA (New England Biolab, Ipswich, États-Unis), 200 µM de dNTPs (Invitrogen, Carlsbad, États-Unis), 2µl de BSA 20 µg/ml, 0,4 µM de chaque amorce (AlphaDNA, Montréal, Canada) (tableau 3.2), 20 ng d'ADN génomique et de l'eau distillée stérile. Le thermocycleur C-1000

Touch (BioRad, Hercules, États-Unis) a été utilisé pour les réactions PCR avec le programme suivant : dénaturation initiale de 95 °C pendant 30 secondes, suivi par 30 cycles de dénaturation à 95 °C pendant 20 secondes, de l'hybridation à 55 °C pendant 40 secondes et de l'élongation à 68 °C pendant 40 secondes. L'élongation finale a une durée de 5 minutes à 68 °C. Les produits de PCR ont été concentrés par vacuum au «Savant SpeedVac Concentrator » (Savant Instrument Inc., Farmingdale, États-Unis). Après avoir fait migré les produits de PCR sur gel d'agarose dans une cuve d'électrophorèse, les bandes représentant l'amplicon ont été découpées sur une plaque d'illumination UV. Les fragments ont été extraits du gel d'agarose avec la trousse «Wizard SV Gel and PCR Clean-Up » (Promega, Madison, États-Unis). Les bandes découpées ont été déposées dans des microtubes de 1,5 ml et un volume équivalent de «Binding Solution » a été ajouté. Les tubes ont été chauffés à 65 °C, pendant environ 10 minutes, jusqu'à ce que le gel soit dissout. La mixture a été transférée dans une colonne «Minicolumn SV » se trouvant dans un tube collecteur. Le mélange a été centrifugé, le filtrat a été jeté et la colonne a été installée dans un nouveau tube collecteur. Le filtre de la colonne a été rincé avec 700 µl de «Membrane wash Solution » et centrifugé à 13 000 g pendant 1 minute, deux fois consécutives. La colonne a été centrifugée une troisième fois, à 13 000 g pendant 5 minutes afin de sécher le filtre. La colonne a été insérée dans un microtube de 1,5 ml, 25 µl d'eau Mili-Q stérile a été ajoutée dans la colonne et incubée 1 minute, avant d'être centrifugée à 13 000 g pendant 1 minute pour récolter les fragments d'ADN. Les fragments ont ensuite été quantifiés par la méthode du quantiFluor (section 3.9.1). Ces longs fragments contiennent la séquence d'environ 130 pb qui sera amplifiée par la suite lors des PCR quantitatives. Pour *H. nitratorans* NL23, c'est l'ADN génomique complet qui a été utilisé pour faire la courbe d'étalonnage.

Tableau 3.2 Paires d'amorces utilisées pour produire les fragments des courbes d'étalonnages chez *M. nitratireducentiscrescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59

Région génique ciblé	Nom	Séquence (5'-3')	Température d'hybridation (°C)	Longueur du fragment attendue (pb)
<i>tagH</i> (souche JAM1)	tagH- JAM1-LF-F	cgcgtcatttcgcttcaagat	55	711
	tagH- JAM1-LF-R	tcatggccttttcagccttt		
<i>nirK</i> (souche GP59)	nirK-GP59- LF-F	cgttcaatacatggggtaaagg	55	1134
	nirK-GP59- LF-R	tggggcacagtgataaaca		

Après avoir quantifiée par la méthode du quantiFluor (section 3.9.1) les longs fragments amplifiés pour les souches GP59 et JAM1 et l'ADN génomique de *H. nitrativorans* NL23, des dilutions en série ont été effectuées pour obtenir des concentrations de 10^8 à 10^0 pour produire les solutions étalons. Pour la qPCR en tant que telle les instructions de la trousse «Fast Start essential DNA Green Master » (Roche, Bâle, Suisse) ont été suivies avec quelques modifications. La trousse comprend un mélange concentré 2X contenant le colorant fluorescent SYBR Green I spécifique à l'ADN double-brin, la polymérase Taq Fast Start, le tampon de réaction, le mélange de nucléotides et du $MgCl_2$. Des réactions de 20 μ l ont été effectuées contenant 10 μ l de mélange 2X, l'ADN à quantifier, 200 μ M de chaque amorce (tableau 3.3) (AlphaDNA), de l'eau de grade PCR pour compléter le volume. Lors des tests avec les amorces pour amplifier les gènes des souches JAM1 et GP59, 50 ng d'ADN des biofilms a été utilisé, alors que pour les tests du gène de la souche NL23, 1 μ l d'ADN de biofilm, dont la concentration était connue et variait entre 25 et 249 ng/ μ l, a été utilisé. Un blanc ne contenant aucun ADN a aussi été effectué. Les blancs, les standards et les échantillons (dupliacata ou triplicata biologique) ont été testés en triplicata technique. Les échantillons d'ADN de biofilm ont été testés avec chacune des trois paires d'amorces (tableau 3.3) pour déterminer la concentration de ces trois bactéries dans les

différentes adaptations physicochimiques de biofilm. L'appareil «Corbet rotor gene 6000 » a été utilisé avec le programme suivant ; la dénaturation initiale est de 10 minutes à 95 °C, et est suivi par 40 cycles de dénaturation à 95 °C pendant 20 secondes, l'hybridation selon la température mentionnée dans le tableau 3.3 pendant 20 secondes et l'élongation à 72 °C pendant 15 secondes. La fluorescence est mesurée après chaque cycle afin de suivre la quantité d'ADN double-brin amplifiée. La température de dissociation des amplicons a été vérifiée en faisant passer graduellement la température de 65 à 99 °C en augmentant de 0,4 °C à chaque étape. La fluorescence est mesurée à chaque étape ce qui permet de déterminer à quelle température les amplicons ou les possibles dimères d'amorces se dissocient.

Tableau 3.3 Paires d'amorces utilisées pour faire la quantification des souches *M. nitratireducentiscrescens* JAM1, *Methylophaga* sp. GP59 et *H. nitrativorans* NL23

Région génique ciblé	Nom	Séquence (5' – 3')	Température d'hybridation (°C)	Longueur du fragment attendue (pb)
<i>tagH</i> (Souche JAM1)	qtagH-JAM1-F	gttgcaaggctatagtcggagt	55	119
	qtagH-JAM1-R	tggtacgcattccagatgaata		
<i>nirK</i> (Souche GP59)	qnirK-GP59-F	aagtcggtaaagtagccgttga	55	138
	qnirK-GP59-R	tctccatcgtcatttgaacaac		
<i>napA</i> (Souche NL23)	qnapA-NL23-G	ggcaatgtgggtggaaaagg	62	129
	qnapA-NL23-D	gcgcttcgaaactccatga		

Après s'être assuré que l'efficacité de la réaction, calculée à partir de la pente de chacune des courbes standards, se situait entre 0,9 et 1,1, le nombre de copies de gènes / η g d'ADN a été calculée et ajustée selon les dilutions effectuées et la quantité d'ADN initiale de biofilm utilisée.

4 RÉSULTATS

4.1 Paramètres optimaux de croissance

Pour la détermination des paramètres optimaux de croissance, les expériences ont été exécutées simultanément avec *Methylophaga* sp. GP59 et *M. nitratireducenticrescens* JAM1, afin de bien pouvoir comparer les résultats. Étant donné que *M. nitratireducenticrescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 forment des floccs lors de la croissance, il aurait été difficile de suivre la croissance à l'aide de la spectrophotométrie classique en effectuant des mesures sporadiques. J'ai opté pour des mesures de la concentration protéique et une stratégie de cinétique en continue pour effectuer les suivis de croissance.

4.1.1 Température d'incubation

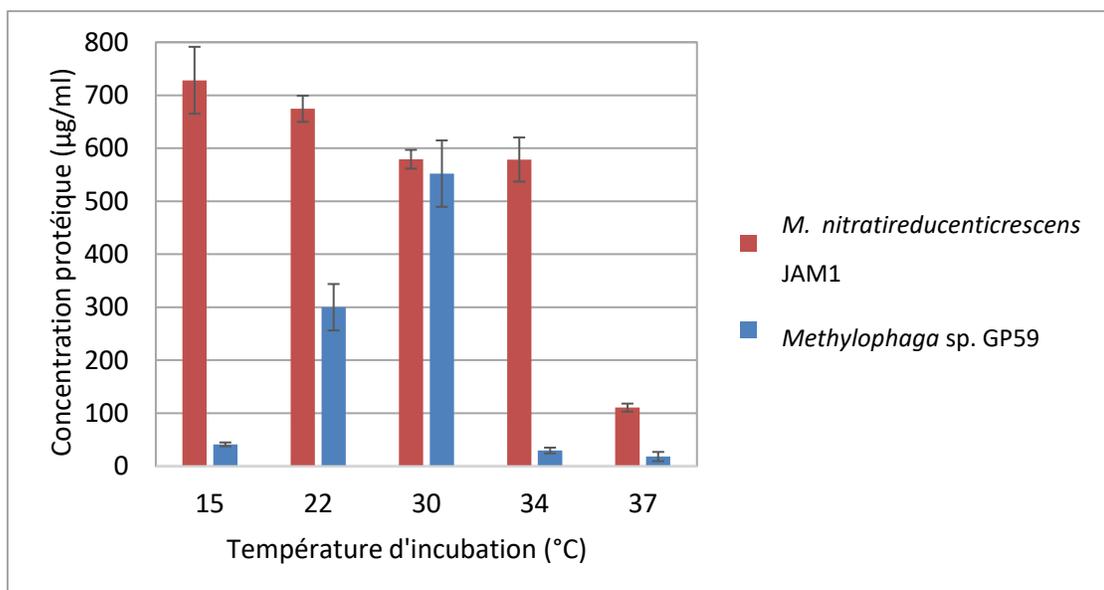


Figure 4.1 Croissance des souches JAM1 et GP59 à différentes températures

Methylophaga sp. GP59 et *M. nitratireducenticrescens* JAM1 ont été cultivées dans 30 ml de milieu methylophaga 1403 liquide pendant 48 heures, en conditions aérobies. La croissance a ensuite été déterminée en mesurant la concentration protéique des cultures. Ces résultats sont la moyenne de triplicatas et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

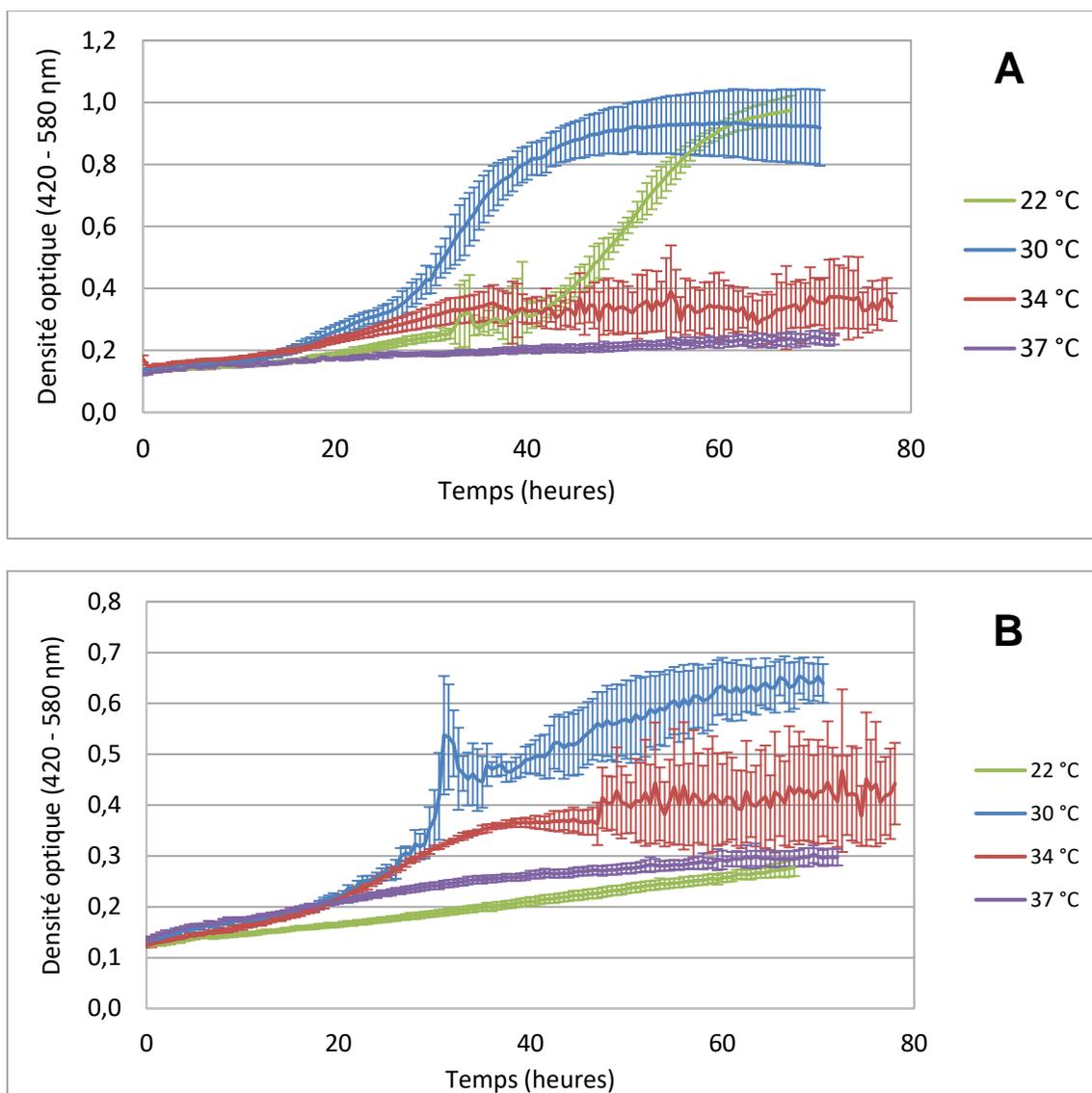


Figure 4.2 Cinétique de croissance à différentes températures des souches JAM1 et GP59.

***M. nitratireducentiscrescens* JAM1 (A) et *Methylophaga* sp. GP59 (B) ont été cultivées dans le milieu methylophaga 1403 à différentes températures d'incubation au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.**

Les résultats de dosage protéique après 48 heures d'incubation (Figure 4.1) démontrent que la température optimale de croissance de la souche GP59 est 30 °C, alors que pour la souche JAM1, les températures d'incubation de 15 à 34 °C induisent toutes de bonnes croissances. Pour la souche JAM1, la croissance est possible pour toutes les températures testées, soit de 15 à 37 °C et pour la souche GP59 les températures de 22 et 30°C seulement induisent une croissance. Les résultats de cinétiques de croissance (Figure 4.2) montrent des résultats différents que les

dosages protéiques pour la souche JAM1 : la cinétique au Bioscreen à 34 °C montre une croissance très faible. On remarque également qu'à 22 °C la même concentration protéique est atteinte qu'à 30 °C (Figure 4.1), mais qu'à cette dernière température, la croissance est plus rapide (Figure 4.2). Pour les courbes de croissance de la souche GP59, c'est à 30 °C que la meilleure croissance est observée, comme le résultat du dosage protéique. Par contre, lors des dosages protéiques, il ne semble y avoir aucune croissance à 34 °C, alors qu'une densité optique atteignant environ 0,4 est observable au Bioscreen. On constate également que les densités optiques atteintes par la souche JAM1 sont plus élevées que pour la souche GP59 (Figure 4.2).

4.1.2 pH du milieu

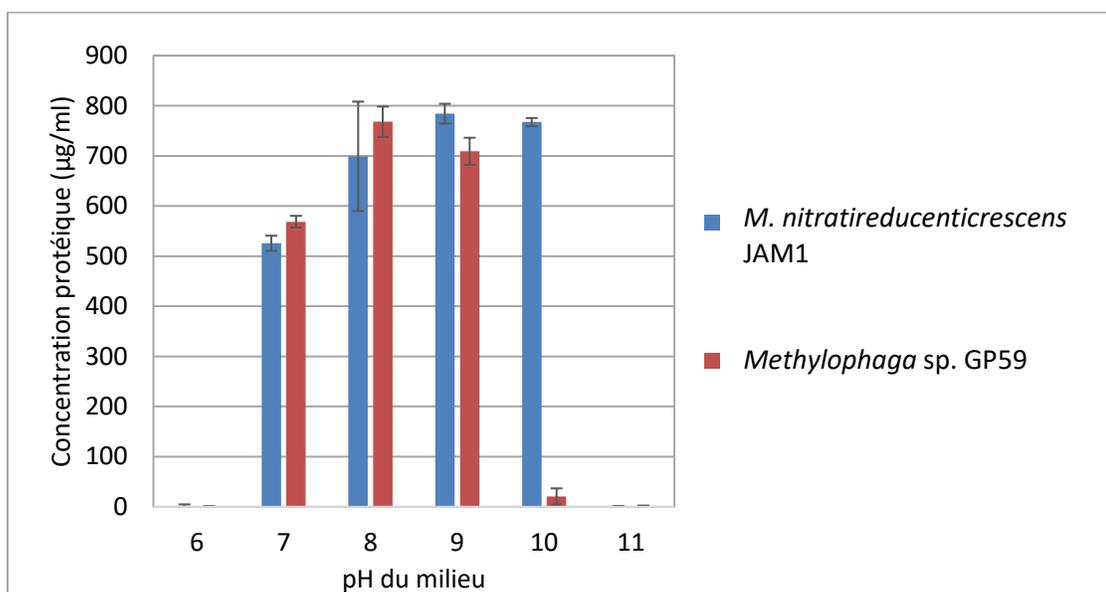


Figure 4.3 Croissance à différents pH des souches JAM1 et GP59

***Methylophaga* sp. GP59 et *M. nitratireducenticrescens* JAM1 ont été cultivées dans 5 ml de milieu methylophaga 1403 liquide ajusté à différents pH pendant 48 heures, en conditions aérobies. La croissance a ensuite été déterminée en mesurant la concentration protéique des cultures. Ces résultats sont la moyenne de triplicatas et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.**

Les résultats de dosage protéique après 48 heures (Figure 4.3) montrent une préférence aux pH 8, 9 et 10 pour *M. nitratireducenticrescens* JAM1, avec une croissance légèrement plus faible à pH 7, et aucune croissance aux pH 6 et 11. Pour *Methylophaga* sp. GP59, les meilleures croissances sont observables aux pH 8 et 9, une croissance moins importante est observée à pH 7, et presque aucune croissance n'est possible aux pH 6, 10 et 11. Lorsqu'il y a croissance, les concentrations protéiques atteintes pour les 2 souches sont similaires.

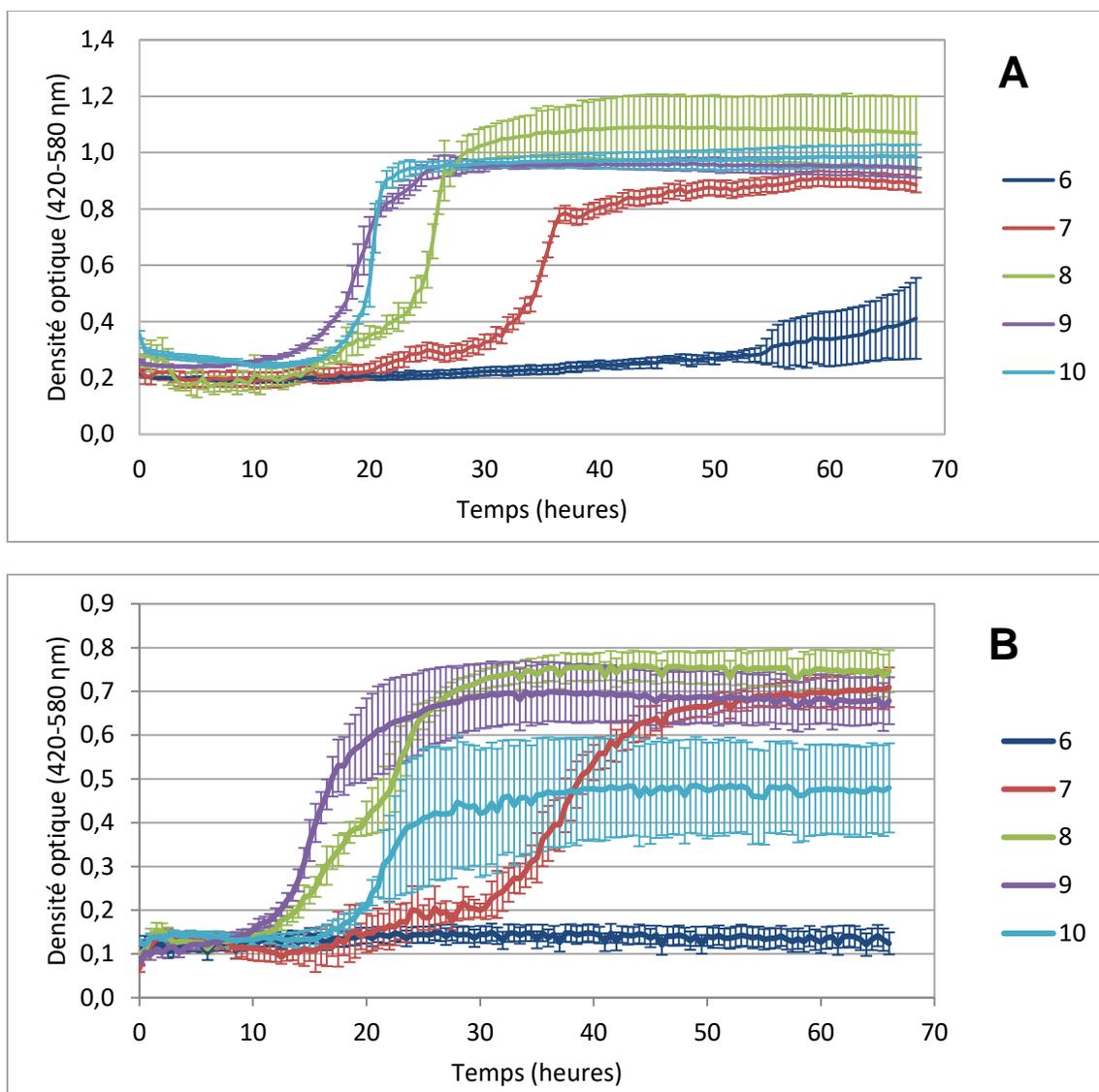


Figure 4.4 Cinétique de croissance à différents pH des souches JAM1 et GP59

M. nitratireducens JAM1 (A) et *Methylophaga* sp. GP59 (B) ont été cultivées dans le milieu methylophaga 1403 à différents pH, au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

Avec les cinétiques de croissance à différents pH (Figure 4.4), la même tendance est observable que lors du dosage protéique pour la souche JAM1 ; les pH 8, 9 et 10 permettent des croissances et cinétiques similaires, alors que le milieu à pH 7 permet d'atteindre la même densité optique, mais plus lentement, ce qui peut expliquer le résultat à la Figure 4.3. Presque aucune croissance n'est observable à pH 6, pour les deux souches, ce qui est en accord avec les résultats précédents. Pour la souche GP59, les milieux à pH 8 et 9 donnent lieu à des croissances et

cinétiques similaires et le milieu à pH 7 permet d'atteindre une densité optique similaire mais plus lentement. Une différence notable est remarquée entre les 2 techniques pour la croissance à pH10, alors qu'avec l'appareil Bioscreen, une croissance atteignant une densité optique de près de 0,5 est possible, mais aucune croissance n'est observable par dosage protéique.

Tableau 4.1 pH des milieux avant et après les cultures de 48 heures des souches JAM1 et GP59

pH	pH après autoclave	<i>M. nitratireducentis</i> JAM1			<i>Methylophaga</i> sp. GP59		
		pH moyen après 48 heures	Écart-type	pH du témoin non-inoculé	pH moyen après 48 heures	Écart-type	pH du témoin non-inoculé
6,0	6,0	5,9	0,0	6,0	5,9	0,0	6,0
7,0	6,9	5,5	0,1	6,8	5,6	0,1	6,8
8,0	7,5	5,6	0,1	7,4	5,8	0,0	7,3
9,0	8,6	6,2	0,1	8,6	6,8	0,0	8,1
10,0	9,6	8,0	0,1	8,7	8,7	0,0	8,8
11,0	10,5	9,9	0,0	9,9	9,9	0,0	9,9

pH des milieux avant et après les culture des souches JAM1 et GP59 dans le milieu methylophaga 1403 liquide, en conditions aérobies. Les résultats de pH après 48 heures sont la moyenne de triplicatas.

Des résultats similaires quant à l'acidification du milieu (Tableau 4.1) sont observables chez les souches JAM1 et GP59. Le pH a été mesuré subséquentment aux prises de mesures de concentration protéique après 48 heures lors des tests en éprouvettes. Dans les milieux alcalins (pH 10 et 11), même ou il n'y a pas de croissance, il y a une légère acidification, possiblement dû à la dissolution du CO₂ ambiant dans le milieu produisant des ions H⁺ et du HCO₃⁻. Dans les milieux où il y a croissance, des diminutions de pH allant jusqu'à 2 unités ont été observées.

4.1.3 Pourcentage de NaCl

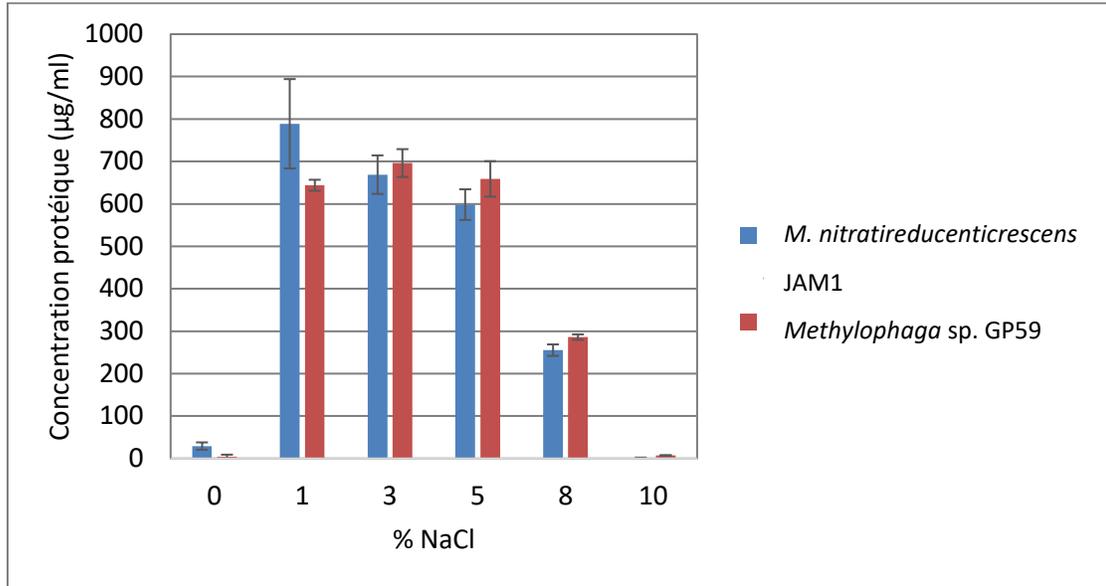


Figure 4.5 Croissance à différents pourcentages de NaCl des souches JAM1 et GP59

Methylophaga sp. GP59 et *M. nitratireducenticrescens* JAM1 ont été cultivées dans 5 ml de milieu methylophaga 1403 ajusté à différents pourcentages de NaCl pendant 48 heures, en conditions aérobies. La croissance a ensuite été déterminée en mesurant la concentration protéique des cultures. Ces résultats sont la moyenne de triplicatas et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

Les résultats de dosage protéique pour les milieux contenant différents pourcentages de NaCl (Figure 4.5) démontrent une grande similarité entre les souches JAM1 et GP59; des croissances comparables pour les milieux contenant 1, 3 et 5 % de NaCl, et une croissance plus faible dans les milieux contenant 8% de NaCl. Aucune croissance n'a été observée dans les milieux contenant 0 et 10% de NaCl pour chacune des souches. Les cinétiques de croissances (Figure 4.6) montrent des résultats similaires également pour les deux souches. Les milieux contenant 1, 3 et 5% de NaCl, donnent lieu à des profils de croissance similaires pour la souche JAM1, avec une légère préférence pour 1 et 3% et une valeur de densité optique environ 2 fois plus faible est observable pour le milieu à 8% de NaCl. Les milieux contenant 0 et 10% de NaCl ne permettent aucune croissance pour les deux souches. Pour la souche GP59, les milieux contenant 1, 3 et 5% de NaCl supportent une croissance similaire et le milieu contenant 8% de NaCl permet d'atteindre une densité optique légèrement diminuée. Ces résultats sont en accords avec les résultats du dosage protéique.

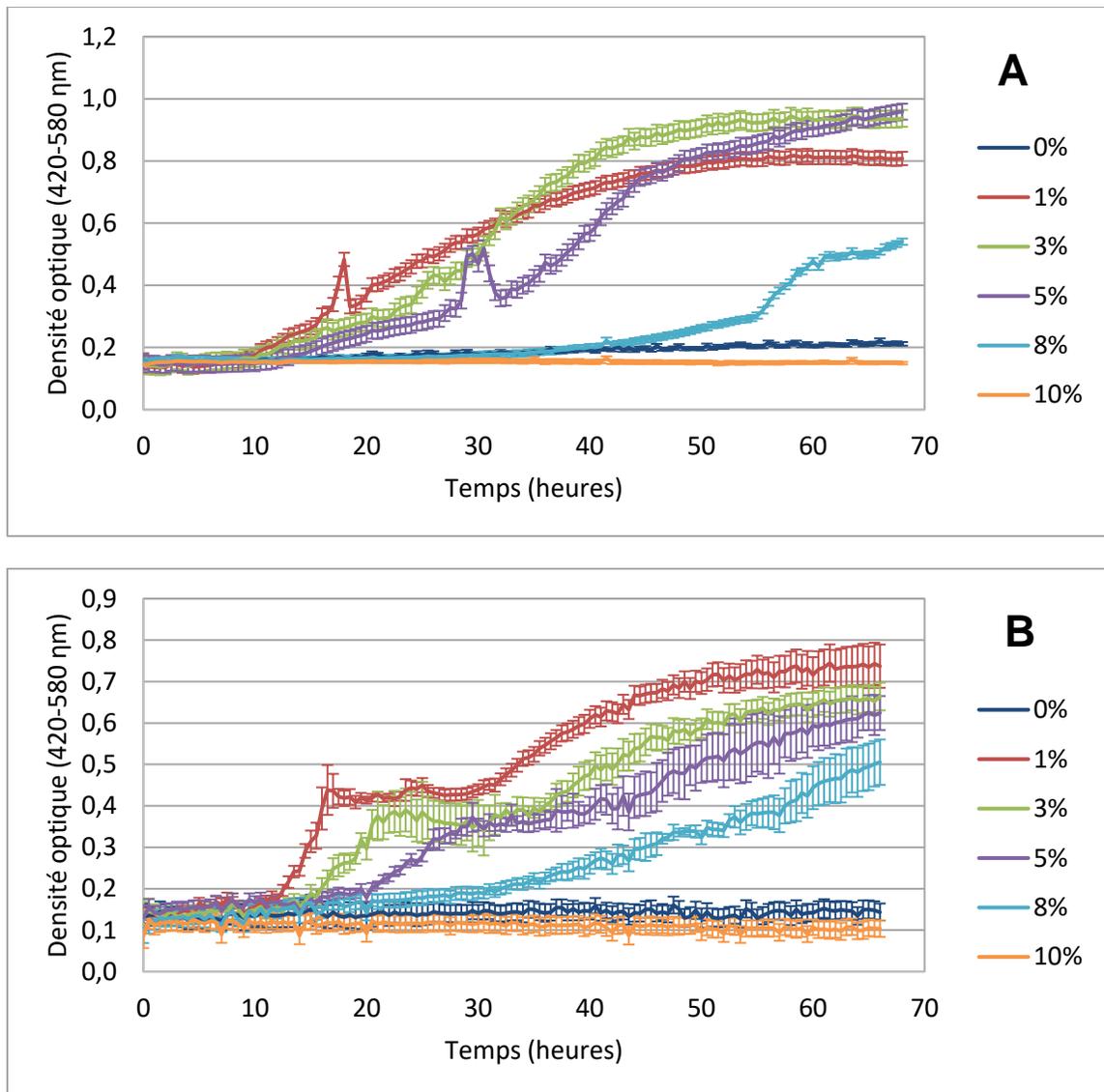


Figure 4.6 Cinétique de croissance selon le pourcentage de NaCl des souches JAM1 et GP59

M. nitratireducentescens JAM1 (A) et *Methylophaga* sp. GP59 (B) ont été cultivées dans le milieu methylophaga 1403 à différents pourcentages de NaCl au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

Malgré les quelques différences observées entre les deux techniques d'analyses, il est possible de déterminer des conditions optimales pour chacune des souches selon mes résultats. Pour *M. nitratireducentescens* JAM1 les conditions optimales sont ; 30 °C, pH de 8 à 10 et 1 à 5% de NaCl. Pour *Methylophaga* sp. GP59 les conditions optimales sont 30 °C, pH de 8 ou 9 et 1 à 5% de NaCl. Étant donné que le milieu methylophaga 1403 proposé par l'ATCC est à pH 8

et contient 2,4% de NaCl et que ces valeurs se retrouvent dans la gamme offrant les meilleures conditions, ces paramètres ont été conservés pour la suite des expériences.

4.2 Taux de dénitrification

La cinétique de dénitrification et la croissance des souches *Methylophaga* sp. GP59 et *M. nitratireducentis* JAM1 ont été étudiées selon différentes concentrations de nitrate initiales dans le milieu methylophaga 1403, dans une gamme de 135 à 2000 mg NO₃⁻ N/L (équivalent à 135 à 2000 ppm N et équivalent à 9,7 à 142,8 mM N), en conditions anaérobies et aérobie.

4.2.1 Conditions anaérobies

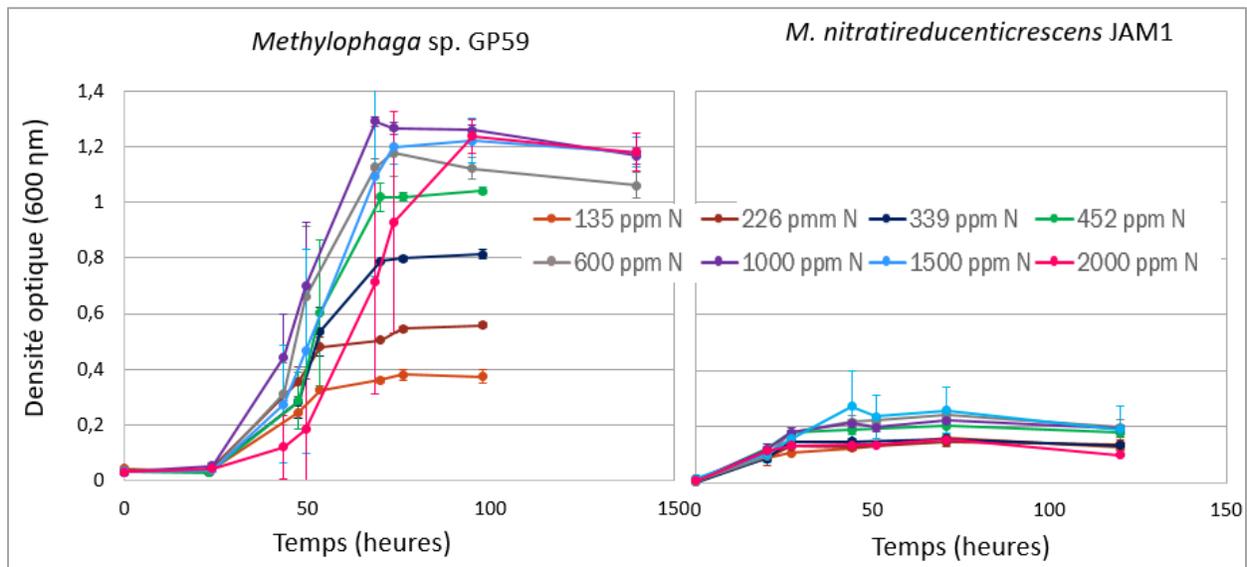


Figure 4.7 Croissances des souches JAM1 et GP59 selon différentes concentrations initiales de nitrate en conditions anaérobies.

Les cultures ont été effectuées en conditions anaérobies. Les concentrations sont en ppm NO₃⁻ N. La croissance a été suivie par densité optique, mesurée à 600 nm. Chaque point est la moyenne de triplicatas de culture.

En conditions anaérobies, la souche GP59 peut atteindre une densité optique maximale jusqu'à six fois plus élevée que la souche JAM1 (Figure 4.7). Pour la souche JAM1, la concentration initiale de nitrate ne semble pas avoir un effet sur la croissance. En effet, les huit concentrations testées supportent une croissance très similaire, dont la densité optique maximale

est obtenue entre 24 et 48 heures. Pour la souche GP59, on remarque un temps de latence de 24 à 48 heures avant le début de la croissance. La densité optique maximale atteinte par la souche GP59 augmente en parallèle avec l'augmentation de la concentration de nitrate initiale jusqu'à atteindre un plateau de croissance maximale lorsqu'elle croît dans les milieux contenant de 1000 à 2000 mg N/L initial. Les vitesses de croissance (Figure 4.8) confirment également que pour la souche GP59, des concentrations initiales supérieures à 1000 mg N/L donnent lieu à des résultats optimaux et similaires et que pour la souche JAM1 la concentration initiale n'a pas d'influence.

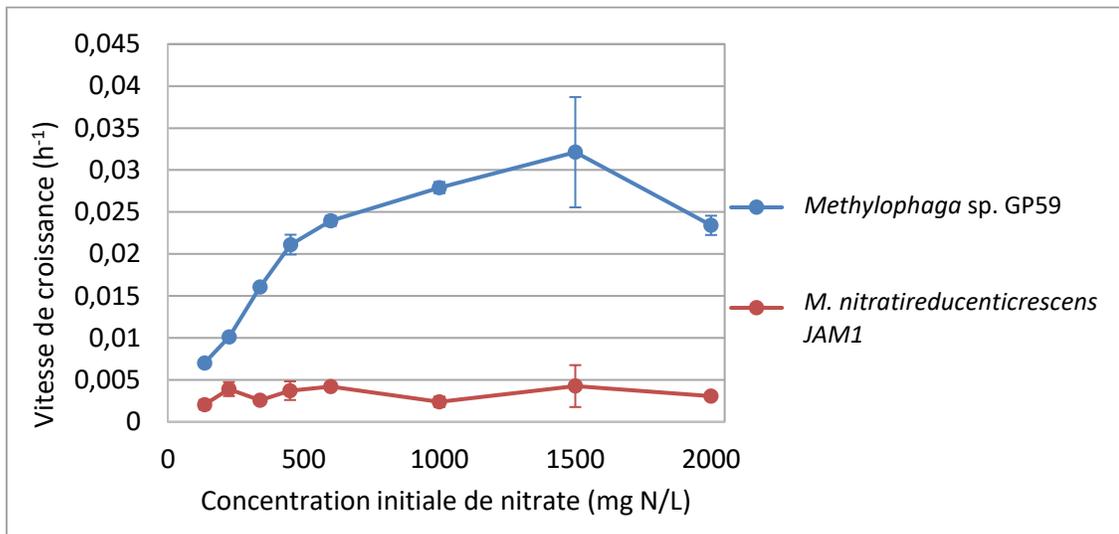


Figure 4.8 Vitesse de croissance des souches GP59 et JAM1 selon la concentration initiale de nitrate en conditions anaérobies

Chaque point représente la moyenne des vitesses de croissances de chacun des triplicatas.

Les souches JAM1 et GP59 sont capables de réduire complètement le nitrate dans le milieu jusqu'à 600 mg N/L initial; pour les concentrations de 1000 à 2000 mg N/L initial, le nitrate est réduit partiellement (Figure 4.9). On constate un temps de latence dans la réduction du nitrate similaire à celui de la croissance chez la souche GP59 alors que chez la souche JAM1, la réduction du nitrate débute dans les premiers 20 heures. Chez la souche JAM1, le nitrate réduit est accumulé en concentration équivalente de nitrite, que la réduction du nitrate soit complète ou partielle. Chez la souche GP59, les concentrations initiales faibles de nitrate (135 à 600 mg N/L) ne montrent pas ou très peu d'accumulation de nitrite. Pour les concentrations plus élevées (1000 à 2000 mg N/L initial), il y a une accumulation de nitrite, mais celle-ci est en plus faible quantité que la concentration de nitrate qui a été réduit, suggérant tout de même qu'une partie du nitrite produit a été réduit (Figure 4.9).

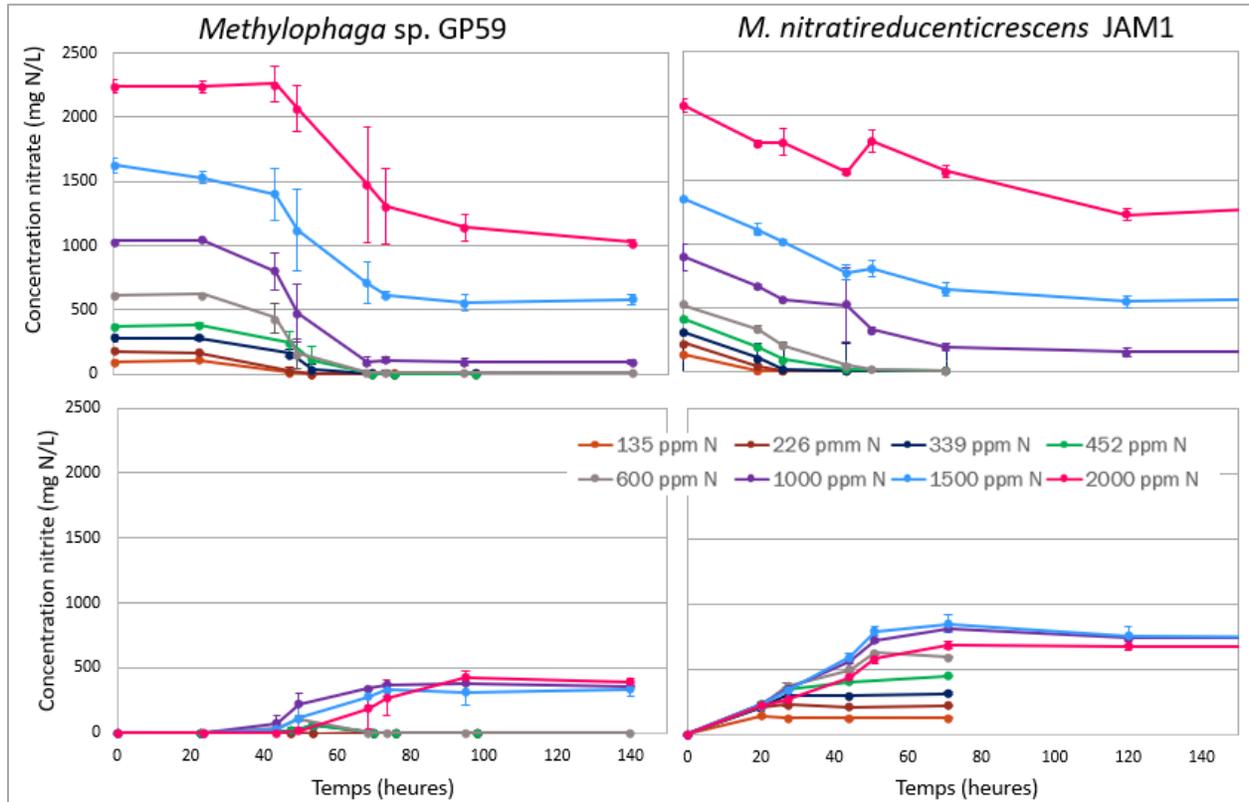


Figure 4.9 Cinétique de réduction du nitrate et du nitrite des souches JAM1 et GP59 selon différentes concentrations initiales de nitrate en conditions anaérobies

Les cultures ont été effectuées en conditions anaérobies avec différentes concentrations initiales de nitrate. Les concentrations sont en ppm $\text{NO}_3^- \text{ N}$. La concentration des ions nitrates et nitrites a été suivie par chromatographie ionique. Chaque point est la moyenne de triplicatas de culture.

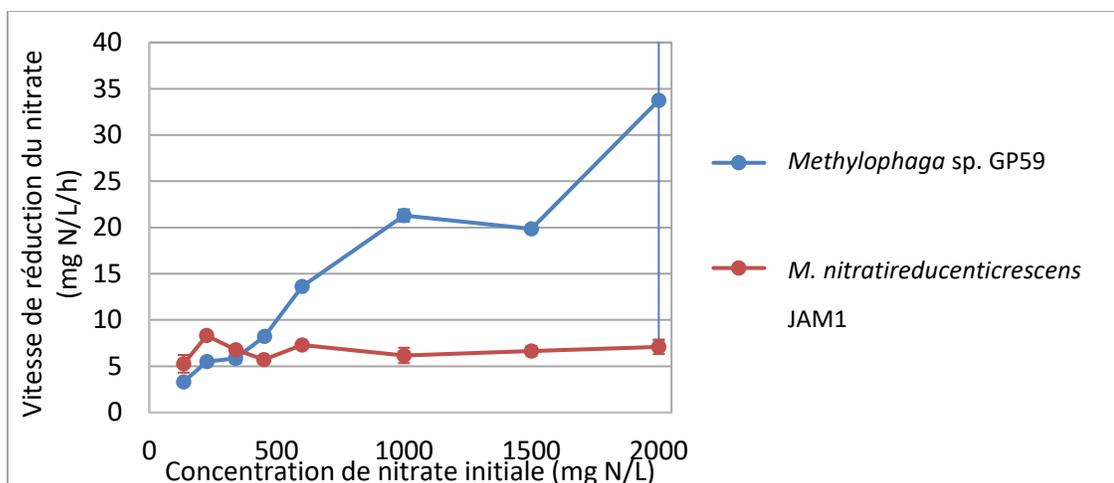


Figure 4.10 Vitesse de réduction du nitrate des souches JAM1 et GP59 selon la concentration initiale de nitrate en conditions anaérobies

Chaque point représente la moyenne de vitesse de réduction du nitrate de chacun des triplicatas.

Les vitesses de réduction du nitrate (Figure 4.10) suivent la même tendance que les vitesses de croissances (Figure 4.8) pour les deux souches. La concentration de nitrate initiale n'a pas d'influence sur la vitesse de réduction du nitrate pour la souche JAM1 et pour la souche GP59, la vitesse de réduction augmente parallèlement à l'augmentation de la concentration de nitrate initiale dans le milieu. Le point de la courbe de la souche GP59 à concentration de 2000 mg N/L initial a un grand écart-type, ceci est explicable par le fait que les réplicas ont terminé de réduire le nitrate à environ 24 heures d'intervalle. Par contre, les trois réplicas n'ont réduit que partiellement le nitrate comme mentionné précédemment, et la concentration restante de nitrate non-réduit était la même pour chacun. En ne prenant pas compte de ce dernier point, il semble s'installer un plateau semblable à celui de la courbe de vitesse de croissance, où la vitesse de réduction se stabilise à des concentrations supérieures à 1000 mg N/L initial.

4.2.2 Conditions aérobies

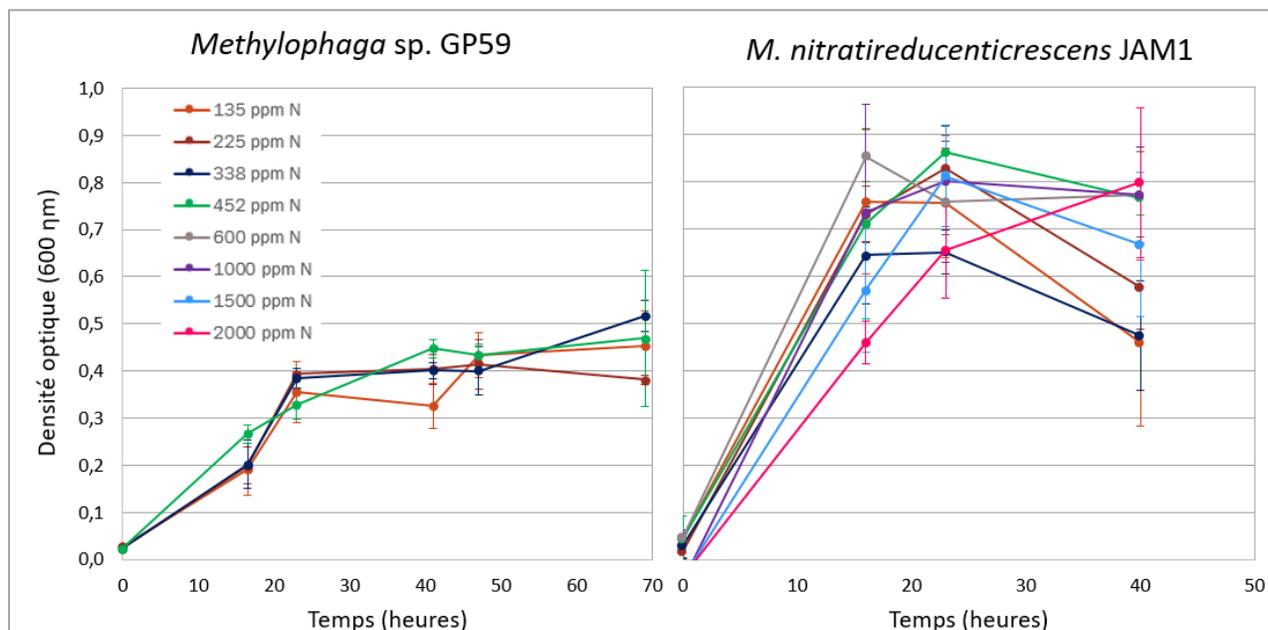


Figure 4.11 Croissance des souches JAM1 et GP59 selon différentes concentrations initiales de nitrate en conditions aérobies

Les cultures ont été effectuées en conditions aérobies avec différentes concentrations initiales de nitrate. Les concentrations sont en ppm $\text{NO}_3^- \text{N}$. La croissance a été suivie par densité optique, mesurée à 600 nm. Chaque point représente la moyenne de triplicatas de culture.

Pour les souches JAM1 et GP59, en conditions aérobies, la concentration initiale de nitrate ne semble pas avoir une influence importante sur la croissance et sur la densité optique maximale atteinte (Figure 4.11). La souche JAM1 peut atteindre des densités optiques plus élevées que la souche GP59. La souche GP59 ne présente pas de temps de latence de croissance contrairement à lorsqu'elle est cultivée en conditions anaérobies (Figure 4.7).

Les quatre concentrations initiales les plus faibles de nitrate (135 à 452 mg N/L) ont premièrement été testées pour la souche GP59, et puisqu'il n'y a eu aucune réduction du nitrate, les concentrations plus élevées n'ont pas été testées (Figure 4.12). Aucune production de nitrite n'a également été aperçue. Pour la souche JAM1, des résultats similaires aux conditions anaérobies sont observables ; pour les plus faibles concentrations de nitrate initiales, le nitrate est réduit complètement alors que la réduction est partielle pour les concentrations initiales élevées. Il y a également une accumulation de nitrite de concentration proportionnelle à la

concentration de nitrate qui a été réduit. La vitesse de réduction du nitrate ne semble pas être influencée par la concentration de nitrate initiale (Figure 4.13).

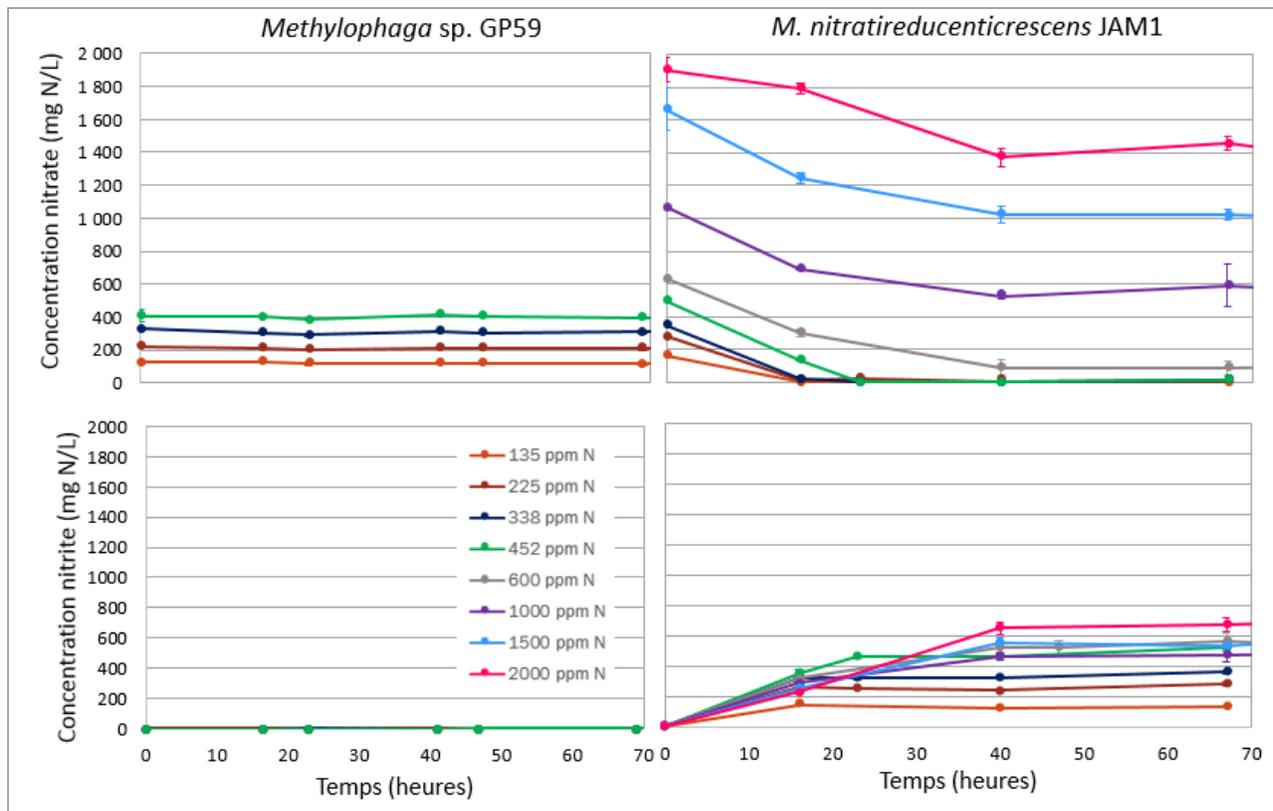


Figure 4.12 Cinétique de réduction du nitrate et du nitrite des souches JAM1 et GP59 selon différentes concentrations initiales de nitrate en conditions aérobies

Les cultures ont été effectuées en conditions aérobies avec différentes concentrations initiales de nitrate. Les concentrations sont en ppm $\text{NO}_3^- \text{N}$. La concentration des ions nitrates et nitrites a été suivie par chromatographie ionique. Chaque point représente la moyenne de triplicatas de culture.

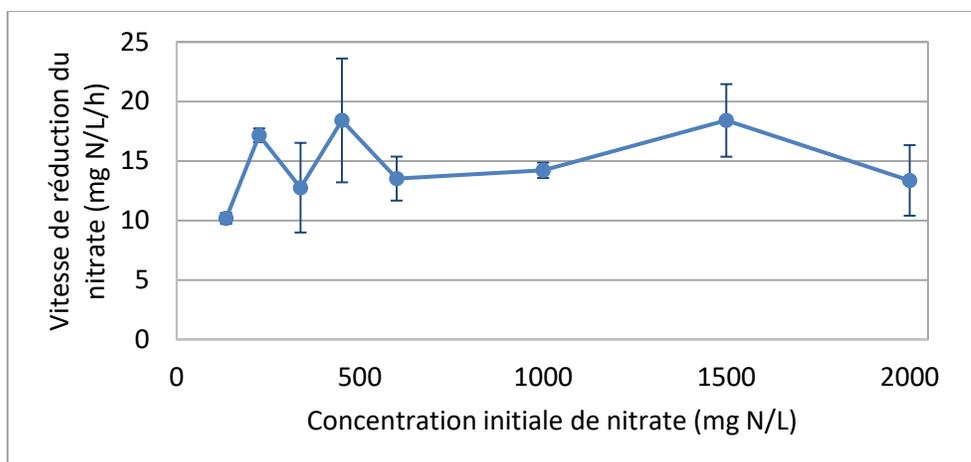


Figure 4.13 Vitesse de réduction du nitrate de la souche JAM1 selon différentes concentrations initiales de nitrate en conditions aérobies

Chaque point représente la moyenne des vitesses de réduction du nitrate de chacun des triplicatas.

4.3 Suivi de production de l'oxyde nitreux

La production d'oxyde nitreux a été suivie pour les bactéries *M. nitratireducentescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 en conditions anaérobies avec 300 mg N/L de nitrate initial, dans 60 ml de milieu methylophaga 1403, en bouteilles de 720 ml.

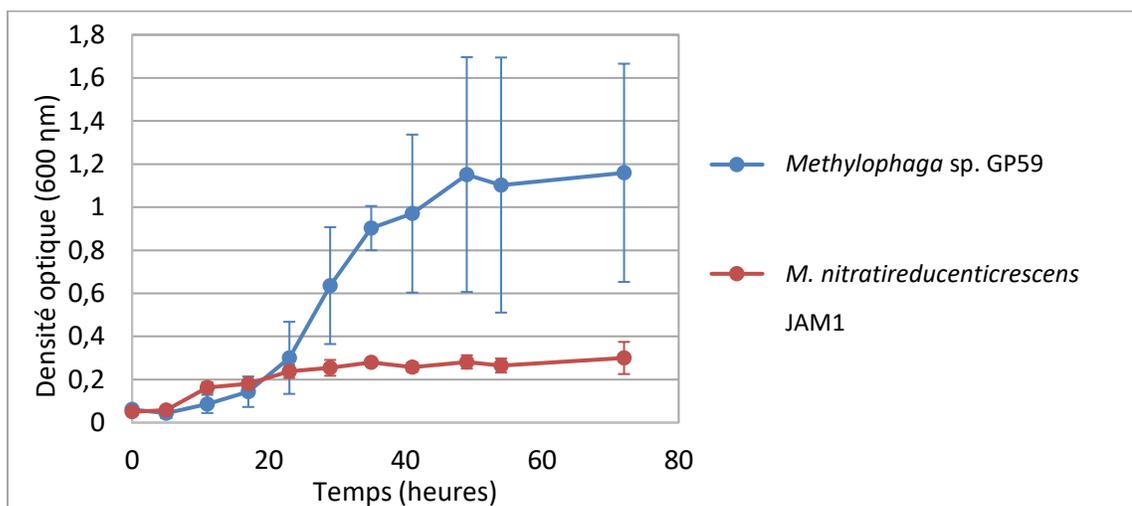


Figure 4.14 Croissance des souches JAM1 et GP59 en conditions anaérobies

Les cultures ont été effectuées en conditions anaérobies, avec 300 mg N/L de nitrate initial, dans des bouteilles de 720 ml, pour permettre la prise d'échantillons gazeux. La croissance a été suivie par densité optique par spectrophotométrie. Chaque point représente la moyenne des triplicatas.

Comme remarqué dans la section précédente et à la Figure 4.14, la souche GP59 atteint une densité optique maximale nettement supérieure à la souche JAM1 en conditions anaérobies. Les cinétiques de croissance sont similaires à celles retrouvées à la Figure 4.7, avec seule différence que la souche GP59 a montré un léger temps de latence avant le début de sa croissance dans cette expérience-ci, comparativement à la latence de plus de 24 heures dans l'expérience de la mesure du taux de dénitrification.

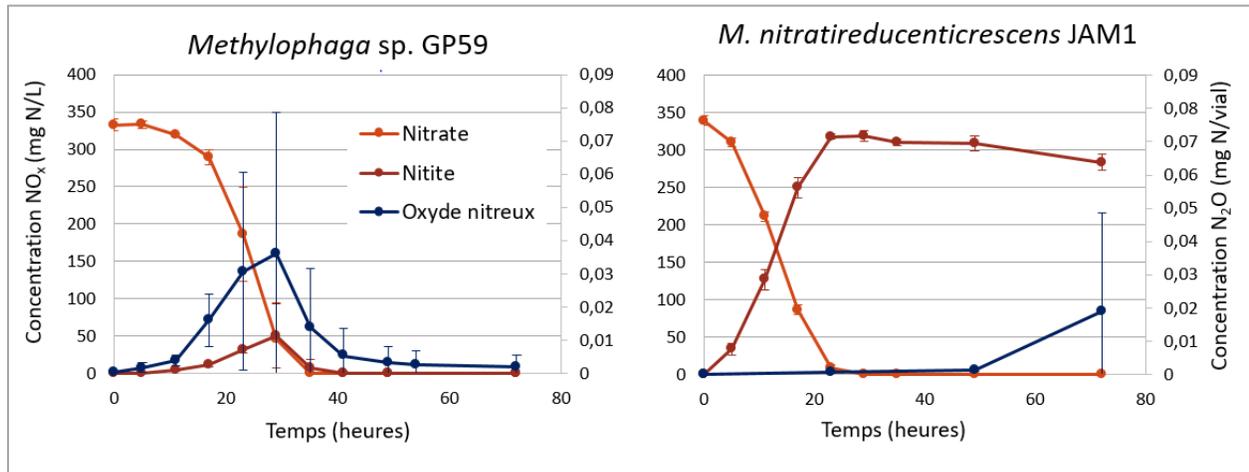


Figure 4.15 Suivi de la production des produits de dénitrification par les souches GP59 et JAM1

Les cultures ont été effectuées en conditions anaérobies, avec 300 mg N/L de nitrate initial. Les concentrations de nitrate et de nitrite ont été mesurées par chromatographie ionique et la concentration d'oxyde nitreux a été mesurée par chromatographie gazeuse. Chaque point représente la moyenne des triplicatas.

Le nitrate a été réduit complètement par les souches GP59 et JAM1, comme ceci avait été déjà démontré à la Figure 4.9 pour une concentration près de 300 mg N/L de nitrate initial. On remarque à la figure 4.15 que la réduction du nitrate par la souche GP59 commence avec un retard d'environ 12 heures par rapport à la souche JAM1. Par contre, une fois la réduction du nitrate débutée, la vitesse de réduction est la même pour les deux souches : $15,4 \pm 2,8$ mg N/L/h pour la souche GP59 et $15,3 \pm 2,4$ mg N/L/h pour la souche JAM1. Le temps de latence observé chez la souche GP59 est similaire à ce qui est observé pour la croissance de celle-ci (Figure 4.14) et est donc également plus court que lors des expériences de mesure du taux de dénitrification (Figure 4.9). Pour la souche GP59, une faible accumulation de nitrite et d'oxyde nitreux a été observée, mais ceux-ci sont rapidement réduits complètement. Pour la souche JAM1, le nitrite s'accumule en concentration équivalente au nitrate qui a été réduit et on remarque une légère accumulation d'oxyde nitreux vers la toute fin de l'incubation. Il est difficile d'évaluer si la

diminution de la concentration de nitrite pendant la phase de déclin est bel et bien due à sa consommation ou à une simple variabilité lors de la mesure par chromatographie ionique.

4.4 Caractérisation microbiologique

Les colonies de *Methylophaga* sp. GP59, après 5 jours de croissance en conditions aérobies sur une gélose de milieu methylophaga 1403 sont beiges opaques, circulaires, de 1 à 2 mm de diamètre et ont un aspect lisse et convexe. En culture liquide, lorsqu'en phase exponentielle de croissance, la souche GP59 forme des floccs (Annexe VII) mais ceux-ci se dégradent habituellement lorsque la concentration de cellules continue d'augmenter, et elle forme alors une culture homogène blanchâtre. La coloration de Gram a permis de visualiser des cellules de couleur rose, donc de type Gram négatif.

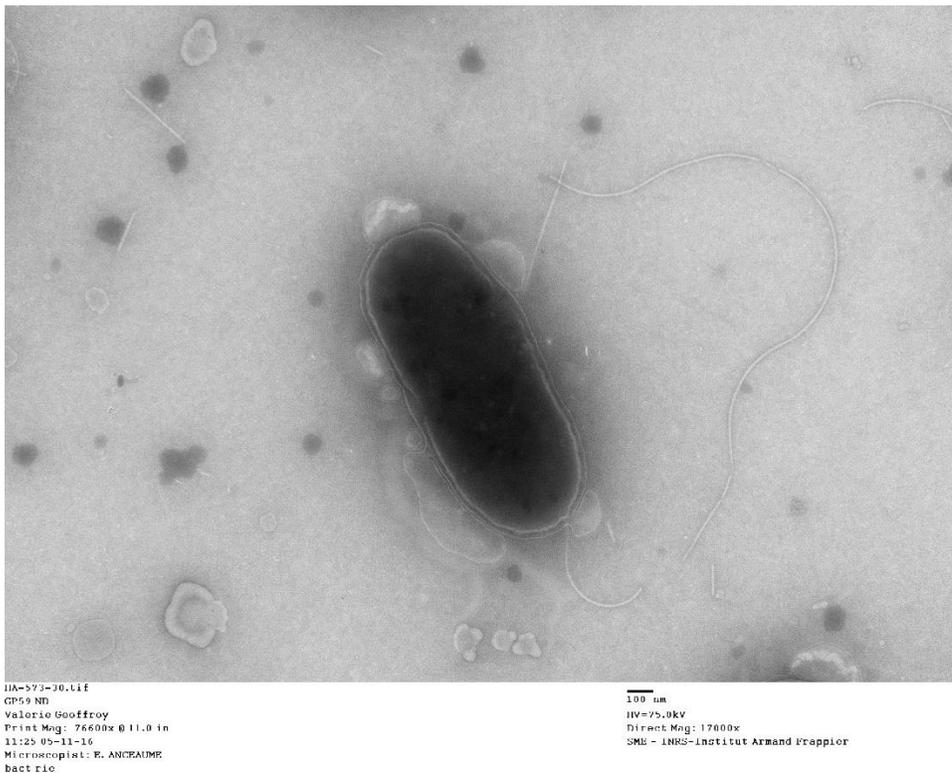


Figure 4.16 Observation de la souche GP59 par microscopie électronique

Observation d'une cellule provenant d'une culture liquide de la souche GP59 colorée à l'acide phosphotungstique (PTA) 1%, à grossissement 17 000X. Le trait noir correspond à 100 nm.

L'observation des cellules au microscope électronique (Figure 4.16) a permis de déterminer que la souche GP59 a une forme de bacille d'environ 1300 nm de longueur et qu'elle possède un flagelle polaire.

4.4.1 Test de sensibilité aux antibiotiques

L'étude de la sensibilité de la souche *Methylophaga* sp. GP59 à différents antibiotiques a été effectuée dans le milieu liquide 1403 complet, à l'aide de l'appareil Bioscreen et en se basant sur les résultats existants de *M. nitratireducenticrescens* JAM1. Si une grande différence de concentration était obtenue entre les deux souches, l'expérience a été refaite avec la souche JAM1 également, dans les mêmes conditions, afin de bien pouvoir les comparer. Les résultats sont illustrés dans le Tableau 4.2 et tous les graphiques des résultats au Bioscreen sont en Annexe VIII. Les concentrations maximales d'antibiotiques permettant la croissance des souches JAM1 et GP59 sont les mêmes.

Tableau 4.2 Récapitulatif des résistances aux antibiotiques des souches JAM1 et GP59

Antibiotique	Résistance de <i>M. nitratireducenticrescens</i> JAM1 (µg/ml)	Résistance de <i>Methylophaga</i> sp. GP59 (µg/ml)
Chloramphenicol	100	100
Triméthoprim	25	25
Ampicilline	500*	500
Tétracycline	50*	50
Streptomycine	5*	5
Gentamycine	5*	5
Kanamycine	5*	5

Les concentrations indiquées dans le tableau sont les concentrations maximales testées ou une croissance a été observée pour chacune des souches. Chaque concentration a été testé en 7 réplicats. * : résultats de (Villeneuve, 2012).

4.4.2 Source de carbone alternative

La méthylamine a été testée comme source de carbone alternative au méthanol, à une concentration équivalente de C que lorsque le méthanol est utilisé. Aucune croissance n'a été observée après 6 jours de culture (Figure 4.17).

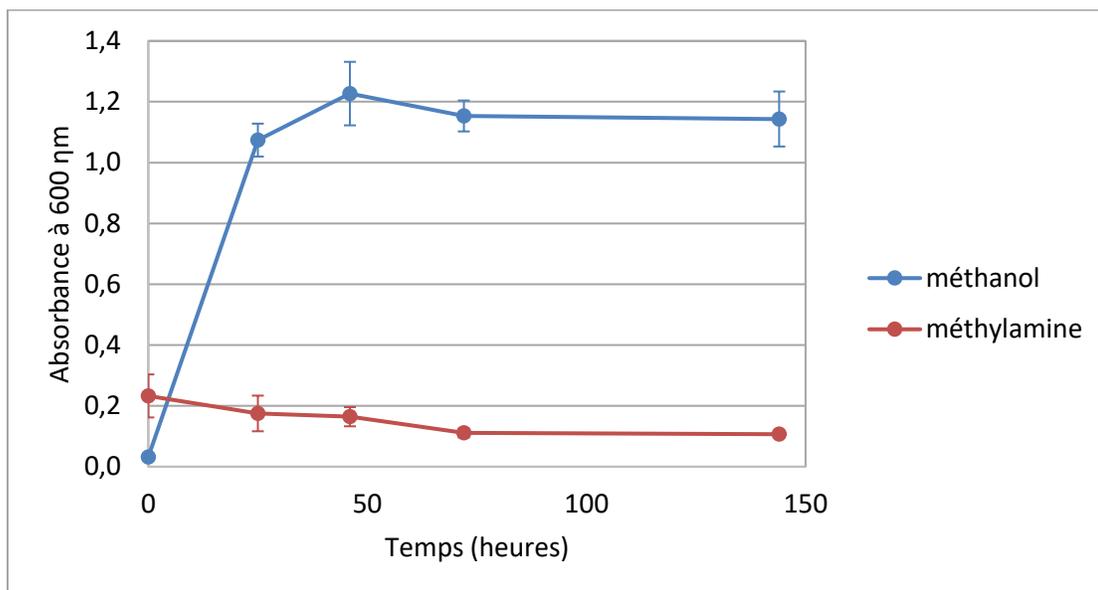


Figure 4.17 Croissance de la souche GP59 avec la méthylamine comme source de carbone

Les cultures avec les différentes sources de carbone ont été effectuées en conditions aérobies. La culture avec méthanol a été utilisée comme témoin. Chaque point représente la moyenne de triplicata de culture.

La souche JAM1 est également incapable d'utiliser la méthylamine comme unique source de carbone (Villeneuve, 2012).

4.5 Caractérisation génétique

4.5.1 Étude des génomes

Le séquençage complet du génome a permis de déterminer que *M. nitratireducentescens* JAM1 possède un génome de 3137192 pb et que *Methylophaga* sp. GP59 possède un génome de 3234313 pb ainsi que deux plasmides de 32421 et 33560 pb.

L'annotation par le serveur RAST a permis de déterminer que le génome de la souche JAM1 comprend 3120 gènes annotés, dont 2444 ont des fonctions prédites et que le génome de la souche GP59 comprend 3248 gènes annotés dont 2580 ont des fonctions prédites. Les plasmides de la souche GP59 de 32421 et 33560 pb comprennent respectivement 51 gènes annotés dont 16 ont des fonctions prédites et 53 gènes annotés dont 24 ont des fonctions prédites. La liste complète des gènes annotés des plasmides se retrouve en Annexe IX.

Tableau 4.3 Récapitulatif des informations génomiques des souches JAM1 et GP59

	Longueur (pb)	Nombre de gènes annotés
Génome de la souche GP59	3234313	3248
Génome de la souche JAM1	3137192	3120
Plasmides de la souche GP59	33560	53
	32421	51

Les comparaisons effectuées à partir du serveur RAST ont permis de déterminer que *M. nitratireducentescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 ont 2732 gènes communs dont la séquence en acide aminé a 90% d'identité ou plus. Tout comme la souche JAM1, la souche GP59 possède les gènes de la voie Entner-Doudoroff, permettant l'utilisation de source de carbone à un carbone tel que le méthanol.

Le génome de la souche GP59 contient un îlot de dénitrification identique à celui de la souche JAM1, d'environ 67 kpb : celui-ci est illustré à la Figure 4.18. Cet îlot contient deux systèmes de réduction du nitrate Nar, deux systèmes de réduction de l'oxyde nitrique Nor et un système de réduction de l'oxyde nitreux Nos. Les régulateurs de transcriptions codés par les gènes *nnrS*, *narX*, *narL* et *norR* et le transporteur NarK sont également présents dans l'îlot de dénitrification.

Les plasmides de la souche GP59 comportent peu de gènes ayant des fonctions prédites et aucun d'entre eux ne semble pouvoir avoir une influence importante sur la physiologie de la souche GP59. Le plasmide de 33560 pb contient un couple de toxine et anti-toxine HicA et HicB. La protéine HicA est une toxine bactériostatique clivant des ARN messagers et la protéine HicB peut neutraliser la toxine HicA (Jørgensen *et al.*, 2009). Le plasmide de 32421 pb contient

également un couple de gènes codant pour des toxines et anti-toxines : *yoeB* et *yefM*. Des essais avec *Escherichia coli* ont montré qu'une surexpression de la toxine YoeB entraîne une inhibition de la croissance et une réduction du nombre viable de cellules (Nieto *et al.*, 2007). Il est aussi intéressant de noter que les deux plasmides contiennent quelques gènes apparentés à un système de sécrétion de type IV. Il est fréquent de retrouver ce type de système de sécrétion à l'intérieur des plasmides auto-transmissibles où il se trouve également des gènes pouvant apporter un avantage à une cellule, tels des gènes de résistance à un antibiotique ou des gènes de virulence comme c'est le cas pour la souche GP59 (Wallden *et al.*, 2010).

La visualisation de l'alignement des séquences effectué par le programme Mauve démontre l'arrangement très similaire des génomes de GP59 et JAM1. Les espaces blancs de la Figure 4.18 représentent les quelques différences entre les séquences des deux génomes, pouvant être dues à des insertions ou des délétions.

Le génome de la souche JAM1 comprend 217 gènes considérés comme uniques, avec moins de 50% d'identité de séquences avec la souche GP59 (environ 7% du nombre total de gènes). Ceux-ci sont principalement regroupés dans sept îlots que l'on peut distinguer sur la Figure 4.18.

Le génome de la souche GP59 comprend 358 gènes considérés comme uniques (11% du nombre total de gènes), avec moins de 50% d'identité de séquences avec la souche JAM1. Ceux-ci sont principalement regroupés dans sept îlots que l'on peut distinguer sur la figure 4.18.

Plusieurs gènes affiliés au prophage Mu ont été retrouvés dans le génome de la souche GP59, regroupés à l'intérieur d'un îlot d'environ 86 kpb (figure 4.18). Ceci suggère une infection en phase lysogénique par le phage Mu. De façon intéressante, un gène *nirK* se situe à l'intérieur de cet îlot entre des gènes affiliés au prophage.

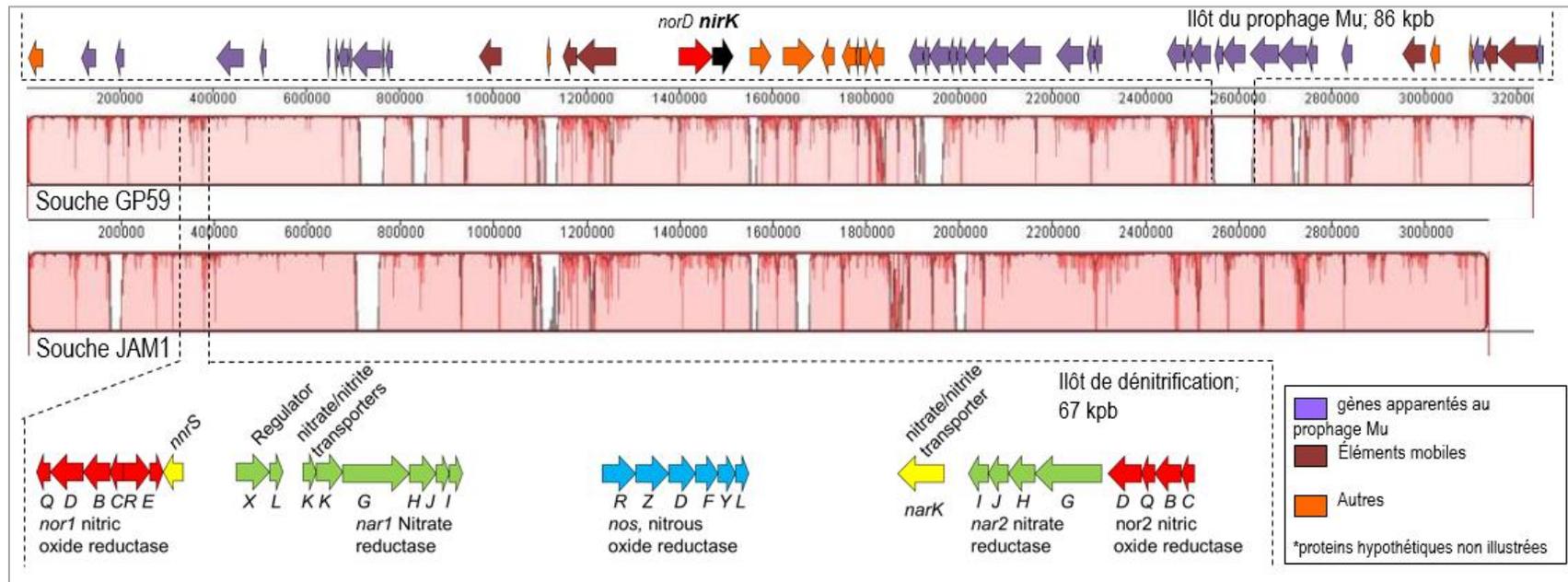


Figure 4.18 Alignement des génomes des souches JAM1 et GP59.

Les génomes de *M. nitratireducens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 ont été alignés avec le programme Mauve 2.4.0. Les flèches représentant différents gènes sont de taille proportionnelle avec la longueur de la séquence du gène représenté et sont orientées selon la direction du cadre de lecture. Les espaces de couleur blanche représentent les seules différences entre les séquences des génomes et les portions roses représentent un arrangement identique.

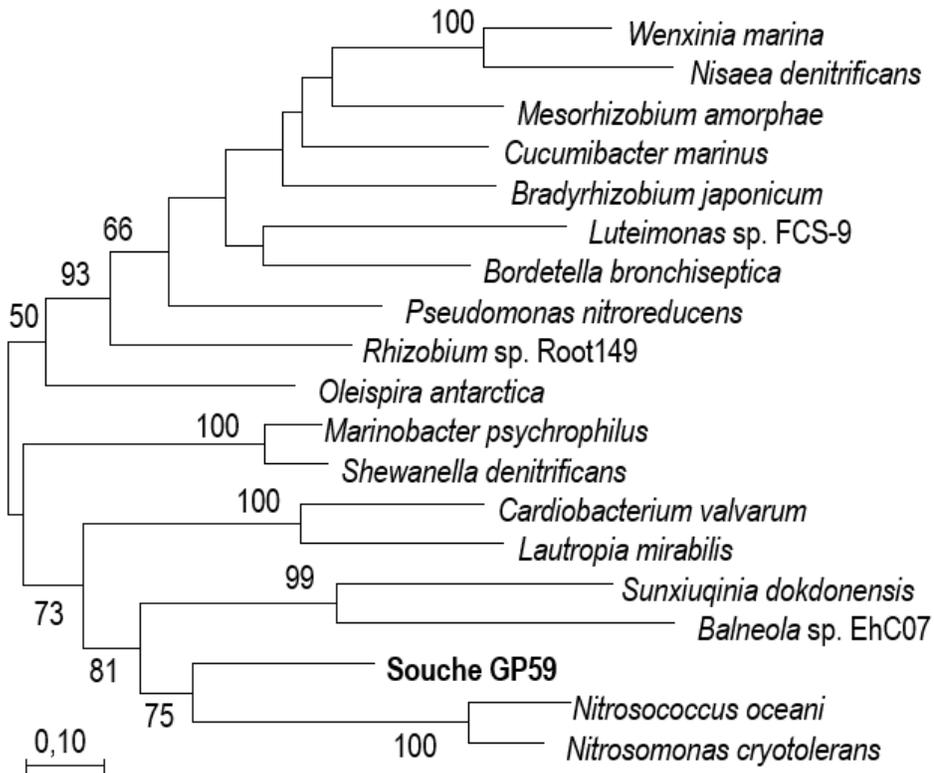


Figure 4.19 Phylogénie du gène *nirK*

La distance évolutive d'un représentant de chaque famille des 100 meilleurs résultats d'affiliations sur BLAST de la séquence en acide aminé du gène *nirK* de la souche GP59 est illustrée par un arbre de type «Maximum likelihood». Les nombres aux embranchements représentent le pourcentage d'arbres ou cet embranchement est le même sur 1000 rééchantillonnages : seules les valeurs de 50% ou plus sont illustrées. L'échelle représente le nombre de substitutions par positions.

Les 100 meilleurs résultats d'homologie de séquence déduite en acides aminées du gène *nirK* identifiés avec le serveur de Blast ont tous entre 59 et 68% d'identité sur 87 à 97% de région de couverture. Il n'a donc pas été possible de déterminer un gène homologue de façon précise.

L'arbre phylogénétique ne présente pas d'affiliation précise quant à l'évolution du gène *nirK* de la souche GP59 (Figure 4.19). L'affiliation la plus proche est avec les gènes *nirK* des bactéries *Nitrosococcus oceani* (préalablement connu sous le nom de *Nitrosocystis oceanus*) et *Nitrosomonas cryotolerans* appartenant aux familles des *Chromatiaceae* et des *Nitrosomonadaceae*, respectivement (Klotz *et al.*, 2006; Prosser *et al.*, 2014).

Les résultats de pourcentage de conservation d'ADN entre *M. nitratireducens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 sont de 89% lorsque la souche JAM1 est utilisée comme base

de référence et de 92% lorsque la souche GP59 est utilisée comme référence. Donc selon ces résultats, les souches sont considérés comme la même espèce.

4.5.2 Études des transcriptomes

L'ARN total des cultures en triplicata de *M. nitratireducentis* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59 cultivés en conditions anaérobies a été récolté lorsque le nitrate avait été réduit presque complètement, soit en fin de phase exponentielle de croissance. Les bactéries de ces deux cultures devaient donc être dans des états physiologiques plutôt similaires, ce qui a permis de faire une comparaison adéquate de l'expression de leur gènes. Les gènes ayant des ratios TPM JAM1/GP59 inférieurs à 0,5 et supérieurs à 2 ont montré avoir tous une expression différentielle significative selon les variations à l'intérieur de leur triplicata respectif. Quoique des différences significatives ont été décelées pour des gènes ayant des ratios entre 0,5 et 2,0, j'ai fixé arbitrairement les limites de <0,5 et >2 pour les analyses différentielles d'expressions des gènes. Selon ce ratio, environ 60% de tous les gènes communs sont considérés comme exprimés au même niveau dans ces conditions (Figure 4.20). Parmi les 2442 gènes communs transcrits, 1152 ont pu être associés avec des voies métaboliques établies par le serveur RAST. Le nombre de TPM, les scores q, et le ration TPM de tous les gènes communs entre les deux souches sont illustrés en Annexe X. L'expression différentielle des gènes regroupés dans les différentes voies métaboliques est illustrée à la Figure 4.20. Le Tableau 4.4 représente les ratios d'expression des îlots des systèmes de dénitrification des souches JAM1 et GP59. Les gènes co-transcrits, tels que déterminé selon une étude antérieur de notre laboratoire (Mauffrey *et al.*, 2015), ont été regroupés et la moyenne de leur ratio TPM JAM1/GP59 a été calculée. Les gènes dont les cadres de lecture sont en direction opposés à l'intérieur d'un même îlot de dénitrification ont été considérés comme transcrits différemment et leur moyenne de ratio TPM JAM1/GP59 a été calculée distinctivement.

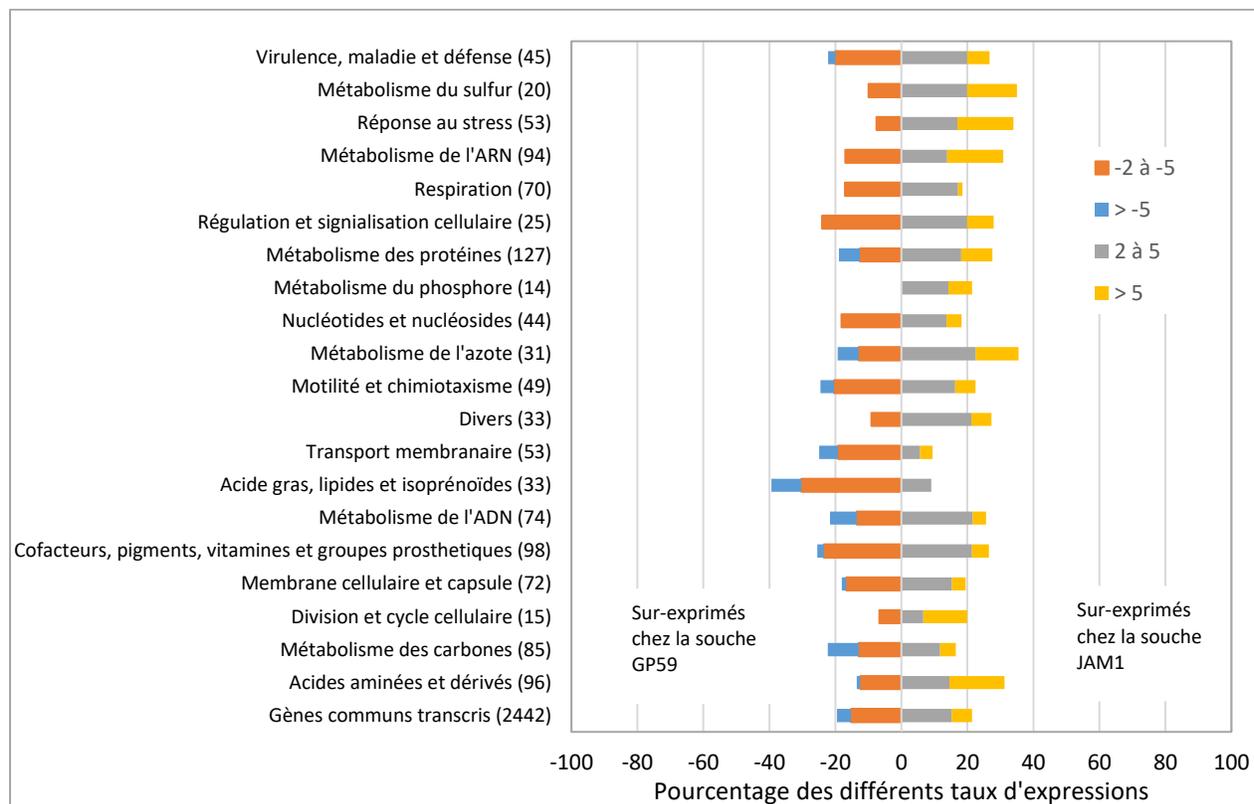


Figure 4.20 Taux d'expressions différentiels des différentes voies métaboliques des souches JAM1 et GP59.

L'axe des X représente le % de gènes dans les différentes voies métaboliques (valeur entre parenthèse dans l'axe des Y) qui ont des ratios TPM JAM1/GP59 < 0,5 et > 2. Les ratios JAM1/GP59 < 1,0 ont été transformés en ratio négatif de GP59/JAM1.

Tableau 4.4 Ratios d'expressions TPM des gènes de l'îlot de dénitrification des souches JAM1 et GP59

Gènes	Ratio JAM1/GP59	Ratio GP59/JAM1	Numérotation du gène (selon l'annotation de Genbank, voir l'Annexe X pour la liste complète des gènes)
Système oxyde nitrique réductase (Nor1)			
<i>norQDBC</i>	2,11	0,47	Peg.428-431
<i>norRE</i>	0,98	1,02	Peg.432-433
<i>nnrS</i>	0,85	1,18	Peg.435
Système nitrate réductase (Nar1)			
<i>narXL</i>	2,23	0,45	Peg.438-439
<i>narKKGHJI</i>	1,96	0,51	Peg.441-446
Système oxyde nitreux réductase (Nos)			
<i>nosRZDFYL</i>	2,45	0,41	Peg.455-461
Système nitrate réductase (Nar2)			
<i>narK</i>	0,4	2,50	Peg.476
<i>narIJHG</i>	1,04	0,96	Peg.478-481
Système oxyde nitrique réductase (Nor2)			
<i>norDQBC</i>	1,24	0,81	Peg.482-485
Autres régulateurs de la dénitrification			
<i>nnrS</i>	1,19	0,84	Peg.65
<i>nsrR</i>	9,72	0,10	Peg.66
<i>dnrN</i>	3,47	0,29	Peg.67
<i>nnrS</i>	1,34	0,75	Peg.1786
<i>nsrR</i>	0,39	2,56	Peg.403
<i>anr</i>	2,81	0,36	Peg.307

Le même système de couleur qu'à la Figure 4.21 a été utilisé pour illustrer les différences d'expressions significatives.

Les différents systèmes, reliés à la dénitrification, sont régulés de façon assez semblable avec des ratios différentiels de maximum 2,5 fois plus d'expressions. Quelques différences d'expressions plus notables ont été retrouvées parmi les régulateurs de la dénitrification. Les gènes différemment régulés *nsrR* et *dnrR* sont des régulateurs de transcription sensible à l'oxyde nitrique (Van Spanning, 2011). Le régulateur ANR est un régulateur actif en absence d'oxygène, comme expliqué dans la section 2.2.1.

4.6 Quantification des souches dénitrifiantes dans les biofilms adaptés

Suivant la récolte de la biomasse des biofilms adaptés lors des expériences de Geneviève Payette (2014), des analyses par PCR quantitative ont été effectuées pour connaître la concentration des souches *H. nitrativorans* NL23, *M. nitratireducenticrescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59. Les régions à amplifier choisies pour chacune de ces souches se retrouvent à l'intérieur de la région codant pour le gène *napA*, le gène *tagH* et le gène *nirK* respectivement. Ces régions sont uniques à chacune des souches.

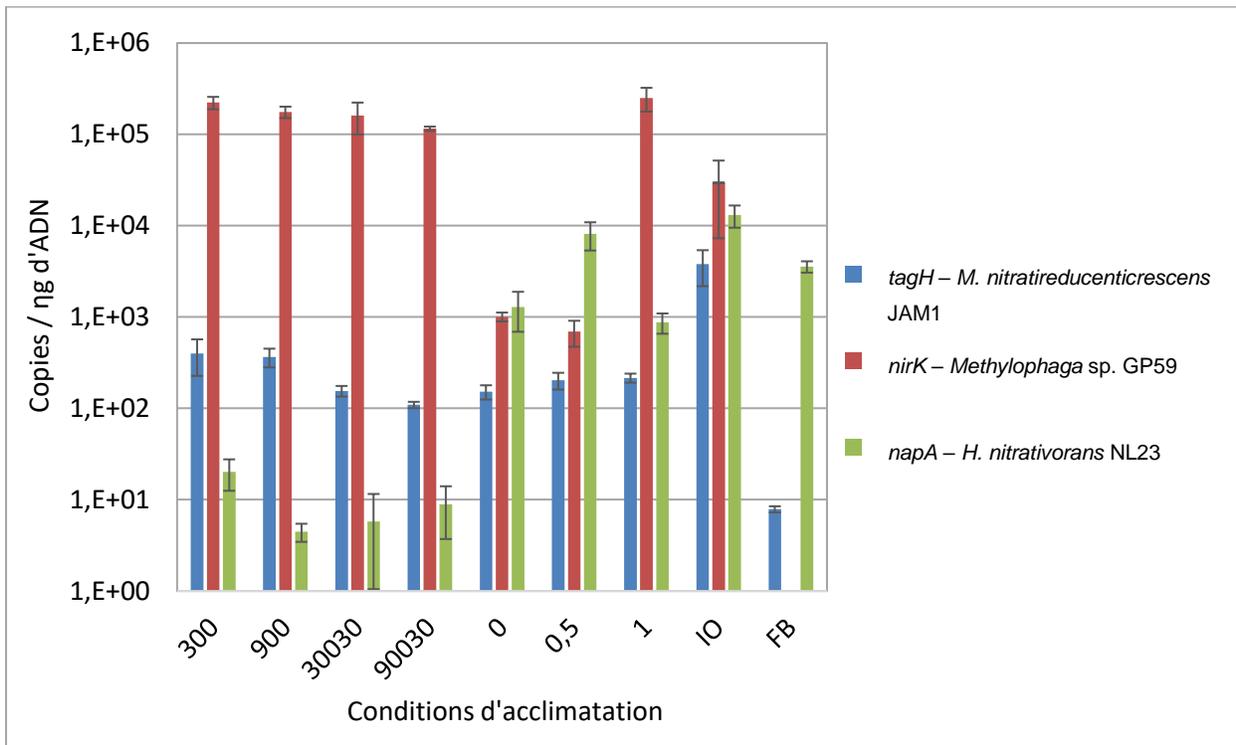


Figure 4.21 Quantification des souches JAM1, GP59 et NL23 dans les biofilms acclimatés

Les biofilms acclimatés ont été produit par Geneviève Payette et préservés à -80°C en présence de glycérol. Ces acclimatations ont été effectuées à partir du biofilm original du Biodôme et cultivés dans le milieu EMS pendant 5 semaines (Payette, 2014). 300, 900 : 300 et 900 mg N/L, 23°C, 2,75% de NaCl. 30030, 90030 : 300 et 900 mg N/L, 30°C, 2,75% de NaCl. 0, 0,5, 1 : 0, 0,5 et 1 % de NaCl dans le milieu EMS avec 300 mg N/L, 23°C. IO : milieu Instant Ocean, eau de mer originale du Biodôme, avec 300 mg N/L, à 23°C. FB : Biofilm congelé provenant du bioréacteur du Biodôme.

Dans les adaptations dans les milieux EMS à différentes concentrations de nitrate (300, 900, 30030 et 90030), la population de *H. nitrativorans* NL23 a diminué de près de deux log comparativement au biofilm original prélevé du dénitrificateur du Biodôme. Les populations des

deux souches de *Methylophaga*, quant à elles, ont augmenté et sont demeurées stables à des concentrations comparables dans ces quatre conditions et la souche GP59 s'est retrouvée environ 1000x plus concentrée que la souche JAM1. Lors des adaptations dans le milieu EMS avec 0 et 0,5 % de NaCl, la concentration de la souche GP59 a diminué jusqu'à un niveau similaire à la souche JAM1 qui est demeurée à environ une centaine de copies de gènes par ng d'ADN. La concentration de la souche NL23 a augmenté comparativement aux adaptations dans l'EMS avec concentration standard de NaCl (2,75%) et est similaire à ce qui est retrouvé dans le biofilm original du bioréacteur ; entre 1000 et 10 000 copies de gènes par ng d'ADN. Lors de l'adaptation dans l'EMS avec 1 % de NaCl, c'est de nouveau la souche GP59 qui est retrouvée en plus grande quantité, à la même concentration que dans les adaptations dans l'EMS avec la quantité normale de NaCl. La souche NL23 est environ 100x plus concentrée que lors des adaptations dans l'EMS avec concentration de NaCl originale. Lors de l'adaptation dans le milieu Instant Ocean, les trois souches étudiées se retrouvent en concentration semblable. Finalement, les expériences de PCR quantitative ont permis de déterminer que la souche JAM1 se retrouvait à environ 10 copies de gènes par ng d'ADN, la souche NL23 à environ 1000 copies de gènes par ng d'ADN et que la souche GP59 n'est pas détectable dans le biofilm original du dénitrificateur du Biodôme de Montréal (Figure 4.21).

5 DISCUSSION

Les principales différences notées tout au long de mon étude entre *Methylophaga* sp. GP59 et *M. nitratireducenticrescens* JAM1 sont récapitulées dans le tableau 5.1. La comparaison exhaustive effectuée entre les deux souches aide à déterminer si la souche GP59 est de la même espèce que la souche JAM1 ou s'il s'agit d'une nouvelle espèce. Effectivement, la détermination d'une nouvelle espèce doit également se baser sur les caractéristiques physiologique ou sur l'activité des souches et non seulement par rapport à la similarité des génomes.

Tableau 5.1 Principales différences entre les souches JAM1 et GP59

	<i>Methylophaga</i> sp. GP59	<i>M. nitratireducenticrescens</i> JAM1
pH permettant la croissance	7 à 9 *	7 à 10 *
Températures permettant la croissance (°C)	22 et 34 *	15 à 37 *
Temps de latence de croissance et réduction du nitrate en conditions anaérobies	12 à 40 heures	Aucun
Réduction du nitrate en conditions aérobies	Non	Oui
Pourcentage d'identité de nucléotides lorsque que chacun est utilisé comme base	92%	89%
Présence de plasmides	Oui	Non
Présence du gène <i>nirK</i> dans le génome	Oui	non

* : Selon les données de concentration protéique après une croissance de 48 heures.

5.1 Paramètres optimaux de croissance

La plage de température de croissance des souches GP59 et JAM1 était différente selon le type d'approche, soit la quantification protéique et les cinétiques de Bioscreen. Il semble difficile d'en tirer des conclusions autre que 30°C est la température optimale pour les deux souches. Les résultats différents pour les croissances à 22 et 34 °C sont peut-être explicables par la tendance que les deux souches ont de former des flocs lors de leur croissance et par les différences dans les modes d'agitation des deux techniques. Pour les tests de croissance mesurés par concentration protéique, les erlenmeyers ont été agités constamment de façon orbitale à 150 rpm alors que lors des tests de cinétique au Bioscreen, les limitations de l'appareil ne permettaient qu'une agitation de type vibratoire pendant 30 secondes avant chaque mesure d'absorbance aux 30 minutes. Par exemple, pour la souche JAM1, à 34 °C dans la plaque du Bioscreen, il y avait formation d'un mince tapis bactérien solide qui empêchait donc une lecture d'absorbance adéquate. Les différentes agitations peuvent aussi induire différents niveaux d'oxygénation des milieux, ce qui pourraient aussi moduler différemment les cinétiques de croissance. Pour la souche GP59, il est plus évident que la température de croissance optimale est 30 °C. C'est également ce qui avait été déterminé pour la souche JAM1 (Villeneuve, 2012), alors que l'appareil Bioscreen permettait précédemment une agitation constante lors des tests cinétiques. Les résultats obtenus par croissance protéique se situent environ dans la même gamme de résultats que ce qui a été observé pour d'autres espèces de *Methylophaga* : *M. alcalica* peut croître entre 4 et 35°C, *M. lonarensis* entre 20 et 37°C, *M. marina* entre 10 et 40°C, *M. muralis* entre 0 et 42°C et *M. thalassica* entre 10 et 40°C (Boden, 2012).

Pour la détermination de la croissance optimale en fonction du pourcentage de NaCl ou du pH, les résultats entre les deux types d'agitation concordent entre eux pour chacune des souches. Les pourcentages de NaCl permettant les meilleures croissances pour les deux souches sont 1, 3 et 5% et aucune croissance n'a été observée à 0% ce qui est commun chez toutes les espèces du genre *Methylophaga* qui ont été majoritairement isolées d'environnements marins (Boden, 2012). Les pH permettant une meilleure croissance pour la souche JAM1 sont 8, 9 et 10, alors que pour la souche GP59, ce sont les pH 8 et 9. Les résultats obtenus par croissance protéique se situent environ dans la même gamme de résultats que ce qui a été observé pour d'autres espèces de *Methylophaga* qui sont également modérément alcalophiles: *M. alcalica*, peut croître entre les pH de 8 et 11, *M. aminisulfivorans* entre les pH de 6 à 8, *M. lonarensis* entre les pH 7 à 10 et *M. muralis* entre les pH de 6 à 11 (Boden, 2012).

Lors des tests pour déterminer le pH optimal des souches JAM1 et GP59 par concentration protéique, le pH des milieux a été mesuré suite aux 48 heures d'incubation et il est apparu une diminution de pH importante dans tous les milieux où il y avait eu croissance. Cette baisse de pH peut provenir de la production d'acide organique lors de la croissance bactérienne et par l'assimilation de l'ammonium présent dans le milieu. Il a également été démontré, dans le cas de la bactérie *Methanosarcina barkeri*, que l'utilisation du méthanol comme source de carbone acidifie le milieu par une production intermédiaire de CO₂ dans le milieu (Hutten *et al.*, 1980). Pour les souches JAM1 et GP59, lors de la croissance en milieu à pH 7 et 8, le pH après 48 heures de croissance a chuté légèrement sous 6 (jusqu'à 5,5), mais aucune croissance n'a été observée lorsque le pH de départ du milieu était de 6. Cela démontre bien que le pH 6 est la limite inférieure à laquelle peuvent croître les souches JAM1 et GP59 puisque la croissance semble s'interrompre lorsque le milieu est acidifié jusqu'à un pH d'environ 6. Cela pourrait expliquer les résultats de croissance plus faible obtenus à pH initial de 7 (Figure 4.3), puisque les bactéries acidifient le milieu lors de la croissance et donc atteignent plus rapidement la limite inférieure de pH viable.

Deux différences importantes entre les physiologies des souches JAM1 et GP59 notées jusqu'ici sont que la souche JAM1 peut croître dans une plus grande gamme de température et jusqu'à un pH plus alcalin que la souche GP59.

5.2 Taux de dénitrification

Différentes concentrations de nitrate initiales ont été testées en conditions aérobies et anaérobies afin de déterminer à quelle concentration le meilleur taux de dénitrification est possible chez *M. nitratireducentescens* JAM1 et *Methylophaga* sp. GP59.

En conditions anaérobies et aérobies, la souche JAM1 produit du nitrite en même concentration que le nitrate qu'elle a pu réduire (Figures 4.9 et 4.12). Ces résultats sont en accord avec l'absence d'un gène *nirK*, codant pour une nitrite réductase, dans le génome de la souche JAM1 et avec les résultats précédemment obtenus dans le laboratoire (Auclair *et al.*, 2010; Villeneuve, 2012). La souche GP59 quant à elle, peut réduire le nitrite produit lorsque la concentration de nitrate initiale ne dépasse pas 600 mg N/L et ce résultat concorde avec la présence d'un gène *nirK* dans le génome de la souche GP59.

En conditions anaérobies, la souche GP59 peut atteindre des densités optiques jusqu'à 6X plus élevées que la souche JAM1 pour les plus hautes concentrations de nitrate initiales. En

conditions dénitrifiantes, ce sont les produits azotés qui supportent la croissance en tant qu'accepteurs finaux d'électrons. La croissance de la souche JAM1 est limitée lorsque les concentrations de nitrate initiales sont faibles (jusqu'à 600 mg N/L) puisque la réduction du nitrate en nitrite constitue sa seule source d'accepteur d'électrons. Lorsque les concentrations initiales de nitrate sont élevées, l'accumulation de nitrite devient probablement toxique. Il a été démontré que différentes concentrations de nitrite peuvent inhiber la croissance de plusieurs genres bactériens (Almeida *et al.*, 1995; Buchanan *et al.*, 1989; Philips *et al.*, 2002; Vadivelu *et al.*, 2006). La souche GP59 conserve un environnement non-toxique en réduisant le nitrite nocif et peut produire plus d'énergie que la souche JAM1 en réduisant successivement les quatre produits intermédiaires de la dénitrification. C'est seulement lorsque la concentration initiale de nitrate dépasse 600 mg N/L que la souche GP59 est incapable de réduire complètement le nitrate et qu'une accumulation de nitrite est visible. Il est possible que dans ces conditions de concentrations élevées de nitrate, ce soit la source de carbone qui est limitant et qui empêche une meilleure croissance. Une autre possibilité est que les métaux nécessaires au fonctionnement des enzymes se retrouvent en concentrations limitantes lorsqu'une aussi grande de produits azotés doit être réduit. Effectivement, il avait été démontré que le taux de dénitrification du biofilm du Biodôme était influencé par la concentration des métaux traces (Labbé *et al.*, 2003). Il est peu fréquent de rencontrer des systèmes pollués où la concentration de nitrate excède 600 mg N/L. En général, les eaux de surface peuvent atteindre une concentration de nitrate de 25 mg N/L et les eaux souterraines jusqu'à 100 mg N/L. En aquariums d'eau salée et en systèmes d'aquacultures des concentrations maximales de 500 mg N/L ont été rencontrées (Camargo *et al.*, 2005; Grguric *et al.*, 2000; Pierce *et al.*, 1993). Donc la capacité de la souche GP59 à réduire efficacement jusqu'à 600 mg N/L de nitrate initiale devrait se montrer suffisante pour traiter la plupart des systèmes pollués qui pourrait se présenter dans le futur.

La vitesse de réduction du nitrate demeurant stable malgré différentes concentrations de nitrate initiale, en conditions aérobies, chez la souche JAM1, indique que ce n'est probablement pas le nitrate qui active la transcription des systèmes Nar, et qu'il semble plus plausible que ceux-ci soient exprimés constitutivement. La souche JAM1 pourrait aussi avoir un défaut dans la régulation de la réponse à l'oxygène. Pourtant, l'analyse du génome de la souche JAM1 montre une séquence codant pour un régulateur de transcription ANR et un site de liaison potentiel a été retrouvé dans l'îlot de dénitrification, en amont du système Nar1 (Mauffrey *et al.*, 2015). Le régulateur ANR («arginine degradation and nitrate respiration») est reconnu comme un régulateur activant la transcription des gènes situés en aval de son site de fixation, actif en absence d'oxygène. La même séquence (99% d'identité de la séquence d'acides nucléiques) a été

retrouvée chez la souche GP59, mais avec l'annotation de «fumarate and nitrate reduction regulatory preotein». Ces régulateurs ont des fonctions et des modes d'actions très similaires et ont le même site de liaison à l'ADN (Galimand *et al.*, 1991). Il se pourrait qu'une simple petite erreur à l'annotation se soit produite, mais il semblerait que ce soit bel et bien les deux mêmes protéines dans le cas des souches JAM1 et GP59. La souche GP59 possède également le même site de liaison potentiel aux régulateurs ANR/FNR, aussi situé en amont du système Nar1. Malgré leur système de régulation en apparence pratiquement identique, la souche GP59 adopte un comportement plus prévisible aux bactéries dénitrifiantes, en ne réduisant pas le nitrate en conditions aérobies. Il est difficile d'expliquer que les deux bactéries n'ont pas le même phénotype concernant la réduction du nitrate en conditions aérobies.

Les différences importantes notées ici sont que la souche GP59 peut réduire le nitrite et que la réduction du nitrate par la souche GP59 n'est pas constitutive comme elle semble l'être chez la souche JAM1.

5.3 Production d'oxyde nitreux

La production d'oxyde nitreux en phase stationnaire de croissance par *M. nitratireducenticrescens* JAM1 est un phénomène qui a déjà été observé par un étudiant de notre laboratoire (résultats non-publiés à ce jour). L'explication proposée est que la production de N₂O provient de la réduction assimilatoire du nitrate ou du nitrite par les enzymes cytoplasmiques NAD(P)H nitrate et nitrite réductases. Il a également été proposé que le nitrite est le précurseur préférentiel pour la formation de N₂O par la souche JAM1, cela pourrait donc possiblement expliquer la légère diminution du nitrite observée à la Figure 4.15.

Comme discuté à la section 5.2 il a été démontré que la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 peut réduire le nitrate et le nitrite. Il a également été démontré grâce au suivi de production de l'oxyde nitreux, que la souche GP59 peut réduire l'oxyde nitreux. La légère accumulation et la réduction subséquente de l'oxyde nitreux suggèrent un système Nos fonctionnel, exprimé en conditions anaérobies. La petite accumulation d'oxyde nitreux laisse également croire que la souche GP59 peut également réduire l'oxyde nitrique, indiquant donc qu'elle serait capable d'effectuer toutes les étapes de la dénitrification. Il a été démontré par un étudiant de notre laboratoire (données non-publiées) que la souche JAM1 peut réduire l'oxyde nitrique et l'oxyde nitreux et peut utiliser l'oxyde nitreux comme unique accepteur d'électrons pour soutenir sa croissance. Il n'est donc pas surprenant que la souche GP59 puisse également réduire ces deux

produits étant donné qu'elle possède le même îlot de dénitrification que la souche JAM1 (Figure 4.18).

5.4 Caractérisation microbiologique

Les colonies et l'apparence en culture liquide de *Methylophaga* sp. GP59 sont pratiquement identiques à *M. nitratireducentis* JAM1. La coloration de Gram et la forme des cellules correspond à la description du genre *Methylophaga* (Boden, 2012).

L'étude de la résistance de la souche *Methylophaga* sp. GP59 à différents antibiotiques a été effectuée dans un but de caractérisation de la souche, mais aussi pour possiblement être capable de la différencier de la souche JAM1. Étant donné leur grande ressemblance phénotypique, il est difficile de les différencier et une résistance à un certain antibiotique de la part de l'une ou l'autre des souches aurait permis d'éviter les possibles problèmes de contamination en ajoutant cet antibiotique à l'un des milieux de culture. Les souches étant résistantes aux mêmes concentrations d'antibiotiques, cette option a été écartée.

5.5 Caractérisation génétique

La présence d'un îlot génique contenant plusieurs gènes affiliés à un prophage Mu, à l'intérieur du génome de *Methylophaga* sp. GP59, indique une infection antérieure maintenue en phase lysogénique, ou phase de dormance, par ce phage. Lors d'une infection par un phage Mu, l'ADN du phage est injecté à l'intérieur d'une cellule bactérienne et est inséré de façon aléatoire à l'intérieur du génome bactérien par transposition non-répliquative, avec l'aide de la protéine virale Mu N aussi injectée à l'intérieur de la bactérie. Dans 1 à 10% des cas d'infection, le cycle lysogénique s'installe et l'ADN du phage demeure associée à l'ADN de l'hôte et est transmis aux cellules bactériennes filles normalement lors de la réplication du génome pour la division cellulaire. C'est un cycle lysogénique qui semble s'être établi dans le génome de la souche GP59. Dans la majorité des cas, c'est un cycle lytique qui s'établit et l'ADN du phage est répliqué par un phénomène unique de transposition répliquative (Paolozzi & Ghelardini, 2006). Lors d'une infection lytique, l'ADN du phage répliqué et quelques segments de l'ADN hôte sont encapsulés dans les virions et prêts pour une nouvelle infection (Bukhari & Taylor, 1975). Dans le cas de la souche GP59, il semblerait que lors de l'insertion de l'ADN du phage, quelques gènes d'hôtes précédents ont aussi été insérés dans le génome de la souche GP59, dont un gène *nirK* et un gène *norD*, tous deux inclus dans le phénomène de la dénitrification.

Comme discuté précédemment (section 2.2.1), l'enzyme NirK est un homotrimère et n'a pas de sous-unités supplémentaires pour l'aider à effectuer la réduction du nitrite en oxyde nitrique. Donc théoriquement, si une source d'électrons est disponible, un cytochrome *c* ou une protéine avec cofacteur cuivre dans ce cas-ci, le produit du gène *nirK* retrouvé dans le génome de la souche GP59 devrait être fonctionnel. Les résultats présentés ci-haut (Figures 4.9 et 4.15) portent à croire que l'enzyme est effectivement fonctionnelle étant donné l'activité de réduction du nitrite effectuée par la souche GP59. Le gène *norD* se traduit en une sous-unité de l'enzyme de l'oxyde nitrique réductase dont le fonctionnement est assez peu étudié et mal connu. Par contre, il est reconnu que la protéine NorD joue un rôle essentiel de chaperonne dans la formation de l'enzyme NorBC active (van Spanning *et al.*, 2007). Il a récemment été proposé que NorD est impliqué dans l'insertion de l'hème *c* aux enzymes catalytiques NorBC (Vaccaro *et al.*, 2016).

Il est connu que les systèmes Nir et Nor fonctionnent en coopération chez les bactéries dénitrifiantes et ont le même système de régulation afin d'éviter l'accumulation toxique d'oxyde nitrique produit par la réduction du nitrite. Il a été rencontré chez la bactérie *Pseudomonas stutzeri* RCH2 un opéron du gène *nirK* qui contenait sa propre copie des gènes *norDQBC* (Vaccaro *et al.*, 2016). Il est donc possible que les gènes *norD* et *nirK* insérés dans le génome de la souche GP59 par l'infection du phage Mu proviennent du même opéron de la bactérie d'origine.

Le cycle lysogénique du prophage Mu est très stable et l'induction d'un cycle lytique de façon spontanée est extrêmement rare (Paolozzi & Ghelardini, 2006). À ce jour, aucun moyen n'est connu pour induire un cycle lytique lorsque le prophage est en dormance à l'intérieur d'un génome.

Il est possible que les différences de croissance entre les souches JAM1 et GP59 soient explicables par la présence du prophage chez la souche GP59. Peut-être que les environnements moins favorables (34°C et pH 10) induisent un stress chez la bactérie qui pourrait enclencher le cycle lytique, empêchant donc la croissance de la souche GP59 à ces conditions, alors que la souche JAM1 en est capable. Cette hypothèse devrait être testée.

Lors de l'analyse des gènes uniques de chacune des souches, il a été noté qu'elles possèdent quelques régulateurs de transcription différents. Cela pourrait possiblement expliquer les comportements différents entre les deux souches concernant les différentes croissances selon la température et le pH et concernant l'expression constitutive du système Nar chez la souche JAM1 en conditions aérobies. Par exemple, les souches JAM1 et GP59 possèdent chacune un régulateur de transcription de la famille AraC. Ce type de régulateur est

majoritairement rencontré comme étant un activateur de transcription et peut agir sur un très large éventail de gènes ayant des fonctions dans le métabolisme du carbone, la virulence ou la réponse à un stress (Gallegos *et al.*, 1997). La souche GP59 possède également un régulateur appartenant à la famille des régulateurs LysR. Ceux-ci font partie des régulateurs positifs les plus communs chez tous les procaryotes. Ils peuvent agir en tant qu'activateur ou répresseur de transcription et peuvent réguler de très nombreux gènes avec diverses fonctions tel la virulence, la réponse à la présence de métaux ou à une limitation en azote (Maddocks & Oyston, 2008; Schell, 1993).

Concernant les gènes codant pour les couples toxines-antitoxines présent dans les plasmides de la souche GP59, il est plutôt fréquent d'en retrouver chez les bactéries à croissance lente, afin de leur donner l'opportunité d'avoir accès aux nutriments du milieu (Jørgensen *et al.*, 2009). Ce système pourrait se montrer avantageux pour la souche GP59 dans le cas où celle-ci pourrait être utilisée comme inoculum de départ unique lors de la production d'un bioréacteur dénitrifiant. Cette option sera explorée prochainement dans notre laboratoire. Il sera également intéressant de vérifier si ces toxines peuvent apporter un avantage lors de croissances en co-cultures entre la souche GP59 et d'autres bactéries de notre laboratoire telles *Hyphomicrobium nitratorans* NL23 et *Methylophaga nitratorreducens* JAM1.

5.5.1 Analyse phylogénique du gène *nirK*

Les deux affiliations les plus près provenant de la phylogénie des séquences déduites en acides aminés des gènes *nirK*, se retrouvent chez *Nitrosococcus oceani* et *Nitrosomonas cryotolerans*. Ces deux bactéries ont été isolées d'environnements marins et font l'oxydation de l'ammonium, ou nitrification (Jones *et al.*, 1988; Watson, 1965). Ces deux genres bactériens sont également connus pour performer une réaction nommée «nitrifier-dénitrification». Lors de cette réaction, l'ammonium est oxydé successivement en hydroxylamine, puis en nitrite, et ce dernier peut être réduit en oxyde nitrique puis en oxyde nitreux et finalement en diazote. Ces bactéries possèdent donc les gènes codant pour une nitrite réductase et une oxyde nitrique réductase en plus de leur gènes codant pour l'oxydation de l'ammonium (Stein, 2011). Malgré que l'affiliation avec ces bactéries n'est pas très précise, cela indique qu'il est possible que le phage ait infecté précédemment une bactérie réalisant la «nitrifier-dénitrification» avant d'infecter la souche GP59 et d'y insérer les gènes *norD* et *nirK*.

5.5.2 Pourcentage de conservation d'ADN

Le calcul de pourcentage de conservation d'ADN présenté par le laboratoire du Dr. Konstatinidis (Goris *et al.*, 2007) est un calcul bioinformatique simple dont les résultats peuvent être comparés au test d'hybridation ADN-ADN (HAA) des chromosomes bactériens, et permettant d'éviter les manipulations laborieuses que ce dernier impose. La délimitation acceptable reconnue par la technique d'hybridation ADN-ADN pour déterminer que deux espèces sont différentes est de moins de 70% d'hybridation (Wayne *et al.*, 1987). Il a été établi initialement par le laboratoire du Dr Konstantinidis que 90% est le pourcentage d'identité de séquences minimum a utilisé pour déterminer lesquelles seront incluses dans le calcul de la somme des nucléotides afin de mieux corréliser avec les résultats de HAA. Ensuite, un calcul de régression linéaire a été utilisé et a permis de déterminer, avec un r^2 de 0,95, que la valeur de 70% de HAA correspond à une valeur de 69% de pourcentage d'ADN conservé entre deux souches (Goris *et al.*, 2007). Selon ces résultats, un pourcentage d'ADN conservé supérieur à 69% entre deux souches, signifie que celles-ci appartiennent à la même espèce. Donc selon le pourcentage de conservation d'ADN, obtenu ci-haut, entre les souches GP59 et JAM1, elles seraient considérées comme la même espèce.

Ceci est en accord avec l'analyse des gènes de l'ARN 16S des deux souches, dont le taux d'identité est de 100%. La séquence des gènes de l'ARN 16S est l'outil le plus utilisé pour effectuer des affiliations taxonomiques. Contrairement au test d'hybridation ADN-ADN, il n'existe pas de valeur seuil définie permettant de distinguer précisément deux espèces en analysant leurs gènes de l'ARNr 16S seulement. Une valeur d'identité sous 97% entre deux séquences de gènes de l'ARNr 16S est généralement utilisée arbitrairement pour délimiter deux espèces différentes (Janda & Abbott, 2007; Reller *et al.*, 2007). Donc, en se fiant à ce résultat également, les souches JAM1 et GP59 seraient considérées comme une même espèce

5.5.3 Étude des transcriptomes

Environ 60% du total des gènes communs entre *Methylophaga* sp. GP59 et *M. nitratireducenticrescens* JAM1 sont exprimés au même taux lorsque celles-ci sont cultivées dans les mêmes conditions. La récolte s'est effectuée lorsque le nitrate était presque complètement réduit, donc en fin de phase exponentielle de croissance. Par contre, comme la souche GP59 a un temps de latence pouvant aller jusqu'à 24 heures avant de commencer à réduire le nitrate et à croître, les récoltes n'ont pas été effectuées après le même temps de culture. Donc, il est

difficile de s'assurer que les souches étaient rendues exactement à la même phase de croissance et donc dans le même état physiologique lorsque les bactéries ont été récoltées et l'ARN extrait. Malgré cette incertitude, les résultats démontrent bien la ressemblance dans la régulation génique de ces deux souches.

Parmi les gènes de régulation de la dénitrification les plus différemment exprimés, présentés au tableau 4.4, se trouvent les gènes *nsrR*, entre autres, dont l'un est neuf fois plus exprimé chez la souche JAM1 et l'autre est 2,5 fois plus exprimé chez la souche GP59. Les régulateurs NsrR sont des répresseurs de transcription sensible au NO ayant plusieurs gènes cibles dont *norB* chez des espèces du genre *Neisseria* et chez *Moraxella catarrhalis* (Spiro, 2011). Les régulateurs DnrN, sont impliqués dans la réparation de dommages créés par l'oxyde nitrique (Overton *et al.*, 2008). Le régulateur ANR est reconnu comme activateur de transcription du système Nar en absence d'oxygène. Les expressions différentielles de ces différents régulateurs chez les deux souches ne semblent pas avoir eu une influence marquée sur les niveaux de transcriptions des différents îlots de dénitrification étant donné leur expression similaire.

Ces résultats montrent que la souche JAM1 exprime constitutivement les gènes de régulation répondant à l'oxyde nitrique et les systèmes d'oxyde nitrique et d'oxyde nitreux réductases et même, selon les cas, en plus grande quantité que la souche GP59. C'est possiblement une conséquence de son développement dans un biofilm où il y avait présence des produits intermédiaires de la dénitrification.

5.6 Quantification des souches dénitrifiantes dans les biofilms adaptés

Avec la phylogénie du gène *nirK*, il a été impossible de déterminer précisément l'ancêtre probable d'où provient le gène *nirK* acquis par *Methylophaga* sp. GP59. En quantifiant le gène *nirK* dans les différentes adaptations du biofilm exécuté par Geneviève Payette (2014), le but était de déterminer dans quelles conditions la souche GP59 s'était enrichie et s'il était possible de retrouver la séquence du gène dans le biofilm original du Biodôme.

Dans les adaptations dans le milieu d'Eau de mer artificielle (EMS) avec 300 mg N/L et 900 mg N/L à 23°C, et avec 300 mg N/L et 900 mg N/L à 30°C, la concentration en sel dans le milieu est 2,75%. Étant donné la faible résistance au sel de *H. nitrativorans* NL23, il est possible que celle-ci a été partiellement remplacée par la souche GP59, plus performante, dans le biofilm. Selon la concentration des souches JAM1 et GP59 dans ces adaptations, il semble que la souche

JAM1 a été également partiellement remplacée par la souche GP59. Cela suggère que le gain du gène *nirK* est bénéfique et que la souche GP59 semble mieux adaptée pour pousser en milieu dénitrifiants que la souche JAM1. Dans les adaptations où la concentration de sel a été réduite (0, 0,5 et 1%), les trois souches (JAM1, GP59 et NL23) semblent s'être bien adaptés, car elles sont présentes à des niveaux équivalents.

La quantification des souches dans le biofilm original, congelé depuis plusieurs années, a montré que la séquence du gène *nirK* ne s'y retrouve pas, ou s'y retrouve mais sous le seuil de détection du test. Cela signifie donc que la souche GP59, ou la bactérie qui était préalablement hôte du gène *nirK*, n'y était présente, ou présente en trop faible quantité pour être détectable. Quelques scénarios concernant l'enrichissement de la souche GP59 dans les biofilms adaptés sont possibles : l'infection par le phage s'est peut-être effectuée dans l'aquarium du Biodôme et la nouvelle souche GP59 s'est retrouvée en faible quantité dans le biofilm et s'est enrichie lors des adaptations. Il est aussi possible que la bactérie hôte du gène *nirK* soit présente dans le biofilm original en faible quantité et que l'infection par le phage et l'acquisition du gène *nirK* par la souche GP59 se soit produit dans le biofilm original ou seulement lors des adaptations préliminaires du biofilm. Lors des adaptations du biofilm, la souche GP59 se retrouvait en conditions idéales et a pu fortement s'enrichir et ce, au détriment de la souche JAM1.

6 CONCLUSION

La bactérie *Methylophaga* sp. GP59 a été isolée lors de l'acclimatation d'un biofilm dénitrifiant à différentes conditions physicochimiques pour sa capacité à effectuer toutes les étapes de la dénitrification. Celle-ci a été affiliée à la bactérie *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1 avec une identité de séquence du gène de l'ARN ribosomal 16S de 100%. Mon étude a fait ressortir les quelques différences suivantes : la souche JAM1 peut croître à une plus grande gamme de pH et de température. En conditions anaérobies, la souche GP59 montre un temps de latence entre 12 et 40 heures pour le début de sa croissance et de la réduction du nitrate contrairement à la souche JAM1 qui débute la réduction du nitrate et sa croissance très rapidement. De plus, la souche JAM1 est capable de réduire le nitrate en conditions aérobies, ce que la souche GP59 ne peut pas effectuée. Le séquençage du génome a montré que la souche GP59 possède un gène *nirK* codant pour une nitrite réductase, flanquée par des gènes affiliés à un prophage Mu. La souche GP59 a la capacité de réduire le nitrate, le nitrite et l'oxyde nitreux, en conditions anaérobies, comme le suggère la présence de tous les gènes codant pour les enzymes nécessaires à ces réductions.

Le pourcentage de conservation d'ADN entre les deux souches suggère qu'il s'agit de la même espèce. Plusieurs caractéristiques sont communes aux deux espèces et cela permet donc de croire que la souche GP59 est de la même espèce que la souche JAM1, avec comme différence importante majeure, l'infection par le phage Mu, ayant possiblement donné la capacité à la souche GP59 de réduire le nitrite.

En perspective, la souche GP59 aurait le potentiel d'être utilisé comme inoculum unique de départ lors de la production d'un bioréacteur dénitrifiant en milieu salin. Elle pourrait, par exemple, être utilisée si le Biodôme de Montréal retente d'installer un système de dénitrification ou dans toute autre aquarium ou bassin d'eau salée. Les gènes codant pour des toxines présents à l'intérieur de ses plasmides pourraient donner un avantage à la souche GP59 afin de s'établir de façon stable dans un bioréacteur.

RÉFÉRENCES

- Alain R, Berthiaume L & Trudel M (1989) Microscopie électronique. *Manuel de techniques virologiques*, Québec PDLUD (Édit.) Québec. p 107-119.
- Almeida JS, Júlio SM, Reis MAM & Carrondo MJT (1995) Nitrite inhibition of denitrification by *Pseudomonas fluorescens*. *Biotechnology and Bioengineering* 46(3):194-201.
- Antony CP, Doronina NV, Boden R, Trotsenko YA, Shouche YS & Murrell JC (2012) *Methylophaga lonarensis* sp. nov., a moderately haloalkaliphilic methylotroph isolated from the soda lake sediments of a meteorite impact crater. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 62(7):1613-1618.
- Atkinson MJ & Bongman C (1996) Elemental composition of commercial seasalts. *Journal of Aquaculture and Aquatic Sciences* 8(2):39-43.
- Auclair J, Lepine F, Parent S & Villemur R (2010) Dissimilatory reduction of nitrate in seawater by a *Methylophaga* strain containing two highly divergent narG sequences. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 4(10):1302-1313.
- Auclair J, Parent S & Villemur R (2012) Functional diversity in the denitrifying biofilm of the methanol-fed marine denitrification system at the Montreal Biodome. *Microbial Ecology* 63(4):726-735.
- Aziz RK, Bartels D, Best AA, DeJongh M, Disz T, Edwards RA, Formsma K, Gerdes S, Glass EM, Kubal M, Meyer F, Olsen GJ, Olson R, Osterman AL, Overbeek RA, McNeil LK, Paarmann D, Paczian T, Parrello B, Pusch GD, Reich C, Stevens R, Vassieva O, Vonstein V, Wilke A & Zagnitko O (2008) The RAST Server: rapid annotations using subsystems technology. *BMC genomics* 9:75.
- Berks BC, Ferguson SJ, Moir JWB & Richardson DJ (1995) Enzymes and associated electron transport systems that catalyse the respiratory reduction of nitrogen oxides and oxyanions. *Biochimica et Biophysica Acta* 1232(3):97-173.
- Boden R (2012) Emended description of the genus *Methylophaga* Janvier *et al.* 1985. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 62(Pt 7):1644-1646.
- Boden R, Kelly DP, Murrell JC & Schäfer H (2010) Oxidation of dimethylsulfide to tetrathionate by *Methylophaga thiooxidans* sp. nov.: a new link in the sulfur cycle. *Environmental Microbiology* 12(10):2688-2699.
- Buchanan RL, Stahl HG & Whiting RC (1989) Effects and Interactions of Temperature, pH, Atmosphere, Sodium Chloride, and Sodium Nitrite on the Growth of *Listeria monocytogenes*. *Journal of Food Protection* 52(12):844-851.
- Bukhari AI & Taylor AL (1975) Influence of insertions on packaging of host sequences covalently linked to bacteriophage Mu DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 72(11):4399-4403.
- Camargo JA, Alonso A & Salamanca A (2005) Nitrate toxicity to aquatic animals: a review with new data for freshwater invertebrates. *Chemosphere* 58(9):1255-1267.

- Canfield DE, Glazer AN & Falkowski PG (2010) The Evolution and Future of Earth's Nitrogen Cycle. *Science* 330(6001):192-196.
- Chan JM, Bollinger JA, Grewell CL & Dooley DM (2004) Reductively activated nitrous oxide reductase reacts directly with substrate. *Journal of the American Chemical Society* 126(10):3030-3031.
- Darling ACE, Mau B, Blatter FR & Perna NT (2004) Mauve: multiple alignment of conserved sequence with rearrangements. *Genome Research* 14(7):1394-1403.
- de Zwart JMM, Nelisse PN & Kuenen JG (1996) Isolation and characterization of *Methylophaga sulfidovorans* sp. nov.: an obligately methylotrophic, aerobic, dimethylsulfide oxidizing bacterium from a microbial mat. *FEMS Microbiology Ecology* 20(4):261-270.
- Donlan RM (2002) Biofilms: microbial life on surfaces. *Emerging Infectious Diseases* 8(9):881-890.
- Doronina NV, Darmaeva TD & Trotsenko YA (2003) *Methylophaga alcalica* sp. nov., a novel alkaliphilic and moderately halophilic, obligately methylotrophic bacterium from an East Mongolian saline soda lake. *International Journal of Systemic and Evolutionary Microbiology* 53(Pt 1):223-229.
- Ferguson SJ (1994) Denitrification and its control. *Antonie van Leeuwenhoek* 66(1):89-110.
- Follett RF & Hatfield JL (2001) Nitrogen in the Environment: Sources, Problems, and Management. *TheScientificWorldJOURNAL* 1.
- Fukuda M, Takeda H, Kato HE, Doki S, Ito K, Maturana AD, Ishitani R & Nureki O (2015) Structural basis for dynamic mechanism of nitrate/nitrite antiport by NarK. *Nature communications* 6:7097.
- Galimand M, Gamper M, Zimmermann A & Haas D (1991) Positive FNR-like control of anaerobic arginine degradation and nitrate respiration in *Pseudomonas aeruginosa*. *Journal of Bacteriology* 173(5):1598-1606.
- Gallegos MT, Schleif R, Bairoch A, Hofmann K & Ramos JL (1997) Arac/XylS family of transcriptional regulators. *Microbiol Mol Biol Rev* 61(4):393-410.
- Glass C & Silverstein J (1999) Denitrification of high-nitrate, high-salinity wastewater. *Water Research* 33(1):223-229.
- Gomez MA, Gonzalez-Lopez J & Hontoria-Garcia E (2000) Influence of carbon source on nitrate removal of contaminated groundwater in a denitrifying submerged filter. *Journal of hazardous materials* 80(1-3):69-80.
- Goris J, Konstantinidis KT, Klappenbach JA, Coenye T, Vandamme P & Tiedje JM (2007) DNA-DNA hybridization values and their relationship to whole-genome sequence similarities. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 57(Pt 1):81-91.
- Grguric G, Wetmore SS & Fournier RW (2000) Biological denitrification in a closed seawater system. *Chemosphere* 40(5):549-555.
- Hall T (BioEdit Sequence Aignment Editor. (Ibis Biosciences Inc., Carlsbad, États-Unis).
- Hendriks J, Oubrie A, Castresana J, Urbani A, Gemeinhardt S & Saraste M (2000) Nitric oxide reductases in bacteria. *Biochimica et Biophysica Acta* 1459(2-3):266-273.

- Hendriks J, Warne A, Gohlke U, Haltia T, Ludovici C, Lubben M & Saraste M (1998) The active site of the bacterial nitric oxide reductase is a dinuclear iron center. *Biochemistry* 37(38):13102-13109.
- Hutten TJ, Bongaerts HCM, van der Drift C & Vogels GD (1980) Acetate, methanol and carbon dioxide as substrates for growth of *Methanosarcina barkeri*. *Antonie van Leeuwenhoek* 46(6):601-610.
- Janda JM & Abbott SL (2007) 16S rRNA Gene Sequencing for Bacterial Identification in the Diagnostic Laboratory: Pluses, Perils, and Pitfalls. *Journal of Clinical Microbiology* 45(9):2761-2764.
- Janvier M, Frehel C, Grimont F & Gasser F (1985) *Methylophaga marina* gen. nov. sp. nov. and *Methylophaga thalassica* sp. nov., Marine Methylophages. *International Journal of Systematic Bacteriology* 35(2):131-139.
- Jones RD, Morita RY, Koops H-P & Watson SW (1988) A new marine ammonium-oxidizing bacterium, *Nitrosomonas cryotolerans* sp. nov. *Canadian Journal of Microbiology* 34(10):1122-1128.
- Jørgensen MG, Pandey DP, Jaskolska M & Gerdes K (2009) HicA of *Escherichia coli* Defines a Novel Family of Translation-Independent mRNA Interferases in Bacteria and Archaea. *Journal of Bacteriology* 191(4):1191-1199.
- Kim HG, Doronina NV, Trotsenko YA & Kim SW (2007) *Methylophaga aminisulfidivorans* sp. nov., a restricted facultatively methylophagous marine bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 57(Pt 9):2096-2101.
- Klotz MG, Arp DJ, Chain PSG, El-Sheikh AF, Hauser LJ, Hommes NG, Larimer FW, Malfatti SA, Norton JM, Poret-Peterson AT, Vergez LM & Ward BB (2006) Complete Genome Sequence of the Marine, Chemolithoautotrophic, Ammonia-Oxidizing Bacterium *Nitrosococcus oceani* ATCC 19707. *Applied and Environmental Microbiology* 72(9):6299-6315.
- Kumar S, Stecher G & Tamura K (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular biology and evolution* 33(7):1870-1874.
- Labbe N, Juteau P, Parent S & Villemur R (2003) Bacterial diversity in a marine methanol-fed denitrification reactor at the montreal biodome, Canada. *Microbial Ecology* 46(1):12-21.
- Labbe N, Laurin V, Juteau P, Parent S & Villemur R (2007) Microbiological community structure of the biofilm of a methanol-fed, marine denitrification system, and identification of the methanol-utilizing microorganisms. *Microbial Ecology* 53(4):621-630.
- Labbé N, Parent S & Villemur R (2003) Addition of trace metals increases denitrification rate in closed marine systems. *Water Research* 37(4):914-920.
- Lewandowski Z (2005) Structure and Function of Biofilms. *Biofilms: Recent Advances in their Study and Control*, Evans LV (Édit.) Hardwood Academic Publisher, Amsterdam.
- Luque-Almagro VM, Gates AJ, Moreno-Vivián C, Ferguson SJ, Richardson DJ & Roldán MD (2011) Bacterial nitrate assimilation: gene distribution and regulation. *Biochemical Society Transactions* 39(6):1838.

- Maddocks SE & Oyston PC (2008) Structure and function of the LysR-type transcriptional regulator (LTTR) family proteins. *Microbiology (Reading, England)* 154(Pt 12):3609-3623.
- Martineau C, Villeneuve C, Mauffrey F & Villemur R (2013) *Hyphomicrobium nitratorans* sp. nov., isolated from the biofilm of a methanol-fed denitrification system treating seawater at the Montreal Biodome. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 63(Pt 10):3777-3781.
- Martineau C, Villeneuve C, Mauffrey F & Villemur R (2014) Complete Genome Sequence of *Hyphomicrobium nitratorans* Strain NL23, a Denitrifying Bacterium Isolated from Biofilm of a Methanol-Fed Denitrification System Treating Seawater at the Montreal Biodome. *Genome Announcements* 2(1).
- Mauffrey F, Cucaita A, Constant P & Villemur R (2017) Denitrifying metabolism of the methylotrophic marine bacterium *Methylophaga nitratorans* strain JAM1. *bioRxiv* 10.1101/180950.
- Mauffrey F, Martineau C & Villemur R (2015) Importance of the Two Dissimilatory (Nar) Nitrate Reductases in the Growth and Nitrate Reduction of the Methylotrophic Marine Bacterium *Methylophaga nitratorans* JAM1. *Frontiers in Microbiology* 6.
- Moir JWB & Wood NJ (2001) Nitrate and nitrite transport in bacteria. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS* 58(2):215-224.
- Moreno-Vivián C, Cabello P, Martínez-Luque M, Blasco R & Castillo F (1999) Prokaryotic Nitrate Reduction: Molecular Properties and Functional Distinction among Bacterial Nitrate Reductases. *Journal of Bacteriology* 181(21):6573-6584.
- Müller-Belecke A, Zienert S, Thürmer C, Kaufhold S & Spranger U (2013) The “self cleaning inherent gas denitrification-reactor” for nitrate elimination in RAS for pike perch (*Sander lucioperca*) production. *Aquacultural Engineering* 57:18-23.
- Nieto C, Cherny I, Khoo SK, de Lacoba MG, Chan WT, Yeo CC, Gazit E & Espinosa M (2007) The *yefM-yoeB* Toxin-Antitoxin Systems of *Escherichia coli* and *Streptococcus pneumoniae*: Functional and Structural Correlation. *Journal of Bacteriology* 189(4):1266-1278.
- Overton TW, Justino MC, Li Y, Baptista JM, Melo AMP, Cole JA & Saraiva LM (2008) Widespread Distribution in Pathogenic Bacteria of Di-Iron Proteins That Repair Oxidative and Nitrosative Damage to Iron-Sulfur Centers. *Journal of Bacteriology* 190(6):2004-2013.
- Paolozzi L & Ghelardini P (2006) The bacteriophage Mu. *The bacteriophages*, Calendar RL (Édit.) Oxford University Press.
- Payette G (2014) *Étude de la dynamique de dénitrification et de la diversité bactérienne d'un biofilm dénitrifiant en conditions salines*. Maitrise ès sciences appliquées (Centre INRS - Institut Armand-Frappier). 165 p
- Philips S, Laanbroek HJ & Verstraete W (2002) Origin, causes and effects of increased nitrite concentrations in aquatic environments. *Reviews in Environmental Science and Biotechnology* 1(2):115-141.

- Pierce RH, Weeks JM & Prappas JM (1993) Nitrate Toxicity to Five Species of Marine Fish. *Journal of the World Aquaculture Society* 24(1):105-107.
- Prosser JI, Head IM & Stein LY (2014) The Family *Nitrosomonadaceae*. *The Prokaryotes: Alphaproteobacteria and Betaproteobacteria*, Rosenberg E, DeLong EF, Lory S, Stackebrandt E & Thompson F (Édit.) Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg. p 901-918.
- R Development Core Team (2008) R: A language and environment for statistical computing. Austria).
- Reller LB, Weinstein MP & Petti CA (2007) Detection and Identification of Microorganisms by Gene Amplification and Sequencing. *Clinical Infectious Diseases* 44(8):1108-1114.
- Richardson D (2011) Redox Complexes of the Nitrogen Cycle Molecular Analysis. *Nitrogen Cycling in Bacteria*, Moir JWB (Édit.) Caister Academic Press, United-Kindom. p 23-37.
- Richardson DJ, van Spanning RJM & Ferguson SJ (2007) Chapter 2 - The Prokaryotic Nitrate Reductases. *Biology of the Nitrogen Cycle*, Elsevier, Amsterdam. p 21-35.
- Rodgers M & Zhan X-M (2003) Moving-Medium Biofilm Reactors. *Reviews in Environmental Science and Biotechnology* 2(2):213-224.
- Sauvé I (2000) *Caractérisation de la filière de dénitrification des eaux de mer du Biodôme de Montréal*. Maitrise ès sciences appliquées (École Polytechnique de Montréal).
- Schell MA (1993) Molecular biology of the LysR family of transcriptional regulators. *Annual review of microbiology* 47:597-626.
- Soto O, Sánchez O, Aspé E & Roeckel M (2002) Denitrification kinetics of simulated fish processing wastewater at different ratios of nitrate to biomass. *Biotechnology Letters* 24(14):1173-1176.
- Spiro S (2011) Nitric Oxide Metabolism: Physiology and Regulator Mechanisms. *Nitrogen Cycling in Bacteria*, Moir JW (Édit.) Caister Academic Press, Great Britain.
- Stein LY (2011) Heterotrophic nitrification and nitrifier denitrification. *Nitrification*, Ward BB, Arp DJ & Klotz MG (Édit.) ASM Press, Washington.
- Strous M, Pelletier E, Mangenot S, Rattei T, Lehner A, Taylor MW, Horn M, Daims H, Bartol-Mavel D, Wincker P, Barbe V, Fonknechten N, Vallenet D, Segurens B, Schenowitz-Truong C, Medigue C, Collingro A, Snel B, Dutilh BE, Op den Camp HJ, van der Drift C, Cirpus I, van de Pas-Schoonen KT, Harhangi HR, van Niftrik L, Schmid M, Keltjens J, van de Vossenberg J, Kartal B, Meier H, Frishman D, Huynen MA, Mewes HW, Weissenbach J, Jetten MS, Wagner M & Le Paslier D (2006) Deciphering the evolution and metabolism of an anammox bacterium from a community genome. *Nature* 440(7085):790-794.
- Suharti & de Vries S (2005) Membrane-bound denitrification in the Gram-positive bacterium *Bacillus azotoformans*. *Biochemical Society Transactions* 33(Pt 1):130-133.
- Suharti, Strampraad MJ, Schroder I & de Vries S (2001) A novel copper A containing menaquinol NO reductase from *Bacillus azotoformans*. *Biochemistry* 40(8):2632-2639.

- Suharti de Vries S & Pouvreau LAM (2007) Chapter 4 - Nitric Oxide Reductase: Structural Variations and Catalytic Mechanism A2 - Bothe, Hermann. *Biology of the Nitrogen Cycle*, Ferguson SJ & Newton WE (Édit.) Elsevier, Amsterdam. p 57-66.
- Suzuki S, Kataoka K & Yamaguchi K (2000) Metal coordination and mechanism of multicopper nitrite reductase. *Accounts of Chemical Research* 33(10):728-735.
- Thamdrup B (2012) New Pathways and Processes in the Nitrogen Cycle. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 43:407-428.
- Tremoulet F, Duche O, Namane A, Martinie B & Labadie JC (2002) A proteomic study of *Escherichia coli* O157:H7 NCTC 12900 cultivated in biofilm or in planktonic growth mode. *FEMS Microbiology Letters* 215(1):7-14.
- Vaccaro BJ, Thorgersen MP, Lancaster WA, Price MN, Wetmore KM, Poole FL, Deutschbauer A, Arkin AP & Adams MWW (2016) Determining Roles of Accessory Genes in Denitrification by Mutant Fitness Analyses. *Applied and Environmental Microbiology* 82(1):51-61.
- Vadivelu VM, Keller J & Yuan Z (2006) Effect of free ammonia and free nitrous acid concentration on the anabolic and catabolic processes of an enriched *Nitrosomonas* culture. *Biotechnology and Bioengineering* 95(5):830-839.
- Van Spanning RJ (2011) Structure, Function, Regulation and Evolution of the Nitrite and Nitrous Oxide Reductase: Denitrification Enzymes with a Beta-propeller Fold. *Nitrogen Cycling in Bacteria*, Moir JWB (Édit.) Caister Academic Press, Great Britain.
- van Spanning RJM, Richardson DJ & Ferguson SJ (2007) Chapter 1 - Introduction to the Biochemistry and Molecular Biology of Denitrification. *Biology of the Nitrogen Cycle*, Elsevier, Amsterdam. p 3-20.
- Vilain S, Cosette P, Hubert M, Lange C, Junter G-A & Jouenne T (2004) Comparative proteomic analysis of planktonic and immobilized *Pseudomonas aeruginosa* cells: a multivariate statistical approach. *Analytical Biochemistry* 329(1):120-130.
- Villeneuve C (2012) *Caractérisation et classification des nouvelles espèces Methylophaga nitratireducentirescens et Methylophaga frappieri*. Maitrise ès sciences appliquées (INRS - Institut Armand-Frappier). 68 p
- Villeneuve C, Martineau C, Mauffrey F & Villemur R (2012) Complete genome sequences of *Methylophaga* sp. strain JAM1 and *Methylophaga* sp. strain JAM7. *J Bacteriol* 194(15):4126-4127.
- Villeneuve C, Martineau C, Mauffrey F & Villemur R (2013) *Methylophaga nitratireducentirescens* sp. nov. and *Methylophaga frappieri* sp. nov., isolated from the biofilm of the methanol-fed denitrification system treating the seawater at the Montreal Biodome. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 63(Pt 6):2216-2222.
- Waite RD, Papakonstantinou A, Littler E & Curtis MA (2005) Transcriptome Analysis of *Pseudomonas aeruginosa* Growth: Comparison of Gene Expression in Planktonic Cultures and Developing and Mature Biofilms. *Journal of Bacteriology* 187(18):6571-6576.

- Wallden K, Rivera-Calzada A & Waksman G (2010) Type IV secretion systems: versatility and diversity in function. *Cellular Microbiology* 12(9):1203-1212.
- Wang J, Lu H, Chen G-H, Lau GN, Tsang WL & van Loosdrecht MCM (2009) A novel sulfate reduction, autotrophic denitrification, nitrification integrated (SANI) process for saline wastewater treatment. *Water Research* 43(9):2363-2372.
- Watson SW (1965) Characteristics of a marine nitrifying bacterium, *Nitrosocystis oceanus* sp. n. 1. *Limnology and Oceanography* 10(suppl):274-289.
- Wayne LG, Brenner DJ, Colwell RR, Grimont PAD, Kandler O, Krichevsky MI, Moore LH, Moore WEC, Murray RGE, Stackebrandt E, Starr MP & Truper HG (1987) Report of the Ad Hoc Committee on Reconciliation of Approaches to Bacterial Systematics. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 37(4):463-464.
- Weiss RF & Price BA (1980) Nitrous oxide solubility in water and seawater. *Marine Chemistry* 8(4):347-359.
- Wiley J, Sherwood L & Woolverton C (2010) *Prescott's Microbiology*. 1070 p
- Wood NJ, Alizadeh T, Richardson DJ, Ferguson SJ & Moir JW (2002) Two domains of a dual-function NarK protein are required for nitrate uptake, the first step of denitrification in *Paracoccus pantotrophus*. *Molecular microbiology* 44(1):157-170.
- Yeats PA (1990) Reactivity and transports of nutrients and metals in the St-Lawrence Estuary. *Coastal and Estuarine Studies*, El-Sabh MI & Silverberg N (Édit.) Springer-Verlag, New-York Vol 39. p 155-169.
- Zumft WG (1997) Cell biology and molecular basis of denitrification. *Microbiology and Molecular Biology Reviews* 61(4):533-616.
- Zumft WG & Körner H (2007) Chapter 5 - Nitrous Oxide Reductases A2 - Bothe, Hermann. *Biology of the Nitrogen Cycle*, Ferguson SJ & Newton WE (Édit.) Elsevier, Amsterdam. p 67-81.

7 ANNEXES

Annexe I : Visualisation de la souche *Methylophaga nitratireducenticrescens* JAM1 par microscopie électronique

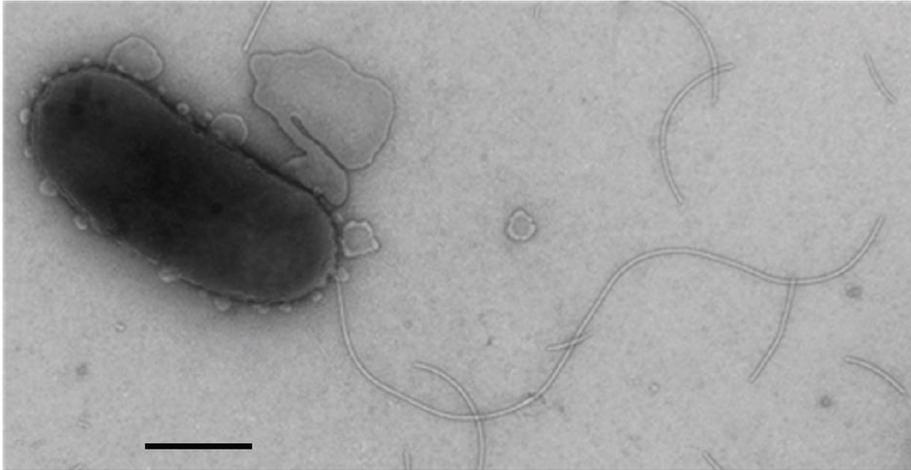


Figure 7.1 Visualisation de la souche JAM1 par microscopie électronique

Figure tirée de (Villeneuve *et al.*, 2013). Les colonies ont été récoltées de géloses de milieu 1403, dispersés dans l'eau et accolés sur une grille de microscopie. Les cellules ont été colorées avec de l'acide phosphotungstique 1% et observées au microscope électronique à transmissions Hitachi H-7000. La barre noire représente 0,5 μm .

Annexe II : Formulation du milieu Eau de mer artificielle (EMS)

L'eau de mer artificielle est composée de 27,5 g de NaCl, 10,68g de $\text{MgCl}_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$, 2 g de $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$, 1 g de KCl, 0,5 g de CaCl_2 , 456 μL de $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 4g/L, 5 ml de KH_2PO_4 51,2 g/L et 5 ml de Na_2HPO_4 34 g/L pour 1 litre de solution. La solution trace suivante est ajoutée, à moyen de 1 ml/L : $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 0,9 g/L, $\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ 0,03 g/L et $\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$ 0,2 g/L. Le pH a été ajusté à 8, le nitrate (NaNO_3) a été ajouté au besoin et la solution a été autoclavée. Le méthanol filtré a ensuite été ajouté de façon stérile.

Annexe III : Formulation du mélange salé Instant Ocean

À noter, que la composition du mélange Instant Ocean présenté ci-dessous est le fruit d'une analyse de laboratoire (Atkinson & Bongman, 1996), ceci n'est pas une recette fournie par le fabricant.

	SW	1
ppt	35	29.65
Major Cations (mmol kg⁻¹)		
Na ⁺	470	462
K ⁺	10.2	9.4
Mg ⁺²	53	52
Ca ⁺²	10.3	9.4
Sr ⁺¹	0.09	0.19
Sum	607	594
Major Anions (mmol kg⁻¹)		
Cl ⁻	550	521
SO ₄ ⁻²	28	23
TCO ₂	1.90	1.90
TB	0.42	0.44
Sum	608	569
Nutrients (µmol kg⁻¹)		
PO ₄ :P	0.20	0.05
NO ₃ :N	0.20	1.00
NH ₄ :N	0.20	10.2
SiO ₃ :Si	5	4.2
DOP:P	0.2	0.1
DON:N	10	2.9
TOC:C	50	29
pH	8.25	8.35
TA	2.3	2.3

Trace ($\mu\text{mol kg}^{-1}$)		
Li	20	54
Si	5	16
Mo	0.1	1.8
Ba	0.04	0.85
V	0.04	2.9
Ni	0.004	1.7
Cr	0.003	7.5
Al	0.002	240
Cu	0.001	1.8
Zn	0.001	0.50
Mn	0.0004	1.2
Fe	0.0001	0.24
Cd	0.0001	0.24
Pb	0.00006	2.1
Co	0.00005	1.3
Ag	0.00001	2.3
Ti	0.00001	0.67

La colonne SW représente la composition de l'eau de mer naturelle et la colonne 1 représente la composition du milieu Instant Ocean.

Annexe IV : Extraction d'ARN

Deux millilitres de milieu ont été récoltés dans des microtubes et centrifugés à 13 000 g pendant 1 minute. Le culot a été dispersé dans 1 ml de TEN (50mM Tris-HCl, 100mM EDTA 2-Na, 150mM NaCl) et séparé dans deux microtubes différents, puis 500 µl de phénol à pH 4.3 ont été ajoutés. Le mélange a été transféré dans un tube avec un bouchon étanche contenant 250 mg de billes de verres 0,1 mm stérilisé. Les tubes ont été homogénéisés avec l'appareil «FastPrep» (MP Biomedicals, Santa Ana, États-Unis) 2 fois consécutives à 4 m/s pendant 20 secondes. Le lysat a été centrifugé pendant 5 minutes à 13 000 g à 4 °C. Le surnageant a été transféré dans un nouveau microtube contenant 500 µl d'un mélange phénol à pH 4.3/chloroforme/ isoamyl-alcool (25 :24 :1), vortexé 10 secondes puis recentrifugé à 13 000 g, 1 minute, à 4 °C. Cette étape a été répétée trois fois puis le surnageant a été transféré dans un nouveau microtube contenant 500 µl de chloroforme/isoamyl-alcool (24 :1), vortexé 10 secondes et centrifugé à 13 000 g, 1 minute, à 4 °C. Le surnageant a été transféré dans un nouveau microtube puis 100 µl d'acétate d'ammonium 10M et 800 µl d'éthanol 95% y ont été ajoutés. Le mélange a été vortexé 15 secondes puis laissé à précipiter 16 heures à -20 °C. Le mélange a été centrifugé à 13 000 g pendant 1 heure à 4 °C. Le surnageant a été retiré et le culot a été laissé à sécher sous une flamme pendant 20 minutes. Le culot a été dispersé dans le l'eau sans RNase contenant la turbo DNase. Pour suspendre le culot dans 50 µl d'eau, 43 µl d'eau a été mélangé à 5 µl de tampon DNase 10X et 2 µl de Turbo DNase. La suspension a été incubée à 30 °C pendant 30 minutes puis 5 µl de la suspension d'inactivation de la DNase a été ajoutée. Le mélange a été laissé à reposer pendant 5 minutes à température pièce, puis centrifugé à 13 000 g pendant 1 minute, puis la solution d'ARN a été transférée dans un nouveau microtube et conservé à -20 °C.

Les solutions TEN et d'acétate d'ammonium ont été préparée préalablement à partir d'eau DEPC. Les solutions de DNase proviennent de la trousse «DNA removal kit» d'Ambion (Thermo Fisher Scientifique, Waltham, États-Unis).

Annexe V : Script pour traiter un transcriptome

```
#!/bin/bash
#PBS -A cvn-463-aa
#PBS -l walltime=50:00:00
#PBS -l nodes=1:ppn=10
#PBS -r n

module load fastx_tools/0.0.13
module load bowtie/2.2.3
module load SAMtools/0.1.18
module load BEDTools/2.20.1

cd $SCRATCH/Valerie/JAM1

fastx_reverse_complement -Q33 -v -i jam1r2.fastq -o jam1rc.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i jam1rc.fastq -o
jam1rcf.filtered.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i jam1r1.fastq -o
jam1r1f.filtered.fastq
cat jam1r1f.filtered.fastq jam1rcf.filtered.fastq > jam1q.fastq
bowtie2-build $SCRATCH/Valerie/JAM1/genomeJAM1.fasta JAM1
bowtie2 -x JAM1 -U jam1q.fastq -S jam1align.sam
samtools view -S -b jam1align.sam > jam1align.bam
samtools sort jam1align.bam jam1align.sorted
samtools index jam1align.sorted.bam
bedtools multicov -bams jam1align.sorted.bam -bed JAM1.gff > jam1annot.txt

fastx_reverse_complement -Q33 -v -i jam2r2.fastq -o jam2rc.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i jam2r1.fastq -o
jam2r1f.filtered.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i jam2rc.fastq -o
jam2rc.filtered.fastq
cat jam2r1f.filtered.fastq jam2rc.filtered.fastq > jam2q.fastq
bowtie2-build $SCRATCH/Valerie/JAM1/genomeJAM1.fasta JAM1
bowtie2 -x JAM1 -U jam2q.fastq -S jam2align.sam
samtools view -S -b jam2align.sam > jam2align.bam
samtools sort jam2align.bam jam2align.sorted
samtools index jam2align.sorted.bam
bedtools multicov -bams jam2align.sorted.bam -bed JAM1.gff > jam2annot.txt

fastx_reverse_complement -Q33 -v -i jam3r2.fastq -o jam3rc.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i jam3r1.fastq -o
jam3r1f.filtered.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i jam3rc.fastq -o
jam3rc.filtered.fastq
cat jam3r1f.fastq jam3rc.fastq > jam3q.fastq
bowtie2-build $SCRATCH/Valerie/JAM1/genomeJAM1.fasta JAM1
bowtie2 -x JAM1 -U jam3q.fastq -S jam3align.sam
```

```
samtools view -S -b jam3align.sam > jam3align.bam
samtools sort jam3align.bam jam3align.sorted
samtools index jam3align.sorted.bam
bedtools multicov -bams jam3align.sorted.bam -bed JAM1.gff > jam3annot.txt
```

```
cd $SCRATCH/Valerie/GP59
```

```
fastx_reverse_complement -Q33 -v -i gp1r2.fastq -o gp1rc.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i gp1r1.fastq -o gp1r1f.filtered.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i gp1rc.fastq -o gp1rc.filtered.fastq
cat gp1r1f.filtered.fastq gp1rc.filtered.fastq > gp1q.fastq
bowtie2-build $SCRATCH/Valerie/GP59/genomeGP59.fasta GP59
bowtie2 -x GP59 -U gp1q.fastq -S gp1align.sam
samtools view -S -b gp1align.sam > gp1align.bam
samtools sort gp1align.bam gp1align.sorted
samtools index gp1align.sorted.bam
bedtools multicov -bams gp1align.sorted.bam -bed GP59.gff > gp1annot.txt
```

```
fastx_reverse_complement -Q33 -v -i gp2r2.fastq -o gp2rc.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i gp2r1.fastq -o gp2r1f.filtered.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i gp2rc.fastq -o gp2rc.filtered.fastq
cat gp2r1f.filtered.fastq gp2rc.filtered.fastq > gp2q.fastq
bowtie2-build $SCRATCH/Valerie/GP59/genomeGP59.fasta GP59
bowtie2 -x GP59 -U gp2q.fastq -S gp2align.sam
samtools view -S -b gp2align.sam > gp2align.bam
samtools sort gp2align.bam gp2align.sorted
samtools index gp2align.sorted.bam
bedtools multicov -bams gp2align.sorted.bam GP59.gff > gp2annot.txt
```

```
fastx_reverse_complement -Q33 -v -i gp3r2.fastq -o gp3rc.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i gp3r1.fastq -o gp3r1f.filtered.fastq
fastq_quality_filter -Q33 -q 20 -p 90 -i gp3rc.fastq -o gp3rc.filtered.fastq
cat gp3r1f.filtered.fastq gp3rc.filtered.fastq > gp3q.fastq
bowtie2-build $SCRATCH/Valerie/GP59/genomeGP59.fasta GP59
bowtie2 -x GP59 -U gp3q.fastq -S gp3align.sam
samtools view -S -b gp3align.sam > gp3align.bam
samtools sort gp3align.bam gp3align.sorted
samtools index gp3align.sorted.bam
bedtools multicov -bams gp3align.sorted.bam -bed GP59.gff > gp3annot.txt
```

Annexe VI: Script Noiseq pour plateforme R

```
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite()
source("http://bioconductor.org/biocLite.R")
biocLite(NOISEq)

library(BiocGenerics)
library(Biobase)
library(splines)
library(NOISEq)

setwd("C:\\Users\\Valerie\\Dropbox\\INRS - IAF\\analyse
transcriptome\\mars_2017\\R\\AnalyseR")

data <- read.table(file = "JAM1GP59R.txt", header = FALSE)
Qcounts = data.frame(J1 = data[,2], J2 = data[,3], J3 = data[,4], GP1 =
data[,5], GP2 = data[,6], GP3 = data[,7], row.names = data[,1])
Qfactors = data.frame(Condition = c("JAM1", "JAM1", "JAM1", "GP59", "GP59",
"GP59"))
Qlength = data.frame(length = data[,9], row.names = data[,1])
QLvector = as.vector(t(Qlength))
QGC = data.frame(GC = data[,8], row.names = data[,1])

Qdata <- readData(data = Qcounts, factors = Qfactors, length = Qlength, gc =
QGC, biotype = NULL, chromosome = NULL)

Qresults = noiseqbio(Qdata, k = 0.0, norm = "n", factor = "Condition", lc =
1, r = 20, adj = 1.5, plot = FALSE, a0per = 0.9, random.seed = 12345, filter
= 1)
head(Qresults@results[[1]])

jpeg(file = "C:\\Users\\Valerie\\Dropbox\\INRS - IAF\\analyse
transcriptome\\mars_2017\\R\\AnalyseR\\Differential_expression.jpg")
DE.plot(Qresults, q=0.9, graphic="expr", log.scale=TRUE)
dev.off()
```

```
sink("C:\\Users\\Valerie\\Dropbox\\INRS - IAF\\analyse  
transcriptome\\mars_2017\\R\\AnalyseR\\Expression_report.txt", append=TRUE,  
split=FALSE)
```

```
Qresults.deg = degenes(Qresults, q = 0.9, M = NULL)
```

```
Qresults.deg = degenes(Qresults, q = 0.9, M = "up")
```

```
Qresults.deg = degenes(Qresults, q = 0.9, M = "down")
```

```
sink()
```

```
write.table(Qresults@results[[1]], file = "Myresults.txt", append = FALSE,  
quote = TRUE, sep = "\\t", eol = "\\n", na = "NA", dec = ".", row.names = TRUE,  
col.names = TRUE, qmethod = c("escape", "double"), fileEncoding = "")
```

Annexe VII : Suite de la caractérisation microbiologique de la souche *Methylophaga* sp. GP59



Figure 7.2 Colonies de la souche GP59

Étalement du stock congelé sur une gélose de milieu methylophaga 1403. Incubation de 5 jours en conditions aérobies.

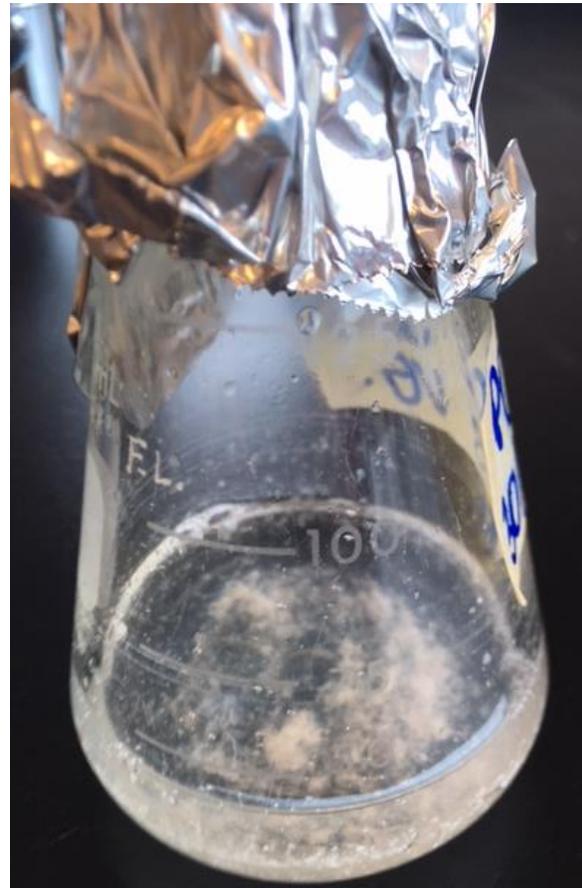


Figure 7.3 Formation de flocs par la souche GP59

Culture liquide de la préculture 2 après environ 20 heures de croissance en milieu methylophaga 1403 en conditions aérobies avec agitation constante à 150 rpm.

ANNEXE VIII : Résultats Bioscreen des résistances aux antibiotiques

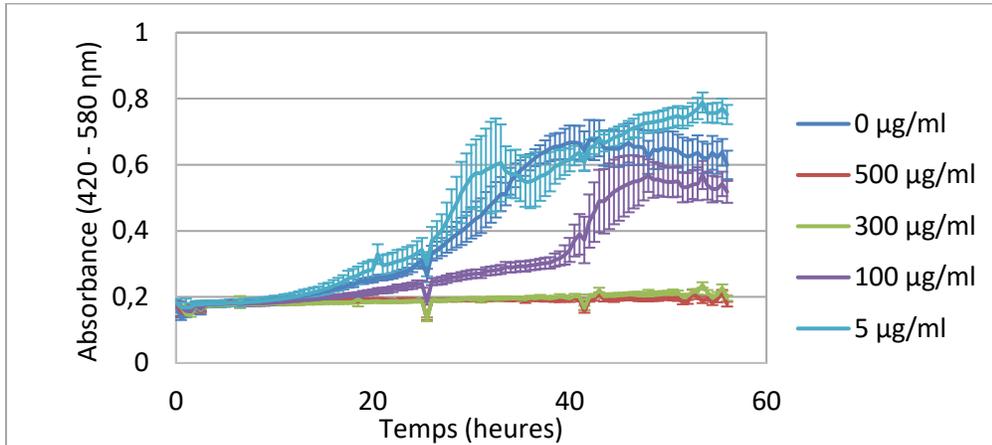


Figure 7.4 Sensibilité de la souche JAM1 à l'antibiotique chloramphénicol

Courbe de croissance de la bactérie *M. nitratireducentiscrescens* JAM1 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de chloramphénicol au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

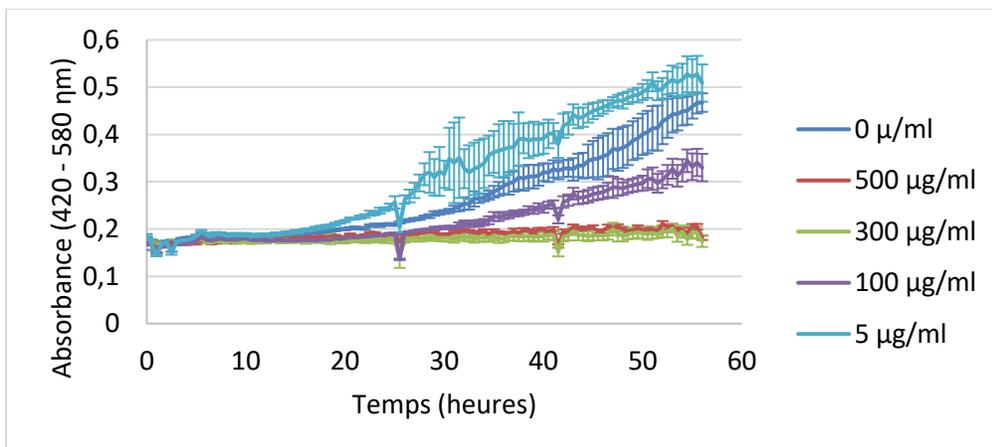


Figure 7.5 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique chloramphénicol

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de chloramphénicol au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

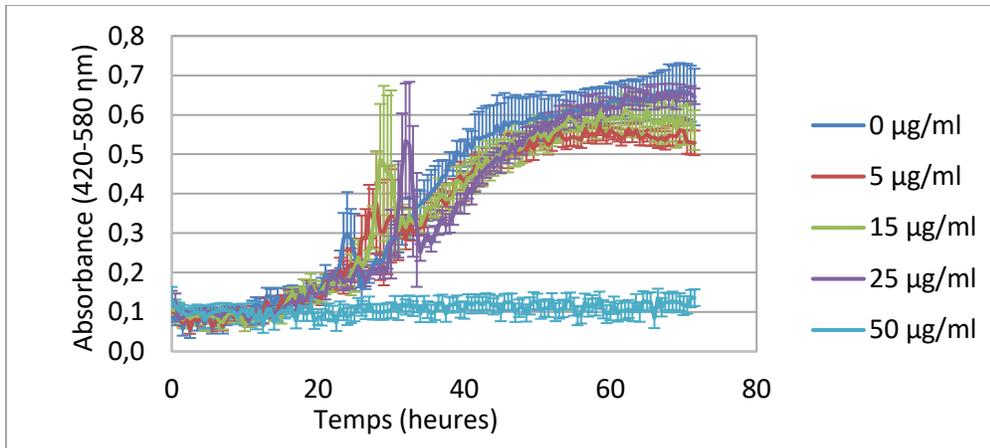


Figure 7.6 Sensibilité de la souche JAM1 à l'antibiotique triméthoprim

Courbe de croissance de la bactérie *M. nitratireducenticrescens* JAM1 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de triméthoprim au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

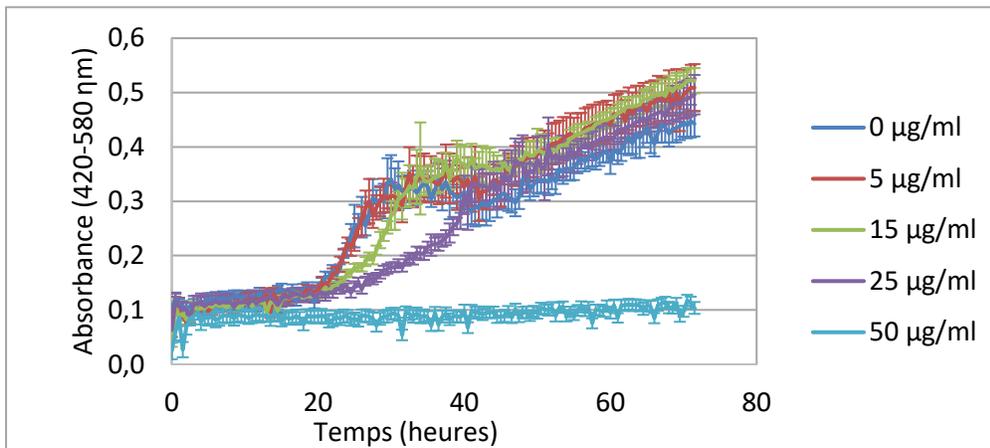


Figure 7.7 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique triméthoprim

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de triméthoprim au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

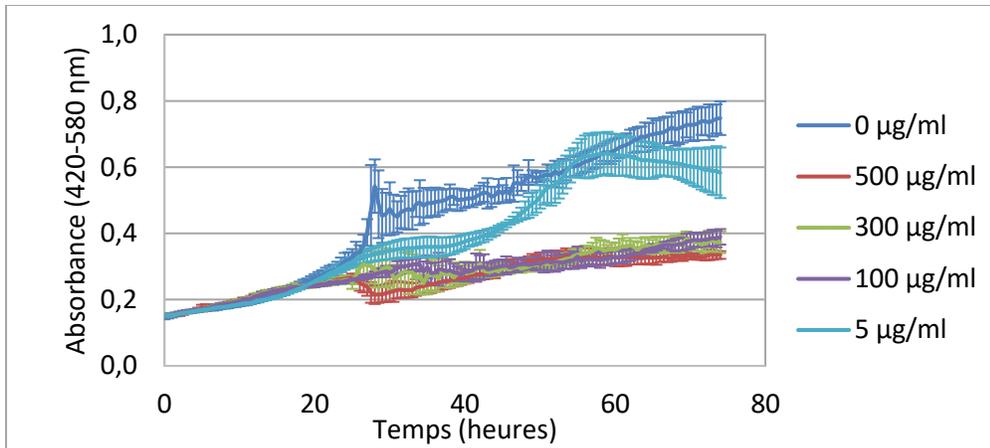


Figure 7.8 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique ampicilline

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations d'ampicilline au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

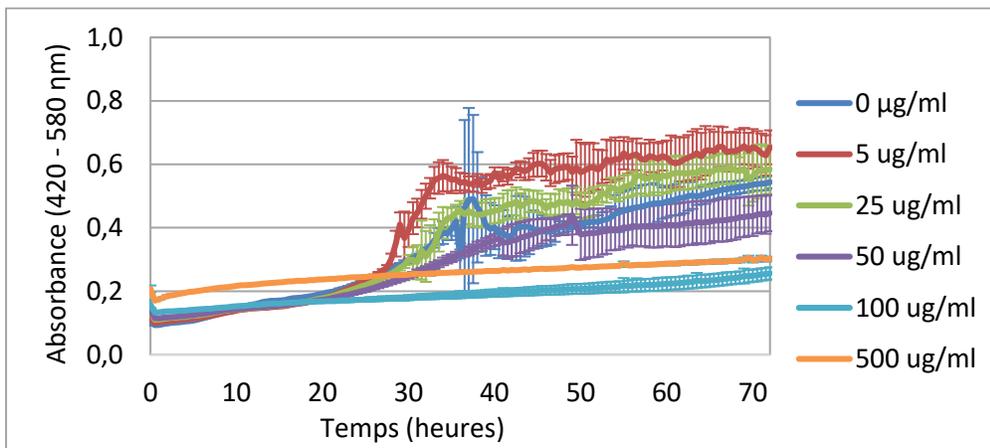


Figure 7.9 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique tétracycline

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de tétracycline au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

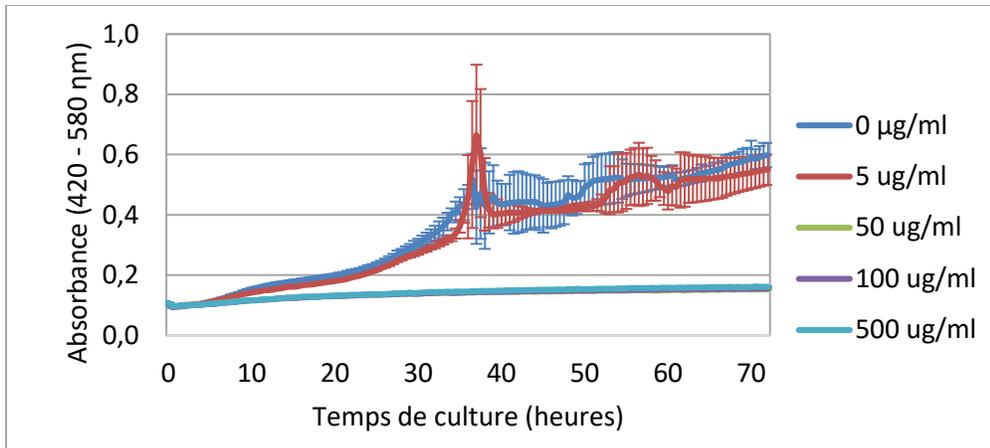


Figure 7.10 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique streptomycine

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de streptomycine au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

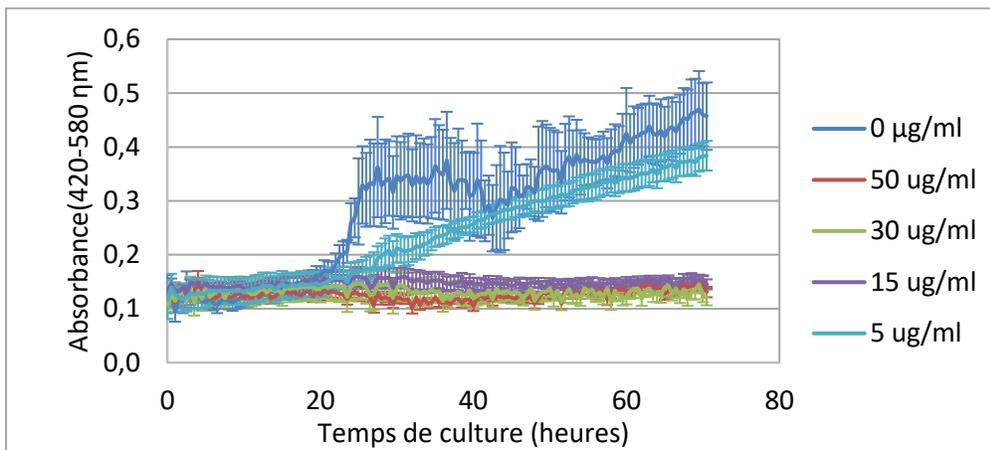


Figure 7.11 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique gentamicine

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de gentamicine au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

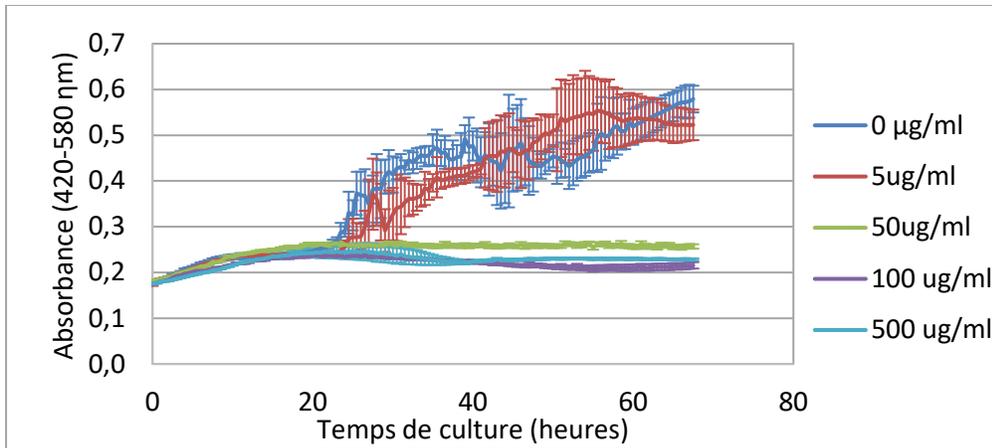


Figure 7.12 Sensibilité de la souche GP59 à l'antibiotique kanamycine

Courbe de croissance de la bactérie *Methylophaga* sp. GP59 dans le milieu methylophaga 1403 avec différentes concentrations de kanamycine au Bioscreen, en conditions aérobies. Chaque point est la moyenne de mesure d'absorbance de 7 puits et les barres d'erreurs représentent l'écart-type.

Annexe IX : Gènes annotés des plasmides de la souche GP59

Tableau 7.1 Gènes annotés du plasmide de 33 560 pb de la souche GP59

ATPase provides energy for both assembly of type IV secretion complex and secretion of T-DNA complex (VirB4)
ATPase required for both assembly of type IV secretion complex and secretion of T-DNA complex, VirB11
Carbon storage regulator
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA
Coupling protein VirD4, ATPase required for T-DNA transfer
HicA protein
HicB protein
IncQ plasmid conjugative transfer DNA nicking endonuclease TraR (pTi VirD2 homolog)
IncQ plasmid conjugative transfer DNA primase TraO (pTi TraA homolog)
Inner membrane protein forms channel for type IV secretion of T-DNA complex, VirB3
Inner membrane protein forms channel for type IV secretion of T-DNA complex, VirB8
Inner membrane protein of type IV secretion of T-DNA complex, TonB-like, VirB10
Inner membrane protein of type IV secretion of T-DNA complex, VirB6
Major pilus subunit of type IV secretion complex, VirB2
Micrococcal nuclease (thermonuclease) homologs
Minor pilin of type IV secretion complex, VirB5
Outer membrane and periplasm component of type IV secretion of T-DNA complex, has secretin-like domain, VirB9
Peptidoglycan hydrolase VirB1, involved in T-DNA transfer
putative
RelB/StbD replicon stabilization protein (antitoxin to RelE/StbE)
RepA
RepA
Stability protein StdB
TraL

Seuls les gènes ayant une fonctions prédites sont présentés.

Tableau 7.2 Gènes annotés du plasmide de 32 421 pb de la souche GP59

ATPase provides energy for both assembly of type IV secretion complex and secretion of T-DNA complex (VirB4)
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J
Conjugative transfer protein TrbI
DNA repair protein RadC
DNA-cytosine methyltransferase (EC 2.1.1.37)
FIG146805: Plasmid related protein
Micrococcal nuclease (thermonuclease) homologs
possible type I restriction enzyme M subunit
Replication initiator protein
Site-specific recombinase XerD
TraL
TriK protein
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily
YefM protein (antitoxin to YoeB)
YoeB toxin protein

Seuls les gènes ayant une fonctions prédites sont présentés.

Annexe X : Transcrits

Tableau 7.3 Transcrits des souches JAM1 et GP59

numéro Genbank de la souche JAM1	longueur de la séquence (pb)	nombre de reads de la souche JAM1 (TPM)			nombre de reads de la souche GP59 (TPM)			score q	ratio TPM JAM1/GP59	fonction
		réplicat 1	réplicat 2	réplicat 3	réplicat 1	réplicat 2	réplicat 3			
peg.1	669	122,9	81,4	73,0	142,1	133,1	141,4	1,0	0,7	Queuosine Biosynthesis QueC ATPase
peg.2	642	129,9	94,1	78,3	195,4	171,5	189,3	1,0	0,5	Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM
peg.3	831	211,5	149,9	125,0	361,2	338,0	368,9	1,0	0,5	TPR repeat containing exported protein%3B Putative periplasmic protein contains a protein prenyltransferase domain
peg.4	570	392,8	281,6	218,1	467,4	441,9	455,4	1,0	0,7	18K peptidoglycan-associated outer membrane lipoprotein%3B Peptidoglycan-associated lipoprotein precursor%3B Outer membrane protein P6%3B OmpA/MotB precursor
peg.5	1302	216,6	182,6	158,7	219,9	213,1	219,5	1,0	0,9	tolB protein precursor%2C periplasmic protein involved in the ton-independent uptake of group A colicins
peg.6	777	134,6	96,5	89,9	210,4	195,0	201,1	1,0	0,5	TolA protein
peg.7	447	338,5	257,0	228,6	304,6	297,6	290,8	0,9	0,9	Tol biopolymer transport system%2C TolR protein
peg.8	669	277,4	191,1	161,9	249,4	241,8	250,2	1,0	0,9	MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein
peg.9	405	322,1	227,9	198,7	315,6	308,2	318,8	1,0	0,8	4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase family active site
peg.10	1014	367,4	262,6	214,4	323,7	302,8	301,5	0,9	0,9	Holliday junction DNA helicase RuvB
peg.11	597	155,6	102,7	94,1	154,8	147,2	137,6	1,0	0,8	Holliday junction DNA helicase RuvA
peg.12	540	235,3	183,9	151,8	202,2	199,2	201,8	0,6	0,9	Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)
peg.13	750	395,4	289,4	239,2	316,8	315,6	306,3	0,1	1,0	FIG000859: hypothetical protein
peg.14	915	401,4	294,3	234,1	263,3	278,6	274,0	0,9	1,1	Branched-chain amino acid aminotransferase (EC 2.6.1.42)
peg.15	2844	68,1	62,5	49,5	48,4	53,6	48,8	1,0	1,2	Glutamate-ammonia-ligase adenyltransferase (EC 2.7.7.42)
peg.16	369	230,3	223,3	196,1	338,5	321,3	339,0	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.17	1629	845,2	955,2	1210,6	365,9	567,8	514,7	1,0	2,1	Heat shock protein 60 family chaperone GroEL
peg.18	291	668,5	722,2	991,9	305,1	502,9	534,9	1,0	1,8	Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES
peg.19	456	103,1	103,6	125,8	35,3	71,2	67,9	1,0	1,9	FxsA cytoplasmic membrane protein
peg.20	1353	93,9	98,1	109,7	49,6	56,6	75,1	1,0	1,7	Phosphate-specific outer membrane porin OprP %3B Pyrophosphate-specific outer membrane porin OprO
peg.21	1791	76,5	72,1	78,9	47,6	53,3	49,9	1,0	1,5	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.22	423	75,7	74,0	83,4	45,7	51,3	54,0	1,0	1,5	Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)
peg.23	678	199,3	198,6	192,6	160,2	180,3	173,1	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.24	546	114,2	120,3	124,7	104,2	116,2	179,5	0,8	0,9	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase-related putative heme iron utilization protein
peg.25	123	263,9	301,7	357,6	107,1	128,8	96,3	1,0	2,8	hypothetical protein
peg.26	1785	186,2	212,4	240,6	245,4	286,9	289,5	1,0	0,8	probable ATP-binding/permease fusion ABC transporter
peg.27	1854	619,9	758,8	742,6	69,2	80,6	74,2	1,0	9,5	Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)
peg.28	1296	198,8	211,2	223,0	248,2	285,9	249,5	1,0	0,8	N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)
peg.29	516	178,1	190,0	192,2	168,3	178,3	172,5	0,9	1,1	Adenosine (5)-pentaphospho-(5'')-adenosine pyrophosphohydrolase (EC 3.6.1.-)
peg.30	657	174,5	180,6	182,6	172,4	189,0	189,3	0,3	1,0	Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)
peg.31	1443	306,3	308,7	296,9	207,3	208,5	190,1	1,0	1,5	Aspartyl-tRNA(Asn) amidotransferase subunit B (EC 6.3.5.6) @ Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B (EC 6.3.5.7)
peg.32	1143	215,6	207,5	201,5	238,9	239,1	244,8	1,0	0,9	hypothetical protein
peg.33	1275	322,6	363,0	327,9	294,4	289,4	309,5	1,0	1,1	Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)%2C divergent%2C of Alpha- and Beta-proteobacteria type
peg.34	117	268,2	290,6	258,3	212,0	241,0	228,6	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.35	369	225,7	221,8	195,1	225,5	253,6	219,6	0,9	0,9	twitching motility protein PilG
peg.36	372	196,0	211,7	185,7	215,9	250,6	250,6	1,0	0,8	twitching motility protein PilH
peg.37	549	152,5	160,4	152,8	192,1	215,1	223,5	1,0	0,7	type IV pili signal transduction protein PilI
peg.38	1263	162,5	191,3	158,0	184,6	196,9	196,2	1,0	0,9	type IV pilus biogenesis protein PilJ
peg.39	5706	91,2	98,5	82,6	136,8	140,1	144,6	1,0	0,6	Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)
peg.40	486	60,9	64,6	56,9	96,5	95,9	95,1	1,0	0,6	protein containing CheW-like domain
peg.41	1944	72,1	63,4	62,4	82,3	80,3	81,2	1,0	0,8	Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)
peg.42	1242	125,5	148,4	142,7	94,2	87,3	90,1	1,0	1,5	tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)
peg.43	984	291,9	282,7	284,1	101,4	105,2	101,9	1,0	2,8	N(5)2CN(10)-methenyltetrahydromethanopterin cyclohydrolase (EC 3.5.4.27)
peg.44	927	186,0	182,0	186,3	262,6	260,1	262,2	1,0	0,7	S6 modification enzyme RimK

peg.45	879	272,8	236,6	279,6	146,1	138,5	146,2	1,0	1,8	Triphosphoribosyl-dephospho-CoA synthetase
peg.46	519	3218,8	2423,1	2617,3	304,9	285,3	231,1	1,0	10,1	Formaldehyde activating enzyme
peg.47	696	62,3	56,4	48,3	3673,0	3393,3	3700,7	1,0	0,0	histidine biosynthesis
peg.49	759	62,0	66,5	72,6	77,1	79,6	82,7	1,0	0,8	Conserved hypothetical protein (orf1)
peg.50	1044	96,8	102,1	101,1	66,3	70,8	65,2	1,0	1,5	FIG00809159: hypothetical protein
peg.51	1386	59,5	58,9	61,2	78,2	79,4	78,8	1,0	0,8	Para-aminobenzoate synthase2C aminase component (EC 2.6.1.85)
peg.52	576	56,3	53,1	56,8	47,2	48,7	45,4	1,0	1,2	delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase
peg.53	1182	50,6	51,4	52,3	54,1	52,6	51,1	0,2	1,0	Pyridoxal-dependent decarboxylase
peg.54	1704	59,5	54,1	55,7	54,2	54,0	53,2	0,6	1,0	Peptidoglycan-binding domain 1
peg.55	1089	140,4	136,0	125,5	65,0	61,4	66,6	1,0	2,1	3-dehydroquinate synthase (EC 4.2.3.4)
peg.56	504	185,4	182,6	166,3	160,5	157,1	174,0	0,9	1,1	Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71)
peg.58	2136	116,1	108,1	98,3	192,6	187,5	201,1	1,0	0,6	Type IV pilus biogenesis protein PilQ
peg.59	549	93,3	78,6	69,2	131,8	128,8	137,5	1,0	0,6	Type IV pilus biogenesis protein PilP
peg.60	588	116,7	101,0	84,3	146,1	137,9	144,5	1,0	0,7	Type IV pilus biogenesis protein PilO
peg.61	561	120,9	104,7	92,4	153,1	150,6	160,2	1,0	0,7	Type IV pilus biogenesis protein PilN
peg.62	1059	135,3	113,1	101,0	195,1	196,0	202,9	1,0	0,6	Type IV pilus biogenesis protein PilM
peg.63	2388	145,2	221,9	284,6	211,6	219,8	234,2	0,1	1,0	Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)
peg.64	1098	1685,1	2691,3	2797,4	148,1	153,2	146,2	1,0	16,0	methyl-accepting chemotaxis protein
peg.65	1170	397,7	647,7	668,1	316,0	625,7	495,4	1,0	1,2	NnrS protein involved in response to NO
peg.66	438	1159,9	1885,3	1751,9	124,5	199,2	169,6	1,0	9,7	Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR
peg.67	675	1916,9	2791,0	2343,3	529,7	788,6	711,1	1,0	3,5	Nitric oxide-dependent regulator DnrN or NorA
peg.68	126	189,5	212,3	223,8	650,9	1118,7	1258,3	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.69	1476	155,9	142,1	146,5	174,7	189,1	195,9	1,0	0,8	Putative Zn-dependent protease PA5047
peg.70	201	1227,3	1194,1	1228,0	190,0	172,1	185,6	1,0	6,7	LSU ribosomal protein L31p
peg.71	576	89,8	86,8	79,8	2601,1	2399,2	2431,0	1,0	0,0	Methyltransferase type 12
peg.72	1452	76,2	70,5	64,7	64,2	70,8	73,5	0,1	1,0	Potassium uptake protein TrkH
peg.73	1512	62,3	59,4	61,9	58,0	59,1	62,1	0,3	1,0	Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE
peg.74	870	85,5	80,6	75,4	64,1	60,1	64,3	1,0	1,3	Magnesium and cobalt efflux protein CorC
peg.75	465	77,6	71,1	70,7	93,5	86,3	92,5	1,0	0,8	FIG000233: metal-dependent hydrolase
peg.76	975	146,6	148,9	136,8	106,8	97,9	107,6	1,0	1,4	Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif
peg.77	1368	125,4	117,2	119,5	186,7	177,4	193,0	1,0	0,7	tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase
peg.78	132	178,0	204,0	183,3	170,6	170,5	182,7	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.79	132	220,0	242,6	238,8	227,3	221,8	207,9	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.80	435	320,2	304,6	288,7	271,7	258,1	251,3	1,0	1,2	FIG00803801: hypothetical protein
peg.81	759	556,2	599,9	498,6	302,9	310,4	347,5	1,0	1,7	Thrombospondin-like
peg.82	1743	186,3	168,8	165,7	539,8	579,8	589,3	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.83	1575	77,8	81,3	77,5	108,1	124,9	110,1	1,0	0,7	putative Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB
peg.84	297	65,3	78,6	75,2	42,8	51,9	48,3	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.86	321	105,9	131,6	117,8	53,0	59,8	59,1	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.87	273	138,2	155,3	142,6	91,2	100,5	105,4	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.88	612	57,6	72,7	68,8	127,4	140,8	142,0	1,0	0,5	Hypothetical protein VC0266 (sugar utilization related?)
peg.89	255	122,9	153,2	138,3	39,3	48,6	47,4	1,0	3,1	hypothetical protein
peg.90	1287	44,0	46,4	46,0	68,6	87,6	94,0	1,0	0,5	FIG00785332: hypothetical protein
peg.91	1464	59,7	62,3	60,3	38,9	43,2	40,2	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.92	1839	30,2	30,7	31,3	51,1	54,7	55,3	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.93	1056	25,5	28,8	31,4	24,9	27,1	29,0	0,5	1,1	Phosphate ABC transporter2C periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)
peg.94	1008	30,1	34,2	35,7	22,8	25,5	25,6	1,0	1,4	Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)
peg.95	219	68,0	73,6	75,8	21,1	25,0	22,7	1,0	3,2	hypothetical protein
peg.96	945	37,1	43,3	40,3	69,2	74,1	70,9	1,0	0,6	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)
peg.97	339	53,0	56,5	57,0	28,7	31,3	32,8	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.98	516	48,2	62,8	65,4	48,6	51,3	55,7	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.99	516	65,0	67,9	76,2	54,7	59,4	60,7	1,0	1,2	conserved hypothetical protein
peg.100	726	91,1	100,3	105,6	61,8	66,0	63,6	1,0	1,6	MOSC domain-protein
peg.102	1164	295,6	356,5	331,8	109,4	118,1	117,0	1,0	2,9	putative cytochrome P450 hydroxylase
peg.103	675	90,5	100,2	115,3	33,3	41,9	29,5	1,0	2,9	DNA repair protein RadC
peg.104	621	53,5	52,7	60,8	25,9	29,5	33,9	1,0	1,9	TonB-dependent receptor
peg.105	1197	44,1	45,4	53,1	31,7	34,0	134,5	0,9	0,7	TonB-dependent receptor
peg.106	1137	54,5	55,0	69,4	22,9	28,0	40,5	1,0	2,0	Uncharacterized iron-regulated membrane protein%3B Iron-uptake factor PiuB
peg.107	735	164,6	166,3	204,6	31,6	39,0	36,7	1,0	5,0	cytochrome b2C putative
peg.108	432	143,5	147,6	160,6	113,8	119,2	134,9	1,0	1,2	Methyl-accepting chemotaxis protein
peg.109	834	161,3	164,2	159,7	108,2	110,5	114,6	1,0	1,5	Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)
peg.110	939	151,2	153,5	150,4	97,7	99,5	106,5	1,0	1,5	sigma-54-dependent transcriptional regulator
peg.111	729	113,3	110,5	108,1	85,9	91,5	98,6	1,0	1,2	Heavy-metal-associated domain (N-terminus) and membrane-bounded cytochrome biogenesis cycZ-like domain2C possible membrane copper tolerance protein
peg.112	405	1606,9	1545,9	1886,6	176,9	261,6	1177,2	1,0	3,1	hypothetical protein
peg.113	534	738,6	725,9	967,0	139,8	155,7	834,0	1,0	2,2	hypothetical protein
peg.114	1506	149,2	143,3	196,3	85,9	90,4	237,1	0,9	1,2	Exopolyphosphatase (EC 3.6.1.11)
peg.115	717	116,9	129,8	125,8	80,3	78,1	90,4	1,0	1,5	Phosphate transport system regulatory protein PhoU
peg.116	843	66,0	72,1	66,7	90,3	96,3	95,3	1,0	0,7	Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)

peg.117	1668	45,0	56,3	52,8	56,2	61,2	57,0	0,9	0,9	Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)
peg.118	2277	61,6	79,2	74,0	34,8	37,6	35,5	1,0	2,0	Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)
peg.119	957	42,9	52,3	49,1	38,1	44,5	40,6	0,9	1,2	Phosphate ABC transporter2C periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)
peg.120	1290	93,2	118,2	121,2	50,4	54,0	80,4	1,0	1,8	Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)
peg.121	693	90,0	100,5	100,9	49,8	59,0	57,7	1,0	1,8	Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)
peg.122	1224	37,7	32,8	30,2	57,3	66,5	67,3	1,0	0,5	Permease of the major facilitator superfamily
peg.123	1650	125,1	109,3	92,5	35,6	36,8	36,0	1,0	3,0	Probable low-affinity inorganic phosphate transporter
peg.124	1839	116,6	133,3	126,3	97,6	104,5	97,0	1,0	1,3	Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD2C protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)
peg.125	438	122,2	133,3	134,2	58,2	70,3	61,1	1,0	2,1	3-dehydroquinate dehydratase II (EC 4.2.1.10)
peg.126	468	242,9	245,6	227,0	146,4	140,2	139,4	1,0	1,7	Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase
peg.127	1341	290,9	265,5	259,4	183,9	183,5	192,1	1,0	1,5	Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)
peg.128	870	206,2	196,8	197,2	223,8	216,6	214,6	0,9	0,9	Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)
peg.129	1002	171,7	164,2	169,8	211,7	184,3	200,8	1,0	0,8	tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.-)
peg.130	291	346,6	358,1	338,6	186,5	177,1	173,8	1,0	1,9	DNA-binding protein Fis
peg.131	1566	228,2	229,7	208,1	390,8	397,1	414,2	1,0	0,6	IMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.10) / Phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase (EC 2.1.2.3)
peg.132	2634	74,6	79,7	72,6	215,1	207,7	200,2	1,0	0,4	Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)
peg.133	1029	302,1	366,0	312,5	91,7	88,0	89,0	1,0	3,7	N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase (EC 1.2.1.38)
peg.134	138	246,7	293,4	274,5	225,2	260,5	255,2	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.135	546	105,6	123,3	124,4	235,1	260,8	262,0	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.136	438	140,1	152,9	165,4	110,6	116,2	115,1	1,0	1,3	Integral membrane protein CcmA involved in cell shape determination
peg.137	345	1279,5	1613,4	1633,1	144,2	155,6	149,1	1,0	10,1	probable iron binding protein from the HesB_IscA_SufA family
peg.138	1290	40,1	42,6	42,3	786,3	1297,7	1167,1	1,0	0,0	hypothetical protein
peg.139	627	65,7	64,1	72,1	71,7	76,1	72,5	0,9	0,9	Transcriptional regulator2C TetR family
peg.140	1173	49,0	49,1	52,3	82,8	83,1	98,9	1,0	0,6	RND efflux system2C membrane fusion protein CmeA
peg.141	3147	72,9	72,8	69,7	65,9	60,7	70,2	0,9	1,1	RND efflux system2C inner membrane transporter CmeB
peg.142	1443	85,1	69,8	62,6	73,6	64,5	74,3	0,2	1,0	RND efflux system2C outer membrane lipoprotein CmeC
peg.143	180	188,1	159,5	139,3	112,6	92,6	110,3	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.144	2061	62,9	66,4	73,7	294,4	283,7	300,7	1,0	0,2	High-affinity choline uptake protein BetT
peg.145	159	99,3	117,7	99,9	77,2	77,5	79,7	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.146	918	24,7	25,2	26,2	38,4	39,3	227,0	1,0	0,2	transcriptional regulator2C LysR family
peg.147	1407	104,9	123,8	131,4	20,9	22,5	29,3	1,0	4,9	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.148	555	180,4	174,4	171,9	90,2	104,9	99,3	1,0	1,8	Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)
peg.149	954	153,1	144,8	138,4	96,4	107,2	105,7	1,0	1,4	Magnesium and cobalt transport protein CorA
peg.150	624	29,5	23,1	22,4	66,1	74,1	71,6	1,0	0,4	HEN1 C-terminal domain%3B double-stranded RNA 3'-methylase
peg.151	1359	70,6	39,7	44,4	67,1	58,7	65,9	0,9	0,8	GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE
peg.152	1644	129,0	79,1	97,8	95,6	79,9	96,1	0,9	1,1	Inner membrane protein translocase component YidC2C long form
peg.153	333	802,8	570,9	594,8	279,1	236,0	269,1	1,0	2,5	Ribonuclease P protein component (EC 3.1.26.5)
peg.154	135	1238,4	1071,3	1115,2	1552,6	1458,7	1543,9	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L34p
peg.155	1365	120,5	114,1	122,6	3004,1	2676,8	2648,0	1,0	0,0	Chromosomal replication initiator protein DnaA
peg.156	1104	104,2	104,3	105,6	184,7	183,1	174,5	1,0	0,6	DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)
peg.157	1203	311,7	369,7	362,2	155,8	145,3	160,0	1,0	2,3	Homolog of E. coli HemY protein
peg.158	1035	646,7	783,8	780,5	157,4	166,2	153,3	1,0	4,6	Protein of unknown function DUF5132C hemX
peg.159	765	361,7	415,6	435,2	239,6	264,1	245,6	1,0	1,6	Uroporphyrinogen-III synthase (EC 4.2.1.75)
peg.160	930	313,3	321,0	305,9	144,6	162,9	143,8	1,0	2,1	Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)
peg.161	1383	138,1	145,1	122,6	93,6	115,5	106,9	1,0	1,3	Argininosuccinate lyase (EC 4.3.2.1)
peg.162	1365	22,7	20,5	21,0	124,2	124,2	121,2	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.163	216	23,2	17,4	18,1	30,4	28,7	30,2	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.164	351	12,8	8,8	10,4	36,7	36,6	37,9	1,0	0,3	FIG016502: iron uptake protein
peg.165	1644	28,2	30,5	33,4	12,5	14,4	14,8	1,0	2,2	FIG138928: iron-regulated membrane protein
peg.166	282	96,6	114,5	113,1	23,2	25,8	37,0	1,0	3,8	hypothetical protein
peg.167	2373	7,7	7,7	8,4	56,8	61,7	143,3	1,0	0,1	TonB-dependent siderophore receptor
peg.191	501	65,5	98,3	120,6	16,2	19,5	23,9	1,0	4,8	RNA polymerase sigma-70 factor2C ECF subfamily
peg.192	1545	84,3	107,8	114,2	38,8	43,3	39,7	1,0	2,5	Filamentation induced by cAMP protein Fic
peg.193	153	147,4	216,8	204,0	27,3	39,2	34,4	1,0	5,6	hypothetical protein
peg.194	174	124,3	181,7	184,9	56,2	67,6	61,6	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.195	2349	56,0	61,2	70,6	59,4	66,0	61,2	0,0	1,0	Ferrichrome-iron receptor
peg.196	999	7,1	7,7	10,9	8,9	10,5	15,4	1,0	0,7	putative transmembrane sensor
peg.198	174	53,8	61,2	65,0	20,5	24,9	63,6	1,0	1,7	RNA polymerase2C sigma-24 subunit2C ECF subfamily
peg.199	2427	23,8	24,6	28,0	19,8	23,5	22,9	0,9	1,2	Ferrichrome-iron receptor
peg.200	954	17,0	21,5	22,0	16,4	18,8	21,9	0,5	1,1	Fe2+-dicitrate sensor2C membrane component
peg.201	498	30,2	31,2	31,6	25,8	30,7	42,1	0,4	0,9	RNA polymerase sigma-70 factor2C ECF subfamily
peg.202	2448	31,1	33,0	35,5	23,0	26,3	25,5	1,0	1,3	TonB-dependent siderophore receptor
peg.203	942	60,2	67,8	70,2	55,7	63,5	76,9	0,0	1,0	FecR protein
peg.204	369	83,1	101,6	95,7	65,0	76,9	103,4	0,9	1,1	RNA polymerase2C sigma-24 subunit2C ECF subfamily
peg.205	456	36,7	43,2	49,8	38,6	45,2	47,6	0,0	1,0	hypothetical protein
peg.206	1131	23,1	27,3	25,9	25,2	28,6	29,0	0,7	0,9	GNAT family acetyltransferase VC2332
peg.207	1071	40,5	37,1	35,8	34,3	42,4	39,5	0,2	1,0	hypothetical protein
peg.208	117	67,2	58,9	58,3	44,0	60,4	44,3	1,0	1,2	hypothetical protein

peg.209	1485	30,8	28,1	27,0	51,5	51,1	50,2	1,0	0,6	Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase
peg.210	2058	83,9	59,2	58,9	180,2	160,3	183,0	1,0	0,4	TonB-dependent receptor
peg.211	894	195,2	210,8	300,2	103,9	165,9	147,8	1,0	1,7	DnaJ-class molecular chaperone CbpA
peg.212	1386	150,1	174,4	249,1	72,7	113,9	91,7	1,0	2,1	HtrA protease/chaperone protein / Serine protease (Protease DO) (EC 3.4.21.-)
peg.213	477	171,4	200,7	239,9	86,1	114,8	204,6	1,0	1,5	COGs COG3558
peg.214	576	36,8	35,1	43,3	49,9	57,1	59,3	1,0	0,7	Transcriptional regulator2C TetR family
peg.216	480	218,5	235,6	247,9	301,4	320,9	356,0	1,0	0,7	Bacterioferritin
peg.217	915	142,0	170,0	181,0	176,4	179,7	179,0	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.218	1368	55,2	50,8	45,6	102,5	91,4	101,4	1,0	0,5	N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.23) / Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)
peg.219	423	1060,0	608,8	486,5	1518,1	1292,3	1475,9	1,0	0,5	ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)
peg.220	1377	939,2	553,4	399,2	1299,5	1072,0	1208,6	1,0	0,5	ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)
peg.221	798	526,5	265,0	194,3	839,7	685,6	767,8	1,0	0,4	ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)
peg.222	1542	671,5	364,5	261,6	1007,4	847,7	989,1	1,0	0,5	ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)
peg.223	531	791,3	460,4	330,1	1214,6	1012,2	1154,8	1,0	0,5	ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)
peg.224	471	1138,8	724,5	544,5	1578,6	1323,6	1496,9	1,0	0,5	ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)
peg.225	234	646,8	346,4	264,3	1140,6	928,9	1082,6	1,0	0,4	ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)
peg.226	900	575,2	382,6	325,2	1030,3	917,5	1010,3	1,0	0,4	ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)
peg.227	243	1230,1	936,8	894,6	2119,6	2056,2	2235,1	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.228	864	232,2	199,4	163,8	250,6	235,4	250,3	1,0	0,8	Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J
peg.229	783	260,4	202,6	172,7	346,6	338,0	360,9	1,0	0,6	Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj
peg.230	627	356,8	277,4	233,8	255,9	264,1	239,6	1,0	1,1	rRNA small subunit methyltransferase2C glucose inhibited division protein GidB
peg.231	1884	244,0	198,8	184,0	157,8	167,0	156,8	1,0	1,3	tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA
peg.232	360	118,5	111,3	115,8	372,2	369,2	395,0	1,0	0,3	Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)
peg.233	777	59,3	51,0	45,9	97,0	97,4	90,7	1,0	0,5	Prolipoprotein diacylglyceryl transferase (EC 2.4.99.-)
peg.234	720	11,7	11,4	10,5	19,1	17,5	24,6	1,0	0,6	conserved hypothetical protein TIGR02001
peg.235	339	50,3	49,3	47,1	49,9	56,1	56,1	0,9	0,9	Nitrogen regulatory protein P-II
peg.236	1284	52,9	45,1	44,3	40,4	43,6	44,7	0,8	1,1	Ammonium transporter
peg.237	1065	297,7	271,8	264,6	178,7	177,7	172,1	1,0	1,6	Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)
peg.238	1449	793,0	750,5	728,6	352,4	372,8	336,1	1,0	2,1	Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)
peg.239	4392	1148,2	1169,9	1200,9	445,7	514,1	440,6	1,0	2,5	Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)
peg.240	126	1445,6	1606,8	1863,0	650,1	786,6	444,3	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.241	495	253,8	272,2	291,7	246,9	242,8	234,1	1,0	1,1	Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (EC 4.1.1.21)
peg.242	1131	157,8	148,5	146,2	160,1	149,1	151,6	0,2	1,0	Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (EC 4.1.1.21)
peg.243	234	172,6	170,2	165,4	165,8	155,8	170,0	0,5	1,0	SelT/selW/selH selenoprotein
peg.244	2283	232,9	211,9	211,4	222,7	222,3	223,3	0,3	1,0	DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)
peg.245	468	1685,9	1845,4	1753,0	1323,3	1409,0	1284,4	1,0	1,3	Protein of unknown function Smg
peg.246	1122	315,5	330,0	327,6	202,4	219,4	167,2	1,0	1,7	Rossmann fold nucleotide-binding protein Smf possibly involved in DNA uptake
peg.247	1032	628,0	669,1	615,1	317,7	348,3	341,3	1,0	1,9	Uncharacterized protein with LysM domain2C COG1652
peg.248	318	803,6	940,0	907,8	442,9	501,5	446,2	1,0	1,9	Cytochrome c553
peg.249	504	665,4	783,0	775,3	431,9	462,6	441,6	1,0	1,7	Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)
peg.250	933	284,2	340,3	360,3	210,7	222,1	216,9	1,0	1,5	Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)
peg.251	1308	193,1	242,8	270,0	131,8	138,3	125,3	1,0	1,8	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)
peg.252	594	209,3	248,6	283,7	148,2	156,6	148,3	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.253	2160	81,2	90,9	97,6	65,0	67,4	62,6	1,0	1,4	Nitrogen regulation protein ntrY (EC 2.7.3.-)
peg.254	1275	227,8	237,3	241,7	160,3	171,6	163,7	1,0	1,4	Nitrogen assimilation regulatory protein NtrX
peg.255	1374	108,9	110,6	107,6	98,2	99,9	93,5	1,0	1,1	Trk system potassium uptake protein TrkA
peg.256	522	98,7	90,4	83,2	95,7	88,9	85,8	0,0	1,0	UPF0301 protein YqgE
peg.257	420	192,8	196,8	169,9	250,8	245,1	238,9	1,0	0,8	Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)
peg.258	525	181,9	188,7	166,8	206,1	201,9	213,6	1,0	0,9	Uracil phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.9) / Pyrimidine operon regulatory protein PyrR
peg.259	972	103,2	107,5	103,8	141,0	133,4	140,0	1,0	0,8	Aspartate carbamoyltransferase (EC 2.1.3.2)
peg.260	1284	88,0	74,7	66,2	150,3	156,1	146,7	1,0	0,5	Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)
peg.261	177	128,1	117,3	112,6	208,8	206,0	206,3	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.262	756	116,1	104,8	122,7	270,0	274,3	262,8	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.263	837	484,8	515,2	522,6	421,6	424,1	457,5	1,0	1,2	Pseudoazurin precursor
peg.264	2220	182,4	205,5	219,7	106,0	109,9	108,3	1,0	1,9	Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)%3B Monomeric isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)
peg.265	1023	113,4	121,6	121,6	110,2	109,7	112,9	0,8	1,1	Ferric iron ABC transporter2C ATP-binding protein
peg.266	1467	77,1	84,1	83,7	50,6	51,4	51,3	1,0	1,6	Ferric iron ABC transporter2C permease protein
peg.267	1038	104,7	119,8	123,2	88,2	92,7	107,4	1,0	1,2	Ferric iron ABC transporter2C iron-binding protein
peg.268	813	120,7	149,6	143,1	89,4	96,0	186,6	0,7	1,1	putative orphan protein
peg.269	114	62,2	84,0	82,0	48,7	61,5	57,0	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.270	2169	32,2	34,8	38,7	38,5	42,4	55,5	1,0	0,8	TonB-dependent receptor
peg.271	123	106,3	68,2	61,7	637,6	520,2	573,2	1,0	0,1	hypothetical protein
peg.272	426	1984,9	1380,4	933,2	2037,3	2006,2	2156,4	1,0	0,7	pseudoazurin
peg.273	1077	75,6	94,5	94,6	55,4	60,4	66,3	1,0	1,5	Putative permease PerM (YfgO)
peg.276	834	40,7	47,7	52,9	37,4	40,8	40,0	1,0	1,2	efflux transporter2C RND family2C MFP subunit

peg.277	3165	47,2	52,7	61,0	39,7	40,1	40,7	1,0	1,3	Acriflavin resistance protein
peg.278	498	49,8	53,9	64,6	52,6	55,3	55,1	0,3	1,0	lipoprotein B1c
peg.279	258	47,5	38,2	44,7	45,7	48,1	50,4	0,8	0,9	Alcohol dehydrogenase2C class IV
peg.280	396	57,5	56,2	53,6	57,6	60,7	63,0	0,8	0,9	conserved hypothetical protein
peg.281	1011	89,8	86,3	90,3	104,1	107,4	108,5	1,0	0,8	Fructose-12C6-bisphosphatase2C type I (EC 3.1.3.11)
peg.282	816	328,8	329,5	302,3	235,0	224,8	234,4	1,0	1,4	Formylmethanofuran dehydrogenase(EC:1.2.99.5)
peg.283	903	426,0	436,3	388,4	283,4	279,0	271,1	1,0	1,5	Formylmethanofuran--tetrahydromethanopterin N-formyltransferase (EC 2.3.1.101)
peg.284	1668	277,6	272,7	264,0	221,8	214,8	227,9	1,0	1,2	Formylmethanofuran dehydrogenase subunit A (EC 1.2.99.5)
peg.285	1275	222,3	216,0	215,0	177,3	181,1	193,3	1,0	1,2	Formylmethanofuran dehydrogenase subunit B (EC 1.2.99.5)
peg.286	147	339,6	304,4	336,7	302,0	314,3	295,7	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.287	546	246,0	236,5	249,1	210,3	213,5	213,9	1,0	1,1	Sporulation related
peg.288	1764	215,5	199,8	199,6	224,9	216,9	219,3	0,9	0,9	Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)
peg.289	2175	74,2	82,9	90,7	65,2	72,9	68,3	1,0	1,2	Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication
peg.290	1614	43,9	47,1	58,5	30,3	36,2	32,3	1,0	1,5	Sodium-dependent phosphate transporter
peg.291	486	330,0	376,0	428,9	370,6	431,1	397,4	0,8	0,9	Dihydrofolate reductase (EC 1.5.1.3)
peg.292	237	529,8	640,7	660,0	597,3	710,8	698,5	1,0	0,9	hypothetical protein
peg.293	249	1115,2	1370,4	1404,4	443,4	524,3	503,4	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.294	345	691,7	837,2	841,0	330,1	351,2	323,3	1,0	2,4	Pentapeptide repeat domain protein
peg.295	744	291,6	338,7	385,6	481,2	493,6	471,8	1,0	0,7	Twin-arginine translocation protein TatC
peg.296	321	350,9	379,6	400,6	477,3	495,5	474,7	1,0	0,8	Twin-arginine translocation protein TatB
peg.297	246	614,1	680,7	708,0	416,8	445,3	434,2	1,0	1,5	Twin-arginine translocation protein Tata
peg.298	339	596,8	667,6	665,7	324,2	330,9	309,9	1,0	2,0	Histidine triad (HIT) nucleotide-binding protein2C similarity with At5g48545 and yeast YDL125C (HNT1)
peg.299	321	348,1	371,7	366,0	267,6	255,7	267,0	1,0	1,4	Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase (EC 3.6.1.31)
peg.300	384	306,2	318,7	307,9	295,5	287,0	297,6	0,9	1,1	Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.19)
peg.301	774	465,7	482,6	453,2	376,6	371,5	376,3	1,0	1,2	Imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit (EC 4.1.3.-)
peg.302	750	516,8	551,4	521,6	475,2	466,9	456,2	1,0	1,1	Phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (EC 5.3.1.16)
peg.303	636	405,7	414,9	422,5	694,1	695,6	660,6	1,0	0,6	Imidazole glycerol phosphate synthase amidotransferase subunit (EC 2.4.2.-)
peg.304	594	526,6	484,7	458,4	168,3	177,3	175,2	1,0	2,8	Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (EC 4.2.1.19)
peg.305	750	258,1	294,3	276,5	114,0	126,1	111,5	1,0	2,4	transcriptional regulator Anr
peg.307	219	210,6	228,5	236,9	79,5	84,8	76,3	1,0	2,8	hypothetical protein
peg.308	1545	107,2	107,3	123,7	120,8	130,8	117,7	0,9	0,9	Proposed peptidoglycan lipid II flippase MurJ
peg.309	621	125,1	134,3	157,1	126,5	135,9	139,4	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.310	912	147,6	173,7	202,0	148,5	179,6	141,2	0,9	1,1	Hydrogen peroxide-inducible genes activator
peg.311	165	165,9	169,4	168,7	122,6	139,3	119,1	1,0	1,3	Rubredoxin
peg.312	1077	135,6	132,1	148,8	178,6	195,4	177,3	1,0	0,8	DNA recombination and repair protein RecF
peg.313	2415	261,2	273,0	278,7	319,6	340,6	337,2	1,0	0,8	DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)
peg.314	1317	351,9	366,3	353,0	213,1	248,1	201,3	1,0	1,6	NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)
peg.315	489	415,9	449,2	464,6	276,3	301,9	265,3	1,0	1,6	Archaeal flavoprotein COG1036
peg.316	1428	339,6	358,7	357,2	135,4	142,3	130,4	1,0	2,6	Related to Dihydropteroate synthase
peg.317	585	164,9	181,5	185,8	139,7	157,7	140,4	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.318	513	198,3	203,6	192,5	456,7	553,6	642,1	1,0	0,4	conserved hypothetical protein
peg.319	2280	39,9	36,3	39,7	32,2	35,3	35,3	0,9	1,1	5-methyltetrahydropteroyltryglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)
peg.320	897	44,3	46,2	57,9	103,6	108,7	104,6	1,0	0,5	Transcriptional activator MetR
peg.321	804	142,7	155,0	179,0	208,7	227,5	218,5	1,0	0,7	Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY
peg.322	555	441,0	539,3	532,3	277,4	305,7	291,4	1,0	1,7	DJ-1/YajL/PfpI superfamily2C includes chaperone protein YajL (former ThiJ)2C parkinsonism-associated protein DJ-12C peptidases Pfp12C Hsp31
peg.323	1332	516,8	620,0	598,5	173,0	187,1	171,5	1,0	3,3	Carboxyl-terminal protease (EC 3.4.21.102)
peg.324	1110	291,0	356,5	383,7	131,5	160,5	134,4	1,0	2,4	Periplasmic septal ring factor with murein hydrolase activity EnvC/YibP
peg.325	1533	348,2	437,1	431,3	445,2	477,4	437,5	1,0	0,9	22C3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)
peg.326	291	727,1	867,6	847,3	411,0	434,1	410,9	1,0	1,9	Transcriptional regulator2C ArsR family
peg.327	420	523,1	599,3	639,3	506,8	520,1	501,7	1,0	1,2	FIG136845: Rhodanese-related sulfurtransferase
peg.328	258	628,7	734,6	760,7	591,9	634,4	621,8	1,0	1,1	Glutaredoxin 3 (Grx3)
peg.329	483	981,7	1115,6	1067,2	343,0	371,0	346,4	1,0	3,0	Protein export cytoplasm chaperone protein (SecB2C maintains protein to be exported in unfolded state)
peg.330	1035	793,1	886,4	876,6	474,0	486,1	480,2	1,0	1,8	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+] (EC 1.1.1.94)
peg.331	876	650,7	702,8	708,4	62,9	69,9	64,1	1,0	10,5	hypothetical protein
peg.332	1164	77,6	81,7	98,9	83,9	90,5	87,2	0,1	1,0	COG1565: Uncharacterized conserved protein
peg.333	720	89,1	91,6	109,7	118,7	115,5	118,0	1,0	0,8	FolM Alternative dihydrofolate reductase 1
peg.334	354	130,0	131,9	151,4	110,2	110,8	76,2	1,0	1,4	Dihydroneopterin aldolase (EC 4.1.2.25)
peg.335	129	117,2	112,9	129,8	106,2	109,6	100,7	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.336	597	113,2	121,1	117,7	107,9	107,3	107,6	0,9	1,1	Acyl-phosphate:glycerol-3-phosphate O-acyltransferase PlsY
peg.337	1017	115,6	123,2	128,4	4571,2	4665,1	3925,2	1,0	0,0	YgiD/Kae1/Qri7 family2C required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA
peg.338	216	4550,0	5324,3	6321,7	3871,9	4005,6	3801,3	1,0	1,4	SSU ribosomal protein S21p
peg.339	462	5156,8	6150,2	6950,7	347,7	402,0	368,3	1,0	16,3	Transamidase GatB domain protein
peg.340	1725	527,1	662,6	941,8	1183,1	1514,7	1181,7	1,0	0,5	DNA primase (EC 2.7.7.-)
peg.341	1839	3953,6	4751,8	5369,6	343,4	453,5	508,6	1,0	10,8	RNA polymerase sigma factor RpoD

peg.342	1146	538,4	748,6	668,3	80,5	106,9	100,0	1,0	6,8	hypothetical protein
peg.343	699	52,0	62,2	83,3	23,4	34,7	53,6	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.344	366	59,9	71,4	94,5	30,5	37,7	41,3	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.345	1806	38,0	43,7	62,8	24,2	29,6	26,4	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.346	348	71,3	89,8	113,5	55,7	65,7	58,5	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.347	1116	50,8	59,6	85,0	35,8	45,0	42,7	1,0	1,6	conserved hypothetical ATPase
peg.348	420	35,6	37,7	53,0	27,5	38,9	55,2	0,2	1,0	hypothetical protein
peg.350	141	70,7	83,6	70,9	55,1	63,6	55,1	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.351	117	93,8	112,1	101,6	57,0	60,8	62,6	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.352	1131	41,4	49,8	50,7	73,6	81,1	84,9	1,0	0,6	FIG00901869: hypothetical protein
peg.353	2694	17,4	18,5	21,2	27,2	31,0	33,9	1,0	0,6	ABC-type multidrug transport system2C permease component
peg.354	1080	13,1	16,3	15,0	9,5	11,0	10,3	1,0	1,4	HlyD family secretion protein
peg.355	1488	29,5	35,2	40,6	7,7	9,0	8,6	1,0	4,2	RND efflux system2C outer membrane lipoprotein CmeC
peg.356	639	22,6	19,6	17,4	14,6	18,7	35,6	0,7	0,9	Transcriptional regulator2C TetR family
peg.357	246	16,9	16,3	15,0	29,3	30,3	52,1	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.358	792	16,2	13,6	13,1	16,6	18,0	22,8	1,0	0,7	putative membrane protein
peg.359	1950	18,1	17,3	14,6	13,2	14,7	15,5	0,9	1,2	hypothetical protein
peg.361	153	15,0	13,9	20,9	14,8	15,4	16,4	0,5	1,1	hypothetical protein
peg.362	750	41,7	46,3	50,7	29,6	29,4	30,5	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.363	849	25,4	25,9	29,0	32,9	37,1	33,6	1,0	0,8	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)
peg.364	1005	21,8	21,5	24,0	20,8	24,4	29,4	0,8	0,9	Fructose-12C6-bisphosphatase2C type I (EC 3.1.3.11)
peg.365	1056	36,0	41,2	41,4	14,7	17,0	32,4	1,0	1,9	Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)
peg.366	522	40,2	39,3	35,6	74,4	64,4	222,0	1,0	0,3	putative ankyrin domain protein
peg.367	174	69,4	65,5	50,3	49,1	51,9	55,7	0,9	1,2	protein of unknown function UPF0057
peg.368	141	83,8	79,1	72,0	101,5	105,6	99,2	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.370	387	77,8	80,9	83,3	113,6	127,2	137,4	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.371	570	72,3	80,6	66,6	47,6	53,1	50,7	1,0	1,5	Outer membrane protein A precursor
peg.372	1347	94,6	106,4	87,4	80,3	88,8	92,2	0,9	1,1	Agglutination protein
peg.374	423	26,1	24,9	32,7	52,6	59,7	60,1	1,0	0,5	Anaerobic dehydrogenases2C typically selenocysteine-containing
peg.377	495	80,2	76,9	72,0	29,7	34,1	33,0	1,0	2,4	Thiol peroxidase2C Tpx-type (EC 1.11.1.15)
peg.378	648	217,6	254,5	236,0	121,3	134,2	164,6	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.379	465	29,1	25,8	25,3	143,0	165,3	160,9	1,0	0,2	Isoquinoline 1-oxidoreductase alpha subunit (EC 1.3.99.16)
peg.380	2319	57,2	58,5	54,9	108,9	119,5	118,0	1,0	0,5	Isoquinoline 1-oxidoreductase beta subunit (EC 1.3.99.16)
peg.381	996	37,0	42,1	42,7	108,7	113,4	113,0	1,0	0,4	Xanthine and CO dehydrogenases maturation factor2C XdhC/CoxF family
peg.382	615	22,8	21,7	24,0	84,3	86,7	88,7	1,0	0,3	CTP:molybdopterin cytidyltransferase
peg.383	318	25,6	21,1	21,9	64,9	64,8	61,3	1,0	0,4	putative transcriptional regulator2C Crp/Fnr family
peg.385	165	61,8	69,1	61,7	95,0	101,8	90,0	1,0	0,7	protein of unknown function DUF1328
peg.386	186	445,7	535,1	411,5	82,4	80,6	82,1	1,0	5,7	hypothetical protein
peg.387	273	537,2	604,1	496,3	400,7	453,1	447,3	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.388	435	336,1	372,5	325,4	474,2	546,0	591,3	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.389	357	374,3	360,8	340,8	295,5	333,0	327,9	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.390	192	335,7	335,3	380,4	265,5	303,4	296,1	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.391	1389	60,0	56,0	58,1	474,0	478,3	547,1	1,0	0,1	Twin-arginine translocation pathway signal
peg.392	261	103,9	112,9	113,2	64,6	66,6	71,3	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.393	243	100,6	105,8	105,7	83,4	88,3	99,9	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.394	1296	48,7	46,5	41,1	141,5	152,6	151,9	1,0	0,3	Heavy metal RND efflux outer membrane protein2C CzcC family
peg.395	1227	35,7	32,9	31,8	85,1	87,9	88,0	1,0	0,4	Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein
peg.396	3123	46,7	41,0	38,2	57,8	58,5	61,1	1,0	0,7	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA%3B Cation efflux system protein CusA
peg.397	378	25,7	25,4	22,1	48,3	51,3	48,3	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.398	1461	19,2	18,5	18,3	30,1	36,8	30,8	1,0	0,6	periplasmic sensor signal transduction histidine kinase
peg.399	1428	33,5	29,4	30,8	17,6	18,9	21,9	1,0	1,6	two component2C sigma54 specific2C transcriptional regulator2C Fis family
peg.400	1134	28,8	27,9	28,8	27,5	30,5	28,5	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.401	1356	28,1	22,1	23,3	19,8	21,4	21,9	0,9	1,2	Glutathione reductase (EC 1.8.1.7)
peg.402	525	89,4	80,9	66,5	52,3	46,1	62,6	1,0	1,5	Peroxiredoxin family protein/glutaredoxin
peg.403	2118	95,0	102,8	110,6	215,4	192,9	391,1	1,0	0,4	GGDEF domain
peg.404	2964	41,8	40,7	40,2	126,1	131,8	143,4	1,0	0,3	putative sensor histidine kinase with a response regulator receiver domain
peg.405	561	144,6	147,2	162,5	57,6	59,4	60,1	1,0	2,6	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (EC 6.3.3.2)
peg.406	441	88,4	87,4	108,7	111,1	120,2	114,2	1,0	0,8	Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR
peg.407	1233	100,0	111,2	102,3	180,5	189,7	191,8	1,0	0,6	Flavoheмоprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavoheмоglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)
peg.408	318	225,5	287,3	322,6	108,0	119,8	109,0	1,0	2,5	hypothetical protein
peg.409	1326	55,4	55,7	61,3	177,3	248,8	278,4	1,0	0,2	Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)
peg.410	663	138,2	136,5	137,1	66,5	73,7	71,8	1,0	1,9	Two-component system response regulator QseB
peg.411	321	180,5	167,7	175,2	111,3	132,0	136,6	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.412	1182	49,2	58,5	46,7	124,8	146,8	141,7	1,0	0,4	Cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase (EC 2.1.1.79)
peg.413	1458	296,8	348,8	466,6	34,2	42,5	48,2	1,0	8,9	Catalase (EC 1.11.1.6)
peg.414	471	1215,2	1463,5	1742,4	193,8	269,2	299,1	1,0	5,8	Non-specific DNA-binding protein Dps / Iron-binding ferritin-like antioxidant protein / Ferroxidase (EC 1.16.3.1)
peg.415	1452	111,9	117,8	120,2	563,6	925,8	902,2	1,0	0,1	Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3)
peg.416	1641	61,5	58,9	55,1	78,2	81,6	90,2	1,0	0,7	COG0028: Thiamine pyrophosphate-requiring enzymes

peg.417	882	26,7	22,7	22,2	61,1	65,2	70,3	1,0	0,4	Flagellar motor rotation protein MotB
peg.418	138	29,7	26,3	23,6	32,5	34,1	33,6	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.419	2955	32,3	30,9	30,2	32,9	32,1	27,3	0,0	1,0	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.420	1311	53,8	48,4	50,4	33,3	35,5	35,3	1,0	1,5	sodium-dependent transporter2C NSS family protein
peg.421	141	36,9	28,4	26,1	46,7	49,5	50,0	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.422	2118	24,1	21,1	20,9	31,5	33,5	32,1	1,0	0,7	Phosphatidylserine/phosphatidylglycerophosphate/cardiolipl n synthases and related enzymes
peg.423	735	16,8	18,5	16,4	24,0	22,9	25,9	1,0	0,7	Endonuclease/Exonuclease/phosphatase family protein
peg.424	159	21,5	20,7	30,7	22,0	21,6	21,7	0,8	1,1	hypothetical protein
peg.425	2955	40,9	40,8	37,2	31,7	33,5	31,9	1,0	1,2	protein of unknown function DUF748
peg.426	120	141,3	154,6	137,4	35,8	37,3	37,7	1,0	3,9	hypothetical protein
peg.427	186	118,6	157,3	115,9	260,2	266,6	263,9	1,0	0,5	Transposase2C IS982 family
peg.428	774	116,1	151,1	120,3	208,8	212,0	204,8	1,0	0,6	Nitric oxide reductase activation protein NorQ
peg.429	1872	158,6	203,9	179,4	188,9	198,3	190,8	0,8	0,9	Nitric oxide reductase activation protein NorD
peg.430	1413	850,8	1168,0	932,7	221,0	234,0	223,3	1,0	4,4	Nitric-oxide reductase subunit B (EC 1.7.99.7)
peg.431	450	994,7	1261,4	1079,1	708,0	819,2	907,5	1,0	1,4	Nitric-oxide reductase subunit C (EC 1.7.99.7)
peg.432	1557	303,7	376,9	314,9	781,7	936,4	1354,7	1,0	0,3	Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR
peg.433	576	289,3	344,1	306,4	151,6	225,9	197,7	1,0	1,6	Nitric oxide reductase activation protein NorE
peg.434	228	320,1	426,0	394,0	291,4	364,3	345,2	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.435	1221	315,1	371,0	368,8	384,6	447,3	408,7	1,0	0,9	NnrS protein involved in response to NO
peg.436	1008	634,0	595,1	675,3	320,1	345,8	329,7	1,0	1,9	Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA
peg.437	282	708,3	684,4	767,8	159,1	189,2	159,5	1,0	4,3	hypothetical protein
peg.438	1923	351,1	435,8	431,3	151,0	192,2	148,2	1,0	2,5	Nitrate/nitrite sensor protein (EC 2.7.3.-)
peg.439	663	319,4	399,7	337,6	170,6	192,9	171,6	1,0	2,0	Nitrate/nitrite response regulator protein
peg.440	123	201,9	221,4	224,3	141,8	162,9	141,1	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.441	1266	984,9	545,7	404,2	95,9	111,4	101,5	1,0	6,3	Nitrate/nitrite transporter
peg.442	1611	825,7	241,2	116,8	561,4	751,1	472,1	1,0	0,7	Nitrate/nitrite transporter
peg.443	3756	1246,3	353,8	153,4	503,3	512,7	431,2	0,8	1,2	Respiratory nitrate reductase alpha chain (EC 1.7.99.4)
peg.444	1545	1020,6	254,9	127,8	903,2	869,7	810,7	1,0	0,5	Respiratory nitrate reductase beta chain (EC 1.7.99.4)
peg.445	531	1376,8	349,1	190,5	860,2	745,6	761,2	0,9	0,8	Respiratory nitrate reductase delta chain (EC 1.7.99.4)
peg.446	696	1013,8	351,9	251,1	1476,7	1218,0	1323,3	1,0	0,4	Respiratory nitrate reductase gamma chain (EC 1.7.99.4)
peg.447	687	749,4	278,7	220,6	1147,8	926,0	1085,7	1,0	0,4	Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)
peg.448	1227	347,8	159,2	149,6	924,9	728,5	866,9	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.449	279	176,1	121,9	109,0	436,5	353,2	395,3	1,0	0,3	Coenzyme PQQ synthesis protein D
peg.450	1161	120,4	94,9	86,0	541,4	495,3	523,2	1,0	0,2	Coenzyme PQQ synthesis protein E
peg.451	429	85,0	87,3	89,8	315,3	276,2	305,3	1,0	0,3	predicted membrane protein
peg.452	1101	89,0	88,9	103,7	189,6	169,0	185,5	1,0	0,5	Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)
peg.453	756	96,5	103,4	122,5	162,1	147,3	152,8	1,0	0,7	Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)
peg.454	849	162,6	199,9	210,6	109,8	108,2	108,0	1,0	1,8	ISSod6 transposase2C IS1301
peg.455	2163	596,3	698,9	752,6	131,5	136,0	125,3	1,0	5,2	Nitrous oxide reductase maturation protein NosR
peg.456	1002	1115,2	1191,9	1023,4	293,4	317,5	289,1	1,0	3,7	Nitrous-oxide reductase (EC 1.7.99.6)
peg.458	1290	339,0	341,5	328,7	538,4	576,4	551,3	1,0	0,6	Nitrous oxide reductase maturation protein NosD
peg.459	900	177,6	201,1	198,9	204,8	214,7	198,3	0,9	0,9	Nitrous oxide reductase maturation protein NosF (ATPase)
peg.460	831	180,9	175,1	184,1	133,2	136,2	127,5	1,0	1,4	Nitrous oxide reductase maturation transmembrane protein NosY
peg.461	513	229,8	207,7	201,4	154,2	150,8	146,4	1,0	1,4	Nitrous oxide reductase maturation protein2C outer-membrane lipoprotein NosL
peg.462	2049	478,3	370,8	294,1	174,6	172,8	167,7	1,0	2,2	Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic)2C large subunit (EC 1.17.4.2)
peg.463	171	2718,6	2204,1	1538,9	139,5	150,3	188,6	1,0	13,5	hypothetical protein
peg.464	681	934,5	766,4	556,9	744,7	797,3	1057,2	1,0	0,9	Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic)2C activating protein (EC 1.97.1.4)
peg.465	888	553,1	424,5	342,4	278,7	291,8	349,2	1,0	1,4	Pyridoxine biosynthesis glutamine amidotransferase2C synthase subunit (EC 2.4.2.-)
peg.466	567	802,0	629,3	504,0	274,7	269,4	283,9	1,0	2,3	Pyridoxine biosynthesis glutamine amidotransferase2C glutaminase subunit (EC 2.4.2.-)
peg.467	537	411,8	330,3	279,3	423,5	438,9	448,0	1,0	0,8	Molybdopterin biosynthesis Mog protein2C molybdochelatase
peg.468	516	216,4	177,4	157,2	285,0	285,1	305,3	1,0	0,6	Putative lipid carrier protein
peg.469	996	200,3	147,5	134,8	241,1	256,6	234,3	1,0	0,7	FIG139552: Putative protease
peg.470	906	291,2	204,0	176,8	127,0	136,7	124,4	1,0	1,7	Putative protease
peg.471	258	148,0	108,8	106,3	190,0	184,2	184,4	1,0	0,6	Copper-containing nitrite reductase (EC 1.7.2.1)
peg.472	141	179,5	162,0	153,7	136,8	139,8	140,3	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.473	180	181,2	155,2	148,1	182,3	199,7	167,1	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.474	732	105,6	89,2	91,2	227,5	240,9	224,1	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.475	444	106,7	102,4	113,7	156,2	160,0	157,1	1,0	0,7	Putative copper export protein
peg.476	2652	68,0	69,4	71,3	170,1	172,9	176,3	1,0	0,4	Nitrate/nitrite transporter
peg.477	759	52,0	68,5	48,0	87,4	91,0	89,5	1,0	0,6	Parvulin-like peptidyl-prolyl isomerase
peg.478	690	45,8	59,0	38,8	60,7	65,8	63,7	1,0	0,8	Respiratory nitrate reductase gamma chain (EC 1.7.99.4)
peg.479	699	80,9	101,9	60,7	58,5	61,0	67,6	1,0	1,3	Respiratory nitrate reductase delta chain (EC 1.7.99.4)
peg.480	1539	67,3	87,3	49,8	89,4	95,7	90,9	1,0	0,7	Respiratory nitrate reductase beta chain (EC 1.7.99.4)
peg.481	3744	115,8	129,2	93,0	81,3	85,0	82,7	1,0	1,4	Respiratory nitrate reductase alpha chain (EC 1.7.99.4)
peg.482	2049	39,7	40,3	40,2	106,2	115,8	119,5	1,0	0,4	Nitric oxide reductase activation protein NorD
peg.483	819	81,4	86,1	70,4	56,8	59,4	57,9	1,0	1,4	ATPase associated with various cellular activities2C AAA_5

peg.484	1362	85,2	87,8	77,0	105,3	111,2	105,1	1,0	0,8	Nitric-oxide reductase subunit B (EC 1.7.99.7)
peg.485	831	126,6	145,5	126,2	86,0	95,4	90,2	1,0	1,5	Nitric-oxide reductase subunit C (EC 1.7.99.7)
peg.487	426	93,5	89,1	80,3	91,4	116,9	127,5	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.489	1374	210,5	252,7	248,1	125,5	130,0	132,5	1,0	1,8	Coproporphyrinogen III oxidase2C oxygen-independent (EC 1.3.99.22)
peg.490	672	31,3	29,3	27,2	149,0	162,5	153,7	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.491	1293	77,9	47,2	42,3	49,5	53,0	53,8	0,5	1,1	Phosphoribosylamine-glycine ligase (EC 6.3.4.13)
peg.492	873	72,1	61,0	52,5	131,9	118,4	126,3	1,0	0,5	Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19)
peg.493	555	36,9	31,5	29,5	122,4	108,6	130,0	1,0	0,3	YrdC/Sua5 family protein2C required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA
peg.494	927	35,1	27,7	24,6	54,6	52,2	58,3	1,0	0,5	Coproporphyrinogen III oxidase2C aerobic (EC 1.3.3.3)
peg.495	1089	136,9	111,2	96,4	155,3	146,6	156,2	1,0	0,8	Peptide chain release factor 1
peg.496	1260	210,1	196,5	199,2	121,6	115,4	117,4	1,0	1,7	Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)
peg.497	1776	140,1	139,8	131,2	155,1	170,3	150,0	1,0	0,9	FOG: TPR repeat
peg.498	600	187,3	195,5	165,4	103,1	115,3	104,9	1,0	1,7	Outer membrane lipoprotein LolB precursor
peg.499	870	608,5	425,6	409,7	121,9	139,3	122,9	1,0	3,8	4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (EC 2.7.1.148)
peg.500	987	702,9	439,8	494,7	1183,1	1116,8	978,8	1,0	0,5	Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)
peg.501	675	564,4	267,6	251,9	1357,7	1304,1	1406,1	1,0	0,3	LSU ribosomal protein L25p
peg.502	573	161,6	77,6	83,9	1584,5	1313,1	1521,9	1,0	0,1	Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)
peg.503	1092	101,2	66,4	72,7	550,5	462,7	538,2	1,0	0,2	GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF
peg.504	1068	97,4	83,5	88,8	247,8	225,0	252,1	1,0	0,4	Phospholipase A1 precursor (EC 3.1.1.322C EC 3.1.1.4)*%3B Outer membrane phospholipase A
peg.505	1113	58,1	59,5	81,2	168,9	158,3	176,3	1,0	0,4	Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel
peg.506	114	34,3	35,6	48,0	140,1	148,8	146,7	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.507	294	22,0	24,1	32,6	43,0	49,0	48,1	1,0	0,6	IS4 family transposase
peg.509	387	20,9	19,4	21,2	18,8	18,8	23,8	0,0	1,0	hypothetical protein
peg.510	426	94,8	131,8	145,9	25,6	25,8	34,6	1,0	4,3	hypothetical protein
peg.511	738	157,2	216,3	226,7	53,6	70,0	61,8	1,0	3,2	hypothetical protein
peg.512	984	73,6	79,8	83,0	101,3	127,0	108,0	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.513	402	20,9	17,8	20,5	90,8	96,1	93,9	1,0	0,2	Large-conductance mechanosensitive channel
peg.514	612	22,5	24,2	26,4	31,0	33,4	32,2	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.515	951	14,3	14,1	17,4	32,5	35,0	36,9	1,0	0,4	RuBisCO operon transcriptional regulator CbbR
peg.516	1419	38,1	39,2	42,2	21,4	22,9	30,2	1,0	1,6	Ribulose biphosphate carboxylase large chain (EC 4.1.1.39)
peg.517	357	34,0	33,6	37,5	138,1	109,3	301,8	1,0	0,2	Ribulose biphosphate carboxylase small chain (EC 4.1.1.39)
peg.518	813	23,5	24,2	31,0	39,5	37,9	138,7	1,0	0,4	Rubisco activation protein CbbQ
peg.519	2343	15,1	15,9	18,3	20,9	21,7	57,4	1,0	0,5	Rubisco activation protein CbbO
peg.520	342	17,8	14,8	18,2	17,5	19,8	27,2	0,9	0,8	FIG01182371: hypothetical protein
peg.521	4257	42,1	37,6	42,4	32,0	35,8	33,2	1,0	1,2	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.522	1014	153,4	123,6	84,6	85,8	83,2	81,8	1,0	1,4	MxaL protein2C putative
peg.523	570	145,5	120,1	76,8	262,4	188,2	232,0	1,0	0,5	MxaK protein2C putative
peg.524	822	144,7	135,7	91,6	215,4	155,0	189,2	1,0	0,7	MxaC2C protein involved in Ca2+ insertion into methanol dehydrogenase
peg.525	966	138,7	136,9	107,4	279,8	207,8	253,0	1,0	0,5	MxA protein2C putative
peg.526	834	228,1	223,6	160,4	269,9	204,0	252,4	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.527	1035	456,1	427,4	284,4	360,8	277,4	334,7	1,0	1,2	MoxR-like ATPases
peg.528	276	6160,5	5975,8	3439,2	522,0	421,4	509,0	1,0	10,7	methanol dehydrogenase small subunit
peg.529	543	2482,0	2144,4	1271,1	4998,4	4811,3	5658,5	1,0	0,4	cytochrome c2C class I
peg.530	798	3087,1	2697,5	1599,0	1967,3	1708,5	1746,0	1,0	1,4	MxaJ2C protein involved in methanol oxidation
peg.531	1887	8535,9	8036,9	4293,2	2097,5	1854,6	2103,6	1,0	3,4	Methanol dehydrogenase large subunit protein (EC 1.1.99.8)
peg.532	654	1026,7	1249,0	1092,3	4402,3	4320,2	4849,8	1,0	0,2	two component transcriptional regulator2C LuxR family
peg.533	972	534,3	648,5	637,2	619,7	646,1	579,7	0,2	1,0	Two-component sensor histidine kinase
peg.534	333	330,1	266,7	181,4	303,5	363,0	279,5	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.535	516	1033,1	873,5	654,4	567,5	515,4	570,5	1,0	1,5	MxD protein2C putative
peg.536	936	764,3	693,2	537,2	1083,6	988,4	1210,5	1,0	0,6	COG3391: Uncharacterized conserved protein
peg.537	465	342,3	334,8	342,0	717,8	621,9	747,4	1,0	0,5	tRNA (cytosine34'-2'-O-)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)
peg.538	1608	211,5	229,9	265,2	392,8	352,0	400,8	1,0	0,6	Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)
peg.539	804	332,3	437,5	544,9	214,1	209,9	208,6	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.540	1020	172,5	206,1	242,2	120,9	146,0	131,6	1,0	1,6	Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)
peg.541	840	187,0	215,9	235,4	62,8	76,8	69,1	1,0	3,1	Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel
peg.542	771	128,8	151,8	173,2	99,6	109,3	107,8	1,0	1,4	Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)
peg.543	726	156,6	157,4	183,5	94,9	104,1	96,4	1,0	1,7	FIG005121: SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)
peg.544	444	131,6	104,6	127,6	93,5	107,3	97,4	1,0	1,2	Ribonuclease HI (EC 3.1.26.4)
peg.545	732	108,8	124,3	143,4	83,3	99,3	81,3	1,0	1,4	DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)
peg.546	558	162,3	205,1	304,0	80,1	90,9	81,5	1,0	2,7	Heat shock protein GrpE
peg.547	1923	1421,1	2017,3	3562,6	108,7	159,7	155,9	1,0	16,5	Chaperone protein DnaK
peg.548	1113	364,6	529,4	838,8	369,6	694,8	554,3	0,6	1,1	Chaperone protein DnaJ
peg.549	810	96,8	122,5	198,8	127,7	193,3	145,4	0,8	0,9	Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)
peg.550	387	74,0	88,2	123,9	84,5	92,0	96,7	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.551	228	107,1	118,5	177,6	60,3	61,5	68,6	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.552	2235	44,1	43,4	55,5	88,9	99,4	92,9	1,0	0,5	Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-)
peg.553	1317	173,3	130,5	106,4	62,3	58,5	57,9	1,0	2,3	Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)
peg.554	1158	63,1	42,2	35,6	271,1	267,1	278,5	1,0	0,2	Zn-dependent protease with chaperone function

peg.555	555	689,3	479,2	403,6	107,4	92,7	109,6	1,0	5,1	Alkyl hydroperoxide reductase and/or thiol-specific antioxidant family (AhpC/TSA) protein
peg.556	1989	842,6	472,3	298,1	1238,3	1051,4	1108,9	1,0	0,5	Transketolase (EC 2.2.1.1)
peg.557	999	97,9	71,4	50,0	1343,3	1083,1	1364,1	1,0	0,1	NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)
peg.558	1185	138,2	146,5	108,9	210,3	174,5	211,5	1,0	0,7	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)
peg.559	1467	70,2	75,5	57,1	129,6	129,8	149,3	1,0	0,5	Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)
peg.560	1071	76,9	86,2	71,5	64,0	67,3	68,6	1,0	1,2	Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)
peg.561	375	236,6	202,4	177,9	70,6	76,4	77,2	1,0	2,8	Protein crcB homolog
peg.562	291	226,3	177,7	172,3	158,0	161,0	153,9	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.563	1275	273,4	217,5	179,4	160,6	170,2	152,8	1,0	1,4	Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)
peg.564	681	186,5	142,8	124,3	195,1	200,2	194,3	1,0	0,8	FIG004556: membrane metalloprotease
peg.565	1218	178,3	139,2	118,8	131,3	130,1	130,8	0,9	1,1	Tryptophanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.2)
peg.566	921	202,1	163,6	140,8	142,1	143,3	144,6	1,0	1,2	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70)
peg.567	927	280,3	247,3	212,0	171,9	175,6	174,0	1,0	1,4	response regulator receiver modulated diguanylate cyclase
peg.568	762	586,8	556,6	432,8	283,7	438,9	271,2	1,0	1,6	short-chain dehydrogenase/reductase SDR
peg.569	366	1035,8	979,6	732,5	612,4	653,4	652,3	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.570	1284	120,0	108,1	97,1	990,8	1076,6	1140,3	1,0	0,1	Phytoene desaturase2C pro-zeta-carotene producing (EC 1.-.-.-)
peg.571	858	115,2	104,8	103,9	102,0	105,2	102,5	0,6	1,0	Phytoene synthase (EC 2.5.1.32)
peg.572	114	209,0	199,1	177,5	162,5	153,3	167,4	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.573	969	146,9	124,4	106,4	359,8	331,3	355,9	1,0	0,4	Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltransferase (farnesyl diphosphate synthase) (EC 2.5.1.10) / Geranylgeranyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.29)
peg.574	312	1526,1	1223,5	1145,9	247,9	238,1	235,0	1,0	5,4	LSU ribosomal protein L21p
peg.575	258	826,5	621,7	614,7	2636,3	2556,8	2423,4	1,0	0,3	LSU ribosomal protein L27p
peg.576	1086	118,6	81,2	72,4	1902,1	1845,9	2021,1	1,0	0,0	COG0536: GTP-binding protein Obg
peg.577	1131	216,3	187,7	157,1	232,3	220,2	222,3	1,0	0,8	Glutamate 5-kinase (EC 2.7.2.11)
peg.578	261	1996,5	1537,3	1457,5	448,8	437,9	488,6	1,0	3,6	SSU ribosomal protein S20p
peg.579	783	40,2	32,8	35,2	2455,0	2426,3	2105,7	1,0	0,0	Exodeoxyribonuclease III (EC 3.1.11.2)
peg.580	168	89,8	82,0	75,2	91,8	81,8	89,0	0,7	0,9	hypothetical protein
peg.581	2127	75,8	73,5	66,1	120,3	118,6	129,4	1,0	0,6	ATP-dependent DNA helicase RecQ
peg.582	357	62,9	63,7	54,2	60,9	63,7	62,2	0,3	1,0	hypothetical protein
peg.583	348	96,0	85,0	91,2	194,5	236,1	203,8	1,0	0,4	protein of unknown function DUF8612C cupin_3
peg.584	261	301,1	325,2	386,5	145,9	149,9	141,2	1,0	2,3	transcriptional regulator2C XRE family
peg.585	282	149,9	156,5	195,9	221,0	286,6	257,6	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.586	126	70,9	65,5	60,4	139,9	187,9	149,6	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.587	126	156,5	144,6	111,8	49,2	52,7	56,4	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.588	1089	18,9	19,7	17,4	186,1	197,3	189,0	1,0	0,1	DNA polymerase IV (EC 2.7.7.7)
peg.589	117	39,0	36,3	32,9	30,0	31,3	29,0	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.590	1626	57,9	48,8	40,9	58,9	63,0	56,5	1,0	0,8	AmpG permease
peg.591	591	41,2	31,7	30,5	57,0	59,0	57,9	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.592	384	312,6	280,7	228,4	55,6	52,4	54,3	1,0	5,1	hypothetical protein
peg.593	1362	133,7	125,9	109,9	266,7	263,0	307,0	1,0	0,4	Decarboxylase family protein
peg.594	498	274,8	231,6	191,1	142,1	143,4	147,5	1,0	1,6	Single-stranded DNA-binding protein
peg.595	1386	72,4	63,3	57,4	286,3	309,0	325,4	1,0	0,2	Putative transport protein
peg.596	2820	85,0	64,2	51,9	114,7	114,4	109,5	1,0	0,6	Excinuclease ABC subunit A
peg.597	624	153,4	131,5	97,7	75,2	76,7	78,2	1,0	1,7	adenylate cyclase
peg.598	1047	51,6	43,5	38,6	101,9	109,4	116,1	1,0	0,4	Ferric siderophore transport system2C periplasmic binding protein TonB
peg.599	1047	68,6	58,7	52,1	52,7	53,0	55,8	0,8	1,1	membrane-associated lipoprotein involved in thiamine biosynthesis
peg.600	945	90,9	79,2	67,5	66,0	64,0	65,6	1,0	1,2	Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)
peg.601	930	242,0	193,6	183,2	91,5	89,4	91,2	1,0	2,3	Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)
peg.602	2079	211,4	167,9	138,7	236,8	240,5	223,1	1,0	0,7	Glycyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.14)
peg.603	540	203,1	153,2	116,2	147,2	148,3	146,8	0,6	1,1	Histidinol-phosphatase (EC 3.1.3.15)
peg.604	753	154,9	100,8	82,7	141,8	141,0	138,7	1,0	0,8	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)
peg.605	2082	124,3	93,0	76,7	117,5	114,3	112,2	0,9	0,9	response regulator receiver modulated diguanylate cyclase/phosphodiesterase with PAS/PAC sensor(s)
peg.606	882	51,3	47,5	59,9	168,6	155,5	163,6	1,0	0,3	Probable protease htpX homolog (EC 3.4.24.-)
peg.607	1020	77,5	82,8	77,2	90,6	93,2	104,1	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.608	906	141,4	124,4	117,6	100,6	104,2	108,5	1,0	1,2	Methylene tetrahydromethanopterin dehydrogenase (EC 1.5.99.9)
peg.609	1011	98,6	87,5	90,9	189,1	168,1	191,7	1,0	0,5	beta-ribofuranosylaminobenzene 5'-phosphate synthase
peg.610	864	293,5	258,6	244,4	207,2	187,6	209,6	1,0	1,3	Methylene tetrahydromethanopterin dehydrogenase (EC 1.5.99.9)
peg.611	363	362,5	564,1	711,3	440,3	432,6	465,3	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.613	753	282,0	377,9	403,3	376,7	552,3	497,5	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.614	933	169,9	213,9	181,2	263,1	312,4	299,4	1,0	0,6	Zn-dependent hydrolases2C including glyoxylases
peg.615	1404	81,6	82,7	77,8	159,4	192,9	190,9	1,0	0,4	Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.17)
peg.617	747	174,7	285,5	358,0	198,9	399,9	289,1	0,7	0,9	MxaJ protein
peg.618	186	78,6	95,3	101,6	151,0	217,3	195,6	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.619	642	144,1	151,6	162,5	124,9	142,3	126,2	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.620	1458	31,0	27,4	27,8	168,2	183,9	188,0	1,0	0,2	periplasmic sensor signal transduction histidine kinase
peg.621	1377	38,8	37,9	37,3	61,3	62,0	62,9	1,0	0,6	two component2C sigma54 specific2C transcriptional regulator2C Fis family
peg.622	408	300,9	272,4	281,8	76,5	70,0	77,0	1,0	3,8	Stringent starvation protein B
peg.623	621	712,5	694,9	684,1	436,4	388,3	413,7	1,0	1,7	Stringent starvation protein A
peg.624	711	1056,1	983,6	958,0	690,5	634,5	689,1	1,0	1,5	ubiquinol cytochrome C oxidoreductase2C cytochrome C1 subunit

peg.625	1206	903,2	842,0	865,0	850,2	767,7	775,0	1,0	1,1	Ubiquinol--cytochrome c reductase2C cytochrome B subunit (EC 1.10.2.2)
peg.626	594	1351,1	1331,6	1342,6	618,9	562,3	589,8	1,0	2,3	Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit (EC 1.10.2.2)
peg.627	447	699,0	496,1	471,3	802,4	763,5	804,5	1,0	0,7	Pseudoazurin precursor
peg.628	117	359,2	392,9	367,5	474,6	540,9	555,4	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.629	267	714,0	812,6	786,4	175,3	202,3	161,0	1,0	4,3	hypothetical protein
peg.630	633	533,0	588,9	611,8	355,5	396,3	434,9	1,0	1,5	Transporter
peg.631	1779	777,3	847,5	840,6	284,1	318,6	296,0	1,0	2,7	Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12) @ Aspartyl-tRNA(Asn) synthetase (EC 6.1.1.23)
peg.632	1113	858,2	986,8	915,9	382,3	404,5	371,8	1,0	2,4	Quinolinate synthetase (EC 2.5.1.72)
peg.633	186	617,9	740,3	717,0	337,4	377,8	348,7	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.634	402	405,8	479,8	475,8	276,1	311,2	300,5	1,0	1,5	mutator mutT protein
peg.635	186	206,2	224,9	252,5	220,5	246,7	239,3	0,5	1,0	FIG003276: zinc-binding protein
peg.636	771	215,5	240,7	236,7	225,3	231,8	240,3	0,0	1,0	FIG002842: hypothetical protein
peg.637	609	86,2	97,4	107,6	221,0	227,2	235,9	1,0	0,4	Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)
peg.638	870	32,2	34,7	38,2	94,5	97,8	96,4	1,0	0,4	Leader peptidase (Prepilin peptidase) (EC 3.4.23.43) / N-methyltransferase (EC 2.1.1.-)
peg.639	1248	109,6	132,8	115,1	39,2	42,2	43,2	1,0	2,9	Type IV fimbrial assembly protein PilC
peg.640	1719	153,4	180,0	164,0	111,5	116,9	134,0	1,0	1,4	Type IV fimbrial assembly2C ATPase PilB
peg.641	129	429,8	414,8	372,5	174,8	186,5	191,9	1,0	2,2	hypothetical protein
peg.642	1254	145,0	149,5	142,9	323,8	367,8	309,9	1,0	0,4	Diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20)
peg.643	849	128,1	140,9	131,3	120,3	128,1	129,0	0,8	1,1	Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)
peg.644	711	152,9	177,8	171,4	81,5	88,1	88,3	1,0	1,9	Protein of unknown function DUF484
peg.645	909	85,9	98,5	101,5	103,9	111,4	109,2	0,9	0,9	Tyrosine recombinase XerC
peg.646	1020	62,5	67,7	71,4	67,2	69,4	66,5	0,0	1,0	Cation antiporter
peg.648	1398	36,0	40,2	42,9	16,9	19,6	19,0	1,0	2,1	Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)
peg.649	1533	24,8	26,3	28,1	24,3	27,1	26,6	0,1	1,0	putative alpha-deoxyribodipyrimidine photolyase-related protein
peg.650	414	15,9	16,8	19,9	19,1	21,6	21,4	0,9	0,8	hypothetical protein
peg.651	1449	30,3	33,6	40,7	14,1	16,4	16,0	1,0	2,3	DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)
peg.652	885	60,1	69,0	76,5	26,7	31,0	29,4	1,0	2,4	Transposase2C IS982 family
peg.653	552	313,3	361,3	384,0	63,7	69,5	64,4	1,0	5,4	3'-to-5' oligoribonuclease (orn)
peg.654	1248	155,0	172,5	168,6	273,1	302,3	281,8	1,0	0,6	macromolecule metabolism%3B macromolecule degradation%3B degradation of proteins2C peptides2C glycopeptides
peg.655	117	236,3	326,2	290,2	153,7	166,0	172,0	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.656	1038	109,6	110,7	122,3	165,6	169,5	181,0	1,0	0,7	Diguanylate cyclase/phosphodiesterase domain 1 (GGDEF)
peg.657	1254	129,3	118,4	127,1	138,0	135,2	135,3	0,9	0,9	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)
peg.658	447	910,6	985,9	817,0	110,4	111,6	104,8	1,0	8,3	Universal stress protein family COG0589
peg.659	939	687,9	685,1	612,9	480,1	542,4	500,4	1,0	1,3	Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)
peg.660	2304	269,9	276,0	262,6	478,6	505,0	510,9	1,0	0,5	Cell division protein FtsK
peg.661	633	318,5	316,6	291,8	119,4	127,4	118,5	1,0	2,5	Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA
peg.662	1323	268,2	282,9	261,7	161,5	165,4	155,9	1,0	1,7	FIG065221: Holliday junction DNA helicase
peg.663	756	131,1	129,6	141,7	134,0	151,0	129,0	0,3	1,0	SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)
peg.664	993	77,4	82,9	88,7	75,3	80,0	80,2	0,7	1,1	BlI4706 protein
peg.665	564	841,9	882,4	870,8	80,3	89,9	85,2	1,0	10,2	MxD gene product
peg.666	807	489,9	499,1	466,9	635,7	701,8	684,7	1,0	0,7	Uncharacterized ABC transporter2C ATP-binding protein YrbF
peg.667	783	258,5	248,6	243,9	447,8	447,8	360,4	1,0	0,6	Uncharacterized ABC transporter2C permease component YrbE
peg.668	465	612,0	640,1	560,3	408,4	412,0	403,8	1,0	1,5	Uncharacterized ABC transporter2C periplasmic component YrbD
peg.669	627	727,5	778,5	706,6	175,3	175,6	171,3	1,0	4,2	Toluene tolerance protein
peg.670	297	556,8	557,5	486,3	416,7	409,6	389,5	1,0	1,3	Sulfate transporter/antisigma-factor antagonist STAS
peg.671	225	788,3	786,7	717,5	524,7	510,3	522,2	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.672	1287	342,2	338,1	312,0	436,7	418,7	425,8	1,0	0,8	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)
peg.673	645	264,8	242,9	235,3	650,2	631,1	635,3	1,0	0,4	ATP phosphoribosyltransferase catalytic subunit (EC 2.4.2.17)
peg.674	1305	571,6	571,4	538,9	289,7	273,1	276,0	1,0	2,0	Histidinol dehydrogenase (EC 1.1.1.23)
peg.675	1056	352,7	342,3	331,3	289,6	265,3	268,1	1,0	1,2	Histidinol-phosphate aminotransferase (EC 2.6.1.9)
peg.676	669	187,0	191,2	193,0	440,6	430,0	425,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.677	762	24,3	22,8	22,9	325,0	303,4	314,0	1,0	0,1	Predicted permease
peg.678	642	74,4	76,4	69,3	169,7	169,8	166,9	1,0	0,4	Orotate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.10)
peg.679	603	99,7	108,1	102,2	23,8	24,9	25,4	1,0	4,2	Methionine biosynthesis protein MetW
peg.680	1149	89,9	105,4	100,6	84,7	80,4	89,1	1,0	1,2	Homoserine O-acetyltransferase (EC 2.3.1.31)
peg.681	576	129,5	139,6	141,3	101,7	95,9	102,6	1,0	1,4	Integral membrane protein YggT2C involved in response to extracytoplasmic stress (osmotic shock)
peg.682	834	93,3	103,1	92,0	81,4	81,6	85,1	1,0	1,2	Pyrraline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)
peg.683	699	78,8	89,5	91,3	120,2	120,6	127,9	1,0	0,7	Hypothetical protein YggS2C proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC
peg.684	1038	156,2	200,9	158,0	100,8	106,4	110,6	1,0	1,6	Twitching motility protein PilT
peg.685	1143	136,6	184,7	137,0	58,3	61,6	64,6	1,0	2,5	Twitching motility protein PilT
peg.686	852	1676,0	1999,4	1780,6	89,9	113,0	131,3	1,0	16,3	Outer membrane protein A precursor
peg.687	192	37,4	35,7	32,7	91,3	105,6	114,3	1,0	0,3	CsbD family protein
peg.688	558	70,4	75,1	58,7	755,5	834,9	842,7	1,0	0,1	putative hyperosmotically inducible periplasmic protein
peg.689	462	142,1	171,6	146,6	48,1	58,9	49,8	1,0	2,9	hypothetical protein
peg.690	1227	56,8	63,0	67,0	58,4	86,1	60,2	0,7	0,9	sigma54 specific transcriptional regulator2C Fis family
peg.691	1314	30,3	35,5	48,7	95,4	110,3	103,2	1,0	0,4	HipA protein
peg.692	252	36,8	40,3	60,4	63,8	70,6	68,5	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.693	171	16,8	19,5	26,5	31,0	33,1	39,0	1,0	0,6	Transposase2C IS982 family

peg.694	372	27,4	32,3	36,2	39,5	44,6	74,1	1,0	0,6	resolvase
peg.710	360	97,2	106,0	122,5	35,3	41,9	34,7	1,0	2,9	hypothetical protein
peg.712	1533	906,6	1386,9	1821,1	29,3	41,2	27,7	1,0	41,9	Transposase
peg.734	2508	76,3	67,9	56,8	93,9	104,8	100,1	1,0	0,7	Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)
peg.735	615	127,2	120,3	107,1	159,2	170,3	178,0	1,0	0,7	GTP-binding protein EngB
peg.736	609	523,7	529,2	450,0	114,5	106,8	118,2	1,0	4,4	Cytochrome c4
peg.737	2007	129,1	126,4	110,4	209,2	192,6	190,0	1,0	0,6	Cytochrome c-type biogenesis protein Ccs1/ResB
peg.738	1149	192,7	211,0	188,2	744,6	678,0	752,9	1,0	0,3	Cytochrome c-type biogenesis protein CcsA/ResC
peg.739	642	188,2	184,8	167,6	210,2	206,1	215,7	1,0	0,9	Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA
peg.740	1422	66,8	66,0	78,4	271,2	254,8	287,6	1,0	0,3	Transglycosylase2C Slf family
peg.741	450	49,9	51,2	54,5	126,5	126,9	123,9	1,0	0,4	tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)
peg.742	1275	59,3	58,4	59,2	78,4	78,3	79,2	1,0	0,7	3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase (EC 2.-.-.-)
peg.743	948	107,0	102,0	99,0	79,1	83,0	79,0	1,0	1,3	Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)
peg.744	489	164,0	128,2	136,5	148,5	151,6	158,5	0,8	0,9	hypothetical protein
peg.745	390	2594,1	2109,3	2006,1	400,2	415,2	487,0	1,0	5,2	SSU ribosomal protein S9p (S16e)
peg.746	429	3624,7	3218,6	3260,4	2588,5	2508,7	2696,2	1,0	1,3	LSU ribosomal protein L13p (L13Ae)
peg.747	798	280,4	276,0	270,9	4563,8	4320,6	4066,1	1,0	0,1	Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)
peg.748	3774	364,1	386,9	321,8	167,5	174,6	149,1	1,0	2,2	FAD/FMN-containing dehydrogenases
peg.749	348	202,1	210,5	183,9	237,3	285,9	235,9	1,0	0,8	Type III effector HopPmaJ
peg.750	666	50,4	49,9	48,7	187,8	217,8	192,2	1,0	0,2	Nitroreductase
peg.751	390	27,0	28,5	29,1	60,4	66,6	67,0	1,0	0,4	FIG039061: hypothetical protein related to heme utilization
peg.752	123	46,3	41,4	51,2	41,3	49,1	43,2	0,3	1,0	hypothetical protein
peg.753	909	275,1	333,4	339,3	56,3	63,6	58,8	1,0	5,3	50S ribosomal subunit maturation GTPase RbgA (B. subtilis YlqF)
peg.754	516	92,8	100,4	113,9	128,8	140,3	133,2	1,0	0,8	Starvation lipoprotein Slp paralogue
peg.755	186	74,3	98,5	88,8	70,6	77,9	78,2	0,9	1,2	hypothetical protein
peg.756	267	68,7	79,9	74,5	40,7	48,4	747,8	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.757	219	39,0	46,1	43,4	46,5	48,5	611,8	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.758	708	92,9	91,4	85,3	34,3	34,8	367,8	1,0	0,6	PepSY-associated TM helix
peg.759	957	121,5	182,7	175,4	103,3	114,0	131,7	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.760	1467	153,3	203,1	187,9	111,3	123,4	124,3	1,0	1,5	6-phosphogluconate dehydrogenase2C decarboxylating (EC 1.1.1.44)
peg.761	867	73,3	51,6	57,5	108,7	119,6	129,1	1,0	0,5	COG3204: Uncharacterized protein conserved in bacteria
peg.762	432	61,8	63,0	63,7	87,1	88,3	90,5	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.763	216	112,0	118,1	124,7	99,4	103,8	107,5	1,0	1,1	acylphosphatase
peg.764	786	69,1	72,8	74,5	192,4	191,7	198,2	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.765	870	51,5	55,8	62,6	113,7	118,5	118,0	1,0	0,5	Guanosine-3'2C5'-bis(Diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase (EC 3.1.7.2)
peg.766	966	92,9	107,7	124,9	65,9	70,1	66,0	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.767	759	67,5	59,4	57,5	75,9	79,9	80,7	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.768	147	71,4	55,7	63,8	100,0	103,8	104,9	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.770	402	164,4	158,5	155,6	116,2	122,6	118,7	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.771	639	154,5	154,5	149,3	214,7	223,3	207,8	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.772	1578	430,5	446,8	418,1	35,8	37,5	36,0	1,0	11,9	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)
peg.773	1464	1133,2	1362,5	1326,8	237,1	246,3	224,4	1,0	5,4	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)
peg.774	1503	86,1	92,6	87,5	334,8	380,0	335,4	1,0	0,3	Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)
peg.775	837	86,4	92,1	85,4	78,1	84,8	79,3	0,9	1,1	Membrane proteins related to metalloendopeptidases
peg.776	2676	61,4	66,2	65,5	61,6	68,1	59,9	0,1	1,0	PAS
peg.777	726	126,8	135,4	136,7	41,4	49,7	43,8	1,0	3,0	Lipopolysaccharide ABC transporter2C ATP-binding protein LptB
peg.778	810	255,7	291,9	313,7	114,5	119,7	111,1	1,0	2,5	LptA2C protein essential for LPS transport across the periplasm
peg.779	528	293,3	330,1	334,7	178,1	186,5	184,0	1,0	1,7	protein of unknown function DUF1239
peg.780	522	193,6	200,7	200,5	195,7	206,1	195,6	0,0	1,0	3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.45)
peg.781	978	198,4	202,5	194,7	159,8	167,8	170,7	1,0	1,2	Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)
peg.782	987	138,9	134,9	131,4	148,5	152,0	150,5	1,0	0,9	Inner membrane protein YrbG2C predicted calcium/sodium:proton antiporter
peg.783	729	982,0	871,9	880,8	122,6	126,3	115,1	1,0	7,5	putative surface lipoprotein
peg.784	1047	16,0	16,3	17,5	1079,9	1061,0	1107,0	1,0	0,0	Glycosyltransferase
peg.785	795	34,5	33,0	41,9	9,7	11,0	9,7	1,0	3,6	Ser/Thr protein phosphatase family protein2C UDP-22C3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-) homolog
peg.786	2121	86,4	86,1	80,0	24,4	29,1	25,6	1,0	3,2	Oligopeptidase A (EC 3.4.24.70)
peg.787	417	617,8	713,7	884,4	63,0	70,4	69,1	1,0	10,9	hypothetical protein
peg.788	144	375,7	468,0	588,6	401,6	464,8	446,1	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.789	267	178,8	206,5	312,0	209,7	244,8	192,1	0,7	1,1	Hypothetical Zinc-finger containing protein
peg.790	264	99,0	107,2	164,0	74,0	103,7	86,9	1,0	1,4	YoeB toxin protein
peg.791	255	98,9	105,3	166,6	48,4	49,5	52,1	1,0	2,5	YefM protein (antitoxin to YoeB)
peg.793	1485	112,4	119,9	122,7	50,3	50,1	46,7	1,0	2,4	3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase (EC 4.1.1.-)
peg.794	303	229,0	240,4	277,5	89,1	100,9	107,6	1,0	2,5	COG3788: Uncharacterized relative of glutathione S-transferase2C MAPEG superfamily
peg.795	1749	42,8	46,3	56,6	251,6	271,6	456,2	1,0	0,1	Permeases of the major facilitator superfamily
peg.796	207	21,4	21,8	25,0	67,7	74,3	76,2	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.797	825	37,8	38,2	39,0	154,8	174,8	156,1	1,0	0,2	Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)
peg.798	2880	52,8	59,0	61,7	23,2	27,2	24,3	1,0	2,3	NAD-dependent formate dehydrogenase alpha subunit
peg.799	1548	24,8	26,4	27,9	20,3	24,4	20,6	1,0	1,2	NAD-dependent formate dehydrogenase beta subunit
peg.800	492	44,4	46,2	46,0	23,4	27,0	23,3	1,0	1,9	NAD-dependent formate dehydrogenase gamma subunit
peg.801	1089	70,2	75,1	79,5	30,3	35,5	32,2	1,0	2,3	molybdopterin binding domain

peg.802	435	370,3	392,2	383,2	17,0	20,3	17,3	1,0	21,0	Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaE
peg.803	228	546,7	581,1	583,9	37,2	40,4	36,0	1,0	15,1	molybdopterin converting factor2C subunit 1
peg.804	480	161,1	166,8	160,7	84,6	86,8	82,0	1,0	1,9	Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC
peg.805	1326	48,0	48,5	54,4	237,7	260,2	270,4	1,0	0,2	Phosphate-specific outer membrane porin OprP %3B Pyrophosphate-specific outer membrane porin OprO
peg.806	1335	74,0	74,7	78,6	381,2	413,6	376,8	1,0	0,2	Phosphate-specific outer membrane porin OprP %3B Pyrophosphate-specific outer membrane porin OprO
peg.807	807	59,3	60,9	53,8	161,5	169,5	176,0	1,0	0,3	ABC-type tungstate transport system2C periplasmic binding protein
peg.808	1065	114,4	125,0	127,0	42,6	44,7	46,4	1,0	2,7	FIG01056911: hypothetical protein
peg.809	951	231,4	237,7	245,8	53,9	56,2	64,0	1,0	4,1	ABC transporter2C ATP-binding protein
peg.810	741	202,6	206,4	213,3	49,0	55,6	52,3	1,0	4,0	gliding motility protein GldF
peg.811	1914	138,8	136,6	140,8	86,1	98,2	94,9	1,0	1,5	gliding motility protein GldG
peg.812	1113	99,3	94,8	95,5	128,7	162,1	133,6	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.813	954	83,4	88,0	90,4	144,9	160,7	146,0	1,0	0,6	Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)
peg.814	705	292,9	304,0	245,6	87,5	95,5	87,5	1,0	3,1	Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA
peg.815	315	683,3	800,8	1108,4	76,2	84,1	74,5	1,0	11,0	anti-sigma-28 factor2C FlgM
peg.816	489	867,2	918,9	1195,9	102,0	100,4	127,1	1,0	9,0	FlgN family protein
peg.817	1014	281,1	293,5	402,5	169,4	302,5	162,6	1,0	1,5	Ferrochelatase2C protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)
peg.818	915	57,9	60,5	108,3	624,8	625,9	671,4	1,0	0,1	Cell division inhibitor
peg.819	945	34,4	32,8	47,1	644,4	820,7	672,5	1,0	0,1	COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA
peg.820	990	39,7	43,5	58,1	190,1	239,5	193,5	1,0	0,2	Acetylspermidine deacetylase (EC 3.5.1.48)%3B Deacetylases2C including yeast histone deacetylase and acetoin utilization protein
peg.821	888	313,9	312,2	241,0	38,0	48,1	40,6	1,0	6,8	enoyl-CoA hydratase
peg.822	2577	78,5	81,7	78,6	26,1	34,2	26,7	1,0	2,7	regulator of pathogenicity factors
peg.823	1116	109,6	110,1	103,8	22,1	28,7	25,3	1,0	4,3	Response regulator
peg.824	369	45,1	38,3	40,4	134,6	272,1	131,1	1,0	0,2	Sirohydrochlorin cobaltochelate (EC 4.99.1.3)
peg.825	219	108,2	90,8	90,0	89,8	97,4	89,4	0,5	1,0	hypothetical protein
peg.826	441	63,7	69,7	59,4	47,0	51,9	48,1	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.827	1674	44,2	41,9	38,6	65,5	73,7	69,6	1,0	0,6	Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)
peg.828	1008	59,4	64,7	69,4	268,3	219,3	339,2	1,0	0,2	Beta-carotene ketolase (EC 1.14.-.-)
peg.830	342	57,0	66,4	65,4	38,8	39,7	39,7	1,0	1,6	Transposase2C IS982 family
peg.831	723	147,6	150,1	146,6	104,6	111,9	107,7	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.832	858	113,3	113,8	112,0	39,6	40,6	38,1	1,0	2,9	serine/threonine protein kinase
peg.833	1161	194,5	216,9	201,8	48,3	52,2	53,5	1,0	4,0	hypothetical protein
peg.834	729	130,1	136,9	132,0	167,4	184,5	174,9	1,0	0,8	Protein serine/threonine phosphatase PrpC2C regulation of stationary phase
peg.835	630	82,6	87,4	91,4	137,4	147,1	136,4	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.838	885	81,7	93,0	112,5	119,9	128,0	119,8	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.839	492	119,9	131,7	153,6	42,2	48,9	42,5	1,0	3,0	FIG001353: Acetyltransferase
peg.840	129	285,0	316,8	366,6	27,9	33,9	32,7	1,0	10,2	hypothetical protein
peg.841	156	44,0	39,4	43,7	65,5	70,9	73,0	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.842	324	113,4	134,0	142,2	73,2	79,2	101,3	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.843	519	41,0	47,2	53,2	164,4	181,4	283,4	1,0	0,2	hypothetical transporter PduT for various metalloporphyrins
peg.844	3888	27,6	31,7	37,1	51,3	50,4	54,1	1,0	0,6	CobN-like chelatase BtuS for metalloporphyrine salvage
peg.845	1923	42,9	43,6	53,4	102,4	104,8	98,4	1,0	0,5	putative TonB-dependent receptor
peg.846	624	316,4	401,8	386,5	30,7	33,4	32,7	1,0	11,4	protein of unknown function DUF502
peg.847	465	689,4	871,2	787,5	14,2	16,4	19,1	1,0	47,3	NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)
peg.848	234	1035,0	1242,3	1199,8	28,5	29,5	146,1	1,0	17,0	Rhodanese-like domain protein
peg.849	1386	178,9	220,0	244,8	142,8	168,1	141,9	1,0	1,4	Peptidase M482C Ste24p
peg.850	489	172,0	194,7	191,0	184,8	228,2	220,7	1,0	0,9	Sulfur oxidation protein SoxY
peg.851	318	223,2	270,3	266,8	287,7	367,7	319,6	1,0	0,8	Sulfur oxidation protein SoxZ
peg.852	1716	155,1	177,0	193,9	96,0	113,6	103,8	1,0	1,7	methanol utilization control sensor protein moxY2C putative
peg.853	645	171,0	194,2	194,7	124,4	136,9	129,8	1,0	1,4	two component transcriptional regulator2C LuxR family
peg.854	1191	88,1	93,3	105,0	131,8	158,9	136,0	1,0	0,7	ATP-binding region2C ATPase-like:Histidine kinase2C dimerisation and phosphoacceptor region
peg.855	645	105,1	103,3	119,9	98,4	109,3	95,8	0,8	1,1	DNA-binding response regulator2C LuxR family
peg.856	1779	316,9	339,8	437,1	119,4	133,1	119,0	1,0	2,9	Methanol dehydrogenase large subunit protein (EC 1.1.99.8)
peg.857	915	48,0	49,7	47,0	75,2	79,0	71,5	1,0	0,6	Coenzyme PQQ synthesis protein B
peg.858	729	63,4	67,7	67,6	77,1	80,5	74,8	1,0	0,9	Coenzyme PQQ synthesis protein C
peg.859	285	117,8	139,8	136,2	153,9	258,6	197,8	1,0	0,6	Coenzyme PQQ synthesis protein D
peg.860	1194	97,6	111,9	109,2	43,4	51,4	52,9	1,0	2,2	Coenzyme PQQ synthesis protein E
peg.861	933	36,8	36,1	36,2	50,4	54,5	57,3	1,0	0,7	ABC transporter ATP-binding protein
peg.862	786	22,7	22,6	24,8	81,5	90,2	88,7	1,0	0,3	ABC transporter2C permease protein
peg.863	816	91,4	85,9	83,6	77,1	87,6	88,4	0,3	1,0	Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)
peg.864	327	102,5	104,6	103,0	55,0	59,1	57,5	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.865	1317	678,2	803,4	825,3	31,0	32,3	31,2	1,0	24,4	Type I secretion outer membrane protein2C TolC precursor
peg.866	552	264,5	275,9	326,2	88,2	93,6	92,0	1,0	3,2	Isochorismatase (EC 3.3.2.1)
peg.867	201	173,5	190,6	213,6	103,5	109,6	108,0	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.868	1512	106,2	115,6	132,4	313,6	337,9	335,6	1,0	0,4	Mg-protoporphyrin IX monomethyl ester oxidative cyclase
peg.869	1443	397,1	487,3	503,3	210,5	218,1	202,9	1,0	2,2	Exodeoxyribonuclease I (EC 3.1.11.1)
peg.870	1287	491,8	548,6	552,3	208,9	207,6	207,4	1,0	2,6	Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)
peg.871	1338	279,9	307,0	304,6	96,7	97,4	94,0	1,0	3,1	Periplasmic Sensor signal transduction Histidine Kinase
peg.872	636	308,8	342,3	337,5	126,9	144,9	130,1	1,0	2,5	two component transcriptional regulator2C LuxR family

peg.873	768	226,1	223,3	229,9	135,1	157,9	148,6	1,0	1,5	TonB system biopolymer transport component%3B Chromosome segregation ATPase
peg.874	1362	265,4	282,9	277,0	118,4	125,4	116,9	1,0	2,3	MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein
peg.875	483	249,5	250,7	257,7	151,9	171,8	163,0	1,0	1,6	Ferric siderophore transport system2C biopolymer transport protein ExbB
peg.876	408	316,2	316,8	305,1	228,7	216,6	253,9	1,0	1,3	Biopolymer transport protein ExbD/TolR
peg.877	660	296,7	296,5	290,4	207,0	197,8	219,9	1,0	1,4	Ferric siderophore transport system2C periplasmic binding protein TonB
peg.878	1224	260,6	256,6	242,6	188,1	179,5	188,3	1,0	1,4	TPR domain protein2C putative component of TonB system
peg.879	567	150,7	134,4	136,7	189,4	185,2	190,4	1,0	0,7	Ribulose-5-phosphate 4-epimerase and related epimerases and aldolases
peg.880	2148	145,2	153,2	162,2	183,0	177,3	174,3	1,0	0,9	Conserved domain protein
peg.881	1173	89,5	88,5	92,3	161,1	156,1	154,4	1,0	0,6	aminotransferase2C class I and II
peg.882	204	311,9	327,9	297,4	108,2	103,7	109,3	1,0	2,9	hypothetical protein
peg.883	573	219,3	235,0	209,5	87,9	96,2	89,3	1,0	2,4	Cytochrome c family protein
peg.884	1899	95,4	91,5	85,8	238,2	264,3	265,6	1,0	0,4	Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)
peg.885	2241	91,7	88,8	82,9	167,9	186,1	201,6	1,0	0,5	Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)
peg.886	462	169,8	185,3	175,2	175,3	194,6	196,2	0,8	0,9	hypothetical protein
peg.887	462	184,8	206,6	199,8	78,3	80,8	82,4	1,0	2,4	hypothetical protein
peg.888	1545	93,1	99,9	96,5	64,7	63,8	67,0	1,0	1,5	Iron-sulfur cluster-binding protein
peg.889	576	108,3	118,6	101,5	122,5	129,6	110,8	0,9	0,9	Putative formate dehydrogenase-specific chaperone
peg.890	2874	334,7	393,3	332,5	67,0	69,9	65,4	1,0	5,2	Formate dehydrogenase-O2C major subunit (EC 1.2.1.2)
peg.891	585	259,7	296,1	235,7	83,9	89,0	80,1	1,0	3,1	Formate dehydrogenase-O2C iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)%3B Putative formate dehydrogenase iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)
peg.892	180	355,8	409,2	349,4	480,0	580,4	492,3	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.893	1008	163,9	200,4	165,5	202,7	235,4	209,6	1,0	0,8	Formate dehydrogenase O gamma subunit (EC 1.2.1.2)
peg.894	1698	303,9	260,1	248,0	233,1	243,4	228,5	1,0	1,2	tungsten-containing formate dehydrogenase beta subunit
peg.895	2802	475,3	384,5	352,1	235,8	256,1	249,4	1,0	1,6	tungsten-containing formate dehydrogenase alpha subunit
peg.896	720	208,3	196,5	192,4	134,6	143,2	126,1	1,0	1,5	5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)
peg.897	663	147,7	147,1	147,5	255,8	255,9	258,7	1,0	0,6	Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)
peg.898	576	184,4	176,1	175,6	269,1	269,2	276,4	1,0	0,7	FIG139438: lipoprotein B
peg.900	429	40,2	34,3	33,5	196,9	193,9	206,7	1,0	0,2	Lipoprotein NlpD
peg.901	1056	186,5	160,5	160,1	141,3	140,1	144,1	1,0	1,2	Peptide chain release factor 2%3B programmed frameshift-containing
peg.902	1500	148,0	123,7	122,3	136,9	141,8	137,1	0,7	0,9	Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)
peg.903	966	98,8	97,2	114,5	79,5	81,3	78,7	1,0	1,3	Integron integrase Int4
peg.905	546	75,4	80,8	82,0	96,8	103,9	99,1	1,0	0,8	FIG01205913: hypothetical protein
peg.906	573	42,2	45,2	38,1	183,4	183,3	181,5	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.907	753	79,9	97,8	109,1	75,3	71,6	79,3	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.908	153	130,5	155,3	168,6	65,6	70,8	65,0	1,0	2,3	hypothetical protein
peg.909	912	130,2	157,8	162,0	109,4	108,5	117,8	1,0	1,3	Leucyl-tRNA synthetase
peg.910	234	247,1	236,3	263,3	70,4	75,0	74,5	1,0	3,4	hypothetical protein
peg.911	339	67,2	55,6	79,5	24,4	26,4	27,1	1,0	2,6	Thioredoxin related protein
peg.912	126	1119,6	1274,9	1704,2	120,5	124,2	122,5	1,0	11,2	hypothetical protein
peg.913	288	877,7	1026,4	1305,4	41,7	47,1	45,4	1,0	23,9	DNA-binding protein
peg.914	846	176,7	184,5	267,8	21,1	28,7	23,8	1,0	8,5	DNA ligase (ATP) (EC 6.5.1.1)
peg.915	339	44,4	43,1	60,7	348,9	422,9	394,0	1,0	0,1	Thioredoxin related protein
peg.916	255	138,0	149,1	171,5	289,6	356,9	320,6	1,0	0,5	YoeB toxin protein
peg.917	252	103,8	103,5	131,2	84,1	93,6	97,9	1,0	1,2	YefM protein (antitoxin to YoeB)
peg.918	1848	66,5	74,8	85,2	29,8	34,7	38,1	1,0	2,2	hypothetical protein
peg.919	1131	17,8	18,4	22,6	110,3	126,5	176,9	1,0	0,1	hypothetical protein
peg.920	2073	12,9	13,7	15,9	80,3	92,1	134,9	1,0	0,1	Ferric vulnibactin receptor VuuA
peg.921	876	8,9	8,5	9,9	45,4	51,2	49,7	1,0	0,2	putative transcriptional regulator protein
peg.922	543	40,6	49,5	46,6	14,9	16,7	16,2	1,0	2,9	putative transposase
peg.924	144	66,2	76,0	79,6	6,9	7,8	23,7	1,0	5,8	hypothetical protein
peg.925	552	42,2	48,6	44,4	36,1	41,7	51,3	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.926	645	36,9	39,7	40,2	39,2	42,5	47,8	0,8	0,9	SAM-dependent methyltransferase
peg.927	273	175,9	179,6	256,3	105,7	111,4	127,7	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.928	237	272,2	271,0	366,0	56,9	59,8	61,5	1,0	5,1	hypothetical protein
peg.929	114	341,9	346,6	441,1	34,4	38,0	39,1	1,0	10,1	hypothetical protein
peg.930	288	179,8	179,1	226,0	104,3	119,7	131,8	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.931	342	47,9	51,9	58,9	173,0	189,3	205,0	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.932	2325	29,5	33,9	44,6	299,6	302,0	323,4	1,0	0,1	hypothetical protein
peg.933	756	35,2	35,5	40,5	246,4	244,2	240,2	1,0	0,2	Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)
peg.934	873	90,8	99,7	100,1	61,2	69,0	68,4	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.935	1089	66,5	72,6	79,8	17,6	20,5	18,8	1,0	3,8	hypothetical protein
peg.936	129	87,8	103,8	124,4	29,3	31,4	32,9	1,0	3,4	hypothetical protein
peg.937	1896	110,6	117,4	112,0	88,5	92,7	93,0	1,0	1,2	Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains
peg.938	723	130,6	141,0	146,9	89,6	91,5	87,4	1,0	1,6	DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)
peg.939	1653	80,8	80,9	84,8	109,9	121,1	116,0	1,0	0,7	High-affinity choline uptake protein BeT
peg.940	1281	113,6	128,6	119,6	122,2	126,9	128,6	0,6	1,0	hypothetical protein
peg.941	414	71,9	80,8	69,9	163,2	160,7	157,4	1,0	0,5	conserved hypothetical protein2C possible universal stress protein family
peg.942	123	61,8	73,3	69,3	87,1	85,7	88,1	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.943	915	149,4	177,7	184,6	83,6	92,3	94,3	1,0	1,9	Phytoene synthase (EC 2.5.1.32)

peg.944	1287	68,3	76,0	80,0	55,0	62,6	73,5	0,9	1,2	DNA recombination protein RmuC
peg.945	660	112,0	123,5	121,7	50,4	53,3	54,4	1,0	2,3	Similar to phosphoglycolate phosphatase2C clustered with ubiquinone biosynthesis SAM-dependent O-methyltransferase
peg.946	702	139,5	152,0	143,4	98,4	106,8	106,4	1,0	1,4	3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase (EC 2.1.1.64)
peg.947	1320	115,9	130,4	115,9	62,8	58,9	59,6	1,0	2,0	S-adenosylhomocysteine deaminase (EC 3.5.4.28)%3B Methylthioadenosine deaminase
peg.948	1053	134,3	148,0	148,0	85,8	85,4	88,5	1,0	1,7	Methylthioribose-1-phosphate isomerase (EC 5.3.1.23)
peg.949	675	251,8	285,2	262,1	101,6	101,1	106,6	1,0	2,6	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) superfamily protein
peg.950	894	175,8	188,2	194,7	79,7	83,6	79,4	1,0	2,3	hypothetical protein
peg.951	624	235,4	210,7	237,4	79,1	83,8	83,6	1,0	2,8	PnuC-like transporter linked to Choline/ethanolamine kinase and OMR
peg.952	258	284,7	245,2	275,1	127,3	143,1	145,3	1,0	1,9	hypothetical protein
peg.953	2067	226,9	195,8	216,9	122,4	131,5	123,8	1,0	1,7	TonB-dependent receptor
peg.954	570	204,0	184,5	173,9	161,8	170,9	153,4	1,0	1,2	conserved hypothetical protein
peg.955	921	75,3	82,5	84,4	191,7	200,2	170,3	1,0	0,4	Cys regulon transcriptional activator CysB
peg.956	351	108,2	126,9	132,9	140,6	156,1	141,2	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.957	801	1037,1	784,8	727,4	175,1	173,6	194,4	1,0	4,7	Putative sulfate permease
peg.958	699	1671,9	1372,2	1178,3	47,7	52,3	55,6	1,0	27,1	Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8) / Adenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.10)
peg.959	903	1991,1	1632,9	1411,6	74,4	78,3	80,5	1,0	21,6	Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)
peg.960	1431	1471,9	1185,7	1031,0	265,1	295,3	243,8	1,0	4,6	Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)
peg.962	771	161,3	130,2	133,7	759,4	820,7	669,5	1,0	0,2	EAL domain protein
peg.963	555	116,3	123,3	147,5	1138,4	1138,1	1029,1	1,0	0,1	G:T/U mismatch-specific uracil/thymine DNA-glycosylase
peg.964	444	182,3	210,3	251,2	791,1	828,1	730,6	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.965	159	214,9	235,4	243,3	184,8	194,3	172,7	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.966	1659	176,7	197,5	214,7	96,7	106,3	99,1	1,0	1,9	Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)
peg.967	483	331,5	421,0	375,3	101,9	109,8	106,0	1,0	3,5	Oxidoreductase probably involved in sulfite reduction
peg.968	876	168,0	189,0	199,5	142,1	146,1	103,0	1,0	1,4	Bis(5'-nucleosyl)-tetrakisphosphate2C symmetrical (EC 3.6.1.41)
peg.969	483	288,0	293,6	308,8	134,3	142,5	133,0	1,0	2,2	62C7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (EC 2.5.1.78)
peg.970	462	303,0	308,6	334,0	148,8	166,7	153,5	1,0	2,0	Transcription termination protein NusB
peg.971	975	72,5	56,5	70,3	120,5	120,9	123,2	1,0	0,5	Thiamine-monophosphate kinase (EC 2.7.4.16)
peg.972	489	106,7	93,7	114,8	359,5	348,7	336,7	1,0	0,3	Phosphatidylglycerophosphate A (EC 3.1.3.27)
peg.973	936	179,1	138,1	148,8	433,8	410,8	417,7	1,0	0,4	Sugar kinase
peg.974	1149	185,7	183,0	196,7	109,9	98,1	105,4	1,0	1,8	Ribonuclease D (EC 3.1.26.3)
peg.975	891	123,7	138,8	168,2	100,7	96,3	99,4	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.976	252	174,3	176,2	208,1	122,7	121,0	120,0	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.977	516	153,3	161,7	177,1	159,7	158,3	152,4	0,6	1,0	Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaB
peg.978	681	185,2	168,3	174,7	95,3	104,4	102,5	1,0	1,7	Outer membrane protein A precursor
peg.979	729	89,3	80,5	77,1	168,8	169,4	165,5	1,0	0,5	23S rRNA (guanosine-2'-O-) -methyltransferase rImB (EC 2.1.1.-)
peg.980	345	4351,3	4582,3	5228,5	145,7	152,5	146,2	1,0	31,9	SSU ribosomal protein S6p
peg.981	228	5081,1	5352,2	5969,6	200,2	207,1	204,1	1,0	26,8	SSU ribosomal protein S18p
peg.982	909	2656,7	2656,9	2982,4	150,6	143,4	162,2	1,0	18,2	hypothetical protein
peg.983	546	2059,7	1983,8	2153,4	3150,7	2793,5	2827,7	1,0	0,7	LSU ribosomal protein L9p
peg.984	1413	477,6	471,9	570,6	1600,1	1466,8	1627,2	1,0	0,3	Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)
peg.985	1089	150,1	121,8	168,2	1413,0	1276,1	1396,1	1,0	0,1	Alanine racemase (EC 5.1.1.1)
peg.986	1389	137,8	116,4	148,5	825,0	782,7	676,4	1,0	0,2	DNA repair protein RadA
peg.987	378	227,7	232,9	254,5	240,0	242,5	233,2	0,0	1,0	type IV pilus assembly PilZ
peg.988	426	206,4	202,8	215,6	71,6	71,0	68,3	1,0	3,0	Hypothetical membrane protein2C possible involvement in cytochrome functioning/assembly
peg.989	573	127,6	121,9	124,1	77,2	72,5	74,7	1,0	1,7	21 kDa hemolysin precursor
peg.990	357	109,3	107,0	111,0	145,4	152,2	162,3	1,0	0,7	Predicted endonuclease distantly related to archaeal Holliday junction resolvase
peg.991	1866	188,1	203,9	206,8	157,0	166,8	168,2	1,0	1,2	LppC putative lipoprotein
peg.992	846	103,8	100,4	118,8	198,8	193,0	193,3	1,0	0,6	rRNA small subunit methyltransferase I
peg.993	618	1399,3	2150,5	2147,9	139,0	141,2	132,2	1,0	13,8	transcriptional regulator2C TetR family
peg.994	1341	584,4	1156,2	979,1	154,9	158,5	154,6	1,0	5,8	Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein
peg.995	3105	362,1	624,2	523,5	62,0	69,2	59,6	1,0	7,9	acriflavin resistance protein
peg.996	480	147,1	246,7	221,0	141,5	185,4	182,3	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.998	1302	51,4	62,8	62,6	46,2	60,8	59,6	0,5	1,1	II-IS_22C transposase
peg.999	453	730,9	749,6	618,8	29,6	39,5	32,7	1,0	20,6	Cell division protein MraZ
peg.1000	939	362,1	378,0	294,8	24,0	30,1	26,0	1,0	12,9	rRNA small subunit methyltransferase H
peg.1001	294	193,2	191,8	158,5	23,1	27,9	23,8	1,0	7,3	Cell division protein FtsL
peg.1002	1710	187,3	189,8	155,2	364,5	452,0	442,8	1,0	0,4	Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)
peg.1003	1521	183,9	183,4	142,6	163,2	195,9	187,9	0,8	0,9	UDP-N-acetylmuramoylalananyl-D-glutamate--22C6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)
peg.1004	1353	190,5	177,6	126,9	103,0	116,2	97,6	1,0	1,6	UDP-N-acetylmuramoylalananyl-D-glutamyl-22C6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)
peg.1005	1083	198,5	189,4	140,1	84,9	94,9	84,3	1,0	2,0	Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)
peg.1006	1356	221,2	203,5	150,9	108,0	116,5	104,4	1,0	1,8	UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)
peg.1007	1140	118,5	110,4	84,5	108,8	127,6	109,9	0,8	0,9	Cell division protein FtsW
peg.1008	1080	101,1	91,4	68,8	96,3	110,3	95,4	0,9	0,9	UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)
peg.1009	1419	118,3	104,5	82,9	116,0	132,0	112,8	1,0	0,8	UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)
peg.1010	891	150,5	147,0	115,5	46,0	52,7	46,8	1,0	2,8	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)

peg.1011	939	129,5	114,3	87,7	59,5	66,1	54,7	1,0	1,8	D-alanine--D-alanine ligase (EC 6.3.2.4)
peg.1012	786	124,5	109,7	85,6	71,6	77,2	68,5	1,0	1,5	Cell division protein FtsQ
peg.1013	1251	134,9	115,9	86,6	99,4	108,7	93,4	0,9	1,1	Cell division protein FtsA
peg.1014	1161	216,6	158,4	112,7	81,9	87,2	78,5	1,0	2,0	Cell division protein FtsZ (EC 3.4.24.-)
peg.1015	918	729,4	685,7	599,8	87,4	92,1	84,0	1,0	7,6	UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)
peg.1016	453	243,8	227,8	212,6	93,9	102,4	91,7	1,0	2,4	hypothetical protein
peg.1017	798	81,5	71,0	72,7	100,6	115,8	103,0	1,0	0,7	peptidase2C M23/M37 family protein
peg.1018	2706	261,8	222,0	213,6	644,5	674,6	648,6	1,0	0,4	Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)
peg.1019	1227	222,8	174,9	185,2	313,1	308,7	339,6	1,0	0,6	Glutamate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.35) / N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)
peg.1020	981	75,4	60,3	63,1	206,1	184,5	187,0	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.1021	552	50,9	59,0	57,1	242,3	243,5	243,6	1,0	0,2	FIG01023442: hypothetical protein
peg.1022	564	104,5	132,3	119,6	208,7	203,7	202,4	1,0	0,6	Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)
peg.1023	642	51,3	55,7	52,6	109,7	97,8	105,4	1,0	0,5	SM-20-related protein
peg.1024	1230	21,6	18,1	20,7	75,4	75,9	79,0	1,0	0,3	Fused spore maturation proteins A and B
peg.1025	1809	613,5	456,0	489,0	84,7	94,0	96,3	1,0	5,7	Cold-shock DEAD-box protein A
peg.1026	819	19,0	17,0	16,5	54,7	58,4	55,0	1,0	0,3	Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)
peg.1027	210	103,3	104,3	100,9	37,5	38,2	37,7	1,0	2,7	Dodecin (COG3360) Flavin-binding
peg.1028	564	182,8	183,0	175,4	706,3	624,7	621,3	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.1029	1599	120,6	82,3	91,1	22,1	24,5	23,9	1,0	4,2	ABC transporter ATP-binding protein uup
peg.1030	270	68,5	62,4	65,5	107,8	116,5	142,2	1,0	0,5	COG2827: putative endonuclease containing a URI domain
peg.1031	405	87,9	77,0	78,2	189,2	200,3	230,5	1,0	0,4	Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)
peg.1032	3420	57,4	61,1	63,1	221,2	198,3	206,3	1,0	0,3	sensor histidine kinase/response regulator
peg.1033	1050	94,8	97,4	108,8	95,7	92,3	105,5	0,2	1,0	response regulator receiver (CheY-like) modulated metal dependent phosphohydrolase
peg.1034	684	68,5	57,8	61,2	134,3	128,4	126,7	1,0	0,5	Uracil-DNA glycosylase2C family 1
peg.1035	1896	103,0	99,9	110,9	58,9	60,5	61,3	1,0	1,7	Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein
peg.1036	1893	79,2	66,7	70,2	95,2	102,9	114,0	1,0	0,7	ABC transporter ATP-binding protein
peg.1037	765	184,2	187,8	181,3	106,0	104,2	106,7	1,0	1,7	Elongation factor-1 alpha
peg.1038	756	47,0	58,4	62,5	71,0	74,3	74,4	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.1039	210	1989,9	1744,3	1556,9	102,7	108,4	107,6	1,0	16,6	Cold shock protein
peg.1040	267	384,7	408,8	362,4	154,9	166,2	171,2	1,0	2,3	FIG001341: Probable Fe(2+)-trafficking protein YggX
peg.1041	891	106,7	106,5	100,0	74,6	78,6	85,9	1,0	1,3	A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)
peg.1042	2466	249,7	258,6	234,0	4579,6	4466,6	4647,1	1,0	0,1	A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)
peg.1043	1932	88,5	95,5	85,9	523,6	525,4	504,7	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.1044	1284	162,4	178,6	165,0	172,9	173,7	162,5	0,0	1,0	Hemolysins and related proteins containing CBS domains
peg.1045	798	283,2	309,4	314,9	176,9	191,9	184,3	1,0	1,6	CcsA-related protein
peg.1046	1371	629,1	734,4	722,1	77,9	82,6	73,6	1,0	8,9	Signal recognition particle2C subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)
peg.1047	234	2790,9	2957,4	2900,3	135,4	140,6	125,9	1,0	21,5	SSU ribosomal protein S16p
peg.1048	522	2533,0	2654,2	2822,1	164,9	178,4	165,5	1,0	15,7	16S rRNA processing protein RimM
peg.1049	744	1601,1	1792,3	1897,2	233,5	266,9	235,6	1,0	7,2	tRNA (Guanine37-N1)-methyltransferase (EC 2.1.1.31)
peg.1050	345	2261,2	2233,7	2105,5	2593,7	2638,6	2345,7	1,0	0,9	LSU ribosomal protein L19p
peg.1051	906	66,1	56,3	53,2	1845,4	1874,5	1742,7	1,0	0,0	Tyrosine recombinase XerD
peg.1052	486	84,8	81,5	75,4	1406,3	1428,5	1197,1	1,0	0,1	UPF0234 protein YajQ
peg.1053	720	79,5	74,1	70,9	2869,5	2862,7	2760,4	1,0	0,0	Thiol:disulfide interchange protein DsbC
peg.1054	753	66,5	54,0	51,1	176,8	165,8	159,8	1,0	0,3	UDP-22C3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-)
peg.1055	582	82,7	64,4	54,7	143,7	135,9	142,7	1,0	0,5	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)
peg.1056	1668	317,0	266,3	234,3	129,5	121,8	131,3	1,0	2,1	Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.18)
peg.1057	1311	234,3	186,8	161,4	110,5	104,5	116,0	1,0	1,8	Cysteinyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)
peg.1058	1197	27,1	22,6	21,9	127,9	129,8	134,2	1,0	0,2	Acetate kinase (EC 2.7.2.1)
peg.1059	2382	33,6	31,8	28,1	237,1	218,0	225,5	1,0	0,1	Xylulose-5-phosphate phosphoketolase (EC 4.1.2.9)%3B Fructose-6-phosphate phosphoketolase (EC 4.1.2.22)
peg.1060	855	145,6	115,6	107,2	115,9	105,6	115,7	0,8	1,1	Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)
peg.1069	1092	163,2	131,8	144,3	418,3	438,5	443,3	1,0	0,3	dTDP-glucose 42C6-dehydratase (EC 4.2.1.46)
peg.1070	882	104,3	74,1	61,9	44,7	47,9	45,6	1,0	1,7	Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)
peg.1071	546	159,9	137,1	114,5	54,2	51,4	54,5	1,0	2,6	dTDP-4-dehydrorhamnose 32C5-epimerase (EC 5.1.3.13)
peg.1072	873	90,7	75,3	68,5	130,9	126,5	139,9	1,0	0,6	dTDP-4-dehydrorhamnose reductase (EC 1.1.1.133)
peg.1073	1959	60,1	50,0	47,3	61,4	60,1	66,6	1,0	0,8	Nucleoside-diphosphate sugar epimerase/dehydratase
peg.1074	1179	110,9	86,7	77,7	99,5	100,2	110,4	0,9	0,9	UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)
peg.1075	1899	169,8	154,5	144,2	115,2	109,7	112,3	1,0	1,4	Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)
peg.1086	1452	118,0	107,0	97,2	209,4	202,5	203,7	1,0	0,5	Phosphomannomutase (EC 5.4.2.8)
peg.1088	561	35,0	31,1	36,0	163,1	151,4	158,3	1,0	0,2	Lipid carrier : UDP-N-acetyl-galactosaminyltransferase (EC 2.4.1.-)
peg.1103	603	89,4	68,3	57,9	149,9	141,6	146,5	1,0	0,5	Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)
peg.1104	960	83,2	70,5	62,0	63,3	59,0	57,1	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1105	267	218,2	218,9	189,7	154,8	153,0	145,8	1,0	1,4	Late competence protein ComEA2C DNA receptor
peg.1110	345	61,3	72,6	85,1	42,7	77,2	54,2	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1116	2601	137,6	137,4	147,5	117,7	116,2	126,2	1,0	1,2	[Protein-PilI] uridylyltransferase (EC 2.7.7.59)
peg.1117	768	310,1	272,3	236,6	85,2	85,7	84,8	1,0	3,2	Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)
peg.1118	753	2452,5	1852,3	1492,1	2056,8	1992,3	3034,6	1,0	0,8	SSU ribosomal protein S2p (SAe)
peg.1119	882	516,1	320,9	269,1	126,9	126,3	141,8	1,0	2,8	Translation elongation factor Ts

peg.1120	726	433,6	266,8	230,1	188,5	196,2	200,9	1,0	1,6	Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)
peg.1121	558	389,3	272,7	219,4	1639,4	1485,0	1683,6	1,0	0,2	Ribosome recycling factor
peg.1122	690	333,5	238,4	213,1	677,7	561,4	665,1	1,0	0,4	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)
peg.1123	825	124,8	81,7	70,4	482,2	413,0	492,5	1,0	0,2	Phosphatidate cytidyltransferase (EC 2.7.7.41)
peg.1124	1191	115,8	73,1	62,1	342,1	298,0	345,6	1,0	0,3	1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)
peg.1125	1338	75,3	53,7	48,3	243,2	229,1	253,0	1,0	0,2	Membrane-associated zinc metalloprotease
peg.1126	2277	342,8	283,7	225,5	73,8	72,7	70,7	1,0	3,9	Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor
peg.1127	501	647,0	620,5	481,5	102,9	90,0	97,6	1,0	6,0	Outer membrane chaperone Skp (OmpH) precursor @ Outer membrane protein H precursor
peg.1128	1014	424,3	393,4	312,7	89,9	75,4	83,9	1,0	4,5	UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)
peg.1129	450	299,1	255,6	237,9	415,8	395,1	414,6	1,0	0,6	(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)
peg.1130	771	289,3	253,1	242,6	716,8	669,1	728,7	1,0	0,4	Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)
peg.1131	1140	22,6	19,0	23,7	478,3	450,5	477,5	1,0	0,0	Ammonium transporter
peg.1132	642	105,4	83,0	77,6	423,3	400,3	406,6	1,0	0,2	Mlr7403 protein
peg.1133	1176	57,6	46,4	38,5	334,6	313,1	319,8	1,0	0,1	Outer membrane protein YfgL2C lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT2C YfiO2C and NlpB)
peg.1134	1410	48,8	40,3	34,7	48,1	45,6	47,4	0,9	0,9	GTP-binding protein EngA
peg.1135	339	47,2	41,7	38,1	211,2	199,0	208,0	1,0	0,2	FIG094192: hypothetical protein
peg.1136	2181	35,7	38,8	33,4	113,5	99,2	113,9	1,0	0,3	ABC transporter2C transmembrane region:ABC transporter:Peptidase C392C bacteriocin processing
peg.1137	1329	33,2	34,6	30,6	121,6	101,3	121,5	1,0	0,3	HlyD family secretion protein
peg.1138	651	57,1	61,4	56,3	126,3	125,0	130,9	1,0	0,5	probable two-component response regulator
peg.1139	1290	125,9	118,8	109,1	82,3	80,0	79,8	1,0	1,5	type I secretion outer membrane protein2C TolC family
peg.1140	459	204,3	193,6	162,2	69,3	64,6	71,2	1,0	2,7	3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase (EC 4.2.1.60)
peg.1141	1218	78,0	65,9	61,3	128,1	124,1	150,3	1,0	0,5	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase2C KASI (EC 2.3.1.41)
peg.1142	153	321,7	333,2	292,6	271,8	257,4	284,6	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1143	765	68,5	73,9	73,9	383,0	347,0	384,6	1,0	0,2	alpha/beta superfamily hydrolase
peg.1144	351	71,5	74,3	68,4	125,1	115,4	136,2	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1145	858	57,7	55,9	57,0	251,2	231,9	236,1	1,0	0,2	Formyltetrahydrofolate deformylase (EC 3.5.1.10)
peg.1146	762	45,4	43,8	40,2	77,0	74,4	80,0	1,0	0,6	short-chain dehydrogenase/reductase SDR(EC:1.1.1.276)
peg.1147	2130	105,0	61,2	66,2	129,0	130,4	124,8	1,0	0,6	Zinc-regulated outer membrane receptor
peg.1148	288	174,2	137,8	158,8	56,6	55,2	62,9	1,0	2,7	hypothetical protein
peg.1149	1143	397,3	318,2	336,7	97,6	91,4	108,8	1,0	3,5	N-succinyl-L2CL-diaminopimelate desuccinylase (EC 3.5.1.18)
peg.1150	345	507,6	380,7	443,9	35,2	33,3	34,6	1,0	12,9	FIG138056: a glutathione-dependent thiol reductase
peg.1151	822	153,1	79,7	69,0	72,9	72,1	70,6	1,0	1,4	22C32C42C5-tetrahydropyridine-22C6-dicarboxylate N-succinyltransferase (EC 2.3.1.117)
peg.1152	1200	130,2	97,6	88,3	88,9	91,5	96,7	0,9	1,1	N-succinyl-L2CL-diaminopimelate aminotransferase alternative (EC 2.6.1.17)
peg.1153	885	21,6	18,2	16,7	143,5	137,7	171,1	1,0	0,1	Protein of unknown function DUF6
peg.1154	492	252,9	283,8	221,9	173,1	151,6	184,8	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.1156	867	164,1	171,4	175,3	44,5	45,3	46,8	1,0	3,7	tRNA(Cytosine32)-2-thiocytidine synthetase
peg.1157	1266	187,7	194,6	199,2	93,2	95,8	102,0	1,0	2,0	Molybdopterin biosynthesis protein MoeA
peg.1158	1116	313,5	326,9	334,0	72,2	80,5	74,1	1,0	4,3	Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA
peg.1159	564	94,5	103,2	119,0	120,6	124,8	120,1	1,0	0,9	hypothetical protein
peg.1160	810	1101,4	1655,7	1715,3	109,5	118,1	112,3	1,0	13,2	GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 2
peg.1161	297	1646,4	2406,8	2482,7	221,9	240,2	230,7	1,0	9,4	Queuosine biosynthesis QueD2C PTPS-I
peg.1162	1836	156,9	129,3	120,3	150,6	162,6	161,2	1,0	0,9	1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)
peg.1163	867	262,8	251,6	241,9	613,0	776,1	692,7	1,0	0,4	Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltransferase (farnesylidiphosphate synthase) (EC 2.5.1.10) / Geranylgeranyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.29)
peg.1164	246	295,9	278,6	285,1	742,8	1061,4	844,1	1,0	0,3	Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)
peg.1165	942	43,9	39,0	41,2	146,8	139,9	139,4	1,0	0,3	Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)
peg.1166	225	96,5	85,0	89,5	255,6	253,8	256,7	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1167	1047	185,1	178,1	181,9	355,9	349,7	332,4	1,0	0,5	protein of unknown function DUF3062C Meta and HslJ
peg.1168	414	400,0	378,0	353,4	68,3	67,7	67,1	1,0	5,6	Regulator of nucleoside diphosphate kinase
peg.1169	246	207,2	238,0	226,2	161,1	146,4	152,3	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.1170	2259	218,6	251,3	253,3	207,8	203,2	197,2	1,0	1,2	Conserved domain protein
peg.1172	333	225,5	263,3	285,7	401,9	420,5	415,2	1,0	0,6	Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE
peg.1173	369	228,2	272,2	274,3	200,4	228,6	204,9	1,0	1,2	protein of unknown function DUF202
peg.1174	642	244,9	269,0	263,0	157,0	170,1	148,8	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1175	741	89,6	112,1	97,0	185,7	197,4	167,9	1,0	0,5	Ferredoxin--NADP(+) reductase (EC 1.18.1.2)
peg.1176	1179	85,3	91,9	93,4	158,1	176,5	148,7	1,0	0,6	N-acetyl-L2CL-diaminopimelate deacetylase (EC 3.5.1.47)
peg.1177	1281	120,2	138,1	111,5	124,6	144,9	128,7	0,8	0,9	Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)
peg.1178	1260	84,8	89,4	75,3	31,9	39,9	37,4	1,0	2,3	Xaa-Pro dipeptidase
peg.1179	1362	61,8	63,7	59,0	34,6	49,9	39,4	1,0	1,5	Succinate-semialdehyde dehydrogenase [NAD] (EC 1.2.1.24)%3B Succinate-semialdehyde dehydrogenase [NADP+] (EC 1.2.1.16)
peg.1180	588	68,3	70,2	65,1	53,3	76,0	61,3	0,6	1,1	protein of unknown function DUF330
peg.1181	1671	64,5	70,0	64,4	53,2	65,5	56,2	0,9	1,1	Paraquat-inducible protein B
peg.1182	1341	75,2	78,2	82,1	48,3	54,3	50,8	1,0	1,5	Paraquat-inducible protein A
peg.1185	243	22,2	15,7	19,4	47,5	50,4	47,2	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1186	342	152,4	119,3	121,9	36,4	39,5	37,0	1,0	3,5	Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA
peg.1193	411	65,4	65,0	86,1	42,9	49,5	44,0	1,0	1,6	N-terminal methylation

peg.1194	2850	23,0	23,3	24,7	113,1	110,3	119,5	1,0	0,2	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1196	663	56,2	59,9	58,5	109,4	106,5	109,2	1,0	0,5	NAD-dependent epimerase/dehydratase
peg.1197	591	112,0	139,6	194,7	90,5	96,0	116,2	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.1198	1245	89,0	89,6	95,8	56,7	59,7	70,7	1,0	1,5	Permeases of the major facilitator superfamily
peg.1199	393	214,4	174,0	147,5	105,7	90,8	142,0	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1200	699	23,9	22,2	25,9	56,2	58,1	55,3	1,0	0,4	hypothetical membrane protein
peg.1201	537	19,2	16,7	18,2	82,0	86,7	81,7	1,0	0,2	Phosphoglycerate mutase family protein
peg.1202	2322	83,3	83,3	83,6	495,8	470,7	564,6	1,0	0,2	Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel
peg.1203	315	45,5	40,9	39,4	29,7	31,7	32,4	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1204	114	61,0	83,6	80,1	27,2	28,1	28,4	1,0	2,7	hypothetical protein
peg.1205	138	47,5	57,6	61,3	48,0	48,9	49,8	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1206	1383	39,1	37,5	40,2	38,8	40,2	39,4	0,1	1,0	ATP-dependent RNA helicase DbpA
peg.1207	939	65,8	68,4	61,6	47,8	55,4	52,9	1,0	1,3	FOG: PAS/PAC domain
peg.1208	699	55,3	53,4	55,4	39,3	44,8	42,9	1,0	1,3	FIG00442914: hypothetical protein
peg.1209	825	42,0	35,3	37,3	72,7	66,1	65,4	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1210	303	90,4	88,9	82,6	78,2	78,0	81,1	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1211	351	65,8	62,3	65,4	69,4	68,0	71,8	0,8	0,9	Transcriptional regulator2C ArsR family
peg.1212	495	86,9	84,3	77,5	39,6	39,7	44,3	1,0	2,0	YbaK/prolyl-tRNA synthetase associated region
peg.1213	555	72,7	65,0	67,5	84,1	88,0	115,6	1,0	0,7	Probable transmembrane protein
peg.1214	501	107,4	126,7	129,5	96,0	102,0	127,0	0,9	1,1	FIG01181932: hypothetical protein
peg.1215	738	89,2	89,8	94,4	127,6	125,2	138,8	1,0	0,7	HesA/MoeB/ThiF family protein related to EC-YgdL
peg.1216	2049	23,7	24,7	28,1	215,2	214,2	217,6	1,0	0,1	FIG001454: Transglutaminase-like enzymes2C putative cysteine proteases
peg.1217	963	22,7	27,0	32,2	52,6	57,3	50,1	1,0	0,5	FIG002343: hypothetical protein
peg.1218	912	33,7	41,2	45,5	53,1	58,3	55,1	1,0	0,7	FIG022979: MoxR-like ATPases
peg.1219	294	76,5	79,3	59,3	20,0	21,9	19,2	1,0	3,5	FIG00550577: hypothetical protein
peg.1220	765	62,9	62,8	57,4	21,3	24,3	23,4	1,0	2,7	Putative deoxyribonuclease Yjiv
peg.1221	462	72,9	74,0	83,1	24,7	29,8	28,7	1,0	2,8	hypothetical protein
peg.1222	1671	124,9	113,4	123,1	75,8	88,4	84,7	1,0	1,5	Gamma-glutamyltranspeptidase (EC 2.3.2.2)
peg.1223	999	174,3	145,3	151,5	58,1	61,5	67,1	1,0	2,5	Rhodanese domain protein UPF0176
peg.1224	414	71,2	70,8	74,0	59,9	61,6	64,4	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1225	579	66,0	67,5	65,3	58,2	54,7	54,2	1,0	1,2	FIG001587: exported protein
peg.1226	963	36,9	34,5	38,3	106,6	100,8	101,9	1,0	0,4	FIG00858098: hypothetical protein
peg.1227	774	42,2	36,7	38,8	56,1	60,1	58,4	1,0	0,7	ABC transporter2C ATPase subunit(EC:3.6.3.29)
peg.1228	918	58,5	55,7	59,1	40,2	40,9	42,8	1,0	1,4	Vitamin B12 ABC transporter2C B12-binding component BtuF
peg.1229	537	64,1	56,2	52,4	40,4	41,6	39,5	1,0	1,4	Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)
peg.1230	735	120,2	119,2	117,4	78,6	77,4	74,6	1,0	1,5	5'-methylthioadenosine phosphorylase (EC 2.4.2.28)
peg.1231	636	219,0	228,8	226,1	98,1	103,6	94,1	1,0	2,3	hypothetical protein
peg.1232	924	86,1	84,8	84,1	56,6	58,9	59,9	1,0	1,5	Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit YbbK
peg.1233	441	85,6	79,1	79,5	79,6	83,7	87,2	0,3	1,0	Putative activity regulator of membrane protease YbbK
peg.1234	600	64,9	59,5	63,4	186,3	203,2	195,3	1,0	0,3	Alpha-ribazole-5'-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.73)
peg.1235	1179	74,6	78,5	87,7	70,8	76,4	77,0	0,8	1,1	FIG002776: hypothetical protein
peg.1236	513	120,7	117,0	132,7	88,7	90,5	89,9	1,0	1,4	FIG002095: hypothetical protein
peg.1237	486	261,3	263,5	302,1	74,3	72,8	75,6	1,0	3,7	Periplasmic thiol:disulfide oxidoreductase DsbB2C required for DsbA reoxidation
peg.1238	219	757,0	797,2	797,0	63,9	65,0	64,3	1,0	12,2	Translation initiation factor 1
peg.1239	714	42,2	43,2	49,0	159,6	172,6	175,3	1,0	0,3	Arginine-tRNA-protein transferase (EC 2.3.2.8)
peg.1240	627	51,6	56,3	65,2	568,3	579,4	599,5	1,0	0,1	Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)
peg.1241	1179	215,9	241,8	237,2	1382,7	1439,2	1148,7	1,0	0,2	Predicted signal transduction protein
peg.1242	600	164,8	150,9	147,5	65,6	64,4	60,7	1,0	2,4	Recombination protein RecR
peg.1243	309	246,6	223,0	226,8	61,1	64,5	59,5	1,0	3,8	FIG000557: hypothetical protein co-occurring with RecR
peg.1244	1791	168,0	166,2	167,9	188,4	208,2	203,5	1,0	0,8	DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)
peg.1245	840	279,0	263,5	291,0	38,5	43,2	43,8	1,0	6,6	Pantothenate kinase type III2C CoaX-like (EC 2.7.1.33)
peg.1246	804	323,3	325,0	365,1	120,1	124,3	127,8	1,0	2,7	Biotin-protein ligase (EC 6.3.4.15) / Biotin operon repressor
peg.1247	225	492,5	572,8	520,3	465,0	438,7	428,7	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1248	366	87,4	84,4	97,6	396,3	404,3	379,4	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.1249	543	87,3	87,5	96,2	298,7	331,9	384,5	1,0	0,3	Flavoprotein wrbA
peg.1250	351	93,1	95,7	95,9	118,0	117,9	112,1	1,0	0,8	Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)
peg.1251	1182	70,4	71,5	74,3	106,7	110,1	105,4	1,0	0,7	Heat shock (predicted periplasmic) protein YciM2C precursor
peg.1252	297	143,3	149,5	144,8	131,3	131,2	124,9	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.1253	324	426,0	385,3	392,1	65,7	71,6	65,1	1,0	5,9	4Fe-4S ferredoxin2C iron-sulfur binding
peg.1254	861	1240,3	1661,9	1764,3	138,2	146,4	157,4	1,0	10,6	RNA polymerase sigma factor RpoH
peg.1255	927	289,9	350,0	408,1	472,6	481,3	482,2	1,0	0,7	Cell division protein FtsX
peg.1256	663	410,6	502,3	544,4	550,0	721,9	686,9	1,0	0,7	Cell division transporter2C ATP-binding protein FtsE (TC 3.A.5.1.1)
peg.1257	1065	487,9	606,4	651,1	166,8	172,4	151,4	1,0	3,6	Signal recognition particle receptor protein FtsY (alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)
peg.1258	1362	209,8	227,0	259,6	182,1	206,9	181,0	1,0	1,2	FIG015547: peptidase2C M16 family
peg.1259	1302	162,7	174,5	197,9	177,0	211,8	176,9	0,7	0,9	FIG015287: Zinc protease
peg.1260	489	149,1	164,4	185,2	118,0	145,8	128,0	1,0	1,3	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase D (EC 2.1.1.-)
peg.1261	498	233,6	294,3	335,7	102,3	113,7	100,8	1,0	2,7	Phosphopantetheine adenylyltransferase (EC 2.7.7.3)
peg.1262	255	309,7	374,4	418,7	105,0	116,1	102,5	1,0	3,4	4Fe-4S ferredoxin2C iron-sulfur binding

peg.1263	387	511,4	593,7	677,7	158,9	171,7	157,1	1,0	3,7	hypothetical protein
peg.1264	2454	360,6	387,0	452,5	243,7	262,9	233,0	1,0	1,6	Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)
peg.1265	486	227,8	221,5	268,0	393,6	431,9	419,5	1,0	0,6	LPS-assembly lipoprotein RlpB precursor (Rare lipoprotein B)
peg.1266	1032	283,6	300,4	348,1	184,9	189,1	178,2	1,0	1,7	DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)
peg.1267	1257	280,1	283,2	314,5	146,2	149,4	145,2	1,0	2,0	Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)
peg.1268	666	202,8	198,4	233,4	134,6	148,3	131,0	1,0	1,5	Nicotinate-nucleotide adenyltransferase (EC 2.7.7.18)
peg.1269	852	166,3	169,3	184,7	139,8	148,9	141,0	1,0	1,2	Protein of unknown function DUF218
peg.1270	357	357,1	386,4	363,6	105,2	104,4	106,2	1,0	3,5	lojap protein
peg.1271	471	321,7	352,1	345,7	99,2	103,1	93,6	1,0	3,4	LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH
peg.1272	588	190,5	206,5	212,9	277,9	281,3	290,6	1,0	0,7	Septum formation protein Maf
peg.1273	1473	132,2	132,3	130,8	215,1	221,2	228,3	1,0	0,6	Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)
peg.1274	3810	91,1	85,3	85,5	122,3	124,1	120,4	1,0	0,7	FIG005080: Possible exported protein
peg.1275	1443	311,4	327,9	308,1	80,0	81,1	77,2	1,0	4,0	TldD protein2C part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)
peg.1277	867	378,5	420,9	411,9	53,1	53,5	50,5	1,0	7,7	tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)
peg.1278	228	773,1	863,2	902,6	163,0	183,4	168,9	1,0	4,9	tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusA
peg.1279	1410	1083,3	1142,2	1080,6	194,8	206,5	180,4	1,0	5,7	Glutamine synthetase type I (EC 6.3.1.2)
peg.1280	618	249,2	262,1	244,1	553,8	577,1	527,1	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1281	1059	33,7	31,7	29,5	636,3	657,8	660,4	1,0	0,0	Nitrogen regulation protein NR(II) (EC 2.7.3.-)
peg.1282	1404	39,5	38,4	38,6	144,8	184,5	188,0	1,0	0,2	Nitrogen regulation protein NR(I)
peg.1283	447	651,3	569,3	635,5	43,1	50,8	40,6	1,0	13,8	COG0779: clustered with transcription termination protein NusA
peg.1284	1515	365,5	243,1	245,4	30,9	33,7	31,6	1,0	8,9	Transcription termination protein NusA
peg.1285	2796	589,5	385,9	364,8	975,1	936,3	889,0	1,0	0,5	Translation initiation factor 2
peg.1286	402	755,5	524,4	512,6	441,7	395,4	409,5	1,0	1,4	Ribosome-binding factor A
peg.1287	930	425,3	328,3	354,4	443,6	395,1	420,4	1,0	0,9	tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70)
peg.1288	270	948,5	741,0	830,8	569,0	516,0	577,9	1,0	1,5	SSU ribosomal protein S15p (S13e)
peg.1289	2094	365,0	354,6	318,0	308,7	274,0	289,8	1,0	1,2	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)
peg.1290	768	110,3	126,8	127,0	1361,5	1241,8	1369,6	1,0	0,1	Molybdenum ABC transporter2C periplasmic molybdenum-binding protein ModA (TC 3.A.1.8.1)
peg.1291	663	58,7	60,5	63,9	348,7	322,2	331,4	1,0	0,2	Molybdenum transport system permease protein ModB (TC 3.A.1.8.1)
peg.1292	1068	45,4	48,5	54,8	136,5	136,5	137,9	1,0	0,4	ABC transporter related
peg.1293	696	77,4	99,7	106,0	79,9	77,6	76,9	1,0	1,2	Ferric siderophore transport system2C biopolymer transport protein ExbB
peg.1294	399	52,7	61,3	71,1	41,9	41,2	42,5	1,0	1,5	Biopolymer transport protein ExbD/ToIR
peg.1295	432	42,3	46,7	52,3	56,5	58,5	125,9	1,0	0,6	Biopolymer transport protein ExbD/ToIR
peg.1296	780	34,1	36,9	36,9	59,6	64,4	69,8	1,0	0,6	TonB-like
peg.1297	768	38,7	43,0	45,0	45,7	48,4	48,4	0,9	0,9	protein of unknown function DUF815
peg.1298	1296	46,3	47,3	49,6	32,3	34,5	31,3	1,0	1,5	probable two-component sensor
peg.1299	678	65,2	70,7	76,9	36,7	40,4	38,1	1,0	1,8	Probable two-component response regulator
peg.1300	1809	30,7	33,2	33,5	37,5	42,5	39,5	1,0	0,8	Acriflavin resistance protein
peg.1302	1170	8,8	9,2	9,9	43,3	51,6	45,7	1,0	0,2	Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump
peg.1303	1371	11,4	14,0	14,5	17,2	19,6	17,4	1,0	0,7	RND efflux system2C outer membrane lipoprotein2C NodT family
peg.1304	1221	25,4	27,7	28,6	7,3	7,6	7,6	1,0	3,6	Multidrug resistance transporter2C Bcr/CflA family
peg.1305	177	92,4	102,7	104,7	9,1	9,9	9,9	1,0	10,4	hypothetical protein
peg.1306	1296	51,5	51,4	49,3	20,9	22,8	22,0	1,0	2,3	Small-conductance mechanosensitive channel
peg.1307	1491	30,5	27,0	31,1	51,3	53,6	50,8	1,0	0,6	Sulfate permease
peg.1308	861	32,4	30,1	31,7	71,1	63,7	64,8	1,0	0,5	Universal stress protein family 4
peg.1309	366	28,3	30,6	29,4	51,7	46,0	53,9	1,0	0,6	DnaK suppressor protein
peg.1310	2058	38,1	41,2	41,5	25,8	27,8	28,8	1,0	1,5	diguanylate cyclase/phosphodiesterase domain 1 (GGDEF)
peg.1311	840	89,2	108,1	131,5	32,3	36,5	32,9	1,0	3,2	Ynd
peg.1312	915	75,6	95,7	112,0	47,5	51,0	62,0	1,0	1,8	Ync
peg.1313	1587	195,2	206,9	223,6	41,6	44,1	48,3	1,0	4,7	Peptide chain release factor 3
peg.1314	450	291,2	303,1	301,5	103,4	111,9	108,7	1,0	2,8	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)
peg.1315	288	445,0	465,1	475,5	312,7	340,9	342,8	1,0	1,4	PhnO-related protein
peg.1316	2802	211,0	155,5	157,1	373,6	415,2	391,1	1,0	0,4	Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)
peg.1317	468	263,9	176,6	171,5	187,4	178,3	186,2	0,9	1,1	Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)
peg.1318	1098	116,6	75,5	73,4	202,6	195,6	203,5	1,0	0,4	Biosynthetic Aromatic amino acid aminotransferase beta (EC 2.6.1.57)
peg.1319	888	67,7	38,4	38,4	111,8	102,8	109,8	1,0	0,4	Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43)
peg.1320	1320	154,8	102,5	89,9	62,8	57,5	62,9	1,0	1,9	Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43) / 5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)
peg.1321	663	363,5	324,1	293,2	118,2	108,4	113,6	1,0	2,9	Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)
peg.1322	1674	1713,4	1712,2	1527,8	4168,3	3884,9	4128,5	1,0	0,4	SSU ribosomal protein S1p
peg.1323	291	833,1	795,5	808,6	1665,8	1549,9	1670,2	1,0	0,5	Integration host factor beta subunit
peg.1324	387	372,5	344,4	385,9	985,2	888,0	994,7	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1325	1209	447,4	475,5	473,3	740,4	788,4	764,0	1,0	0,6	Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)
peg.1326	678	362,9	362,5	351,8	338,9	353,3	353,2	0,7	1,0	Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)
peg.1327	210	485,4	523,4	491,1	319,8	300,0	304,0	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1328	933	188,1	191,3	177,9	503,1	474,8	484,6	1,0	0,4	Cytochrome c oxidase subunit CcoP (EC 1.9.3.1)
peg.1329	120	136,1	117,8	113,9	174,0	172,0	178,8	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1330	504	280,5	336,9	338,2	202,1	190,8	215,3	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1332	663	114,5	104,4	104,2	240,5	244,8	248,8	1,0	0,4	Type ccb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoL%3B Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)

peg.1333	210	223,2	215,9	206,5	100,8	101,2	99,8	1,0	2,1	Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoS2C involved in heme b insertion
peg.1334	1128	124,3	108,6	111,9	199,9	200,1	200,2	1,0	0,6	putative leucine/isoleucine/valine-binding protein precursor
peg.1335	3360	81,5	71,8	71,7	127,1	137,3	124,2	1,0	0,6	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1336	510	55,2	49,2	50,3	82,0	79,5	77,4	1,0	0,6	Membrane-bound lytic murein transglycosylase B (EC 3.2.1.-)
peg.1337	444	43,4	37,4	42,9	61,7	57,3	60,8	1,0	0,7	D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase
peg.1338	993	46,8	36,8	36,9	58,8	57,0	59,0	1,0	0,7	Proline iminopeptidase (EC 3.4.11.5)
peg.1339	1164	105,6	92,9	80,5	53,2	52,7	54,0	1,0	1,7	Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] beta chain (EC 6.2.1.5)
peg.1340	873	96,2	85,5	70,4	105,6	110,9	103,2	1,0	0,8	Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] alpha chain (EC 6.2.1.5)
peg.1341	1644	149,7	135,5	113,6	130,0	124,7	129,5	0,4	1,0	NAD synthetase (EC 6.3.1.5) / Glutamine amidotransferase chain of NAD synthetase
peg.1342	339	283,4	270,1	253,1	144,0	140,5	146,4	1,0	1,9	Nitrogen regulatory protein P-II
peg.1343	783	196,6	175,1	171,4	323,3	332,9	359,2	1,0	0,5	Probable component of the lipoprotein assembly complex (forms a complex with YaeT2C YfgL2C and NlpB)
peg.1344	1164	153,5	134,9	142,3	250,1	247,8	240,8	1,0	0,6	Erk/YbiS/YcfS/YnhG family protein
peg.1345	300	4101,5	4115,3	2986,4	181,0	171,4	180,5	1,0	21,0	lipoprotein2C putative
peg.1346	795	474,5	507,0	576,5	7006,7	6886,8	7509,2	1,0	0,1	Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)
peg.1347	1833	879,3	885,5	972,4	326,6	317,1	315,5	1,0	2,9	GTP-binding protein TypA/BipA
peg.1348	219	140,8	132,1	128,8	383,4	369,6	359,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1349	1596	70,9	72,3	73,7	140,3	138,3	150,9	1,0	0,5	Two-component sensor PilS
peg.1350	1356	95,7	102,5	99,8	67,1	69,9	68,8	1,0	1,4	Type IV fimbriae expression regulatory protein PilR
peg.1351	909	119,3	133,1	132,6	106,7	108,9	109,0	1,0	1,2	Folate-dependent protein for Fe/S cluster synthesis/repair in oxidative stress
peg.1352	444	27,8	25,2	29,2	91,9	99,3	102,8	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.1353	1602	50,3	51,4	44,7	44,0	44,2	44,9	0,9	1,1	L-aspartate oxidase (EC 1.4.3.16)
peg.1354	576	164,2	190,0	238,4	74,6	76,3	76,1	1,0	2,6	RNA polymerase sigma factor RpoE
peg.1355	570	246,6	324,0	393,7	199,9	220,8	207,1	1,0	1,5	Anti sigma-E protein RseA-like
peg.1356	981	203,6	269,2	321,5	201,9	231,8	223,7	1,0	1,2	Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseB precursor
peg.1357	423	169,8	234,7	265,4	137,5	155,8	145,9	1,0	1,5	Sigma factor RpoE regulatory protein RseC
peg.1358	1428	226,4	282,4	331,0	128,8	145,7	128,7	1,0	2,1	Serine protease precursor MucD/AlgY associated with sigma factor RpoE
peg.1359	126	221,5	282,8	307,8	155,3	173,0	159,5	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.1360	705	27,2	30,6	32,0	127,5	137,5	168,6	1,0	0,2	Copper-sensing two-component system response regulator CpxR
peg.1361	1344	13,6	15,7	15,6	19,3	20,0	43,3	1,0	0,5	integral membrane sensor signal transduction histidine kinase
peg.1362	1947	21,3	20,1	19,8	21,8	22,8	30,8	0,9	0,8	TonB-dependent heme/hemoglobin receptor family protein
peg.1363	1368	17,0	16,5	17,4	21,9	23,5	28,0	1,0	0,7	Multi antimicrobial extrusion protein (Na ⁺ /drug antiporter)2C MATE family of MDR efflux pumps
peg.1364	1797	98,1	73,6	78,1	33,1	33,4	32,8	1,0	2,5	Translation elongation factor LepA
peg.1365	762	40,0	24,4	21,8	151,3	141,3	140,5	1,0	0,2	Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)
peg.1366	387	40,8	23,9	22,0	73,6	62,4	76,4	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1367	660	38,5	22,3	22,4	81,9	67,7	85,6	1,0	0,4	Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)
peg.1368	906	51,2	39,9	36,9	85,0	70,8	85,3	1,0	0,5	GTP-binding protein Era
peg.1369	720	71,2	56,5	51,6	99,7	77,2	95,3	1,0	0,7	DNA recombination and repair protein RecO
peg.1370	732	73,3	61,6	56,1	95,5	81,1	93,4	1,0	0,7	Pyridoxine 5'-phosphate synthase (EC 2.6.99.2)
peg.1371	381	81,8	75,7	78,1	115,9	104,8	110,9	1,0	0,7	Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)
peg.1372	888	61,6	57,5	53,6	108,7	100,1	103,8	1,0	0,6	cysteine synthase B
peg.1373	2016	34,7	30,7	30,5	93,6	80,4	92,7	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1374	600	94,9	82,6	86,3	54,4	51,0	54,7	1,0	1,6	FIG00856690: hypothetical protein
peg.1375	1329	16,1	15,5	16,4	124,9	130,9	138,0	1,0	0,1	RNA methyltransferase2C TrmA family
peg.1376	588	352,0	364,2	371,6	61,9	54,3	60,1	1,0	6,2	hypothetical protein
peg.1377	1143	46,2	48,4	47,7	2070,8	1671,0	2226,0	1,0	0,0	hypothetical protein
peg.1378	2358	588,6	672,5	574,3	87,6	83,7	88,1	1,0	7,1	Phosphoenolpyruvate synthase (EC 2.7.9.2)
peg.1379	891	587,0	714,8	670,7	341,9	362,9	351,0	1,0	1,9	FIG137360: hypothetical protein
peg.1380	126	136,5	144,4	149,3	488,9	524,7	476,2	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.1381	846	149,9	172,5	161,5	103,2	113,6	107,8	1,0	1,5	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)
peg.1382	366	114,9	137,2	136,9	94,8	107,5	98,8	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1383	1041	208,9	246,0	244,5	79,8	95,5	79,3	1,0	2,7	predicted cell surface protein/ lipoprotein
peg.1384	858	111,2	117,2	114,4	175,2	213,0	172,1	1,0	0,6	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)
peg.1385	981	227,5	250,8	237,5	130,1	135,7	140,0	1,0	1,8	UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)
peg.1386	1401	162,9	176,9	164,1	160,8	168,5	169,4	0,1	1,0	Mannose-1-phosphate guanylyltransferase (GDP) (EC 2.7.7.22)
peg.1387	1404	239,3	267,1	249,6	106,3	111,0	110,3	1,0	2,3	Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsA2C sugar transferase
peg.1388	525	39447,2	43542,8	33041,3	146,7	156,2	139,4	1,0	262,3	hypothetical protein
peg.1389	531	388,9	371,5	354,8	43729,2	44439,8	43733,3	1,0	0,0	hypothetical protein
peg.1390	525	354,5	347,2	329,7	312,7	340,1	315,0	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1391	552	241,3	223,1	216,6	1954,2	1513,3	2094,1	1,0	0,1	polysaccharide export protein
peg.1392	1185	171,8	161,1	179,6	295,5	321,3	326,1	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1393	1761	97,0	91,1	100,7	218,0	223,5	218,2	1,0	0,4	lipopolysaccharide biosynthesis protein
peg.1394	837	97,8	92,9	95,3	123,1	123,7	122,4	1,0	0,8	Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)
peg.1395	822	56,8	49,8	56,8	139,9	137,3	137,1	1,0	0,4	general secretion pathway protein A
peg.1397	1893	146,2	141,8	138,5	134,4	128,9	124,9	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1398	906	191,8	225,7	223,0	181,4	192,9	217,2	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1399	903	185,9	185,7	193,7	187,4	206,9	199,6	0,8	1,0	Glycosyl transferase2C group 2 family protein
peg.1400	1368	172,9	179,8	208,5	236,3	236,9	225,8	1,0	0,8	polysaccharide biosynthesis protein

peg.1401	1155	211,2	202,6	227,2	177,0	184,8	174,2	1,0	1,2	Glycosyl transferase2C group 1
peg.1402	912	302,6	291,3	298,1	210,5	221,2	200,0	1,0	1,4	UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)
peg.1403	1326	85,8	84,1	92,5	191,7	207,0	192,8	1,0	0,4	membrane protein2C putative
peg.1404	1077	84,0	84,8	86,8	93,2	94,9	87,5	0,8	0,9	hypothetical protein
peg.1405	981	92,0	89,4	92,3	105,4	103,0	98,5	0,9	0,9	similar to glycosyltransferases
peg.1406	879	65,8	54,1	50,7	115,1	114,5	109,6	1,0	0,5	Sulfotransferase
peg.1407	531	47,2	33,2	36,0	74,3	73,4	68,5	1,0	0,5	Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)
peg.1408	996	75,8	72,0	66,9	46,8	45,9	46,2	1,0	1,5	Glycosyl transferase2C group 2 family protein
peg.1409	1227	134,2	143,2	144,4	89,0	87,6	87,5	1,0	1,6	glycosyl transferase2C family 39
peg.1410	1431	152,0	165,5	169,0	133,9	146,8	136,9	1,0	1,2	integral membrane protein
peg.1411	360	214,4	215,7	212,9	147,9	142,7	144,7	1,0	1,5	putative Small Multi-Drug resistant family protein
peg.1412	873	110,4	108,8	98,8	388,5	391,5	393,6	1,0	0,3	Glycosyltransferase
peg.1413	1206	53,8	52,9	44,1	109,3	112,2	103,1	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1414	1938	45,4	42,9	37,0	47,4	49,9	49,5	0,9	0,9	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.4)
peg.1415	1125	249,4	312,4	300,2	48,9	49,9	47,0	1,0	5,9	polysaccharide export protein
peg.1416	1341	134,8	181,1	151,1	145,7	168,7	166,9	0,3	1,0	Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)
peg.1417	645	191,3	243,1	194,6	92,3	96,8	93,5	1,0	2,2	Tyrosine-protein kinase EpsD (EC 2.7.10.2)
peg.1418	1509	66,9	72,7	67,4	133,7	138,1	133,6	1,0	0,5	Membrane protein of EXOQ family2C involved in exopolysaccharide production
peg.1419	1428	45,7	44,5	39,7	62,7	62,9	60,3	1,0	0,7	polysaccharide biosynthesis protein
peg.1420	1098	66,0	65,3	58,1	41,0	43,3	38,9	1,0	1,5	glycosyl transferase(EC:2.4.1.-)
peg.1421	300	88,6	78,9	69,2	67,7	69,2	66,7	0,9	1,2	hypothetical protein
peg.1422	579	73,4	81,7	67,7	87,9	88,0	85,8	1,0	0,9	Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)
peg.1423	948	106,1	101,5	92,6	76,5	76,9	72,3	1,0	1,3	glycosyl transferase2C family 2
peg.1424	1104	83,7	88,7	82,7	108,3	114,6	104,3	1,0	0,8	glycosyl transferase2C group 1
peg.1425	837	92,4	99,3	102,1	88,8	94,0	90,2	0,8	1,1	hypothetical protein
peg.1426	1566	93,1	108,0	103,6	78,0	83,6	80,5	1,0	1,3	alpha-L-arabinofuranosidase
peg.1427	1167	97,8	108,7	105,9	66,5	71,3	69,1	1,0	1,5	Alpha-D-GlcNAc alpha-12C2-L-rhamnosyltransferase (EC 2.4.1.-)
peg.1428	126	112,7	129,7	137,0	105,7	111,4	109,6	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1429	1104	72,1	75,1	76,2	187,9	188,2	160,4	1,0	0,4	N-acetylmannosaminyltransferase (EC 2.4.1.187)
peg.1430	1503	119,4	120,4	107,9	95,3	97,3	93,6	1,0	1,2	eight transmembrane protein EpsH
peg.1431	2382	207,4	213,8	176,2	97,4	103,1	101,1	1,0	2,0	putative TPR repeat protein
peg.1432	528	38,5	38,7	39,9	153,9	155,6	156,3	1,0	0,3	Cytochrome B561
peg.1433	942	42,0	45,9	46,6	55,2	53,0	84,3	1,0	0,7	Transcriptional regulator2C LysR family
peg.1434	1416	122,0	97,5	104,7	46,3	49,5	47,5	1,0	2,3	Pyruvate carboxyl transferase subunit A (EC 6.4.1.1)
peg.1435	1791	28,0	25,1	27,0	373,8	359,3	336,3	1,0	0,1	Pyruvate carboxyl transferase subunit B (EC 6.4.1.1)
peg.1436	1092	66,2	76,0	80,7	62,8	51,6	60,9	1,0	1,3	Acytransferase
peg.1437	129	72,8	69,4	81,9	77,1	75,3	76,1	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1438	1056	74,8	86,5	87,3	52,6	58,5	52,1	1,0	1,5	Methionine gamma-lyase (EC 4.4.1.11)
peg.1439	300	145,7	169,6	162,1	45,7	49,3	47,9	1,0	3,3	hypothetical protein
peg.1440	666	60,2	69,2	71,2	121,9	137,4	117,0	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1441	828	15,9	17,6	17,1	48,9	53,4	50,3	1,0	0,3	Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)
peg.1442	900	6,4	6,0	6,2	16,5	17,1	17,9	1,0	0,4	Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)
peg.1443	978	6,5	5,8	6,3	5,0	5,7	6,2	0,8	1,1	Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)
peg.1444	1059	13,3	13,2	15,3	6,9	7,4	9,4	1,0	1,8	Phosphate ABC transporter2C periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)
peg.1445	1773	132,4	135,7	152,0	16,6	18,3	26,5	1,0	6,9	Methanol dehydrogenase large subunit protein (EC 1.1.99.8)
peg.1446	645	39,5	40,7	32,7	91,4	118,3	85,8	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1447	1188	204,3	195,4	183,4	58,8	58,2	62,6	1,0	3,2	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)
peg.1448	2013	103,0	121,6	143,7	256,0	266,3	254,3	1,0	0,5	Excinuclease ABC subunit B
peg.1449	1926	520,1	545,6	548,0	51,8	66,3	57,8	1,0	9,2	Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)
peg.1450	426	5056,9	4022,8	3738,9	722,8	705,9	670,0	1,0	6,1	Translation initiation factor 3
peg.1451	198	4437,2	3263,3	2819,8	4316,3	4262,6	4060,0	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L35p
peg.1452	360	3144,7	2396,1	1994,8	3276,9	3051,8	3138,0	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L20p
peg.1453	1038	484,7	406,3	375,6	2079,5	1997,4	2180,1	1,0	0,2	Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)
peg.1454	2376	294,2	254,2	248,4	262,7	267,0	258,0	0,1	1,0	Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)
peg.1455	297	1357,4	1478,1	1507,3	197,3	193,2	191,3	1,0	7,5	Integration host factor alpha subunit
peg.1456	363	1040,0	1135,2	1194,4	920,0	1005,2	1005,0	1,0	1,1	Transcriptional regulator2C MerR family
peg.1457	1047	78,3	70,4	81,2	667,5	741,1	749,3	1,0	0,1	Oxidoreductase2C aldo/keto reductase family
peg.1458	2115	172,0	194,1	218,4	98,7	104,6	97,7	1,0	1,9	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1459	591	415,2	542,7	830,5	100,5	112,0	104,1	1,0	5,7	Putative regulatory protein associated with the ectoine operon
peg.1460	522	1505,5	2237,7	3513,4	147,6	172,3	161,4	1,0	15,1	L-22C4-diaminobutyric acid acetyltransferase (EC 2.3.1.-)
peg.1461	1362	2316,6	3244,7	4631,0	336,6	403,5	362,4	1,0	9,2	Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)
peg.1462	405	2044,3	2802,9	4113,4	691,4	746,2	641,3	1,0	4,3	L-ectoine synthase (EC 4.2.1.-)
peg.1463	1443	1046,9	1444,6	2137,4	805,2	824,0	747,8	1,0	1,9	Aspartokinase (EC 2.7.2.4) associated with ectoine biosynthesis
peg.1464	909	807,9	1082,6	1643,8	402,3	418,4	369,2	1,0	3,0	TPR repeat containing protein
peg.1465	537	408,9	549,8	851,0	435,2	432,5	381,0	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.1466	255	236,4	324,4	531,5	281,6	278,0	261,9	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1467	294	106,0	132,5	209,0	43,0	49,0	48,1	1,0	3,2	IS4 family transposase
peg.1468	474	60,7	63,7	84,0	45,3	50,5	50,3	1,0	1,4	putative transposase
peg.1469	933	41,1	42,4	44,5	101,6	114,9	100,7	1,0	0,4	Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)%3B Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)

peg.1470	1263	40,0	45,0	46,7	49,8	53,6	48,4	0,9	0,9	COG2907: Amine oxidase2C flavin-containing
peg.1471	789	41,5	45,9	42,3	44,9	50,7	45,2	0,8	0,9	FIG001571: Hypothetical protein
peg.1472	1263	22,3	22,7	24,7	31,4	34,3	32,6	1,0	0,7	S-adenosyl-L-methionine dependent methyltransferase2C similar to cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase
peg.1473	543	18,5	16,9	18,1	33,7	41,4	38,7	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1474	765	16,7	17,1	17,4	35,1	37,2	37,3	1,0	0,5	FIG005069: Hypothetical protein
peg.1475	1035	25,8	27,3	29,4	25,0	28,7	25,5	0,4	1,0	Cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase-like protein2C clusters with FIG005069
peg.1476	1302	74,4	84,6	78,8	41,9	46,8	40,8	1,0	1,8	two-component system sensor protein
peg.1477	699	87,7	93,9	87,1	63,5	71,5	64,7	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1478	195	234,6	396,6	406,4	61,8	73,9	72,5	1,0	5,0	hypothetical protein
peg.1479	480	452,3	427,5	388,0	80,7	97,7	386,5	1,0	2,2	Bacterioferritin
peg.1480	1032	173,3	166,1	161,4	616,6	677,9	643,1	1,0	0,3	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5...-)
peg.1481	744	261,9	293,8	335,1	186,1	190,4	174,8	1,0	1,6	tRNA:Cm32/Um32 methyltransferase
peg.1482	795	154,0	153,2	191,8	120,7	154,6	148,9	1,0	1,2	Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)
peg.1483	450	575,5	895,2	919,3	47,9	69,9	60,4	1,0	13,4	Iron-sulfur cluster regulator IscR
peg.1484	1143	390,5	654,6	707,9	258,2	412,0	483,7	1,0	1,5	Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)
peg.1485	333	344,6	558,4	581,2	226,5	337,2	284,1	1,0	1,8	Iron binding protein IscA for iron-sulfur cluster assembly
peg.1486	1305	94,7	112,5	112,2	403,0	508,8	441,7	1,0	0,2	Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)
peg.1487	567	1101,3	1538,7	1301,9	1208,3	1246,0	1621,1	0,6	1,0	Alkyl hydroperoxide reductase protein C (EC 1.6.4.-)
peg.1488	1578	229,2	324,4	319,4	146,9	144,5	168,1	1,0	1,9	Alkyl hydroperoxide reductase protein F (EC 1.6.4.-)
peg.1489	669	105,4	135,3	140,0	70,5	73,8	72,1	1,0	1,8	two-component response regulator
peg.1490	1380	38,1	42,0	45,6	26,2	30,8	26,1	1,0	1,5	signal transduction histidine kinase2C glucose-6-phosphate specific
peg.1491	1020	54,3	56,4	57,8	48,4	52,2	57,4	0,7	1,1	MoxR-like ATPases
peg.1492	885	47,9	47,9	48,4	39,0	41,3	45,8	0,9	1,1	putative MxaS-like protein
peg.1493	840	45,9	45,7	40,9	37,3	42,2	41,7	0,8	1,1	conserved hypothetical protein
peg.1494	1017	33,3	34,9	36,0	33,5	33,2	33,9	0,4	1,0	MxaC2C protein involved in Ca2+ insertion into methanol dehydrogenase
peg.1495	540	37,2	40,3	40,8	41,1	41,4	40,4	0,4	1,0	putative MxaK-like protein
peg.1496	939	28,3	25,7	26,0	32,8	34,1	31,7	1,0	0,8	MxaL protein2C putative
peg.1497	126	73,7	66,4	52,1	59,9	72,4	54,2	0,2	1,0	hypothetical protein
peg.1498	486	109,8	98,7	81,3	98,0	106,4	92,1	0,2	1,0	Conserved domain protein
peg.1499	1050	90,1	81,1	70,5	112,3	109,5	111,0	1,0	0,7	Beta N-acetyl-glucosaminidase (EC 3.2.1.52)
peg.1500	3486	88,4	82,0	69,4	62,0	62,6	58,8	1,0	1,3	DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)
peg.1501	1104	133,6	126,6	108,6	105,9	112,2	116,2	0,9	1,1	Twitching motility protein PilT
peg.1502	957	323,2	331,8	324,4	193,6	218,4	204,1	1,0	1,6	Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)
peg.1503	1263	30,8	24,4	28,8	62,9	60,9	57,9	1,0	0,5	tRNA(Ile)-lysidine synthetase
peg.1504	1638	288,8	211,1	193,6	395,2	369,3	359,9	1,0	0,6	CTP synthase (EC 6.3.4.2)
peg.1505	837	252,3	177,9	161,8	280,1	258,5	279,0	1,0	0,7	2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)
peg.1506	1281	310,9	222,6	196,1	243,6	231,6	240,4	0,1	1,0	Enolase (EC 4.2.1.11)
peg.1507	288	273,2	170,3	145,5	201,5	189,6	200,8	0,0	1,0	Cell division protein FtsB
peg.1508	711	149,5	94,2	85,7	124,4	117,4	132,1	0,9	0,9	2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)
peg.1509	483	92,1	65,3	65,3	104,8	97,5	101,2	1,0	0,7	2-C-methyl-D-erythritol 22C4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)
peg.1510	1077	77,2	52,0	49,2	106,6	95,1	97,3	1,0	0,6	tRNA pseudouridine 13 synthase (EC 4.2.1.-)
peg.1511	774	67,4	50,9	43,3	83,8	78,3	82,2	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1512	1395	66,7	49,5	50,0	77,6	75,0	76,9	1,0	0,7	Siroheme synthase / Precorrin-2 oxidase (EC 1.3.1.76) / Sirohydrochlorin ferrochelatase (EC 4.99.1.4) / Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)
peg.1513	2346	185,2	269,5	440,1	125,2	267,9	171,4	1,0	1,6	TonB-dependent receptor
peg.1514	849	40,4	41,4	50,6	64,9	66,5	64,0	1,0	0,7	Quinolinate phosphoribosyltransferase [decarboxylating] (EC 2.4.2.19)
peg.1515	552	48,6	52,4	52,1	54,5	57,7	55,4	0,9	0,9	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28) AmpD
peg.1516	624	339,0	338,0	312,0	516,1	514,0	513,7	1,0	0,6	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fklB (EC 5.2.1.8)
peg.1517	489	930,0	1192,3	1267,7	360,2	502,8	606,8	1,0	2,3	Iron-sulfur cluster regulator IscR
peg.1518	1449	541,5	807,8	864,7	414,3	566,8	558,8	1,0	1,4	Iron-sulfur cluster assembly protein SufB
peg.1519	774	417,8	782,3	772,0	384,5	524,7	460,9	1,0	1,4	Iron-sulfur cluster assembly ATPase protein SufC
peg.1520	1305	384,3	688,0	739,9	403,2	538,2	466,2	1,0	1,3	Iron-sulfur cluster assembly protein SufD
peg.1521	1224	380,0	679,1	728,5	340,9	444,8	375,3	1,0	1,5	Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)2C SufS subfamily
peg.1522	447	443,6	745,0	804,0	320,0	377,7	353,8	1,0	1,9	Putative iron-sulfur cluster assembly scaffold protein for SUF system2C SufE2
peg.1523	336	488,3	707,2	776,2	448,0	502,6	466,2	1,0	1,4	PaaD-like protein (DUF59) involved in Fe-S cluster assembly
peg.1537	1329	43,5	39,0	34,1	23,2	28,8	25,3	1,0	1,5	signal transduction histidine kinase2C glucose-6-phosphate specific
peg.1538	633	67,6	58,8	53,1	94,7	104,7	97,6	1,0	0,6	DNA binding response regulator2C LuxR family
peg.1539	438	47,2	47,1	55,5	59,2	74,4	110,0	1,0	0,6	Heat shock protein Hsp20
peg.1540	561	165,1	194,9	264,1	123,3	144,7	184,2	1,0	1,4	Propeptide2C PepSY and peptidase M4
peg.1541	2019	157,6	117,6	91,1	153,7	146,1	143,3	1,0	0,8	Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)
peg.1542	504	89,8	82,6	75,3	53,8	66,0	61,4	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.1543	588	80,4	82,6	67,3	53,6	61,9	59,0	1,0	1,3	Succinate dehydrogenase cytochrome b subunit
peg.1544	1941	79,6	83,2	64,1	54,2	58,3	57,1	1,0	1,3	Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)
peg.1545	726	54,0	55,6	41,3	41,0	41,8	41,4	1,0	1,2	Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)
peg.1546	1923	58,3	53,5	42,0	45,8	47,3	45,6	0,8	1,1	hypothetical protein
peg.1547	813	80,0	79,5	73,2	115,1	123,6	121,0	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1548	2157	59,2	59,7	52,2	45,3	50,8	49,9	1,0	1,2	Sucrose phosphate synthase

peg.1549	858	66,4	64,8	51,5	66,8	69,7	69,9	0,9	0,9	Alpha2Calpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] (EC 2.4.1.15)
peg.1550	873	68,6	58,3	43,9	23,4	26,6	21,2	1,0	2,4	Fructokinase (EC 2.7.1.4)
peg.1551	1956	131,2	115,1	96,8	88,7	92,6	87,0	1,0	1,3	Sucrose phosphorylase (EC 2.4.1.7)
peg.1552	387	61,8	54,6	57,0	78,1	77,4	80,4	1,0	0,7	Cell division inhibitor
peg.1553	1314	25,8	23,0	25,7	27,0	28,6	26,6	0,8	0,9	Cryptochrome
peg.1554	336	25,4	26,5	26,6	48,1	49,5	41,1	1,0	0,6	deoxyribodipyrimidine photolyase2C putative
peg.1555	225	70,9	64,3	66,2	71,1	73,1	73,1	0,8	0,9	Cryptochrome
peg.1556	126	95,0	99,5	94,0	86,4	89,8	83,8	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1557	972	82,2	73,0	67,7	61,1	63,9	62,5	1,0	1,2	Inner membrane protein YrbG2C predicted calcium/sodium:proton antiporter
peg.1558	987	86,6	73,2	66,7	120,1	114,6	117,8	1,0	0,6	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1559	1311	70,6	53,7	50,1	109,3	105,9	104,6	1,0	0,5	Ribosomal protein S12p Asp88 (E. coli) methylthiotransferase
peg.1560	780	55,9	55,4	46,9	64,1	74,1	66,2	1,0	0,8	HAD-superfamily subfamily IIA hydrolase2C hypothetical 2
peg.1561	789	115,2	122,4	92,3	101,8	131,5	112,3	0,5	1,0	hypothetical protein
peg.1562	657	186,4	170,2	146,7	277,5	297,6	318,5	1,0	0,6	pyridoxamine 5'-phosphate oxidase-related2C FMN-binding
peg.1563	906	48,1	51,0	44,4	42,5	50,3	57,4	0,4	1,0	Transcriptional regulator2C LysR family
peg.1564	582	27,3	26,8	23,8	32,7	35,9	36,4	1,0	0,7	FMN-dependent NADH-azoreductase
peg.1565	843	32,0	29,2	28,8	28,6	31,8	32,3	0,2	1,0	Pirin
peg.1566	273	19,5	18,6	17,4	18,7	19,4	18,8	0,2	1,0	transport-associated
peg.1567	363	14,8	13,4	14,2	12,5	15,4	13,4	0,1	1,0	cyclic nucleotide-binding domain (cNMP-BD) protein
peg.1568	672	29,4	28,4	27,7	21,1	24,1	27,6	0,9	1,2	transcriptional regulatory protein qseb
peg.1569	1368	21,1	21,1	18,7	11,9	14,7	14,5	1,0	1,5	probable two-component sensor
peg.1570	1122	33,9	30,3	27,1	26,8	32,8	28,3	0,3	1,0	Alanine dehydrogenase (EC 1.4.1.1)
peg.1571	714	28,5	26,1	23,0	30,3	33,5	31,0	1,0	0,8	membrane-bound metal-dependent hydrolase
peg.1573	1593	43,5	43,6	40,2	34,6	39,7	38,5	0,9	1,1	TPR repeat
peg.1574	468	49,2	36,7	37,5	60,7	66,0	65,1	1,0	0,6	Thiol peroxidase2C Bcp-type (EC 1.11.1.15)
peg.1575	882	142,2	111,5	97,9	375,7	366,1	358,5	1,0	0,3	Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)
peg.1576	963	212,9	137,7	109,7	331,6	296,1	325,4	1,0	0,5	Outer membrane protein NlpB2C lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT2C YfiO2C and YfgL)%3B Lipoprotein-34 precursor
peg.1577	768	212,7	183,6	164,4	156,4	144,0	151,7	1,0	1,2	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I
peg.1578	711	339,1	302,3	278,5	238,2	231,8	234,0	1,0	1,3	Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (EC 6.3.2.6)
peg.1579	1710	74,2	71,0	67,5	59,1	59,2	57,8	1,0	1,2	Lipid A core-O-antigen ligase
peg.1581	498	58,1	46,6	43,1	103,4	117,8	107,6	1,0	0,4	hypothetical protein sometimes fused to ribosomal protein S6 glutaminyl transferase
peg.1582	906	116,0	114,7	100,0	101,1	107,5	98,9	0,8	1,1	Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase
peg.1583	1056	99,9	98,9	93,3	82,5	87,7	80,8	1,0	1,2	FIG003737: Predicted deacylase
peg.1584	1950	70,9	64,4	63,8	111,7	107,5	103,5	1,0	0,6	Biosynthetic arginine decarboxylase (EC 4.1.1.19)
peg.1585	1200	89,9	82,7	72,1	86,3	86,3	89,6	0,7	0,9	Carboxynorspermidine dehydrogenase2C putative (EC 1.1.1.-)
peg.1586	1167	75,1	73,2	74,1	60,9	64,8	62,3	1,0	1,2	Carboxynorspermidine decarboxylase2C putative (EC 4.1.1.-)
peg.1587	885	108,1	110,7	115,5	95,9	97,6	99,4	1,0	1,1	Agmatinase (EC 3.5.3.11)
peg.1588	408	88,1	75,9	90,2	244,8	217,5	225,7	1,0	0,4	Isopropylmalate/homocitrate/citramalate synthases
peg.1589	588	22,3	17,8	18,9	95,9	86,7	98,2	1,0	0,2	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases
peg.1590	873	72,0	65,1	75,6	82,9	100,5	93,8	1,0	0,8	Hydrolase2C carbon-nitrogen family
peg.1591	1083	151,6	125,2	103,5	178,1	183,4	185,2	1,0	0,7	Scaffold protein for [4Fe-4S] cluster assembly ApbC2C MRP-like
peg.1592	516	184,9	156,3	123,2	276,8	270,7	271,0	1,0	0,6	Deoxycytidine triphosphate deaminase (EC 3.5.4.13)
peg.1593	1032	132,9	109,0	98,7	161,4	162,2	157,6	1,0	0,7	FOG: WD40 repeat
peg.1594	318	77,7	65,5	56,0	106,8	106,5	102,1	1,0	0,6	Bsu YqfO NIF3/CutA domain
peg.1595	2652	98,8	83,7	71,3	89,2	88,1	84,4	0,3	1,0	Membrane alanine aminopeptidase N (EC 3.4.11.2)
peg.1596	423	134,2	112,1	102,1	146,4	142,9	141,4	1,0	0,8	Diadenosine tetraphosphate (Ap4A) hydrolase and other HIT family hydrolases
peg.1597	249	179,9	172,9	161,4	191,6	193,8	182,5	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.1598	366	178,3	175,0	160,8	169,4	179,2	170,1	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1599	3885	161,8	128,1	108,0	120,4	120,1	119,2	0,9	1,1	Phosphoribosylformylglycinamide synthase2C synthetase subunit (EC 6.3.5.3) / Phosphoribosylformylglycinamide synthase2C glutamine amidotransferase subunit (EC 6.3.5.3)
peg.1600	2001	38,0	36,3	37,1	25,7	25,4	24,6	1,0	1,5	FIG00785261: hypothetical protein
peg.1602	450	36,9	30,2	33,7	22,4	28,2	27,0	1,0	1,3	17 kDa surface antigen
peg.1603	2910	35,1	37,7	34,8	47,4	47,6	51,0	1,0	0,7	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1604	633	48,6	54,1	51,6	94,1	98,1	89,6	1,0	0,5	putative threonine efflux protein
peg.1606	1092	32,1	31,5	27,7	50,6	53,7	53,4	1,0	0,6	diguanylate cyclase (GGDEF domain)
peg.1607	2001	89,9	96,6	89,6	62,0	66,3	67,1	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.1608	1242	72,0	78,5	77,6	85,1	89,0	86,0	1,0	0,9	hypothetical protein
peg.1609	1791	93,9	102,4	91,0	84,4	89,4	79,5	0,9	1,1	FOG: GGDEF domain
peg.1610	1434	44,1	49,1	49,8	50,5	56,6	54,0	0,9	0,9	Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)
peg.1642	312	120,5	149,3	162,0	176,7	188,2	188,0	1,0	0,8	protein of unknown function DUF488
peg.1643	186	2167,7	2253,2	2191,9	2177,4	2082,8	2157,0	1,0	1,0	Carbon storage regulator
peg.1644	1221	233,1	230,4	216,3	165,9	162,8	156,7	1,0	1,4	Aspartokinase (EC 2.7.2.4)
peg.1645	2604	285,2	289,1	272,7	198,6	198,9	191,3	1,0	1,4	Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)
peg.1646	450	517,4	572,2	578,7	381,6	391,6	371,5	1,0	1,5	Regulatory protein RecX
peg.1647	1041	834,0	965,5	850,5	318,8	359,7	339,3	1,0	2,6	RecA protein

peg.1648	513	63,8	73,9	64,8	63,9	75,0	66,0	0,0	1,0	C-terminal domain of CinA type S%3B Protein Implicated in DNA repair function with RecA and MutS
peg.1649	2550	66,7	74,3	73,6	59,4	60,8	59,3	1,0	1,2	DNA mismatch repair protein MutS
peg.1650	279	132,6	142,7	144,4	134,0	138,1	136,7	0,4	1,0	Protein YcgL
peg.1651	390	130,1	141,3	141,1	151,0	155,9	155,8	1,0	0,9	Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase
peg.1652	420	184,5	191,1	209,5	193,4	211,3	186,3	0,1	1,0	OsmC/Ohr family protein
peg.1653	735	298,3	374,2	330,2	310,6	328,7	360,9	0,0	1,0	Cyclic AMP receptor protein
peg.1654	798	278,2	266,3	241,4	218,5	213,9	226,2	1,0	1,2	Indole-3-glycerol phosphate synthase (EC 4.1.1.48)
peg.1655	1029	267,0	239,6	207,7	145,5	145,5	136,4	1,0	1,7	Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)
peg.1656	591	312,6	270,9	259,3	198,2	195,2	181,2	1,0	1,5	Anthranilate synthase2C amidotransferase component (EC 4.1.3.27) @ Para-aminobenzoate synthase2C amidotransferase component (EC 2.6.1.85)
peg.1657	1494	375,6	347,0	339,7	212,8	216,0	201,3	1,0	1,7	Anthranilate synthase2C aminase component (EC 4.1.3.27)
peg.1658	669	353,7	341,9	345,8	235,1	242,8	235,5	1,0	1,5	Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)
peg.1659	693	439,2	392,9	393,9	323,3	336,4	331,4	1,0	1,2	Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)
peg.1660	903	51,8	53,5	51,7	42,6	43,2	40,2	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1661	807	92,2	95,3	95,4	59,9	63,0	61,2	1,0	1,5	Spermidine synthase-like protein
peg.1662	558	153,6	143,8	158,9	105,5	125,9	101,1	1,0	1,4	ErfK/YbiS/Ycfs/YnhG
peg.1663	2178	302,6	368,7	385,8	122,4	138,4	115,4	1,0	2,8	Fe-S OXIDOREDUCTASE (1.8.-.-)
peg.1664	546	151,6	174,4	180,6	62,5	71,5	66,5	1,0	2,5	Cytochrome B561
peg.1665	570	200,5	198,7	201,5	49,8	54,2	50,9	1,0	3,9	hypothetical protein
peg.1666	240	203,6	215,9	241,3	73,1	87,2	88,2	1,0	2,7	hypothetical protein
peg.1667	129	364,8	402,2	463,2	121,4	174,0	183,1	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.1668	687	162,9	164,5	163,0	96,9	100,3	95,1	1,0	1,7	Inactive homolog of metal-dependent proteases2C putative molecular chaperone
peg.1669	732	96,5	89,1	90,3	58,5	57,1	58,5	1,0	1,6	tRNA (uridine-5-oxyacetic acid methyl ester) 34 synthase
peg.1670	972	45,1	39,3	43,4	38,7	42,1	40,4	0,6	1,1	tRNA (5-methoxyuridine) 34 synthase
peg.1671	339	105,6	120,4	113,1	150,5	165,6	149,2	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1672	123	235,9	262,9	233,4	294,5	316,3	302,1	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.1673	192	206,0	228,4	204,9	224,3	249,6	218,0	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.1674	126	2506,5	2713,4	2007,4	871,2	1279,7	791,2	1,0	2,5	hypothetical protein
peg.1675	411	178,1	173,1	134,1	109,1	110,0	104,0	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.1676	1686	94,6	74,8	65,5	49,4	52,2	46,4	1,0	1,6	Sulfate permease2C Trk-type
peg.1677	525	13,7	14,0	15,1	34,2	35,0	33,1	1,0	0,4	outer membrane lipoprotein
peg.1678	810	39,5	34,2	33,4	80,4	81,6	75,8	1,0	0,5	Kef-type K+ transport system2C NAD-binding component
peg.1679	339	75,3	79,6	66,6	128,1	141,5	131,3	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1680	2061	62,3	65,0	63,9	60,8	61,2	67,9	0,0	1,0	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1681	381	63,7	62,6	80,2	8,3	11,0	137,2	0,8	1,3	hypothetical protein
peg.1682	411	71,5	70,2	97,7	9,5	13,3	65,4	1,0	2,7	C4-type zinc finger protein2C DksA/TrA family
peg.1683	1212	66,9	71,3	94,5	8,2	11,5	22,3	1,0	5,5	Putative metal chaperone2C involved in Zn homeostasis2C GTPase of COG0523 family
peg.1685	267	182,7	169,1	186,7	86,4	89,6	86,6	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.1686	546	134,4	136,1	132,4	107,7	113,6	108,7	1,0	1,2	Predicted zinc-binding protein
peg.1687	465	151,0	150,7	148,7	103,4	116,3	109,3	1,0	1,4	Zinc uptake regulation protein ZUR
peg.1688	702	121,8	113,0	123,8	20,1	24,4	21,0	1,0	5,5	ABC transporter ATP-binding protein
peg.1689	327	171,7	164,7	168,1	23,1	27,3	24,2	1,0	6,8	hypothetical protein
peg.1691	885	55,3	58,6	57,9	48,1	52,1	51,9	0,9	1,1	Transposase2C IS982 family
peg.1692	243	120,2	119,3	96,7	125,1	138,4	122,9	1,0	0,9	TonB-dependent receptor
peg.1693	1419	33,7	32,4	29,5	29,9	34,1	30,7	0,0	1,0	FIG01211674: hypothetical protein
peg.1694	1365	16,9	17,0	15,4	16,4	18,0	15,9	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1695	1032	12,3	10,7	10,6	12,9	14,4	12,9	1,0	0,8	Putative metal chaperone2C involved in Zn homeostasis2C GTPase of COG0523 family
peg.1696	1644	31,1	30,3	28,6	28,3	32,5	28,8	0,0	1,0	Formylmethanofuran dehydrogenase subunit A (EC 1.2.99.5)
peg.1697	579	57,5	56,4	52,1	38,8	40,0	39,9	1,0	1,4	FIG003461: hypothetical protein
peg.1698	696	40,1	47,7	39,0	27,8	33,4	28,1	1,0	1,4	ABC transporter2C ATP-binding protein
peg.1699	1239	36,0	39,9	36,2	22,7	27,3	23,8	1,0	1,5	ABC-type antimicrobial peptide transport system2C permease component
peg.1700	420	63,1	78,6	71,9	53,9	65,2	61,4	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1701	312	48,7	56,2	48,8	51,9	59,7	56,6	0,8	0,9	hypothetical protein
peg.1702	1404	78,0	83,7	75,3	57,1	67,3	56,3	1,0	1,3	Predicted signal transduction protein
peg.1703	681	60,6	60,4	55,9	55,6	64,7	58,6	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1704	1626	41,4	40,2	39,9	35,9	40,2	35,8	0,8	1,1	putative iron-regulated membrane protein
peg.1705	288	23,5	18,7	19,6	20,3	26,9	21,3	0,8	0,9	hypothetical protein
peg.1706	138	27,6	20,0	20,1	30,8	32,0	31,1	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1707	2043	18,5	17,8	17,8	13,6	16,0	18,7	0,8	1,1	TonB-dependent receptor
peg.1709	1023	47,7	51,7	44,0	16,7	19,8	49,0	1,0	1,7	Transcriptional regulator2C AraC family
peg.1710	576	118,9	139,5	139,9	42,7	60,1	47,9	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.1711	1317	18,0	14,5	13,1	33,4	33,7	34,7	1,0	0,4	Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel
peg.1712	747	33,4	34,4	31,5	90,7	89,4	89,8	1,0	0,4	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)
peg.1713	204	15766,7	10139,9	7829,8	46606,7	42781,3	49410,4	1,0	0,2	Cold shock protein
peg.1714	1029	25,4	25,6	26,1	20,8	24,3	21,5	0,9	1,2	putative membrane protein
peg.1715	978	44,1	46,7	46,6	41,0	47,7	43,2	0,4	1,0	COG2199: FOG: GGDEF domain

peg.1716	969	48,8	49,8	56,7	50,7	50,6	54,3	0,0	1,0	FIG00785318: hypothetical protein
peg.1717	1614	120,2	119,3	132,2	128,7	114,9	137,4	0,3	1,0	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer
peg.1718	141	65,6	71,1	67,9	164,2	177,8	174,5	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1720	363	172,2	156,0	124,0	269,0	277,2	291,8	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1721	528	95,2	101,6	98,3	138,0	136,8	139,2	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1722	276	347,0	282,0	232,9	826,2	671,9	738,8	1,0	0,4	protein of unknown function DUF8612C cupin_3
peg.1724	1683	29,8	29,2	24,6	30,7	33,0	32,0	0,9	0,9	NAD-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.38)
peg.1725	339	114,8	85,2	71,6	299,0	312,4	308,7	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.1726	306	53,1	52,9	54,8	93,2	102,5	93,2	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1727	1074	138,1	132,9	121,7	68,8	78,2	70,1	1,0	1,8	HlyD family secretion protein
peg.1728	2778	67,0	61,4	52,2	38,0	41,0	36,5	1,0	1,6	ABC-type multidrug transport system2C permease component
peg.1729	1122	35,2	31,1	30,9	29,5	29,4	26,1	0,9	1,1	ABC-type multidrug transport system2C permease component
peg.1730	666	42,6	40,6	37,7	52,3	54,3	51,0	1,0	0,8	2-deoxyglucose-6-phosphate hydrolase YniC
peg.1731	639	84,7	86,1	84,2	95,7	110,4	98,1	1,0	0,8	Arylesterase precursor (EC 3.1.1.2)
peg.1732	732	40,1	39,9	39,0	34,7	41,4	36,4	0,6	1,1	Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD
peg.1733	2484	34,6	33,3	32,1	21,6	25,3	22,7	1,0	1,4	predicted ABC-type transport system involved in lysophospholipase L1 biosynthesis2C permease component
peg.1734	702	45,4	43,6	43,1	78,4	90,9	75,3	1,0	0,5	Monofunctional biosynthetic peptidoglycan transglycosylase (EC 2.4.2.-)
peg.1735	168	54,7	51,4	47,2	102,6	110,5	101,4	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1736	195	138,1	131,2	124,3	182,5	201,7	186,7	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1737	1335	40,2	40,3	40,6	53,8	57,6	56,7	1,0	0,7	Fumarate hydratase class II (EC 4.2.1.2)
peg.1738	351	38,0	39,5	38,9	50,8	55,5	51,6	1,0	0,7	protein of unknown function DUF1232
peg.1739	1296	29,6	26,0	22,9	43,0	43,4	43,3	1,0	0,6	Methyl-accepting chemotaxis protein
peg.1740	939	59,3	60,0	52,5	55,7	61,4	61,2	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.1741	2190	39,6	41,0	36,5	40,4	43,6	40,2	0,6	0,9	putative sensor histidine kinase with a response regulator receiver domain
peg.1742	486	36,3	33,1	33,6	42,8	44,7	41,4	1,0	0,8	FIG00959020: hypothetical protein
peg.1743	366	103,2	105,0	94,3	82,5	117,5	70,4	0,8	1,1	hypothetical protein
peg.1744	150	112,8	130,9	108,9	105,7	119,8	133,8	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1745	909	95,8	93,5	88,6	81,2	91,4	85,4	0,8	1,1	YpfJ protein2C zinc metalloprotease superfamily
peg.1746	552	125,3	97,0	99,3	269,3	271,4	266,2	1,0	0,4	Formaldehyde activating enzyme
peg.1747	1407	66,2	59,8	52,5	117,3	113,6	109,9	1,0	0,5	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)
peg.1748	372	69,9	67,9	59,8	95,2	105,7	87,0	1,0	0,7	Probable transmembrane protein
peg.1749	240	109,0	126,5	100,3	164,3	198,3	177,3	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1750	405	24,2	26,1	25,0	23,4	27,2	26,6	0,2	1,0	6-phosphogluconate dehydrogenase2C decarboxylating (EC 1.1.1.44)
peg.1752	678	43,6	42,1	39,7	45,8	48,5	46,8	0,9	0,9	DNA-binding response regulator KdpE
peg.1753	1551	22,9	22,4	23,1	26,6	29,4	26,6	1,0	0,8	Osmosensitive K+ channel histidine kinase KdpD (EC 2.7.3.-)
peg.1754	525	38,9	42,1	44,7	26,4	28,5	26,3	1,0	1,5	Potassium uptake protein TrkH
peg.1756	1374	33,9	34,9	32,3	28,9	35,6	30,2	0,6	1,1	Trk system potassium uptake protein TrkA
peg.1757	627	27,2	28,9	27,0	28,7	31,3	29,0	0,7	0,9	hypothetical protein
peg.1758	315	26,5	25,4	27,2	23,4	29,0	22,8	0,4	1,1	hypothetical protein
peg.1759	456	51,6	52,4	55,0	38,7	48,7	47,0	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1760	195	110,3	113,5	114,4	98,9	115,7	103,6	0,7	1,1	short chain dehydrogenase
peg.1761	198	122,1	121,0	105,8	153,6	178,6	161,1	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1762	729	50,6	53,0	39,5	38,5	44,2	43,3	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1763	642	209,9	238,3	199,4	128,2	137,8	139,6	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1764	1176	98,9	108,9	98,4	88,4	96,0	92,3	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1765	1437	33,4	35,0	32,8	44,1	44,6	42,8	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.1766	2007	37,0	36,0	31,5	34,4	35,3	33,2	0,1	1,0	conserved hypothetical protein
peg.1767	138	84,7	81,0	63,0	78,9	83,8	82,5	0,7	0,9	hypothetical protein
peg.1768	792	43,9	42,4	34,6	51,3	49,0	49,0	1,0	0,8	Possible biopolymer transport protein2C ExbB family
peg.1769	1071	35,4	30,8	24,3	35,6	34,5	34,9	0,9	0,9	Secreted protein2C containing von Willebrand factor (vWF) type A domain
peg.1770	951	25,6	24,6	18,2	27,1	26,4	25,8	0,9	0,9	Secreted protein2C containing von Willebrand factor (vWF) type A domain
peg.1771	1755	28,9	27,2	28,7	36,2	38,4	35,6	1,0	0,8	gliding motility protein GldF
peg.1772	1578	32,1	30,4	27,8	35,4	36,4	36,0	1,0	0,8	peptidase2C M48 family
peg.1773	336	73,8	63,3	65,0	97,3	97,8	102,4	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1774	744	71,4	62,8	66,4	80,2	85,6	86,0	1,0	0,8	Candidate 1: dienelactone hydrolase
peg.1775	786	50,8	56,0	65,1	31,7	32,9	30,5	1,0	1,8	FIG00856926: hypothetical protein
peg.1776	2103	62,9	79,9	112,1	46,6	52,6	45,2	1,0	1,8	PTS system2C cellobiose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)
peg.1777	633	305,9	447,6	543,2	198,4	229,6	200,6	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.1778	120	777,4	1151,5	1315,8	496,6	611,9	487,9	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.1779	639	578,9	927,3	1003,4	393,0	486,2	364,8	1,0	2,0	two component transcriptional regulator2C LuxR family
peg.1780	690	500,7	822,0	854,1	301,7	373,7	287,1	1,0	2,3	signal transduction histidine kinase2C glucose-6-phosphate specific
peg.1781	849	1030,5	1683,3	1998,4	380,5	499,9	375,7	1,0	3,8	Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)
peg.1782	903	78,9	96,6	117,4	63,7	75,7	64,6	1,0	1,4	regulatory protein2C LysR:LysR2C substrate-binding
peg.1783	1212	212,1	302,7	366,9	152,2	175,4	235,8	1,0	1,6	NnrS protein involved in response to NO
peg.1784	309	464,7	669,7	787,8	284,2	329,3	681,2	1,0	1,5	Gsr3654 protein
peg.1785	417	129,5	152,1	187,5	137,3	140,5	148,2	0,9	1,1	putative transcriptional regulator
peg.1786	1806	45,3	55,2	69,4	40,2	46,1	40,6	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1787	960	45,3	52,4	79,8	26,3	30,4	27,1	1,0	2,1	ATPase
peg.1788	2025	23,5	29,1	41,7	17,3	20,8	19,7	1,0	1,6	TniA putative transposase

peg.1789	768	18,6	24,6	44,4	12,7	15,3	25,1	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1790	1008	494,1	604,7	1047,2	193,7	219,3	346,4	1,0	2,8	hypothetical protein
peg.1791	996	118,1	140,7	154,6	129,3	142,1	125,1	0,5	1,0	hypothetical protein
peg.1792	1278	82,3	97,4	120,1	46,3	51,9	46,8	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.1793	1365	145,4	170,7	198,1	58,5	71,0	58,8	1,0	2,7	Heavy metal sensor histidine kinase
peg.1794	693	83,4	85,9	101,4	45,6	57,3	48,4	1,0	1,8	heavy metal response regulator
peg.1795	279	1828,1	2541,5	2295,4	207,3	281,4	194,1	1,0	9,8	hypothetical protein
peg.1796	1779	548,5	716,9	698,6	75,6	95,4	73,6	1,0	8,0	Multicopper oxidase
peg.1797	750	172,7	202,8	196,7	47,9	52,6	46,7	1,0	3,9	Copper resistance protein B
peg.1798	1260	207,7	253,2	255,4	66,4	70,6	66,8	1,0	3,5	Amino acid permease
peg.1799	141	367,5	430,2	406,9	154,9	164,9	149,5	1,0	2,6	hypothetical protein
peg.1800	129	391,6	451,1	439,5	182,1	189,7	190,7	1,0	2,3	hypothetical protein
peg.1801	243	128,0	127,1	157,9	117,1	129,3	116,9	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1802	699	181,2	194,5	215,2	165,3	182,2	162,2	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1803	348	148,3	156,0	166,8	92,9	98,2	99,4	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.1804	903	66,3	69,6	79,2	44,7	51,6	44,9	1,0	1,5	Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily
peg.1805	660	151,5	175,0	155,1	17,4	19,2	17,5	1,0	8,9	BLI7991 protein
peg.1807	417	1039,0	1222,0	870,9	20,2	21,0	18,8	1,0	52,2	hypothetical protein
peg.1808	123	806,4	1032,5	816,4	323,7	334,7	285,5	1,0	2,8	hypothetical protein
peg.1809	2223	417,0	606,8	568,1	84,7	109,4	83,2	1,0	5,7	Lead2C cadmium2C zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5)%3B Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)
peg.1810	114	5824,5	7128,4	10209,8	1945,4	2342,9	1412,7	1,0	4,1	hypothetical protein
peg.1813	1353	144,7	175,7	292,4	846,8	974,7	1128,2	1,0	0,2	Heavy metal RND efflux outer membrane protein2C CzcC family
peg.1814	1896	120,9	152,1	241,8	66,3	91,3	65,6	1,0	2,3	Cobalt/zinc/cadmium efflux RND transporter2C membrane fusion protein2C CzcB family
peg.1815	3171	89,2	102,4	137,0	37,8	53,9	36,0	1,0	2,6	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA%3B Cation efflux system protein CusA
peg.1816	351	277,6	314,1	359,0	30,2	35,1	28,6	1,0	10,1	hypothetical protein
peg.1817	945	61,7	61,8	91,2	144,2	149,4	130,8	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.1818	984	39,1	37,7	46,7	31,7	34,6	30,9	1,0	1,3	ATP-dependent protease domain protein (EC 3.4.21.-)
peg.1819	231	33,7	31,2	40,5	28,3	32,5	28,3	0,9	1,2	hypothetical protein
peg.1820	768	49,2	50,5	54,0	23,7	26,9	26,6	1,0	2,0	Putative phosphoesterase (partial)
peg.1826	2202	31,2	33,7	32,2	124,6	140,3	126,0	1,0	0,2	RTX toxin transporter
peg.1827	1401	11,8	12,3	11,8	39,7	49,2	48,4	1,0	0,3	HlyD family secretion protein
peg.1829	10263	38,8	40,8	37,8	26,6	24,6	27,0	1,0	1,5	Alkaline phosphatase (EC 3.1.3.1)
peg.1834	450	78,6	82,7	88,4	16,0	17,2	17,1	1,0	5,0	hypothetical protein
peg.1835	2046	18,3	20,4	26,0	75,4	80,3	74,9	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.1836	1077	20,4	22,0	27,8	17,7	19,9	17,0	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.1837	1806	15,1	16,2	20,5	15,3	18,0	15,5	0,4	1,1	transposase2C putative
peg.1838	768	9,8	12,4	16,3	12,4	14,5	12,5	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1839	726	49,9	60,7	67,7	8,9	10,4	9,4	1,0	6,2	hypothetical protein
peg.1840	1278	198,0	281,8	330,5	46,4	54,5	51,2	1,0	5,3	FIG01046500: hypothetical protein
peg.1841	2103	162,5	228,1	233,3	131,0	146,7	156,5	1,0	1,4	FIG01045326: hypothetical protein
peg.1842	837	121,5	181,4	191,8	150,0	161,2	149,5	0,7	1,1	hypothetical protein
peg.1843	1515	74,3	97,9	115,6	175,0	192,6	175,7	1,0	0,5	transposase
peg.1844	747	49,3	53,2	55,5	26,8	32,9	31,4	1,0	1,7	Mobile element protein
peg.1845	1149	376,3	339,9	250,8	105,6	112,3	102,5	1,0	3,0	Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic)2C beta subunit (EC 1.17.4.1)
peg.1846	2868	324,7	271,9	196,0	151,0	175,4	175,5	1,0	1,6	Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic)2C alpha subunit (EC 1.17.4.1)
peg.1847	525	128,6	148,6	128,3	93,5	114,7	150,1	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.1848	1398	112,2	105,7	90,0	85,7	100,2	103,2	0,7	1,1	putative Cytochrome bd22C subunit I
peg.1849	999	54,0	45,1	41,8	81,9	91,0	91,0	1,0	0,5	putative Cytochrome bd22C subunit II
peg.1850	1680	29,9	27,3	28,1	47,5	51,4	47,9	1,0	0,6	Transport ATP-binding protein CydD
peg.1851	1692	14,3	13,0	12,2	30,4	30,9	29,3	1,0	0,4	Transport ATP-binding protein CydC
peg.1852	1746	19,9	19,6	21,0	13,7	13,9	13,7	1,0	1,5	Hemolysin activator protein precursor
peg.1853	5988	19,5	18,4	19,2	116,0	123,9	123,8	1,0	0,2	Large exoproteins involved in heme utilization or adhesion
peg.1856	888	61,1	58,3	56,4	55,0	57,9	60,1	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.1857	660	51,9	49,2	45,8	87,7	92,6	85,6	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1858	297	90,8	77,8	66,1	74,7	74,8	71,2	0,6	1,1	hypothetical protein
peg.1859	504	71,6	59,5	50,6	102,6	98,1	106,1	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.1860	375	45,4	36,6	37,2	217,0	211,7	246,2	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.1861	381	123,8	119,2	117,8	145,8	138,8	151,6	1,0	0,8	PIN (PiT N terminus) domain
peg.1862	147	65,7	55,5	61,5	123,8	117,9	132,5	1,0	0,5	putative membrane protein
peg.1863	459	43,2	38,2	45,3	59,5	65,2	68,4	1,0	0,7	Transcriptional regulator2C MerR family
peg.1864	981	67,0	68,0	62,6	37,0	40,4	38,2	1,0	1,7	monoxygenase2C luciferase family(EC:1.14.14.3)
peg.1865	1740	44,5	42,6	43,2	38,3	49,4	39,9	0,1	1,0	Selenoprotein O and cysteine-containing homologs
peg.1866	672	333,6	313,0	275,1	34,0	37,9	34,7	1,0	8,6	Putative TEGT family carrier/transport protein
peg.1867	147	248,4	230,3	209,5	515,7	547,6	560,4	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1868	906	369,2	411,8	406,2	438,2	438,4	515,6	1,0	0,9	Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA
peg.1869	840	255,5	292,3	275,2	277,0	310,0	280,6	0,8	0,9	Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)
peg.1870	411	102,3	107,5	129,5	228,1	234,2	216,7	1,0	0,5	Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG
peg.1871	405	75,7	83,3	82,2	124,3	141,1	127,6	1,0	0,6	Ribosome-associated heat shock protein implicated in the recycling of the 50S subunit (S4 paralog)

peg.1872	1962	86,0	85,2	69,3	87,4	92,6	88,4	0,9	0,9	Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)
peg.1873	1521	1598,2	2981,3	2500,5	84,6	91,7	93,9	1,0	26,2	Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3)
peg.1874	879	221,8	355,6	290,7	347,3	559,1	338,8	1,0	0,7	Transcriptional regulator2C AraC family
peg.1875	1764	48,8	60,0	64,6	138,4	204,1	149,9	1,0	0,4	Outer membrane protein
peg.1876	4020	74,6	94,0	97,2	31,4	38,9	31,1	1,0	2,6	putative exported protein
peg.1877	423	700,4	631,4	573,1	57,4	63,0	58,3	1,0	10,7	C4-type zinc finger protein2C DksA/TraR family
peg.1878	768	49,9	53,0	57,1	1287,5	1222,5	1164,8	1,0	0,0	Hypothetical protein CbbY
peg.1879	1200	50,3	56,2	58,0	43,3	49,3	41,7	1,0	1,2	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)
peg.1880	204	50,2	52,1	50,1	44,4	46,1	42,4	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.1881	2049	77,0	71,9	73,4	26,7	27,1	31,5	1,0	2,6	TonB-dependent receptor
peg.1882	759	25,8	24,6	23,5	47,3	45,1	129,3	1,0	0,3	Sulfate transporter2C CysZ-type
peg.1883	1278	51,5	53,1	50,6	45,8	44,6	45,7	1,0	1,1	Carbohydrate kinase2C FGGY(EC:2.7.1.17)
peg.1884	390	172,0	172,8	165,0	50,5	53,0	49,4	1,0	3,3	NADPH dependent preQ0 reductase
peg.1885	753	172,5	178,2	185,0	205,1	207,6	191,3	1,0	0,9	Cell division protein ZipA
peg.1886	2013	87,0	86,2	83,0	161,2	162,5	157,0	1,0	0,5	DNA ligase (EC 6.5.1.2)
peg.1887	1047	73,7	72,9	67,6	70,7	72,4	68,0	0,1	1,0	Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)
peg.1888	411	79,3	81,0	76,0	64,4	63,1	62,6	1,0	1,2	FIG00008365: hypothetical protein
peg.1889	531	114,8	112,0	99,9	85,3	91,5	86,1	1,0	1,2	FIG138315: Putative alpha helix protein
peg.1890	1353	115,0	110,9	93,8	297,7	320,5	287,3	1,0	0,4	Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)
peg.1891	678	279,9	266,5	218,1	145,5	142,3	141,8	1,0	1,8	two-component system regulatory protein
peg.1892	291	425,6	399,6	334,6	204,3	219,2	219,5	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.1893	162	472,6	370,0	279,3	306,2	340,3	313,2	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.1894	3888	103,7	86,9	87,0	314,1	343,6	364,7	1,0	0,3	macromolecule metabolism%3B macromolecule synthesis2C modification%3B dna - replication2C repair2C restr./modif.
peg.1895	966	173,2	150,5	140,4	108,1	101,5	100,9	1,0	1,5	conserved hypothetical protein-putative mucin-like protein
peg.1896	465	153,6	137,6	136,1	220,9	210,5	204,1	1,0	0,7	pentapeptide repeat protein
peg.1897	594	138,2	115,4	116,9	125,2	132,4	128,1	0,5	1,0	nitroreductase
peg.1898	294	328,1	292,0	261,3	148,2	149,7	148,4	1,0	2,0	FIG004454: RNA binding protein
peg.1899	2235	126,7	140,4	124,9	279,9	281,7	258,3	1,0	0,5	23S rRNA (guanine-N-2-) -methyltransferase rimL EC 2.1.1.-)
peg.1900	753	209,1	230,1	197,6	98,4	106,6	94,5	1,0	2,1	Chromosome partitioning protein ParA
peg.1901	2082	118,9	122,7	99,7	137,6	154,0	134,4	1,0	0,8	Polyphosphate kinase (EC 2.7.4.1)
peg.1902	480	215,7	203,1	183,9	108,5	112,4	108,7	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.1903	474	304,4	260,1	236,7	170,8	187,4	160,1	1,0	1,5	YcgN (Fragment)
peg.1904	426	150,9	140,1	130,7	198,4	204,4	191,8	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1905	1374	90,9	72,5	69,8	114,2	119,3	115,4	1,0	0,7	Aspartyl aminopeptidase
peg.1906	285	85,9	68,6	64,9	105,8	101,3	99,0	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1907	723	103,1	75,1	72,5	127,5	115,8	116,0	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1908	600	81,0	71,2	66,8	85,6	84,2	85,7	1,0	0,9	Putative methyltransferase associated with DUF414
peg.1909	579	48,8	42,6	43,5	48,5	50,9	48,6	0,8	0,9	FIG000605: protein co-occurring with transport systems (COG1739)
peg.1910	2859	61,8	51,9	46,1	35,2	39,6	35,7	1,0	1,4	RNA polymerase associated protein RapA (EC 3.6.1.-)
peg.1911	1233	47,1	40,1	37,9	59,0	58,3	55,7	1,0	0,7	Secretion protein HlyD
peg.1912	3138	38,7	33,9	27,2	41,6	43,0	42,1	1,0	0,8	RND multidrug efflux transporter%3B Acriflavin resistance protein
peg.1913	1221	54,9	51,8	46,0	39,6	38,9	38,6	1,0	1,3	outer membrane efflux protein
peg.1914	669	32,3	32,3	31,7	58,9	58,9	60,4	1,0	0,5	FIGfam010717
peg.1915	2034	32,4	32,2	28,7	34,8	36,0	36,3	0,9	0,9	GGDEF and EAL domain proteins
peg.1916	915	39,9	43,5	43,9	39,7	41,6	45,4	0,0	1,0	FIG00856865: hypothetical protein
peg.1917	747	88,0	91,3	85,1	50,4	55,5	51,7	1,0	1,7	Molybdopterin binding domain
peg.1918	396	85,5	83,9	77,8	80,9	86,7	82,9	0,1	1,0	Hemoglobin-like protein HbO
peg.1919	552	756,2	761,7	642,1	78,3	86,7	74,9	1,0	9,0	Formaldehyde activating enzyme
peg.1920	120	786,1	792,6	707,0	829,8	834,4	958,6	1,0	0,9	hypothetical protein
peg.1921	501	163,3	200,1	198,2	861,1	1019,6	859,0	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.1922	1923	95,9	116,6	124,1	140,6	152,4	143,8	1,0	0,8	DinG family ATP-dependent helicase YoaA
peg.1923	384	131,1	192,9	197,0	76,0	79,1	76,8	1,0	2,2	hypothetical protein
peg.1924	387	178,7	242,8	250,3	88,9	95,5	100,6	1,0	2,4	Pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase (EC 4.2.1.96)
peg.1925	285	128,1	178,2	208,5	85,2	102,9	121,7	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.1945	114	20,6	23,1	24,4	42,4	49,9	60,6	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.1946	3450	99,8	123,2	167,7	28,5	29,3	31,4	1,0	4,4	Type I restriction-modification system2C restriction subunit R (EC 3.1.21.3)
peg.1948	363	13,7	13,6	11,9	73,6	78,2	74,4	1,0	0,2	Restriction endonuclease S subunit
peg.1949	1482	22,3	19,9	18,9	31,8	29,5	32,3	1,0	0,7	Type I restriction-modification system2C DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)
peg.1950	2130	19,5	21,1	19,1	54,1	50,9	53,0	1,0	0,4	Anaerobic dehydrogenases2C typically selenocysteine-containing
peg.1951	306	15,2	18,8	18,1	17,0	19,8	20,4	0,8	0,9	4Fe-4S ferredoxin2C iron-sulfur binding
peg.1952	1377	18,0	20,4	20,1	19,1	20,5	19,9	0,1	1,0	Ferredoxin--NADP(+) reductase2C actinobacterial (eukaryote-like) type (EC 1.18.1.2)
peg.1953	177	19,9	21,4	27,6	20,8	24,1	21,7	0,2	1,0	hypothetical protein
peg.1954	1779	688,0	1232,0	2742,1	30,0	33,2	30,4	1,0	49,8	Methanol dehydrogenase large subunit protein (EC 1.1.99.8)
peg.1955	1191	268,0	267,4	211,5	114,5	978,6	169,5	1,0	0,6	Flavohepmprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavohepmpoglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)
peg.1956	309	84,9	85,4	66,0	354,3	375,6	383,9	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.1957	690	33,8	31,2	26,2	136,6	134,2	141,7	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.1958	783	21,1	19,8	18,3	55,5	53,4	55,9	1,0	0,4	iron permease2C FTR1 family protein
peg.1959	339	23,5	21,6	18,6	32,9	30,5	31,4	1,0	0,7	hypothetical protein

peg.1960	1326	25,9	25,1	23,6	30,4	29,8	31,6	1,0	0,8	sensor histidine kinase
peg.1961	660	27,9	23,4	20,5	38,1	40,3	38,4	1,0	0,6	Two-component system response regulator QseB
peg.1962	669	33,1	29,1	25,7	36,9	36,5	39,4	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.1963	813	24,6	20,2	19,3	44,0	42,2	47,7	1,0	0,5	Oxidoreductase2C short-chain dehydrogenase/reductase family
peg.1964	648	23,1	19,1	17,4	40,1	35,4	42,3	1,0	0,5	long-chain acyl-CoA synthetase
peg.1965	1479	23,2	20,9	20,7	37,0	33,3	38,5	1,0	0,6	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)
peg.1966	696	35,2	35,2	39,1	42,6	39,3	45,1	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.1967	213	78,7	90,8	92,0	94,1	85,7	98,3	0,7	0,9	Proline dehydrogenase
peg.1968	1749	30,3	31,4	32,9	60,6	77,3	81,7	1,0	0,4	Putative sulfate permease
peg.1969	2001	12,0	12,1	11,7	24,0	28,4	29,1	1,0	0,4	Phosphoglycerol transferase I (EC 2.7.8.20)
peg.1970	321	22,5	23,2	21,1	33,2	30,8	33,9	1,0	0,7	Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)
peg.1971	972	30,2	24,4	20,9	51,3	53,0	59,1	1,0	0,5	Glutathione S-transferase2C omega (EC 2.5.1.18)
peg.1972	402	99,2	96,3	80,4	127,8	142,7	118,7	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1973	2520	28,2	21,7	18,1	22,6	27,0	23,6	0,5	0,9	Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)
peg.1974	1056	53,9	53,6	48,7	53,1	58,9	60,5	0,9	0,9	Inner membrane protein YrbG2C predicted calcium/sodium:proton antiporter
peg.1975	1026	30,0	26,7	21,3	30,8	32,2	35,0	1,0	0,8	Heat shock protein HtpX / FIG017973: domain of unknown function
peg.1976	579	57,0	55,8	45,4	61,4	68,5	78,1	1,0	0,8	LemA protein
peg.1977	135	28,2	23,8	23,1	35,0	37,7	35,2	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1978	1659	82,4	66,9	54,9	177,5	169,2	191,9	1,0	0,4	ABC transporter2C ATP-binding protein
peg.1979	816	421,5	290,3	208,1	35,6	42,3	41,7	1,0	7,7	transposase
peg.1980	1701	1047,0	576,1	356,5	785,1	758,2	710,9	0,9	0,9	Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)
peg.1981	1800	1556,9	1062,9	811,1	879,0	858,6	780,9	1,0	1,4	Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)
peg.1982	2145	74,7	69,8	63,1	97,3	100,7	94,0	1,0	0,7	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.1983	3852	91,1	89,1	72,8	94,5	105,1	97,1	1,0	0,9	putative sensor histidine kinase with a response regulator receiver domain
peg.1984	1875	49,9	43,2	37,1	80,3	75,2	78,5	1,0	0,6	Methyl-accepting chemotaxis protein
peg.1985	636	61,4	59,0	52,0	90,2	91,0	86,8	1,0	0,6	lipolytic enzyme2C G-D-S-L family
peg.1986	780	90,5	78,8	70,8	132,6	135,2	131,5	1,0	0,6	Putative deoxyribonuclease YcfH
peg.1987	282	138,4	123,9	104,2	189,3	194,8	202,3	1,0	0,6	Type IV pilus biogenesis protein PilZ
peg.1988	114	224,5	203,2	179,0	299,6	314,5	312,1	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.1989	963	69,1	67,1	64,5	101,5	96,4	99,5	1,0	0,7	DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)
peg.1990	633	78,9	74,3	60,6	107,7	96,8	103,5	1,0	0,7	Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)
peg.1991	1026	50,5	43,4	36,6	81,7	77,4	76,8	1,0	0,6	FIG004453: protein YceG like
peg.1992	831	61,3	50,6	40,5	104,0	95,3	101,3	1,0	0,5	Aminodeoxychorismate lyase (EC 4.1.3.38)
peg.1993	1242	136,1	108,8	89,8	264,1	240,6	263,4	1,0	0,4	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase2C KASII (EC 2.3.1.41)
peg.1994	237	356,4	236,3	225,2	1558,9	1299,4	1509,6	1,0	0,2	Acyl carrier protein
peg.1995	744	171,5	116,5	103,5	321,2	270,7	303,9	1,0	0,4	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)
peg.1996	942	154,1	107,3	98,2	306,6	252,0	286,9	1,0	0,4	Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)
peg.1997	960	268,0	194,2	175,1	563,7	458,1	520,1	1,0	0,4	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase2C KASIII (EC 2.3.1.41)
peg.1998	993	306,2	207,6	199,1	908,2	772,4	869,7	1,0	0,3	Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX
peg.1999	180	1053,9	908,7	845,3	2047,7	1983,1	2331,9	1,0	0,4	LSU ribosomal protein L32p
peg.2000	558	711,5	660,4	655,9	1112,5	1059,9	1041,9	1,0	0,6	COG1399 protein2C clustered with ribosomal protein L32p
peg.2001	1509	359,6	366,1	364,0	283,1	309,4	266,8	1,0	1,3	Amidophosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.14)
peg.2002	492	526,1	572,7	606,1	366,4	419,2	349,6	1,0	1,5	Colicin V production protein
peg.2003	693	389,1	406,7	495,3	224,9	250,1	229,3	1,0	1,8	Sporulation domain protein
peg.2004	2436	504,1	501,9	584,7	256,7	311,0	295,8	1,0	1,8	ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I
peg.2005	1086	870,1	805,5	743,2	765,1	778,4	777,2	0,9	1,0	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX
peg.2006	636	763,4	659,1	596,8	832,5	801,7	827,7	1,0	0,8	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)
peg.2007	1299	824,3	683,0	649,2	967,6	932,6	930,7	1,0	0,8	Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)
peg.2008	1443	377,0	425,1	452,6	225,7	241,2	221,6	1,0	1,8	GAF-domain containing protein
peg.2009	924	182,5	190,6	186,5	134,7	145,4	134,9	1,0	1,3	5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)
peg.2010	588	294,8	311,2	293,8	254,9	285,5	243,1	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.2011	909	185,3	200,3	200,9	144,7	165,4	138,1	1,0	1,3	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein
peg.2012	1632	175,3	179,3	159,1	114,8	131,9	120,0	1,0	1,4	phosphoglucomutase
peg.2013	606	128,8	122,1	123,8	129,5	138,1	134,2	0,8	0,9	FIG146278: Maf/YceF/YhdE family protein
peg.2014	402	146,5	137,0	142,2	163,8	183,3	192,1	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2015	990	84,0	85,0	88,2	135,9	135,7	126,5	1,0	0,6	COG3178: Predicted phosphotransferase related to Ser/Thr protein kinases
peg.2016	696	220,8	254,7	261,6	188,0	195,6	191,4	1,0	1,3	Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)
peg.2017	897	336,5	330,4	333,6	277,7	268,0	280,9	1,0	1,2	Ornithine carbamoyltransferase (EC 2.1.3.3)
peg.2018	1200	370,8	371,5	368,7	331,0	337,5	321,9	1,0	1,1	Acetylmethionine aminotransferase (EC 2.6.1.11)
peg.2019	132	495,0	498,9	506,0	440,7	469,8	462,3	1,0	1,1	hypothetical protein
peg.2020	582	1564,7	1633,8	1640,5	992,0	1074,4	1167,6	1,0	1,5	Superoxide dismutase [Fe] (EC 1.15.1.1)
peg.2021	456	573,2	632,7	680,5	369,9	408,1	347,3	1,0	1,7	Ribosomal-protein-S18p-alanine acetyltransferase (EC 2.3.1.-)
peg.2022	495	305,5	321,3	366,6	199,4	213,9	197,1	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2023	1533	237,1	220,7	232,2	167,5	183,8	172,5	1,0	1,3	2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)
peg.2025	744	138,3	155,3	159,1	131,5	140,6	134,9	0,9	1,1	CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)
peg.2026	1017	1274,7	1213,5	1187,8	841,6	832,5	851,3	1,0	1,5	Ketol-acid reductoisomerase (EC 1.1.1.86)
peg.2027	498	888,3	776,0	828,7	726,1	679,2	743,8	1,0	1,2	Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)
peg.2028	1743	599,7	539,9	554,2	561,7	544,0	558,6	0,4	1,0	Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)
peg.2029	918	221,8	236,1	259,9	270,5	289,5	264,4	1,0	0,9	Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)

peg.2031	240	267,3	298,9	299,8	170,3	186,4	201,0	1,0	1,6	O-acetylhomoserine sulphydrylase (EC 2.5.1.49) / O-succinylhomoserine sulphydrylase (EC 2.5.1.48)
peg.2032	678	1701,7	2461,2	4164,3	437,4	638,7	536,3	1,0	5,2	ThiJ/PfpI family protein
peg.2033	282	1826,0	2573,1	3984,9	859,4	1034,3	1062,8	1,0	2,8	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiC (EC 5.2.1.8)
peg.2034	2079	67,0	67,6	91,2	41,3	45,7	42,4	1,0	1,7	ATP-dependent helicase DinG/Rad3
peg.2035	1002	90,5	91,3	84,5	56,5	62,7	56,5	1,0	1,5	D-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.28)
peg.2036	951	124,5	136,9	158,2	72,2	84,8	79,5	1,0	1,8	Tagatose-6-phosphate kinase (EC 2.7.1.144) / 1-phosphofructokinase (EC 2.7.1.56)
peg.2037	1650	201,2	197,5	178,9	97,6	108,6	108,3	1,0	1,8	Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)
peg.2038	939	100,0	83,7	100,0	66,7	66,8	61,0	1,0	1,5	Regulatory protein2C RpfE type
peg.2039	705	179,7	168,2	174,2	129,0	127,0	123,6	1,0	1,4	Chromosomal replication initiator protein DnaA
peg.2040	1047	195,3	180,0	183,2	116,9	121,0	111,0	1,0	1,6	Putative permease often clustered with de novo purine synthesis
peg.2041	486	153,0	151,1	147,4	77,4	88,5	73,7	1,0	1,9	CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)
peg.2042	1041	212,3	203,1	185,4	81,1	94,3	79,0	1,0	2,4	hypothetical protein
peg.2043	1062	295,7	231,3	208,1	206,9	207,5	202,9	1,0	1,2	Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (EC 6.3.3.1)
peg.2044	585	147,2	112,6	101,5	143,3	137,8	138,4	0,9	0,9	Phosphoribosylglycinamide formyltransferase (EC 2.1.2.2)
peg.2045	711	67,6	55,7	53,4	87,9	84,9	87,3	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2046	603	39,2	35,2	34,8	90,7	83,8	91,6	1,0	0,4	ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)
peg.2047	909	94,6	85,1	78,7	185,2	172,2	188,6	1,0	0,5	Aldose 1-epimerase
peg.2048	483	1393,6	1387,9	1103,7	1434,5	1457,2	1491,8	1,0	0,9	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD (EC 5.2.1.8)
peg.2049	165	1895,2	2022,8	1684,1	1846,5	1835,6	1716,9	0,9	1,0	hypothetical protein
peg.2050	699	118,5	134,4	135,2	114,3	123,0	100,7	1,0	1,1	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E (EC 4.2.1.70)
peg.2051	243	311,8	350,7	354,7	250,7	269,0	260,4	1,0	1,3	NUDIX hydrolase
peg.2052	1104	200,1	210,1	221,9	137,7	145,6	129,6	1,0	1,5	tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)
peg.2053	633	148,9	157,3	169,7	124,8	124,1	120,2	1,0	1,3	FIG002903: a protein of unknown function perhaps involved in purine metabolism
peg.2054	900	170,9	183,0	166,4	57,7	67,2	129,0	1,0	2,0	Transposase2C IS982 family
peg.2055	2538	291,1	311,2	257,4	166,4	182,7	168,0	1,0	1,7	Aconitate hydratase 2 (EC 4.2.1.3)
peg.2056	1368	135,4	118,8	107,1	144,9	144,2	143,6	1,0	0,8	Adenylosuccinate lyase (EC 4.3.2.2)
peg.2057	507	113,3	108,9	104,9	140,5	133,7	137,3	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2058	783	100,3	102,3	116,9	118,5	122,9	113,6	0,9	0,9	putative secretion system protein
peg.2059	651	142,4	153,9	182,0	156,5	159,9	154,0	0,1	1,0	Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)
peg.2060	1038	598,0	716,8	733,3	415,9	448,6	431,5	1,0	1,6	diguanylate cyclase
peg.2061	1209	543,9	641,4	695,6	349,8	363,5	323,9	1,0	1,8	Argininosuccinate synthase (EC 6.3.4.5)
peg.2062	786	92,3	66,2	67,2	157,7	131,5	150,8	1,0	0,5	Methyl-directed repair DNA adenine methylase (EC 2.1.1.72)
peg.2063	1794	340,7	236,2	192,7	334,2	287,1	311,7	1,0	0,8	Dihydroliipoamide dehydrogenase of pyruvate dehydrogenase complex (EC 1.8.1.4)
peg.2064	1320	321,5	250,2	215,2	362,7	322,7	365,7	1,0	0,7	Dihydroliipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)
peg.2065	2655	383,5	301,8	268,5	438,5	393,9	431,5	1,0	0,8	Pyruvate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.1)
peg.2066	603	31,9	32,1	29,4	36,2	36,8	33,4	0,9	0,9	FIG001196: putative membrane protein
peg.2067	957	61,3	53,4	47,9	49,9	53,7	51,2	0,5	1,1	Putative sulfite oxidase subunit YedY
peg.2068	636	61,6	51,8	55,3	66,8	72,7	67,3	1,0	0,8	FIG01057559: hypothetical protein
peg.2069	294	157,7	163,8	132,3	186,6	210,3	189,7	1,0	0,8	FIG024746: hypothetical protein
peg.2070	621	64,4	62,1	56,5	61,9	65,8	64,8	0,6	1,0	RNA polymerase sigma factor RpoE
peg.2071	240	116,3	108,9	88,9	104,4	119,1	103,2	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.2072	246	144,6	140,9	121,2	129,8	138,2	140,4	0,0	1,0	protein of unknown function DUF1244
peg.2073	2034	55,8	47,0	45,8	33,7	34,5	32,5	1,0	1,5	Dipeptide transport ATP-binding protein DppF (TC 3.A.1.5.2)
peg.2074	1410	61,4	53,9	66,0	41,5	43,6	40,5	1,0	1,4	Oligopeptide transport system permease protein
peg.2075	963	306,7	309,4	329,7	205,2	217,8	193,1	1,0	1,5	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)
peg.2076	1089	470,2	494,3	490,3	294,0	302,0	282,0	1,0	1,7	Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Prephenate dehydratase (EC 4.2.1.51)
peg.2077	1080	691,0	750,1	727,7	390,3	409,6	357,0	1,0	1,9	Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)
peg.2078	2580	1101,0	1275,4	1201,0	366,7	430,5	354,3	1,0	3,1	DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)
peg.2079	642	184,7	188,2	186,7	113,0	124,5	104,9	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2080	516	218,0	256,0	245,4	148,5	161,8	147,3	1,0	1,6	Adenine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.7)
peg.2081	843	155,6	168,6	164,8	121,4	124,5	116,0	1,0	1,4	Thrombospondin type 3 repeat:OmpA/MotB
peg.2082	1470	94,8	85,3	84,2	129,1	124,7	125,6	1,0	0,7	Phosphomethylpyrimidine kinase (EC 2.7.4.7) / Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)
peg.2083	798	111,2	103,5	94,3	156,6	156,7	157,6	1,0	0,7	Thiazole biosynthesis protein ThiG
peg.2085	1080	85,9	68,7	69,3	152,4	154,5	154,3	1,0	0,5	Glycine oxidase ThiO (EC 1.4.3.19)
peg.2086	1812	103,2	87,7	85,8	155,9	169,3	164,8	1,0	0,6	Thiamin biosynthesis protein ThiC
peg.2087	549	48,8	55,9	47,2	23,0	26,2	25,6	1,0	2,0	Smr domain protein
peg.2088	777	49,4	53,9	48,7	36,1	42,2	35,4	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.2089	2934	108,3	133,8	123,1	83,5	98,7	88,4	1,0	1,3	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2090	1284	97,3	107,2	99,3	79,0	89,0	83,0	1,0	1,2	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2091	120	84,1	88,5	76,0	79,1	85,1	76,7	0,3	1,0	hypothetical protein
peg.2092	147	63,1	57,6	58,9	58,9	59,0	54,1	0,5	1,0	hypothetical protein
peg.2093	3327	59,0	52,5	55,9	79,0	79,2	76,5	1,0	0,7	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)

peg.2094	483	92,0	69,0	82,3	135,9	147,6	135,4	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.2095	1374	186,5	138,4	149,1	131,4	139,3	139,2	1,0	1,2	FIG01161051: hypothetical protein
peg.2096	567	213,6	172,1	200,5	244,8	264,9	261,3	1,0	0,8	amino acid-binding ACT domain protein
peg.2097	363	167,2	147,1	153,4	268,1	279,6	256,1	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.2098	333	112,4	105,1	112,6	111,3	123,2	114,9	0,7	0,9	hypothetical protein
peg.2099	153	78,9	74,5	81,0	83,6	92,3	76,2	0,8	0,9	ISSod6 transposase2C IS1301
peg.2100	528	35,6	31,2	31,1	37,2	40,6	36,7	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.2101	681	32,2	29,6	32,4	32,2	35,5	32,8	0,7	0,9	Lipase (EC 3.1.1.3)
peg.2102	537	45,1	45,1	41,2	35,6	40,5	39,5	0,9	1,1	Glutathione peroxidase (EC 1.11.1.9)
peg.2103	1653	26,6	21,8	19,0	18,3	19,3	18,5	0,9	1,2	ABC transporter2C ATPase subunit (EC:3.6.3.25)
peg.2104	1197	32,0	26,5	24,9	21,8	23,4	22,3	1,0	1,2	Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)
peg.2105	1383	27,6	20,9	21,0	17,9	19,6	17,8	1,0	1,3	Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)
peg.2106	1881	50,3	46,2	44,6	40,7	44,0	44,2	0,8	1,1	Oligopeptide ABC transporter2C periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)
peg.2107	924	87,2	87,2	78,0	60,3	68,6	63,4	1,0	1,3	UPF0028 protein YchK
peg.2108	213	119,2	109,5	168,2	136,1	121,7	134,5	0,0	1,0	hypothetical protein
peg.2109	1377	60,1	56,9	56,7	43,8	47,3	48,2	1,0	1,2	Metallo-beta-lactamase family protein2C RNA-specific
peg.2110	291	327,6	287,6	283,0	431,9	420,6	401,8	1,0	0,7	Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)
peg.2111	1785	204,7	127,9	119,5	215,9	201,3	209,6	1,0	0,7	Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)
peg.2112	1134	142,0	84,1	77,4	145,5	128,7	137,3	1,0	0,7	Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)
peg.2113	399	99,1	83,7	78,8	206,0	190,7	206,4	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2114	120	84,0	79,2	72,3	187,0	186,7	172,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2115	222	64,3	59,3	61,8	106,0	115,4	118,4	1,0	0,5	FIG002958: hypothetical protein
peg.2116	273	85,2	94,7	114,2	75,0	82,3	199,8	0,9	0,8	Arsenical resistance operon repressor
peg.2117	486	18,7	23,1	26,6	13,5	18,6	63,3	0,9	0,7	Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)
peg.2118	1035	17,5	19,4	26,2	15,1	18,4	29,1	0,0	1,0	Arsenical-resistance protein ACR3
peg.2119	1002	18,3	18,4	24,3	18,3	22,4	24,1	0,4	0,9	NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)
peg.2120	672	39,1	50,8	62,5	28,4	36,4	31,4	1,0	1,6	Alkylated DNA repair protein AlkB
peg.2121	168	116,8	145,3	154,0	61,9	78,7	70,4	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.2122	540	119,3	137,7	148,7	52,0	67,7	63,2	1,0	2,2	ADA regulatory protein / Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)
peg.2123	408	97,6	108,4	119,1	101,9	110,1	111,0	0,0	1,0	hypothetical protein
peg.2124	1029	49,3	60,4	70,9	61,5	68,3	67,6	0,8	0,9	flavin oxidoreductase/NADH oxidase(EC:1.6.99.1)
peg.2125	1707	76,1	85,6	78,7	51,7	59,8	53,7	1,0	1,5	sodium/hydrogen exchanger
peg.2126	645	84,5	97,3	100,0	76,1	89,3	78,6	0,9	1,2	multiple antibiotic resistance (MarC)-related proteins
peg.2127	450	114,5	139,4	134,2	95,9	108,1	97,8	1,0	1,3	Hypothetical protein involved in heavy metal export
peg.2128	1272	30,4	39,6	50,0	39,1	51,2	45,8	0,8	0,9	Error-prone2C lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)
peg.2129	432	51,5	69,7	85,7	33,5	38,9	34,3	1,0	1,9	Error-prone repair protein UmuD
peg.2130	576	34,5	34,8	32,3	67,2	68,5	62,4	1,0	0,5	FIG00509139: hypothetical protein
peg.2131	528	44,8	41,3	41,0	84,2	103,6	106,2	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2132	318	96,9	129,1	109,8	35,7	33,4	34,2	1,0	3,3	Ribosomal subunit interface protein
peg.2133	3864	33,2	37,9	38,4	47,3	44,3	48,4	1,0	0,8	Type I restriction-modification system2C restriction subunit R (EC 3.1.21.3)
peg.2134	411	55,4	59,7	63,3	33,5	29,1	33,1	1,0	1,9	nucleotidyltransferase substrate-binding protein
peg.2135	1239	34,9	38,0	37,6	45,1	39,4	45,5	1,0	0,8	Type I restriction-modification system2C specificity subunit S (EC 3.1.21.3)
peg.2136	1596	25,4	22,8	23,7	45,0	39,6	46,6	1,0	0,5	Type I restriction-modification system2C DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)
peg.2137	1005	24,4	21,3	21,7	67,6	65,9	66,2	1,0	0,3	Putative DNA-binding protein in cluster with Type I restriction-modification system
peg.2138	915	39,0	35,4	35,2	4,5	5,1	5,0	1,0	7,5	mrr restriction system protein
peg.2139	1026	3,8	3,5	5,4	6,3	7,2	7,5	1,0	0,6	transcriptional regulator2C AraC family
peg.2140	915	4,4	4,7	5,2	8,2	9,6	8,6	1,0	0,5	GGDEF domain protein
peg.2141	2505	7,2	7,8	8,2	6,0	6,6	6,1	1,0	1,2	TonB-dependent receptor
peg.2142	1881	7,0	7,4	8,6	7,7	8,5	8,0	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.2143	702	9,5	9,9	12,0	10,2	10,5	11,2	0,1	1,0	MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein
peg.2144	450	12,3	12,6	13,7	16,1	18,7	16,6	1,0	0,8	Biopolymer transport protein ExbD/TolR
peg.2145	840	18,4	18,9	18,9	29,4	31,7	30,8	1,0	0,6	Ferric siderophore transport system2C periplasmic binding protein TonB
peg.2146	1974	26,9	28,7	27,5	63,7	67,1	68,4	1,0	0,4	Putative phosphatase
peg.2147	306	52,1	51,0	55,1	32,1	36,2	33,7	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2148	492	25,9	27,0	29,9	43,6	50,8	51,5	1,0	0,6	Transcriptional regulator2C AraC family
peg.2149	462	36,0	41,6	49,7	82,4	91,8	90,2	1,0	0,5	Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)
peg.2150	501	70,2	83,1	93,7	103,4	119,0	128,3	1,0	0,7	Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)
peg.2151	426	114,7	141,2	136,9	59,5	70,6	66,6	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.2152	600	74,7	80,7	78,8	103,7	113,2	107,2	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2153	120	69,4	80,9	84,4	72,3	78,8	75,0	0,4	1,0	hypothetical protein
peg.2154	915	51,9	58,3	59,7	42,4	46,9	46,9	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.2155	1866	27,6	28,7	29,5	156,5	179,0	159,5	1,0	0,2	FIG00856825: hypothetical protein
peg.2156	492	130,2	142,5	152,2	57,6	59,4	59,4	1,0	2,4	tmRNA-binding protein SmpB
peg.2157	1389	31,3	30,2	29,2	159,4	165,2	188,2	1,0	0,2	Sodium-dependent transporter family protein
peg.2158	441	119,6	118,7	115,8	114,5	111,8	127,6	0,0	1,0	Putative oligoketide cyclase/lipid transport protein2C similarity with yeast ubiquinone-binding protein YOL008W
peg.2159	327	75,0	76,0	78,9	52,5	51,2	52,6	1,0	1,5	UPF0125 protein yjfi

peg.2160	807	37,2	37,2	37,1	33,7	35,5	33,3	0,8	1,1	COG2833: uncharacterized protein
peg.2161	981	32,9	29,3	29,7	18,2	22,2	19,6	1,0	1,5	Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)
peg.2162	360	15,0	12,4	10,8	35,2	35,1	39,8	1,0	0,3	Rhodanese domain protein
peg.2163	717	27,0	29,7	25,6	26,9	29,7	32,2	0,7	0,9	hypothetical protein
peg.2164	849	24,5	27,9	26,0	31,2	31,6	32,7	1,0	0,8	FIG023677: hypothetical protein
peg.2165	744	19,1	20,0	22,4	388,9	431,0	389,0	1,0	0,1	FIG005107: hypothetical protein
peg.2166	633	854,7	858,7	782,7	432,5	512,2	439,4	1,0	1,8	4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)
peg.2167	1824	1242,4	1312,6	1174,5	64,7	60,8	62,0	1,0	19,9	Phosphogluconate dehydratase (EC 4.2.1.12)
peg.2168	687	24,6	22,6	20,0	39,1	40,1	43,5	1,0	0,5	tRNA (guanine46-N7)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)
peg.2169	1302	28,3	22,6	20,4	52,2	50,7	53,9	1,0	0,5	Long-chain fatty acid transport protein
peg.2170	1815	42,6	38,7	36,5	100,5	98,5	97,8	1,0	0,4	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)
peg.2171	1305	124,3	106,8	108,0	166,7	166,2	163,9	1,0	0,7	Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)
peg.2172	858	268,1	218,3	200,1	147,0	155,4	150,2	1,0	1,5	Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)
peg.2173	828	223,2	176,2	152,9	240,7	259,8	246,2	1,0	0,7	Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)
peg.2174	1221	330,2	284,8	269,1	211,1	224,5	201,1	1,0	1,4	Tryptophan synthase beta chain (EC 4.2.1.20)
peg.2175	183	314,0	293,6	289,8	147,4	139,4	143,0	1,0	2,1	Phosphoribosylanthranilate isomerase (EC 5.3.1.24)
peg.2177	780	197,1	191,0	176,2	203,7	205,1	202,6	0,9	0,9	tRNA pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)
peg.2178	2940	220,0	223,8	195,5	252,7	260,2	266,4	1,0	0,8	LysM domain protein
peg.2179	1041	328,9	311,3	271,9	172,4	178,6	179,9	1,0	1,7	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)
peg.2180	1071	205,7	177,2	156,9	158,2	164,2	163,0	0,9	1,1	3-isopropylmalate dehydrogenase (EC 1.1.1.85)
peg.2181	600	233,5	213,4	191,5	333,0	330,1	311,0	1,0	0,7	3-isopropylmalate dehydratase small subunit (EC 4.2.1.33)
peg.2182	897	179,5	181,4	176,2	195,0	199,0	202,3	1,0	0,9	Flagellar motor rotation protein MotB
peg.2183	774	308,0	335,6	330,5	64,4	64,1	61,9	1,0	5,1	Flagellar motor rotation protein MotA
peg.2184	2163	38,8	42,0	39,7	214,6	213,7	237,5	1,0	0,2	Dipeptide-binding ABC transporter2C periplasmic substrate-binding component (TC 3.A.1.5.2)
peg.2185	789	101,1	83,9	73,2	33,8	33,8	34,4	1,0	2,5	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH] (EC 1.3.1.9)
peg.2186	1218	18,6	19,0	17,6	27,5	28,8	36,8	1,0	0,6	Proton/glutamate symport protein @ Sodium/glutamate symport protein
peg.2187	255	15,2	15,9	16,9	62,7	68,8	68,1	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.2188	1386	90,6	90,7	113,0	592,6	599,9	550,6	1,0	0,2	HIP A PROTEIN
peg.2189	1893	1341,4	1256,5	1379,8	1755,6	1717,3	2028,6	1,0	0,7	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiD (EC 5.2.1.8)
peg.2190	273	1647,7	1694,5	1521,0	158,2	164,8	153,5	1,0	10,2	DNA-binding protein HU-beta
peg.2191	795	219,1	244,7	266,4	122,8	126,6	118,2	1,0	2,0	Dimethyladenosine transferase (EC 2.1.1.-)
peg.2192	996	211,5	223,6	224,0	107,1	110,5	105,2	1,0	2,0	4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.262)
peg.2193	1266	160,1	157,0	158,1	97,5	106,4	100,3	1,0	1,6	Survival protein SurA precursor (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SurA) (EC 5.2.1.8)
peg.2194	2247	112,1	125,9	119,7	402,5	408,9	369,1	1,0	0,3	Outer membrane protein Imp2C required for envelope biogenesis / Organic solvent tolerance protein precursor
peg.2195	687	177,6	163,1	200,7	108,3	108,1	106,4	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.2196	996	64,8	62,7	69,3	67,7	71,0	68,6	0,6	0,9	FIG000906: Predicted Permease
peg.2197	1077	74,6	78,5	70,6	278,3	320,5	294,4	1,0	0,3	FIG000988: Predicted permease
peg.2198	1488	449,5	491,7	449,3	195,1	199,4	196,0	1,0	2,4	Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)
peg.2199	435	379,3	392,9	365,4	133,4	122,4	126,7	1,0	3,0	DNA polymerase III chi subunit (EC 2.7.7.7)
peg.2200	2754	191,9	189,1	190,8	53,6	66,0	67,5	1,0	3,1	Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)
peg.2201	1629	82,3	122,5	127,6	92,6	108,9	104,1	0,7	1,1	Selenoprotein O and cysteine-containing homologs
peg.2202	1107	116,5	164,0	176,2	253,8	262,8	252,0	1,0	0,6	PQQ-dependent oxidoreductase2C gdhB family
peg.2203	468	84,6	75,1	83,1	381,9	424,0	391,1	1,0	0,2	Transcription elongation factor GreB
peg.2204	1347	122,9	104,2	100,6	103,8	135,1	97,3	0,2	1,0	Malate:quinone oxidoreductase (EC 1.1.5.4)
peg.2205	4350	112,3	117,8	81,4	172,7	261,5	164,7	1,0	0,5	conserved hypothetical protein2C conserved
peg.2206	1836	267,4	272,1	223,8	199,4	198,0	193,4	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.2207	1218	176,5	146,8	138,9	170,0	188,2	156,2	0,9	0,9	O-acetylhomoserine sulfhydrylase (EC 2.5.1.49) / O-succinylhomoserine sulfhydrylase (EC 2.5.1.48)
peg.2208	1887	249,0	145,9	121,3	350,6	398,9	331,1	1,0	0,5	Outer membrane vitamin B12 receptor BtuB
peg.2209	576	759,8	690,6	582,4	132,4	148,1	126,2	1,0	5,0	Optional hypothetical component of the B12 transporter BtuM
peg.2210	1293	240,7	196,0	185,5	28,3	29,3	27,0	1,0	7,4	Cobyrinic acid A2CC-diamide synthase
peg.2211	663	42,9	30,0	24,5	46,5	47,5	41,2	1,0	0,7	Cobalamin biosynthesis protein BluB @ 52C6-dimethylbenzimidazole synthase2C flavin destructase family
peg.2212	909	68,8	59,8	57,7	67,4	63,7	61,4	0,3	1,0	Adenosylcobinamide-phosphate synthase
peg.2213	990	66,7	50,8	48,0	47,5	44,0	44,0	1,0	1,2	L-threonine 3-O-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.81)
peg.2214	1467	39,2	27,6	24,9	68,7	67,3	60,4	1,0	0,5	Cobyrinic acid synthase
peg.2215	519	50,4	36,7	34,0	82,7	81,7	79,1	1,0	0,5	Adenosylcobinamide-phosphate guanlyltransferase (EC 2.7.7.62)
peg.2216	1062	74,5	58,7	54,2	57,8	61,8	56,2	0,6	1,1	Nicotinate-nucleotide--dimethylbenzimidazole phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.21)
peg.2217	723	80,4	72,9	70,4	72,2	77,4	68,0	0,3	1,0	Cobalamin synthase
peg.2218	609	71,9	63,0	60,3	235,0	278,2	255,2	1,0	0,3	Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)
peg.2219	2250	328,8	377,2	342,1	482,8	600,5	589,3	1,0	0,6	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA
peg.2220	339	768,8	857,1	827,1	372,8	445,0	500,0	1,0	1,9	ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS
peg.2221	312	495,3	476,5	442,5	252,6	251,8	241,4	1,0	1,9	Glutaredoxin-related protein
peg.2222	831	151,3	135,3	119,0	439,6	449,2	421,9	1,0	0,3	Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)
peg.2223	528	508,0	482,3	466,7	40,6	44,4	41,4	1,0	11,5	Inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)
peg.2224	810	72,2	84,2	83,7	43,7	50,6	47,7	1,0	1,7	Protein of unknown function DUF81
peg.2225	1269	72,4	84,4	76,3	92,3	105,8	106,0	1,0	0,8	MATE efflux family protein
peg.2226	201	129,3	162,1	120,5	39,7	41,9	39,6	1,0	3,4	hypothetical protein

peg.2227	813	38,5	38,8	37,0	162,4	180,1	164,4	1,0	0,2	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)
peg.2228	459	295,2	354,2	351,0	134,6	156,6	159,0	1,0	2,2	hypothetical protein
peg.2229	336	248,8	300,6	273,9	102,9	116,1	100,4	1,0	2,6	phenylpyruvate tautomerase2C putative
peg.2230	1716	228,4	249,6	214,2	85,6	90,8	81,3	1,0	2,7	Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15)2C bacterial type
peg.2231	1530	178,7	199,9	181,0	92,0	89,4	84,0	1,0	2,1	Fumarate hydratase class I2C aerobic (EC 4.2.1.2)
peg.2232	453	134,0	156,5	131,2	78,7	80,2	74,6	1,0	1,8	putative exported protein
peg.2233	645	149,4	169,1	151,7	53,6	58,9	51,0	1,0	2,9	Lytic transglycosylase
peg.2234	615	49,2	53,6	56,6	30,6	36,5	31,1	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2235	522	27,9	22,1	24,8	50,5	57,7	57,5	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2236	681	28,4	26,0	28,3	33,7	39,6	34,5	1,0	0,8	putative membrane protein
peg.2237	1569	36,2	40,6	44,1	26,5	29,4	29,2	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2238	2733	31,3	31,5	32,7	62,8	72,2	61,5	1,0	0,5	Cation transporting ATPase2C N-terminal:Haloacid dehalogenase-like hydrolase:Cation transporting ATPase2C C-terminal:E1-E2 ATPase-associated region
peg.2239	741	35,6	36,1	45,2	48,6	52,4	49,3	1,0	0,8	Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases
peg.2240	459	40,1	40,4	59,1	30,3	35,0	30,9	1,0	1,5	UPF0225 protein YchJ
peg.2241	1716	42,6	46,8	75,4	201,2	220,6	200,5	1,0	0,3	Putative hemolysin
peg.2242	381	240,8	243,8	277,1	97,6	91,1	96,0	1,0	2,7	Aspartate 1-decarboxylase (EC 4.1.1.11)
peg.2243	855	59,5	49,1	44,0	83,6	74,2	80,4	1,0	0,6	Pantoate--beta-alanine ligase (EC 6.3.2.1)
peg.2244	795	62,4	48,2	39,4	108,4	94,9	104,3	1,0	0,5	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)
peg.2245	660	52,6	42,4	39,5	153,7	125,1	144,0	1,0	0,3	Deoxyadenosine kinase (EC 2.7.1.76) / Deoxyguanosine kinase (EC 2.7.1.113)
peg.2246	489	65,7	58,8	60,5	175,9	159,0	166,1	1,0	0,4	2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)
peg.2247	1374	101,3	98,4	108,2	82,4	67,6	76,1	1,0	1,4	Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)
peg.2248	573	38,8	31,1	33,6	57,7	47,7	53,6	1,0	0,6	Ribonuclease HIII (EC 3.1.26.4)
peg.2249	1131	33,1	24,8	25,4	106,9	94,2	104,4	1,0	0,3	Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)
peg.2250	1107	84,9	69,0	65,9	159,2	144,6	156,6	1,0	0,5	32C4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)
peg.2251	642	118,6	88,7	85,3	103,0	95,4	102,9	0,2	1,0	Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)
peg.2252	1098	65,4	46,4	42,2	224,4	201,0	221,5	1,0	0,2	Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26) / 5-amino-6-(5-phosphoribosylamino)uracil reductase (EC 1.1.1.193)
peg.2253	474	126,0	87,2	78,2	424,9	411,5	454,3	1,0	0,2	Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR
peg.2254	1254	280,3	219,2	189,7	41,6	44,8	44,0	1,0	5,3	Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)
peg.2255	864	23,7	21,8	21,7	399,9	378,5	382,5	1,0	0,1	2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)
peg.2256	1296	435,8	378,4	383,7	449,9	442,0	414,0	1,0	0,9	Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)
peg.2257	1191	565,9	508,4	502,2	634,0	624,1	604,3	1,0	0,8	ATP phosphoribosyltransferase regulatory subunit (EC 2.4.2.17)
peg.2258	153	717,0	716,6	749,1	639,7	614,8	609,4	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.2259	873	730,3	716,0	695,5	590,9	605,1	570,8	1,0	1,2	HfK protein
peg.2260	1209	755,1	759,5	749,3	605,0	598,7	596,7	1,0	1,3	HfK protein
peg.2261	1146	496,0	492,5	556,6	964,4	963,9	921,2	1,0	0,5	GTP-binding protein HfX
peg.2262	225	715,2	748,5	713,7	715,6	648,2	678,2	1,0	1,1	RNA-binding protein Hfq
peg.2263	957	540,8	592,5	621,4	1392,4	1326,0	1239,2	1,0	0,4	tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (EC 2.5.1.8)
peg.2264	1260	879,2	919,9	971,1	96,0	108,5	107,1	1,0	8,9	Transcription termination factor Rho
peg.2265	564	102,7	135,3	130,8	398,6	354,5	330,6	1,0	0,3	Starvation lipoprotein Slp paralog
peg.2266	123	7489,3	6078,2	5927,0	3263,4	3248,2	3511,4	1,0	1,9	hypothetical protein
peg.2267	327	3126,4	3077,2	3873,3	4225,3	4072,3	4053,6	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L17p
peg.2268	984	5575,3	5944,9	6794,9	5489,4	5325,9	5044,7	1,0	1,2	DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)
peg.2269	621	6543,0	7140,7	8051,9	4500,5	4506,3	4437,2	1,0	1,6	SSU ribosomal protein S4p (S9e)
peg.2270	390	5099,3	5567,4	6630,6	5096,1	5140,9	4773,0	1,0	1,2	SSU ribosomal protein S11p (S14e)
peg.2271	354	6056,3	6467,7	7607,8	1993,0	1871,9	1903,2	1,0	3,5	SSU ribosomal protein S13p (S18e)
peg.2272	1353	2343,1	2277,3	2416,7	2946,9	2847,0	2847,8	1,0	0,8	Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)
peg.2273	435	3608,9	3678,4	3658,4	4795,5	4532,1	4654,7	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)
peg.2274	189	4214,9	3984,1	4218,2	2962,4	2809,2	2684,4	1,0	1,5	LSU ribosomal protein L30p (L7e)
peg.2275	510	2787,1	2600,2	2804,1	2895,3	2763,4	2820,1	1,0	1,0	SSU ribosomal protein S5p (S2e)
peg.2276	354	2689,9	2679,9	2767,3	2898,5	2744,3	2723,9	0,9	1,0	LSU ribosomal protein L18p (L5e)
peg.2277	534	2761,4	2688,6	2804,5	3992,2	3846,4	3956,8	1,0	0,7	LSU ribosomal protein L6p (L9e)
peg.2278	396	4562,4	4422,7	4634,5	4509,2	4337,7	4414,5	1,0	1,0	SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)
peg.2279	306	4756,9	4725,9	4939,6	3507,1	3315,0	3376,9	1,0	1,4	SSU ribosomal protein S14p (S29e)
peg.2280	540	3612,0	3514,6	3632,0	4443,2	4287,7	4321,3	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L5p (L11e)
peg.2281	318	5148,2	4831,6	4842,1	3498,4	3402,8	3196,4	1,0	1,5	LSU ribosomal protein L24p (L26e)
peg.2282	261	3204,2	3255,0	3348,2	3385,5	3316,9	3366,9	1,0	1,0	LSU ribosomal protein L14p (L23e)
peg.2283	261	3573,1	3809,3	4012,3	5004,0	4829,1	4984,4	1,0	0,8	SSU ribosomal protein S17p (S11e)
peg.2284	186	5026,3	5241,2	6058,7	2857,0	2683,5	2662,1	1,0	2,0	LSU ribosomal protein L29p (L35e)
peg.2285	414	3067,6	3140,3	3469,5	2954,2	2836,1	2973,9	1,0	1,1	LSU ribosomal protein L16p (L10e)
peg.2286	567	4010,4	4176,9	4457,8	2699,1	2347,5	2459,7	1,0	1,7	SSU ribosomal protein S3p (S3e)
peg.2287	333	2931,1	2525,6	2551,3	3093,0	2766,0	3055,3	1,0	0,9	LSU ribosomal protein L22p (L17e)
peg.2288	162	3890,0	3275,7	3433,8	2217,4	2022,2	2121,2	1,0	1,7	SSU ribosomal protein S19p (S15e)
peg.2289	828	2734,6	2257,9	2337,8	3199,9	2925,3	3147,8	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L2p (L8e)
peg.2290	294	3364,1	2783,0	3065,3	2088,6	1915,7	2063,4	1,0	1,5	LSU ribosomal protein L23p (L23Ae)
peg.2291	618	2294,0	1962,8	2032,4	3524,2	3220,0	3390,1	1,0	0,6	LSU ribosomal protein L4p (L1e)
peg.2292	633	3778,9	3187,4	3350,2	4222,0	3964,4	4075,8	1,0	0,8	LSU ribosomal protein L3p (L3e)
peg.2293	315	4615,0	4022,6	4382,1	2860,8	2852,0	2829,2	1,0	1,5	SSU ribosomal protein S10p (S20e)

peg.2294	1191	3656,6	3027,5	3165,1	1293,3	1315,4	1203,2	1,0	2,6	Translation elongation factor Tu
peg.2295	2055	1157,7	1154,8	1384,2	3753,3	3626,0	3637,6	1,0	0,3	Translation elongation factor G
peg.2296	471	2412,9	2408,8	2928,1	4147,1	4071,0	3790,3	1,0	0,6	SSU ribosomal protein S7p (S5e)
peg.2297	375	2698,7	2699,9	3344,6	707,2	656,7	667,6	1,0	4,3	SSU ribosomal protein S12p (S23e)
peg.2298	4194	1026,2	788,5	732,2	778,8	703,5	745,0	1,0	1,1	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit (EC 2.7.7.6)
peg.2299	4077	911,0	740,5	728,5	3915,9	3233,6	3918,5	1,0	0,2	DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)
peg.2300	375	2641,2	2440,7	2495,8	4787,7	4005,4	4870,8	1,0	0,6	LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)
peg.2301	528	3604,0	3461,4	3643,4	2384,0	2385,6	2362,1	1,0	1,5	LSU ribosomal protein L10p (P0)
peg.2302	693	4691,5	4671,5	4569,4	2814,9	2732,5	2722,4	1,0	1,7	LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)
peg.2303	435	4227,8	4074,9	4346,0	1611,8	1690,6	1592,6	1,0	2,6	LSU ribosomal protein L11p (L12e)
peg.2304	534	3294,3	3518,3	3835,9	1478,1	1547,9	1462,1	1,0	2,4	Transcription antitermination protein NusG
peg.2305	339	2658,3	2722,8	3090,9	2662,5	2667,7	2606,5	1,0	1,1	Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)
peg.2307	546	344,9	349,2	339,3	202,3	210,2	202,0	1,0	1,7	ATP-dependent protease HslV (EC 3.4.25.-)
peg.2308	1329	319,3	279,4	294,5	325,4	336,5	319,9	1,0	0,9	ATP-dependent hsl protease ATP-binding subunit HslU
peg.2309	366	581,4	540,0	554,3	234,5	248,0	238,4	1,0	2,3	COG3536: Uncharacterized protein conserved in bacteria
peg.2310	747	442,0	400,6	412,5	180,7	191,9	169,4	1,0	2,3	Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-)
peg.2311	603	357,0	310,7	328,3	117,6	118,2	111,8	1,0	2,9	Protein YigP (COG3165) clustered with ubiquinone biosynthetic genes
peg.2312	1668	195,0	171,9	180,1	86,2	92,8	90,6	1,0	2,0	Ubiquinone biosynthesis monooxygenase UbiB
peg.2313	1668	127,9	155,4	159,1	74,4	72,2	72,7	1,0	2,0	Formate-tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3)
peg.2314	609	76,6	90,1	99,6	94,8	94,1	90,8	0,5	1,0	3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxylase UbiX (EC 4.1.1.-)
peg.2315	1356	83,1	91,8	101,0	154,3	165,0	153,2	1,0	0,6	UDP-N-acetylmuramate-L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.-)
peg.2316	513	159,6	189,9	217,2	126,4	147,6	138,2	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2317	957	171,8	219,5	231,9	131,9	148,9	128,8	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2318	240	124,0	163,3	184,4	307,3	318,1	316,8	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2319	252	252,1	317,0	334,7	156,8	137,1	155,1	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.2320	951	115,3	87,9	83,9	174,8	143,0	171,2	1,0	0,6	Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)
peg.2321	1857	86,2	67,2	56,4	443,8	403,6	451,9	1,0	0,2	Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)
peg.2322	330	220,6	202,1	191,0	161,2	160,3	166,3	1,0	1,3	Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)
peg.2323	1107	125,4	132,0	132,5	145,0	149,4	158,2	1,0	0,9	tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)
peg.2324	693	109,6	115,1	119,7	270,9	263,5	307,9	1,0	0,4	Orotidine 5'-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)
peg.2325	1158	175,1	178,2	159,4	199,3	230,6	188,3	1,0	0,8	Methyl-accepting chemotaxis protein
peg.2326	1272	152,0	152,6	124,1	120,4	135,0	129,1	0,9	1,1	Flagellar hook-length control protein FliK
peg.2327	1347	136,8	157,3	144,9	177,7	187,8	181,1	1,0	0,8	Putative bacterial haemoglobin
peg.2328	717	185,2	211,6	197,7	77,9	86,2	79,1	1,0	2,4	chromosome partitioning protein transcriptional regulator
peg.2329	465	65,4	61,6	69,0	58,7	69,2	58,3	0,5	1,1	hypothetical protein
peg.2330	1893	63,2	68,0	62,4	146,0	186,3	155,9	1,0	0,4	Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)
peg.2331	363	140,8	151,8	138,1	162,2	225,6	150,9	1,0	0,8	Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY
peg.2332	249	135,8	145,3	143,5	92,3	111,0	95,1	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2333	417	68,2	76,8	75,0	95,3	117,4	93,6	1,0	0,7	Flagellar protein FliJ
peg.2334	1419	97,3	97,1	95,6	178,8	232,9	177,5	1,0	0,5	Flagellum-specific ATP synthase FliI
peg.2335	687	271,2	271,2	231,3	176,5	232,9	179,7	1,0	1,3	Flagellar assembly protein FliH
peg.2336	1011	258,5	279,3	236,4	126,6	206,8	125,7	1,0	1,7	Flagellar motor switch protein FliG
peg.2337	1692	198,1	190,0	147,9	296,5	586,0	268,7	1,0	0,5	Flagellar M-ring protein FliF
peg.2338	333	445,9	448,8	328,7	104,5	208,5	101,5	1,0	3,0	Flagellar hook-basal body complex protein FliE
peg.2339	1386	167,6	175,6	117,8	210,0	413,0	201,5	1,0	0,6	Flagellar regulatory protein FleQ
peg.2340	1188	319,9	311,7	241,3	142,8	168,5	160,9	1,0	1,8	Flagellar sensor histidine kinase FleS
peg.2341	1488	199,0	244,2	238,3	235,6	243,8	242,0	0,8	0,9	Flagellar regulatory protein FleQ
peg.2342	318	225,3	231,0	268,4	212,7	235,7	222,0	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.2343	390	287,1	278,1	309,7	417,9	497,2	450,1	1,0	0,6	Flagellar biosynthesis protein FliS
peg.2344	1362	641,1	689,9	710,5	837,7	785,7	981,2	1,0	0,8	Flagellar hook-associated protein FliD
peg.2345	402	1084,3	1237,2	1608,1	1771,9	1608,6	2029,9	1,0	0,7	Flagellar protein FlaG protein
peg.2346	834	2619,3	3002,2	4018,5	833,6	1208,6	784,3	1,0	3,4	Flagellin protein FlaA
peg.2347	837	683,6	624,1	444,2	100,3	104,5	98,3	1,0	5,8	Flagellin protein FlaA
peg.2348	4176	107,1	111,3	104,1	119,5	130,7	117,5	1,0	0,9	Glycosyl transferase2C group 2 family protein
peg.2349	795	104,1	105,2	101,4	108,3	120,3	105,2	0,8	0,9	Cephalosporin hydroxylase
peg.2350	1104	104,8	100,9	96,6	88,0	111,0	85,9	0,6	1,1	hypothetical protein
peg.2351	1164	109,0	109,1	102,3	110,0	163,1	107,3	0,9	0,8	Methyltransferase type 12
peg.2352	1020	148,6	137,0	126,9	102,4	135,2	95,7	1,0	1,2	Fe-S oxidoreductases-like
peg.2353	1200	126,6	120,3	113,3	109,0	130,3	102,6	0,6	1,1	methyltransferase FkbM family
peg.2354	1281	97,0	96,5	97,4	157,9	226,5	159,3	1,0	0,5	Glycosyl transferase2C group 1
peg.2355	1023	153,3	143,1	130,4	67,2	85,8	63,7	1,0	2,0	Radical SAM domain protein
peg.2356	846	72,4	64,4	66,0	67,1	73,3	65,2	0,1	1,0	UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)
peg.2357	1227	67,6	75,0	71,2	103,8	118,5	100,0	1,0	0,7	FIG01163484: hypothetical protein
peg.2358	558	156,5	170,8	146,9	110,8	127,5	108,7	1,0	1,4	dTDP-4-dehydrorhamnose 32C5-epimerase (EC 5.1.3.13)
peg.2359	1101	135,4	149,0	131,8	173,0	209,8	180,5	1,0	0,7	Similar to CDP-glucose 42C6-dehydratase (EC 4.2.1.45)
peg.2360	768	215,2	247,6	218,7	116,0	165,0	103,9	1,0	1,8	Glucose-1-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.33)
peg.2361	906	135,8	140,2	104,2	176,5	291,0	162,3	1,0	0,6	Flagellar hook-associated protein FliL
peg.2362	1392	222,5	218,3	169,2	94,4	118,1	88,8	1,0	2,0	Flagellar hook-associated protein FliK
peg.2363	972	87,4	94,1	67,4	99,3	131,4	96,6	1,0	0,8	Flagellar protein FliJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)
peg.2364	1098	102,5	106,4	80,2	179,7	266,7	162,6	1,0	0,5	Flagellar P-ring protein FliI

peg.2365	828	152,0	142,1	120,4	434,5	565,4	402,7	1,0	0,3	Flagellar L-ring protein FlgH
peg.2366	786	241,8	211,5	184,5	246,8	300,0	225,2	1,0	0,8	Flagellar basal-body rod protein FlgG
peg.2367	744	107,4	95,0	70,1	261,2	274,7	246,1	1,0	0,3	Flagellar basal-body rod protein FlgF
peg.2368	1287	138,3	124,2	92,6	325,7	353,0	306,8	1,0	0,4	Flagellar hook protein FlgE
peg.2369	687	124,4	104,3	77,3	403,4	499,3	354,1	1,0	0,2	Flagellar basal-body rod modification protein FlgD
peg.2370	414	216,4	173,3	127,3	327,8	414,4	267,3	1,0	0,5	Flagellar basal-body rod protein FlgC
peg.2371	402	169,3	134,2	108,6	116,3	148,7	137,4	0,2	1,0	Flagellar basal-body rod protein FlgB
peg.2378	390	296,5	350,3	365,2	228,4	205,7	250,8	1,0	1,5	Type IV pilus biogenesis protein PilE
peg.2380	2004	117,0	108,9	106,5	189,8	185,5	199,2	1,0	0,6	putative hemagglutinin/hemolysin-related protein
peg.2381	423	108,4	92,3	93,1	288,9	284,8	288,2	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.2382	615	186,5	171,6	151,0	243,5	256,8	231,3	1,0	0,7	Transcriptional regulator SlmA2C TetR family
peg.2383	906	177,0	162,9	141,0	89,6	88,7	87,0	1,0	1,8	Acetylglutamate kinase (EC 2.7.2.8)
peg.2384	2244	86,5	83,0	80,8	151,5	154,5	157,8	1,0	0,5	Phosphomannomutase(EC:5.4.2.8)
peg.2385	369	162,8	149,4	144,4	59,8	63,4	57,0	1,0	2,5	Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase (EC 3.6.1.23)
peg.2386	1221	92,8	84,3	71,2	38,4	42,4	40,6	1,0	2,0	Phosphopantothenylcysteine decarboxylase (EC 4.1.1.36) / Phosphopantothenylcysteine synthetase (EC 6.3.2.5)
peg.2387	1335	52,8	51,1	47,8	66,7	76,8	72,2	1,0	0,7	Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)
peg.2388	759	84,3	84,4	78,0	61,5	68,4	67,5	1,0	1,2	FIG137478: Hypothetical protein YbgI
peg.2389	684	73,4	74,5	77,1	173,9	180,9	192,7	1,0	0,4	Probable transmembrane protein
peg.2390	834	167,0	161,4	179,9	73,2	77,1	77,7	1,0	2,2	Chemotaxis protein methyltransferase CheR (EC 2.1.1.80)
peg.2391	867	92,8	97,9	110,0	98,6	105,3	99,3	0,0	1,0	Putative NAD(P)-dependent oxidoreductase EC-YbbO
peg.2392	159	108,1	115,0	122,9	69,2	75,3	72,7	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2393	273	72,2	75,3	84,6	62,2	73,7	59,3	1,0	1,2	ISxac3 transposase
peg.2394	828	51,4	43,2	41,7	108,1	120,1	127,9	1,0	0,4	Nitrite transporter from formate/nitrite family
peg.2395	441	123,8	121,0	140,2	49,3	68,8	51,9	1,0	2,3	Cyanate hydratase (EC 4.2.1.104)
peg.2396	849	111,6	123,8	190,8	58,7	101,4	75,2	1,0	1,8	Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)
peg.2397	2586	208,2	252,5	376,7	13,8	16,6	14,2	1,0	18,8	ClpB protein
peg.2398	924	15,1	16,4	19,9	9,4	12,3	10,4	1,0	1,6	Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)
peg.2399	960	11,2	12,2	16,8	9,4	11,9	10,5	0,9	1,3	DUF1022 domain-containing protein
peg.2400	1071	18,4	19,6	24,3	14,7	18,1	15,2	1,0	1,3	Glycosyltransferase
peg.2401	999	47,0	54,3	65,9	14,9	17,3	15,0	1,0	3,5	Poly(glycerol-phosphate) alpha-glucosyltransferase (EC 2.4.1.52)
peg.2402	903	35,2	41,6	49,3	101,5	107,3	102,3	1,0	0,4	ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)
peg.2403	1248	31,1	33,5	38,7	78,1	84,3	77,7	1,0	0,4	O-Antigen Polymerase
peg.2404	675	90,3	97,8	118,8	107,5	114,4	109,6	0,8	0,9	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)
peg.2405	627	118,3	126,7	142,9	92,0	98,0	94,5	1,0	1,4	YciO family
peg.2406	831	138,3	158,6	168,7	173,6	172,1	168,7	0,9	0,9	COG06132C Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)
peg.2407	594	148,5	151,0	149,9	285,3	293,8	321,2	1,0	0,5	Intracellular septation protein IspA
peg.2408	300	192,6	197,4	225,7	204,2	202,8	225,2	0,4	1,0	YciL protein
peg.2409	270	153,0	173,9	199,8	73,5	75,5	75,2	1,0	2,3	Cell division protein BolA
peg.2410	2172	99,7	110,0	123,1	144,7	154,7	150,5	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2411	1326	249,3	246,8	257,3	212,2	232,3	208,9	1,0	1,2	TidE/PmbA protein2C part of proposed TidE/TidD proteolytic complex (PMID 12029038)
peg.2412	360	341,4	341,3	334,1	204,5	225,6	212,1	1,0	1,6	Mov34/MPN/PAD-1 family protein
peg.2413	759	442,1	470,6	442,5	126,5	136,3	130,0	1,0	3,5	Sulfur carrier protein adenyltransferase ThiF
peg.2414	849	188,3	189,4	207,0	74,7	80,5	88,2	1,0	2,4	Methylase of polypeptide chain release factors
peg.2415	1047	104,7	116,6	122,4	81,5	82,6	87,2	1,0	1,4	response regulator
peg.2416	312	90,2	88,8	99,8	74,8	72,9	71,4	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.2417	729	57,0	47,5	52,5	101,6	114,0	105,1	1,0	0,5	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)
peg.2418	822	193,8	227,5	230,2	92,7	104,9	89,6	1,0	2,3	Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)
peg.2419	756	195,2	224,6	232,1	143,3	147,6	130,3	1,0	1,5	COG1496: Uncharacterized conserved protein
peg.2420	807	142,9	138,2	153,9	122,7	120,7	118,6	1,0	1,2	Zinc transporter2C ZIP family
peg.2421	1032	140,4	146,8	162,8	126,4	130,8	126,4	1,0	1,2	ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)
peg.2425	1725	178,6	159,4	163,5	85,7	84,2	87,3	1,0	2,0	Carbamoyltransferase in large core OS assembly cluster
peg.2427	1128	112,3	116,7	128,1	85,4	93,2	86,2	1,0	1,3	UDP-glucose:(heptosyl) LPS alpha12C3-glucosyltransferase WaaG (EC 2.4.1.-)
peg.2428	1380	176,0	208,6	201,0	97,9	114,7	100,0	1,0	1,9	Serine/threonine protein kinase
peg.2429	810	211,2	253,5	245,9	82,3	104,9	93,8	1,0	2,5	Lipopolysaccharide core biosynthesis protein WaaP (EC 2.7.-.-)2C heptosyl-I-kinase
peg.2430	564	249,5	309,5	316,4	69,3	84,3	72,5	1,0	3,9	Phosphoheptose isomerase 1 (EC 5.3.1.-)
peg.2431	1200	165,5	196,5	217,2	69,2	79,4	69,4	1,0	2,7	hypothetical protein
peg.2432	807	135,6	161,0	198,2	277,2	302,7	300,1	1,0	0,6	OXIDOREDUCTASE2C ALDO/KETO REDUCTASE FAMILY
peg.2433	291	361,1	422,0	499,5	208,9	244,4	237,8	1,0	1,9	hypothetical protein
peg.2434	222	368,8	398,5	520,5	126,3	159,4	142,5	1,0	3,0	FIG00912633: hypothetical protein
peg.2435	189	310,2	335,3	387,7	112,2	130,0	118,8	1,0	2,9	prevent-host-death family protein
peg.2436	219	177,2	192,2	255,8	99,9	114,4	105,4	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.2437	507	128,9	144,9	172,5	67,2	80,9	69,7	1,0	2,0	FIG01205913: hypothetical protein
peg.2438	141	87,1	80,6	127,5	53,4	62,7	53,5	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.2439	429	63,1	74,7	101,6	148,8	166,6	169,9	1,0	0,5	LigB family enzyme
peg.2440	318	269,8	312,9	337,6	178,8	189,9	202,0	1,0	1,6	CodB-like toxin protein
peg.2441	246	310,6	368,3	402,2	90,2	91,6	91,1	1,0	4,0	Acetoacetyl-CoA synthase
peg.2442	1446	97,7	105,5	100,0	72,0	64,2	68,2	1,0	1,5	ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase
peg.2443	1038	46,3	44,6	42,5	212,2	219,2	217,6	1,0	0,2	Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)

peg.2444	957	238,8	256,6	251,4	511,8	571,4	548,6	1,0	0,5	Homoserine kinase (EC 2.7.1.39)
peg.2445	237	574,1	581,3	547,9	64,1	66,9	64,7	1,0	8,7	hypothetical protein
peg.2446	2715	103,1	109,7	104,0	37,9	41,5	41,9	1,0	2,6	DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)
peg.2447	1938	61,9	72,0	78,8	73,2	87,0	72,3	0,8	0,9	Methyl-accepting chemotaxis protein
peg.2448	1074	201,3	245,0	227,0	87,8	100,2	100,5	1,0	2,3	Epoxyqueuosine (oQ) reductase QueG
peg.2449	1491	173,7	196,0	185,9	40,1	40,1	44,8	1,0	4,4	YjeF protein2C function unknown
peg.2450	453	63,1	70,9	68,5	172,8	186,3	165,4	1,0	0,4	ATPase YjeE2C predicted to have essential role in cell wall biosynthesis
peg.2451	1386	239,6	237,4	246,4	59,6	63,2	62,8	1,0	3,9	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)
peg.2452	1677	76,2	87,4	96,9	69,2	78,5	76,9	0,9	1,2	DNA mismatch repair protein MutL
peg.2453	1116	124,3	142,6	137,2	19,4	22,2	20,9	1,0	6,5	hypothetical protein
peg.2454	3123	38,0	36,9	39,5	24,8	32,5	28,7	1,0	1,3	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA%3B Cation efflux system protein CusA
peg.2455	1137	35,7	29,9	39,4	22,5	24,3	23,1	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2457	183	152,5	138,9	142,3	178,8	202,5	173,4	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2458	1197	2634,7	1969,5	2001,6	6557,3	5382,5	6966,1	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.2459	636	69,5	72,0	69,2	127,0	118,1	125,2	1,0	0,6	Phosphoenolpyruvate-dihydroxyacetone phosphotransferase (EC 2.7.1.121)2C ADP-binding subunit DhaL
peg.2460	372	160,5	155,6	141,8	133,1	132,8	137,0	1,0	1,1	conserved hypothetical protein
peg.2461	990	46,4	47,6	43,9	28,7	32,1	37,8	1,0	1,4	Phosphoenolpyruvate-dihydroxyacetone phosphotransferase (EC 2.7.1.121)2C dihydroxyacetone binding subunit DhaK
peg.2462	834	37,9	36,2	35,3	23,5	26,2	32,2	1,0	1,3	Hypothetical NagD-like phosphatase
peg.2463	642	3717,8	3210,7	2915,8	3133,3	2899,0	3341,2	0,9	1,1	D-arabino-3-hexulose 6-phosphate formaldehyde lyase
peg.2464	315	875,5	946,3	940,8	1387,9	1282,3	1363,1	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2465	984	1445,7	1630,1	1439,3	1387,6	1322,2	1462,3	1,0	1,1	Transaldolase (EC 2.2.1.2)
peg.2466	636	4623,3	4392,2	3501,1	4850,3	4456,8	4850,4	1,0	0,9	D-arabino-3-hexulose 6-phosphate formaldehyde lyase
peg.2467	540	8634,7	8732,2	6967,2	7190,0	6970,6	7453,4	1,0	1,1	6-phospho-3-hexuloisomerase
peg.2468	1404	261,0	243,7	233,4	193,4	196,4	189,0	1,0	1,3	3-isopropylmalate dehydratase large subunit (EC 4.2.1.33)
peg.2469	963	159,4	146,2	161,8	193,2	177,7	184,6	1,0	0,8	Protein-N(5)-glutamine methyltransferase PribB2C methylates LSU ribosomal protein L3p
peg.2470	1320	406,7	466,4	409,7	315,5	339,0	342,0	1,0	1,3	GGDEF domain protein
peg.2471	693	353,9	378,8	319,7	223,0	253,2	239,3	1,0	1,5	DNA mismatch repair endonuclease MthH
peg.2472	924	90,1	96,4	86,5	74,7	85,3	75,9	1,0	1,2	putative ATP-binding component of ABC transport system
peg.2473	780	71,1	75,7	73,1	76,9	79,8	75,5	0,7	0,9	ABC-type multidrug transport system2C permease component
peg.2474	984	62,4	64,1	54,7	60,1	63,2	58,5	0,0	1,0	tRNA dihydrouridine synthase A (EC 1.-.-.-)
peg.2475	603	41,0	45,7	42,3	64,0	65,1	61,6	1,0	0,7	protein of unknown function DUF45
peg.2476	1164	368,5	370,4	289,5	846,0	809,2	985,6	1,0	0,4	S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)
peg.2477	1311	161,1	162,1	124,5	451,8	401,4	507,8	1,0	0,3	Adenosylhomocysteinase (EC 3.3.1.1)
peg.2478	852	68,6	66,5	46,4	205,9	184,7	205,1	1,0	0,3	52C10-methylenetetrahydrofolate reductase (EC 1.5.1.20)
peg.2479	708	48,1	48,9	37,4	136,9	113,6	129,5	1,0	0,4	ABC-type tungstate transport system2C permease protein
peg.2480	990	36,6	32,1	26,4	82,4	66,9	79,9	1,0	0,4	ABC-type tungstate transport system2C ATP-binding protein
peg.2481	1413	323,8	366,4	304,4	324,5	337,2	327,9	0,0	1,0	RNA polymerase sigma-54 factor RpoN
peg.2482	327	766,2	840,6	587,5	765,1	775,9	841,0	0,9	0,9	Ribosome hibernation protein YhbH
peg.2483	462	576,4	627,6	459,5	569,1	575,4	589,1	0,7	1,0	putative PTS IIA-like nitrogen-regulatory protein PtsN
peg.2484	513	260,5	281,3	220,6	310,4	321,4	320,8	1,0	0,8	HPr kinase/phosphorylase (EC 2.7.1.-) (EC 2.7.4.-)
peg.2485	333	223,2	225,7	190,4	271,8	270,5	264,5	1,0	0,8	PTS system fructose subfamily IIA component
peg.2486	273	207,2	193,6	163,3	214,1	208,1	201,0	0,9	0,9	Phosphocarrier protein2C nitrogen regulation associated
peg.2487	1752	179,6	167,2	148,0	195,0	189,1	183,2	1,0	0,9	Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)
peg.2489	1359	239,6	220,4	198,0	111,4	117,0	113,3	1,0	1,9	Magnesium transporter
peg.2490	1098	267,8	222,8	200,6	148,3	149,0	153,4	1,0	1,5	Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)
peg.2491	1158	62,9	49,0	52,0	46,4	45,3	48,1	0,9	1,2	Nucleoside:H+ symporter:Major facilitator superfamily
peg.2492	1350	481,5	355,9	263,1	450,5	434,5	428,8	1,0	0,8	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)
peg.2493	1209	540,5	330,1	207,0	538,1	477,1	499,4	1,0	0,7	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)
peg.2494	828	487,0	287,2	176,6	589,4	500,7	547,1	1,0	0,6	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)
peg.2495	663	392,7	220,1	140,0	541,3	460,5	519,9	1,0	0,5	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)
peg.2496	609	270,7	144,9	94,3	299,3	254,5	274,0	1,0	0,6	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)
peg.2497	1218	367,7	203,7	122,9	407,0	343,4	361,7	1,0	0,6	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)
peg.2498	204	558,5	334,1	213,9	733,2	632,3	683,7	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2499	465	253,3	153,3	105,3	403,7	358,3	403,9	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2500	957	137,2	180,4	166,5	192,1	202,7	229,7	1,0	0,8	Cysteine synthase (EC 2.5.1.47)
peg.2501	924	124,5	176,6	188,8	158,0	167,7	175,3	0,2	1,0	putative sensory box histidine kinase(EC:2.7.3.-)
peg.2503	138	157,5	97,3	102,0	10821,6	10249,1	10020,5	1,0	0,0	hypothetical protein
peg.2505	876	65,8	67,5	72,9	46,5	55,2	49,1	1,0	1,4	transcriptional regulator2C AraC family
peg.2506	474	28,6	23,2	32,6	51,2	48,0	50,5	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.2507	1200	79,2	66,3	77,5	176,6	159,1	167,6	1,0	0,4	Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1) (Tyrosine--tRNA ligase) (TyrRS)
peg.2508	1593	103,0	89,0	99,1	183,3	165,0	178,5	1,0	0,6	Peptidase2C M23/M37 family
peg.2509	1128	128,9	134,9	160,8	115,1	121,4	123,3	1,0	1,2	Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase (EC 2.7.1.-)
peg.2510	390	389,9	427,4	475,3	190,6	252,5	212,8	1,0	2,0	Glycine cleavage system H protein
peg.2511	1458	138,3	170,5	176,4	70,1	89,3	73,7	1,0	2,1	4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)
peg.2512	1683	73,7	81,3	78,3	44,8	50,9	53,8	1,0	1,6	Amylopullulanase
peg.2513	1269	112,6	119,7	120,3	80,3	93,1	98,1	1,0	1,3	Glucose-1-phosphate adenyltransferase (EC 2.7.7.27)
peg.2514	2010	158,5	181,5	184,0	119,1	131,8	131,1	1,0	1,4	12C4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme2C GH-13-type (EC 2.4.1.18)
peg.2515	1638	432,3	405,9	389,1	252,3	264,4	252,3	1,0	1,6	Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)

peg.2516	1269	313,7	315,5	313,5	265,1	267,5	249,7	1,0	1,2	Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)
peg.2517	561	312,6	324,8	315,5	168,3	171,2	155,6	1,0	1,9	1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)
peg.2519	684	551,4	619,3	619,6	250,5	258,9	235,6	1,0	2,4	FIG021952: putative membrane protein
peg.2521	756	362,9	373,5	384,9	219,4	220,1	200,2	1,0	1,8	type IV pilus biogenesis protein PilF2C putative
peg.2522	1107	684,1	710,3	706,4	425,4	445,8	421,0	1,0	1,6	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)
peg.2523	432	710,7	704,5	682,9	596,9	624,3	589,9	1,0	1,2	Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)
peg.2524	132	100,1	105,8	116,0	91,8	104,1	105,3	0,8	1,1	hypothetical protein
peg.2525	873	133,0	144,5	137,5	114,5	126,8	124,6	1,0	1,1	NAD kinase (EC 2.7.1.23)
peg.2526	1674	100,5	102,1	109,8	117,8	124,6	121,0	1,0	0,9	DNA repair protein RecN
peg.2527	417	299,9	258,2	272,8	330,3	344,2	317,1	1,0	0,8	Ferric uptake regulation protein FUR
peg.2528	579	624,4	644,4	677,0	487,2	512,5	450,2	1,0	1,3	Outer membrane lipoprotein SmpA2C a component of the essential YaeT outer-membrane protein assembly complex
peg.2529	627	138,8	141,6	167,9	176,0	180,1	181,0	1,0	0,8	Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)
peg.2530	642	35,0	33,9	40,9	89,0	87,4	83,4	1,0	0,4	Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)
peg.2531	1128	677,9	938,6	833,2	385,6	515,2	486,7	1,0	1,8	hypothetical protein
peg.2532	417	132,0	154,1	158,2	96,5	104,9	108,3	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2533	2394	42,6	47,0	43,8	29,3	33,4	30,5	1,0	1,4	ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II
peg.2534	306	118,9	122,0	113,7	81,6	96,2	97,3	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.2535	645	123,4	140,7	138,3	94,4	113,6	97,9	1,0	1,3	2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-12C4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)
peg.2536	1071	194,7	224,3	203,1	178,8	208,6	186,9	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.2537	954	322,0	353,2	327,0	385,6	444,2	400,9	1,0	0,8	Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)
peg.2538	2169	505,5	609,0	630,5	270,4	286,7	269,8	1,0	2,1	3'-to-5' exoribonuclease RNase R
peg.2539	1581	98,6	95,7	98,3	107,7	117,3	111,4	1,0	0,9	Aerotaxis sensor receptor protein
peg.2540	1353	124,7	125,0	128,6	114,3	120,1	113,5	0,9	1,1	NADP-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.4)
peg.2541	216	425,7	413,5	459,8	241,4	291,3	230,6	1,0	1,7	ISSod6 transposase2C IS1301
peg.2543	1752	156,9	170,5	168,5	117,2	131,5	125,9	1,0	1,3	Glucose dehydrogenase2C PQQ-dependent (EC 1.1.5.2)
peg.2544	603	50,1	50,1	51,1	46,9	55,6	53,6	0,3	1,0	Isochorismatase (EC 3.3.2.1)
peg.2545	999	73,8	83,3	84,4	46,7	59,2	55,1	1,0	1,5	Catalase (EC 1.11.1.6)
peg.2546	708	310,5	313,4	473,8	837,3	1170,7	1177,5	1,0	0,3	Transcriptional regulator2C TetR family
peg.2547	990	833,0	742,0	795,9	1032,4	1192,3	1120,8	1,0	0,7	Quinone oxidoreductase (EC 1.6.5.5)
peg.2548	1941	1079,1	961,2	1021,9	2026,5	2103,4	1986,1	1,0	0,5	L-sorbose dehydrogenase
peg.2549	129	54,5	68,9	92,6	10,8	9,7	13,5	1,0	6,3	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2550	324	34,5	36,4	51,9	27,3	26,7	22,9	1,0	1,6	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2551	234	3,1	4,6	6,1	20,4	20,8	22,8	1,0	0,2	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2552	117	4,1	2,9	3,7	9,2	7,5	9,8	1,0	0,4	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2553	138	3,0	2,4	2,7	6,2	4,7	4,7	1,0	0,5	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2554	270	5,0	4,7	4,6	7,6	7,5	7,0	1,0	0,6	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2558	309	9,4	9,6	9,7	176,4	250,3	178,5	1,0	0,0	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2561	138	13,3	13,5	19,1	9,2	7,5	9,8	1,0	1,7	FIG01062552: hypothetical protein
peg.2565	552	50,5	53,9	48,8	108,3	87,9	103,8	1,0	0,5	FIG00924459: hypothetical protein
peg.2566	651	51,4	55,1	46,0	127,7	105,1	131,7	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2567	945	59,6	60,7	54,7	71,4	58,0	72,0	0,9	0,9	FIG01202690: hypothetical protein
peg.2568	2976	29,8	33,1	27,9	65,8	52,1	66,7	1,0	0,5	FIG01221232: hypothetical protein
peg.2569	960	23,8	24,9	22,7	13,0	14,8	14,9	1,0	1,7	CRISPR-associated protein Cas1
peg.2570	963	11,7	12,4	12,3	13,5	15,8	15,9	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2571	1713	20,7	26,0	21,1	7,6	9,3	8,6	1,0	2,7	Serine/threonine protein kinase
peg.2572	1401	10,1	13,0	10,8	70,8	71,6	68,4	1,0	0,2	Nitrate/nitrite transporter
peg.2573	162	48,2	45,2	49,0	57,3	60,4	55,0	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2574	1233	47,4	48,5	46,9	14,1	15,3	15,0	1,0	3,2	COG2200: FOG: EAL domain
peg.2575	2652	17,9	18,6	18,7	11,9	11,9	12,8	1,0	1,5	Assimilatory nitrate reductase large subunit (EC:1.7.99.4)
peg.2576	309	9,6	8,8	9,6	17,5	18,1	18,7	1,0	0,5	Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)
peg.2577	2430	15,4	15,5	15,4	82,5	79,9	82,5	1,0	0,2	Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)
peg.2578	1440	53,7	50,0	43,8	71,5	62,0	68,5	1,0	0,7	diguanylate cyclase
peg.2579	2094	35,9	27,7	29,1	479,4	468,7	501,1	1,0	0,1	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2580	453	677,1	549,5	570,4	342,5	334,3	325,4	1,0	1,8	Ketosteroid isomerase homolog
peg.2581	525	606,1	502,0	546,6	89,0	90,8	86,0	1,0	6,2	Transcriptional regulator2C MarR family
peg.2582	1845	71,5	80,7	66,0	51,9	55,4	52,7	1,0	1,4	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2583	1410	50,5	60,2	51,1	55,5	62,6	60,4	0,8	0,9	Conserved protein YcjX with nucleoside triphosphate hydrolase domain
peg.2584	1056	68,7	78,8	83,3	78,7	87,1	80,1	0,7	0,9	hypothetical protein
peg.2585	2820	92,2	90,2	90,8	204,1	241,6	241,3	1,0	0,4	sensory box/GGDEF family protein
peg.2586	378	361,8	463,0	344,2	66,3	69,9	69,3	1,0	5,7	hypothetical protein
peg.2587	996	70,3	70,2	64,4	148,2	167,7	162,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2588	771	169,7	180,4	169,6	160,8	195,0	208,9	0,9	0,9	EAL domain protein
peg.2589	450	276,1	307,1	296,9	83,2	103,2	91,4	1,0	3,2	Azurin
peg.2590	990	106,6	118,2	135,9	121,8	130,5	113,6	0,1	1,0	hypothetical protein
peg.2591	162	99,1	106,2	112,0	137,2	144,9	142,0	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2592	627	150,3	155,0	169,2	177,8	192,3	172,6	1,0	0,9	hypothetical protein
peg.2593	198	87,3	86,6	101,0	92,8	98,9	99,9	0,7	0,9	Transposase2C IS982 family
peg.2594	558	123,2	121,0	131,3	29,0	29,6	27,9	1,0	4,3	CDP-diacylglycerol-glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)

peg.2595	1842	129,1	146,6	139,4	51,2	54,0	55,5	1,0	2,6	Excinuclease ABC subunit C
peg.2596	210	259,5	288,0	280,0	75,5	70,0	70,0	1,0	3,8	hypothetical protein
peg.2597	3531	87,4	74,1	68,4	103,4	99,9	99,7	1,0	0,8	Transcription-repair coupling factor
peg.2598	768	121,1	113,6	115,3	150,9	154,3	141,3	1,0	0,8	S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase Functionally Coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism
peg.2599	870	167,7	173,8	190,4	84,9	79,3	77,9	1,0	2,2	FIG008443: hypothetical protein
peg.2600	1512	120,1	113,9	110,6	91,0	93,2	87,3	1,0	1,3	FIG139976: hypothetical protein
peg.2601	1002	151,4	148,2	142,5	81,6	88,7	87,5	1,0	1,7	FIG002781: Alpha-L-glutamate ligase family protein
peg.2602	720	129,0	140,5	136,9	39,7	46,2	42,1	1,0	3,2	hypothetical protein
peg.2603	1059	62,9	73,8	79,5	67,4	83,7	87,6	0,8	0,9	Radical SAM domain protein
peg.2604	1017	124,3	145,3	138,5	186,9	232,6	259,7	1,0	0,6	Myo-inositol 2-dehydrogenase (EC 1.1.1.18)
peg.2605	513	242,1	313,9	286,5	69,1	84,1	88,3	1,0	3,5	Peroxiredoxin
peg.2606	702	119,9	145,8	133,0	36,8	41,8	34,7	1,0	3,5	Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)
peg.2607	888	50,5	49,5	48,5	169,9	170,9	171,2	1,0	0,3	Ribulosamine/erythrosamine 3-kinase potentially involved in protein deglycation
peg.2608	486	142,8	146,0	142,4	438,0	403,1	412,6	1,0	0,3	Low molecular weight protein tyrosine phosphatase (EC 3.1.3.48)
peg.2609	1473	219,8	187,2	174,1	307,8	340,9	318,3	1,0	0,6	Na+/H+ antiporter NhaD type
peg.2610	1068	586,6	709,8	716,2	156,4	189,7	161,9	1,0	4,0	2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)
peg.2611	582	376,9	376,4	437,0	141,9	201,2	138,6	1,0	2,5	Electron transport complex protein RnfA
peg.2612	561	524,5	536,1	573,6	162,4	180,6	162,0	1,0	3,2	Electron transport complex protein RnfB
peg.2613	1527	350,8	436,9	480,2	109,3	119,2	103,3	1,0	3,8	Electron transport complex protein RnfC
peg.2614	1032	240,0	302,4	329,9	169,0	182,7	151,2	1,0	1,7	Electron transport complex protein RnfD
peg.2615	639	314,6	376,2	371,3	185,8	200,4	180,3	1,0	1,9	Electron transport complex protein RnfG
peg.2616	690	353,3	403,6	391,4	122,0	127,3	119,2	1,0	3,1	Electron transport complex protein RnfE
peg.2617	651	189,5	212,8	211,2	125,7	124,3	121,0	1,0	1,7	Endonuclease III (EC 4.2.99.18)
peg.2618	435	128,3	127,1	119,1	136,1	142,1	129,5	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.2619	1005	118,7	113,6	107,7	508,2	517,2	488,3	1,0	0,2	Bifunctional protein: zinc-containing alcohol dehydrogenase%3B quinone oxidoreductase (NADPH:quinone reductase) (EC 1.1.1.-)%3B Similar to arginate lyase
peg.2620	495	456,2	464,8	403,5	63,1	61,1	63,5	1,0	7,1	cytochrome c family protein
peg.2621	2820	44,8	39,5	38,0	73,1	65,0	67,9	1,0	0,6	Na(+)-H(+)-antiporter subunit A%3B Na(+)-H(+)-antiporter subunit B
peg.2622	393	46,0	32,1	29,6	64,7	59,6	63,0	1,0	0,6	Na(+)-H(+)-antiporter subunit C
peg.2623	1527	23,7	18,8	17,0	123,0	109,2	120,8	1,0	0,2	Na(+)-H(+)-antiporter subunit D
peg.2624	498	47,2	34,2	31,8	100,3	91,6	105,9	1,0	0,4	Na(+)-H(+)-antiporter subunit E
peg.2625	270	37,6	30,6	28,4	36,8	36,0	39,8	0,9	0,9	Na(+)-H(+)-antiporter subunit F
peg.2626	318	22,1	19,7	18,7	40,1	38,7	37,8	1,0	0,5	Na(+)-H(+)-antiporter subunit G
peg.2627	474	27,7	30,3	25,6	66,7	69,4	70,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2628	1323	35,7	38,9	42,1	94,6	107,1	79,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2629	114	123,4	127,5	136,6	38,8	52,7	42,6	1,0	2,9	hypothetical protein
peg.2630	120	55,1	56,6	43,1	35,4	35,0	35,2	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2631	1284	14,0	13,5	14,5	102,9	116,0	113,0	1,0	0,1	TRANSMEMBRANE TRANSPORT PROTEIN-PERMEASE
peg.2634	183	88,4	96,6	74,3	33,7	40,2	37,5	1,0	2,3	hypothetical protein
peg.2635	849	18,5	19,4	20,8	101,2	103,7	99,3	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.2636	834	36,6	33,6	34,9	66,1	78,2	87,8	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2637	639	47,8	52,0	43,2	22,1	22,4	23,8	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.2642	807	11,2	11,0	11,9	37,3	40,0	38,3	1,0	0,3	transposase
peg.2646	219	31,9	39,8	28,9	112,9	123,2	136,1	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.2647	852	272,7	188,5	257,0	44,4	41,9	46,9	1,0	5,4	Nuclear export factor GLE1
peg.2648	2013	231,2	190,9	253,0	87,4	81,0	86,5	1,0	2,6	ATP-dependent DNA helicase Rep
peg.2649	1503	657,3	669,6	735,0	99,1	104,6	103,3	1,0	6,7	MG(2+)-CHELATASE FAMILY PROTEIN / ComM-related protein
peg.2652	876	108,0	103,0	115,9	89,8	85,8	93,2	1,0	1,2	transcriptional regulator%2C LysR family
peg.2653	1701	192,0	203,1	240,0	118,4	107,6	120,2	1,0	1,8	Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)
peg.2654	180	356,9	409,7	477,2	41,2	48,1	40,8	1,0	9,6	hypothetical protein
peg.2655	315	134,6	143,2	150,8	48,8	55,5	52,2	1,0	2,7	hypothetical protein
peg.2656	897	24,8	24,8	23,8	20,4	23,7	22,6	0,8	1,1	LysR-family transcriptional regulator PtxE2C associated with phosphonate utilization
peg.2657	1017	12,7	12,9	10,8	16,7	21,9	18,1	1,0	0,6	Glyoxylate reductase (EC 1.1.1.26) / Hydroxypruvate reductase (EC 1.1.1.81)
peg.2658	807	13,9	12,4	13,2	13,9	17,0	14,3	0,9	0,9	Phosphonate ABC transporter permease protein phnE (TC 3.A.1.9.1)
peg.2659	450	16,4	14,0	13,7	15,2	17,7	15,6	0,8	0,9	Phosphonate ABC transporter phosphate-binding periplasmic component (TC 3.A.1.9.1)
peg.2661	900	20,8	20,7	23,1	52,3	56,9	52,3	1,0	0,4	Phosphonate ABC transporter ATP-binding protein (TC 3.A.1.9.1)
peg.2662	315	286,4	306,8	300,1	197,5	221,1	221,3	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2663	249	670,1	753,3	717,4	372,7	426,4	377,0	1,0	1,8	FIG005902: hypothetical protein
peg.2664	612	221,0	208,6	200,5	314,6	322,8	300,3	1,0	0,7	InaA protein
peg.2665	1461	71,7	73,6	69,1	68,7	75,6	74,1	0,2	1,0	ATPase
peg.2666	438	324,5	343,4	349,3	217,4	254,1	235,8	1,0	1,4	protein of unknown function DUF1043
peg.2667	1755	100,2	102,5	100,4	68,2	73,4	70,0	1,0	1,4	Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5)
peg.2668	3477	59,4	66,5	55,4	40,4	40,3	38,3	1,0	1,5	Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5)
peg.2669	3204	80,1	93,0	84,9	42,7	46,5	41,9	1,0	2,0	Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5)
peg.2670	117	119,2	142,5	136,5	77,0	85,2	75,4	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.2671	291	367,4	346,2	321,3	423,1	402,7	411,9	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2672	513	437,7	455,1	597,5	386,2	368,3	390,8	1,0	1,3	predicted pyridoxamine 5'-phosphate oxidase

peg.2673	930	137,5	159,1	211,4	116,4	118,7	115,8	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2675	1284	39,6	44,6	43,2	24,3	28,1	27,5	1,0	1,6	two-component system sensor protein
peg.2676	684	40,3	35,2	30,1	13,8	15,7	17,4	1,0	2,2	Two-component system regulatory protein
peg.2677	1203	22,1	19,0	19,2	14,7	15,0	20,3	0,9	1,2	outer membrane efflux protein
peg.2678	1092	13,4	14,3	12,9	4,4	4,6	9,5	1,0	2,2	Secretion protein HlyD
peg.2679	3087	13,8	13,2	11,5	11,4	13,1	14,6	0,1	1,0	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA%3B Cation efflux system protein CusA
peg.2680	282	27,1	24,7	24,6	57,3	63,7	61,0	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2681	165	22,8	20,8	19,4	33,8	38,1	37,7	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.2682	783	21,4	22,2	18,8	28,4	30,2	33,0	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2683	795	24,5	25,0	26,3	17,1	20,9	17,7	1,0	1,4	3'2C5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase
peg.2684	873	30,4	32,5	31,9	19,5	23,8	21,7	1,0	1,5	putative diacylglycerol kinase
peg.2685	456	20,2	22,4	20,3	14,4	16,5	16,3	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.2686	993	32,7	33,6	32,1	28,2	32,9	28,9	0,8	1,1	2-hydroxy-6-oxo-6-phenylhexa-22C4-dienoate hydrolase (EC 3.7.1.-)
peg.2687	288	82,2	83,7	81,1	61,1	73,3	82,3	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.2688	177	122,6	123,4	119,2	87,4	110,1	109,2	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.2689	573	97,4	101,3	95,9	62,8	86,2	85,1	1,0	1,3	hypothetical protein
peg.2690	120	197,2	205,9	230,2	122,6	174,9	146,3	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2691	774	33,3	34,3	34,2	26,7	30,7	28,5	1,0	1,2	Lactam utilization protein LamB
peg.2692	693	36,1	41,1	37,2	25,6	27,2	26,0	1,0	1,5	Allophanate hydrolase 2 subunit 1 (EC 3.5.1.54)
peg.2693	930	15,6	17,8	17,1	12,4	13,3	14,1	1,0	1,3	Allophanate hydrolase 2 subunit 2 (EC 3.5.1.54)
peg.2694	870	9,2	8,5	8,9	26,3	24,1	31,4	1,0	0,3	Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19)
peg.2695	279	4,7	5,5	4,9	108,2	91,0	142,6	1,0	0,0	Fructose-12C6-bisphosphatase2C type I (EC 3.1.3.11)
peg.2696	381	10,4	11,7	11,2	232,4	181,6	301,9	1,0	0,0	Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)
peg.2698	195	118,3	101,0	112,1	39,9	54,3	83,3	1,0	1,9	hypothetical protein
peg.2699	402	84,6	76,3	84,4	47,9	58,8	74,6	1,0	1,4	PII protein domain protein
peg.2700	171	58,3	46,8	47,0	27,6	30,8	30,7	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.2701	576	76,4	59,3	61,2	75,4	76,5	83,4	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2702	198	80,7	69,5	71,3	78,5	86,0	79,7	0,9	0,9	protein of unknown function DUF88
peg.2703	1440	43,9	40,8	44,3	22,7	27,9	24,6	1,0	1,7	hypothetical protein
peg.2704	705	97,6	95,6	100,0	31,8	36,6	30,5	1,0	3,0	FIG01059005: hypothetical protein
peg.2705	126	413,6	433,5	439,7	95,6	106,8	101,8	1,0	4,2	Predicted transcriptional regulator
peg.2706	150	304,3	311,1	346,2	447,3	518,6	460,3	1,0	0,7	ParE toxin protein
peg.2707	138	191,5	202,6	228,8	388,3	433,7	421,4	1,0	0,5	HigA protein (antitoxin to HigB)
peg.2708	186	264,3	276,9	350,5	285,3	319,2	322,9	0,6	1,0	HigB toxin protein
peg.2709	186	51,3	54,4	60,4	289,4	350,5	337,9	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.2710	315	73,0	75,5	82,5	35,4	42,5	42,1	1,0	1,9	HigA protein (antitoxin to HigB)
peg.2711	243	66,9	68,1	77,2	38,4	49,2	59,7	1,0	1,4	HigB toxin protein
peg.2712	333	38,6	42,9	40,4	33,1	44,6	62,9	0,8	0,9	hypothetical protein
peg.2713	783	19,9	14,7	17,8	53,2	59,2	57,2	1,0	0,3	Multicopper oxidase
peg.2714	729	11,8	9,7	10,7	27,2	29,5	28,2	1,0	0,4	Copper resistance protein B
peg.2715	2217	92,1	72,2	74,9	15,3	15,0	15,6	1,0	5,2	TonB-dependent receptor
peg.2716	477	71,4	61,5	69,0	25,7	26,5	121,1	0,6	1,2	COG1272: Predicted membrane protein hemolysin III homolog
peg.2717	1170	14,8	14,4	15,4	44,3	51,5	51,5	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.2718	132	32,4	25,4	31,2	17,1	19,9	19,1	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2719	1620	33,8	31,4	28,6	36,4	37,4	41,0	1,0	0,8	protein of unknown function DUF477
peg.2720	918	39,6	41,3	34,1	22,4	25,4	23,5	1,0	1,6	LemA family protein
peg.2721	321	54,3	58,4	52,9	35,6	36,4	38,8	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2722	126	84,0	88,8	78,0	49,3	55,8	51,5	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2723	924	19,6	22,1	17,6	97,5	99,1	97,1	1,0	0,2	hypothetical protein
peg.2724	1182	33,0	34,6	31,5	20,6	22,7	20,5	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2726	459	31,0	30,5	26,7	31,7	36,8	35,4	0,9	0,8	ElaA protein
peg.2727	672	20,4	24,3	21,0	28,2	30,7	30,5	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2728	933	40,3	51,0	44,1	11,6	15,0	13,7	1,0	3,4	putative oxidoreductase protein
peg.2729	126	40,3	47,6	45,3	23,9	29,3	38,1	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2730	306	71,4	79,8	65,0	24,5	31,3	33,2	1,0	2,4	hypothetical protein
peg.2731	720	39,0	42,9	35,9	22,1	23,8	77,0	0,1	1,0	FIG138928: iron-regulated membrane protein
peg.2733	348	83,6	90,7	85,0	21,2	25,1	36,5	1,0	3,1	conserved hypothetical protein
peg.2734	2013	46,5	47,2	41,2	61,2	69,3	74,1	1,0	0,7	FIG01182043: hypothetical protein
peg.2736	2022	120,9	130,1	104,5	41,5	46,9	41,8	1,0	2,7	Type III restriction-modification system methylation subunit (EC 2.1.1.72)
peg.2737	1164	79,5	90,1	81,0	97,7	101,9	97,2	1,0	0,8	Fic family protein
peg.2738	2712	63,4	65,7	62,7	57,3	62,6	56,7	0,8	1,1	hypothetical protein
peg.2739	1272	147,5	149,8	134,5	63,3	68,4	63,9	1,0	2,2	Sulfide-quinone reductase
peg.2740	897	179,3	187,6	186,7	120,1	123,5	126,6	1,0	1,5	33 kDa chaperonin (Heat shock protein 33) (HSP33)
peg.2741	1032	34,7	31,1	26,2	166,6	179,0	170,9	1,0	0,2	FIG00758123: hypothetical protein
peg.2743	1191	58,3	48,8	48,9	25,6	28,8	26,4	1,0	1,9	Filamentation induced by cAMP protein Fic
peg.2744	1908	343,7	309,8	392,4	20,9	27,7	32,3	1,0	12,9	Chaperone protein HtpG
peg.2745	2013	85,6	90,1	112,3	138,4	233,9	184,7	1,0	0,5	Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)
peg.2746	2493	93,9	105,5	152,7	88,3	85,9	80,0	1,0	1,4	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2747	753	70,5	75,9	90,4	96,2	108,3	85,7	1,0	0,8	endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein
peg.2748	936	56,3	54,4	51,7	60,1	69,8	64,5	1,0	0,8	putative sodium-dependent bicarbonate transporter

peg.2749	921	62,8	62,2	68,0	88,3	85,0	88,8	1,0	0,7	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcD
peg.2751	300	50,6	55,0	64,8	178,9	180,4	190,2	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.2752	336	104,4	114,1	102,6	39,5	45,3	39,3	1,0	2,6	cold-shock DNA-binding domain
peg.2753	456	82,1	87,4	79,0	133,6	136,0	143,7	1,0	0,6	Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases
peg.2754	699	89,3	90,0	93,6	93,4	98,8	102,4	0,8	0,9	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)
peg.2755	543	85,5	91,0	89,2	70,3	80,8	78,4	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.2756	150	261,7	269,6	258,3	77,0	90,4	91,1	1,0	3,1	FIG00794224: hypothetical protein
peg.2757	324	104,5	99,0	98,8	322,7	341,2	346,4	1,0	0,3	hypothetical protein%3B putative signal peptide
peg.2758	393	86,2	92,2	96,0	163,7	168,4	165,0	1,0	0,6	hypothetical protein
peg.2759	936	98,7	104,4	116,9	96,6	113,4	97,5	0,5	1,0	glutamy-Q-tRNA synthetase
peg.2760	501	189,9	210,7	237,6	136,9	144,2	147,7	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2761	306	80,4	90,1	104,7	341,5	317,4	301,9	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.2762	1560	60,5	72,6	77,0	69,2	81,0	73,2	0,6	0,9	Diguanylate cyclase/phosphodiesterase domain 1 (GGDEF)
peg.2763	2220	66,8	75,2	83,7	61,1	76,2	69,1	0,8	1,1	Lead2C cadmium2C zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5)%3B Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)
peg.2764	1530	76,8	77,5	74,5	32,0	46,3	49,8	1,0	1,8	Carbon-nitrogen hydrolase
peg.2765	1434	97,3	101,1	94,8	66,5	77,5	70,3	1,0	1,4	Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoG2C involved in Cu oxidation
peg.2766	1392	162,2	173,7	165,8	92,5	106,4	90,4	1,0	1,7	Transcriptional regulator2C GntR family domain / Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)
peg.2767	2589	62,9	72,3	70,0	116,2	167,9	111,7	1,0	0,5	diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2768	549	92,7	111,4	99,3	59,8	66,9	59,9	1,0	1,6	2'-5' RNA ligase
peg.2769	1284	70,5	89,7	89,4	102,4	109,3	109,6	1,0	0,8	COG2199: FOG: GGDEF domain
peg.2770	771	211,1	266,8	239,8	63,4	73,1	66,7	1,0	3,5	UPF0246 protein YaaA
peg.2771	366	117,6	144,2	138,6	146,4	175,2	159,0	1,0	0,8	possible lipase
peg.2772	528	57,0	54,5	56,0	80,2	106,0	91,0	1,0	0,6	TRAP dicarboxylate transporter2C DctQ subunit2C unknown substrate 6
peg.2773	1305	49,9	49,6	50,6	67,5	70,6	66,8	1,0	0,7	TRAP dicarboxylate transporter2C DctM subunit2C unknown substrate 6
peg.2774	966	43,7	36,0	38,8	60,5	59,8	61,0	1,0	0,7	Translation elongation factor P Lys34:lysine transferase
peg.2775	528	227,8	189,3	171,3	92,9	89,0	99,0	1,0	2,1	Translation elongation factor P
peg.2776	1008	47,3	45,9	50,2	443,2	433,4	433,1	1,0	0,1	Lysyl-lysine 22C3-aminomutase
peg.2777	1176	124,3	114,5	112,1	65,2	66,9	67,0	1,0	1,8	Citrate synthase (si) (EC 2.3.3.1)
peg.2778	1272	98,5	96,1	95,9	181,6	170,8	190,2	1,0	0,5	Sulfide dehydrogenase [flavocytochrome C] flavoprotein chain precursor (EC 1.8.2.-)
peg.2779	960	277,2	288,6	263,1	87,6	88,2	86,8	1,0	3,2	Lipoate synthase
peg.2780	609	251,9	238,8	236,3	176,0	188,5	175,5	1,0	1,3	Octanoate-[acyl-carrier-protein]-protein-N-octanoyltransferase
peg.2781	276	295,5	271,1	265,7	166,8	175,0	161,9	1,0	1,7	Proposed lipoate regulatory protein YbeD
peg.2782	846	250,9	220,3	206,3	186,3	187,5	192,9	1,0	1,2	D-alanine aminotransferase (EC 2.6.1.21)
peg.2783	1149	278,9	249,3	229,6	149,1	145,7	147,4	1,0	1,7	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)
peg.2784	852	213,7	201,6	202,5	170,7	173,5	167,0	1,0	1,2	Rare lipoprotein A precursor
peg.2785	981	230,6	218,5	218,4	183,8	187,8	181,1	1,0	1,2	Membrane-bound lytic murein transglycosylase B precursor (EC 3.2.1.-)
peg.2786	1074	188,5	178,9	170,7	156,4	164,2	161,6	1,0	1,1	Rod shape-determining protein RodA
peg.2787	1869	118,6	108,7	110,5	99,3	106,5	98,0	0,9	1,1	Penicillin-binding protein 2 (PBP-2)
peg.2788	477	176,6	157,0	152,6	86,4	85,8	84,4	1,0	1,9	Rod shape-determining protein MreD
peg.2789	891	190,4	163,6	152,8	156,1	153,8	150,4	0,9	1,1	Rod shape-determining protein MreC
peg.2790	1134	701,4	670,9	595,5	203,9	202,2	192,2	1,0	3,3	Rod shape-determining protein MreB
peg.2791	288	242,3	260,6	255,3	485,1	528,0	475,8	1,0	0,5	Aspartyl-tRNA(Asn) amidotransferase subunit C (EC 6.3.5.6) @ Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit C (EC 6.3.5.7)
peg.2792	1455	279,2	289,4	272,3	212,1	220,3	197,4	1,0	1,3	Aspartyl-tRNA(Asn) amidotransferase subunit A (EC 6.3.5.6) @ Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A (EC 6.3.5.7)
peg.2793	1638	201,6	198,4	184,9	257,2	279,3	229,8	1,0	0,8	COG0028: Thiamine pyrophosphate-requiring enzymes
peg.2794	504	201,1	193,3	191,6	91,4	97,0	86,7	1,0	2,1	Thioredoxin
peg.2795	237	2265,3	1934,5	1944,9	174,1	174,5	175,2	1,0	11,7	LSU ribosomal protein L28p
peg.2796	156	1654,4	1372,4	1347,1	3188,5	2967,4	2857,8	1,0	0,5	LSU ribosomal protein L33p
peg.2797	1215	33,2	40,3	48,7	3001,2	2932,5	3442,0	1,0	0,0	Predicted signal transduction protein
peg.2798	945	47,1	48,7	50,7	86,4	89,5	87,0	1,0	0,6	ABC-type multidrug transport system2C ATPase component
peg.2799	753	17,3	16,9	17,5	81,5	84,5	83,2	1,0	0,2	ABC transporter2C permease protein2C putative
peg.2800	1362	54,8	62,6	56,9	34,1	31,6	34,5	1,0	1,7	Mucin 2 precursor
peg.2801	870	25,8	27,3	31,7	49,7	52,6	52,6	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2802	819	23,5	29,1	28,3	33,9	34,7	33,8	1,0	0,8	Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)
peg.2803	285	47,8	62,4	54,6	34,8	34,5	35,0	1,0	1,6	Cytochrome c2C class I
peg.2804	966	64,0	62,4	64,8	52,2	53,4	55,0	1,0	1,2	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)
peg.2805	1194	31,7	30,4	32,1	76,3	72,9	72,8	1,0	0,4	Chromate transport protein ChrA
peg.2806	222	16,0	20,4	19,4	27,7	27,3	29,2	1,0	0,7	Oxidoreductase (EC 1.1.1.-)
peg.2807	801	6,6	5,7	7,6	26,4	25,3	28,2	1,0	0,2	Oxidoreductase (EC 1.1.1.-)
peg.2808	519	56,5	79,3	79,0	7,4	8,4	8,4	1,0	8,9	FIG006045: Sigma factor2C ECF subfamily
peg.2809	411	25,6	32,7	31,4	24,0	30,1	120,3	1,0	0,5	TonB-like
peg.2810	282	11,3	10,3	12,0	23,2	25,9	30,3	1,0	0,4	hypothetical protein-signal peptide and transmembrane prediction
peg.2811	432	14,8	17,1	15,8	14,2	15,1	13,5	0,9	1,1	Biopolymer transport protein ExbD/ToIR
peg.2812	915	8,6	9,4	8,0	21,0	22,6	22,6	1,0	0,4	MotA/ToIQ/ExbB proton channel family protein
peg.2813	387	6,5	9,5	7,4	8,0	9,3	9,2	0,8	0,9	FIG039061: hypothetical protein related to heme utilization
peg.2814	624	5,7	6,4	6,7	8,4	10,1	9,5	1,0	0,7	Heme oxygenase HemO2C associated with heme uptake
peg.2815	1320	9,9	10,1	10,5	6,1	8,1	7,5	1,0	1,4	TPR repeat

peg.2816	1575	12,2	11,5	12,3	11,6	14,0	12,7	0,5	0,9	FIG076926: outer membrane protein
peg.2817	741	29,1	31,8	30,5	12,5	15,1	13,8	1,0	2,2	FIG107774: hypothetical protein
peg.2818	3042	5,9	6,2	6,7	25,6	30,9	30,3	1,0	0,2	Putative Ton-B dependent hemine receptor
peg.2819	957	19,8	19,3	20,4	7,3	8,8	8,0	1,0	2,5	putative FecR
peg.2820	1953	558,5	442,0	409,2	106,3	92,5	108,5	1,0	4,6	Translation elongation factor G paralog
peg.2822	306	173,6	157,3	149,5	1041,5	954,4	1009,4	1,0	0,2	FIG003089: Probable transmembrane protein
peg.2823	1434	137,6	119,2	109,3	361,9	340,5	326,8	1,0	0,4	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain N (EC 1.6.5.3)
peg.2824	1521	167,5	163,1	146,9	113,3	102,8	106,4	1,0	1,5	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain M (EC 1.6.5.3)
peg.2825	1938	97,6	87,9	76,2	90,8	83,6	81,8	0,2	1,0	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain L (EC 1.6.5.3)
peg.2826	306	111,1	103,7	83,8	83,9	78,5	77,9	1,0	1,2	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain K (EC 1.6.5.3)
peg.2827	609	151,3	133,5	113,1	129,0	121,4	118,1	0,8	1,1	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain J (EC 1.6.5.3)
peg.2828	492	340,3	320,4	265,4	152,8	142,1	142,5	1,0	2,1	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain I (EC 1.6.5.3)
peg.2829	1053	189,9	159,8	127,7	208,7	209,5	201,8	1,0	0,8	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain H (EC 1.6.5.3)
peg.2830	2364	267,9	208,9	165,1	149,0	140,6	137,3	1,0	1,5	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain G (EC 1.6.5.3)
peg.2831	1299	181,0	134,5	107,8	252,8	246,2	239,9	1,0	0,6	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain F (EC 1.6.5.3)
peg.2832	513	228,2	160,3	129,6	185,5	171,7	174,2	0,2	1,0	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain E (EC 1.6.5.3)
peg.2833	1254	205,9	158,9	135,4	229,5	215,5	221,2	1,0	0,8	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain D (EC 1.6.5.3)
peg.2834	669	345,2	273,3	238,8	153,1	154,3	151,7	1,0	1,9	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain C (EC 1.6.5.3)
peg.2835	489	396,3	295,8	257,7	237,7	254,5	246,2	1,0	1,3	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain B (EC 1.6.5.3)
peg.2836	333	473,1	388,7	360,7	270,6	292,0	281,2	1,0	1,4	NADH ubiquinone oxidoreductase chain A (EC 1.6.5.3)
peg.2837	891	101,9	106,0	93,7	410,9	418,4	414,4	1,0	0,2	Protein rarD
peg.2838	195	112,4	113,6	105,9	85,0	95,7	85,7	1,0	1,2	Transposase
peg.2839	186	112,1	129,6	120,1	72,0	88,2	81,8	1,0	1,5	hypothetical protein
peg.2840	876	36,4	39,8	44,8	76,9	102,8	81,8	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2841	1545	21,8	32,2	33,9	24,8	32,0	31,5	0,0	1,0	hypothetical protein
peg.2842	441	149,2	307,3	254,2	8,1	15,6	14,6	1,0	18,6	hypothetical protein
peg.2843	1380	38,3	38,6	51,9	32,7	71,4	55,5	0,9	0,8	PAS
peg.2844	138	93,9	93,5	125,6	28,1	31,6	32,2	1,0	3,4	ISDet22C transposase orfB
peg.2845	1206	104,5	112,8	122,0	60,2	77,2	72,4	1,0	1,6	Integrase
peg.2846	327	605,1	384,9	420,9	112,4	128,2	115,2	1,0	4,0	Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)
peg.2847	780	317,2	280,4	280,4	714,4	742,2	671,9	1,0	0,4	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)
peg.2848	1350	161,9	165,7	159,0	356,0	372,0	339,7	1,0	0,5	Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)
peg.2849	840	222,0	214,3	199,6	168,9	172,4	171,6	1,0	1,2	Dihydropteroate synthase (EC 2.5.1.15)
peg.2850	1902	636,1	607,2	589,5	226,2	238,3	236,3	1,0	2,6	Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)
peg.2851	618	411,7	382,5	363,3	415,7	452,5	433,1	1,0	0,9	Cell division protein FtsJ / Ribosomal RNA large subunit methyltransferase J (EC 2.1.1.-)
peg.2852	465	363,7	260,6	227,6	362,4	375,3	384,9	1,0	0,8	Probable transmembrane protein
peg.2853	477	521,4	384,0	328,7	324,7	312,7	306,1	1,0	1,3	Transcription elongation factor GreA
peg.2854	3219	688,4	496,2	409,0	407,2	410,8	399,0	1,0	1,3	Carbamoyl-phosphate synthase large chain (EC 6.3.5.5)
peg.2855	1131	681,5	532,7	488,0	401,1	428,5	385,9	1,0	1,4	Carbamoyl-phosphate synthase small chain (EC 6.3.5.5)
peg.2856	1011	170,7	172,8	149,1	476,8	525,4	466,6	1,0	0,3	Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)
peg.2857	822	122,5	123,3	110,7	121,3	146,8	127,6	0,9	0,9	Shikimate 5-dehydrogenase I alpha (EC 1.1.1.25)
peg.2858	462	36,4	32,9	34,6	87,9	99,6	96,8	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2859	687	44,5	41,8	45,1	40,9	43,8	44,6	0,1	1,0	Copper-sensing two-component system response regulator CpxR
peg.2860	1341	134,5	138,9	168,4	34,4	37,3	34,1	1,0	4,2	Osmosensitive K+ channel histidine kinase KdpD (EC 2.7.3.-)
peg.2861	513	1268,1	1367,1	1437,8	91,9	104,5	90,9	1,0	14,2	Superoxide dismutase [Cu-Zn] precursor (EC 1.15.1.1)
peg.2862	3177	1014,4	1111,1	1173,0	457,7	538,0	493,2	1,0	2,2	RND efflux system2C inner membrane transporter CmeB
peg.2863	1176	1193,0	1372,3	1504,4	314,2	339,0	297,6	1,0	4,3	Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein
peg.2864	498	403,1	461,1	531,7	250,1	277,8	304,4	1,0	1,7	Transcriptional regulator2C MarR family
peg.2865	306	398,5	445,5	467,9	203,2	225,1	231,8	1,0	2,0	Z-ring-associated protein ZapA
peg.2866	210	379,8	401,7	436,6	410,8	425,2	427,8	0,7	1,0	hypothetical protein
peg.2867	549	359,8	372,6	420,8	435,6	446,1	396,4	1,0	0,9	FIG001590: Putative conserved exported protein precursor
peg.2868	1311	275,7	320,5	343,3	197,8	220,5	193,9	1,0	1,5	Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)
peg.2869	1203	142,6	164,6	182,0	151,1	166,7	153,0	0,5	1,0	2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase (EC 1.14.13.-)
peg.2870	1173	126,6	137,8	139,0	84,2	88,9	81,9	1,0	1,6	2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-12C4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)
peg.2871	693	58,7	57,0	63,3	87,9	92,3	87,2	1,0	0,7	putative lipoprotein
peg.2872	255	53,4	52,2	56,2	65,8	65,2	65,1	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2873	1317	77,3	72,1	68,1	76,5	73,4	75,2	0,4	1,0	ATP-dependent RNA helicase RhlB
peg.2874	327	928,0	1069,0	863,5	80,3	84,1	79,4	1,0	11,7	Thioredoxin
peg.2875	2163	56,0	48,6	37,0	834,3	911,6	833,4	1,0	0,1	ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA
peg.2876	1098	73,8	76,3	60,7	104,6	97,1	99,4	1,0	0,7	TRAP transporter solute receptor2C unknown substrate 6
peg.2877	252	98,4	96,1	76,4	110,3	103,1	107,9	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2878	534	95,2	92,5	85,0	192,9	170,6	187,0	1,0	0,5	CopG protein
peg.2879	873	36,3	40,8	45,5	158,6	146,6	157,6	1,0	0,3	Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily
peg.2880	897	99,4	97,5	112,2	42,7	40,4	41,5	1,0	2,5	ATP-dependent RNA helicase SrmB
peg.2882	2844	241,8	298,9	282,7	160,8	152,0	152,7	1,0	1,8	Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31)
peg.2883	1467	408,7	496,4	484,8	107,9	118,7	108,6	1,0	4,1	Glycogen synthase2C ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)
peg.2884	1470	529,6	588,3	534,1	116,0	172,3	120,5	1,0	4,0	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)
peg.2885	702	215,9	229,3	227,7	340,3	365,0	344,4	1,0	0,6	Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)
peg.2886	408	106,7	96,8	90,9	153,4	167,0	149,6	1,0	0,6	Flagellar basal body-associated protein Flil
peg.2887	510	508,1	455,7	407,9	108,9	120,3	109,8	1,0	4,0	Flagellar biosynthesis protein Flil
peg.2888	1023	251,4	238,9	203,8	341,1	572,8	323,5	1,0	0,6	Flagellar motor switch protein Flim

peg.2889	459	199,8	195,1	151,3	171,1	300,6	175,1	0,9	0,8	Flagellar motor switch protein FliN
peg.2890	423	222,9	232,9	169,7	101,1	169,3	102,7	1,0	1,7	Flagellar biosynthesis protein FliQ
peg.2891	738	160,7	155,5	131,3	99,7	163,8	91,9	1,0	1,3	Flagellar biosynthesis protein FliP
peg.2892	270	222,8	219,3	172,1	105,5	150,7	97,8	1,0	1,7	Flagellar biosynthesis protein FliQ
peg.2893	783	69,8	67,4	53,0	133,3	180,1	129,7	1,0	0,4	Flagellar biosynthesis protein FliR
peg.2894	1140	90,9	81,1	60,9	45,7	59,7	45,4	1,0	1,5	Flagellar biosynthesis protein FliB
peg.2895	2079	153,0	135,8	104,8	59,0	102,2	47,4	1,0	1,9	Flagellar biosynthesis protein FliA
peg.2896	1203	380,8	390,6	307,3	108,1	199,9	97,7	1,0	2,7	Flagellar biosynthesis protein FliF
peg.2897	873	563,0	648,1	549,2	223,1	377,8	218,6	1,0	2,1	Flagellar synthesis regulator FliN
peg.2898	714	262,7	291,0	269,4	355,3	473,4	362,8	1,0	0,7	RNA polymerase sigma factor for flagellar operon
peg.2899	378	260,7	290,0	239,6	218,5	268,5	221,6	0,9	1,1	Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY
peg.2900	744	337,8	361,8	354,5	223,3	277,1	220,7	1,0	1,5	Chemotaxis response - phosphatase CheZ
peg.2901	1986	277,5	315,6	293,5	272,4	303,2	282,2	0,6	1,0	Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)
peg.2902	1038	131,5	143,6	131,1	203,5	226,2	209,2	1,0	0,6	Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase CheB (EC 3.1.1.61)
peg.2903	741	112,2	111,7	105,1	136,3	142,5	130,1	1,0	0,8	Flagellar motor rotation protein MotA
peg.2904	912	70,9	65,5	63,0	105,3	109,2	103,1	1,0	0,6	Flagellar motor rotation protein MotB
peg.2905	798	62,1	58,8	55,6	70,8	70,3	67,4	1,0	0,8	Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj
peg.2906	582	47,0	43,5	40,8	64,4	64,4	58,5	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.2907	480	460,5	424,2	347,5	65,7	65,9	65,4	1,0	6,3	Positive regulator of CheA protein activity (CheW)
peg.2908	183	632,6	599,7	495,2	345,2	591,5	333,7	1,0	1,4	hypothetical protein
peg.2909	387	301,1	298,1	256,1	507,4	838,6	520,0	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.2910	618	107,2	101,0	100,1	262,0	425,7	269,0	1,0	0,3	Putative diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)
peg.2912	279	59,8	69,1	73,6	104,9	121,7	103,0	1,0	0,6	uncharacterized flagellar protein FliB cytoplasmic domain
peg.2913	1584	111,6	137,9	154,4	29,6	33,6	33,5	1,0	4,2	hypothetical protein
peg.2914	777	230,3	268,6	330,6	41,5	50,8	47,1	1,0	5,9	hypothetical protein
peg.2915	381	429,9	471,3	513,9	120,2	135,6	123,2	1,0	3,7	ApaG protein
peg.2916	981	82,4	64,2	64,1	206,0	241,0	221,7	1,0	0,3	Glucokinase (EC 2.7.1.2)
peg.2917	708	114,7	96,5	89,6	93,4	92,9	95,2	0,7	1,1	6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31)2C eukaryotic type
peg.2918	711	135,7	131,5	126,7	138,4	141,1	156,0	0,9	0,9	conserved hypothetical protein%3B putative signal peptide
peg.2919	1515	97,0	80,6	74,4	139,6	144,3	152,0	1,0	0,6	Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)
peg.2920	663	282,0	255,2	246,4	84,3	85,6	87,4	1,0	3,0	Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)
peg.2921	1167	102,8	79,2	76,1	351,6	351,0	354,1	1,0	0,2	Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolC
peg.2922	681	55,8	38,9	39,5	176,5	160,9	170,6	1,0	0,3	Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD
peg.2923	510	76,3	71,9	72,1	179,1	166,1	170,8	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2924	2268	14,0	12,7	13,2	235,9	221,2	212,6	1,0	0,1	Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily2C clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes
peg.2925	636	96,1	89,0	86,0	16,3	17,8	17,4	1,0	5,3	MotA/ToIQ/ExbB proton channel family protein
peg.2926	426	68,8	62,3	61,0	134,4	126,4	120,9	1,0	0,5	Biopolymer transport protein ExbD/ToIR
peg.2927	1755	69,6	62,0	57,2	99,6	93,9	96,9	1,0	0,7	Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)
peg.2928	981	48,7	41,7	44,5	79,7	73,7	75,1	1,0	0,6	Tetraacyldisaccharide 4'-kinase (EC 2.7.1.130)
peg.2929	180	182,4	185,9	183,7	68,7	63,1	65,7	1,0	2,8	UPF0434 protein YcaR
peg.2930	765	222,4	192,3	201,3	247,2	245,6	242,4	1,0	0,8	3-deoxy-manno-octulosonate cytidylyltransferase (EC 2.7.7.38)
peg.2931	261	500,2	426,9	411,9	211,6	223,5	229,6	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.2932	2418	403,6	253,6	239,3	434,9	455,2	451,8	1,0	0,7	Ribonuclease E (EC 3.1.26.12)
peg.2933	957	122,3	101,8	104,2	423,0	408,3	406,0	1,0	0,3	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70)
peg.2934	663	162,5	121,9	113,1	139,2	133,4	126,8	0,0	1,0	Similar to phosphoglycolate phosphatase2C clustered with ribosomal large subunit pseudouridine synthase C
peg.2935	984	208,6	152,1	137,4	186,6	171,8	177,5	0,8	0,9	Periplasmic serine proteases (ClpP class)
peg.2936	162	342,1	242,5	211,9	234,5	222,6	242,5	0,9	1,1	hypothetical protein
peg.2937	840	141,9	97,9	90,6	362,7	341,3	361,4	1,0	0,3	HD domain protein
peg.2938	648	139,4	96,3	85,7	197,8	178,2	197,3	1,0	0,6	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)
peg.2939	855	88,1	66,6	67,4	191,9	172,2	193,2	1,0	0,4	Ketohexokinase(EC:2.7.1.3)
peg.2940	348	98,7	91,6	95,5	93,1	90,0	96,5	0,2	1,0	hypothetical protein
peg.2941	2001	232,4	243,2	241,8	95,7	89,6	98,1	1,0	2,5	Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444
peg.2942	204	598,1	659,4	647,3	109,1	109,6	101,7	1,0	5,9	hypothetical protein
peg.2943	3699	558,9	592,4	593,9	289,9	297,9	265,4	1,0	2,0	5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.13)
peg.2944	750	49,5	54,3	48,7	212,9	238,6	202,0	1,0	0,2	Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit aq_911
peg.2945	1341	22,0	24,0	22,7	43,3	48,0	47,9	1,0	0,5	Putative membrane-bound ClpP-class protease associated with aq_911
peg.2946	201	26,1	26,9	28,5	14,8	19,0	16,4	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.2947	1008	164,5	206,8	197,1	12,5	14,5	16,4	1,0	13,1	fatty acid alpha hydroxylase2C cytochrome P450
peg.2948	564	183,4	245,4	256,9	176,4	202,7	223,6	0,9	1,1	hypothetical protein2C INTERPRO-suggestion: probable ferritin-like
peg.2949	219	141,5	155,9	211,6	57,6	72,1	73,1	1,0	2,5	hypothetical protein
peg.2950	483	48,8	48,8	55,9	55,2	79,5	68,4	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.2951	276	22,5	22,1	23,7	42,0	49,9	41,8	1,0	0,5	Ferredoxin
peg.2952	426	12,0	9,3	9,6	22,7	28,2	23,6	1,0	0,4	putative inosine-5'-monophosphate dehydrogenase protein
peg.2954	897	40,3	34,8	31,5	9,8	13,5	9,8	1,0	3,2	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)
peg.2955	2109	111,3	92,2	87,3	11,9	24,9	9,1	1,0	6,3	methyl-accepting chemotaxis sensory transducer
peg.2956	150	274,4	236,9	229,3	20,6	29,6	22,5	1,0	10,2	hypothetical protein
peg.2957	471	119,0	124,6	128,1	86,9	90,6	92,5	1,0	1,4	putative lipoprotein
peg.2958	267	148,2	154,7	147,4	284,0	287,6	178,8	1,0	0,6	hypothetical protein

peg.2960	1677	48,1	46,3	46,9	73,7	86,5	78,2	1,0	0,6	2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)
peg.2961	471	54,8	66,1	65,0	85,9	101,2	114,6	1,0	0,6	Transcriptional regulator2C AsnC family
peg.2962	873	64,3	66,6	66,3	24,0	26,8	93,4	0,9	1,4	protein of unknown function DUF344
peg.2963	1014	16,8	14,0	15,1	27,8	32,7	32,0	1,0	0,5	conserved hypothetical protein
peg.2965	1137	17,2	20,2	17,9	44,3	55,3	52,1	1,0	0,4	hypothetical protein
peg.2966	723	30,9	33,4	32,2	14,7	16,9	14,1	1,0	2,1	Predicted divalent heavy-metal cations transporter
peg.2967	948	44,7	50,6	53,8	12,7	15,6	15,3	1,0	3,4	possible streptogramin lyase2C gluconolactonase family
peg.2968	600	57,3	55,8	58,9	21,9	24,4	22,7	1,0	2,5	FIG00679559: hypothetical protein
peg.2969	954	31,4	32,6	34,4	26,2	33,5	32,4	0,6	1,1	Arsenical-resistance protein ACR3
peg.2970	258	118,2	137,0	126,3	27,6	32,0	28,3	1,0	4,3	hypothetical protein
peg.2971	888	86,0	96,3	84,2	80,0	88,0	87,0	0,5	1,0	probable integral membrane protein
peg.2972	1410	99,4	109,8	83,0	114,5	130,5	132,1	1,0	0,8	Predicted ATPase related to phosphate starvation-inducible protein PhoH
peg.2973	627	130,6	126,4	117,5	44,4	55,6	56,0	1,0	2,4	hypothetical protein
peg.2974	609	63,8	64,7	58,1	62,4	83,8	88,7	1,0	0,8	Glutathione S-transferase domain protein
peg.2975	657	47,6	38,2	36,0	158,7	166,7	162,9	1,0	0,2	Dethiobiotin synthetase (EC 6.3.3.3)
peg.2976	900	57,1	48,7	43,2	65,0	66,9	69,3	1,0	0,7	Biotin synthesis protein bioC
peg.2977	759	67,9	57,9	51,8	40,8	38,4	40,4	1,0	1,5	Biotin synthesis protein bioH
peg.2978	1173	69,3	59,9	59,9	39,3	39,1	38,8	1,0	1,6	8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47)
peg.2979	1014	636,7	650,9	573,8	55,5	54,1	55,0	1,0	11,3	Biotin synthase (EC 2.8.1.6)
peg.2980	726	68,9	75,5	74,2	76,7	75,7	79,3	0,7	0,9	Competence protein F homolog2C phosphoribosyltransferase domain%3B protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and energy
peg.2981	1074	69,7	72,3	70,5	323,7	361,3	345,2	1,0	0,2	GGDEF domain protein
peg.2982	1491	27,3	25,9	29,0	42,1	49,2	40,8	1,0	0,6	FIG00784870: hypothetical protein
peg.2983	351	44,7	38,1	40,7	73,1	77,4	72,9	1,0	0,6	Nitrogen regulatory protein P-II
peg.2984	390	60,8	53,4	49,7	27,5	28,0	26,3	1,0	2,0	putative signal-transduction protein with CBS domains
peg.2985	834	71,4	63,1	62,9	54,6	55,3	53,4	1,0	1,2	Staphylococcus nuclease (SNase) homologues
peg.2986	867	101,1	95,8	91,2	62,3	61,9	62,2	1,0	1,5	4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase (EC 2.5.1.-)
peg.2987	552	149,0	145,6	138,0	66,3	64,6	63,3	1,0	2,2	Chorismate-pyruvate lyase (EC 4.1.3.40)
peg.2988	2082	199,7	201,7	185,9	65,9	67,9	67,1	1,0	2,9	ATP-dependent DNA helicase RecG (EC 3.6.1.-)
peg.2989	387	440,0	504,6	424,4	116,8	112,2	114,6	1,0	4,0	Endoribonuclease L-PSP
peg.2990	2160	472,3	518,2	482,3	122,2	127,7	114,8	1,0	4,0	GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5)2C (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3'2C5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase (EC 3.1.7.2)
peg.2991	261	1138,0	1255,4	1144,8	299,3	298,4	289,5	1,0	4,0	DNA-directed RNA polymerase omega subunit (EC 2.7.7.6)
peg.2992	612	127,0	129,6	114,9	251,1	275,0	248,2	1,0	0,5	Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)
peg.2993	1041	145,1	151,8	123,7	660,8	743,5	637,7	1,0	0,2	Ferric iron ABC transporter2C iron-binding protein
peg.2994	1593	62,7	59,2	50,9	100,5	119,0	110,6	1,0	0,5	Ferric iron ABC transporter2C permease protein
peg.2995	1053	70,2	62,6	55,2	95,8	104,1	127,6	1,0	0,6	Ferric iron ABC transporter2C ATP-binding protein
peg.2996	546	74,2	83,1	81,4	67,4	66,8	67,3	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.2998	2391	45,1	47,2	49,5	51,5	63,6	63,7	1,0	0,8	putative helicase
peg.2999	231	260,0	238,3	212,9	44,8	52,0	54,8	1,0	4,7	Helix-turn-helix motif
peg.3000	135	126,7	148,5	121,1	59,9	65,1	59,6	1,0	2,1	hypothetical protein
peg.3001	192	96,7	115,4	97,9	297,6	328,9	332,1	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.3002	966	58,2	64,7	63,4	97,0	106,0	101,5	1,0	0,6	HIPA PROTEIN
peg.3003	141	45,6	43,3	48,7	50,5	60,2	55,0	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.3004	1005	93,0	98,1	98,5	25,9	32,8	27,7	1,0	3,4	FIG01059433: hypothetical protein
peg.3005	957	139,1	157,5	150,2	24,7	32,8	29,0	1,0	5,2	FIG01063709: hypothetical protein
peg.3006	1314	73,2	73,6	94,9	57,1	70,6	63,4	1,0	1,3	FIG01207196: hypothetical protein
peg.3007	225	61,1	79,5	73,8	83,8	92,1	86,2	1,0	0,8	predicted transcriptional regulator
peg.3010	852	100,4	105,1	89,5	39,2	40,4	40,8	1,0	2,5	Protein YicC
peg.3011	717	236,4	246,2	208,9	27,6	29,1	35,4	1,0	7,5	Ribonuclease PH (EC 2.7.7.56)
peg.3012	606	303,1	328,5	289,9	88,1	103,9	95,2	1,0	3,2	Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHAPT2C dITP2C XTP-specific) (EC 3.6.1.15)
peg.3013	1161	69,4	66,3	65,2	220,7	237,4	221,7	1,0	0,3	Radical SAM family enzyme2C similar to coproporphyrinogen III oxidase2C oxygen-independent2C clustered with nucleoside-triphosphatase RdgB
peg.3014	297	160,5	147,9	139,3	279,6	296,3	299,4	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.3015	501	270,3	241,9	214,2	93,4	91,8	87,6	1,0	2,7	hypothetical protein
peg.3016	1146	299,0	263,0	219,8	244,5	244,7	262,1	0,5	1,0	Threonine synthase (EC 4.2.3.1)
peg.3017	1311	199,6	173,4	155,9	330,5	315,2	343,3	1,0	0,5	Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)
peg.3018	1116	333,6	300,0	268,6	275,2	265,3	282,0	0,9	1,1	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)
peg.3019	120	419,1	409,6	379,2	254,4	237,3	257,9	1,0	1,6	hypothetical protein
peg.3020	843	194,1	188,1	164,8	502,6	491,8	482,3	1,0	0,4	Predicted signal transduction protein
peg.3021	315	87,2	83,3	82,4	477,2	478,2	269,2	1,0	0,2	predicted methylated DNA-protein cysteine methyltransferase
peg.3022	837	60,3	52,0	49,7	211,7	220,4	219,7	1,0	0,2	Protein involved in catabolism of external DNA
peg.3023	1104	27,6	29,7	30,3	172,8	166,9	165,3	1,0	0,2	xenobiotic reductase A
peg.3024	792	24,5	25,8	22,3	109,9	111,7	100,7	1,0	0,2	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)
peg.3025	801	24,2	23,4	24,0	22,7	27,6	26,9	0,7	0,9	Thioredoxin
peg.3026	762	28,7	25,4	32,0	12,8	18,9	17,9	1,0	1,7	Thiol:disulfide interchange protein DsbG precursor
peg.3027	1191	30,9	29,6	25,9	15,4	20,5	18,6	1,0	1,6	Transporter2C MFS superfamily
peg.3028	330	47,3	40,7	39,1	16,7	22,4	25,9	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.3029	750	45,5	41,8	41,7	32,7	34,9	33,8	1,0	1,3	hypothetical protein

peg.3030	129	60,2	66,0	68,9	57,3	57,8	53,3	1,0	1,2	hypothetical protein
peg.3031	366	59,2	51,7	52,8	61,7	65,2	60,4	0,9	0,9	hypothetical protein
peg.3032	1197	74,1	65,4	70,5	82,5	86,2	89,3	1,0	0,8	NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases
peg.3033	663	363,9	328,4	320,9	79,3	79,7	81,1	1,0	4,2	toluene tolerance protein Ttg8
peg.3034	564	325,8	297,4	265,9	103,9	100,5	101,9	1,0	2,9	Farnesyl cysteine carboxyl-methyltransferase (EC 2.1.1.100)
peg.3035	123	116,9	107,3	104,0	338,7	345,3	330,1	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.3036	354	59,5	54,2	53,1	178,3	208,6	184,9	1,0	0,3	putative lipoprotein
peg.3037	945	30,0	32,5	35,0	64,8	75,1	72,0	1,0	0,5	hypothetical protein
peg.3038	2055	38,8	37,8	41,1	26,7	31,5	28,4	1,0	1,4	Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)
peg.3039	300	153,9	138,3	127,7	32,0	37,5	35,2	1,0	4,0	hypothetical protein
peg.3040	426	133,7	124,5	112,3	127,7	148,0	158,8	1,0	0,9	Uncharacterized conserved membrane protein
peg.3041	537	89,2	90,2	79,6	99,7	111,0	120,4	1,0	0,8	carbonic anhydrase2C family 3
peg.3042	846	125,8	151,8	120,9	79,9	88,5	90,1	1,0	1,5	predicted signal transduction protein
peg.3043	1212	57,2	52,9	51,4	88,7	109,4	126,5	1,0	0,5	HDIG domain protein
peg.3044	294	74,8	81,7	88,0	80,4	82,0	81,2	0,0	1,0	hypothetical protein
peg.3045	474	50,1	52,2	55,9	54,0	60,9	61,9	0,9	0,9	putative transposase
peg.3046	762	18,6	17,4	15,0	30,2	31,9	35,6	1,0	0,5	ABC-type multidrug transport system2C permease component
peg.3047	930	58,0	57,2	54,7	15,3	17,1	15,7	1,0	3,5	ABC-type multidrug transport system2C ATPase component
peg.3048	801	42,9	35,3	36,3	52,1	58,3	54,7	1,0	0,7	hypothetical protein
peg.3049	369	63,8	57,8	50,8	50,4	56,6	53,6	0,7	1,1	hypothetical protein
peg.3051	309	981,0	984,0	598,9	52,4	56,1	55,9	1,0	15,6	hypothetical protein
peg.3052	123	1046,9	1003,0	646,6	1219,3	1101,0	1169,6	1,0	0,8	hypothetical protein
peg.3053	1230	20,1	23,0	25,0	1311,8	1146,5	1169,9	1,0	0,0	hypothetical protein
peg.3054	771	32,9	30,6	30,8	24,7	27,6	26,4	1,0	1,2	transcriptional regulator2C DeoR family protein
peg.3055	297	23,3	20,0	19,5	41,1	42,7	41,9	1,0	0,5	pyridoxal phosphate aminotransferase
peg.3056	228	12,1	10,1	11,5	24,3	26,1	25,2	1,0	0,4	pyridoxal phosphate aminotransferase
peg.3057	585	15,8	14,3	13,3	8,6	9,9	9,5	1,0	1,5	putative aminotransferase
peg.3058	1263	19,5	17,5	19,7	8,5	11,1	9,4	1,0	2,0	hypothetical protein
peg.3059	900	100,0	103,7	97,2	16,3	19,8	17,7	1,0	5,6	Transposase2C IS982 family
peg.3060	693	51,9	52,2	48,2	44,0	49,1	46,6	0,8	1,1	Integrase2C catalytic region
peg.3061	390	45,3	47,8	43,4	54,9	61,8	57,8	1,0	0,8	Transposase IS3/IS911
peg.3062	1314	76,0	65,4	55,9	70,7	74,7	64,8	0,6	0,9	Putative protease
peg.3063	294	67,1	63,7	86,1	70,7	79,7	67,6	0,0	1,0	IS4 family transposase
peg.3064	474	50,0	47,3	61,8	45,2	47,3	53,1	0,8	1,1	putative transposase
peg.3065	186	9,2	5,5	10,4	26,6	27,5	33,9	1,0	0,3	hypothetical protein
peg.3066	144	15,7	15,8	13,0	23,1	24,1	24,5	1,0	0,6	hypothetical protein

Les nombres de transcrits brutes des gènes communs entre les souches JAM1 et GP59 ont été transformés en nombre de transcrits par million (TPM). Le ratio TPM JAM1/GP59 a été calculé à partir des moyennes de triplicatas de TPM. Le score q a été calculé à partir de la suite de logiciel Noiseq. L'annotation peg a été effectué par Genbank.