

Supplementary Table I. – Genomic data summary and percent coverage of reference strains available on GenBank corresponding with newly sequenced genomes. NE = not examined.

Reference genome				Newly sequenced strain genome			
NCBI ID	Species	Strain	Chromosome / Plasmid	CB37	ETJB5C	EM17	SA16
NC_006840.2	<i>Vibrio fischeri</i>	ES114	I	16.66%	92.03%	96.65%	94.98%
NC_006841.2	<i>Vibrio fischeri</i>	ES114	II	9.68%	85.9%	93.1%	90.68%
NC_006842.1	<i>Vibrio fischeri</i>	ES114	plasmid pES100	0%	20.06%	0%	10.79%
NC_011184.1	<i>Vibrio fischeri</i>	MJ11	I	16.41%	91.48%	96.43%	96.42%
NC_011186.1	<i>Vibrio fischeri</i>	MJ11	II	3.25%	81.68%	48.71%	0%
NC_011185.1	<i>Vibrio fischeri</i>	MJ11	plasmid pMJ100	11.42%	1.93%	89.77%	91.14%
NC_009783.1	<i>Vibrio campbellii</i>	ATCC BAA-1116	I	70.42%	NE	NE	NE
NC_009784.1	<i>Vibrio campbellii</i>	ATCC BAA-1116	II	57.66%	NE	NE	NE
NC_009777.1	<i>Vibrio campbellii</i>	ATCC BAA-1116	plasmid pVIBHAR	20.88%	NE	NE	NE
Genome size				6.6 Mbp	4.2 Mbp	4.8 Mbp	4.8 Mbp
Total reads				250 005	163 972	230 471	258 165
Mean read size (nt)				419.95	415.18	398.76	408.43

Supplementary Table II. – Data concerning Roche 454 sequencing read quality.

	<b>Sequence libraries</b>			
	<b>EM17</b>	<b>ETJB5C</b>	<b>SA1G</b>	<b>CB37</b>
Raw wells	481 058	209 170	459 029	466 464
Key pass wells	472 803	198 255	452 416	459 705
Passed filter wells	230 471	163 972	258 165	250 005
Total bases	91 893 335	68 053 052	105 430 577	104 980 119
Median reads length	476	469	484	490
Longest read length	648	974	809	856
Shortest read length	40	40	40	40

Supplemental Table III. – List of core genes share MJ11 reference genome.

<b>Gene No.</b>	<b>GenBank reference No.</b>
MJ11_1	gi 197334912 ref YP_002156779.1
MJ11_2	gi 197336470 ref YP_002157268.1
MJ11_3	gi 197336469 ref YP_002157244.1
MJ11_4	gi 197336468 ref YP_002157280.1
MJ11_5	gi 197336467 ref YP_002157279.1
MJ11_6	gi 197336466 ref YP_002157259.1
MJ11_7	gi 197336465 ref YP_002157310.1
MJ11_8	gi 197336464 ref YP_002157224.1
MJ11_9	gi 197336463 ref YP_002157221.1
MJ11_10	gi 197336462 ref YP_002157242.1
MJ11_11	gi 197336461 ref YP_002157253.1
MJ11_12	gi 197336460 ref YP_002157258.1
MJ11_13	gi 197336459 ref YP_002157302.1
MJ11_14	gi 197336458 ref YP_002157296.1
MJ11_15	gi 197336457 ref YP_002157260.1
MJ11_16	gi 197336456 ref YP_002157299.1
MJ11_17	gi 197336455 ref YP_002157304.1
MJ11_18	gi 197336454 ref YP_002157288.1
MJ11_19	gi 197336453 ref YP_002157219.1
MJ11_21	gi 197336451 ref YP_002157229.1
MJ11_22	gi 197336450 ref YP_002157281.1
MJ11_23	gi 197336449 ref YP_002157262.1
MJ11_24	gi 197336448 ref YP_002157256.1
MJ11_25	gi 197336447 ref YP_002157231.1
MJ11_26	gi 197336446 ref YP_002157243.1
MJ11_27	gi 197336445 ref YP_002157287.1
MJ11_28	gi 197336444 ref YP_002157230.1
MJ11_29	gi 197336443 ref YP_002157286.1
MJ11_30	gi 197336442 ref YP_002157246.1
MJ11_31	gi 197336441 ref YP_002157298.1
MJ11_32	gi 197336440 ref YP_002157266.1
MJ11_33	gi 197336439 ref YP_002157254.1
MJ11_34	gi 197336438 ref YP_002157290.1
MJ11_35	gi 197336437 ref YP_002157223.1
MJ11_36	gi 197336436 ref YP_002157255.1
MJ11_37	gi 197336435 ref YP_002157285.1
MJ11_38	gi 197336434 ref YP_002157292.1
MJ11_39	gi 197336433 ref YP_002157249.1
MJ11_40	gi 197336432 ref YP_002157227.1
MJ11_41	gi 197336431 ref YP_002157261.1
MJ11_42	gi 197336430 ref YP_002157291.1
MJ11_43	gi 197336429 ref YP_002157301.1
MJ11_44	gi 197336428 ref YP_002157241.1
MJ11_45	gi 197336427 ref YP_002157238.1
MJ11_46	gi 197336426 ref YP_002157248.1
MJ11_47	gi 197336425 ref YP_002157232.1

MJ11\_48 gj|197336424|ref|YP\_002157312.1|  
MJ11\_49 gj|197336423|ref|YP\_002157222.1|  
MJ11\_50 gj|197336422|ref|YP\_002157297.1|  
MJ11\_51 gj|197336421|ref|YP\_002157251.1|  
MJ11\_53 gj|197336419|ref|YP\_002157234.1|  
MJ11\_54 gj|197336418|ref|YP\_002157300.1|  
MJ11\_55 gj|197336417|ref|YP\_002157315.1|  
MJ11\_56 gj|197336416|ref|YP\_002157226.1|  
MJ11\_57 gj|197336415|ref|YP\_002157257.1|  
MJ11\_59 gj|197336413|ref|YP\_002157237.1|  
MJ11\_60 gj|197336412|ref|YP\_002157272.1|  
MJ11\_61 gj|197336411|ref|YP\_002157306.1|  
MJ11\_62 gj|197336410|ref|YP\_002157276.1|  
MJ11\_63 gj|197336409|ref|YP\_002157225.1|  
MJ11\_64 gj|197336408|ref|YP\_002157293.1|  
MJ11\_65 gj|197336407|ref|YP\_002157239.1|  
MJ11\_66 gj|197336406|ref|YP\_002157247.1|  
MJ11\_67 gj|197336405|ref|YP\_002157271.1|  
MJ11\_68 gj|197336404|ref|YP\_002157240.1|  
MJ11\_69 gj|197336403|ref|YP\_002157265.1|  
MJ11\_70 gj|197336402|ref|YP\_002157311.1|  
MJ11\_72 gj|197336400|ref|YP\_002157313.1|  
MJ11\_73 gj|197336399|ref|YP\_002157235.1|  
MJ11\_74 gj|197336398|ref|YP\_002157307.1|  
MJ11\_75 gj|197336397|ref|YP\_002157294.1|  
MJ11\_76 gj|197336396|ref|YP\_002157228.1|  
MJ11\_77 gj|197336395|ref|YP\_002157270.1|  
MJ11\_78 gj|197336394|ref|YP\_002157275.1|  
MJ11\_79 gj|197336393|ref|YP\_002157284.1|  
MJ11\_80 gj|197336392|ref|YP\_002157267.1|  
MJ11\_81 gj|197336391|ref|YP\_002157245.1|  
MJ11\_82 gj|197336390|ref|YP\_002157220.1|  
MJ11\_83 gj|197336389|ref|YP\_002157283.1|  
MJ11\_84 gj|197336388|ref|YP\_002157305.1|  
MJ11\_85 gj|197336387|ref|YP\_002157263.1|  
MJ11\_86 gj|197336386|ref|YP\_002157252.1|  
MJ11\_87 gj|197336385|ref|YP\_002157269.1|  
MJ11\_88 gj|197336384|ref|YP\_002157309.1|  
MJ11\_90 gj|197336382|ref|YP\_002157273.1|  
MJ11\_91 gj|197336381|ref|YP\_002157250.1|  
MJ11\_92 gj|197336380|ref|YP\_002157308.1|  
MJ11\_93 gj|197336379|ref|YP\_002157218.1|  
MJ11\_94 gj|197336378|ref|YP\_002157236.1|  
MJ11\_95 gj|197336377|ref|YP\_002157295.1|  
MJ11\_96 gj|197336376|ref|YP\_002157274.1|  
MJ11\_97 gj|197336375|ref|YP\_002157233.1|  
MJ11\_98 gj|197336374|ref|YP\_002157264.1|  
MJ11\_99 gj|197336373|ref|YP\_002157314.1|  
MJ11\_100 gj|197336372|ref|YP\_002156892.1|

MJ11\_101 gj|197336371|ref|YP\_002157206.1|  
MJ11\_102 gj|197336370|ref|YP\_002156587.1|  
MJ11\_103 gj|197336369|ref|YP\_002155806.1|  
MJ11\_104 gj|197336368|ref|YP\_002157177.1|  
MJ11\_105 gj|197336367|ref|YP\_002155705.1|  
MJ11\_106 gj|197336366|ref|YP\_002156749.1|  
MJ11\_108 gj|197336364|ref|YP\_002155756.1|  
MJ11\_109 gj|197336363|ref|YP\_002155975.1|  
MJ11\_110 gj|197336362|ref|YP\_002156694.1|  
MJ11\_111 gj|197336361|ref|YP\_002156988.1|  
MJ11\_112 gj|197336360|ref|YP\_002155163.1|  
MJ11\_114 gj|197336358|ref|YP\_002156268.1|  
MJ11\_115 gj|197336357|ref|YP\_002155202.1|  
MJ11\_116 gj|197336356|ref|YP\_002156546.1|  
MJ11\_119 gj|197336353|ref|YP\_002156176.1|  
MJ11\_120 gj|197336352|ref|YP\_002155640.1|  
MJ11\_121 gj|197336351|ref|YP\_002155682.1|  
MJ11\_122 gj|197336350|ref|YP\_002155255.1|  
MJ11\_123 gj|197336349|ref|YP\_002157064.1|  
MJ11\_124 gj|197336348|ref|YP\_002156979.1|  
MJ11\_126 gj|197336346|ref|YP\_002155628.1|  
MJ11\_127 gj|197336345|ref|YP\_002156371.1|  
MJ11\_128 gj|197336344|ref|YP\_002155637.1|  
MJ11\_129 gj|197336343|ref|YP\_002156606.1|  
MJ11\_131 gj|197336341|ref|YP\_002157189.1|  
MJ11\_132 gj|197336340|ref|YP\_002155361.1|  
MJ11\_133 gj|197336339|ref|YP\_002155289.1|  
MJ11\_134 gj|197336338|ref|YP\_002157074.1|  
MJ11\_135 gj|197336337|ref|YP\_002156702.1|  
MJ11\_136 gj|197336336|ref|YP\_002156527.1|  
MJ11\_137 gj|197336335|ref|YP\_002157089.1|  
MJ11\_139 gj|197336333|ref|YP\_002155293.1|  
MJ11\_140 gj|197336332|ref|YP\_002156107.1|  
MJ11\_141 gj|197336331|ref|YP\_002156165.1|  
MJ11\_142 gj|197336330|ref|YP\_002156735.1|  
MJ11\_143 gj|197336329|ref|YP\_002156790.1|  
MJ11\_144 gj|197336328|ref|YP\_002157011.1|  
MJ11\_145 gj|197336327|ref|YP\_002156185.1|  
MJ11\_146 gj|197336326|ref|YP\_002156638.1|  
MJ11\_147 gj|197336325|ref|YP\_002156510.1|  
MJ11\_148 gj|197336324|ref|YP\_002157197.1|  
MJ11\_149 gj|197336323|ref|YP\_002156414.1|  
MJ11\_150 gj|197336322|ref|YP\_002155177.1|  
MJ11\_151 gj|197336321|ref|YP\_002157217.1|  
MJ11\_152 gj|197336320|ref|YP\_002155485.1|  
MJ11\_153 gj|197336319|ref|YP\_002157199.1|  
MJ11\_154 gj|197336318|ref|YP\_002156821.1|  
MJ11\_155 gj|197336317|ref|YP\_002156188.1|  
MJ11\_156 gj|197336316|ref|YP\_002157037.1|

MJ11\_157 gj|197336315|ref|YP\_002155594.1|  
MJ11\_158 gj|197336314|ref|YP\_002155824.1|  
MJ11\_159 gj|197336313|ref|YP\_002155232.1|  
MJ11\_160 gj|197336312|ref|YP\_002156104.1|  
MJ11\_161 gj|197336311|ref|YP\_002156084.1|  
MJ11\_162 gj|197336310|ref|YP\_002155913.1|  
MJ11\_163 gj|197336309|ref|YP\_002156759.1|  
MJ11\_164 gj|197336308|ref|YP\_002155764.1|  
MJ11\_165 gj|197336307|ref|YP\_002155716.1|  
MJ11\_167 gj|197336305|ref|YP\_002155514.1|  
MJ11\_168 gj|197336304|ref|YP\_002157153.1|  
MJ11\_169 gj|197336303|ref|YP\_002157004.1|  
MJ11\_170 gj|197336302|ref|YP\_002156572.1|  
MJ11\_171 gj|197336301|ref|YP\_002155170.1|  
MJ11\_172 gj|197336300|ref|YP\_002157023.1|  
MJ11\_174 gj|197336298|ref|YP\_002155804.1|  
MJ11\_175 gj|197336297|ref|YP\_002157127.1|  
MJ11\_176 gj|197336296|ref|YP\_002156645.1|  
MJ11\_178 gj|197336294|ref|YP\_002155510.1|  
MJ11\_179 gj|197336293|ref|YP\_002155153.1|  
MJ11\_180 gj|197336292|ref|YP\_002155690.1|  
MJ11\_181 gj|197336291|ref|YP\_002156345.1|  
MJ11\_182 gj|197336290|ref|YP\_002155796.1|  
MJ11\_183 gj|197336289|ref|YP\_002155846.1|  
MJ11\_184 gj|197336288|ref|YP\_002156063.1|  
MJ11\_185 gj|197336287|ref|YP\_002157103.1|  
MJ11\_186 gj|197336286|ref|YP\_002155549.1|  
MJ11\_187 gj|197336285|ref|YP\_002155545.1|  
MJ11\_188 gj|197336284|ref|YP\_002156881.1|  
MJ11\_190 gj|197336282|ref|YP\_002156313.1|  
MJ11\_191 gj|197336281|ref|YP\_002155325.1|  
MJ11\_192 gj|197336280|ref|YP\_002155651.1|  
MJ11\_193 gj|197336279|ref|YP\_002156190.1|  
MJ11\_194 gj|197336278|ref|YP\_002155826.1|  
MJ11\_196 gj|197336276|ref|YP\_002157084.1|  
MJ11\_198 gj|197336274|ref|YP\_002156880.1|  
MJ11\_199 gj|197336273|ref|YP\_002156782.1|  
MJ11\_200 gj|197336272|ref|YP\_002157140.1|  
MJ11\_201 gj|197336271|ref|YP\_002156975.1|  
MJ11\_202 gj|197336270|ref|YP\_002155115.1|  
MJ11\_203 gj|197336269|ref|YP\_002155299.1|  
MJ11\_204 gj|197336268|ref|YP\_002156326.1|  
MJ11\_205 gj|197336267|ref|YP\_002155692.1|  
MJ11\_206 gj|197336266|ref|YP\_002155605.1|  
MJ11\_207 gj|197336265|ref|YP\_002155831.1|  
MJ11\_208 gj|197336264|ref|YP\_002156353.1|  
MJ11\_209 gj|197336263|ref|YP\_002156965.1|  
MJ11\_210 gj|197336262|ref|YP\_002155579.1|  
MJ11\_211 gj|197336261|ref|YP\_002155415.1|

MJ11\_212 gil|197336260|ref|YP\_002155548.1|  
MJ11\_213 gil|197336259|ref|YP\_002156567.1|  
MJ11\_214 gil|197336258|ref|YP\_002156481.1|  
MJ11\_215 gil|197336257|ref|YP\_002156216.1|  
MJ11\_216 gil|197336256|ref|YP\_002155663.1|  
MJ11\_218 gil|197336254|ref|YP\_002157115.1|  
MJ11\_219 gil|197336253|ref|YP\_002155972.1|  
MJ11\_220 gil|197336252|ref|YP\_002156071.1|  
MJ11\_221 gil|197336251|ref|YP\_002156001.1|  
MJ11\_222 gil|197336250|ref|YP\_002156801.1|  
MJ11\_223 gil|197336249|ref|YP\_002156868.1|  
MJ11\_224 gil|197336248|ref|YP\_002155344.1|  
MJ11\_225 gil|197336247|ref|YP\_002156253.1|  
MJ11\_226 gil|197336246|ref|YP\_002155219.1|  
MJ11\_227 gil|197336245|ref|YP\_002156409.1|  
MJ11\_228 gil|197336244|ref|YP\_002155114.1|  
MJ11\_229 gil|197336243|ref|YP\_002156841.1|  
MJ11\_230 gil|197336242|ref|YP\_002155553.1|  
MJ11\_232 gil|197336240|ref|YP\_002155951.1|  
MJ11\_233 gil|197336239|ref|YP\_002155991.1|  
MJ11\_235 gil|197336237|ref|YP\_002155988.1|  
MJ11\_237 gil|197336235|ref|YP\_002155896.1|  
MJ11\_238 gil|197336234|ref|YP\_002157146.1|  
MJ11\_239 gil|197336233|ref|YP\_002155466.1|  
MJ11\_240 gil|197336232|ref|YP\_002155138.1|  
MJ11\_242 gil|197336230|ref|YP\_002156119.1|  
MJ11\_243 gil|197336229|ref|YP\_002156429.1|  
MJ11\_244 gil|197336228|ref|YP\_002155992.1|  
MJ11\_245 gil|197336227|ref|YP\_002156740.1|  
MJ11\_246 gil|197336226|ref|YP\_002155488.1|  
MJ11\_247 gil|197336225|ref|YP\_002155950.1|  
MJ11\_248 gil|197336224|ref|YP\_002156296.1|  
MJ11\_249 gil|197336223|ref|YP\_002155694.1|  
MJ11\_250 gil|197336222|ref|YP\_002156472.1|  
MJ11\_251 gil|197336221|ref|YP\_002156667.1|  
MJ11\_252 gil|197336220|ref|YP\_002155102.1|  
MJ11\_254 gil|197336218|ref|YP\_002156392.1|  
MJ11\_256 gil|197336216|ref|YP\_002156491.1|  
MJ11\_257 gil|197336215|ref|YP\_002156459.1|  
MJ11\_258 gil|197336214|ref|YP\_002155623.1|  
MJ11\_259 gil|197336213|ref|YP\_002156445.1|  
MJ11\_260 gil|197336212|ref|YP\_002155387.1|  
MJ11\_261 gil|197336211|ref|YP\_002156350.1|  
MJ11\_262 gil|197336210|ref|YP\_002155318.1|  
MJ11\_263 gil|197336209|ref|YP\_002155151.1|  
MJ11\_264 gil|197336208|ref|YP\_002156707.1|  
MJ11\_265 gil|197336207|ref|YP\_002156329.1|  
MJ11\_266 gil|197336206|ref|YP\_002155859.1|  
MJ11\_267 gil|197336205|ref|YP\_002156723.1|

MJ11\_268 gil|197336204|ref|YP\_002156631.1|  
MJ11\_270 gil|197336202|ref|YP\_002156012.1|  
MJ11\_271 gil|197336201|ref|YP\_002157171.1|  
MJ11\_274 gil|197336198|ref|YP\_002155574.1|  
MJ11\_275 gil|197336197|ref|YP\_002155672.1|  
MJ11\_276 gil|197336196|ref|YP\_002156934.1|  
MJ11\_277 gil|197336195|ref|YP\_002155700.1|  
MJ11\_278 gil|197336194|ref|YP\_002155538.1|  
MJ11\_279 gil|197336193|ref|YP\_002156231.1|  
MJ11\_280 gil|197336192|ref|YP\_002155493.1|  
MJ11\_282 gil|197336190|ref|YP\_002155382.1|  
MJ11\_283 gil|197336189|ref|YP\_002156423.1|  
MJ11\_284 gil|197336188|ref|YP\_002156029.1|  
MJ11\_285 gil|197336187|ref|YP\_002156826.1|  
MJ11\_287 gil|197336185|ref|YP\_002155187.1|  
MJ11\_288 gil|197336184|ref|YP\_002156941.1|  
MJ11\_289 gil|197336183|ref|YP\_002155445.1|  
MJ11\_290 gil|197336182|ref|YP\_002155813.1|  
MJ11\_291 gil|197336181|ref|YP\_002156601.1|  
MJ11\_292 gil|197336180|ref|YP\_002155131.1|  
MJ11\_293 gil|197336179|ref|YP\_002156624.1|  
MJ11\_294 gil|197336178|ref|YP\_002157029.1|  
MJ11\_295 gil|197336177|ref|YP\_002156668.1|  
MJ11\_297 gil|197336175|ref|YP\_002157079.1|  
MJ11\_298 gil|197336174|ref|YP\_002156685.1|  
MJ11\_299 gil|197336173|ref|YP\_002155286.1|  
MJ11\_300 gil|197336172|ref|YP\_002157057.1|  
MJ11\_301 gil|197336171|ref|YP\_002156531.1|  
MJ11\_302 gil|197336170|ref|YP\_002155712.1|  
MJ11\_303 gil|197336169|ref|YP\_002156091.1|  
MJ11\_304 gil|197336168|ref|YP\_002156305.1|  
MJ11\_305 gil|197336167|ref|YP\_002156135.1|  
MJ11\_306 gil|197336166|ref|YP\_002155532.1|  
MJ11\_307 gil|197336165|ref|YP\_002156041.1|  
MJ11\_308 gil|197336164|ref|YP\_002156595.1|  
MJ11\_309 gil|197336163|ref|YP\_002157006.1|  
MJ11\_312 gil|197336160|ref|YP\_002156658.1|  
MJ11\_313 gil|197336159|ref|YP\_002157186.1|  
MJ11\_314 gil|197336158|ref|YP\_002156024.1|  
MJ11\_317 gil|197336155|ref|YP\_002156921.1|  
MJ11\_318 gil|197336154|ref|YP\_002155458.1|  
MJ11\_319 gil|197336153|ref|YP\_002156540.1|  
MJ11\_321 gil|197336151|ref|YP\_002156139.1|  
MJ11\_322 gil|197336150|ref|YP\_002155158.1|  
MJ11\_323 gil|197336149|ref|YP\_002157144.1|  
MJ11\_324 gil|197336148|ref|YP\_002156858.1|  
MJ11\_325 gil|197336147|ref|YP\_002155133.1|  
MJ11\_327 gil|197336145|ref|YP\_002156269.1|  
MJ11\_329 gil|197336143|ref|YP\_002156197.1|



MJ11\_330 gj|197336142|ref|YP\_002156166.1|  
MJ11\_331 gj|197336141|ref|YP\_002156652.1|  
MJ11\_332 gj|197336140|ref|YP\_002156195.1|  
MJ11\_334 gj|197336138|ref|YP\_002156939.1|  
MJ11\_335 gj|197336137|ref|YP\_002155118.1|  
MJ11\_336 gj|197336136|ref|YP\_002155251.1|  
MJ11\_337 gj|197336135|ref|YP\_002155348.1|  
MJ11\_338 gj|197336134|ref|YP\_002156457.1|  
MJ11\_339 gj|197336133|ref|YP\_002155946.1|  
MJ11\_340 gj|197336132|ref|YP\_002156925.1|  
MJ11\_342 gj|197336130|ref|YP\_002155872.1|  
MJ11\_343 gj|197336129|ref|YP\_002155245.1|  
MJ11\_344 gj|197336128|ref|YP\_002155648.1|  
MJ11\_345 gj|197336127|ref|YP\_002156053.1|  
MJ11\_346 gj|197336126|ref|YP\_002156095.1|  
MJ11\_347 gj|197336125|ref|YP\_002157108.1|  
MJ11\_348 gj|197336124|ref|YP\_002156994.1|  
MJ11\_350 gj|197336122|ref|YP\_002156327.1|  
MJ11\_351 gj|197336121|ref|YP\_002156524.1|  
MJ11\_353 gj|197336119|ref|YP\_002156393.1|  
MJ11\_354 gj|197336118|ref|YP\_002155362.1|  
MJ11\_355 gj|197336117|ref|YP\_002156079.1|  
MJ11\_357 gj|197336115|ref|YP\_002157175.1|  
MJ11\_358 gj|197336114|ref|YP\_002156523.1|  
MJ11\_359 gj|197336113|ref|YP\_002155542.1|  
MJ11\_360 gj|197336112|ref|YP\_002156100.1|  
MJ11\_361 gj|197336111|ref|YP\_002156503.1|  
MJ11\_362 gj|197336110|ref|YP\_002155713.1|  
MJ11\_363 gj|197336109|ref|YP\_002155390.1|  
MJ11\_364 gj|197336108|ref|YP\_002157119.1|  
MJ11\_366 gj|197336106|ref|YP\_002156786.1|  
MJ11\_367 gj|197336105|ref|YP\_002156519.1|  
MJ11\_368 gj|197336104|ref|YP\_002156475.1|  
MJ11\_369 gj|197336103|ref|YP\_002155247.1|  
MJ11\_370 gj|197336102|ref|YP\_002157052.1|  
MJ11\_371 gj|197336101|ref|YP\_002156929.1|  
MJ11\_373 gj|197336099|ref|YP\_002156888.1|  
MJ11\_374 gj|197336098|ref|YP\_002156181.1|  
MJ11\_375 gj|197336097|ref|YP\_002155459.1|  
MJ11\_376 gj|197336096|ref|YP\_002155626.1|  
MJ11\_377 gj|197336095|ref|YP\_002156235.1|  
MJ11\_379 gj|197336093|ref|YP\_002157193.1|  
MJ11\_380 gj|197336092|ref|YP\_002155147.1|  
MJ11\_381 gj|197336091|ref|YP\_002155602.1|  
MJ11\_382 gj|197336090|ref|YP\_002156755.1|  
MJ11\_383 gj|197336089|ref|YP\_002156971.1|  
MJ11\_384 gj|197336088|ref|YP\_002155214.1|  
MJ11\_385 gj|197336087|ref|YP\_002157138.1|  
MJ11\_386 gj|197336086|ref|YP\_002155723.1|

MJ11\_387 gj|197336085|ref|YP\_002155421.1|  
MJ11\_388 gj|197336084|ref|YP\_002155527.1|  
MJ11\_390 gj|197336082|ref|YP\_002157195.1|  
MJ11\_391 gj|197336081|ref|YP\_002156482.1|  
MJ11\_392 gj|197336080|ref|YP\_002156897.1|  
MJ11\_393 gj|197336079|ref|YP\_002156380.1|  
MJ11\_394 gj|197336078|ref|YP\_002156756.1|  
MJ11\_395 gj|197336077|ref|YP\_002155283.1|  
MJ11\_396 gj|197336076|ref|YP\_002155971.1|  
MJ11\_398 gj|197336074|ref|YP\_002157210.1|  
MJ11\_400 gj|197336072|ref|YP\_002156927.1|  
MJ11\_401 gj|197336071|ref|YP\_002155878.1|  
MJ11\_402 gj|197336070|ref|YP\_002156686.1|  
MJ11\_403 gj|197336069|ref|YP\_002155655.1|  
MJ11\_404 gj|197336068|ref|YP\_002156747.1|  
MJ11\_405 gj|197336067|ref|YP\_002155647.1|  
MJ11\_406 gj|197336066|ref|YP\_002156465.1|  
MJ11\_407 gj|197336065|ref|YP\_002155383.1|  
MJ11\_408 gj|197336064|ref|YP\_002155702.1|  
MJ11\_409 gj|197336063|ref|YP\_002155349.1|  
MJ11\_410 gj|197336062|ref|YP\_002156362.1|  
MJ11\_411 gj|197336061|ref|YP\_002155297.1|  
MJ11\_412 gj|197336060|ref|YP\_002156569.1|  
MJ11\_413 gj|197336059|ref|YP\_002155312.1|  
MJ11\_414 gj|197336058|ref|YP\_002155792.1|  
MJ11\_416 gj|197336056|ref|YP\_002156270.1|  
MJ11\_417 gj|197336055|ref|YP\_002155130.1|  
MJ11\_419 gj|197336053|ref|YP\_002156776.1|  
MJ11\_421 gj|197336051|ref|YP\_002155820.1|  
MJ11\_422 gj|197336050|ref|YP\_002155686.1|  
MJ11\_423 gj|197336049|ref|YP\_002156813.1|  
MJ11\_424 gj|197336048|ref|YP\_002155137.1|  
MJ11\_425 gj|197336047|ref|YP\_002157114.1|  
MJ11\_426 gj|197336046|ref|YP\_002155526.1|  
MJ11\_428 gj|197336044|ref|YP\_002156851.1|  
MJ11\_429 gj|197336043|ref|YP\_002156130.1|  
MJ11\_430 gj|197336042|ref|YP\_002156068.1|  
MJ11\_431 gj|197336041|ref|YP\_002156500.1|  
MJ11\_432 gj|197336040|ref|YP\_002156625.1|  
MJ11\_433 gj|197336039|ref|YP\_002157035.1|  
MJ11\_434 gj|197336038|ref|YP\_002156730.1|  
MJ11\_435 gj|197336037|ref|YP\_002155168.1|  
MJ11\_436 gj|197336036|ref|YP\_002155203.1|  
MJ11\_437 gj|197336035|ref|YP\_002155453.1|  
MJ11\_438 gj|197336034|ref|YP\_002155963.1|  
MJ11\_439 gj|197336033|ref|YP\_002157111.1|  
MJ11\_441 gj|197336031|ref|YP\_002157182.1|  
MJ11\_443 gj|197336029|ref|YP\_002155112.1|  
MJ11\_444 gj|197336028|ref|YP\_002155157.1|

MJ11\_446 gj|197336026|ref|YP\_002155107.1|  
MJ11\_447 gj|197336025|ref|YP\_002155743.1|  
MJ11\_448 gj|197336024|ref|YP\_002155304.1|  
MJ11\_449 gj|197336023|ref|YP\_002155793.1|  
MJ11\_450 gj|197336022|ref|YP\_002156576.1|  
MJ11\_452 gj|197336020|ref|YP\_002156205.1|  
MJ11\_453 gj|197336019|ref|YP\_002155423.1|  
MJ11\_454 gj|197336018|ref|YP\_002156373.1|  
MJ11\_455 gj|197336017|ref|YP\_002155835.1|  
MJ11\_456 gj|197336016|ref|YP\_002157020.1|  
MJ11\_457 gj|197336015|ref|YP\_002156869.1|  
MJ11\_458 gj|197336014|ref|YP\_002155471.1|  
MJ11\_459 gj|197336013|ref|YP\_002156198.1|  
MJ11\_462 gj|197336010|ref|YP\_002156094.1|  
MJ11\_463 gj|197336009|ref|YP\_002156875.1|  
MJ11\_464 gj|197336008|ref|YP\_002155695.1|  
MJ11\_465 gj|197336007|ref|YP\_002155588.1|  
MJ11\_466 gj|197336006|ref|YP\_002156987.1|  
MJ11\_467 gj|197336005|ref|YP\_002156161.1|  
MJ11\_468 gj|197336004|ref|YP\_002156138.1|  
MJ11\_469 gj|197336003|ref|YP\_002155847.1|  
MJ11\_470 gj|197336002|ref|YP\_002156805.1|  
MJ11\_471 gj|197336001|ref|YP\_002155265.1|  
MJ11\_472 gj|197336000|ref|YP\_002155432.1|  
MJ11\_473 gj|197335999|ref|YP\_002156065.1|  
MJ11\_474 gj|197335998|ref|YP\_002156705.1|  
MJ11\_476 gj|197335996|ref|YP\_002155309.1|  
MJ11\_477 gj|197335995|ref|YP\_002155935.1|  
MJ11\_479 gj|197335993|ref|YP\_002157133.1|  
MJ11\_480 gj|197335992|ref|YP\_002156298.1|  
MJ11\_481 gj|197335991|ref|YP\_002155622.1|  
MJ11\_483 gj|197335989|ref|YP\_002156549.1|  
MJ11\_484 gj|197335988|ref|YP\_002155174.1|  
MJ11\_485 gj|197335987|ref|YP\_002156905.1|  
MJ11\_487 gj|197335985|ref|YP\_002156116.1|  
MJ11\_489 gj|197335983|ref|YP\_002156884.1|  
MJ11\_490 gj|197335982|ref|YP\_002156583.1|  
MJ11\_491 gj|197335981|ref|YP\_002155837.1|  
MJ11\_492 gj|197335980|ref|YP\_002156598.1|  
MJ11\_493 gj|197335979|ref|YP\_002155954.1|  
MJ11\_494 gj|197335978|ref|YP\_002155699.1|  
MJ11\_495 gj|197335977|ref|YP\_002157099.1|  
MJ11\_496 gj|197335976|ref|YP\_002156349.1|  
MJ11\_497 gj|197335975|ref|YP\_002155552.1|  
MJ11\_499 gj|197335973|ref|YP\_002157184.1|  
MJ11\_501 gj|197335971|ref|YP\_002155659.1|  
MJ11\_502 gj|197335970|ref|YP\_002156605.1|  
MJ11\_503 gj|197335969|ref|YP\_002156490.1|  
MJ11\_504 gj|197335968|ref|YP\_002156405.1|

MJ11\_505 gil|197335967|ref|YP\_002155590.1|  
MJ11\_506 gil|197335966|ref|YP\_002155918.1|  
MJ11\_508 gil|197335964|ref|YP\_002155474.1|  
MJ11\_509 gil|197335963|ref|YP\_002157150.1|  
MJ11\_512 gil|197335960|ref|YP\_002155809.1|  
MJ11\_513 gil|197335959|ref|YP\_002155096.1|  
MJ11\_514 gil|197335958|ref|YP\_002155638.1|  
MJ11\_515 gil|197335957|ref|YP\_002156913.1|  
MJ11\_516 gil|197335956|ref|YP\_002157044.1|  
MJ11\_519 gil|197335953|ref|YP\_002156901.1|  
MJ11\_520 gil|197335952|ref|YP\_002156712.1|  
MJ11\_521 gil|197335951|ref|YP\_002155223.1|  
MJ11\_522 gil|197335950|ref|YP\_002156281.1|  
MJ11\_523 gil|197335949|ref|YP\_002155609.1|  
MJ11\_525 gil|197335947|ref|YP\_002156847.1|  
MJ11\_526 gil|197335946|ref|YP\_002157132.1|  
MJ11\_527 gil|197335945|ref|YP\_002156004.1|  
MJ11\_528 gil|197335944|ref|YP\_002157116.1|  
MJ11\_529 gil|197335943|ref|YP\_002157188.1|  
MJ11\_530 gil|197335942|ref|YP\_002155499.1|  
MJ11\_531 gil|197335941|ref|YP\_002156822.1|  
MJ11\_533 gil|197335939|ref|YP\_002157094.1|  
MJ11\_534 gil|197335938|ref|YP\_002156048.1|  
MJ11\_535 gil|197335937|ref|YP\_002155676.1|  
MJ11\_536 gil|197335936|ref|YP\_002155987.1|  
MJ11\_537 gil|197335935|ref|YP\_002155619.1|  
MJ11\_538 gil|197335934|ref|YP\_002156528.1|  
MJ11\_539 gil|197335933|ref|YP\_002156845.1|  
MJ11\_540 gil|197335932|ref|YP\_002155863.1|  
MJ11\_541 gil|197335931|ref|YP\_002156798.1|  
MJ11\_542 gil|197335930|ref|YP\_002155371.1|  
MJ11\_543 gil|197335929|ref|YP\_002156442.1|  
MJ11\_544 gil|197335928|ref|YP\_002155611.1|  
MJ11\_545 gil|197335927|ref|YP\_002156224.1|  
MJ11\_546 gil|197335926|ref|YP\_002155980.1|  
MJ11\_547 gil|197335925|ref|YP\_002155340.1|  
MJ11\_548 gil|197335924|ref|YP\_002156515.1|  
MJ11\_549 gil|197335923|ref|YP\_002155849.1|  
MJ11\_550 gil|197335922|ref|YP\_002156744.1|  
MJ11\_551 gil|197335921|ref|YP\_002156247.1|  
MJ11\_552 gil|197335920|ref|YP\_002155240.1|  
MJ11\_553 gil|197335919|ref|YP\_002156866.1|  
MJ11\_554 gil|197335918|ref|YP\_002156127.1|  
MJ11\_555 gil|197335917|ref|YP\_002157014.1|  
MJ11\_556 gil|197335916|ref|YP\_002156420.1|  
MJ11\_557 gil|197335915|ref|YP\_002155652.1|  
MJ11\_558 gil|197335914|ref|YP\_002155333.1|  
MJ11\_559 gil|197335913|ref|YP\_002156872.1|  
MJ11\_560 gil|197335912|ref|YP\_002155378.1|

MJ11\_561 gj|197335911|ref|YP\_002155140.1|  
MJ11\_562 gj|197335910|ref|YP\_002156273.1|  
MJ11\_563 gj|197335909|ref|YP\_002157139.1|  
MJ11\_564 gj|197335908|ref|YP\_002155462.1|  
MJ11\_565 gj|197335907|ref|YP\_002155520.1|  
MJ11\_566 gj|197335906|ref|YP\_002155142.1|  
MJ11\_567 gj|197335905|ref|YP\_002156619.1|  
MJ11\_568 gj|197335904|ref|YP\_002155994.1|  
MJ11\_569 gj|197335903|ref|YP\_002156309.1|  
MJ11\_570 gj|197335902|ref|YP\_002155584.1|  
MJ11\_572 gj|197335900|ref|YP\_002157083.1|  
MJ11\_575 gj|197335897|ref|YP\_002156082.1|  
MJ11\_577 gj|197335895|ref|YP\_002156453.1|  
MJ11\_579 gj|197335893|ref|YP\_002155718.1|  
MJ11\_580 gj|197335892|ref|YP\_002155319.1|  
MJ11\_581 gj|197335891|ref|YP\_002156451.1|  
MJ11\_582 gj|197335890|ref|YP\_002156228.1|  
MJ11\_583 gj|197335889|ref|YP\_002155506.1|  
MJ11\_585 gj|197335887|ref|YP\_002155468.1|  
MJ11\_586 gj|197335886|ref|YP\_002157001.1|  
MJ11\_587 gj|197335885|ref|YP\_002156664.1|  
MJ11\_588 gj|197335884|ref|YP\_002156045.1|  
MJ11\_589 gj|197335883|ref|YP\_002156586.1|  
MJ11\_590 gj|197335882|ref|YP\_002155938.1|  
MJ11\_592 gj|197335880|ref|YP\_002155400.1|  
MJ11\_593 gj|197335879|ref|YP\_002156984.1|  
MJ11\_594 gj|197335878|ref|YP\_002156366.1|  
MJ11\_595 gj|197335877|ref|YP\_002155352.1|  
MJ11\_596 gj|197335876|ref|YP\_002156635.1|  
MJ11\_597 gj|197335875|ref|YP\_002156562.1|  
MJ11\_598 gj|197335874|ref|YP\_002155252.1|  
MJ11\_600 gj|197335872|ref|YP\_002156057.1|  
MJ11\_601 gj|197335871|ref|YP\_002155568.1|  
MJ11\_602 gj|197335870|ref|YP\_002156891.1|  
MJ11\_603 gj|197335869|ref|YP\_002155915.1|  
MJ11\_605 gj|197335867|ref|YP\_002156900.1|  
MJ11\_606 gj|197335866|ref|YP\_002155441.1|  
MJ11\_607 gj|197335865|ref|YP\_002156641.1|  
MJ11\_608 gj|197335864|ref|YP\_002156334.1|  
MJ11\_609 gj|197335863|ref|YP\_002156949.1|  
MJ11\_611 gj|197335861|ref|YP\_002156302.1|  
MJ11\_612 gj|197335860|ref|YP\_002156945.1|  
MJ11\_613 gj|197335859|ref|YP\_002155680.1|  
MJ11\_614 gj|197335858|ref|YP\_002156662.1|  
MJ11\_615 gj|197335857|ref|YP\_002156408.1|  
MJ11\_617 gj|197335855|ref|YP\_002155394.1|  
MJ11\_618 gj|197335854|ref|YP\_002156496.1|  
MJ11\_619 gj|197335853|ref|YP\_002156169.1|  
MJ11\_620 gj|197335852|ref|YP\_002157203.1|

MJ11\_621 gj|197335851|ref|YP\_002157061.1|  
MJ11\_622 gj|197335850|ref|YP\_002156863.1|  
MJ11\_623 gj|197335849|ref|YP\_002156142.1|  
MJ11\_624 gj|197335848|ref|YP\_002156341.1|  
MJ11\_626 gj|197335846|ref|YP\_002156760.1|  
MJ11\_627 gj|197335845|ref|YP\_002155753.1|  
MJ11\_628 gj|197335844|ref|YP\_002155366.1|  
MJ11\_630 gj|197335842|ref|YP\_002156262.1|  
MJ11\_631 gj|197335841|ref|YP\_002156209.1|  
MJ11\_633 gj|197335839|ref|YP\_002155843.1|  
MJ11\_634 gj|197335838|ref|YP\_002156752.1|  
MJ11\_635 gj|197335837|ref|YP\_002155375.1|  
MJ11\_636 gj|197335836|ref|YP\_002156671.1|  
MJ11\_637 gj|197335835|ref|YP\_002155211.1|  
MJ11\_638 gj|197335834|ref|YP\_002155450.1|  
MJ11\_640 gj|197335832|ref|YP\_002155830.1|  
MJ11\_641 gj|197335831|ref|YP\_002156764.1|  
MJ11\_642 gj|197335830|ref|YP\_002156676.1|  
MJ11\_643 gj|197335829|ref|YP\_002155489.1|  
MJ11\_644 gj|197335828|ref|YP\_002155577.1|  
MJ11\_645 gj|197335827|ref|YP\_002157003.1|  
MJ11\_646 gj|197335826|ref|YP\_002156573.1|  
MJ11\_647 gj|197335825|ref|YP\_002155795.1|  
MJ11\_648 gj|197335824|ref|YP\_002155691.1|  
MJ11\_649 gj|197335823|ref|YP\_002157200.1|  
MJ11\_650 gj|197335822|ref|YP\_002156767.1|  
MJ11\_651 gj|197335821|ref|YP\_002157107.1|  
MJ11\_652 gj|197335820|ref|YP\_002156879.1|  
MJ11\_655 gj|197335817|ref|YP\_002157028.1|  
MJ11\_656 gj|197335816|ref|YP\_002155566.1|  
MJ11\_657 gj|197335815|ref|YP\_002155595.1|  
MJ11\_658 gj|197335814|ref|YP\_002155154.1|  
MJ11\_660 gj|197335812|ref|YP\_002156274.1|  
MJ11\_661 gj|197335811|ref|YP\_002157154.1|  
MJ11\_662 gj|197335810|ref|YP\_002156654.1|  
MJ11\_663 gj|197335809|ref|YP\_002156239.1|  
MJ11\_664 gj|197335808|ref|YP\_002155437.1|  
MJ11\_667 gj|197335805|ref|YP\_002156958.1|  
MJ11\_668 gj|197335804|ref|YP\_002156758.1|  
MJ11\_669 gj|197335803|ref|YP\_002156473.1|  
MJ11\_670 gj|197335802|ref|YP\_002155801.1|  
MJ11\_671 gj|197335801|ref|YP\_002156566.1|  
MJ11\_672 gj|197335800|ref|YP\_002155848.1|  
MJ11\_673 gj|197335799|ref|YP\_002156108.1|  
MJ11\_674 gj|197335798|ref|YP\_002155233.1|  
MJ11\_675 gj|197335797|ref|YP\_002155125.1|  
MJ11\_676 gj|197335796|ref|YP\_002156820.1|  
MJ11\_677 gj|197335795|ref|YP\_002155152.1|  
MJ11\_678 gj|197335794|ref|YP\_002156259.1|

MJ11\_679 gj|197335793|ref|YP\_002156911.1|  
MJ11\_680 gj|197335792|ref|YP\_002156287.1|  
MJ11\_681 gj|197335791|ref|YP\_002156347.1|  
MJ11\_682 gj|197335790|ref|YP\_002155368.1|  
MJ11\_683 gj|197335789|ref|YP\_002156143.1|  
MJ11\_684 gj|197335788|ref|YP\_002156220.1|  
MJ11\_686 gj|197335786|ref|YP\_002155171.1|  
MJ11\_687 gj|197335785|ref|YP\_002155116.1|  
MJ11\_688 gj|197335784|ref|YP\_002155825.1|  
MJ11\_689 gj|197335783|ref|YP\_002156651.1|  
MJ11\_690 gj|197335782|ref|YP\_002156062.1|  
MJ11\_691 gj|197335781|ref|YP\_002156966.1|  
MJ11\_692 gj|197335780|ref|YP\_002155832.1|  
MJ11\_693 gj|197335779|ref|YP\_002155838.1|  
MJ11\_694 gj|197335778|ref|YP\_002155166.1|  
MJ11\_695 gj|197335777|ref|YP\_002156479.1|  
MJ11\_697 gj|197335775|ref|YP\_002156058.1|  
MJ11\_698 gj|197335774|ref|YP\_002155509.1|  
MJ11\_699 gj|197335773|ref|YP\_002155671.1|  
MJ11\_700 gj|197335772|ref|YP\_002156389.1|  
MJ11\_701 gj|197335771|ref|YP\_002155330.1|  
MJ11\_702 gj|197335770|ref|YP\_002157118.1|  
MJ11\_703 gj|197335769|ref|YP\_002157102.1|  
MJ11\_704 gj|197335768|ref|YP\_002156893.1|  
MJ11\_705 gj|197335767|ref|YP\_002156191.1|  
MJ11\_706 gj|197335766|ref|YP\_002155454.1|  
MJ11\_707 gj|197335765|ref|YP\_002157010.1|  
MJ11\_708 gj|197335764|ref|YP\_002155879.1|  
MJ11\_709 gj|197335763|ref|YP\_002156109.1|  
MJ11\_710 gj|197335762|ref|YP\_002155225.1|  
MJ11\_711 gj|197335761|ref|YP\_002155649.1|  
MJ11\_712 gj|197335760|ref|YP\_002156511.1|  
MJ11\_713 gj|197335759|ref|YP\_002155518.1|  
MJ11\_714 gj|197335758|ref|YP\_002156954.1|  
MJ11\_715 gj|197335757|ref|YP\_002156952.1|  
MJ11\_716 gj|197335756|ref|YP\_002155294.1|  
MJ11\_717 gj|197335755|ref|YP\_002157012.1|  
MJ11\_718 gj|197335754|ref|YP\_002155681.1|  
MJ11\_719 gj|197335753|ref|YP\_002155178.1|  
MJ11\_720 gj|197335752|ref|YP\_002155500.1|  
MJ11\_721 gj|197335751|ref|YP\_002155217.1|  
MJ11\_722 gj|197335750|ref|YP\_002155438.1|  
MJ11\_723 gj|197335749|ref|YP\_002156304.1|  
MJ11\_724 gj|197335748|ref|YP\_002155959.1|  
MJ11\_725 gj|197335747|ref|YP\_002157088.1|  
MJ11\_726 gj|197335746|ref|YP\_002155254.1|  
MJ11\_727 gj|197335745|ref|YP\_002156440.1|  
MJ11\_728 gj|197335744|ref|YP\_002156579.1|  
MJ11\_729 gj|197335743|ref|YP\_002155840.1|

MJ11\_730 gj|197335742|ref|YP\_002155974.1|  
MJ11\_731 gj|197335741|ref|YP\_002155865.1|  
MJ11\_732 gj|197335740|ref|YP\_002156359.1|  
MJ11\_733 gj|197335739|ref|YP\_002156391.1|  
MJ11\_735 gj|197335737|ref|YP\_002156424.1|  
MJ11\_736 gj|197335736|ref|YP\_002156547.1|  
MJ11\_737 gj|197335735|ref|YP\_002156494.1|  
MJ11\_738 gj|197335734|ref|YP\_002157190.1|  
MJ11\_739 gj|197335733|ref|YP\_002156103.1|  
MJ11\_740 gj|197335732|ref|YP\_002155636.1|  
MJ11\_741 gj|197335731|ref|YP\_002157129.1|  
MJ11\_742 gj|197335730|ref|YP\_002157128.1|  
MJ11\_743 gj|197335729|ref|YP\_002156552.1|  
MJ11\_744 gj|197335728|ref|YP\_002155377.1|  
MJ11\_745 gj|197335727|ref|YP\_002156701.1|  
MJ11\_746 gj|197335726|ref|YP\_002155666.1|  
MJ11\_747 gj|197335725|ref|YP\_002156177.1|  
MJ11\_748 gj|197335724|ref|YP\_002155351.1|  
MJ11\_749 gj|197335723|ref|YP\_002156639.1|  
MJ11\_750 gj|197335722|ref|YP\_002156724.1|  
MJ11\_751 gj|197335721|ref|YP\_002155313.1|  
MJ11\_752 gj|197335720|ref|YP\_002156367.1|  
MJ11\_755 gj|197335717|ref|YP\_002155360.1|  
MJ11\_756 gj|197335716|ref|YP\_002155925.1|  
MJ11\_757 gj|197335715|ref|YP\_002157198.1|  
MJ11\_758 gj|197335714|ref|YP\_002156708.1|  
MJ11\_759 gj|197335713|ref|YP\_002156288.1|  
MJ11\_760 gj|197335712|ref|YP\_002156013.1|  
MJ11\_761 gj|197335711|ref|YP\_002156692.1|  
MJ11\_762 gj|197335710|ref|YP\_002155525.1|  
MJ11\_763 gj|197335709|ref|YP\_002156175.1|  
MJ11\_764 gj|197335708|ref|YP\_002156199.1|  
MJ11\_766 gj|197335706|ref|YP\_002157110.1|  
MJ11\_767 gj|197335705|ref|YP\_002156693.1|  
MJ11\_768 gj|197335704|ref|YP\_002155894.1|  
MJ11\_770 gj|197335702|ref|YP\_002155487.1|  
MJ11\_771 gj|197335701|ref|YP\_002156736.1|  
MJ11\_772 gj|197335700|ref|YP\_002156538.1|  
MJ11\_773 gj|197335699|ref|YP\_002155207.1|  
MJ11\_774 gj|197335698|ref|YP\_002156789.1|  
MJ11\_776 gj|197335696|ref|YP\_002156919.1|  
MJ11\_777 gj|197335695|ref|YP\_002156096.1|  
MJ11\_779 gj|197335693|ref|YP\_002156596.1|  
MJ11\_780 gj|197335692|ref|YP\_002155494.1|  
MJ11\_781 gj|197335691|ref|YP\_002155132.1|  
MJ11\_782 gj|197335690|ref|YP\_002155100.1|  
MJ11\_783 gj|197335689|ref|YP\_002155914.1|  
MJ11\_784 gj|197335688|ref|YP\_002156526.1|  
MJ11\_785 gj|197335687|ref|YP\_002155853.1|



MJ11\_786 gj|197335686|ref|YP\_002156040.1|  
MJ11\_787 gj|197335685|ref|YP\_002156788.1|  
MJ11\_788 gj|197335684|ref|YP\_002156922.1|  
MJ11\_789 gj|197335683|ref|YP\_002155145.1|  
MJ11\_790 gj|197335682|ref|YP\_002155290.1|  
MJ11\_791 gj|197335681|ref|YP\_002156460.1|  
MJ11\_792 gj|197335680|ref|YP\_002155188.1|  
MJ11\_793 gj|197335679|ref|YP\_002155573.1|  
MJ11\_794 gj|197335678|ref|YP\_002155097.1|  
MJ11\_795 gj|197335677|ref|YP\_002156027.1|  
MJ11\_796 gj|197335676|ref|YP\_002156136.1|  
MJ11\_798 gj|197335674|ref|YP\_002157080.1|  
MJ11\_799 gj|197335673|ref|YP\_002155929.1|  
MJ11\_800 gj|197335672|ref|YP\_002155818.1|  
MJ11\_801 gj|197335671|ref|YP\_002156083.1|  
MJ11\_802 gj|197335670|ref|YP\_002156314.1|  
MJ11\_803 gj|197335669|ref|YP\_002156942.1|  
MJ11\_804 gj|197335668|ref|YP\_002155581.1|  
MJ11\_805 gj|197335667|ref|YP\_002155448.1|  
MJ11\_806 gj|197335666|ref|YP\_002155507.1|  
MJ11\_807 gj|197335665|ref|YP\_002156052.1|  
MJ11\_808 gj|197335664|ref|YP\_002157143.1|  
MJ11\_809 gj|197335663|ref|YP\_002155871.1|  
MJ11\_810 gj|197335662|ref|YP\_002155134.1|  
MJ11\_811 gj|197335661|ref|YP\_002155345.1|  
MJ11\_812 gj|197335660|ref|YP\_002156670.1|  
MJ11\_813 gj|197335659|ref|YP\_002156449.1|  
MJ11\_814 gj|197335658|ref|YP\_002156485.1|  
MJ11\_815 gj|197335657|ref|YP\_002155262.1|  
MJ11\_816 gj|197335656|ref|YP\_002156559.1|  
MJ11\_818 gj|197335654|ref|YP\_002156379.1|  
MJ11\_819 gj|197335653|ref|YP\_002155898.1|  
MJ11\_820 gj|197335652|ref|YP\_002156318.1|  
MJ11\_821 gj|197335651|ref|YP\_002156704.1|  
MJ11\_822 gj|197335650|ref|YP\_002156883.1|  
MJ11\_823 gj|197335649|ref|YP\_002157142.1|  
MJ11\_824 gj|197335648|ref|YP\_002156394.1|  
MJ11\_825 gj|197335647|ref|YP\_002156864.1|  
MJ11\_826 gj|197335646|ref|YP\_002155195.1|  
MJ11\_827 gj|197335645|ref|YP\_002156926.1|  
MJ11\_828 gj|197335644|ref|YP\_002156778.1|  
MJ11\_830 gj|197335642|ref|YP\_002156859.1|  
MJ11\_831 gj|197335641|ref|YP\_002155473.1|  
MJ11\_833 gj|197335639|ref|YP\_002156196.1|  
MJ11\_834 gj|197335638|ref|YP\_002155800.1|  
MJ11\_835 gj|197335637|ref|YP\_002155244.1|  
MJ11\_836 gj|197335636|ref|YP\_002155381.1|  
MJ11\_837 gj|197335635|ref|YP\_002155124.1|  
MJ11\_838 gj|197335634|ref|YP\_002156940.1|

MJ11\_839 gj|197335633|ref|YP\_002157046.1|  
MJ11\_840 gj|197335632|ref|YP\_002156242.1|  
MJ11\_841 gj|197335631|ref|YP\_002155228.1|  
MJ11\_842 gj|197335630|ref|YP\_002156825.1|  
MJ11\_843 gj|197335629|ref|YP\_002156748.1|  
MJ11\_844 gj|197335628|ref|YP\_002156120.1|  
MJ11\_845 gj|197335627|ref|YP\_002156918.1|  
MJ11\_846 gj|197335626|ref|YP\_002156768.1|  
MJ11\_847 gj|197335625|ref|YP\_002155218.1|  
MJ11\_848 gj|197335624|ref|YP\_002155430.1|  
MJ11\_850 gj|197335622|ref|YP\_002155706.1|  
MJ11\_851 gj|197335621|ref|YP\_002156680.1|  
MJ11\_852 gj|197335620|ref|YP\_002156406.1|  
MJ11\_853 gj|197335619|ref|YP\_002156266.1|  
MJ11\_854 gj|197335618|ref|YP\_002156532.1|  
MJ11\_855 gj|197335617|ref|YP\_002156164.1|  
MJ11\_856 gj|197335616|ref|YP\_002155895.1|  
MJ11\_857 gj|197335615|ref|YP\_002156614.1|  
MJ11\_859 gj|197335613|ref|YP\_002155109.1|  
MJ11\_860 gj|197335612|ref|YP\_002155559.1|  
MJ11\_861 gj|197335611|ref|YP\_002155389.1|  
MJ11\_862 gj|197335610|ref|YP\_002156398.1|  
MJ11\_863 gj|197335609|ref|YP\_002156842.1|  
MJ11\_864 gj|197335608|ref|YP\_002156124.1|  
MJ11\_865 gj|197335607|ref|YP\_002157053.1|  
MJ11\_867 gj|197335605|ref|YP\_002156072.1|  
MJ11\_868 gj|197335604|ref|YP\_002156796.1|  
MJ11\_869 gj|197335603|ref|YP\_002156290.1|  
MJ11\_870 gj|197335602|ref|YP\_002155990.1|  
MJ11\_871 gj|197335601|ref|YP\_002156280.1|  
MJ11\_873 gj|197335599|ref|YP\_002156887.1|  
MJ11\_874 gj|197335598|ref|YP\_002155993.1|  
MJ11\_875 gj|197335597|ref|YP\_002157065.1|  
MJ11\_876 gj|197335596|ref|YP\_002156630.1|  
MJ11\_877 gj|197335595|ref|YP\_002157043.1|  
MJ11\_878 gj|197335594|ref|YP\_002156330.1|  
MJ11\_879 gj|197335593|ref|YP\_002155949.1|  
MJ11\_881 gj|197335591|ref|YP\_002155614.1|  
MJ11\_883 gj|197335589|ref|YP\_002156437.1|  
MJ11\_886 gj|197335586|ref|YP\_002156295.1|  
MJ11\_887 gj|197335585|ref|YP\_002155746.1|  
MJ11\_888 gj|197335584|ref|YP\_002155101.1|  
MJ11\_890 gj|197335582|ref|YP\_002155761.1|  
MJ11\_891 gj|197335581|ref|YP\_002157024.1|  
MJ11\_892 gj|197335580|ref|YP\_002157071.1|  
MJ11\_893 gj|197335579|ref|YP\_002155689.1|  
MJ11\_894 gj|197335578|ref|YP\_002156935.1|  
MJ11\_895 gj|197335577|ref|YP\_002156444.1|  
MJ11\_896 gj|197335576|ref|YP\_002156297.1|

MJ11\_897 gil|197335575|ref|YP\_002155317.1|  
MJ11\_898 gil|197335574|ref|YP\_002155446.1|  
MJ11\_899 gil|197335573|ref|YP\_002155322.1|  
MJ11\_900 gil|197335572|ref|YP\_002155303.1|  
MJ11\_901 gil|197335571|ref|YP\_002155685.1|  
MJ11\_902 gil|197335570|ref|YP\_002157113.1|  
MJ11\_903 gil|197335569|ref|YP\_002155121.1|  
MJ11\_904 gil|197335568|ref|YP\_002155916.1|  
MJ11\_905 gil|197335567|ref|YP\_002156160.1|  
MJ11\_907 gil|197335565|ref|YP\_002156556.1|  
MJ11\_908 gil|197335564|ref|YP\_002155237.1|  
MJ11\_910 gil|197335562|ref|YP\_002157169.1|  
MJ11\_911 gil|197335561|ref|YP\_002155544.1|  
MJ11\_912 gil|197335560|ref|YP\_002155162.1|  
MJ11\_913 gil|197335559|ref|YP\_002155717.1|  
MJ11\_914 gil|197335558|ref|YP\_002156928.1|  
MJ11\_915 gil|197335557|ref|YP\_002157039.1|  
MJ11\_916 gil|197335556|ref|YP\_002156876.1|  
MJ11\_917 gil|197335555|ref|YP\_002157098.1|  
MJ11\_918 gil|197335554|ref|YP\_002155606.1|  
MJ11\_919 gil|197335553|ref|YP\_002157137.1|  
MJ11\_920 gil|197335552|ref|YP\_002157204.1|  
MJ11\_923 gil|197335549|ref|YP\_002156319.1|  
MJ11\_924 gil|197335548|ref|YP\_002155422.1|  
MJ11\_926 gil|197335546|ref|YP\_002156179.1|  
MJ11\_927 gil|197335545|ref|YP\_002155819.1|  
MJ11\_928 gil|197335544|ref|YP\_002156803.1|  
MJ11\_929 gil|197335543|ref|YP\_002155836.1|  
MJ11\_930 gil|197335542|ref|YP\_002157176.1|  
MJ11\_931 gil|197335541|ref|YP\_002156906.1|  
MJ11\_933 gil|197335539|ref|YP\_002155334.1|  
MJ11\_934 gil|197335538|ref|YP\_002155167.1|  
MJ11\_935 gil|197335537|ref|YP\_002155472.1|  
MJ11\_936 gil|197335536|ref|YP\_002155189.1|  
MJ11\_937 gil|197335535|ref|YP\_002156522.1|  
MJ11\_938 gil|197335534|ref|YP\_002156436.1|  
MJ11\_939 gil|197335533|ref|YP\_002155139.1|  
MJ11\_940 gil|197335532|ref|YP\_002156582.1|  
MJ11\_941 gil|197335531|ref|YP\_002156505.1|  
MJ11\_943 gil|197335529|ref|YP\_002156251.1|  
MJ11\_944 gil|197335528|ref|YP\_002155953.1|  
MJ11\_946 gil|197335526|ref|YP\_002155433.1|  
MJ11\_947 gil|197335525|ref|YP\_002157181.1|  
MJ11\_949 gil|197335523|ref|YP\_002155460.1|  
MJ11\_950 gil|197335522|ref|YP\_002157134.1|  
MJ11\_951 gil|197335521|ref|YP\_002156294.1|  
MJ11\_952 gil|197335520|ref|YP\_002157021.1|  
MJ11\_953 gil|197335519|ref|YP\_002156263.1|  
MJ11\_954 gil|197335518|ref|YP\_002155658.1|

MJ11\_955 gj|197335517|ref|YP\_002156731.1|  
MJ11\_956 gj|197335516|ref|YP\_002156469.1|  
MJ11\_957 gj|197335515|ref|YP\_002155928.1|  
MJ11\_958 gj|197335514|ref|YP\_002156960.1|  
MJ11\_959 gj|197335513|ref|YP\_002156501.1|  
MJ11\_961 gj|197335511|ref|YP\_002156374.1|  
MJ11\_962 gj|197335510|ref|YP\_002156489.1|  
MJ11\_963 gj|197335509|ref|YP\_002155481.1|  
MJ11\_964 gj|197335508|ref|YP\_002155365.1|  
MJ11\_965 gj|197335507|ref|YP\_002155589.1|  
MJ11\_966 gj|197335506|ref|YP\_002157105.1|  
MJ11\_967 gj|197335505|ref|YP\_002156410.1|  
MJ11\_968 gj|197335504|ref|YP\_002156980.1|  
MJ11\_969 gj|197335503|ref|YP\_002156955.1|  
MJ11\_970 gj|197335502|ref|YP\_002155662.1|  
MJ11\_971 gj|197335501|ref|YP\_002156948.1|  
MJ11\_972 gj|197335500|ref|YP\_002156806.1|  
MJ11\_973 gj|197335499|ref|YP\_002156720.1|  
MJ11\_974 gj|197335498|ref|YP\_002155175.1|  
MJ11\_975 gj|197335497|ref|YP\_002156301.1|  
MJ11\_977 gj|197335495|ref|YP\_002156113.1|  
MJ11\_978 gj|197335494|ref|YP\_002157027.1|  
MJ11\_979 gj|197335493|ref|YP\_002157122.1|  
MJ11\_980 gj|197335492|ref|YP\_002156972.1|  
MJ11\_982 gj|197335490|ref|YP\_002157183.1|  
MJ11\_984 gj|197335488|ref|YP\_002155603.1|  
MJ11\_985 gj|197335487|ref|YP\_002155099.1|  
MJ11\_986 gj|197335486|ref|YP\_002156683.1|  
MJ11\_987 gj|197335485|ref|YP\_002156995.1|  
MJ11\_988 gj|197335484|ref|YP\_002156787.1|  
MJ11\_989 gj|197335483|ref|YP\_002155591.1|  
MJ11\_991 gj|197335481|ref|YP\_002155222.1|  
MJ11\_992 gj|197335480|ref|YP\_002155708.1|  
MJ11\_993 gj|197335479|ref|YP\_002157194.1|  
MJ11\_994 gj|197335478|ref|YP\_002155146.1|  
MJ11\_996 gj|197335476|ref|YP\_002155467.1|  
MJ11\_997 gj|197335475|ref|YP\_002155541.1|  
MJ11\_998 gj|197335474|ref|YP\_002156937.1|  
MJ11\_999 gj|197335473|ref|YP\_002155807.1|  
MJ11\_1000 gj|197335472|ref|YP\_002155392.1|  
MJ11\_1001 gj|197335471|ref|YP\_002156970.1|  
MJ11\_1002 gj|197335470|ref|YP\_002155839.1|  
MJ11\_1003 gj|197335469|ref|YP\_002155558.1|  
MJ11\_1004 gj|197335468|ref|YP\_002155941.1|  
MJ11\_1005 gj|197335467|ref|YP\_002156550.1|  
MJ11\_1006 gj|197335466|ref|YP\_002155719.1|  
MJ11\_1008 gj|197335464|ref|YP\_002155209.1|  
MJ11\_1009 gj|197335463|ref|YP\_002156946.1|  
MJ11\_1010 gj|197335462|ref|YP\_002155208.1|

MJ11\_1012 gil|197335460|ref|YP\_002155191.1|  
MJ11\_1013 gil|197335459|ref|YP\_002155298.1|  
MJ11\_1014 gil|197335458|ref|YP\_002155092.1|  
MJ11\_1015 gil|197335457|ref|YP\_002155531.1|  
MJ11\_1016 gil|197335456|ref|YP\_002156543.1|  
MJ11\_1017 gil|197335455|ref|YP\_002155427.1|  
MJ11\_1019 gil|197335453|ref|YP\_002155199.1|  
MJ11\_1020 gil|197335452|ref|YP\_002155970.1|  
MJ11\_1021 gil|197335451|ref|YP\_002157106.1|  
MJ11\_1022 gil|197335450|ref|YP\_002156777.1|  
MJ11\_1023 gil|197335449|ref|YP\_002156075.1|  
MJ11\_1024 gil|197335448|ref|YP\_002156099.1|  
MJ11\_1025 gil|197335447|ref|YP\_002155724.1|  
MJ11\_1026 gil|197335446|ref|YP\_002155533.1|  
MJ11\_1027 gil|197335445|ref|YP\_002155656.1|  
MJ11\_1028 gil|197335444|ref|YP\_002156187.1|  
MJ11\_1030 gil|197335442|ref|YP\_002157172.1|  
MJ11\_1031 gil|197335441|ref|YP\_002156338.1|  
MJ11\_1033 gil|197335439|ref|YP\_002155714.1|  
MJ11\_1034 gil|197335438|ref|YP\_002156361.1|  
MJ11\_1035 gil|197335437|ref|YP\_002156646.1|  
MJ11\_1036 gil|197335436|ref|YP\_002156369.1|  
MJ11\_1037 gil|197335435|ref|YP\_002155886.1|  
MJ11\_1038 gil|197335434|ref|YP\_002156448.1|  
MJ11\_1039 gil|197335433|ref|YP\_002155644.1|  
MJ11\_1040 gil|197335432|ref|YP\_002155355.1|  
MJ11\_1041 gil|197335431|ref|YP\_002156271.1|  
MJ11\_1042 gil|197335430|ref|YP\_002156243.1|  
MJ11\_1043 gil|197335429|ref|YP\_002155284.1|  
MJ11\_1044 gil|197335428|ref|YP\_002156930.1|  
MJ11\_1045 gil|197335427|ref|YP\_002156894.1|  
MJ11\_1046 gil|197335426|ref|YP\_002156741.1|  
MJ11\_1047 gil|197335425|ref|YP\_002156317.1|  
MJ11\_1048 gil|197335424|ref|YP\_002155701.1|  
MJ11\_1049 gil|197335423|ref|YP\_002155420.1|  
MJ11\_1050 gil|197335422|ref|YP\_002155874.1|  
MJ11\_1053 gil|197335419|ref|YP\_002157050.1|  
MJ11\_1054 gil|197335418|ref|YP\_002155503.1|  
MJ11\_1055 gil|197335417|ref|YP\_002157000.1|  
MJ11\_1056 gil|197335416|ref|YP\_002156561.1|  
MJ11\_1057 gil|197335415|ref|YP\_002156478.1|  
MJ11\_1058 gil|197335414|ref|YP\_002155160.1|  
MJ11\_1059 gil|197335413|ref|YP\_002155341.1|  
MJ11\_1060 gil|197335412|ref|YP\_002155141.1|  
MJ11\_1062 gil|197335410|ref|YP\_002155517.1|  
MJ11\_1063 gil|197335409|ref|YP\_002156592.1|  
MJ11\_1065 gil|197335407|ref|YP\_002155617.1|  
MJ11\_1066 gil|197335406|ref|YP\_002155679.1|  
MJ11\_1067 gil|197335405|ref|YP\_002157036.1|

MJ11\_1068 gj|197335404|ref|YP\_002156727.1|  
MJ11\_1070 gj|197335402|ref|YP\_002155399.1|  
MJ11\_1071 gj|197335401|ref|YP\_002157066.1|  
MJ11\_1072 gj|197335400|ref|YP\_002155817.1|  
MJ11\_1073 gj|197335399|ref|YP\_002156661.1|  
MJ11\_1075 gj|197335397|ref|YP\_002155926.1|  
MJ11\_1076 gj|197335396|ref|YP\_002155495.1|  
MJ11\_1077 gj|197335395|ref|YP\_002155844.1|  
MJ11\_1078 gj|197335394|ref|YP\_002155210.1|  
MJ11\_1079 gj|197335393|ref|YP\_002156335.1|  
MJ11\_1080 gj|197335392|ref|YP\_002155442.1|  
MJ11\_1082 gj|197335390|ref|YP\_002156056.1|  
MJ11\_1083 gj|197335389|ref|YP\_002156577.1|  
MJ11\_1084 gj|197335388|ref|YP\_002156751.1|  
MJ11\_1085 gj|197335387|ref|YP\_002156441.1|  
MJ11\_1086 gj|197335386|ref|YP\_002155376.1|  
MJ11\_1087 gj|197335385|ref|YP\_002155246.1|  
MJ11\_1088 gj|197335384|ref|YP\_002156772.1|  
MJ11\_1089 gj|197335383|ref|YP\_002156681.1|  
MJ11\_1091 gj|197335381|ref|YP\_002156792.1|  
MJ11\_1092 gj|197335380|ref|YP\_002157147.1|  
MJ11\_1093 gj|197335379|ref|YP\_002156604.1|  
MJ11\_1094 gj|197335378|ref|YP\_002156044.1|  
MJ11\_1095 gj|197335377|ref|YP\_002155667.1|  
MJ11\_1096 gj|197335376|ref|YP\_002156985.1|  
MJ11\_1097 gj|197335375|ref|YP\_002155179.1|  
MJ11\_1099 gj|197335373|ref|YP\_002156454.1|  
MJ11\_1100 gj|197335372|ref|YP\_002155969.1|  
MJ11\_1101 gj|197335371|ref|YP\_002155451.1|  
MJ11\_1102 gj|197335370|ref|YP\_002156976.1|  
MJ11\_1103 gj|197335369|ref|YP\_002156889.1|  
MJ11\_1104 gj|197335368|ref|YP\_002155981.1|  
MJ11\_1105 gj|197335367|ref|YP\_002156957.1|  
MJ11\_1106 gj|197335366|ref|YP\_002155576.1|  
MJ11\_1107 gj|197335365|ref|YP\_002156223.1|  
MJ11\_1108 gj|197335364|ref|YP\_002157093.1|  
MJ11\_1109 gj|197335363|ref|YP\_002156700.1|  
MJ11\_1110 gj|197335362|ref|YP\_002155864.1|  
MJ11\_1111 gj|197335361|ref|YP\_002155585.1|  
MJ11\_1112 gj|197335360|ref|YP\_002156149.1|  
MJ11\_1113 gj|197335359|ref|YP\_002155608.1|  
MJ11\_1115 gj|197335357|ref|YP\_002156016.1|  
MJ11\_1116 gj|197335356|ref|YP\_002155852.1|  
MJ11\_1117 gj|197335355|ref|YP\_002156817.1|  
MJ11\_1118 gj|197335354|ref|YP\_002155627.1|  
MJ11\_1120 gj|197335352|ref|YP\_002156812.1|  
MJ11\_1121 gj|197335351|ref|YP\_002156064.1|  
MJ11\_1122 gj|197335350|ref|YP\_002155408.1|  
MJ11\_1123 gj|197335349|ref|YP\_002155106.1|

MJ11\_1124 gj|197335348|ref|YP\_002155310.1|  
MJ11\_1125 gj|197335347|ref|YP\_002156902.1|  
MJ11\_1126 gj|197335346|ref|YP\_002155960.1|  
MJ11\_1127 gj|197335345|ref|YP\_002155582.1|  
MJ11\_1128 gj|197335344|ref|YP\_002156226.1|  
MJ11\_1129 gj|197335343|ref|YP\_002155639.1|  
MJ11\_1130 gj|197335342|ref|YP\_002156087.1|  
MJ11\_1131 gj|197335341|ref|YP\_002155758.1|  
MJ11\_1132 gj|197335340|ref|YP\_002156172.1|  
MJ11\_1133 gj|197335339|ref|YP\_002157075.1|  
MJ11\_1134 gj|197335338|ref|YP\_002156799.1|  
MJ11\_1135 gj|197335337|ref|YP\_002156629.1|  
MJ11\_1136 gj|197335336|ref|YP\_002155675.1|  
MJ11\_1137 gj|197335335|ref|YP\_002155372.1|  
MJ11\_1138 gj|197335334|ref|YP\_002155823.1|  
MJ11\_1139 gj|197335333|ref|YP\_002155183.1|  
MJ11\_1140 gj|197335332|ref|YP\_002155556.1|  
MJ11\_1141 gj|197335331|ref|YP\_002156914.1|  
MJ11\_1142 gj|197335330|ref|YP\_002157209.1|  
MJ11\_1143 gj|197335329|ref|YP\_002156246.1|  
MJ11\_1144 gj|197335328|ref|YP\_002155902.1|  
MJ11\_1145 gj|197335327|ref|YP\_002156634.1|  
MJ11\_1146 gj|197335326|ref|YP\_002156425.1|  
MJ11\_1147 gj|197335325|ref|YP\_002156711.1|  
MJ11\_1148 gj|197335324|ref|YP\_002156514.1|  
MJ11\_1149 gj|197335323|ref|YP\_002156206.1|  
MJ11\_1150 gj|197335322|ref|YP\_002156254.1|  
MJ11\_1151 gj|197335321|ref|YP\_002156310.1|  
MJ11\_1152 gj|197335320|ref|YP\_002156402.1|  
MJ11\_1154 gj|197335318|ref|YP\_002156003.1|  
MJ11\_1155 gj|197335317|ref|YP\_002155965.1|  
MJ11\_1157 gj|197335315|ref|YP\_002155742.1|  
MJ11\_1158 gj|197335314|ref|YP\_002155386.1|  
MJ11\_1159 gj|197335313|ref|YP\_002156419.1|  
MJ11\_1160 gj|197335312|ref|YP\_002156390.1|  
MJ11\_1161 gj|197335311|ref|YP\_002156217.1|  
MJ11\_1164 gj|197335308|ref|YP\_002157077.1|  
MJ11\_1165 gj|197335307|ref|YP\_002156857.1|  
MJ11\_1166 gj|197335306|ref|YP\_002156967.1|  
MJ11\_1167 gj|197335305|ref|YP\_002155653.1|  
MJ11\_1168 gj|197335304|ref|YP\_002155557.1|  
MJ11\_1169 gj|197335303|ref|YP\_002156871.1|  
MJ11\_1170 gj|197335302|ref|YP\_002155610.1|  
MJ11\_1171 gj|197335301|ref|YP\_002155519.1|  
MJ11\_1173 gj|197335299|ref|YP\_002155964.1|  
MJ11\_1175 gj|197335297|ref|YP\_002156626.1|  
MJ11\_1176 gj|197335296|ref|YP\_002155486.1|  
MJ11\_1177 gj|197335295|ref|YP\_002157013.1|  
MJ11\_1179 gj|197335293|ref|YP\_002157016.1|

MJ11\_1180 gil|197335292|ref|YP\_002156795.1|  
MJ11\_1181 gil|197335291|ref|YP\_002155501.1|  
MJ11\_1182 gil|197335290|ref|YP\_002156588.1|  
MJ11\_1183 gil|197335289|ref|YP\_002155342.1|  
MJ11\_1184 gil|197335288|ref|YP\_002156533.1|  
MJ11\_1185 gil|197335287|ref|YP\_002155126.1|  
MJ11\_1187 gil|197335285|ref|YP\_002156260.1|  
MJ11\_1188 gil|197335284|ref|YP\_002156675.1|  
MJ11\_1189 gil|197335283|ref|YP\_002155613.1|  
MJ11\_1190 gil|197335282|ref|YP\_002155315.1|  
MJ11\_1192 gil|197335280|ref|YP\_002156703.1|  
MJ11\_1193 gil|197335279|ref|YP\_002156770.1|  
MJ11\_1195 gil|197335277|ref|YP\_002155331.1|  
MJ11\_1196 gil|197335276|ref|YP\_002156110.1|  
MJ11\_1197 gil|197335275|ref|YP\_002155110.1|  
MJ11\_1198 gil|197335274|ref|YP\_002156800.1|  
MJ11\_1200 gil|197335272|ref|YP\_002156886.1|  
MJ11\_1201 gil|197335271|ref|YP\_002155346.1|  
MJ11\_1202 gil|197335270|ref|YP\_002156807.1|  
MJ11\_1204 gil|197335268|ref|YP\_002156521.1|  
MJ11\_1205 gil|197335267|ref|YP\_002156590.1|  
MJ11\_1206 gil|197335266|ref|YP\_002156031.1|  
MJ11\_1207 gil|197335265|ref|YP\_002156633.1|  
MJ11\_1208 gil|197335264|ref|YP\_002156411.1|  
MJ11\_1210 gil|197335262|ref|YP\_002156830.1|  
MJ11\_1211 gil|197335261|ref|YP\_002155665.1|  
MJ11\_1213 gil|197335259|ref|YP\_002156774.1|  
MJ11\_1214 gil|197335258|ref|YP\_002155105.1|  
MJ11\_1215 gil|197335257|ref|YP\_002156222.1|  
MJ11\_1217 gil|197335255|ref|YP\_002155287.1|  
MJ11\_1218 gil|197335254|ref|YP\_002156387.1|  
MJ11\_1219 gil|197335253|ref|YP\_002155856.1|  
MJ11\_1221 gil|197335251|ref|YP\_002156990.1|  
MJ11\_1222 gil|197335250|ref|YP\_002156255.1|  
MJ11\_1223 gil|197335249|ref|YP\_002156493.1|  
MJ11\_1224 gil|197335248|ref|YP\_002155560.1|  
MJ11\_1226 gil|197335246|ref|YP\_002155586.1|  
MJ11\_1227 gil|197335245|ref|YP\_002157042.1|  
MJ11\_1228 gil|197335244|ref|YP\_002155698.1|  
MJ11\_1231 gil|197335241|ref|YP\_002156627.1|  
MJ11\_1232 gil|197335240|ref|YP\_002155204.1|  
MJ11\_1233 gil|197335239|ref|YP\_002156289.1|  
MJ11\_1234 gil|197335238|ref|YP\_002155350.1|  
MJ11\_1235 gil|197335237|ref|YP\_002156874.1|  
MJ11\_1236 gil|197335236|ref|YP\_002155997.1|  
MJ11\_1237 gil|197335235|ref|YP\_002155397.1|  
MJ11\_1238 gil|197335234|ref|YP\_002156121.1|  
MJ11\_1240 gil|197335232|ref|YP\_002156642.1|  
MJ11\_1241 gil|197335231|ref|YP\_002156348.1|



MJ11\_1242 gj|197335230|ref|YP\_002155490.1|  
MJ11\_1243 gj|197335229|ref|YP\_002157160.1|  
MJ11\_1244 gj|197335228|ref|YP\_002156657.1|  
MJ11\_1245 gj|197335227|ref|YP\_002156026.1|  
MJ11\_1246 gj|197335226|ref|YP\_002156687.1|  
MJ11\_1247 gj|197335225|ref|YP\_002155530.1|  
MJ11\_1248 gj|197335224|ref|YP\_002156560.1|  
MJ11\_1250 gj|197335222|ref|YP\_002155762.1|  
MJ11\_1251 gj|197335221|ref|YP\_002156382.1|  
MJ11\_1252 gj|197335220|ref|YP\_002156117.1|  
MJ11\_1253 gj|197335219|ref|YP\_002156014.1|  
MJ11\_1256 gj|197335216|ref|YP\_002156352.1|  
MJ11\_1259 gj|197335213|ref|YP\_002156339.1|  
MJ11\_1261 gj|197335211|ref|YP\_002156898.1|  
MJ11\_1262 gj|197335210|ref|YP\_002155567.1|  
MJ11\_1263 gj|197335209|ref|YP\_002155674.1|  
MJ11\_1265 gj|197335207|ref|YP\_002156860.1|  
MJ11\_1266 gj|197335206|ref|YP\_002156660.1|  
MJ11\_1267 gj|197335205|ref|YP\_002157081.1|  
MJ11\_1268 gj|197335204|ref|YP\_002155882.1|  
MJ11\_1269 gj|197335203|ref|YP\_002156997.1|  
MJ11\_1270 gj|197335202|ref|YP\_002156098.1|  
MJ11\_1271 gj|197335201|ref|YP\_002155419.1|  
MJ11\_1272 gj|197335200|ref|YP\_002156745.1|  
MJ11\_1273 gj|197335199|ref|YP\_002156238.1|  
MJ11\_1274 gj|197335198|ref|YP\_002155810.1|  
MJ11\_1275 gj|197335197|ref|YP\_002156043.1|  
MJ11\_1276 gj|197335196|ref|YP\_002156597.1|  
MJ11\_1277 gj|197335195|ref|YP\_002157173.1|  
MJ11\_1279 gj|197335193|ref|YP\_002156529.1|  
MJ11\_1280 gj|197335192|ref|YP\_002156544.1|  
MJ11\_1281 gj|197335191|ref|YP\_002156443.1|  
MJ11\_1282 gj|197335190|ref|YP\_002156943.1|  
MJ11\_1283 gj|197335189|ref|YP\_002157048.1|  
MJ11\_1284 gj|197335188|ref|YP\_002156912.1|  
MJ11\_1286 gj|197335186|ref|YP\_002155194.1|  
MJ11\_1287 gj|197335185|ref|YP\_002156867.1|  
MJ11\_1288 gj|197335184|ref|YP\_002156426.1|  
MJ11\_1289 gj|197335183|ref|YP\_002155598.1|  
MJ11\_1290 gj|197335182|ref|YP\_002155478.1|  
MJ11\_1291 gj|197335181|ref|YP\_002156307.1|  
MJ11\_1292 gj|197335180|ref|YP\_002156585.1|  
MJ11\_1293 gj|197335179|ref|YP\_002155463.1|  
MJ11\_1294 gj|197335178|ref|YP\_002156738.1|  
MJ11\_1295 gj|197335177|ref|YP\_002156421.1|  
MJ11\_1296 gj|197335176|ref|YP\_002156055.1|  
MJ11\_1297 gj|197335175|ref|YP\_002155135.1|  
MJ11\_1298 gj|197335174|ref|YP\_002157148.1|  
MJ11\_1300 gj|197335172|ref|YP\_002156219.1|

MJ11\_1301 gil|197335171|ref|YP\_002156923.1|  
MJ11\_1303 gil|197335169|ref|YP\_002156455.1|  
MJ11\_1304 gil|197335168|ref|YP\_002155431.1|  
MJ11\_1305 gil|197335167|ref|YP\_002156300.1|  
MJ11\_1306 gil|197335166|ref|YP\_002156603.1|  
MJ11\_1307 gil|197335165|ref|YP\_002155899.1|  
MJ11\_1308 gil|197335164|ref|YP\_002155119.1|  
MJ11\_1310 gil|197335162|ref|YP\_002156395.1|  
MJ11\_1311 gil|197335161|ref|YP\_002157047.1|  
MJ11\_1312 gil|197335160|ref|YP\_002156811.1|  
MJ11\_1313 gil|197335159|ref|YP\_002156363.1|  
MJ11\_1314 gil|197335158|ref|YP\_002155239.1|  
MJ11\_1315 gil|197335157|ref|YP\_002155687.1|  
MJ11\_1316 gil|197335156|ref|YP\_002155379.1|  
MJ11\_1317 gil|197335155|ref|YP\_002156650.1|  
MJ11\_1318 gil|197335154|ref|YP\_002155104.1|  
MJ11\_1319 gil|197335153|ref|YP\_002156466.1|  
MJ11\_1321 gil|197335151|ref|YP\_002155709.1|  
MJ11\_1322 gil|197335150|ref|YP\_002156487.1|  
MJ11\_1323 gil|197335149|ref|YP\_002156895.1|  
MJ11\_1324 gil|197335148|ref|YP\_002156463.1|  
MJ11\_1325 gil|197335147|ref|YP\_002155707.1|  
MJ11\_1326 gil|197335146|ref|YP\_002157009.1|  
MJ11\_1327 gil|197335145|ref|YP\_002156399.1|  
MJ11\_1328 gil|197335144|ref|YP\_002155216.1|  
MJ11\_1329 gil|197335143|ref|YP\_002155324.1|  
MJ11\_1330 gil|197335142|ref|YP\_002157034.1|  
MJ11\_1331 gil|197335141|ref|YP\_002155631.1|  
MJ11\_1332 gil|197335140|ref|YP\_002156204.1|  
MJ11\_1333 gil|197335139|ref|YP\_002156737.1|  
MJ11\_1334 gil|197335138|ref|YP\_002155642.1|  
MJ11\_1335 gil|197335137|ref|YP\_002155745.1|  
MJ11\_1336 gil|197335136|ref|YP\_002156267.1|  
MJ11\_1337 gil|197335135|ref|YP\_002157054.1|  
MJ11\_1338 gil|197335134|ref|YP\_002157124.1|  
MJ11\_1339 gil|197335133|ref|YP\_002155893.1|  
MJ11\_1340 gil|197335132|ref|YP\_002155985.1|  
MJ11\_1341 gil|197335131|ref|YP\_002155657.1|  
MJ11\_1342 gil|197335130|ref|YP\_002155794.1|  
MJ11\_1343 gil|197335129|ref|YP\_002155257.1|  
MJ11\_1344 gil|197335128|ref|YP\_002156558.1|  
MJ11\_1345 gil|197335127|ref|YP\_002156698.1|  
MJ11\_1347 gil|197335125|ref|YP\_002156022.1|  
MJ11\_1348 gil|197335124|ref|YP\_002155249.1|  
MJ11\_1349 gil|197335123|ref|YP\_002156163.1|  
MJ11\_1351 gil|197335121|ref|YP\_002155200.1|  
MJ11\_1352 gil|197335120|ref|YP\_002156615.1|  
MJ11\_1353 gil|197335119|ref|YP\_002155870.1|  
MJ11\_1354 gil|197335118|ref|YP\_002156696.1|

MJ11\_1355 gij|197335117|ref|YP\_002155521.1|  
MJ11\_1356 gij|197335116|ref|YP\_002156144.1|  
MJ11\_1357 gij|197335115|ref|YP\_002156174.1|  
MJ11\_1358 gij|197335114|ref|YP\_002157091.1|  
MJ11\_1359 gij|197335113|ref|YP\_002157167.1|  
MJ11\_1360 gij|197335112|ref|YP\_002155688.1|  
MJ11\_1361 gij|197335111|ref|YP\_002155624.1|  
MJ11\_1362 gij|197335110|ref|YP\_002156714.1|  
MJ11\_1364 gij|197335108|ref|YP\_002155449.1|  
MJ11\_1365 gij|197335107|ref|YP\_002157151.1|  
MJ11\_1366 gij|197335106|ref|YP\_002156754.1|  
MJ11\_1367 gij|197335105|ref|YP\_002155388.1|  
MJ11\_1368 gij|197335104|ref|YP\_002155363.1|  
MJ11\_1369 gij|197335103|ref|YP\_002157136.1|  
MJ11\_1370 gij|197335102|ref|YP\_002156331.1|  
MJ11\_1371 gij|197335101|ref|YP\_002155645.1|  
MJ11\_1372 gij|197335100|ref|YP\_002155479.1|  
MJ11\_1374 gij|197335098|ref|YP\_002156953.1|  
MJ11\_1375 gij|197335097|ref|YP\_002155512.1|  
MJ11\_1376 gij|197335096|ref|YP\_002156186.1|  
MJ11\_1377 gij|197335095|ref|YP\_002156358.1|  
MJ11\_1379 gij|197335093|ref|YP\_002155537.1|  
MJ11\_1380 gij|197335092|ref|YP\_002157208.1|  
MJ11\_1381 gij|197335091|ref|YP\_002155336.1|  
MJ11\_1382 gij|197335090|ref|YP\_002155725.1|  
MJ11\_1383 gij|197335089|ref|YP\_002157072.1|  
MJ11\_1384 gij|197335088|ref|YP\_002157191.1|  
MJ11\_1385 gij|197335087|ref|YP\_002155291.1|  
MJ11\_1386 gij|197335086|ref|YP\_002155193.1|  
MJ11\_1387 gij|197335085|ref|YP\_002155961.1|  
MJ11\_1388 gij|197335084|ref|YP\_002157201.1|  
MJ11\_1389 gij|197335083|ref|YP\_002155596.1|  
MJ11\_1390 gij|197335082|ref|YP\_002155149.1|  
MJ11\_1392 gij|197335080|ref|YP\_002156537.1|  
MJ11\_1393 gij|197335079|ref|YP\_002157025.1|  
MJ11\_1394 gij|197335078|ref|YP\_002157156.1|  
MJ11\_1395 gij|197335077|ref|YP\_002155607.1|  
MJ11\_1396 gij|197335076|ref|YP\_002155933.1|  
MJ11\_1397 gij|197335075|ref|YP\_002156920.1|  
MJ11\_1398 gij|197335074|ref|YP\_002155144.1|  
MJ11\_1400 gij|197335072|ref|YP\_002157101.1|  
MJ11\_1401 gij|197335071|ref|YP\_002155524.1|  
MJ11\_1402 gij|197335070|ref|YP\_002156525.1|  
MJ11\_1403 gij|197335069|ref|YP\_002156565.1|  
MJ11\_1404 gij|197335068|ref|YP\_002156961.1|  
MJ11\_1405 gij|197335067|ref|YP\_002156909.1|  
MJ11\_1406 gij|197335066|ref|YP\_002156474.1|  
MJ11\_1407 gij|197335065|ref|YP\_002156877.1|  
MJ11\_1408 gij|197335064|ref|YP\_002155455.1|

MJ11\_1409 gj|197335063|ref|YP\_002156819.1|  
MJ11\_1410 gj|197335062|ref|YP\_002156832.1|  
MJ11\_1411 gj|197335061|ref|YP\_002155413.1|  
MJ11\_1412 gj|197335060|ref|YP\_002156498.1|  
MJ11\_1413 gj|197335059|ref|YP\_002156981.1|  
MJ11\_1414 gj|197335058|ref|YP\_002157117.1|  
MJ11\_1416 gj|197335056|ref|YP\_002155357.1|  
MJ11\_1417 gj|197335055|ref|YP\_002155802.1|  
MJ11\_1418 gj|197335054|ref|YP\_002155661.1|  
MJ11\_1419 gj|197335053|ref|YP\_002155550.1|  
MJ11\_1420 gj|197335052|ref|YP\_002157018.1|  
MJ11\_1421 gj|197335051|ref|YP\_002155833.1|  
MJ11\_1422 gj|197335050|ref|YP\_002155306.1|  
MJ11\_1423 gj|197335049|ref|YP\_002156578.1|  
MJ11\_1425 gj|197335047|ref|YP\_002156721.1|  
MJ11\_1426 gj|197335046|ref|YP\_002156728.1|  
MJ11\_1427 gj|197335045|ref|YP\_002155230.1|  
MJ11\_1428 gj|197335044|ref|YP\_002156207.1|  
MJ11\_1429 gj|197335043|ref|YP\_002156480.1|  
MJ11\_1430 gj|197335042|ref|YP\_002157058.1|  
MJ11\_1431 gj|197335041|ref|YP\_002155308.1|  
MJ11\_1432 gj|197335040|ref|YP\_002156106.1|  
MJ11\_1433 gj|197335039|ref|YP\_002156061.1|  
MJ11\_1434 gj|197335038|ref|YP\_002155751.1|  
MJ11\_1435 gj|197335037|ref|YP\_002156324.1|  
MJ11\_1436 gj|197335036|ref|YP\_002156973.1|  
MJ11\_1437 gj|197335035|ref|YP\_002155165.1|  
MJ11\_1438 gj|197335034|ref|YP\_002156998.1|  
MJ11\_1440 gj|197335032|ref|YP\_002156878.1|  
MJ11\_1442 gj|197335030|ref|YP\_002156570.1|  
MJ11\_1443 gj|197335029|ref|YP\_002156780.1|  
MJ11\_1444 gj|197335028|ref|YP\_002156816.1|  
MJ11\_1445 gj|197335027|ref|YP\_002156936.1|  
MJ11\_1446 gj|197335026|ref|YP\_002155583.1|  
MJ11\_1447 gj|197335025|ref|YP\_002156856.1|  
MJ11\_1448 gj|197335024|ref|YP\_002155908.1|  
MJ11\_1449 gj|197335023|ref|YP\_002156028.1|  
MJ11\_1450 gj|197335022|ref|YP\_002156225.1|  
MJ11\_1451 gj|197335021|ref|YP\_002155924.1|  
MJ11\_1452 gj|197335020|ref|YP\_002155851.1|  
MJ11\_1453 gj|197335019|ref|YP\_002156699.1|  
MJ11\_1454 gj|197335018|ref|YP\_002155883.1|  
MJ11\_1455 gj|197335017|ref|YP\_002156762.1|  
MJ11\_1456 gj|197335016|ref|YP\_002155811.1|  
MJ11\_1457 gj|197335015|ref|YP\_002156245.1|  
MJ11\_1458 gj|197335014|ref|YP\_002155464.1|  
MJ11\_1459 gj|197335013|ref|YP\_002155369.1|  
MJ11\_1460 gj|197335012|ref|YP\_002155897.1|  
MJ11\_1461 gj|197335011|ref|YP\_002157092.1|

MJ11\_1462 gj|197335010|ref|YP\_002156608.1|  
MJ11\_1463 gj|197335009|ref|YP\_002156843.1|  
MJ11\_1464 gj|197335008|ref|YP\_002155221.1|  
MJ11\_1466 gj|197335006|ref|YP\_002156468.1|  
MJ11\_1467 gj|197335005|ref|YP\_002155555.1|  
MJ11\_1468 gj|197335004|ref|YP\_002156938.1|  
MJ11\_1469 gj|197335003|ref|YP\_002156105.1|  
MJ11\_1470 gj|197335002|ref|YP\_002156637.1|  
MJ11\_1471 gj|197335001|ref|YP\_002156430.1|  
MJ11\_1472 gj|197335000|ref|YP\_002157216.1|  
MJ11\_1473 gj|197334999|ref|YP\_002155670.1|  
MJ11\_1474 gj|197334998|ref|YP\_002155338.1|  
MJ11\_1475 gj|197334997|ref|YP\_002155425.1|  
MJ11\_1476 gj|197334996|ref|YP\_002155759.1|  
MJ11\_1477 gj|197334995|ref|YP\_002156497.1|  
MJ11\_1478 gj|197334994|ref|YP\_002156513.1|  
MJ11\_1479 gj|197334993|ref|YP\_002156118.1|  
MJ11\_1480 gj|197334992|ref|YP\_002156069.1|  
MJ11\_1481 gj|197334991|ref|YP\_002155841.1|  
MJ11\_1482 gj|197334990|ref|YP\_002156742.1|  
MJ11\_1483 gj|197334989|ref|YP\_002155447.1|  
MJ11\_1484 gj|197334988|ref|YP\_002155873.1|  
MJ11\_1485 gj|197334987|ref|YP\_002156090.1|  
MJ11\_1486 gj|197334986|ref|YP\_002156647.1|  
MJ11\_1487 gj|197334985|ref|YP\_002156293.1|  
MJ11\_1488 gj|197334984|ref|YP\_002157215.1|  
MJ11\_1491 gj|197334981|ref|YP\_002156203.1|  
MJ11\_1492 gj|197334980|ref|YP\_002156674.1|  
MJ11\_1493 gj|197334979|ref|YP\_002155354.1|  
MJ11\_1494 gj|197334978|ref|YP\_002155243.1|  
MJ11\_1495 gj|197334977|ref|YP\_002156047.1|  
MJ11\_1496 gj|197334976|ref|YP\_002156574.1|  
MJ11\_1497 gj|197334975|ref|YP\_002157051.1|  
MJ11\_1499 gj|197334973|ref|YP\_002156140.1|  
MJ11\_1500 gj|197334972|ref|YP\_002156999.1|  
MJ11\_1502 gj|197334970|ref|YP\_002155373.1|  
MJ11\_1503 gj|197334969|ref|YP\_002156006.1|  
MJ11\_1504 gj|197334968|ref|YP\_002157085.1|  
MJ11\_1506 gj|197334966|ref|YP\_002155250.1|  
MJ11\_1507 gj|197334965|ref|YP\_002156865.1|  
MJ11\_1508 gj|197334964|ref|YP\_002156162.1|  
MJ11\_1509 gj|197334963|ref|YP\_002155522.1|  
MJ11\_1511 gj|197334961|ref|YP\_002155213.1|  
MJ11\_1513 gj|197334959|ref|YP\_002155572.1|  
MJ11\_1514 gj|197334958|ref|YP\_002156666.1|  
MJ11\_1515 gj|197334957|ref|YP\_002155113.1|  
MJ11\_1517 gj|197334955|ref|YP\_002156264.1|  
MJ11\_1518 gj|197334954|ref|YP\_002155616.1|  
MJ11\_1519 gj|197334953|ref|YP\_002155398.1|

MJ11\_1520 gil|197334952|ref|YP\_002155159.1|  
MJ11\_1521 gil|197334951|ref|YP\_002156461.1|  
MJ11\_1522 gil|197334950|ref|YP\_002156669.1|  
MJ11\_1523 gil|197334949|ref|YP\_002156915.1|  
MJ11\_1524 gil|197334948|ref|YP\_002157170.1|  
MJ11\_1525 gil|197334947|ref|YP\_002156725.1|  
MJ11\_1526 gil|197334946|ref|YP\_002156133.1|  
MJ11\_1527 gil|197334945|ref|YP\_002155744.1|  
MJ11\_1528 gil|197334944|ref|YP\_002156311.1|  
MJ11\_1529 gil|197334943|ref|YP\_002156403.1|  
MJ11\_1530 gil|197334942|ref|YP\_002156951.1|  
MJ11\_1532 gil|197334940|ref|YP\_002156010.1|  
MJ11\_1533 gil|197334939|ref|YP\_002155755.1|  
MJ11\_1534 gil|197334938|ref|YP\_002155491.1|  
MJ11\_1535 gil|197334937|ref|YP\_002156148.1|  
MJ11\_1536 gil|197334936|ref|YP\_002155721.1|  
MJ11\_1537 gil|197334935|ref|YP\_002156697.1|  
MJ11\_1538 gil|197334934|ref|YP\_002156344.1|  
MJ11\_1539 gil|197334933|ref|YP\_002155098.1|  
MJ11\_1540 gil|197334932|ref|YP\_002155940.1|  
MJ11\_1542 gil|197334930|ref|YP\_002155443.1|  
MJ11\_1543 gil|197334929|ref|YP\_002155678.1|  
MJ11\_1544 gil|197334928|ref|YP\_002156378.1|  
MJ11\_1545 gil|197334927|ref|YP\_002156765.1|  
MJ11\_1546 gil|197334926|ref|YP\_002156484.1|  
MJ11\_1548 gil|197334924|ref|YP\_002157067.1|  
MJ11\_1549 gil|197334923|ref|YP\_002156171.1|  
MJ11\_1550 gil|197334922|ref|YP\_002155258.1|  
MJ11\_1551 gil|197334921|ref|YP\_002156992.1|  
MJ11\_1552 gil|197334920|ref|YP\_002155955.1|  
MJ11\_1554 gil|197334918|ref|YP\_002156337.1|  
MJ11\_1555 gil|197334917|ref|YP\_002156959.1|  
MJ11\_1556 gil|197334916|ref|YP\_002157069.1|  
MJ11\_1557 gil|197334915|ref|YP\_002156682.1|  
MJ11\_1558 gil|197334914|ref|YP\_002156336.1|  
MJ11\_1559 gil|197334913|ref|YP\_002156982.1|  
MJ11\_1561 gil|197334910|ref|YP\_002156017.1|  
MJ11\_1562 gil|197334909|ref|YP\_002156557.1|  
MJ11\_1563 gil|197334908|ref|YP\_002155876.1|  
MJ11\_1564 gil|197334907|ref|YP\_002155906.1|  
MJ11\_1565 gil|197334906|ref|YP\_002157059.1|  
MJ11\_1566 gil|197334905|ref|YP\_002156824.1|  
MJ11\_1567 gil|197334904|ref|YP\_002156784.1|  
MJ11\_1568 gil|197334903|ref|YP\_002156855.1|  
MJ11\_1569 gil|197334902|ref|YP\_002157104.1|  
MJ11\_1570 gil|197334901|ref|YP\_002156508.1|  
MJ11\_1571 gil|197334900|ref|YP\_002155920.1|  
MJ11\_1572 gil|197334899|ref|YP\_002155161.1|  
MJ11\_1573 gil|197334898|ref|YP\_002155600.1|

MJ11\_1575 gil|197334896|ref|YP\_002155508.1|  
MJ11\_1576 gil|197334895|ref|YP\_002157196.1|  
MJ11\_1577 gil|197334894|ref|YP\_002155364.1|  
MJ11\_1578 gil|197334893|ref|YP\_002155703.1|  
MJ11\_1579 gil|197334892|ref|YP\_002156183.1|  
MJ11\_1580 gil|197334891|ref|YP\_002156248.1|  
MJ11\_1581 gil|197334890|ref|YP\_002156372.1|  
MJ11\_1582 gil|197334889|ref|YP\_002156684.1|  
MJ11\_1583 gil|197334888|ref|YP\_002155259.1|  
MJ11\_1584 gil|197334887|ref|YP\_002155477.1|  
MJ11\_1585 gil|197334886|ref|YP\_002157033.1|  
MJ11\_1586 gil|197334885|ref|YP\_002156947.1|  
MJ11\_1588 gil|197334883|ref|YP\_002156551.1|  
MJ11\_1589 gil|197334882|ref|YP\_002156890.1|  
MJ11\_1590 gil|197334881|ref|YP\_002155866.1|  
MJ11\_1591 gil|197334880|ref|YP\_002155426.1|  
MJ11\_1592 gil|197334879|ref|YP\_002155359.1|  
MJ11\_1593 gil|197334878|ref|YP\_002155720.1|  
MJ11\_1594 gil|197334877|ref|YP\_002155697.1|  
MJ11\_1596 gil|197334875|ref|YP\_002155620.1|  
MJ11\_1597 gil|197334874|ref|YP\_002156649.1|  
MJ11\_1599 gil|197334872|ref|YP\_002155999.1|  
MJ11\_1602 gil|197334869|ref|YP\_002155184.1|  
MJ11\_1603 gil|197334868|ref|YP\_002156620.1|  
MJ11\_1604 gil|197334867|ref|YP\_002156076.1|  
MJ11\_1605 gil|197334866|ref|YP\_002155977.1|  
MJ11\_1606 gil|197334865|ref|YP\_002156542.1|  
MJ11\_1608 gil|197334863|ref|YP\_002155641.1|  
MJ11\_1609 gil|197334862|ref|YP\_002156931.1|  
MJ11\_1610 gil|197334861|ref|YP\_002156467.1|  
MJ11\_1611 gil|197334860|ref|YP\_002156628.1|  
MJ11\_1612 gil|197334859|ref|YP\_002156447.1|  
MJ11\_1613 gil|197334858|ref|YP\_002156849.1|  
MJ11\_1614 gil|197334857|ref|YP\_002155190.1|  
MJ11\_1615 gil|197334856|ref|YP\_002156218.1|  
MJ11\_1616 gil|197334855|ref|YP\_002156383.1|  
MJ11\_1617 gil|197334854|ref|YP\_002157130.1|  
MJ11\_1619 gil|197334852|ref|YP\_002155385.1|  
MJ11\_1620 gil|197334851|ref|YP\_002156159.1|  
MJ11\_1621 gil|197334850|ref|YP\_002157125.1|  
MJ11\_1622 gil|197334849|ref|YP\_002156783.1|  
MJ11\_1623 gil|197334848|ref|YP\_002156969.1|  
MJ11\_1624 gil|197334847|ref|YP\_002155822.1|  
MJ11\_1625 gil|197334846|ref|YP\_002155314.1|  
MJ11\_1626 gil|197334845|ref|YP\_002157109.1|  
MJ11\_1627 gil|197334844|ref|YP\_002155295.1|  
MJ11\_1628 gil|197334843|ref|YP\_002156882.1|  
MJ11\_1630 gil|197334841|ref|YP\_002157087.1|  
MJ11\_1631 gil|197334840|ref|YP\_002157078.1|

MJ11\_1632 gj|197334839|ref|YP\_002157031.1|  
MJ11\_1633 gj|197334838|ref|YP\_002155483.1|  
MJ11\_1635 gj|197334836|ref|YP\_002155536.1|  
MJ11\_1636 gj|197334835|ref|YP\_002155321.1|  
MJ11\_1639 gj|197334832|ref|YP\_002156355.1|  
MJ11\_1640 gj|197334831|ref|YP\_002155180.1|  
MJ11\_1642 gj|197334829|ref|YP\_002155516.1|  
MJ11\_1643 gj|197334828|ref|YP\_002156488.1|  
MJ11\_1644 gj|197334827|ref|YP\_002155578.1|  
MJ11\_1646 gj|197334825|ref|YP\_002155393.1|  
MJ11\_1647 gj|197334824|ref|YP\_002155911.1|  
MJ11\_1648 gj|197334823|ref|YP\_002156018.1|  
MJ11\_1649 gj|197334822|ref|YP\_002155880.1|  
MJ11\_1651 gj|197334820|ref|YP\_002155122.1|  
MJ11\_1652 gj|197334819|ref|YP\_002155469.1|  
MJ11\_1653 gj|197334818|ref|YP\_002155302.1|  
MJ11\_1654 gj|197334817|ref|YP\_002157002.1|  
MJ11\_1655 gj|197334816|ref|YP\_002157022.1|  
MJ11\_1657 gj|197334814|ref|YP\_002155932.1|  
MJ11\_1658 gj|197334813|ref|YP\_002156021.1|  
MJ11\_1659 gj|197334812|ref|YP\_002155234.1|  
MJ11\_1660 gj|197334811|ref|YP\_002156506.1|  
MJ11\_1662 gj|197334809|ref|YP\_002156989.1|  
MJ11\_1663 gj|197334808|ref|YP\_002156111.1|  
MJ11\_1664 gj|197334807|ref|YP\_002156415.1|  
MJ11\_1665 gj|197334806|ref|YP\_002157159.1|  
MJ11\_1666 gj|197334805|ref|YP\_002155684.1|  
MJ11\_1667 gj|197334804|ref|YP\_002156375.1|  
MJ11\_1668 gj|197334803|ref|YP\_002156581.1|  
MJ11\_1669 gj|197334802|ref|YP\_002155798.1|  
MJ11\_1670 gj|197334801|ref|YP\_002155543.1|  
MJ11\_1671 gj|197334800|ref|YP\_002155434.1|  
MJ11\_1672 gj|197334799|ref|YP\_002157180.1|  
MJ11\_1674 gj|197334797|ref|YP\_002157062.1|  
MJ11\_1675 gj|197334796|ref|YP\_002157155.1|  
MJ11\_1676 gj|197334795|ref|YP\_002156470.1|  
MJ11\_1677 gj|197334794|ref|YP\_002156593.1|  
MJ11\_1678 gj|197334793|ref|YP\_002156114.1|  
MJ11\_1680 gj|197334791|ref|YP\_002155205.1|  
MJ11\_1681 gj|197334790|ref|YP\_002155937.1|  
MJ11\_1682 gj|197334789|ref|YP\_002155845.1|  
MJ11\_1683 gj|197334788|ref|YP\_002155172.1|  
MJ11\_1684 gj|197334787|ref|YP\_002156229.1|  
MJ11\_1685 gj|197334786|ref|YP\_002155476.1|  
MJ11\_1686 gj|197334785|ref|YP\_002155968.1|  
MJ11\_1687 gj|197334784|ref|YP\_002156607.1|  
MJ11\_1688 gj|197334783|ref|YP\_002155978.1|  
MJ11\_1689 gj|197334782|ref|YP\_002156773.1|  
MJ11\_1690 gj|197334781|ref|YP\_002155592.1|



MJ11\_1691 gil|197334780|ref|YP\_002156828.1|  
MJ11\_1692 gil|197334779|ref|YP\_002156038.1|  
MJ11\_1694 gil|197334777|ref|YP\_002156502.1|  
MJ11\_1695 gil|197334776|ref|YP\_002156907.1|  
MJ11\_1696 gil|197334775|ref|YP\_002157121.1|  
MJ11\_1697 gil|197334774|ref|YP\_002156131.1|  
MJ11\_1698 gil|197334773|ref|YP\_002155169.1|  
MJ11\_1699 gil|197334772|ref|YP\_002156192.1|  
MJ11\_1700 gil|197334771|ref|YP\_002156732.1|  
MJ11\_1702 gil|197334769|ref|YP\_002155816.1|  
MJ11\_1703 gil|197334768|ref|YP\_002156977.1|  
MJ11\_1704 gil|197334767|ref|YP\_002156167.1|  
MJ11\_1705 gil|197334766|ref|YP\_002155143.1|  
MJ11\_1706 gil|197334765|ref|YP\_002155547.1|  
MJ11\_1707 gil|197334764|ref|YP\_002155120.1|  
MJ11\_1708 gil|197334763|ref|YP\_002157095.1|  
MJ11\_1709 gil|197334762|ref|YP\_002155457.1|  
MJ11\_1710 gil|197334761|ref|YP\_002156333.1|  
MJ11\_1711 gil|197334760|ref|YP\_002156861.1|  
MJ11\_1712 gil|197334759|ref|YP\_002155575.1|  
MJ11\_1713 gil|197334758|ref|YP\_002156360.1|  
MJ11\_1714 gil|197334757|ref|YP\_002155401.1|  
MJ11\_1715 gil|197334756|ref|YP\_002155912.1|  
MJ11\_1717 gil|197334754|ref|YP\_002156042.1|  
MJ11\_1718 gil|197334753|ref|YP\_002156622.1|  
MJ11\_1719 gil|197334752|ref|YP\_002157076.1|  
MJ11\_1720 gil|197334751|ref|YP\_002156184.1|  
MJ11\_1721 gil|197334750|ref|YP\_002156739.1|  
MJ11\_1722 gil|197334749|ref|YP\_002156332.1|  
MJ11\_1723 gil|197334748|ref|YP\_002157123.1|  
MJ11\_1724 gil|197334747|ref|YP\_002155094.1|  
MJ11\_1725 gil|197334746|ref|YP\_002156381.1|  
MJ11\_1726 gil|197334745|ref|YP\_002156316.1|  
MJ11\_1727 gil|197334744|ref|YP\_002155353.1|  
MJ11\_1728 gil|197334743|ref|YP\_002156122.1|  
MJ11\_1729 gil|197334742|ref|YP\_002156659.1|  
MJ11\_1730 gil|197334741|ref|YP\_002155367.1|  
MJ11\_1732 gil|197334739|ref|YP\_002156924.1|  
MJ11\_1733 gil|197334738|ref|YP\_002156346.1|  
MJ11\_1734 gil|197334737|ref|YP\_002156746.1|  
MJ11\_1735 gil|197334736|ref|YP\_002156933.1|  
MJ11\_1736 gil|197334735|ref|YP\_002155515.1|  
MJ11\_1737 gil|197334734|ref|YP\_002156015.1|  
MJ11\_1738 gil|197334733|ref|YP\_002156827.1|  
MJ11\_1739 gil|197334732|ref|YP\_002156230.1|  
MJ11\_1740 gil|197334731|ref|YP\_002156413.1|  
MJ11\_1741 gil|197334730|ref|YP\_002155136.1|  
MJ11\_1742 gil|197334729|ref|YP\_002156396.1|  
MJ11\_1743 gil|197334728|ref|YP\_002156456.1|

MJ11\_1744 gj|197334727|ref|YP\_002155858.1|  
MJ11\_1747 gj|197334724|ref|YP\_002155901.1|  
MJ11\_1748 gj|197334723|ref|YP\_002156917.1|  
MJ11\_1749 gj|197334722|ref|YP\_002156054.1|  
MJ11\_1750 gj|197334721|ref|YP\_002155805.1|  
MJ11\_1751 gj|197334720|ref|YP\_002156530.1|  
MJ11\_1752 gj|197334719|ref|YP\_002155900.1|  
MJ11\_1753 gj|197334718|ref|YP\_002156422.1|  
MJ11\_1754 gj|197334717|ref|YP\_002157082.1|  
MJ11\_1755 gj|197334716|ref|YP\_002157056.1|  
MJ11\_1757 gj|197334714|ref|YP\_002155238.1|  
MJ11\_1759 gj|197334712|ref|YP\_002157185.1|  
MJ11\_1760 gj|197334711|ref|YP\_002155380.1|  
MJ11\_1761 gj|197334710|ref|YP\_002155181.1|  
MJ11\_1762 gj|197334709|ref|YP\_002156002.1|  
MJ11\_1763 gj|197334708|ref|YP\_002156085.1|  
MJ11\_1764 gj|197334707|ref|YP\_002156950.1|  
MJ11\_1765 gj|197334706|ref|YP\_002157141.1|  
MJ11\_1766 gj|197334705|ref|YP\_002155226.1|  
MJ11\_1767 gj|197334704|ref|YP\_002156240.1|  
MJ11\_1768 gj|197334703|ref|YP\_002155117.1|  
MJ11\_1769 gj|197334702|ref|YP\_002156364.1|  
MJ11\_1770 gj|197334701|ref|YP\_002156299.1|  
MJ11\_1771 gj|197334700|ref|YP\_002155182.1|  
MJ11\_1772 gj|197334699|ref|YP\_002155668.1|  
MJ11\_1773 gj|197334698|ref|YP\_002157145.1|  
MJ11\_1774 gj|197334697|ref|YP\_002156794.1|  
MJ11\_1775 gj|197334696|ref|YP\_002155127.1|  
MJ11\_1776 gj|197334695|ref|YP\_002156292.1|  
MJ11\_1777 gj|197334694|ref|YP\_002155587.1|  
MJ11\_1778 gj|197334693|ref|YP\_002155343.1|  
MJ11\_1779 gj|197334692|ref|YP\_002155504.1|  
MJ11\_1780 gj|197334691|ref|YP\_002156261.1|  
MJ11\_1781 gj|197334690|ref|YP\_002156252.1|  
MJ11\_1783 gj|197334688|ref|YP\_002156840.1|  
MJ11\_1785 gj|197334686|ref|YP\_002156074.1|  
MJ11\_1786 gj|197334685|ref|YP\_002156632.1|  
MJ11\_1788 gj|197334683|ref|YP\_002155989.1|  
MJ11\_1789 gj|197334682|ref|YP\_002155307.1|  
MJ11\_1790 gj|197334681|ref|YP\_002155973.1|  
MJ11\_1791 gj|197334680|ref|YP\_002156428.1|  
MJ11\_1792 gj|197334679|ref|YP\_002155428.1|  
MJ11\_1793 gj|197334678|ref|YP\_002155347.1|  
MJ11\_1794 gj|197334677|ref|YP\_002155650.1|  
MJ11\_1795 gj|197334676|ref|YP\_002156873.1|  
MJ11\_1796 gj|197334675|ref|YP\_002156170.1|  
MJ11\_1797 gj|197334674|ref|YP\_002156126.1|  
MJ11\_1798 gj|197334673|ref|YP\_002156208.1|  
MJ11\_1799 gj|197334672|ref|YP\_002156221.1|

MJ11\_1800 gj|197334671|ref|YP\_002156775.1|  
MJ11\_1801 gj|197334670|ref|YP\_002155261.1|  
MJ11\_1802 gj|197334669|ref|YP\_002156589.1|  
MJ11\_1803 gj|197334668|ref|YP\_002156885.1|  
MJ11\_1804 gj|197334667|ref|YP\_002156328.1|  
MJ11\_1805 gj|197334666|ref|YP\_002157017.1|  
MJ11\_1806 gj|197334665|ref|YP\_002155332.1|  
MJ11\_1807 gj|197334664|ref|YP\_002156282.1|  
MJ11\_1808 gj|197334663|ref|YP\_002155855.1|  
MJ11\_1810 gj|197334661|ref|YP\_002156791.1|  
MJ11\_1811 gj|197334660|ref|YP\_002156978.1|  
MJ11\_1812 gj|197334659|ref|YP\_002157073.1|  
MJ11\_1813 gj|197334658|ref|YP\_002155396.1|  
MJ11\_1814 gj|197334657|ref|YP\_002156713.1|  
MJ11\_1815 gj|197334656|ref|YP\_002155618.1|  
MJ11\_1816 gj|197334655|ref|YP\_002155996.1|  
MJ11\_1819 gj|197334652|ref|YP\_002156129.1|  
MJ11\_1820 gj|197334651|ref|YP\_002156734.1|  
MJ11\_1821 gj|197334650|ref|YP\_002156158.1|  
MJ11\_1822 gj|197334649|ref|YP\_002156591.1|  
MJ11\_1823 gj|197334648|ref|YP\_002155316.1|  
MJ11\_1825 gj|197334646|ref|YP\_002155612.1|  
MJ11\_1826 gj|197334645|ref|YP\_002156643.1|  
MJ11\_1827 gj|197334644|ref|YP\_002156377.1|  
MJ11\_1828 gj|197334643|ref|YP\_002155496.1|  
MJ11\_1829 gj|197334642|ref|YP\_002157205.1|  
MJ11\_1830 gj|197334641|ref|YP\_002157214.1|  
MJ11\_1831 gj|197334640|ref|YP\_002156534.1|  
MJ11\_1832 gj|197334639|ref|YP\_002157045.1|  
MJ11\_1833 gj|197334638|ref|YP\_002156400.1|  
MJ11\_1834 gj|197334637|ref|YP\_002155979.1|  
MJ11\_1837 gj|197334634|ref|YP\_002155540.1|  
MJ11\_1838 gj|197334633|ref|YP\_002156991.1|  
MJ11\_1840 gj|197334631|ref|YP\_002156536.1|  
MJ11\_1841 gj|197334630|ref|YP\_002155890.1|  
MJ11\_1842 gj|197334629|ref|YP\_002156115.1|  
MJ11\_1843 gj|197334628|ref|YP\_002156189.1|  
MJ11\_1844 gj|197334627|ref|YP\_002155300.1|  
MJ11\_1845 gj|197334626|ref|YP\_002156089.1|  
MJ11\_1846 gj|197334625|ref|YP\_002156097.1|  
MJ11\_1847 gj|197334624|ref|YP\_002156963.1|  
MJ11\_1848 gj|197334623|ref|YP\_002155192.1|  
MJ11\_1849 gj|197334622|ref|YP\_002155511.1|  
MJ11\_1850 gj|197334621|ref|YP\_002156092.1|  
MJ11\_1851 gj|197334620|ref|YP\_002156644.1|  
MJ11\_1852 gj|197334619|ref|YP\_002157100.1|  
MJ11\_1853 gj|197334618|ref|YP\_002155452.1|  
MJ11\_1854 gj|197334617|ref|YP\_002155513.1|  
MJ11\_1855 gj|197334616|ref|YP\_002156722.1|

MJ11\_1856 gj|197334615|ref|YP\_002156677.1|  
MJ11\_1857 gj|197334614|ref|YP\_002155461.1|  
MJ11\_1858 gj|197334613|ref|YP\_002155834.1|  
MJ11\_1859 gj|197334612|ref|YP\_002155523.1|  
MJ11\_1860 gj|197334611|ref|YP\_002156656.1|  
MJ11\_1861 gj|197334610|ref|YP\_002156908.1|  
MJ11\_1862 gj|197334609|ref|YP\_002155111.1|  
MJ11\_1863 gj|197334608|ref|YP\_002155229.1|  
MJ11\_1864 gj|197334607|ref|YP\_002157126.1|  
MJ11\_1865 gj|197334606|ref|YP\_002155827.1|  
MJ11\_1866 gj|197334605|ref|YP\_002157026.1|  
MJ11\_1868 gj|197334603|ref|YP\_002156023.1|  
MJ11\_1869 gj|197334602|ref|YP\_002156564.1|  
MJ11\_1870 gj|197334601|ref|YP\_002155480.1|  
MJ11\_1871 gj|197334600|ref|YP\_002156233.1|  
MJ11\_1873 gj|197334598|ref|YP\_002157090.1|  
MJ11\_1875 gj|197334596|ref|YP\_002155564.1|  
MJ11\_1876 gj|197334595|ref|YP\_002156781.1|  
MJ11\_1877 gj|197334594|ref|YP\_002155370.1|  
MJ11\_1878 gj|197334593|ref|YP\_002155410.1|  
MJ11\_1879 gj|197334592|ref|YP\_002157019.1|  
MJ11\_1880 gj|197334591|ref|YP\_002155285.1|  
MJ11\_1881 gj|197334590|ref|YP\_002156066.1|  
MJ11\_1882 gj|197334589|ref|YP\_002156030.1|  
MJ11\_1883 gj|197334588|ref|YP\_002157178.1|  
MJ11\_1884 gj|197334587|ref|YP\_002156833.1|  
MJ11\_1885 gj|197334586|ref|YP\_002156584.1|  
MJ11\_1886 gj|197334585|ref|YP\_002156766.1|  
MJ11\_1887 gj|197334584|ref|YP\_002156964.1|  
MJ11\_1889 gj|197334582|ref|YP\_002156831.1|  
MJ11\_1890 gj|197334581|ref|YP\_002156996.1|  
MJ11\_1891 gj|197334580|ref|YP\_002156486.1|  
MJ11\_1892 gj|197334579|ref|YP\_002155356.1|  
MJ11\_1893 gj|197334578|ref|YP\_002156499.1|  
MJ11\_1894 gj|197334577|ref|YP\_002156060.1|  
MJ11\_1895 gj|197334576|ref|YP\_002155150.1|  
MJ11\_1896 gj|197334575|ref|YP\_002155305.1|  
MJ11\_1898 gj|197334573|ref|YP\_002156818.1|  
MJ11\_1899 gj|197334572|ref|YP\_002155604.1|  
MJ11\_1900 gj|197334571|ref|YP\_002155936.1|  
MJ11\_1901 gj|197334570|ref|YP\_002156571.1|  
MJ11\_1902 gj|197334569|ref|YP\_002156974.1|  
MJ11\_1903 gj|197334568|ref|YP\_002155711.1|  
MJ11\_1904 gj|197334567|ref|YP\_002155231.1|  
MJ11\_1905 gj|197334566|ref|YP\_002156729.1|  
MJ11\_1906 gj|197334565|ref|YP\_002156815.1|  
MJ11\_1907 gj|197334564|ref|YP\_002155630.1|  
MJ11\_1908 gj|197334563|ref|YP\_002156804.1|  
MJ11\_1909 gj|197334562|ref|YP\_002155326.1|

MJ11\_1910 gj|197334561|ref|YP\_002157005.1|  
MJ11\_1911 gj|197334560|ref|YP\_002156173.1|  
MJ11\_1912 gj|197334559|ref|YP\_002156710.1|  
MJ11\_1913 gj|197334558|ref|YP\_002156418.1|  
MJ11\_1914 gj|197334557|ref|YP\_002156956.1|  
MJ11\_1915 gj|197334556|ref|YP\_002156438.1|  
MJ11\_1916 gj|197334555|ref|YP\_002155236.1|  
MJ11\_1917 gj|197334554|ref|YP\_002155561.1|  
MJ11\_1918 gj|197334553|ref|YP\_002155664.1|  
MJ11\_1919 gj|197334552|ref|YP\_002155502.1|  
MJ11\_1921 gj|197334550|ref|YP\_002155599.1|  
MJ11\_1922 gj|197334549|ref|YP\_002155201.1|  
MJ11\_1923 gj|197334548|ref|YP\_002156412.1|  
MJ11\_1924 gj|197334547|ref|YP\_002155323.1|  
MJ11\_1925 gj|197334546|ref|YP\_002156541.1|  
MJ11\_1929 gj|197334542|ref|YP\_002157008.1|  
MJ11\_1930 gj|197334541|ref|YP\_002157135.1|  
MJ11\_1931 gj|197334540|ref|YP\_002157120.1|  
MJ11\_1932 gj|197334539|ref|YP\_002155412.1|  
MJ11\_1933 gj|197334538|ref|YP\_002155220.1|  
MJ11\_1934 gj|197334537|ref|YP\_002155643.1|  
MJ11\_1935 gj|197334536|ref|YP\_002156653.1|  
MJ11\_1936 gj|197334535|ref|YP\_002156695.1|  
MJ11\_1937 gj|197334534|ref|YP\_002157040.1|  
MJ11\_1939 gj|197334532|ref|YP\_002156306.1|  
MJ11\_1940 gj|197334531|ref|YP\_002155952.1|  
MJ11\_1941 gj|197334530|ref|YP\_002155726.1|  
MJ11\_1942 gj|197334529|ref|YP\_002157192.1|  
MJ11\_1944 gj|197334527|ref|YP\_002155625.1|  
MJ11\_1945 gj|197334526|ref|YP\_002155957.1|  
MJ11\_1946 gj|197334525|ref|YP\_002156011.1|  
MJ11\_1948 gj|197334523|ref|YP\_002156351.1|  
MJ11\_1949 gj|197334522|ref|YP\_002156896.1|  
MJ11\_1950 gj|197334521|ref|YP\_002157152.1|  
MJ11\_1951 gj|197334520|ref|YP\_002156797.1|  
MJ11\_1952 gj|197334519|ref|YP\_002157168.1|  
MJ11\_1953 gj|197334518|ref|YP\_002155256.1|  
MJ11\_1954 gj|197334517|ref|YP\_002157174.1|  
MJ11\_1955 gj|197334516|ref|YP\_002155337.1|  
MJ11\_1956 gj|197334515|ref|YP\_002155927.1|  
MJ11\_1957 gj|197334514|ref|YP\_002156368.1|  
MJ11\_1958 gj|197334513|ref|YP\_002155529.1|  
MJ11\_1959 gj|197334512|ref|YP\_002155176.1|  
MJ11\_1960 gj|197334511|ref|YP\_002156078.1|  
MJ11\_1961 gj|197334510|ref|YP\_002155597.1|  
MJ11\_1962 gj|197334509|ref|YP\_002155982.1|  
MJ11\_1963 gj|197334508|ref|YP\_002156753.1|  
MJ11\_1964 gj|197334507|ref|YP\_002155757.1|  
MJ11\_1965 gj|197334506|ref|YP\_002156492.1|

MJ11\_1966 gil|197334505|ref|YP\_002155292.1|  
MJ11\_1967 gil|197334504|ref|YP\_002156545.1|  
MJ11\_1969 gil|197334502|ref|YP\_002156903.1|  
MJ11\_1970 gil|197334501|ref|YP\_002155212.1|  
MJ11\_1971 gil|197334500|ref|YP\_002156404.1|  
MJ11\_1972 gil|197334499|ref|YP\_002156034.1|  
MJ11\_1973 gil|197334498|ref|YP\_002155148.1|  
MJ11\_1974 gil|197334497|ref|YP\_002156386.1|  
MJ11\_1975 gil|197334496|ref|YP\_002156077.1|  
MJ11\_1976 gil|197334495|ref|YP\_002156916.1|  
MJ11\_1977 gil|197334494|ref|YP\_002156594.1|  
MJ11\_1980 gil|197334491|ref|YP\_002155242.1|  
MJ11\_1981 gil|197334490|ref|YP\_002155907.1|  
MJ11\_1982 gil|197334489|ref|YP\_002156343.1|  
MJ11\_1983 gil|197334488|ref|YP\_002156679.1|  
MJ11\_1984 gil|197334487|ref|YP\_002155497.1|  
MJ11\_1985 gil|197334486|ref|YP\_002155185.1|  
MJ11\_1986 gil|197334485|ref|YP\_002156265.1|  
MJ11\_1987 gil|197334484|ref|YP\_002155569.1|  
MJ11\_1988 gil|197334483|ref|YP\_002157068.1|  
MJ11\_1989 gil|197334482|ref|YP\_002155571.1|  
MJ11\_1990 gil|197334481|ref|YP\_002156848.1|  
MJ11\_1991 gil|197334480|ref|YP\_002156623.1|  
MJ11\_1992 gil|197334479|ref|YP\_002156342.1|  
MJ11\_1994 gil|197334477|ref|YP\_002155962.1|  
MJ11\_1995 gil|197334476|ref|YP\_002156665.1|  
MJ11\_1996 gil|197334475|ref|YP\_002156672.1|  
MJ11\_1997 gil|197334474|ref|YP\_002156709.1|  
MJ11\_1998 gil|197334473|ref|YP\_002156726.1|  
MJ11\_1999 gil|197334472|ref|YP\_002156769.1|  
MJ11\_2001 gil|197334470|ref|YP\_002155206.1|  
MJ11\_2002 gil|197334469|ref|YP\_002156829.1|  
MJ11\_2003 gil|197334468|ref|YP\_002155492.1|  
MJ11\_2004 gil|197334467|ref|YP\_002155374.1|  
MJ11\_2005 gil|197334466|ref|YP\_002155842.1|  
MJ11\_2006 gil|197334465|ref|YP\_002157060.1|  
MJ11\_2007 gil|197334464|ref|YP\_002155264.1|  
MJ11\_2008 gil|197334463|ref|YP\_002155956.1|  
MJ11\_2009 gil|197334462|ref|YP\_002156983.1|  
MJ11\_2010 gil|197334461|ref|YP\_002157086.1|  
MJ11\_2011 gil|197334460|ref|YP\_002156025.1|  
MJ11\_2012 gil|197334459|ref|YP\_002155551.1|  
MJ11\_2013 gil|197334458|ref|YP\_002156823.1|  
MJ11\_2014 gil|197334457|ref|YP\_002156706.1|  
MJ11\_2015 gil|197334456|ref|YP\_002155760.1|  
MJ11\_2016 gil|197334455|ref|YP\_002156483.1|  
MJ11\_2017 gil|197334454|ref|YP\_002155829.1|  
MJ11\_2018 gil|197334453|ref|YP\_002156663.1|  
MJ11\_2019 gil|197334452|ref|YP\_002157070.1|

MJ11\_2020 gil|197334451|ref|YP\_002155186.1|  
MJ11\_2021 gil|197334450|ref|YP\_002155444.1|  
MJ11\_2022 gil|197334449|ref|YP\_002156793.1|  
MJ11\_2023 gil|197334448|ref|YP\_002156046.1|  
MJ11\_2024 gil|197334447|ref|YP\_002155615.1|  
MJ11\_2025 gil|197334446|ref|YP\_002155475.1|  
MJ11\_2029 gil|197334442|ref|YP\_002157131.1|  
MJ11\_2031 gil|197334440|ref|YP\_002156059.1|  
MJ11\_2033 gil|197334438|ref|YP\_002156308.1|  
MJ11\_2035 gil|197334436|ref|YP\_002155095.1|  
MJ11\_2036 gil|197334435|ref|YP\_002155854.1|  
MJ11\_2037 gil|197334434|ref|YP\_002156904.1|  
MJ11\_2038 gil|197334433|ref|YP\_002155198.1|  
MJ11\_2039 gil|197334432|ref|YP\_002156844.1|  
MJ11\_2040 gil|197334431|ref|YP\_002155904.1|  
MJ11\_2041 gil|197334430|ref|YP\_002156244.1|  
MJ11\_2042 gil|197334429|ref|YP\_002156458.1|  
MJ11\_2043 gil|197334428|ref|YP\_002155930.1|  
MJ11\_2045 gil|197334426|ref|YP\_002155580.1|  
MJ11\_2047 gil|197334424|ref|YP\_002156234.1|  
MJ11\_2048 gil|197334423|ref|YP\_002156134.1|  
MJ11\_2049 gil|197334422|ref|YP\_002156471.1|  
MJ11\_2050 gil|197334421|ref|YP\_002155554.1|  
MJ11\_2053 gil|197334418|ref|YP\_002156717.1|  
MJ11\_2054 gil|197334417|ref|YP\_002156495.1|  
MJ11\_2055 gil|197334416|ref|YP\_002156051.1|  
MJ11\_2056 gil|197334415|ref|YP\_002156446.1|  
MJ11\_2057 gil|197334414|ref|YP\_002157015.1|  
MJ11\_2058 gil|197334413|ref|YP\_002157007.1|  
MJ11\_2059 gil|197334412|ref|YP\_002156899.1|  
MJ11\_2061 gil|197334410|ref|YP\_002155669.1|  
MJ11\_2062 gil|197334409|ref|YP\_002155677.1|  
MJ11\_2063 gil|197334408|ref|YP\_002156427.1|  
MJ11\_2064 gil|197334407|ref|YP\_002157207.1|  
MJ11\_2065 gil|197334406|ref|YP\_002155424.1|  
MJ11\_2066 gil|197334405|ref|YP\_002156563.1|  
MJ11\_2067 gil|197334404|ref|YP\_002155563.1|  
MJ11\_2068 gil|197334403|ref|YP\_002156070.1|  
MJ11\_2069 gil|197334402|ref|YP\_002156088.1|  
MJ11\_2070 gil|197334401|ref|YP\_002155484.1|  
MJ11\_2072 gil|197334399|ref|YP\_002155384.1|  
MJ11\_2073 gil|197334398|ref|YP\_002155821.1|  
MJ11\_2074 gil|197334397|ref|YP\_002156846.1|  
MJ11\_2075 gil|197334396|ref|YP\_002156609.1|  
MJ11\_2076 gil|197334395|ref|YP\_002156312.1|  
MJ11\_2077 gil|197334394|ref|YP\_002156610.1|  
MJ11\_2078 gil|197334393|ref|YP\_002156757.1|  
MJ11\_2079 gil|197334392|ref|YP\_002155958.1|  
MJ11\_2080 gil|197334391|ref|YP\_002155129.1|

MJ11\_2081 gil|197334390|ref|YP\_002157187.1|  
MJ11\_2083 gil|197334388|ref|YP\_002155995.1|  
MJ11\_2084 gil|197334387|ref|YP\_002155339.1|  
MJ11\_2086 gil|197334385|ref|YP\_002157112.1|  
MJ11\_2087 gil|197334384|ref|YP\_002155693.1|  
MJ11\_2090 gil|197334381|ref|YP\_002156005.1|  
MJ11\_2091 gil|197334380|ref|YP\_002156019.1|  
MJ11\_2092 gil|197334379|ref|YP\_002156112.1|  
MJ11\_2093 gil|197334378|ref|YP\_002155683.1|  
MJ11\_2094 gil|197334377|ref|YP\_002155456.1|  
MJ11\_2095 gil|197334376|ref|YP\_002156512.1|  
MJ11\_2096 gil|197334375|ref|YP\_002156180.1|  
MJ11\_2097 gil|197334374|ref|YP\_002155429.1|  
MJ11\_2099 gil|197334372|ref|YP\_002156554.1|  
MJ11\_2100 gil|197334371|ref|YP\_002156568.1|  
MJ11\_2101 gil|197334370|ref|YP\_002155253.1|  
MJ11\_2102 gil|197334369|ref|YP\_002157179.1|  
MJ11\_2103 gil|197334368|ref|YP\_002155470.1|  
MJ11\_2104 gil|197334367|ref|YP\_002156081.1|  
MJ11\_2105 gil|197334366|ref|YP\_002156325.1|  
MJ11\_2106 gil|197334365|ref|YP\_002156636.1|  
MJ11\_2107 gil|197334364|ref|YP\_002155931.1|  
MJ11\_2108 gil|197334363|ref|YP\_002156093.1|  
MJ11\_2109 gil|197334362|ref|YP\_002155939.1|  
MJ11\_2110 gil|197334361|ref|YP\_002155164.1|  
MJ11\_2111 gil|197334360|ref|YP\_002155235.1|  
MJ11\_2112 gil|197334359|ref|YP\_002156580.1|  
MJ11\_2113 gil|197334358|ref|YP\_002155546.1|  
MJ11\_2114 gil|197334357|ref|YP\_002155418.1|  
MJ11\_2115 gil|197334356|ref|YP\_002156417.1|  
MJ11\_2116 gil|197334355|ref|YP\_002156507.1|  
MJ11\_2117 gil|197334354|ref|YP\_002156814.1|  
MJ11\_2118 gil|197334353|ref|YP\_002156416.1|  
MJ11\_2119 gil|197334352|ref|YP\_002155417.1|  
MJ11\_2120 gil|197334351|ref|YP\_002156986.1|  
MJ11\_2122 gil|197334349|ref|YP\_002155710.1|  
MJ11\_2123 gil|197334348|ref|YP\_002156640.1|  
MJ11\_2124 gil|197334347|ref|YP\_002157063.1|  
MJ11\_2125 gil|197334346|ref|YP\_002155108.1|  
MJ11\_2126 gil|197334345|ref|YP\_002155156.1|  
MJ11\_2128 gil|197334343|ref|YP\_002155593.1|  
MJ11\_2130 gil|197334341|ref|YP\_002156303.1|  
MJ11\_2131 gil|197334340|ref|YP\_002155919.1|  
MJ11\_2132 gil|197334339|ref|YP\_002156237.1|  
MJ11\_2134 gil|197334337|ref|YP\_002156039.1|  
MJ11\_2135 gil|197334336|ref|YP\_002156193.1|  
MJ11\_2136 gil|197334335|ref|YP\_002156376.1|  
MJ11\_2137 gil|197334334|ref|YP\_002155803.1|  
MJ11\_2139 gil|197334332|ref|YP\_002156535.1|



MJ11\_2140 gil|197334331|ref|YP\_002156520.1|  
MJ11\_2141 gil|197334330|ref|YP\_002155395.1|  
MJ11\_2142 gil|197334329|ref|YP\_002156388.1|  
MJ11\_2143 gil|197334328|ref|YP\_002156548.1|  
MJ11\_2144 gil|197334327|ref|YP\_002156132.1|  
MJ11\_2145 gil|197334326|ref|YP\_002156354.1|  
MJ11\_2146 gil|197334325|ref|YP\_002155391.1|  
MJ11\_2147 gil|197334324|ref|YP\_002155358.1|  
MJ11\_2149 gil|197334322|ref|YP\_002156733.1|  
MJ11\_2150 gil|197334321|ref|YP\_002156504.1|  
MJ11\_2151 gil|197334320|ref|YP\_002157096.1|  
MJ11\_2152 gil|197334319|ref|YP\_002156616.1|  
MJ11\_2154 gil|197334317|ref|YP\_002156678.1|  
MJ11\_2155 gil|197334316|ref|YP\_002155498.1|  
MJ11\_2157 gil|197334314|ref|YP\_002155224.1|  
MJ11\_2158 gil|197334313|ref|YP\_002155892.1|  
MJ11\_2159 gil|197334312|ref|YP\_002155173.1|  
MJ11\_2160 gil|197334311|ref|YP\_002155646.1|  
MJ11\_2161 gil|197334310|ref|YP\_002156962.1|  
MJ11\_2162 gil|197334309|ref|YP\_002156182.1|  
MJ11\_2163 gil|197334308|ref|YP\_002156785.1|  
MJ11\_2164 gil|197334307|ref|YP\_002156993.1|  
MJ11\_2165 gil|197334306|ref|YP\_002157149.1|  
MJ11\_2166 gil|197334305|ref|YP\_002156249.1|  
MJ11\_2167 gil|197334304|ref|YP\_002156599.1|  
MJ11\_2168 gil|197334303|ref|YP\_002155704.1|  
MJ11\_2169 gil|197334302|ref|YP\_002156086.1|  
MJ11\_2170 gil|197334301|ref|YP\_002155528.1|  
MJ11\_2171 gil|197334300|ref|YP\_002157213.1|  
MJ11\_2172 gil|197334299|ref|YP\_002155539.1|  
MJ11\_2173 gil|197334298|ref|YP\_002156648.1|  
MJ11\_2175 gil|197334296|ref|YP\_002155260.1|  
MJ11\_2176 gil|197334295|ref|YP\_002155288.1|  
MJ11\_2177 gil|197334294|ref|YP\_002156101.1|  
MJ11\_2178 gil|197334293|ref|YP\_002155465.1|  
MJ11\_2179 gil|197334292|ref|YP\_002157032.1|  
MJ11\_2180 gil|197334291|ref|YP\_002155715.1|  
MJ11\_2181 gil|197334290|ref|YP\_002155621.1|  
MJ11\_2182 gil|197334289|ref|YP\_002155197.1|  
MJ11\_2183 gil|197334288|ref|YP\_002155722.1|  
MJ11\_2184 gil|197334287|ref|YP\_002155812.1|  
MJ11\_2185 gil|197334286|ref|YP\_002155998.1|  
MJ11\_2186 gil|197334285|ref|YP\_002156761.1|  
MJ11\_2190 gil|197334281|ref|YP\_002155976.1|  
MJ11\_2191 gil|197334280|ref|YP\_002155986.1|  
MJ11\_2192 gil|197334279|ref|YP\_002155296.1|  
MJ11\_2193 gil|197334278|ref|YP\_002155884.1|  
MJ11\_2194 gil|197334277|ref|YP\_002155320.1|  
MJ11\_2195 gil|197334276|ref|YP\_002155629.1|

MJ11\_2196 gil|197334275|ref|YP\_002155435.1|  
MJ11\_2197 gil|197334274|ref|YP\_002155241.1|  
MJ11\_2198 gil|197334273|ref|YP\_002156365.1|  
MJ11\_2199 gil|197334272|ref|YP\_002156397.1|  
MJ11\_2200 gil|197334271|ref|YP\_002156944.1|  
MJ11\_2201 gil|197334270|ref|YP\_002155248.1|  
MJ11\_2202 gil|197334269|ref|YP\_002156655.1|  
MJ11\_2203 gil|197334268|ref|YP\_002155535.1|  
MJ11\_2204 gil|197334267|ref|YP\_002155311.1|  
MJ11\_2205 gil|197334266|ref|YP\_002155436.1|  
MJ11\_2206 gil|197334265|ref|YP\_002156517.1|  
MJ11\_2207 gil|197334264|ref|YP\_002155505.1|  
MJ11\_2208 gil|197334263|ref|YP\_002156968.1|  
MJ11\_2209 gil|197334262|ref|YP\_002156575.1|  
MJ11\_2210 gil|197334261|ref|YP\_002156315.1|  
MJ11\_2211 gil|197334260|ref|YP\_002156464.1|  
MJ11\_2213 gil|197334258|ref|YP\_002156932.1|  
MJ11\_2215 gil|197334256|ref|YP\_002155601.1|  
MJ11\_2217 gil|197334254|ref|YP\_002156450.1|  
MJ11\_2218 gil|197334253|ref|YP\_002156743.1|  
MJ11\_2219 gil|197334252|ref|YP\_002156870.1|  
MJ11\_2220 gil|197334251|ref|YP\_002155301.1|  
MJ11\_2221 gil|197334250|ref|YP\_002157030.1|  
MJ11\_2223 gil|197334248|ref|YP\_002155850.1|  
MJ11\_2224 gil|197334247|ref|YP\_002155654.1|  
MJ11\_2226 gil|197334245|ref|YP\_002157332.1|  
MJ11\_2227 gil|197334244|ref|YP\_002154802.1|  
MJ11\_2228 gil|197334243|ref|YP\_002154993.1|  
MJ11\_2229 gil|197334242|ref|YP\_002154865.1|  
MJ11\_2230 gil|197334241|ref|YP\_002154978.1|  
MJ11\_2231 gil|197334240|ref|YP\_002154855.1|  
MJ11\_2233 gil|197334238|ref|YP\_002155078.1|  
MJ11\_2235 gil|197334236|ref|YP\_002154832.1|  
MJ11\_2236 gil|197334235|ref|YP\_002155060.1|  
MJ11\_2237 gil|197334234|ref|YP\_002154867.1|  
MJ11\_2238 gil|197334233|ref|YP\_002155045.1|  
MJ11\_2239 gil|197334232|ref|YP\_002155059.1|  
MJ11\_2240 gil|197334231|ref|YP\_002155081.1|  
MJ11\_2241 gil|197334230|ref|YP\_002154970.1|  
MJ11\_2242 gil|197334229|ref|YP\_002154920.1|  
MJ11\_2243 gil|197334228|ref|YP\_002154889.1|  
MJ11\_2244 gil|197334227|ref|YP\_002155007.1|  
MJ11\_2245 gil|197334226|ref|YP\_002154806.1|  
MJ11\_2246 gil|197334225|ref|YP\_002154843.1|  
MJ11\_2247 gil|197334224|ref|YP\_002155030.1|  
MJ11\_2248 gil|197334223|ref|YP\_002155041.1|  
MJ11\_2249 gil|197334222|ref|YP\_002154904.1|  
MJ11\_2250 gil|197334221|ref|YP\_002154788.1|  
MJ11\_2251 gil|197334220|ref|YP\_002154842.1|

MJ11\_2252 gil|197334219|ref|YP\_002155039.1|  
MJ11\_2253 gil|197334218|ref|YP\_002155080.1|  
MJ11\_2255 gil|197334216|ref|YP\_002155022.1|  
MJ11\_2256 gil|197334215|ref|YP\_002157361.1|  
MJ11\_2257 gil|197334214|ref|YP\_002157321.1|  
MJ11\_2258 gil|197334213|ref|YP\_002154851.1|  
MJ11\_2259 gil|197334212|ref|YP\_002155055.1|  
MJ11\_2260 gil|197334211|ref|YP\_002154809.1|  
MJ11\_2261 gil|197334210|ref|YP\_002154982.1|  
MJ11\_2263 gil|197334208|ref|YP\_002154790.1|  
MJ11\_2264 gil|197334207|ref|YP\_002154818.1|  
MJ11\_2265 gil|197334206|ref|YP\_002154986.1|  
MJ11\_2267 gil|197334204|ref|YP\_002154872.1|  
MJ11\_2268 gil|197334203|ref|YP\_002155035.1|  
MJ11\_2270 gil|197334201|ref|YP\_002154797.1|  
MJ11\_2271 gil|197334200|ref|YP\_002155063.1|  
MJ11\_2272 gil|197334199|ref|YP\_002154785.1|  
MJ11\_2273 gil|197334198|ref|YP\_002154782.1|  
MJ11\_2275 gil|197334196|ref|YP\_002157328.1|  
MJ11\_2276 gil|197334195|ref|YP\_002155042.1|  
MJ11\_2277 gil|197334194|ref|YP\_002157320.1|  
MJ11\_2278 gil|197334193|ref|YP\_002155069.1|  
MJ11\_2279 gil|197334192|ref|YP\_002157352.1|  
MJ11\_2280 gil|197334191|ref|YP\_002157330.1|  
MJ11\_2281 gil|197334190|ref|YP\_002154773.1|  
MJ11\_2282 gil|197334189|ref|YP\_002154881.1|  
MJ11\_2283 gil|197334188|ref|YP\_002155020.1|  
MJ11\_2284 gil|197334187|ref|YP\_002157356.1|  
MJ11\_2285 gil|197334186|ref|YP\_002155010.1|  
MJ11\_2286 gil|197334185|ref|YP\_002154975.1|  
MJ11\_2287 gil|197334184|ref|YP\_002155064.1|  
MJ11\_2288 gil|197334183|ref|YP\_002157323.1|  
MJ11\_2289 gil|197334182|ref|YP\_002154985.1|  
MJ11\_2292 gil|197334179|ref|YP\_002154811.1|  
MJ11\_2293 gil|197334178|ref|YP\_002155083.1|  
MJ11\_2294 gil|197334177|ref|YP\_002154808.1|  
MJ11\_2295 gil|197334176|ref|YP\_002155079.1|  
MJ11\_2297 gil|197334174|ref|YP\_002154791.1|  
MJ11\_2298 gil|197334173|ref|YP\_002155003.1|  
MJ11\_2299 gil|197334172|ref|YP\_002155072.1|  
MJ11\_2300 gil|197334171|ref|YP\_002154980.1|  
MJ11\_2301 gil|197334170|ref|YP\_002154967.1|  
MJ11\_2302 gil|197334169|ref|YP\_002155009.1|  
MJ11\_2303 gil|197334168|ref|YP\_002154822.1|  
MJ11\_2304 gil|197334167|ref|YP\_002155027.1|  
MJ11\_2305 gil|197334166|ref|YP\_002155048.1|  
MJ11\_2307 gil|197334164|ref|YP\_002155066.1|  
MJ11\_2308 gil|197334163|ref|YP\_002157329.1|  
MJ11\_2309 gil|197334162|ref|YP\_002154896.1|

MJ11\_2310 gil|197334161|ref|YP\_002155014.1|  
MJ11\_2311 gil|197334160|ref|YP\_002155073.1|  
MJ11\_2312 gil|197334159|ref|YP\_002157351.1|  
MJ11\_2313 gil|197334158|ref|YP\_002154824.1|  
MJ11\_2314 gil|197334157|ref|YP\_002155031.1|  
MJ11\_2315 gil|197334156|ref|YP\_002154798.1|  
MJ11\_2316 gil|197334155|ref|YP\_002154795.1|  
MJ11\_2317 gil|197334154|ref|YP\_002154856.1|  
MJ11\_2318 gil|197334153|ref|YP\_002154854.1|  
MJ11\_2319 gil|197334152|ref|YP\_002157344.1|  
MJ11\_2320 gil|197334151|ref|YP\_002154796.1|  
MJ11\_2321 gil|197334150|ref|YP\_002154877.1|  
MJ11\_2324 gil|197334147|ref|YP\_002154819.1|  
MJ11\_2325 gil|197334146|ref|YP\_002157327.1|  
MJ11\_2326 gil|197334145|ref|YP\_002154905.1|  
MJ11\_2327 gil|197334144|ref|YP\_002155000.1|  
MJ11\_2328 gil|197334143|ref|YP\_002155075.1|  
MJ11\_2329 gil|197334142|ref|YP\_002154919.1|  
MJ11\_2330 gil|197334141|ref|YP\_002154841.1|  
MJ11\_2331 gil|197334140|ref|YP\_002154833.1|  
MJ11\_2332 gil|197334139|ref|YP\_002155061.1|  
MJ11\_2333 gil|197334138|ref|YP\_002157318.1|  
MJ11\_2334 gil|197334137|ref|YP\_002154847.1|  
MJ11\_2335 gil|197334136|ref|YP\_002154882.1|  
MJ11\_2336 gil|197334135|ref|YP\_002154852.1|  
MJ11\_2337 gil|197334134|ref|YP\_002155015.1|  
MJ11\_2338 gil|197334133|ref|YP\_002154781.1|  
MJ11\_2340 gil|197334131|ref|YP\_002154814.1|  
MJ11\_2341 gil|197334130|ref|YP\_002157349.1|  
MJ11\_2342 gil|197334129|ref|YP\_002154968.1|  
MJ11\_2343 gil|197334128|ref|YP\_002155058.1|  
MJ11\_2344 gil|197334127|ref|YP\_002155087.1|  
MJ11\_2346 gil|197334125|ref|YP\_002155019.1|  
MJ11\_2347 gil|197334124|ref|YP\_002154888.1|  
MJ11\_2349 gil|197334122|ref|YP\_002154868.1|  
MJ11\_2351 gil|197334120|ref|YP\_002154794.1|  
MJ11\_2352 gil|197334119|ref|YP\_002155071.1|  
MJ11\_2353 gil|197334118|ref|YP\_002157322.1|  
MJ11\_2354 gil|197334117|ref|YP\_002154778.1|  
MJ11\_2355 gil|197334116|ref|YP\_002154884.1|  
MJ11\_2357 gil|197334114|ref|YP\_002157350.1|  
MJ11\_2358 gil|197334113|ref|YP\_002154997.1|  
MJ11\_2360 gil|197334111|ref|YP\_002155053.1|  
MJ11\_2361 gil|197334110|ref|YP\_002155082.1|  
MJ11\_2362 gil|197334109|ref|YP\_002154871.1|  
MJ11\_2363 gil|197334108|ref|YP\_002154927.1|  
MJ11\_2364 gil|197334107|ref|YP\_002154853.1|  
MJ11\_2366 gil|197334105|ref|YP\_002154874.1|  
MJ11\_2367 gil|197334104|ref|YP\_002155001.1|

MJ11\_2368 gj|197334103|ref|YP\_002154799.1|  
MJ11\_2369 gj|197334102|ref|YP\_002157326.1|  
MJ11\_2370 gj|197334101|ref|YP\_002154821.1|  
MJ11\_2371 gj|197334100|ref|YP\_002155074.1|  
MJ11\_2372 gj|197334099|ref|YP\_002154815.1|  
MJ11\_2375 gj|197334096|ref|YP\_002155052.1|  
MJ11\_2376 gj|197334095|ref|YP\_002157360.1|  
MJ11\_2377 gj|197334094|ref|YP\_002155006.1|  
MJ11\_2378 gj|197334093|ref|YP\_002157355.1|  
MJ11\_2379 gj|197334092|ref|YP\_002155044.1|  
MJ11\_2380 gj|197334091|ref|YP\_002154981.1|  
MJ11\_2381 gj|197334090|ref|YP\_002154988.1|  
MJ11\_2382 gj|197334089|ref|YP\_002154830.1|  
MJ11\_2383 gj|197334088|ref|YP\_002157335.1|  
MJ11\_2384 gj|197334087|ref|YP\_002155002.1|  
MJ11\_2385 gj|197334086|ref|YP\_002154913.1|  
MJ11\_2386 gj|197334085|ref|YP\_002154774.1|  
MJ11\_2387 gj|197334084|ref|YP\_002154784.1|  
MJ11\_2388 gj|197334083|ref|YP\_002155034.1|  
MJ11\_2389 gj|197334082|ref|YP\_002155028.1|  
MJ11\_2391 gj|197334080|ref|YP\_002154827.1|  
MJ11\_2392 gj|197334079|ref|YP\_002154825.1|  
MJ11\_2393 gj|197334078|ref|YP\_002154810.1|  
MJ11\_2394 gj|197334077|ref|YP\_002155047.1|  
MJ11\_2395 gj|197334076|ref|YP\_002154864.1|  
MJ11\_2396 gj|197334075|ref|YP\_002154924.1|  
MJ11\_2397 gj|197334074|ref|YP\_002154964.1|  
MJ11\_2398 gj|197334073|ref|YP\_002154897.1|  
MJ11\_2399 gj|197334072|ref|YP\_002154992.1|  
MJ11\_2400 gj|197334071|ref|YP\_002154883.1|  
MJ11\_2401 gj|197334070|ref|YP\_002155026.1|  
MJ11\_2402 gj|197334069|ref|YP\_002154979.1|  
MJ11\_2403 gj|197334068|ref|YP\_002155065.1|  
MJ11\_2404 gj|197334067|ref|YP\_002155012.1|  
MJ11\_2405 gj|197334066|ref|YP\_002155054.1|  
MJ11\_2406 gj|197334065|ref|YP\_002155088.1|  
MJ11\_2408 gj|197334063|ref|YP\_002154998.1|  
MJ11\_2409 gj|197334062|ref|YP\_002154850.1|  
MJ11\_2410 gj|197334061|ref|YP\_002155085.1|  
MJ11\_2412 gj|197334059|ref|YP\_002157343.1|  
MJ11\_2413 gj|197334058|ref|YP\_002155091.1|  
MJ11\_2414 gj|197334057|ref|YP\_002155004.1|  
MJ11\_2415 gj|197334056|ref|YP\_002157319.1|  
MJ11\_2416 gj|197334055|ref|YP\_002154894.1|  
MJ11\_2417 gj|197334054|ref|YP\_002155017.1|  
MJ11\_2418 gj|197334053|ref|YP\_002154840.1|  
MJ11\_2419 gj|197334052|ref|YP\_002154823.1|  
MJ11\_2420 gj|197334051|ref|YP\_002155016.1|  
MJ11\_2421 gj|197334050|ref|YP\_002154807.1|

MJ11\_2423 gil|197334048|ref|YP\_002154863.1|  
MJ11\_2424 gil|197334047|ref|YP\_002154845.1|  
MJ11\_2427 gil|197334044|ref|YP\_002155046.1|  
MJ11\_2428 gil|197334043|ref|YP\_002154976.1|  
MJ11\_2429 gil|197334042|ref|YP\_002154984.1|  
MJ11\_2430 gil|197334041|ref|YP\_002154969.1|  
MJ11\_2431 gil|197334040|ref|YP\_002154941.1|  
MJ11\_2432 gil|197334039|ref|YP\_002154891.1|  
MJ11\_2433 gil|197334038|ref|YP\_002157316.1|  
MJ11\_2434 gil|197334037|ref|YP\_002157357.1|  
MJ11\_2435 gil|197334036|ref|YP\_002154834.1|  
MJ11\_2436 gil|197334035|ref|YP\_002154800.1|  
MJ11\_2437 gil|197334034|ref|YP\_002154777.1|  
MJ11\_2438 gil|197334033|ref|YP\_002155051.1|  
MJ11\_2439 gil|197334032|ref|YP\_002155062.1|  
MJ11\_2440 gil|197334031|ref|YP\_002154820.1|  
MJ11\_2442 gil|197334029|ref|YP\_002154906.1|  
MJ11\_2443 gil|197334028|ref|YP\_002154859.1|  
MJ11\_2444 gil|197334027|ref|YP\_002155084.1|  
MJ11\_2445 gil|197334026|ref|YP\_002154878.1|  
MJ11\_2446 gil|197334025|ref|YP\_002157347.1|  
MJ11\_2450 gil|197334021|ref|YP\_002154995.1|  
MJ11\_2451 gil|197334020|ref|YP\_002154962.1|  
MJ11\_2452 gil|197334019|ref|YP\_002155024.1|  
MJ11\_2453 gil|197334018|ref|YP\_002154892.1|  
MJ11\_2454 gil|197334017|ref|YP\_002157354.1|  
MJ11\_2455 gil|197334016|ref|YP\_002155025.1|  
MJ11\_2457 gil|197334014|ref|YP\_002155038.1|  
MJ11\_2458 gil|197334013|ref|YP\_002157342.1|  
MJ11\_2460 gil|197334011|ref|YP\_002154987.1|  
MJ11\_2461 gil|197334010|ref|YP\_002155005.1|  
MJ11\_2462 gil|197334009|ref|YP\_002154862.1|  
MJ11\_2463 gil|197334008|ref|YP\_002155021.1|  
MJ11\_2464 gil|197334007|ref|YP\_002157358.1|  
MJ11\_2465 gil|197334006|ref|YP\_002154826.1|  
MJ11\_2466 gil|197334005|ref|YP\_002154783.1|  
MJ11\_2468 gil|197334003|ref|YP\_002154971.1|  
MJ11\_2469 gil|197334002|ref|YP\_002154780.1|  
MJ11\_2471 gil|197334000|ref|YP\_002154991.1|  
MJ11\_2473 gil|197333998|ref|YP\_002154973.1|  
MJ11\_2474 gil|197333997|ref|YP\_002155043.1|  
MJ11\_2475 gil|197333996|ref|YP\_002154839.1|  
MJ11\_2476 gil|197333995|ref|YP\_002157338.1|  
MJ11\_2477 gil|197333994|ref|YP\_002155070.1|  
MJ11\_2478 gil|197333993|ref|YP\_002154917.1|  
MJ11\_2479 gil|197333992|ref|YP\_002154787.1|  
MJ11\_2480 gil|197333991|ref|YP\_002157325.1|  
MJ11\_2481 gil|197333990|ref|YP\_002154875.1|  
MJ11\_2482 gil|197333989|ref|YP\_002154848.1|

MJ11\_2483 gil|197333988|ref|YP\_002154887.1|  
MJ11\_2484 gil|197333987|ref|YP\_002154857.1|  
MJ11\_2485 gil|197333986|ref|YP\_002154965.1|  
MJ11\_2486 gil|197333985|ref|YP\_002154793.1|  
MJ11\_2487 gil|197333984|ref|YP\_002154828.1|  
MJ11\_2488 gil|197333983|ref|YP\_002157331.1|  
MJ11\_2489 gil|197333982|ref|YP\_002155033.1|  
MJ11\_2490 gil|197333981|ref|YP\_002154789.1|  
MJ11\_2491 gil|197333980|ref|YP\_002154775.1|  
MJ11\_2492 gil|197333979|ref|YP\_002157346.1|  
MJ11\_2493 gil|197333978|ref|YP\_002155077.1|  
MJ11\_2494 gil|197333977|ref|YP\_002155089.1|  
MJ11\_2497 gil|197333974|ref|YP\_002154974.1|  
MJ11\_2498 gil|197333973|ref|YP\_002154831.1|  
MJ11\_2499 gil|197333972|ref|YP\_002154866.1|  
MJ11\_2500 gil|197333971|ref|YP\_002155068.1|  
MJ11\_2501 gil|197333970|ref|YP\_002155090.1|  
MJ11\_2502 gil|197333969|ref|YP\_002154846.1|  
MJ11\_2505 gil|197333966|ref|YP\_002154873.1|  
MJ11\_2506 gil|197333965|ref|YP\_002154829.1|  
MJ11\_2507 gil|197333964|ref|YP\_002155049.1|  
MJ11\_2510 gil|197333961|ref|YP\_002154886.1|  
MJ11\_2511 gil|197333960|ref|YP\_002155011.1|  
MJ11\_2513 gil|197333958|ref|YP\_002154792.1|  
MJ11\_2514 gil|197333957|ref|YP\_002154858.1|  
MJ11\_2516 gil|197333955|ref|YP\_002154926.1|  
MJ11\_2517 gil|197333954|ref|YP\_002154849.1|  
MJ11\_2519 gil|197333952|ref|YP\_002154996.1|  
MJ11\_2520 gil|197333951|ref|YP\_002154835.1|  
MJ11\_2521 gil|197333950|ref|YP\_002155029.1|  
MJ11\_2522 gil|197333949|ref|YP\_002154895.1|  
MJ11\_2523 gil|197333948|ref|YP\_002157333.1|  
MJ11\_2524 gil|197333947|ref|YP\_002157336.1|  
MJ11\_2525 gil|197333946|ref|YP\_002155018.1|  
MJ11\_2526 gil|197333945|ref|YP\_002157324.1|  
MJ11\_2527 gil|197333944|ref|YP\_002155008.1|  
MJ11\_2528 gil|197333943|ref|YP\_002154977.1|  
MJ11\_2529 gil|197333942|ref|YP\_002154844.1|  
MJ11\_2530 gil|197333941|ref|YP\_002155036.1|  
MJ11\_2532 gil|197333939|ref|YP\_002157317.1|  
MJ11\_2533 gil|197333938|ref|YP\_002154817.1|  
MJ11\_2534 gil|197333937|ref|YP\_002154776.1|  
MJ11\_2535 gil|197333936|ref|YP\_002154805.1|  
MJ11\_2536 gil|197333935|ref|YP\_002154983.1|  
MJ11\_2539 gil|197333932|ref|YP\_002157334.1|  
MJ11\_2540 gil|197333931|ref|YP\_002154816.1|  
MJ11\_2541 gil|197333930|ref|YP\_002155037.1|  
MJ11\_2542 gil|197333929|ref|YP\_002154899.1|  
MJ11\_2543 gil|197333928|ref|YP\_002155056.1|

MJ11\_2544 gil|197333927|ref|YP\_002154860.1|  
MJ11\_2545 gil|197333926|ref|YP\_002157359.1|  
MJ11\_2546 gil|197333925|ref|YP\_002154836.1|  
MJ11\_2548 gil|197333923|ref|YP\_002154885.1|  
MJ11\_2549 gil|197333922|ref|YP\_002154779.1|  
MJ11\_2550 gil|197333921|ref|YP\_002154813.1|  
MJ11\_2553 gil|197333918|ref|YP\_002154893.1|  
MJ11\_2554 gil|197333917|ref|YP\_002154786.1|  
MJ11\_2555 gil|197333916|ref|YP\_002154999.1|  
MJ11\_2557 gil|197333914|ref|YP\_002154870.1|  
MJ11\_2558 gil|197333913|ref|YP\_002154890.1|  
MJ11\_2559 gil|197333912|ref|YP\_002154901.1|  
MJ11\_2560 gil|197333911|ref|YP\_002155050.1|  
MJ11\_2562 gil|197333909|ref|YP\_002155023.1|  
MJ11\_2563 gil|197333908|ref|YP\_002154879.1|  
MJ11\_2564 gil|197333907|ref|YP\_002154804.1|  
MJ11\_2565 gil|197333906|ref|YP\_002155057.1|  
MJ11\_2566 gil|197333905|ref|YP\_002155076.1|  
MJ11\_2567 gil|197333904|ref|YP\_002154966.1|  
MJ11\_2568 gil|197333903|ref|YP\_002154922.1|  
MJ11\_2569 gil|197333902|ref|YP\_002154812.1|  
MJ11\_2570 gil|197333901|ref|YP\_002155013.1|  
MJ11\_2572 gil|197333899|ref|YP\_002154880.1|  
MJ11\_2573 gil|197333898|ref|YP\_002154801.1|  
MJ11\_2574 gil|197333897|ref|YP\_002155067.1|  
MJ11\_2575 gil|197333896|ref|YP\_002157362.1|  
MJ11\_2576 gil|197333895|ref|YP\_002154869.1|  
MJ11\_2577 gil|197333894|ref|YP\_002154916.1|  
MJ11\_2578 gil|197333893|ref|YP\_002154876.1|  
MJ11\_2579 gil|197333892|ref|YP\_002154972.1|  
MJ11\_2581 gil|197333890|ref|YP\_002154838.1|  
MJ11\_2582 gil|197333889|ref|YP\_002154989.1|  
MJ11\_2583 gil|197333888|ref|YP\_002157345.1|  
MJ11\_2584 gil|197333887|ref|YP\_002157337.1|  
MJ11\_2585 gil|197333886|ref|YP\_002154961.1|  
MJ11\_2586 gil|197333885|ref|YP\_002155086.1|  
MJ11\_2589 gil|197333882|ref|YP\_002157353.1|  
MJ11\_2590 gil|197333881|ref|YP\_002155032.1|  
MJ11\_5182 gil|197337920|ref|YP\_002157746.1|  
MJ11\_5183 gil|197337919|ref|YP\_002157933.1|  
MJ11\_5184 gil|197337918|ref|YP\_002158528.1|  
MJ11\_5186 gil|197337916|ref|YP\_002158404.1|  
MJ11\_5187 gil|197337915|ref|YP\_002157899.1|  
MJ11\_5191 gil|197337911|ref|YP\_002158051.1|  
MJ11\_5192 gil|197337910|ref|YP\_002158339.1|  
MJ11\_5193 gil|197337909|ref|YP\_002157796.1|  
MJ11\_5195 gil|197337907|ref|YP\_002157653.1|  
MJ11\_5198 gil|197337904|ref|YP\_002158588.1|  
MJ11\_5199 gil|197337903|ref|YP\_002158716.1|



MJ11\_5203 gil|197337899|ref|YP\_002158077.1|  
MJ11\_5204 gil|197337898|ref|YP\_002157982.1|  
MJ11\_5205 gil|197337897|ref|YP\_002158001.1|  
MJ11\_5206 gil|197337896|ref|YP\_002157787.1|  
MJ11\_5207 gil|197337895|ref|YP\_002158132.1|  
MJ11\_5208 gil|197337894|ref|YP\_002157887.1|  
MJ11\_5209 gil|197337893|ref|YP\_002158483.1|  
MJ11\_5210 gil|197337892|ref|YP\_002157660.1|  
MJ11\_5211 gil|197337891|ref|YP\_002157918.1|  
MJ11\_5212 gil|197337890|ref|YP\_002158574.1|  
MJ11\_5214 gil|197337888|ref|YP\_002157624.1|  
MJ11\_5216 gil|197337886|ref|YP\_002158491.1|  
MJ11\_5217 gil|197337885|ref|YP\_002158423.1|  
MJ11\_5219 gil|197337883|ref|YP\_002158032.1|  
MJ11\_5220 gil|197337882|ref|YP\_002157798.1|  
MJ11\_5221 gil|197337881|ref|YP\_002158621.1|  
MJ11\_5222 gil|197337880|ref|YP\_002158056.1|  
MJ11\_5223 gil|197337879|ref|YP\_002158312.1|  
MJ11\_5225 gil|197337877|ref|YP\_002158482.1|  
MJ11\_5227 gil|197337875|ref|YP\_002157968.1|  
MJ11\_5229 gil|197337873|ref|YP\_002158599.1|  
MJ11\_5230 gil|197337872|ref|YP\_002157632.1|  
MJ11\_5231 gil|197337871|ref|YP\_002157885.1|  
MJ11\_5232 gil|197337870|ref|YP\_002158102.1|  
MJ11\_5233 gil|197337869|ref|YP\_002158546.1|  
MJ11\_5236 gil|197337866|ref|YP\_002158583.1|  
MJ11\_5237 gil|197337865|ref|YP\_002158674.1|  
MJ11\_5238 gil|197337864|ref|YP\_002158038.1|  
MJ11\_5239 gil|197337863|ref|YP\_002157645.1|  
MJ11\_5241 gil|197337861|ref|YP\_002158110.1|  
MJ11\_5242 gil|197337860|ref|YP\_002157993.1|  
MJ11\_5244 gil|197337858|ref|YP\_002158502.1|  
MJ11\_5245 gil|197337857|ref|YP\_002157733.1|  
MJ11\_5246 gil|197337856|ref|YP\_002158415.1|  
MJ11\_5247 gil|197337855|ref|YP\_002158531.1|  
MJ11\_5248 gil|197337854|ref|YP\_002158176.1|  
MJ11\_5249 gil|197337853|ref|YP\_002158755.1|  
MJ11\_5250 gil|197337852|ref|YP\_002157772.1|  
MJ11\_5251 gil|197337851|ref|YP\_002157906.1|  
MJ11\_5253 gil|197337849|ref|YP\_002157625.1|  
MJ11\_5255 gil|197337847|ref|YP\_002158430.1|  
MJ11\_5256 gil|197337846|ref|YP\_002157711.1|  
MJ11\_5257 gil|197337845|ref|YP\_002158572.1|  
MJ11\_5258 gil|197337844|ref|YP\_002157833.1|  
MJ11\_5259 gil|197337843|ref|YP\_002158074.1|  
MJ11\_5260 gil|197337842|ref|YP\_002158706.1|  
MJ11\_5261 gil|197337841|ref|YP\_002158772.1|  
MJ11\_5262 gil|197337840|ref|YP\_002158329.1|  
MJ11\_5263 gil|197337839|ref|YP\_002158160.1|

MJ11\_5264 gil|197337838|ref|YP\_002157707.1|  
MJ11\_5266 gil|197337836|ref|YP\_002158797.1|  
MJ11\_5267 gil|197337835|ref|YP\_002157852.1|  
MJ11\_5268 gil|197337834|ref|YP\_002158810.1|  
MJ11\_5269 gil|197337833|ref|YP\_002158445.1|  
MJ11\_5271 gil|197337831|ref|YP\_002158157.1|  
MJ11\_5272 gil|197337830|ref|YP\_002157837.1|  
MJ11\_5273 gil|197337829|ref|YP\_002157830.1|  
MJ11\_5274 gil|197337828|ref|YP\_002158684.1|  
MJ11\_5275 gil|197337827|ref|YP\_002158782.1|  
MJ11\_5276 gil|197337826|ref|YP\_002158061.1|  
MJ11\_5277 gil|197337825|ref|YP\_002158020.1|  
MJ11\_5278 gil|197337824|ref|YP\_002158412.1|  
MJ11\_5279 gil|197337823|ref|YP\_002158607.1|  
MJ11\_5280 gil|197337822|ref|YP\_002158145.1|  
MJ11\_5281 gil|197337821|ref|YP\_002158789.1|  
MJ11\_5282 gil|197337820|ref|YP\_002157693.1|  
MJ11\_5283 gil|197337819|ref|YP\_002158463.1|  
MJ11\_5285 gil|197337817|ref|YP\_002157705.1|  
MJ11\_5288 gil|197337814|ref|YP\_002157975.1|  
MJ11\_5289 gil|197337813|ref|YP\_002157892.1|  
MJ11\_5290 gil|197337812|ref|YP\_002158164.1|  
MJ11\_5293 gil|197337809|ref|YP\_002157945.1|  
MJ11\_5295 gil|197337807|ref|YP\_002158000.1|  
MJ11\_5296 gil|197337806|ref|YP\_002158666.1|  
MJ11\_5298 gil|197337804|ref|YP\_002158661.1|  
MJ11\_5299 gil|197337803|ref|YP\_002157616.1|  
MJ11\_5300 gil|197337802|ref|YP\_002158173.1|  
MJ11\_5301 gil|197337801|ref|YP\_002157875.1|  
MJ11\_5302 gil|197337800|ref|YP\_002158519.1|  
MJ11\_5303 gil|197337799|ref|YP\_002158557.1|  
MJ11\_5304 gil|197337798|ref|YP\_002157864.1|  
MJ11\_5306 gil|197337796|ref|YP\_002158472.1|  
MJ11\_5308 gil|197337794|ref|YP\_002158153.1|  
MJ11\_5312 gil|197337790|ref|YP\_002157760.1|  
MJ11\_5313 gil|197337789|ref|YP\_002158474.1|  
MJ11\_5317 gil|197337785|ref|YP\_002158349.1|  
MJ11\_5318 gil|197337784|ref|YP\_002158551.1|  
MJ11\_5319 gil|197337783|ref|YP\_002158595.1|  
MJ11\_5320 gil|197337782|ref|YP\_002158065.1|  
MJ11\_5322 gil|197337780|ref|YP\_002157869.1|  
MJ11\_5323 gil|197337779|ref|YP\_002158089.1|  
MJ11\_5324 gil|197337778|ref|YP\_002158486.1|  
MJ11\_5325 gil|197337777|ref|YP\_002157985.1|  
MJ11\_5329 gil|197337773|ref|YP\_002158436.1|  
MJ11\_5330 gil|197337772|ref|YP\_002158123.1|  
MJ11\_5334 gil|197337768|ref|YP\_002158079.1|  
MJ11\_5335 gil|197337767|ref|YP\_002157748.1|  
MJ11\_5336 gil|197337766|ref|YP\_002158449.1|

MJ11\_5339 gil|197337763|ref|YP\_002158500.1|  
MJ11\_5340 gil|197337762|ref|YP\_002157908.1|  
MJ11\_5341 gil|197337761|ref|YP\_002157681.1|  
MJ11\_5343 gil|197337759|ref|YP\_002158682.1|  
MJ11\_5345 gil|197337757|ref|YP\_002157785.1|  
MJ11\_5346 gil|197337756|ref|YP\_002158495.1|  
MJ11\_5348 gil|197337754|ref|YP\_002158736.1|  
MJ11\_5349 gil|197337753|ref|YP\_002157873.1|  
MJ11\_5350 gil|197337752|ref|YP\_002158600.1|  
MJ11\_5351 gil|197337751|ref|YP\_002158053.1|  
MJ11\_5352 gil|197337750|ref|YP\_002158593.1|  
MJ11\_5353 gil|197337749|ref|YP\_002157820.1|  
MJ11\_5354 gil|197337748|ref|YP\_002158012.1|  
MJ11\_5357 gil|197337745|ref|YP\_002158314.1|  
MJ11\_5361 gil|197337741|ref|YP\_002157961.1|  
MJ11\_5362 gil|197337740|ref|YP\_002158619.1|  
MJ11\_5363 gil|197337739|ref|YP\_002157765.1|  
MJ11\_5364 gil|197337738|ref|YP\_002157559.1|  
MJ11\_5366 gil|197337736|ref|YP\_002157794.1|  
MJ11\_5367 gil|197337735|ref|YP\_002158763.1|  
MJ11\_5370 gil|197337732|ref|YP\_002158677.1|  
MJ11\_5371 gil|197337731|ref|YP\_002157920.1|  
MJ11\_5373 gil|197337729|ref|YP\_002158564.1|  
MJ11\_5374 gil|197337728|ref|YP\_002157644.1|  
MJ11\_5375 gil|197337727|ref|YP\_002158006.1|  
MJ11\_5376 gil|197337726|ref|YP\_002158725.1|  
MJ11\_5380 gil|197337722|ref|YP\_002157931.1|  
MJ11\_5381 gil|197337721|ref|YP\_002158470.1|  
MJ11\_5384 gil|197337718|ref|YP\_002157819.1|  
MJ11\_5386 gil|197337716|ref|YP\_002158179.1|  
MJ11\_5387 gil|197337715|ref|YP\_002158126.1|  
MJ11\_5388 gil|197337714|ref|YP\_002157696.1|  
MJ11\_5390 gil|197337712|ref|YP\_002157601.1|  
MJ11\_5391 gil|197337711|ref|YP\_002157988.1|  
MJ11\_5393 gil|197337709|ref|YP\_002157904.1|  
MJ11\_5394 gil|197337708|ref|YP\_002158489.1|  
MJ11\_5398 gil|197337704|ref|YP\_002158390.1|  
MJ11\_5400 gil|197337702|ref|YP\_002157608.1|  
MJ11\_5401 gil|197337701|ref|YP\_002157718.1|  
MJ11\_5404 gil|197337698|ref|YP\_002157744.1|  
MJ11\_5405 gil|197337697|ref|YP\_002157813.1|  
MJ11\_5406 gil|197337696|ref|YP\_002158653.1|  
MJ11\_5408 gil|197337694|ref|YP\_002158055.1|  
MJ11\_5409 gil|197337693|ref|YP\_002158760.1|  
MJ11\_5410 gil|197337692|ref|YP\_002158347.1|  
MJ11\_5412 gil|197337690|ref|YP\_002157647.1|  
MJ11\_5416 gil|197337686|ref|YP\_002158072.1|  
MJ11\_5419 gil|197337683|ref|YP\_002157580.1|  
MJ11\_5420 gil|197337682|ref|YP\_002158708.1|

MJ11\_5421 gj|197337681|ref|YP\_002158410.1|  
MJ11\_5422 gj|197337680|ref|YP\_002158059.1|  
MJ11\_5423 gj|197337679|ref|YP\_002158566.1|  
MJ11\_5425 gj|197337677|ref|YP\_002158116.1|  
MJ11\_5426 gj|197337676|ref|YP\_002158693.1|  
MJ11\_5427 gj|197337675|ref|YP\_002157844.1|  
MJ11\_5428 gj|197337674|ref|YP\_002158478.1|  
MJ11\_5429 gj|197337673|ref|YP\_002158735.1|  
MJ11\_5430 gj|197337672|ref|YP\_002158438.1|  
MJ11\_5431 gj|197337671|ref|YP\_002157943.1|  
MJ11\_5433 gj|197337669|ref|YP\_002158643.1|  
MJ11\_5435 gj|197337667|ref|YP\_002157850.1|  
MJ11\_5436 gj|197337666|ref|YP\_002158641.1|  
MJ11\_5437 gj|197337665|ref|YP\_002158142.1|  
MJ11\_5438 gj|197337664|ref|YP\_002157890.1|  
MJ11\_5439 gj|197337663|ref|YP\_002158418.1|  
MJ11\_5440 gj|197337662|ref|YP\_002157858.1|  
MJ11\_5441 gj|197337661|ref|YP\_002157883.1|  
MJ11\_5442 gj|197337660|ref|YP\_002158719.1|  
MJ11\_5444 gj|197337658|ref|YP\_002157857.1|  
MJ11\_5445 gj|197337657|ref|YP\_002158022.1|  
MJ11\_5446 gj|197337656|ref|YP\_002158802.1|  
MJ11\_5447 gj|197337655|ref|YP\_002158321.1|  
MJ11\_5450 gj|197337652|ref|YP\_002157954.1|  
MJ11\_5451 gj|197337651|ref|YP\_002158712.1|  
MJ11\_5452 gj|197337650|ref|YP\_002158808.1|  
MJ11\_5454 gj|197337648|ref|YP\_002158549.1|  
MJ11\_5455 gj|197337647|ref|YP\_002157783.1|  
MJ11\_5456 gj|197337646|ref|YP\_002157888.1|  
MJ11\_5457 gj|197337645|ref|YP\_002157996.1|  
MJ11\_5459 gj|197337643|ref|YP\_002158069.1|  
MJ11\_5461 gj|197337641|ref|YP\_002158151.1|  
MJ11\_5462 gj|197337640|ref|YP\_002157575.1|  
MJ11\_5463 gj|197337639|ref|YP\_002158488.1|  
MJ11\_5464 gj|197337638|ref|YP\_002157949.1|  
MJ11\_5468 gj|197337634|ref|YP\_002158728.1|  
MJ11\_5478 gj|197337624|ref|YP\_002158767.1|  
MJ11\_5479 gj|197337623|ref|YP\_002157877.1|  
MJ11\_5480 gj|197337622|ref|YP\_002158590.1|  
MJ11\_5481 gj|197337621|ref|YP\_002158694.1|  
MJ11\_5483 gj|197337619|ref|YP\_002158387.1|  
MJ11\_5484 gj|197337618|ref|YP\_002158397.1|  
MJ11\_5485 gj|197337617|ref|YP\_002158434.1|  
MJ11\_5486 gj|197337616|ref|YP\_002158715.1|  
MJ11\_5487 gj|197337615|ref|YP\_002158777.1|  
MJ11\_5488 gj|197337614|ref|YP\_002157683.1|  
MJ11\_5489 gj|197337613|ref|YP\_002157997.1|  
MJ11\_5490 gj|197337612|ref|YP\_002157927.1|  
MJ11\_5491 gj|197337611|ref|YP\_002158447.1|

MJ11\_5492 gj|197337610|ref|YP\_002157811.1|  
MJ11\_5495 gj|197337607|ref|YP\_002158567.1|  
MJ11\_5497 gj|197337605|ref|YP\_002157828.1|  
MJ11\_5498 gj|197337604|ref|YP\_002157882.1|  
MJ11\_5499 gj|197337603|ref|YP\_002157643.1|  
MJ11\_5500 gj|197337602|ref|YP\_002158605.1|  
MJ11\_5502 gj|197337600|ref|YP\_002158019.1|  
MJ11\_5503 gj|197337599|ref|YP\_002157768.1|  
MJ11\_5505 gj|197337597|ref|YP\_002157658.1|  
MJ11\_5506 gj|197337596|ref|YP\_002157871.1|  
MJ11\_5508 gj|197337594|ref|YP\_002157782.1|  
MJ11\_5510 gj|197337592|ref|YP\_002157712.1|  
MJ11\_5513 gj|197337589|ref|YP\_002158493.1|  
MJ11\_5515 gj|197337587|ref|YP\_002158392.1|  
MJ11\_5518 gj|197337584|ref|YP\_002158618.1|  
MJ11\_5520 gj|197337582|ref|YP\_002158503.1|  
MJ11\_5524 gj|197337578|ref|YP\_002157697.1|  
MJ11\_5525 gj|197337577|ref|YP\_002157792.1|  
MJ11\_5526 gj|197337576|ref|YP\_002158688.1|  
MJ11\_5527 gj|197337575|ref|YP\_002157880.1|  
MJ11\_5532 gj|197337570|ref|YP\_002157995.1|  
MJ11\_5533 gj|197337569|ref|YP\_002157652.1|  
MJ11\_5538 gj|197337564|ref|YP\_002158624.1|  
MJ11\_5539 gj|197337563|ref|YP\_002158656.1|  
MJ11\_5541 gj|197337561|ref|YP\_002158042.1|  
MJ11\_5542 gj|197337560|ref|YP\_002157973.1|  
MJ11\_5544 gj|197337558|ref|YP\_002158733.1|  
MJ11\_5545 gj|197337557|ref|YP\_002158665.1|  
MJ11\_5547 gj|197337555|ref|YP\_002158498.1|  
MJ11\_5548 gj|197337554|ref|YP\_002158636.1|  
MJ11\_5549 gj|197337553|ref|YP\_002158003.1|  
MJ11\_5550 gj|197337552|ref|YP\_002158091.1|  
MJ11\_5552 gj|197337550|ref|YP\_002158352.1|  
MJ11\_5554 gj|197337548|ref|YP\_002158747.1|  
MJ11\_5555 gj|197337547|ref|YP\_002157902.1|  
MJ11\_5557 gj|197337545|ref|YP\_002157827.1|  
MJ11\_5558 gj|197337544|ref|YP\_002157816.1|  
MJ11\_5560 gj|197337542|ref|YP\_002158766.1|  
MJ11\_5562 gj|197337540|ref|YP\_002158181.1|  
MJ11\_5563 gj|197337539|ref|YP\_002157777.1|  
MJ11\_5564 gj|197337538|ref|YP\_002158508.1|  
MJ11\_5565 gj|197337537|ref|YP\_002158408.1|  
MJ11\_5571 gj|197337531|ref|YP\_002157872.1|  
MJ11\_5572 gj|197337530|ref|YP\_002157802.1|  
MJ11\_5573 gj|197337529|ref|YP\_002158149.1|  
MJ11\_5574 gj|197337528|ref|YP\_002158152.1|  
MJ11\_5577 gj|197337525|ref|YP\_002157578.1|  
MJ11\_5578 gj|197337524|ref|YP\_002158765.1|  
MJ11\_5579 gj|197337523|ref|YP\_002157940.1|

MJ11\_5580 gj|197337522|ref|YP\_002157701.1|  
MJ11\_5582 gj|197337520|ref|YP\_002158699.1|  
MJ11\_5584 gj|197337518|ref|YP\_002157843.1|  
MJ11\_5585 gj|197337517|ref|YP\_002158552.1|  
MJ11\_5586 gj|197337516|ref|YP\_002158565.1|  
MJ11\_5587 gj|197337515|ref|YP\_002158416.1|  
MJ11\_5588 gj|197337514|ref|YP\_002157585.1|  
MJ11\_5589 gj|197337513|ref|YP\_002158756.1|  
MJ11\_5590 gj|197337512|ref|YP\_002158028.1|  
MJ11\_5591 gj|197337511|ref|YP\_002158804.1|  
MJ11\_5592 gj|197337510|ref|YP\_002157860.1|  
MJ11\_5593 gj|197337509|ref|YP\_002158626.1|  
MJ11\_5595 gj|197337507|ref|YP\_002158080.1|  
MJ11\_5596 gj|197337506|ref|YP\_002157688.1|  
MJ11\_5598 gj|197337504|ref|YP\_002158007.1|  
MJ11\_5600 gj|197337502|ref|YP\_002157637.1|  
MJ11\_5601 gj|197337501|ref|YP\_002158335.1|  
MJ11\_5603 gj|197337499|ref|YP\_002158086.1|  
MJ11\_5604 gj|197337498|ref|YP\_002157826.1|  
MJ11\_5605 gj|197337497|ref|YP\_002158686.1|  
MJ11\_5606 gj|197337496|ref|YP\_002158026.1|  
MJ11\_5607 gj|197337495|ref|YP\_002158778.1|  
MJ11\_5609 gj|197337493|ref|YP\_002158135.1|  
MJ11\_5610 gj|197337492|ref|YP\_002158119.1|  
MJ11\_5612 gj|197337490|ref|YP\_002158166.1|  
MJ11\_5613 gj|197337489|ref|YP\_002157706.1|  
MJ11\_5614 gj|197337488|ref|YP\_002158143.1|  
MJ11\_5615 gj|197337487|ref|YP\_002157628.1|  
MJ11\_5616 gj|197337486|ref|YP\_002158400.1|  
MJ11\_5618 gj|197337484|ref|YP\_002158673.1|  
MJ11\_5619 gj|197337483|ref|YP\_002158517.1|  
MJ11\_5620 gj|197337482|ref|YP\_002158134.1|  
MJ11\_5621 gj|197337481|ref|YP\_002157677.1|  
MJ11\_5622 gj|197337480|ref|YP\_002158016.1|  
MJ11\_5625 gj|197337477|ref|YP\_002158770.1|  
MJ11\_5627 gj|197337475|ref|YP\_002158426.1|  
MJ11\_5628 gj|197337474|ref|YP\_002157841.1|  
MJ11\_5629 gj|197337473|ref|YP\_002158703.1|  
MJ11\_5630 gj|197337472|ref|YP\_002158170.1|  
MJ11\_5631 gj|197337471|ref|YP\_002158394.1|  
MJ11\_5632 gj|197337470|ref|YP\_002158323.1|  
MJ11\_5634 gj|197337468|ref|YP\_002158678.1|  
MJ11\_5635 gj|197337467|ref|YP\_002158521.1|  
MJ11\_5636 gj|197337466|ref|YP\_002157976.1|  
MJ11\_5639 gj|197337463|ref|YP\_002158547.1|  
MJ11\_5640 gj|197337462|ref|YP\_002157656.1|  
MJ11\_5641 gj|197337461|ref|YP\_002158645.1|  
MJ11\_5642 gj|197337460|ref|YP\_002158582.1|  
MJ11\_5644 gj|197337458|ref|YP\_002158099.1|

MJ11\_5645 gj|197337457|ref|YP\_002157670.1|  
MJ11\_5647 gj|197337455|ref|YP\_002158742.1|  
MJ11\_5648 gj|197337454|ref|YP\_002158067.1|  
MJ11\_5649 gj|197337453|ref|YP\_002158793.1|  
MJ11\_5650 gj|197337452|ref|YP\_002157730.1|  
MJ11\_5651 gj|197337451|ref|YP\_002157600.1|  
MJ11\_5652 gj|197337450|ref|YP\_002158093.1|  
MJ11\_5653 gj|197337449|ref|YP\_002157944.1|  
MJ11\_5654 gj|197337448|ref|YP\_002158791.1|  
MJ11\_5655 gj|197337447|ref|YP\_002157602.1|  
MJ11\_5656 gj|197337446|ref|YP\_002158350.1|  
MJ11\_5657 gj|197337445|ref|YP\_002157935.1|  
MJ11\_5658 gj|197337444|ref|YP\_002158344.1|  
MJ11\_5661 gj|197337441|ref|YP\_002158710.1|  
MJ11\_5663 gj|197337439|ref|YP\_002158021.1|  
MJ11\_5664 gj|197337438|ref|YP\_002157971.1|  
MJ11\_5665 gj|197337437|ref|YP\_002158690.1|  
MJ11\_5667 gj|197337435|ref|YP\_002157740.1|  
MJ11\_5668 gj|197337434|ref|YP\_002157779.1|  
MJ11\_5670 gj|197337432|ref|YP\_002158460.1|  
MJ11\_5671 gj|197337431|ref|YP\_002157780.1|  
MJ11\_5672 gj|197337430|ref|YP\_002158675.1|  
MJ11\_5674 gj|197337428|ref|YP\_002158586.1|  
MJ11\_5675 gj|197337427|ref|YP\_002157989.1|  
MJ11\_5676 gj|197337426|ref|YP\_002158750.1|  
MJ11\_5677 gj|197337425|ref|YP\_002158538.1|  
MJ11\_5678 gj|197337424|ref|YP\_002158545.1|  
MJ11\_5679 gj|197337423|ref|YP\_002158311.1|  
MJ11\_5680 gj|197337422|ref|YP\_002158082.1|  
MJ11\_5685 gj|197337417|ref|YP\_002158622.1|  
MJ11\_5686 gj|197337416|ref|YP\_002158492.1|  
MJ11\_5687 gj|197337415|ref|YP\_002157641.1|  
MJ11\_5688 gj|197337414|ref|YP\_002157980.1|  
MJ11\_5689 gj|197337413|ref|YP\_002158484.1|  
MJ11\_5690 gj|197337412|ref|YP\_002158337.1|  
MJ11\_5691 gj|197337411|ref|YP\_002158425.1|  
MJ11\_5692 gj|197337410|ref|YP\_002158399.1|  
MJ11\_5694 gj|197337408|ref|YP\_002157878.1|  
MJ11\_5696 gj|197337406|ref|YP\_002157815.1|  
MJ11\_5697 gj|197337405|ref|YP\_002158441.1|  
MJ11\_5698 gj|197337404|ref|YP\_002157959.1|  
MJ11\_5700 gj|197337402|ref|YP\_002157708.1|  
MJ11\_5701 gj|197337401|ref|YP\_002157747.1|  
MJ11\_5702 gj|197337400|ref|YP\_002157684.1|  
MJ11\_5704 gj|197337398|ref|YP\_002158476.1|  
MJ11\_5705 gj|197337397|ref|YP\_002158453.1|  
MJ11\_5707 gj|197337395|ref|YP\_002158104.1|  
MJ11\_5709 gj|197337393|ref|YP\_002157735.1|  
MJ11\_5711 gj|197337391|ref|YP\_002158671.1|

MJ11\_5712 gj|197337390|ref|YP\_002158162.1|  
MJ11\_5713 gj|197337389|ref|YP\_002158480.1|  
MJ11\_5714 gj|197337388|ref|YP\_002158806.1|  
MJ11\_5715 gj|197337387|ref|YP\_002158532.1|  
MJ11\_5716 gj|197337386|ref|YP\_002158406.1|  
MJ11\_5720 gj|197337382|ref|YP\_002157999.1|  
MJ11\_5721 gj|197337381|ref|YP\_002158570.1|  
MJ11\_5724 gj|197337378|ref|YP\_002158063.1|  
MJ11\_5726 gj|197337376|ref|YP\_002158701.1|  
MJ11\_5727 gj|197337375|ref|YP\_002158799.1|  
MJ11\_5728 gj|197337374|ref|YP\_002158680.1|  
MJ11\_5731 gj|197337371|ref|YP\_002157622.1|  
MJ11\_5732 gj|197337370|ref|YP\_002158117.1|  
MJ11\_5734 gj|197337368|ref|YP\_002157919.1|  
MJ11\_5735 gj|197337367|ref|YP\_002158147.1|  
MJ11\_5736 gj|197337366|ref|YP\_002158515.1|  
MJ11\_5737 gj|197337365|ref|YP\_002157939.1|  
MJ11\_5739 gj|197337363|ref|YP\_002158309.1|  
MJ11\_5741 gj|197337361|ref|YP\_002158811.1|  
MJ11\_5743 gj|197337359|ref|YP\_002158024.1|  
MJ11\_5749 gj|197337353|ref|YP\_002158333.1|  
MJ11\_5751 gj|197337351|ref|YP\_002158771.1|  
MJ11\_5752 gj|197337350|ref|YP\_002157649.1|  
MJ11\_5753 gj|197337349|ref|YP\_002157737.1|  
MJ11\_5755 gj|197337347|ref|YP\_002158107.1|  
MJ11\_5756 gj|197337346|ref|YP\_002157966.1|  
MJ11\_5757 gj|197337345|ref|YP\_002157703.1|  
MJ11\_5760 gj|197337342|ref|YP\_002157817.1|  
MJ11\_5761 gj|197337341|ref|YP\_002158174.1|  
MJ11\_5763 gj|197337339|ref|YP\_002158432.1|  
MJ11\_5764 gj|197337338|ref|YP\_002158596.1|  
MJ11\_5766 gj|197337336|ref|YP\_002158058.1|  
MJ11\_5767 gj|197337335|ref|YP\_002158420.1|  
MJ11\_5768 gj|197337334|ref|YP\_002158633.1|  
MJ11\_5769 gj|197337333|ref|YP\_002158647.1|  
MJ11\_5772 gj|197337330|ref|YP\_002158402.1|  
MJ11\_5774 gj|197337328|ref|YP\_002157895.1|  
MJ11\_5776 gj|197337326|ref|YP\_002157695.1|  
MJ11\_5777 gj|197337325|ref|YP\_002158584.1|  
MJ11\_5778 gj|197337324|ref|YP\_002157937.1|  
MJ11\_5779 gj|197337323|ref|YP\_002157900.1|  
MJ11\_5780 gj|197337322|ref|YP\_002158668.1|  
MJ11\_5781 gj|197337321|ref|YP\_002158097.1|  
MJ11\_5782 gj|197337320|ref|YP\_002157672.1|  
MJ11\_5784 gj|197337318|ref|YP\_002158705.1|  
MJ11\_5785 gj|197337317|ref|YP\_002158331.1|  
MJ11\_5788 gj|197337314|ref|YP\_002157809.1|  
MJ11\_5790 gj|197337312|ref|YP\_002158168.1|  
MJ11\_5791 gj|197337311|ref|YP\_002158044.1|



MJ11\_5792 gil|197337310|ref|YP\_002158037.1|  
MJ11\_5793 gil|197337309|ref|YP\_002158324.1|  
MJ11\_5795 gil|197337307|ref|YP\_002157775.1|  
MJ11\_5796 gil|197337306|ref|YP\_002157788.1|  
MJ11\_5797 gil|197337305|ref|YP\_002158562.1|  
MJ11\_5798 gil|197337304|ref|YP\_002158761.1|  
MJ11\_5799 gil|197337303|ref|YP\_002158178.1|  
MJ11\_5800 gil|197337302|ref|YP\_002158554.1|  
MJ11\_5801 gil|197337301|ref|YP\_002158407.1|  
MJ11\_5802 gil|197337300|ref|YP\_002158431.1|  
MJ11\_5805 gil|197337297|ref|YP\_002158464.1|  
MJ11\_5808 gil|197337294|ref|YP\_002158809.1|  
MJ11\_5810 gil|197337292|ref|YP\_002158141.1|  
MJ11\_5811 gil|197337291|ref|YP\_002158328.1|  
MJ11\_5812 gil|197337290|ref|YP\_002158685.1|  
MJ11\_5813 gil|197337289|ref|YP\_002158125.1|  
MJ11\_5814 gil|197337288|ref|YP\_002158585.1|  
MJ11\_5817 gil|197337285|ref|YP\_002158442.1|  
MJ11\_5819 gil|197337283|ref|YP\_002158140.1|  
MJ11\_5820 gil|197337282|ref|YP\_002157879.1|  
MJ11\_5821 gil|197337281|ref|YP\_002157629.1|  
MJ11\_5826 gil|197337276|ref|YP\_002157581.1|  
MJ11\_5827 gil|197337275|ref|YP\_002158773.1|  
MJ11\_5828 gil|197337274|ref|YP\_002158707.1|  
MJ11\_5829 gil|197337273|ref|YP\_002158477.1|  
MJ11\_5830 gil|197337272|ref|YP\_002158023.1|  
MJ11\_5832 gil|197337270|ref|YP\_002157956.1|  
MJ11\_5836 gil|197337266|ref|YP\_002157955.1|  
MJ11\_5837 gil|197337265|ref|YP\_002158165.1|  
MJ11\_5838 gil|197337264|ref|YP\_002158396.1|  
MJ11\_5840 gil|197337262|ref|YP\_002158769.1|  
MJ11\_5841 gil|197337261|ref|YP\_002158348.1|  
MJ11\_5842 gil|197337260|ref|YP\_002158571.1|  
MJ11\_5843 gil|197337259|ref|YP\_002157863.1|  
MJ11\_5845 gil|197337257|ref|YP\_002158780.1|  
MJ11\_5848 gil|197337254|ref|YP\_002157974.1|  
MJ11\_5849 gil|197337253|ref|YP\_002158558.1|  
MJ11\_5850 gil|197337252|ref|YP\_002158660.1|  
MJ11\_5853 gil|197337249|ref|YP\_002158606.1|  
MJ11\_5855 gil|197337247|ref|YP\_002157983.1|  
MJ11\_5856 gil|197337246|ref|YP\_002158062.1|  
MJ11\_5858 gil|197337244|ref|YP\_002158801.1|  
MJ11\_5859 gil|197337243|ref|YP\_002157806.1|  
MJ11\_5860 gil|197337242|ref|YP\_002158154.1|  
MJ11\_5861 gil|197337241|ref|YP\_002158634.1|  
MJ11\_5863 gil|197337239|ref|YP\_002157604.1|  
MJ11\_5864 gil|197337238|ref|YP\_002157588.1|  
MJ11\_5865 gil|197337237|ref|YP\_002158726.1|  
MJ11\_5866 gil|197337236|ref|YP\_002157868.1|

MJ11\_5867 gj|197337235|ref|YP\_002158437.1|  
MJ11\_5869 gj|197337233|ref|YP\_002157957.1|  
MJ11\_5870 gj|197337232|ref|YP\_002158487.1|  
MJ11\_5872 gj|197337230|ref|YP\_002158667.1|  
MJ11\_5873 gj|197337229|ref|YP\_002157691.1|  
MJ11\_5874 gj|197337228|ref|YP\_002157654.1|  
MJ11\_5875 gj|197337227|ref|YP\_002158088.1|  
MJ11\_5876 gj|197337226|ref|YP\_002158451.1|  
MJ11\_5878 gj|197337224|ref|YP\_002157679.1|  
MJ11\_5879 gj|197337223|ref|YP\_002158473.1|  
MJ11\_5880 gj|197337222|ref|YP\_002158539.1|  
MJ11\_5881 gj|197337221|ref|YP\_002158601.1|  
MJ11\_5882 gj|197337220|ref|YP\_002157680.1|  
MJ11\_5884 gj|197337218|ref|YP\_002157874.1|  
MJ11\_5885 gj|197337217|ref|YP\_002157686.1|  
MJ11\_5890 gj|197337212|ref|YP\_002158398.1|  
MJ11\_5891 gj|197337211|ref|YP\_002158654.1|  
MJ11\_5893 gj|197337209|ref|YP\_002157619.1|  
MJ11\_5894 gj|197337208|ref|YP\_002158131.1|  
MJ11\_5895 gj|197337207|ref|YP\_002158466.1|  
MJ11\_5896 gj|197337206|ref|YP\_002158130.1|  
MJ11\_5897 gj|197337205|ref|YP\_002157786.1|  
MJ11\_5899 gj|197337203|ref|YP\_002157646.1|  
MJ11\_5901 gj|197337201|ref|YP\_002157734.1|  
MJ11\_5902 gj|197337200|ref|YP\_002158076.1|  
MJ11\_5904 gj|197337198|ref|YP\_002158345.1|  
MJ11\_5905 gj|197337197|ref|YP\_002157657.1|  
MJ11\_5906 gj|197337196|ref|YP\_002157573.1|  
MJ11\_5907 gj|197337195|ref|YP\_002158011.1|  
MJ11\_5910 gj|197337192|ref|YP\_002158313.1|  
MJ11\_5911 gj|197337191|ref|YP\_002157814.1|  
MJ11\_5912 gj|197337190|ref|YP\_002157948.1|  
MJ11\_5913 gj|197337189|ref|YP\_002158448.1|  
MJ11\_5919 gj|197337183|ref|YP\_002158310.1|  
MJ11\_5922 gj|197337180|ref|YP\_002157674.1|  
MJ11\_5924 gj|197337178|ref|YP\_002157981.1|  
MJ11\_5925 gj|197337177|ref|YP\_002157921.1|  
MJ11\_5928 gj|197337174|ref|YP\_002157702.1|  
MJ11\_5929 gj|197337173|ref|YP\_002157855.1|  
MJ11\_5935 gj|197337167|ref|YP\_002157717.1|  
MJ11\_5936 gj|197337166|ref|YP\_002158422.1|  
MJ11\_5937 gj|197337165|ref|YP\_002158620.1|  
MJ11\_5938 gj|197337164|ref|YP\_002158695.1|  
MJ11\_5940 gj|197337162|ref|YP\_002158481.1|  
MJ11\_5941 gj|197337161|ref|YP\_002158109.1|  
MJ11\_5943 gj|197337159|ref|YP\_002158501.1|  
MJ11\_5946 gj|197337156|ref|YP\_002157947.1|  
MJ11\_5947 gj|197337155|ref|YP\_002158155.1|  
MJ11\_5949 gj|197337153|ref|YP\_002157558.1|

MJ11\_5951 gil|197337151|ref|YP\_002157886.1|  
MJ11\_5953 gil|197337149|ref|YP\_002157818.1|  
MJ11\_5954 gil|197337148|ref|YP\_002157773.1|  
MJ11\_5956 gil|197337146|ref|YP\_002158525.1|  
MJ11\_5957 gil|197337145|ref|YP\_002158529.1|  
MJ11\_5959 gil|197337143|ref|YP\_002158754.1|  
MJ11\_5960 gil|197337142|ref|YP\_002158124.1|  
MJ11\_5961 gil|197337141|ref|YP\_002158807.1|  
MJ11\_5962 gil|197337140|ref|YP\_002158714.1|  
MJ11\_5963 gil|197337139|ref|YP\_002158720.1|  
MJ11\_5964 gil|197337138|ref|YP\_002158788.1|  
MJ11\_5965 gil|197337137|ref|YP\_002157884.1|  
MJ11\_5968 gil|197337134|ref|YP\_002157941.1|  
MJ11\_5969 gil|197337133|ref|YP\_002158734.1|  
MJ11\_5971 gil|197337131|ref|YP\_002158541.1|  
MJ11\_5972 gil|197337130|ref|YP\_002158573.1|  
MJ11\_5973 gil|197337129|ref|YP\_002158672.1|  
MJ11\_5974 gil|197337128|ref|YP\_002158405.1|  
MJ11\_5975 gil|197337127|ref|YP\_002158444.1|  
MJ11\_5976 gil|197337126|ref|YP\_002158759.1|  
MJ11\_5977 gil|197337125|ref|YP\_002158786.1|  
MJ11\_5979 gil|197337123|ref|YP\_002158775.1|  
MJ11\_5980 gil|197337122|ref|YP\_002158060.1|  
MJ11\_5983 gil|197337119|ref|YP\_002158718.1|  
MJ11\_5984 gil|197337118|ref|YP\_002158326.1|  
MJ11\_5985 gil|197337117|ref|YP\_002157942.1|  
MJ11\_5986 gil|197337116|ref|YP\_002157994.1|  
MJ11\_5988 gil|197337114|ref|YP\_002158689.1|  
MJ11\_5989 gil|197337113|ref|YP\_002158419.1|  
MJ11\_5991 gil|197337111|ref|YP\_002157953.1|  
MJ11\_5994 gil|197337108|ref|YP\_002157586.1|  
MJ11\_5995 gil|197337107|ref|YP\_002158696.1|  
MJ11\_5997 gil|197337105|ref|YP\_002158161.1|  
MJ11\_5999 gil|197337103|ref|YP\_002157845.1|  
MJ11\_6001 gil|197337101|ref|YP\_002158709.1|  
MJ11\_6002 gil|197337100|ref|YP\_002158598.1|  
MJ11\_6003 gil|197337099|ref|YP\_002158171.1|  
MJ11\_6004 gil|197337098|ref|YP\_002157866.1|  
MJ11\_6006 gil|197337096|ref|YP\_002158071.1|  
MJ11\_6007 gil|197337095|ref|YP\_002157986.1|  
MJ11\_6009 gil|197337093|ref|YP\_002158506.1|  
MJ11\_6011 gil|197337091|ref|YP\_002157576.1|  
MJ11\_6012 gil|197337090|ref|YP\_002158114.1|  
MJ11\_6016 gil|197337086|ref|YP\_002157617.1|  
MJ11\_6017 gil|197337085|ref|YP\_002157865.1|  
MJ11\_6019 gil|197337083|ref|YP\_002157829.1|  
MJ11\_6020 gil|197337082|ref|YP\_002157606.1|  
MJ11\_6021 gil|197337081|ref|YP\_002158527.1|  
MJ11\_6022 gil|197337080|ref|YP\_002158692.1|

MJ11\_6024 gil|197337078|ref|YP\_002158439.1|  
MJ11\_6025 gil|197337077|ref|YP\_002158496.1|  
MJ11\_6026 gil|197337076|ref|YP\_002157579.1|  
MJ11\_6027 gil|197337075|ref|YP\_002157950.1|  
MJ11\_6028 gil|197337074|ref|YP\_002158446.1|  
MJ11\_6030 gil|197337072|ref|YP\_002158435.1|  
MJ11\_6031 gil|197337071|ref|YP\_002158663.1|  
MJ11\_6032 gil|197337070|ref|YP\_002157627.1|  
MJ11\_6036 gil|197337066|ref|YP\_002157889.1|  
MJ11\_6037 gil|197337065|ref|YP\_002158762.1|  
MJ11\_6038 gil|197337064|ref|YP\_002158128.1|  
MJ11\_6039 gil|197337063|ref|YP\_002158683.1|  
MJ11\_6040 gil|197337062|ref|YP\_002157676.1|  
MJ11\_6041 gil|197337061|ref|YP\_002158101.1|  
MJ11\_6042 gil|197337060|ref|YP\_002158523.1|  
MJ11\_6044 gil|197337058|ref|YP\_002157795.1|  
MJ11\_6046 gil|197337056|ref|YP\_002157671.1|  
MJ11\_6048 gil|197337054|ref|YP\_002158505.1|  
MJ11\_6049 gil|197337053|ref|YP\_002158783.1|  
MJ11\_6050 gil|197337052|ref|YP\_002158469.1|  
MJ11\_6052 gil|197337050|ref|YP\_002158617.1|  
MJ11\_6053 gil|197337049|ref|YP\_002158013.1|  
MJ11\_6054 gil|197337048|ref|YP\_002157771.1|  
MJ11\_6055 gil|197337047|ref|YP\_002157682.1|  
MJ11\_6058 gil|197337044|ref|YP\_002157766.1|  
MJ11\_6061 gil|197337041|ref|YP\_002158002.1|  
MJ11\_6064 gil|197337038|ref|YP\_002158499.1|  
MJ11\_6065 gil|197337037|ref|YP\_002158560.1|  
MJ11\_6066 gil|197337036|ref|YP\_002157821.1|  
MJ11\_6067 gil|197337035|ref|YP\_002157719.1|  
MJ11\_6068 gil|197337034|ref|YP\_002158471.1|  
MJ11\_6069 gil|197337033|ref|YP\_002158563.1|  
MJ11\_6070 gil|197337032|ref|YP\_002158095.1|  
MJ11\_6072 gil|197337030|ref|YP\_002157759.1|  
MJ11\_6075 gil|197337027|ref|YP\_002158592.1|  
MJ11\_6077 gil|197337025|ref|YP\_002157659.1|  
MJ11\_6078 gil|197337024|ref|YP\_002157631.1|  
MJ11\_6079 gil|197337023|ref|YP\_002157963.1|  
MJ11\_6080 gil|197337022|ref|YP\_002157812.1|  
MJ11\_6081 gil|197337021|ref|YP\_002157960.1|  
MJ11\_6082 gil|197337020|ref|YP\_002158090.1|  
MJ11\_6083 gil|197337019|ref|YP\_002158050.1|  
MJ11\_6084 gil|197337018|ref|YP\_002158180.1|  
MJ11\_6086 gil|197337016|ref|YP\_002158039.1|  
MJ11\_6087 gil|197337015|ref|YP\_002158136.1|  
MJ11\_6088 gil|197337014|ref|YP\_002158122.1|  
MJ11\_6089 gil|197337013|ref|YP\_002157626.1|  
MJ11\_6091 gil|197337011|ref|YP\_002158744.1|  
MJ11\_6092 gil|197337010|ref|YP\_002157909.1|

MJ11\_6093 gil|197337009|ref|YP\_002157710.1|  
MJ11\_6094 gil|197337008|ref|YP\_002157704.1|  
MJ11\_6095 gil|197337007|ref|YP\_002157853.1|  
MJ11\_6097 gil|197337005|ref|YP\_002157969.1|  
MJ11\_6098 gil|197337004|ref|YP\_002157928.1|  
MJ11\_6099 gil|197337003|ref|YP\_002157738.1|  
MJ11\_6101 gil|197337001|ref|YP\_002157784.1|  
MJ11\_6102 gil|197337000|ref|YP\_002157987.1|  
MJ11\_6104 gil|197336998|ref|YP\_002158608.1|  
MJ11\_6105 gil|197336997|ref|YP\_002158490.1|  
MJ11\_6106 gil|197336996|ref|YP\_002158805.1|  
MJ11\_6109 gil|197336993|ref|YP\_002158033.1|  
MJ11\_6112 gil|197336990|ref|YP\_002157898.1|  
MJ11\_6113 gil|197336989|ref|YP\_002158676.1|  
MJ11\_6117 gil|197336985|ref|YP\_002157655.1|  
MJ11\_6118 gil|197336984|ref|YP\_002157584.1|  
MJ11\_6120 gil|197336982|ref|YP\_002158027.1|  
MJ11\_6122 gil|197336980|ref|YP\_002158150.1|  
MJ11\_6123 gil|197336979|ref|YP\_002158659.1|  
MJ11\_6124 gil|197336978|ref|YP\_002158670.1|  
MJ11\_6125 gil|197336977|ref|YP\_002158679.1|  
MJ11\_6126 gil|197336976|ref|YP\_002157612.1|  
MJ11\_6127 gil|197336975|ref|YP\_002157905.1|  
MJ11\_6128 gil|197336974|ref|YP\_002158308.1|  
MJ11\_6131 gil|197336971|ref|YP\_002157577.1|  
MJ11\_6132 gil|197336970|ref|YP\_002158746.1|  
MJ11\_6134 gil|197336968|ref|YP\_002158732.1|  
MJ11\_6135 gil|197336967|ref|YP\_002158417.1|  
MJ11\_6136 gil|197336966|ref|YP\_002158172.1|  
MJ11\_6137 gil|197336965|ref|YP\_002158014.1|  
MJ11\_6138 gil|197336964|ref|YP\_002158514.1|  
MJ11\_6139 gil|197336963|ref|YP\_002157891.1|  
MJ11\_6143 gil|197336959|ref|YP\_002158779.1|  
MJ11\_6144 gil|197336958|ref|YP\_002158559.1|  
MJ11\_6145 gil|197336957|ref|YP\_002157638.1|  
MJ11\_6146 gil|197336956|ref|YP\_002158025.1|  
MJ11\_6148 gil|197336954|ref|YP\_002158642.1|  
MJ11\_6149 gil|197336953|ref|YP\_002157842.1|  
MJ11\_6151 gil|197336951|ref|YP\_002158054.1|  
MJ11\_6152 gil|197336950|ref|YP\_002158465.1|  
MJ11\_6153 gil|197336949|ref|YP\_002158334.1|  
MJ11\_6154 gil|197336948|ref|YP\_002158800.1|  
MJ11\_6157 gil|197336945|ref|YP\_002158081.1|  
MJ11\_6159 gil|197336943|ref|YP\_002157839.1|  
MJ11\_6160 gil|197336942|ref|YP\_002158649.1|  
MJ11\_6163 gil|197336939|ref|YP\_002158504.1|  
MJ11\_6164 gil|197336938|ref|YP\_002158045.1|  
MJ11\_6165 gil|197336937|ref|YP\_002157673.1|  
MJ11\_6166 gil|197336936|ref|YP\_002158776.1|

MJ11\_6168 gil|197336934|ref|YP\_002158120.1|  
MJ11\_6169 gil|197336933|ref|YP\_002158401.1|  
MJ11\_6170 gil|197336932|ref|YP\_002158550.1|  
MJ11\_6172 gil|197336930|ref|YP\_002158427.1|  
MJ11\_6174 gil|197336928|ref|YP\_002158327.1|  
MJ11\_6176 gil|197336926|ref|YP\_002158713.1|  
MJ11\_6177 gil|197336925|ref|YP\_002158144.1|  
MJ11\_6178 gil|197336924|ref|YP\_002157764.1|  
MJ11\_6180 gil|197336922|ref|YP\_002158745.1|  
MJ11\_6182 gil|197336920|ref|YP\_002157803.1|  
MJ11\_6183 gil|197336919|ref|YP\_002157603.1|  
MJ11\_6184 gil|197336918|ref|YP\_002158578.1|  
MJ11\_6189 gil|197336913|ref|YP\_002158581.1|  
MJ11\_6190 gil|197336912|ref|YP\_002158774.1|  
MJ11\_6191 gil|197336911|ref|YP\_002158096.1|  
MJ11\_6192 gil|197336910|ref|YP\_002158702.1|  
MJ11\_6193 gil|197336909|ref|YP\_002158758.1|  
MJ11\_6194 gil|197336908|ref|YP\_002157929.1|  
MJ11\_6196 gil|197336906|ref|YP\_002158516.1|  
MJ11\_6199 gil|197336903|ref|YP\_002158100.1|  
MJ11\_6200 gil|197336902|ref|YP\_002158343.1|  
MJ11\_6201 gil|197336901|ref|YP\_002158698.1|  
MJ11\_6203 gil|197336899|ref|YP\_002157967.1|  
MJ11\_6204 gil|197336898|ref|YP\_002158393.1|  
MJ11\_6205 gil|197336897|ref|YP\_002158609.1|  
MJ11\_6208 gil|197336894|ref|YP\_002157713.1|  
MJ11\_6212 gil|197336890|ref|YP\_002157881.1|  
MJ11\_6215 gil|197336887|ref|YP\_002158603.1|  
MJ11\_6217 gil|197336885|ref|YP\_002158664.1|  
MJ11\_6218 gil|197336884|ref|YP\_002158751.1|  
MJ11\_6220 gil|197336882|ref|YP\_002158017.1|  
MJ11\_6221 gil|197336881|ref|YP\_002158424.1|  
MJ11\_6223 gil|197336879|ref|YP\_002158336.1|  
MJ11\_6226 gil|197336876|ref|YP\_002157979.1|  
MJ11\_6227 gil|197336875|ref|YP\_002158325.1|  
MJ11\_6228 gil|197336874|ref|YP\_002157856.1|  
MJ11\_6229 gil|197336873|ref|YP\_002158092.1|  
MJ11\_6230 gil|197336872|ref|YP\_002157781.1|  
MJ11\_6232 gil|197336870|ref|YP\_002157958.1|  
MJ11\_6233 gil|197336869|ref|YP\_002157990.1|  
MJ11\_6234 gil|197336868|ref|YP\_002158041.1|  
MJ11\_6237 gil|197336865|ref|YP\_002158070.1|  
MJ11\_6238 gil|197336864|ref|YP\_002158433.1|  
MJ11\_6239 gil|197336863|ref|YP\_002158794.1|  
MJ11\_6242 gil|197336860|ref|YP\_002158440.1|  
MJ11\_6243 gil|197336859|ref|YP\_002157620.1|  
MJ11\_6246 gil|197336856|ref|YP\_002158657.1|  
MJ11\_6247 gil|197336855|ref|YP\_002158146.1|  
MJ11\_6248 gil|197336854|ref|YP\_002158005.1|

MJ11\_6249 gil|197336853|ref|YP\_002158533.1|  
MJ11\_6250 gil|197336852|ref|YP\_002158687.1|  
MJ11\_6251 gil|197336851|ref|YP\_002157972.1|  
MJ11\_6252 gil|197336850|ref|YP\_002157743.1|  
MJ11\_6253 gil|197336849|ref|YP\_002158625.1|  
MJ11\_6254 gil|197336848|ref|YP\_002157962.1|  
MJ11\_6256 gil|197336846|ref|YP\_002158411.1|  
MJ11\_6259 gil|197336843|ref|YP\_002157778.1|  
MJ11\_6261 gil|197336841|ref|YP\_002158004.1|  
MJ11\_6262 gil|197336840|ref|YP\_002157793.1|  
MJ11\_6264 gil|197336838|ref|YP\_002158052.1|  
MJ11\_6265 gil|197336837|ref|YP\_002158555.1|  
MJ11\_6267 gil|197336835|ref|YP\_002157648.1|  
MJ11\_6268 gil|197336834|ref|YP\_002157847.1|  
MJ11\_6270 gil|197336832|ref|YP\_002158507.1|  
MJ11\_6272 gil|197336830|ref|YP\_002157951.1|  
MJ11\_6273 gil|197336829|ref|YP\_002158127.1|  
MJ11\_6274 gil|197336828|ref|YP\_002157651.1|  
MJ11\_6276 gil|197336826|ref|YP\_002158118.1|  
MJ11\_6278 gil|197336824|ref|YP\_002158175.1|  
MJ11\_6281 gil|197336821|ref|YP\_002157896.1|  
MJ11\_6283 gil|197336819|ref|YP\_002158704.1|  
MJ11\_6287 gil|197336815|ref|YP\_002157801.1|  
MJ11\_6288 gil|197336814|ref|YP\_002158064.1|  
MJ11\_6289 gil|197336813|ref|YP\_002158798.1|  
MJ11\_6292 gil|197336810|ref|YP\_002158526.1|  
MJ11\_6294 gil|197336808|ref|YP\_002158163.1|  
MJ11\_6295 gil|197336807|ref|YP\_002158332.1|  
MJ11\_6296 gil|197336806|ref|YP\_002157741.1|  
MJ11\_6297 gil|197336805|ref|YP\_002158015.1|  
MJ11\_6299 gil|197336803|ref|YP\_002157861.1|  
MJ11\_6301 gil|197336801|ref|YP\_002158403.1|  
MJ11\_6302 gil|197336800|ref|YP\_002158655.1|  
MJ11\_6303 gil|197336799|ref|YP\_002157984.1|  
MJ11\_6304 gil|197336798|ref|YP\_002157623.1|  
MJ11\_6305 gil|197336797|ref|YP\_002158669.1|  
MJ11\_6308 gil|197336794|ref|YP\_002158049.1|  
MJ11\_6310 gil|197336792|ref|YP\_002158803.1|  
MJ11\_6311 gil|197336791|ref|YP\_002157840.1|  
MJ11\_6312 gil|197336790|ref|YP\_002158421.1|  
MJ11\_6314 gil|197336788|ref|YP\_002157903.1|  
MJ11\_6315 gil|197336787|ref|YP\_002157767.1|  
MJ11\_6316 gil|197336786|ref|YP\_002158475.1|  
MJ11\_6318 gil|197336784|ref|YP\_002158008.1|  
MJ11\_6320 gil|197336782|ref|YP\_002158494.1|  
MJ11\_6321 gil|197336781|ref|YP\_002158518.1|  
MJ11\_6322 gil|197336780|ref|YP\_002158743.1|  
MJ11\_6324 gil|197336778|ref|YP\_002157675.1|  
MJ11\_6325 gil|197336777|ref|YP\_002158537.1|

MJ11\_6328 gj|197336774|ref|YP\_002158167.1|  
MJ11\_6329 gj|197336773|ref|YP\_002158133.1|  
MJ11\_6330 gj|197336772|ref|YP\_002158781.1|  
MJ11\_6331 gj|197336771|ref|YP\_002158520.1|  
MJ11\_6332 gj|197336770|ref|YP\_002158098.1|  
MJ11\_6334 gj|197336768|ref|YP\_002158148.1|  
MJ11\_6337 gj|197336765|ref|YP\_002158569.1|  
MJ11\_6338 gj|197336764|ref|YP\_002157582.1|  
MJ11\_6339 gj|197336763|ref|YP\_002157894.1|  
MJ11\_6341 gj|197336761|ref|YP\_002157791.1|  
MJ11\_6342 gj|197336760|ref|YP\_002157694.1|  
MJ11\_6343 gj|197336759|ref|YP\_002157807.1|  
MJ11\_6344 gj|197336758|ref|YP\_002158083.1|  
MJ11\_6345 gj|197336757|ref|YP\_002158556.1|  
MJ11\_6346 gj|197336756|ref|YP\_002157901.1|  
MJ11\_6348 gj|197336754|ref|YP\_002158597.1|  
MJ11\_6349 gj|197336753|ref|YP\_002157678.1|  
MJ11\_6350 gj|197336752|ref|YP\_002158594.1|  
MJ11\_6353 gj|197336749|ref|YP\_002157774.1|  
MJ11\_6354 gj|197336748|ref|YP\_002158568.1|  
MJ11\_6355 gj|197336747|ref|YP\_002158681.1|  
MJ11\_6356 gj|197336746|ref|YP\_002158036.1|  
MJ11\_6358 gj|197336744|ref|YP\_002157762.1|  
MJ11\_6359 gj|197336743|ref|YP\_002158792.1|  
MJ11\_6360 gj|197336742|ref|YP\_002158108.1|  
MJ11\_6361 gj|197336741|ref|YP\_002158169.1|  
MJ11\_6363 gj|197336739|ref|YP\_002158018.1|  
MJ11\_6365 gj|197336737|ref|YP\_002158459.1|  
MJ11\_6366 gj|197336736|ref|YP\_002158741.1|  
MJ11\_6368 gj|197336734|ref|YP\_002157698.1|  
MJ11\_6369 gj|197336733|ref|YP\_002157642.1|  
MJ11\_6370 gj|197336732|ref|YP\_002158795.1|  
MJ11\_6371 gj|197336731|ref|YP\_002158548.1|  
MJ11\_6372 gj|197336730|ref|YP\_002158443.1|  
MJ11\_6373 gj|197336729|ref|YP\_002157970.1|  
MJ11\_6374 gj|197336728|ref|YP\_002158553.1|  
MJ11\_6375 gj|197336727|ref|YP\_002158604.1|  
MJ11\_6376 gj|197336726|ref|YP\_002158351.1|  
MJ11\_6377 gj|197336725|ref|YP\_002157854.1|  
MJ11\_6378 gj|197336724|ref|YP\_002157736.1|  
MJ11\_6381 gj|197336721|ref|YP\_002157808.1|  
MJ11\_6382 gj|197336720|ref|YP\_002158395.1|  
MJ11\_6384 gj|197336718|ref|YP\_002157932.1|  
MJ11\_6385 gj|197336717|ref|YP\_002157998.1|  
MJ11\_6386 gj|197336716|ref|YP\_002158068.1|  
MJ11\_6387 gj|197336715|ref|YP\_002158485.1|  
MJ11\_6388 gj|197336714|ref|YP\_002157709.1|  
MJ11\_6389 gj|197336713|ref|YP\_002158479.1|  
MJ11\_6390 gj|197336712|ref|YP\_002157769.1|



MJ11\_6391 gj|197336711|ref|YP\_002157946.1|  
MJ11\_6392 gj|197336710|ref|YP\_002158338.1|  
MJ11\_6394 gj|197336708|ref|YP\_002157870.1|  
MJ11\_6395 gj|197336707|ref|YP\_002158711.1|  
MJ11\_6396 gj|197336706|ref|YP\_002158753.1|  
MJ11\_6397 gj|197336705|ref|YP\_002158085.1|  
MJ11\_6399 gj|197336703|ref|YP\_002158452.1|  
MJ11\_6400 gj|197336702|ref|YP\_002158589.1|  
MJ11\_6403 gj|197336699|ref|YP\_002158043.1|  
MJ11\_6404 gj|197336698|ref|YP\_002158580.1|  
MJ11\_6408 gj|197336694|ref|YP\_002158156.1|  
MJ11\_6410 gj|197336692|ref|YP\_002157849.1|  
MJ11\_6411 gj|197336691|ref|YP\_002158094.1|  
MJ11\_6413 gj|197336689|ref|YP\_002157700.1|  
MJ11\_6417 gj|197336685|ref|YP\_002158497.1|  
MJ11\_6419 gj|197336683|ref|YP\_002158029.1|  
MJ11\_6421 gj|197336681|ref|YP\_002158030.1|  
MJ11\_6425 gj|197336677|ref|YP\_002158540.1|  
MJ11\_6426 gj|197336676|ref|YP\_002158105.1|  
MJ11\_6427 gj|197336675|ref|YP\_002157714.1|  
MJ11\_6428 gj|197336674|ref|YP\_002157992.1|  
MJ11\_6430 gj|197336672|ref|YP\_002157666.1|  
MJ11\_6432 gj|197336670|ref|YP\_002157685.1|  
MJ11\_6433 gj|197336669|ref|YP\_002158106.1|  
MJ11\_6434 gj|197336668|ref|YP\_002158409.1|

ed by symbiotic strains of *Vibrio fischeri*. The gene numbers are based on those for the *V. fischeri*

---

**Gene annotation**

---

(3R)-hydroxymyristoyl-ACP dehydratase  
site-specific tyrosine recombinase XerC  
hypothetical protein VFMJ11\_2582  
thiol:disulfide interchange protein TlpA  
copper sensitivity protein ScsC  
general secretion pathway protein D  
transcriptional regulator, TetR family  
DNA-binding transcriptional repressor FabR  
vitamin B12 receptor  
hypothetical protein VFMJ11\_2580  
general secretion pathway protein J  
general secretory pathway protein E  
DNA polymerase III subunit epsilon  
hypothetical protein VFMJ11\_2634  
general secretion pathway protein C  
hypothetical protein VFMJ11\_2637  
dipeptide transport system permease DppC  
hypothetical protein VFMJ11\_2626  
glutamate racemase  
glycerol-3-phosphate acyltransferase  
thiol:disulfide interchange protein DsbD  
Hsp33-like chaperonin  
general secretion pathway protein G  
chorismate--pyruvate lyase  
hypothetical protein VFMJ11\_2581  
hypothetical protein VFMJ11\_2625  
4-hydroxybenzoate octaprenyltransferase  
DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit  
DNA uptake protein  
PTS system, mannitol  
lysophospholipase L2  
general secretion pathway protein I  
PRD domain-containing protein /  
hypothetical protein VFMJ11\_2561  
general secretion pathway protein H  
chromosome segregation ATPase  
hypothetical protein VFMJ11\_2630  
type II secretion system protein N  
polyketide biosynthesis O-methyltransferase  
heat shock protein 15  
hypothetical protein VFMJ11\_2629  
cyclic nucleotide binding protein  
multiple antibiotic resistance protein MarC  
cell division protein FtsY  
ADP-ribose diphosphatase NudE  
flagellar basal body-associated protein FliL-like protein

acriflavin resistance protein  
tRNA (uracil-5-)-methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_2635  
general secretion pathway protein L  
thiosulfate sulfurtransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_2638  
DNA-binding transcriptional regulator IlvY  
DNA-damage-inducible protein F  
general secretion pathway protein F  
cell division ATP-binding protein FtsE  
hypothetical protein VFMJ11\_2610  
dipeptide-binding protein  
glutathione reductase  
soluble pyridine nucleotide transhydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_2631  
RNA methyltransferase, RsmD family  
3'(2'),5'-bisphosphate nucleotidase  
diaminopimelate decarboxylase  
hypothetical protein VFMJ11\_2578  
sensory box/ggdef family protein  
periplasmic protein of efflux system  
ATP synthase subunit eta  
RNA polymerase factor sigma-32  
glutathione import ATP-binding protein GsiA  
hypothetical protein VFMJ11\_2632  
LexA repressor  
diaminopimelate epimerase  
hypothetical protein VFMJ11\_2613  
serine/threonine protein kinase  
hydrolase  
ATP-dependent DNA helicase RecG  
hypothetical protein VFMJ11\_2558  
hypothetical protein VFMJ11\_2621  
dipeptide transport system permease DppB  
phosphoenolpyruvate carboxykinase  
general secretion pathway protein K  
3'-5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase  
ATP-dependent DNA helicase Rep  
frataxin-like protein  
general secretion pathway protein M  
cytochrome c5  
RNA-binding protein  
cell division protein FtsX  
dihydroorotase  
oligopeptidase A  
integral membrane protein  
AsmA family protein  
ketol-acid reductoisomerase  
RNA polymerase sigma factor RpoE

50S ribosomal protein L10  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit  
type VI secretion system lysozyme-like protein  
acetyl-CoA synthetase  
molybdopterin synthase small subunit  
transporter  
MFS superfamily transporter  
CoA pyrophosphatase  
flagellar hook-associated protein FlgK  
zinc-binding protein  
ornithine carbamoyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_1549  
branched-chain amino acid transport system II carrier protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1851  
LamB/YcsF family protein  
multidrug resistance protein A  
short chain dehydrogenase  
peptide chain release factor 3  
glycosidase  
transcriptional regulator PdhR  
hypothetical protein VFMJ11\_0904  
phospholipase A1  
preprotein translocase subunit SecD  
tRNA-specific 2-thiouridylase MnmA  
DNA-binding protein HU-beta  
BglE  
long-chain-fatty-acid--CoA ligase  
OsmC/Ohr family protein  
flagellar basal body rod protein FlgC  
cell division topological specificity factor MinE  
pilus expression protein  
alanyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_1388  
hypothetical protein VFMJ11\_1446  
ferredoxin-type protein NapF  
30S ribosomal protein S2  
ClpXP protease specificity-enhancing factor  
GNAT family acetyltransferase  
3-ketoacyl-CoA thiolase  
transcriptional regulator, LysR family  
curli production assembly/transport component CsgG  
periplasmic oligopeptide-binding protein  
A/G-specific adenine glycosylase  
phosphatidylserine synthase  
lipoprotein  
hypothetical protein VFMJ11\_2525  
peptidase U32  
3-mercaptopyruvate sulfurtransferase  
general secretion pathway protein B

AraC family transcriptional regulator  
pseudouridine synthase Rlu family protein  
transcription elongation factor GreA  
fumarate/nitrate reduction transcriptional regulator  
23S rRNA m(2)G2445 methyltransferase  
N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase  
glutamine amidotransferase  
methyl-accepting chemotaxis protein  
cytochrome D ubiquinol oxidase subunit 1  
rare lipoprotein B  
MFS superfamily transporter  
cell division protein FtsL  
cob(I)yrinic acid a,c-diamide adenosyltransferase  
YjgP/YjgQ family permease  
DNA topoisomerase IV subunit B  
type VI secretion protein, family  
phosphatidylserine decarboxylase  
thiol:disulfide interchange protein TlpA  
penicillin-binding protein 2  
toluene tolerance protein TTG2C  
hypothetical protein VFMJ11\_0966  
general L-amino acid-binding periplasmic protein AapJ  
type VI secretion protein IcmF  
transporter, divalent anion:sodium symporter family  
hypothetical protein VFMJ11\_1344  
phosphoenolpyruvate carboxylase  
hypothetical protein VFMJ11\_0825  
short chain dehydrogenase  
hybrid sensory histidine kinase BarA  
sulfurtransferase TusE  
fimbrial protein pilin  
hypothetical protein VFMJ11\_0927  
ribosomal-protein-alanine acetyltransferase  
lipoprotein  
retron EC67 DNA adenine methylase  
23S rRNA 5-methyluridine methyltransferase  
outer membrane protein assembly factor YaeT  
two-component sensor protein  
LitR, transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_0349  
inner membrane protein YqaA  
exonuclease KapD  
endonuclease III  
lipoprotein  
tryptophan synthase subunit alpha  
suppressor/enhancer of lin-12  
poly(A) polymerase  
hypothetical protein VFMJ11\_0855  
hypothetical protein VFMJ11\_0672

glycine betaine transport ATP-binding protein opuAA  
hypothetical protein VFMJ11\_1872  
hypothetical protein VFMJ11\_1786  
SEC-C motif domain protein  
cysteine/glutathione ABC transporter membrane/ATP-binding protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2432  
hypothetical protein VFMJ11\_1251  
rRNA (cytosine-C(5)-)-methyltransferase RsmF  
ribonucleotide-diphosphate reductase subunit beta  
malate synthase  
lipoprotein NlpD  
murein transglycosylase A  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
30S ribosomal protein S20  
cupin family protein  
msha biogenesis protein mshj  
maltose transport system permease MalF  
heat shock protein 90  
transcriptional regulator  
imelysin superfamily protein  
GTP cyclohydrolase II  
BAX protein  
cell wall endopeptidase, family M23/M37  
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase  
peptidase PmbA  
pentapeptide repeat-containing protein  
phosphate ABC transporter permease  
lipoprotein  
paar motif protein  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A  
signal transduction histidine kinase LytS  
hypothetical protein VFMJ11\_1577  
electron transport complex protein RnfG  
carbonic anhydrase  
flagellar biosynthesis protein FliQ  
lipopolysaccharide N-acetylglucosaminyltransferase  
glycoprotein/polysaccharide metabolism  
2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylate synthase  
tRNA-dihydrouridine synthase C  
heat shock protein HslJ  
glycine cleavage system regulatory protein  
histidyl-tRNA synthetase  
Sel1 repeat family protein  
NTPase  
toluene tolerance protein TTG2A  
negative regulator of flagellin synthesis FlgM  
heat shock protein 70  
TrkA domain integral membrane protein  
phosphocarrier protein HPr

chorismate synthase  
sporulation-control protein  
membrane protein  
flavodoxin FldA  
dsDNA-mimic protein  
glutamate-1-semialdehyde aminotransferase  
transcriptional regulatory protein ZraR  
methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1512  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F  
nucleoside diphosphate kinase  
cardiolipin synthetase  
HutZ protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2132  
twitching mobility protein  
dipeptide transport ATP-binding protein DppD  
protein YaeB  
ATP-dependent DNA helicase DinG  
tellurite resistance protein TehB  
rod shape-determining protein MreD  
chloride channel protein  
bifunctional heptose 7-phosphate kinase/heptose 1-phosphate adenylyltransferase  
flagellar biosynthesis protein FlIP  
bifunctional N-succinyldiaminopimelate-aminotransferase/acetylornithine transaminase protein  
flagellar capping protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0532  
acetolactate synthase 3 regulatory subunit  
outer membrane protein Slp  
aspartyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_1372  
hypothetical protein VFMJ11\_1586  
cellobiose phosphotransferase system CelC  
transcriptional regulator  
integration host factor subunit alpha  
SpoVR family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2322  
chemotaxis protein CheZ  
bifunctional phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase/IMP cyclohydrolase  
TolR protein  
lipoprotein  
serine hydroxymethyltransferase  
protein MalY  
acetyltransferase  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
preprotein translocase subunit SecB  
amino-acid carrier protein AlsT  
ribonuclease G  
sodium/alanine symporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1478

FdhD protein  
DNA repair ATPase  
hypothetical protein VFMJ11\_1476  
chitooligosaccharide transport system permease  
hypothetical protein VFMJ11\_0352  
GNAT family acetyltransferase  
DNA-binding transcriptional activator GcvA  
SecA, C-motif domain-containing protein  
carbon starvation protein A  
glutamate synthase subunit beta  
LysE family transporter  
polynucleotide phosphorylase/polyadenylase  
hydrolase  
HTH-type transcriptional regulator GalR  
hypothetical protein VFMJ11\_1376  
30S ribosomal protein S6  
cell division protein FtsA  
ggdef family protein  
YcgL domain superfamily protein  
acyl-CoA thioesterase II  
beta-glucosidase A  
aminopeptidase N  
cyclic nucleotide binding protein  
membrane-bound lytic murein transglycosylase B  
copper-transporting P-type ATPase  
lipoprotein  
integral membrane protein  
Holliday junction resolvase  
GTP-binding protein EngA  
RNA-binding protein Hfq  
undecaprenyl pyrophosphate synthetase 1  
aspartate-semialdehyde dehydrogenase  
IAA acetyltransferase  
collagenase  
hypothetical protein VFMJ11\_2369  
membrane protein  
GTP-binding protein LepA  
hypothetical protein VFMJ11\_1462  
inner membrane lipoprotein  
DNA or RNA helicase  
MoxR protein  
protein Yhgl  
exported protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0878  
uracil permease  
sulfate transporter  
prolipoprotein diacylglycerol transferase  
periplasmic protein CpxP  
translocation protein TolB



transporter  
outer membrane lipoprotein LolB  
NADH pyrophosphatase  
Fe-S-cluster domain-containing protein  
regulatory protein  
cobalt ABC transporter ATP-binding protein  
uracil phosphoribosyltransferase  
type IV pilus assembly protein PilZ  
lipoprotein  
preprotein translocase subunit SecE  
5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase  
hypothetical protein VFMJ11\_1157  
flagellar protein FlaG  
hypothetical protein VFMJ11\_0931  
glycine cleavage system transcriptional repressor  
ABC transporter permease  
asparaginase  
ribosomal RNA large subunit methyltransferase N  
protein YbhK  
membrane protein  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmH  
oxaloacetate decarboxylase  
ribosomal large subunit pseudouridine synthase C  
bifunctional chorismate mutase/prephenate dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_1071  
mechanosensitive ion channel  
rod shape-determining protein MreC  
ribonuclease HII  
imidazole glycerol phosphate synthase subunit HisH  
response regulator receiver domain-containing protein  
transcriptional regulator PhoU  
hypothetical protein VFMJ11\_0371  
adenylosuccinate synthetase  
4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase  
CytC  
hypothetical protein VFMJ11\_1411  
hypothetical protein VFMJ11\_1349  
coniferyl aldehyde dehydrogenase  
lipid A biosynthesis (KDO)2-(lauroyl)-lipid IVA acyltransferase  
low-affinity inorganic phosphate transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_2036  
DNA polymerase III subunit chi  
flavodoxin FldB  
oligopeptide-binding protein OppA  
exonuclease subunit SbcD  
transcriptional repressor NsrR  
tRNA-dihydrouridine synthase B  
regulatory protein CsrD  
UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase

polysaccharide export periplasmic protein  
membrane protein  
hemolysin  
sensory box/ggdef family protein  
methionyl-tRNA synthetase  
extracellular tungstate binding protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0680  
malate dehydrogenase  
anthranilate synthase component II  
protease DegQ  
protein-L-isoaspartate O-methyltransferase  
autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ  
FeuP  
hypothetical protein VFMJ11\_1375  
phosphopyruvate hydratase  
electron transport complex protein RnfD  
succinyl-CoA synthetase subunit alpha  
hypothetical protein VFMJ11\_2303  
formate dehydrogenase region TAT target  
hypothetical protein VFMJ11\_1419  
sensory transduction protein kinase  
protein YgiW  
phosphoserine phosphatase  
urease accessory protein UreF  
protein UmuC  
chemotaxis protein CheV  
tRNA (guanine-N(1)-)-methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_1214  
fumarate reductase subunit D  
amidase  
3-oxoacyl-(acyl carrier protein) synthase II  
tyrosyl-tRNA synthetase  
diacylglycerol kinase  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase  
transcriptional regulator, LysR family  
DNA repair protein RecO  
3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase  
PHP domain containing protein  
lipoprotein  
hypothetical protein VFMJ11\_1233  
excinuclease ABC subunit B  
argininosuccinate synthase  
SecY stabilizing membrane protein  
toxin transcriptional activator ToxR  
hypothetical protein VFMJ11\_2510  
hypothetical protein VFMJ11\_0935  
anaerobic nitric oxide reductase transcriptional regulator  
acyl-CoA thioester hydrolase YfbB  
ATP-binding protein

high-affinity zinc uptake system membrane protein ZnuB  
bcct family transporter  
1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase  
universal stress protein A  
type VI secretion-associated protein, family  
serine--pyruvate aminotransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_0914  
uracil-DNA glycosylase  
DNA-binding/iron metalloprotein/AP endonuclease  
hypothetical protein VFMJ11\_2207  
hypothetical protein VFMJ11\_2018  
lipoprotein signal peptidase  
endoribonuclease L-PSP  
acyl carrier protein  
transcriptional regulator, LysR family  
fumarate reductase subunit C  
DNA gyrase subunit A  
HflC protein  
fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
inner membrane protein YicO  
ferredoxin  
DNA-binding transcriptional regulator OxyR  
RNA binding S1 domain-containing protein  
methionine sulfoxide reductase B  
1,3-propanediol dehydrogenase  
3-oxoacyl-ACP synthase  
ribonuclease D  
amylo-1,6-glucosidase  
hypothetical protein VFMJ11\_1142  
S-adenosylmethionine--tRNA ribosyltransferase-isomerase  
inositol-1-monophosphatase  
methylglyoxal synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_0887  
hypothetical protein VFMJ11\_1505  
acriflavin resistance periplasmic protein  
exodeoxyribonuclease V subunit alpha  
acetyl-CoA carboxylase subunit beta  
D-lactate dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_2050  
hypothetical protein VFMJ11\_1528  
transcription elongation factor NusA  
hypothetical protein VFMJ11\_2172  
mate efflux family protein  
cytochrome B  
sensory box/ggdef family protein  
glutaredoxin  
2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase  
2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase  
chaperone protein HscA

phosphocarrier protein HPr  
hypothetical protein VFMJ11\_1554  
transcriptional regulatory protein CpxR  
transcriptional regulator NrdR  
PhoH family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0376  
formate--tetrahydrofolate ligase  
hypothetical protein VFMJ11\_1273  
hypothetical protein VFMJ11\_1590  
succinate dehydrogenase iron-sulfur subunit  
ribulose-phosphate 3-epimerase  
dihydroorotate dehydrogenase 2  
hypothetical protein VFMJ11\_1752  
Cyd operon protein YbgE  
P-protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter family protein  
chondroitin sulfate/heparin utilization regulation protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0763  
thiamine-monophosphate kinase  
UDP-N-acetylmuramoyl-tripeptide--D-alanyl-D-alanine ligase  
type IV pilus assembly protein PilZ  
phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase  
translation initiation factor IF-1  
hypothetical protein VFMJ11\_1217  
inner membrane transport protein YhaO  
type IV pilus assembly protein TapC  
cytochrome c nitrite reductase, Fe-S protein  
lysine decarboxylase family protein  
phosphohistidine phosphatase SixA  
3-ketoacyl-ACP reductase  
hypothetical protein VFMJ11\_0498  
MC21 protein  
protein mlc (Making large colonies protein)  
sigma-E factor negative regulatory protein  
cellulose synthase operon C protein  
2-octaprenyl-6-methoxyphenyl hydroxylase  
oligopeptide transport system permease OppC  
hypothetical protein VFMJ11\_1947  
uridine phosphorylase  
iron(III)-transport system permease  
transcriptional regulator CysB  
beta-hexosaminidase  
ion transport protein  
flagellar biosynthesis regulator FliH  
pyruvate formate lyase-activating enzyme 1  
inosine 5'-monophosphate dehydrogenase  
AraC family transcriptional regulator  
methyl-accepting chemotaxis protein  
DNA-directed RNA polymerase subunit beta'

bifunctional aspartate kinase II/homoserine dehydrogenase II  
homoserine O-succinyltransferase  
alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
transcriptional regulator SyrB  
phosphoheptose isomerase  
acetyltransferase  
outer membrane protein S  
D-ribose transporter subunit RbsB  
bifunctional molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobB/MoeA  
periplasmic protease  
arsenate reductase  
scaffold protein  
flagellar motor switch protein FliM  
dinucleoside polyphosphate hydrolase  
hypothetical protein VFMJ11\_0707  
proton glutamate symport protein  
DNA polymerase III subunit epsilon  
flagellar assembly protein H  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B  
replication initiation regulator SeqA  
peptidoglycan synthetase FtsI  
AsmA protein  
protein phosphatase 2C  
lactoylglutathione lyase  
regulatory protein CsgD  
hydroxyacylglutathione hydrolase  
primosomal replication protein N  
GTP pyrophosphokinase  
outer membrane channel protein  
asparagine synthetase B  
hypothetical protein VFMJ11\_0871  
toluene tolerance protein TTG2D  
thermostable carboxypeptidase 1  
hypothetical protein VFMJ11\_2480  
chemotaxis protein CheW  
sulfatase family protein  
urease accessory protein UreD  
serine protease  
phosphoribosylglycinamide formyltransferase  
toxin coregulated pilus biosynthesis protein I  
lipoprotein  
50S ribosomal protein L32  
chemotaxis protein CheY  
BAX protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0477  
MshD  
recombination associated protein  
toluene tolerance protein Ttg2B  
D-ribose pyranase

hypothetical protein VFMJ11\_2217  
exonuclease  
general L-amino acid transport system permease AapM  
hypothetical protein VFMJ11\_0625  
hypothetical protein VFMJ11\_1424  
efflux pump component MtrF  
YjgP/YjgQ family permease  
general secretion pathway protein D  
methyltransferase  
cytochrome c biogenesis protein CcmA  
5-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine deaminase  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase  
tryptophan synthase subunit beta  
Sua5/YciO/YrdC/YwIC family protein  
beta-galactosidase/beta-glucuronidase  
short chain dehydrogenase  
transcriptional regulator, TetR family  
rod shape-determining protein RodA  
thioredoxin 2  
DNA transformation protein TfoX  
chromate transport protein  
GTPase HflX  
acetylornithine deacetylase  
L-aspartate oxidase  
carbohydrate binding domain-containing protein  
dipeptide transport ATP-binding protein DppD  
21 kDa hemolysin  
transcriptional regulator, TetR family  
hypothetical protein VFMJ11\_1390  
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase  
pH-dependent sodium/proton antiporter  
amidophosphoribosyltransferase  
magnesium and cobalt efflux protein CorC  
carbohydrate diacid regulator  
nitrogen regulatory protein P-II  
aspartate kinase  
stringent starvation protein A  
bifunctional acetaldehyde-CoA/alcohol dehydrogenase  
tRNA (guanine-N(7)-)-methyltransferase  
xanthine-guanine phosphoribosyltransferase  
transcriptional activator NhaR  
NikE  
tRNA-(ms[2]io[6]A)-hydroxylase  
twin-arginine translocation pathway signal  
fimbrial assembly protein PilQ  
ribosomal-protein-alanine acetyltransferase  
tmao reductase system sensor TorS  
hypothetical protein VFMJ11\_1884  
autoinducer synthase

serine transporter  
CDP-4-dehydro-6-deoxy-D-glucose 3-dehydratase  
transcriptional regulator  
O6-methylguanine-DNA methyltransferase  
GTP cyclohydrolase I  
C4-dicarboxylate transporter DcuC  
riboflavin biosynthesis protein RibD C- domain-containing protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2516  
integral membrane protein  
preprotein translocase subunit SecF  
lysyl-tRNA synthetase  
transporter, drug/metabolite exporter family  
sodium/proline symporter  
co-chaperone HscB  
flagellar basal body rod modification protein  
leucine-responsive transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_1458  
exonuclease IX  
long-chain fatty acid transport protein  
phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase  
membrane protein  
cytochrome c nitrite reductase pentaheme subunit  
lichenan permease iic component  
23S rRNA methyltransferase  
curli production assembly/transport component CsgF  
FlgN protein  
transcriptional regulator, LysR family  
antibiotic biosynthesis monooxygenase  
flagellin  
ribose-phosphate pyrophosphokinase  
hypothetical protein VFMJ11\_1456  
sensor protein PhoQ  
ribonuclease R  
flagellar hook-associated protein FlgL  
transcriptional regulator, LysR family  
BolA protein  
nitrate/nitrite sensor protein NarQ  
transporter, drug/metabolite exporter family  
peptide chain release factor 2  
elongation factor Ts  
ribonuclease activity regulator protein RraA  
cbb3-type cytochrome c oxidase subunit I  
isocitrate dehydrogenase  
thiamine biosynthesis lipoprotein ApbE  
Maf-like protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0334  
PTS system N-acetylmuramic acid transporter subunit IIBC  
septum site-determining protein MinD  
basic endochitinase

phenylalanyl-tRNA synthetase subunit beta  
uridylate kinase  
aerobic respiration control sensor protein ArcB  
ABC transporter ATP-binding protein  
DNA mismatch repair protein MutS  
ggdef domain protein  
pili retraction protein PilU  
hypothetical protein VFMJ11\_0849  
lipid A core - O-antigen ligase  
coproporphyrinogen III oxidase  
phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit  
para-aminobenzoate synthase component II  
histidine triad nucleotide-binding protein 2  
histidinol-phosphate aminotransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_1364  
acylphosphatase  
oligopeptide transport ATP-binding protein AppF  
succinate dehydrogenase, cytochrome b556 subunit  
DL-methionine transporter ATP-binding subunit  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
NAD(P)H-dependent glycerol-3-phosphate dehydrogenase  
AraC family transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_0368  
ThiF family protein  
flagellar motor switch protein  
DNA polymerase II  
transcriptional regulator, TetR family  
phosphopentomutase  
4-amino-4-deoxychorismate lyase  
cobalt ABC transporter permease component  
beta-lactamase  
iron-regulated protein FrpC  
chemotaxis protein CheR  
pyridoxine 5'-phosphate synthase  
serine acetyltransferase  
glutamate uptake regulatory protein  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
S-adenosylmethionine synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_2232  
UDP-N-acetylglucosamine acyltransferase  
DNA-binding transcriptional activator CadC  
antibiotic biosynthesis monooxygenase  
glycine betaine transporter  
type VI secretion system FHA domain-containing protein  
30S ribosomal protein S15  
aminopeptidase B  
prepilin-type N- cleavage/methylation domain-containing protein  
chitooligosaccharide transport system permease



GatB/Yqey domain protein  
sulfatase family protein  
carbamoyl phosphate synthase small subunit  
molecular chaperone DnaK  
thioredoxin-dependent thiol peroxidase  
hypothetical protein VFMJ11\_1401  
bifunctional aspartokinase I/homoserine dehydrogenase I  
membrane-bound lytic murein transglycosylase D  
nodulation protein NoIR  
hypothetical protein VFMJ11\_0687  
molybdopterin converting factor subunit 2  
two-component response regulator  
integral membrane protein  
nuclease  
chromosome segregation ATPase  
hypothetical protein VFMJ11\_1445  
nucleoside permease NupC  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
undecaprenyl-phosphate glucose phosphotransferase  
ATP-dependent protease La  
outer membrane protein assembly complex subunit YfgL  
periplasmic protein of efflux system  
maltose transport system permease MalG  
soluble lytic murein transglycosylase  
pyruvate kinase  
mce related protein  
preprotein translocase subunit YajC  
hypothetical protein VFMJ11\_1571  
thiol oxidoreductase  
threonine synthase  
signal peptidase I  
metallo-beta-lactamase superfamily protein  
maltoporin  
inner membrane protein YicG  
glycerol-3-phosphate acyltransferase PlsY  
heat shock protein 70  
two-component response-regulatory protein YehT  
phenylalanine and histidine ammonia-lyase  
hypothetical protein VFMJ11\_1730  
murein hydrolase exporter  
GTP-binding protein HflX  
glycosyltransferase  
sensory box/ggdef family protein  
esterase YqiA  
cell division protein FtsN  
sodium-type flagellar protein MotY  
hypothetical protein VFMJ11\_2244  
hypothetical protein VFMJ11\_1737  
cytidine deaminase

Trp operon repressor  
DL-methionine transporter substrate-binding subunit  
23S rRNA pseudouridine synthase D  
S-ribosylhomocysteinase  
glutaredoxin family protein  
sodium-type polar flagellar protein MotX  
hypothetical protein VFMJ11\_0355  
hypothetical protein VFMJ11\_1195  
molybdopterin oxidoreductase  
DNA polymerase III subunit delta'  
phosphoglucosamine mutase  
two-component response regulator  
thioredoxin domain-containing protein  
aspartate carbamoyltransferase catalytic subunit  
cytochrome D ubiquinol oxidase subunit II  
adenosylcobinamide-phosphate synthase  
multifunctional tRNA nucleotidyl transferase/2'3'-cyclic phosphodiesterase/2'nucleotidase/phosphatase  
CTP synthetase  
bifunctional argininosuccinate lyase/N-acetylglutamate synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_0882  
ferrous iron efflux protein F  
DNA-directed RNA polymerase subunit beta  
hypothetical protein VFMJ11\_1600  
hypothetical protein VFMJ11\_0679  
hypothetical protein VFMJ11\_1460  
imidazole glycerol-phosphate dehydratase/histidinol phosphatase  
peroxiredoxin-2  
anthranilate synthase component I  
DNA polymerase III subunit epsilon  
hypothetical protein VFMJ11\_2212  
DNA damage-inducible gene in SOS regulon, dependent on cyclic AMP and H-NS  
valyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_0729  
Holliday junction resolvase-like protein  
5-methylaminomethyl-2-thiouridine methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_1729  
magnesium transporter  
cytidylate kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_1810  
hypothetical protein VFMJ11\_1532  
heat shock protein HtpX  
urease accessory protein UreE  
50S ribosomal protein L11 methyltransferase  
lipoprotein  
elongation factor P  
exonuclease I  
periplasmic serine peptidase DegS  
ribokinase  
DNA transformation protein TfoX

cytochrome c-type protein TorC  
nucleoid-associated protein NdpA  
methyl-accepting chemotaxis protein  
penicillin-binding protein 1B  
deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase-like protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1655  
naphthoate synthase  
2-dehydropantoate 2-reductase  
HTH-type transcriptional regulator AscG  
methyl-accepting chemotaxis protein  
50S ribosomal protein L9  
oligopeptide transport ATP-binding protein OppF  
N-acetyl-anhydromuranmyl-L-alanine amidase  
gluconate permease  
cysteine/glutathione ABC transporter membrane/ATP-binding protein  
Fe(3+) ions import ATP-binding protein FbpC 2  
accessory colonization factor AcfA  
cell division protein ZipA  
membrane-bound lytic murein transglycosylase C  
SAM-dependent methyltransferase  
spermidine/putrescine-binding periplasmic protein  
adp-ribose pyrophosphatase  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase  
carbonate dehydratase  
DNA-binding protein Fis  
dehydrogenase  
UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase  
flagellar protein FliS  
cell division protein FtsQ  
ribosome recycling factor  
zinc import ATP-binding protein ZnuC 1  
isoleucyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_0986  
uroporphyrinogen decarboxylase  
lipopolysaccharide transport periplasmic protein LptA  
transcription antitermination protein NusB  
copper amine oxidase N-terminal protein  
two-component sensor histidine kinase  
type VI secretion protein, EvpB/family  
hypothetical protein VFMJ11\_0649  
ABC transporter ATP-binding protein  
autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN  
ATP-dependent protease ATP-binding subunit ClpX  
hypothetical protein VFMJ11\_1220  
hypothetical protein VFMJ11\_1855  
tol-pal system-associated acyl-CoA thioesterase  
transcriptional regulator  
cellobiose-phosphorylase  
lysyl-tRNA synthetase

glutathione synthetase  
oxaloacetate decarboxylase subunit beta  
NhaP-type Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> and K<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_1848  
N-acetylmannosamine-6-phosphate 2-epimerase  
fructose-bisphosphate aldolase  
lipoprotein  
30S ribosomal protein S18  
lipid-A-disaccharide synthase  
GAF domain-containing protein  
cytochrome c oxidase, Cbb3-type, subunit III  
peptidoglycan-associated lipoprotein  
2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase  
membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1468  
sodium/solute symporter family protein  
FAD linked oxidase, C-domain-containing protein  
Holliday junction DNA helicase RuvA  
aspartate racemase  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmF  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmI  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
response regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_0920  
7-cyano-7-deazaguanine reductase  
homoserine/homoserine lactone efflux protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1524  
DNA repair protein RadA  
cell wall endopeptidase, family M23/M37  
hypothetical protein VFMJ11\_2200  
arsenate reductase  
methyltransferase  
LuxU  
ribosomal protein S6 modification protein  
NirV protein  
outer membrane protein  
gamma-glutamyl phosphate reductase  
phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase  
acyl carrier protein  
oxidoreductase  
endoribonuclease L-PSP  
quaternary ammonium compound-resistance protein QacE  
hypothetical protein VFMJ11\_0375  
apolipoprotein N-acyltransferase  
bifunctional 5,10-methylene-tetrahydrofolate dehydrogenase/ 5,10-methylene-tetrahydrofolate cyclohydrolase  
transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_0955  
arylsulfatase

hypothetical protein VFMJ11\_2033  
endoribonuclease L-PSP  
maltose operon periplasmic protein  
histidinol dehydrogenase  
flagellar biosynthesis protein FlhG  
hypothetical protein VFMJ11\_1205  
hypothetical protein VFMJ11\_0752  
hypothetical protein VFMJ11\_1123  
DNA mismatch repair protein  
zinc/cadmium/mercury/lead-transporting ATPase  
oligopeptide transport system permease OppB  
acyl-CoA thioester hydrolase YciA  
orotidine 5'-phosphate decarboxylase  
zinc metalloprotease  
TMAO reductase system periplasmic protein TorT  
iron-sulfur cluster assembly protein IscA  
lipoprotein Nlpl  
cytochrome c-554  
two-component sensor kinase FlrB  
PII uridylyl-transferase  
FxsA protein  
anaerobic nitric oxide reductase flavorubredoxin  
nucleotide-binding protein  
DNA translocase FtsK  
Peptidase A24 N-terminal domain family protein  
glutaminase  
fatty acid metabolism regulator  
tyrosine-specific transport protein  
ABC transporter permease  
dihydrolipoamide dehydrogenase  
positive regulator of sigma E activity  
transporter, AcrB/D/F family  
bifunctional aconitate hydratase 2/2-methylisocitrate dehydratase  
esterase YbfF  
phosphatidylserine decarboxylase  
penicillin-binding protein 1A  
flagellar hook protein FlgE  
CDP-4-dehydro-6-deoxy-D-glucose 3-dehydratase  
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component  
hypothetical protein VFMJ11\_1430  
acyl carrier protein  
threonyl-tRNA synthetase  
2-hydroxyhepta-2,4-diene-1,7-dioate isomerase  
phosphate-binding protein  
cardiolipin synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_2118  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
tRNA-specific adenosine deaminase  
chain length regulator

50S ribosomal protein L19  
cell division protein ZapA  
asparaginyl-tRNA synthetase  
succinate dehydrogenase, hydrophobic membrane anchor protein  
multidrug efflux protein  
transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein VFMJ11\_1368  
transporter, drug/metabolite exporter family  
permease  
cAMP-regulatory protein  
acetoin utilization AcuB protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1935  
glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, type I  
RNA methyl transferase TrmH  
bifunctional phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase/phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase  
hypothetical protein VFMJ11\_0427  
trigger factor  
endonuclease IV  
transcription antitermination protein NusG  
hypothetical protein VFMJ11\_1527  
isoprenylcysteine carboxyl methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_1940  
molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
hypothetical protein VFMJ11\_2017  
bifunctional protein FolC  
molybdenum transport system permease ModB  
hypothetical protein VFMJ11\_1535  
phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase  
octopine transport system permease OccM  
3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase  
acyl-CoA hydrolase  
YecA family protein  
4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase  
UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase  
hypothetical protein VFMJ11\_1677  
N-acetyl-D-glucosamine kinase  
succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase  
lysine/cadaverine antiporter  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase  
DNA-binding transcriptional regulator HexR  
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit  
tRNA pseudouridine synthase D  
DNA gyrase subunit B  
metalloprotease  
exonuclease SbcC  
HIT family hydrolase  
ribosomal RNA small subunit methyltransferase D  
cytochrome c1  
30S ribosomal protein S9

preprotein translocase subunit SecD  
fermentation/respiration switch protein  
ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS  
N-acetylglutamate synthase  
M22 peptidase YeaZ family protein  
prokaryotic N- methylation motif domain-containing protein  
D-ribose transporter ATP-binding protein  
flagellum-specific ATP synthase  
family 2 glycosyl transferase  
ABC transporter ATP-binding protein  
flagellar basal body rod protein FlgB  
hypothetical protein VFMJ11\_2076  
transcriptional regulator, LysR family  
putrescine/spermidine ABC transporter ATPase  
single-stranded DNA-binding protein  
isocitrate lyase  
ribonuclease III  
cysteine desulfurase, sulfur acceptor subunit CsdE  
transcriptional regulator, LysR family  
3-oxoacyl-ACP synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_1895  
hypothetical protein VFMJ11\_1310  
N5-glutamine S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferase  
oligopeptide ABC transporter ATP-binding protein  
small protein A  
alanine dehydrogenase  
acetyl-CoA carboxylase carboxyltransferase subunit alpha  
sensor protein UhpB  
hypothetical protein VFMJ11\_1503  
cytosine deaminase  
chaperone protein TorD  
adenylosuccinate synthetase  
preprotein translocase subunit SecA  
lipoprotein  
aminotransferase AlaT  
DNA-binding protein HU-beta  
dihydrolipoamide succinyltransferase  
dihydroneopterin aldolase  
na+-translocating NADH-quinone reductase subunit e  
hypothetical protein VFMJ11\_1933  
site-specific tyrosine recombinase XerD  
exoenzyme regulatory protein AepA  
RNA 2'-O-ribose methyltransferase  
cell division protein FtsB  
CinA family protein  
YheO domain-containing protein  
maltose O-acetyltransferase  
lipoprotein VacJ  
general L-amino acid transport ATP-binding protein AapP

Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C  
NADH dehydrogenase  
chemotaxis protein CheA  
TonB protein  
flagellin  
protein-(glutamine-N5) methyltransferase  
3-oxoacyl-(acyl carrier protein) synthase II  
CIC family chloride transporter  
lipoprotein  
Na+ dependent nucleoside transporter family protein  
lactoylglutathione lyase  
transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1620  
hypothetical protein VFMJ11\_2204  
glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC  
aldose 1-epimerase  
YeeE/YedE family protein  
flagellar biosynthesis sigma factor  
tryptophanyl-tRNA synthetase  
branched-chain amino acid transport system II carrier protein  
undecaprenyldiphospho-muramoylpentapeptide beta-N- acetylglucosaminyltransferase  
cytochrome c oxidase, Cbb3-type, CcoQ subunit  
ribosomal protein S6 modification protein  
lipoprotein  
sulfatase family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1089  
oligoendopeptidase F  
ribosomal large subunit pseudouridine synthase E  
sensor histidine kinase  
long-chain-fatty-acid--CoA ligase  
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate/homocysteine S-methyltransferase  
DNA helicase IV  
endochitinase  
RNA polymerase sigma factor RpoD  
hemerythrin HHE cation-binding domain-containing protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0438  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
molybdopterin biosynthesis protein MoeB  
phosphate acetyltransferase  
flagellar motor protein MotB  
hypothetical protein VFMJ11\_1588  
arginyl-tRNA-protein transferase  
riboflavin biosynthesis protein RibD  
ubiquinone biosynthesis protein AarF  
protein translocase subunit SecA  
lipoprotein  
Nitrilase 1 family protein  
aspartate ammonia-lyase  
sterol desaturase



radical SAM protein  
sodium/proton antiporter  
urease accessory protein UreG  
aromatic amino acid aminotransferase  
nitric oxide reductase  
D-cysteine desulfhydrase  
type IV pilus assembly protein TapB  
cysteine synthase  
DNA primase  
hypothetical protein VFMJ11\_2117  
thiol:disulfide interchange protein TlpA  
hypothetical protein VFMJ11\_0485  
transporter  
ferredoxin, 2Fe-2S type, ISC system  
heme exporter protein CcmB  
hypothetical protein VFMJ11\_0338  
aspartate-semialdehyde dehydrogenase  
ATP-dependent Zn protease  
O-succinylbenzoic acid--CoA ligase  
hypothetical protein VFMJ11\_2201  
2,4-dienoyl-CoA reductase  
alpha-L-glutamate ligase  
phosphoheptose isomerase  
exonuclease III  
sodium-dependent phosphate transporter  
ATP-dependent chaperone ClpB  
hypothetical protein VFMJ11\_2350  
methyl-accepting chemotaxis protein  
C4-dicarboxylate transport transcriptional regulatory protein DctD  
nitrate/nitrite response regulator protein NarP  
ribosomal small subunit pseudouridine synthase A  
C factor cell-cell signaling protein  
mate efflux family protein  
transcriptional regulator  
iron-sulfur cluster binding protein  
SAM-dependent methyltransferase  
cystathionine beta-lyase  
hdod domain family protein  
serine/threonine protein kinase  
TatD family hydrolase  
aminodeoxychorismate lyase  
flagellar basal body rod protein FlgG  
HmuU protein  
sensory transduction protein kinase  
formate hydrogenlyase subunit 6  
ATP-dependent RNA helicase SrmB  
serine protease  
hypothetical protein VFMJ11\_1149  
flagellar basal body P-ring protein

(dimethylallyl)adenosine tRNA methyltransferase  
ggdef domain protein  
regulator of kinase autophosphorylation inhibitor  
pili assembly protein PilN  
glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase  
ribonuclease T  
50S ribosomal protein L25  
glutamyl-tRNA synthetase  
D,D-heptose 1,7-bisphosphate phosphatase  
thiol:disulfide interchange protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2060  
Tetratricopeptide repeat family protein  
glucokinase  
6-phosphofructokinase  
hypothetical protein VFMJ11\_1612  
nucleoside-diphosphate-sugar epimerase  
thiamine biosynthesis protein Thil  
hypothetical protein VFMJ11\_2262  
iojap family protein  
GNAT family acetyltransferase  
phosphatidylglycerophosphatase B  
nitrite reductase (NAD(P)H) large subunit  
50S ribosomal protein L11  
transcriptional regulator, LysR family  
Tol system periplasmic component YbgF  
ATP-dependent protease peptidase subunit  
D-fructose-6-phosphate amidotransferase  
CinA family protein  
endonuclease-1  
queuosine biosynthesis protein QueD  
minor curlin subunit CsgB  
ferrous iron transport protein B  
sugar isomerase, KpsF/GutQ family  
AraC family transcriptional regulator  
cyclic 3',5'-adenosine monophosphate phosphodiesterase  
ArsR family transcriptional regulator  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
Tcpl, toxin-coregulated pilus biosynthesis gene  
two-component response regulator  
RNA polymerase factor sigma-54  
N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase  
peptidyl-tRNA hydrolase  
septum formation inhibitor  
glycerol-3-phosphate acyltransferase PlsX  
ATP-dependent RNA helicase HrpB  
amino-acid carrier protein AlsT  
MTA/SAH nucleosidase  
MazG protein  
oligopeptide transport ATP-binding protein AppF

phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB  
cyclase/dehydrase  
23S rRNA methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_1803  
quinolinate phosphoribosyltransferase  
protease activity modulator HflK  
Zn-ribbon-containing protein  
transcriptional regulator  
phosphoserine aminotransferase  
phosphodiesterase  
ATPase  
bifunctional indole-3-glycerol phosphate synthase/phosphoribosylanthranilate isomerase  
signal recognition particle protein  
tetratricopeptide repeat protein  
sulfate transport protein CysZ  
come operon protein 3  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase  
molybdenum transport ATP-binding protein ModC  
hypothetical protein VFMJ11\_1785  
acetolactate synthase 3 catalytic subunit  
16S rRNA-processing protein RimM  
C32 tRNA thiolase  
mercuric reductase  
glutathione synthetase  
thiopurine S-methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_2289  
hypothetical protein VFMJ11\_0399  
cell division protein FtsW  
flagellin  
ribonuclease E  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase  
phosphate ABC transporter permease  
ribosomal RNA small subunit methyltransferase C  
succinate dehydrogenase flavoprotein subunit  
lysine decarboxylase, constitutive  
hypothetical protein VFMJ11\_1187  
oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase  
riboflavin synthase subunit alpha  
hypothetical protein VFMJ11\_1203  
lysine exporter protein  
flagellar basal body rod protein FlgF  
outer membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2068  
primosomal replication protein N'  
DNA-binding protein  
riboflavin synthase subunit alpha  
tRNA pseudouridine synthase C  
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B  
pili assembly protein PilM

adenylosuccinate lyase  
multiple sugar-binding transport ATP-binding protein MsmK  
bifunctional riboflavin kinase/FMN adenylyltransferase  
methyl-accepting chemotaxis protein  
ferrochelataase  
chitooligosaccharide-binding protein  
universal stress protein UspE  
multifunctional fatty acid oxidation complex subunit alpha  
phosphate ABC transporter ATP-binding protein  
GNAT family acetyltransferase  
seryl-tRNA synthetase  
exonuclease V subunit gamma  
RpiR family transcriptional regulator  
lipoprotein  
alcohol dehydrogenase YqhD  
DedD protein  
lipoprotein  
elongation factor P  
ribosomal large subunit pseudouridine synthase B  
succinyl-diaminopimelate desuccinylase  
D-methionine transport system permease MetI  
sulfite-dehydrogenase  
protease La family protein  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmE  
hypothetical protein VFMJ11\_1574  
UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase  
C4-dicarboxylate transport sensor protein DctB  
flagellar biosynthesis chaperone  
hypothetical protein VFMJ11\_0611  
tRNA pseudouridine synthase B  
hypothetical protein VFMJ11\_1326  
uridine kinase  
long-chain-fatty-acid--CoA ligase  
ribosomal-protein-serine acetyltransferase  
UDP-N-acetylmuramoyl-L-alanyl-D-glutamate synthetase  
Rrf2 family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1285  
hypothetical protein VFMJ11\_2402  
sterol binding protein  
nucleoside permease NupC  
cytoplasmic chaperone TorD family protein  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase  
thymidylate synthase  
ferric uptake regulator  
flagellar biosynthesis protein FliR  
hypothetical protein VFMJ11\_0347  
transcriptional regulator, LacI family  
hypothetical protein VFMJ11\_0892  
hypothetical protein VFMJ11\_0655

isopentenyl-diphosphate delta-isomerase  
hypothetical protein VFMJ11\_1760  
flagellar protein FliO  
autonomous glycyl radical cofactor GrcA  
hypothetical protein VFMJ11\_2496  
PTS system glucose-specific transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1414  
potential redox protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1592  
membrane protein  
ammonium transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1289  
hypothetical protein VFMJ11\_1034  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D  
NTP pyrophosphohydrolase  
ToIR protein  
flagellar basal body L-ring protein  
ferrochelatase  
excinuclease ABC subunit A  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
oligopeptide-binding protein OppA  
general negative regulator of transcription subunit 1  
hypothetical protein VFMJ11\_1659  
ribonuclease H  
import inner membrane translocase subunit Tim44  
NADP-dependent malic enzyme  
permease  
nucleoside permease NupC  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase  
hypothetical protein VFMJ11\_1234  
hypothetical protein VFMJ11\_1618  
methyl-accepting chemotaxis protein  
primosome assembly protein PriA  
sigma-54-dependent transcriptional activator FlrA  
hypothetical protein VFMJ11\_1617  
fimbrial protein  
translation initiation factor IF-3  
thymidylate kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_1155  
bacitracin export ATP-binding protein BceA  
long-chain-fatty-acid--CoA ligase family protein  
chaperone protein DnaJ  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase  
pyridoxal kinase  
5,10-methylenetetrahydrofolate reductase  
Hnr protein  
tripeptide permease TppB  
aspartate carbamoyltransferase regulatory subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_0876

lipoprotein  
anti-RNA polymerase sigma 70 factor  
lichenan-specific phosphotransferase enzyme iia component  
molybdenum cofactor biosynthesis protein A  
peptidase U32  
lipoprotein  
ATP-dependent helicase HrpA  
protein Flal  
XapX domain  
flagellar motor protein PomA  
adenylate cyclase family  
phosphoglucomutase  
hypothetical protein VFMJ11\_1856  
periplasmic negative regulator of sigmaE  
transcriptional regulator, LysR family  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase  
hypothetical protein VFMJ11\_0616  
protein TolQ  
electron transport complex protein RnfB  
hypothetical protein VFMJ11\_0896  
heme chaperone heme-lyase  
ggdef domain protein  
integral membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1926  
solute/DNA competence effector  
fumarate hydratase  
DNA-binding transcriptional repressor Mall  
multidrug resistance protein B  
acriflavin resistance plasma membrane protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
transporting ATPase  
excinuclease ABC subunit C  
hypothetical protein VFMJ11\_2155  
hypothetical protein VFMJ11\_0434  
DTW domain containing protein  
ribosomal large subunit pseudouridine synthase F  
fumarate reductase flavoprotein subunit  
integral membrane protein  
formate dehydrogenase iron-sulfur subunit  
oligoribonuclease  
RIP metalloprotease RseP  
ABC transporter permease  
imidazole glycerol phosphate synthase subunit HisF  
type IV pilus assembly protein PilZ  
23S rRNA (guanosine-2'-O-)-methyltransferase  
carbon storage regulator  
4'-phosphopantetheinyl transferase  
shikimate kinase I  
arginine N-succinyltransferase

methyl-accepting chemotaxis protein  
AmpG protein  
nitrite reductase small subunit  
competence lipoprotein ComL  
acetyltransferase  
coproporphyrinogen III oxidase  
hypothetical protein VFMJ11\_0773  
O-succinylbenzoate synthase  
phosphoglucomutase  
exodeoxyribonuclease VII large subunit  
nonspecific acid phosphatase  
50S ribosomal protein L35  
glutathione S-transferase  
msha pilin protein mshb  
phosphatidylglycerophosphatase A  
transcriptional regulatory protein  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase  
DNA topoisomerase IV subunit A  
lipoprotein  
hemin importer ATP-binding subunit  
23S rRNA methyltransferase J  
DNA polymerase III subunits gamma and tau  
mutator MutT protein  
spermidine/putrescine ABC transporter membrane protein  
chitinase A  
glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase  
superoxide dismutase (Fe)  
SanA protein  
30S ribosomal protein S1  
type VI secretion protein, family  
Cu(I)-responsive transcriptional regulator  
urease subunit alpha  
acetyl-CoA carboxylase biotin carboxylase subunit  
cystathionine gamma-synthase  
glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_1769  
PrkA protein  
spermidine/putrescine-binding periplasmic protein  
thiol:disulfide interchange protein DsbC  
thiamine kinase  
DNA topoisomerase I  
hypothetical protein VFMJ11\_0406  
hypothetical protein VFMJ11\_1510  
exodeoxyribonuclease VII small subunit  
tyrosine-specific transport protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1913  
lipoprotein  
tRNA(Ile)-lysine synthase  
high-affinity zinc uptake system protein ZnuA

inorganic polyphosphate/ATP-NAD kinase  
hemin receptor  
hypothetical protein VFMJ11\_1807  
mechanosensitive ion channel  
DNA mismatch repair protein  
maltose O-acetyltransferase  
leucyl aminopeptidase  
lipoprotein  
periplasmic nitrate reductase, diheme cytochrome c subunit  
ATP phosphoribosyltransferase  
dihydrolipoamide acetyltransferase  
two-component response regulator  
ribosomal subunit interface protein  
glycine betaine/L-proline transport system permease ProW  
general secretion pathway protein F  
hybrid peroxiredoxin hyPrx5  
hypothetical protein VFMJ11\_0714  
hypothetical protein VFMJ11\_1614  
YeeE/YedE  
hypothetical protein VFMJ11\_0851  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
S-formylglutathione hydrolase  
RpiR family transcriptional regulator protein  
succinylglutamate desuccinylase  
23S rRNA methyltransferase A  
hypothetical protein VFMJ11\_2393  
stringent starvation protein A  
hypothetical protein VFMJ11\_2045  
hypothetical protein VFMJ11\_1613  
hypothetical protein VFMJ11\_2440  
B12-dependent methionine synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_1662  
methyl-accepting chemotaxis protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase domain 1  
transporter  
chemotaxis protein CheY  
hypothetical protein VFMJ11\_0624  
ferredoxin-dependent glutamate synthase 1  
general L-amino acid transport system permease AapQ  
dihydrodipicolinate synthase  
iron-sulfur cluster insertion protein ErpA  
leucyl-tRNA synthetase  
arylsulfate sulfotransferase  
co-chaperone GrpE  
transcriptional regulator, LysR family  
oligopeptide transporter permease  
TldD protein  
queuosine biosynthesis protein QueC  
disulfide bond formation protein B



glutamate decarboxylase  
hypothetical protein VFMJ11\_1180  
homoserine kinase  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase  
type VI secretion protein, family  
hydrolase  
hypothetical protein VFMJ11\_1179  
Na<sup>+</sup>-dependent transporter, SNF family  
phosphoglycolate phosphatase  
sensory box/ggdef family protein  
preprotein translocase subunit SecG  
zinc-responsive transcriptional regulator  
FeS assembly protein IscX  
deoxyribonucleotide triphosphate pyrophosphatase  
ribonucleotide-diphosphate reductase subunit alpha  
thiol-disulfide isomerase and thioredoxin  
iron(III) ABC transporter periplasmic binding protein  
TrmH family RNA methyltransferase  
dihydrodipicolinate reductase  
hypothetical protein VFMJ11\_1521  
general secretion pathway protein A  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmF  
phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2  
hypothetical protein VFMJ11\_0426  
outer-membrane lipoprotein carrier protein  
sulfurtransferase  
preprotein translocase subunit SecF  
msha biogenesis protein mshp  
aquaporin Z  
succinyl-CoA synthetase subunit beta  
hypothetical protein VFMJ11\_0600  
lipoyl synthase  
ribose ABC transporter permease  
lipoprotein  
maltose/maltodextrin-binding protein  
transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1938  
insulin-cleaving metalloproteinase outer membrane protein  
30S ribosomal protein S16  
L-serine ammonia-lyase  
phosphate ABC transporter permease  
N-acetylmannosamine kinase  
cysteine desulfurase, catalytic subunit CsdA  
trans-2-enoyl-CoA reductase  
2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase  
pyrrolidone-carboxylate peptidase  
hypothetical protein VFMJ11\_1407  
molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA  
NlpC

DNA polymerase III subunit alpha  
thymidine phosphorylase  
cold shock domain-containing protein CspD  
GTP-binding protein Era  
hypothetical protein VFMJ11\_1609  
50S ribosomal protein L13  
hypothetical protein VFMJ11\_0589  
transcriptional regulator, LysR family  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
methionine aminopeptidase  
pyruvate dehydrogenase subunit E1  
ATP-dependent protease ATP-binding subunit HslU  
aminobenzoyl-glutamate transport protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2019  
phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide- transferase  
tyrosine-specific transport protein  
metal-dependent phosphohydrolase  
NapD protein  
formate dehydrogenase, cytochrome B556 subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_1896  
soluble lytic murein transglycosylase  
hypothetical protein VFMJ11\_0888  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmI  
MltA-interacting MipA family protein  
DNA polymerase IV  
50S ribosomal protein L7/L12  
biotin--protein ligase  
DinG family ATP-dependent helicase  
30S ribosomal protein S21  
glutaredoxin  
acriflavin resistance periplasmic protein  
smr/muts family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2307  
tetranactin resistance protein  
methyl-accepting chemotaxis protein  
NAD-dependent deacetylase  
dTDP-glucose 4,6-dehydratase  
peptidase family M16  
3-hydroxydecanoyl-ACP dehydratase  
cbb3-type cytochrome c oxidase subunit II  
RNA polymerase-binding protein DksA  
16S ribosomal RNA methyltransferase RsmE  
rRNA large subunit methyltransferase  
lipoprotein  
cytochrome c-type biogenesis protein CcmH  
acetylglutamate kinase  
inner membrane ABC transporter permease YejE  
DNA polymerase III subunit delta  
cysteine synthase A

flagellar motor switch protein G  
methyl-accepting chemotaxis protein  
anthranilate phosphoribosyltransferase  
GTP-dependent nucleic acid-binding protein EngD  
chemotaxis-specific methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_2214  
hypothetical protein VFMJ11\_0345  
carbamoyl phosphate synthase large subunit  
ribosome-associated GTPase  
Ycil-like protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2342  
hemin-binding periplasmic protein HmuT  
3-oxoacyl-ACP synthase  
protein ThiJ  
von Willebrand factor, type A  
pili assembly protein PilO  
di-/tripeptide transporter  
chaperone protein skp  
tRNA pseudouridine synthase C  
transglycosylase  
cytochrome d ubiquinol oxidase subunit III  
elongation factor G  
DNA polymerase V subunit  
VgrG protein  
3-dehydroquinate dehydratase  
SsrA-binding protein  
leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase  
methyltransferase  
glutamyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_2137  
UDP-N-acetylmuramate--L-alanine ligase  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
SecY interacting protein Syd  
transporter, drug/metabolite exporter family  
glutaredoxin  
K+-dependent Na+/Ca+ exchanger family protein  
cytochrome c assembly protein  
phosphate regulon sensor protein  
SAM-dependent methyltransferase  
methyltransferase  
sulfate transporter  
hypoxanthine phosphoribosyltransferase  
methyltransferase  
OmpU, outer membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2035  
phosphate ABC transporter permease  
hypothetical protein VFMJ11\_0906  
copper homeostasis protein CutC  
Tfp pilus assembly protein FimT

S-adenosyl-methyltransferase MraW  
transporter  
lipoprotein  
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase B  
glycerate kinase  
prokaryotic N- methylation motif domain-containing protein  
dihydropteroate synthase  
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase D  
thioredoxin-disulfide reductase  
gamma-glutamyl kinase  
acetate kinase  
methyltransferase  
oligopeptide transport system permease OppC  
hypothetical protein VFMJ11\_0577  
pts system, maltose and glucose-specific iibc component  
hypothetical protein VFMJ11\_2324  
lysine 2,3-aminomutase  
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase  
phosphoribosylformylglycinamide synthase  
integral membrane protein MviN  
bicyclomycin/multidrug efflux system protein  
chemotaxis protein CheW  
flagellar rod assembly protein/muramidase FlgJ  
undecaprenyl pyrophosphate phosphatase  
transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1231  
quinolinate synthetase  
aspartate-semialdehyde dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_0901  
5-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine deaminase  
membrane metalloprotease  
hypothetical protein VFMJ11\_1632  
tRNA-modifying protein YgfZ  
glucosamine-6-phosphate deaminase  
queuine tRNA-ribosyltransferase  
glucitol operon repressor  
hypothetical protein VFMJ11\_0502  
3-phenylpropionic acid transporter  
tellurite resistance protein  
alpha-amylase  
cytochrome c552  
peptide chain release factor 1  
hypothetical protein VFMJ11\_0420  
hypothetical protein VFMJ11\_1359  
hypothetical protein VFMJ11\_0873  
hypothetical protein VFMJ11\_1261  
hypothetical protein VFMJ11\_2059  
alternative oxidase 2  
menaquinone-specific isochorismate synthase

recombinase A  
transcriptional activator protein MetR  
5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase  
fused phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase PtsP/GAF domain  
lysine-arginine-ornithine-binding periplasmic protein  
hypothetical protein VFMJ11\_1313  
3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase  
DNA-binding transcriptional regulator TorR  
carboxy-terminal protease  
threonine synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_1900  
ribosome-binding factor A  
chaperone protein DnaJ  
GntR family transcriptional regulator  
flagellar hook-basal body protein FliE  
alanine racemase  
pyrroline-5-carboxylate reductase  
DNA ligase  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase  
50S ribosomal protein L31  
glutaminyl-tRNA synthetase  
magnesium transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1929  
hypothetical protein VFMJ11\_1623  
endonuclease/exonuclease/phosphatase  
flagellar biosynthesis protein FlhB  
flagellar basal body-associated protein FliL  
hypothetical protein VFMJ11\_2015  
melanin biosynthesis protein TyrA  
hypothetical protein VFMJ11\_2075  
ssDNA exonuclease RecJ  
recombination and repair protein  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E  
cysteine desulfurase  
short chain dehydrogenase  
leucine transcriptional activator  
SMP protein  
proton glutamate symport protein  
type IV-A pilus assembly ATPase PilB  
3-dehydroquinate synthase  
TolQ protein  
ToxS  
hypothetical protein VFMJ11\_2129  
flagellar basal body P-ring biosynthesis protein FlgA  
pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
hypothetical protein VFMJ11\_1788  
intracellular septation protein A  
flagellar biosynthesis protein FlhA  
DNA-binding transcriptional regulator CytR

pyridoxal phosphate enzyme, YggS family  
prolyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_2099  
phosphoenolpyruvate synthase  
esterase  
geranyltranstransferase  
fumarate reductase iron-sulfur subunit  
lactoylglutathione lyase family protein  
glutaredoxin  
aspartate kinase III  
peptidase T  
ribose-5-phosphate isomerase A  
phosphoglycerate kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_2150  
transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1525  
hypothetical protein VFMJ11\_1757  
hypothetical protein VFMJ11\_1209  
type II citrate synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_1515  
hypothetical protein VFMJ11\_1415  
sulfatase  
adenylate kinase  
lipoprotein  
transcriptional regulator, TetR family  
aminotransferase B  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase  
ubiquinol-Cytochrome c reductase, iron-sulfur subunit  
GS60 antigen  
2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase  
recombination factor protein RarA  
lipoprotein  
phosphate-binding protein  
50S ribosomal protein L1  
N-acetylneuraminase lyase (NALase)  
malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase  
come operon protein 1  
hypothetical protein VFMJ11\_1351  
ribosome modulation factor  
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
type IV pilus biogenesis/stability protein PilW  
1-(5-phosphoribosyl)-5-[(5-phosphoribosylamino)methylideneamino] imidazole-4-carboxamide isomerase  
neopullulanase  
lipoprotein  
ATP-dependent RNA helicase HrpA  
methyl-accepting chemotaxis protein  
phosphoribosylaminoimidazole synthetase  
cell wall degradation protein  
rod shape-determining protein MreB

phosphoribosylamine--glycine ligase  
hypothetical protein VFMJ11\_1274  
exodeoxyribonuclease V subunit beta  
nitric oxide dioxygenase  
electron transport complex protein RxsE  
hypothetical protein VFMJ11\_1284  
50S ribosomal protein L20  
spermidine/putrescine ABC transporter membrane protein  
30S ribosomal protein S4  
lipoprotein  
CvpA family protein  
beta-lactamase  
sodium-glucose/galactose cotransporter  
PTS system glucose-specific transporter subunit IIBC  
septum formation protein Maf  
DNA polymerase III subunit psi  
acetyl-CoA carboxylase biotin carboxyl carrier protein subunit  
autoinducer 2-binding periplasmic protein LuxP  
NAD-glutamate dehydrogenase  
transporter, DAACS family  
insulin-degrading protein  
lipoprotein  
sensor protein LuxQ  
NADH dehydrogenase  
arginine deiminase  
ATP-dependent metalloproteinase HflB  
integration host factor subunit beta  
glycine betaine transporter periplasmic subunit  
succinylglutamate desuccinylase/aspartoacylase family protein  
cysteinyl-tRNA synthetase  
adenine phosphoribosyltransferase  
phosphate transporter ATP-binding protein  
thymidine kinase  
transcription elongation factor  
dephospho-CoA kinase  
methyltransferase  
long-chain fatty acid transport protein  
transcriptional repressor protein MetJ  
transcriptional regulator, TetR family  
toluene tolerance protein TTG2F  
peptidase M23B  
DNA repair ATPase  
prolyl endopeptidase  
hypothetical protein VFMJ11\_1518  
phenylalanyl-tRNA synthetase subunit alpha  
hypothetical protein VFMJ11\_1474  
sensory box/ggdef family protein  
type VI secretion ATPase, ClpV1 family  
formyltetrahydrofolate deformylase

erythronate-4-phosphate dehydrogenase  
GMP synthase  
HTH-type transcriptional repressor PurR  
hypothetical protein VFMJ11\_1853  
LysE family transporter  
phosphohydrolase  
hypothetical protein VFMJ11\_0648  
hypothetical protein VFMJ11\_0615  
nitrate reductase catalytic subunit  
recombination protein RecR  
dihydrolipoamide dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_1922  
flagellar MS-ring protein  
aminoacyl-histidine dipeptidase  
fkbp-type 16 kda peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
glutamate-gated potassium channel  
hypothetical protein VFMJ11\_0408  
ABC transporter ATP-binding protein  
sugar fermentation stimulation protein  
ribosomal-protein-alanine acetyltransferase  
phosphatidate cytidyltransferase  
cell division protein FtsZ  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
hypothetical protein VFMJ11\_1530  
hypothetical protein VFMJ11\_1905  
molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC  
ABC transporter ATPase  
glutamyl-tRNA reductase  
pantothenate kinase  
bifunctional UDP-sugar hydrolase/5'-nucleotidase periplasmic  
hypothetical protein VFMJ11\_1954  
deoxyribose-phosphate aldolase  
cytosine permease  
copper-translocating P-type ATPase  
bifunctional riboflavin biosynthesis protein RibBA  
potassium channel protein  
Holliday junction DNA helicase RuvB  
3-ketoacyl-ACP reductase  
erythrose 4-phosphate dehydrogenase  
protein TolA  
hypothetical protein VFMJ11\_1091  
ferredoxin  
acyl-CoA dehydrogenase  
aminodeoxychorismate synthase, component I  
hypothetical protein VFMJ11\_1265  
oxaloacetate decarboxylase subunit gamma  
transcriptional regulatory protein, C  
ribosomal subunit interface protein  
lipoprotein



urease subunit beta  
translation initiation factor IF-2  
cytochrome c nitrite reductase, NrfD subunit  
acriflavin resistance protein  
N-acetylglucosamine kinase  
STM-proteaseA  
chromosome partitioning protein ParA  
nitrite transporter  
phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase  
urease subunit gamma  
tRNA pseudouridine synthase A  
lipoate-protein ligase B  
pantoate--beta-alanine ligase  
iron-sulfur cluster assembly/repair protein ApbC  
methyl-accepting chemotaxis protein  
signal peptide peptidase SppA, 67K type  
periplasmic protein of efflux system  
arginyl-tRNA synthetase  
hypothetical protein VFMJ11\_1749  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase  
stationary phase survival protein SurE  
glutamate--cysteine ligase  
bifunctional glutamine-synthetase adenylyltransferase/deadenyltransferase  
phosphoglucomutase  
glutamate decarboxylase  
sporulation-control protein  
chloride channel protein  
elongation factor G  
nitrogen regulation protein NR(II)  
hypothetical protein VFMJ11\_0207  
hypothetical protein VFMJ11\_0084  
sulfate adenylyltransferase subunit 2  
HemY protein  
alanine racemase  
glutamine synthetase  
dimethyladenosine transferase  
replicative DNA helicase  
adenylylsulfate kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_0199  
hypothetical protein VFMJ11\_0149  
protein YhgF  
50S ribosomal protein L24  
adenylyltransferase ThiF  
DNA polymerase I  
ribosomal large subunit pseudouridine synthase A  
inner membrane protein YjjP  
ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase I  
glycyl-tRNA synthetase subunit beta  
hypothetical protein VFMJ11\_0071

GTPase ObgE  
transporter, divalent anion:sodium symporter family  
50S ribosomal protein L17  
16S rRNA methyltransferase GidB  
phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit  
SAM-dependent methyltransferase  
transcriptional regulator  
thiamine biosynthesis protein ThiH  
hypothetical protein VFMJ11\_0211  
NADH dehydrogenase subunit ii-related protein  
ubiquinone biosynthesis protein UbiB  
fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkpa  
tRNA guanosine-2'-O-methyltransferase  
malate dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_0025  
chemotaxis protein CheX  
small heat shock protein  
DNA polymerase III subunit beta  
ribosomal RNA small subunit methyltransferase B  
protein YjjB  
phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit  
sulfite reductase subunit beta  
F0F1 ATP synthase subunit gamma  
TrkH  
flavodoxin  
orotate phosphoribosyltransferase  
30S ribosomal protein S4  
F0F1 ATP synthase subunit C  
30S ribosomal protein S8  
phosphoribulokinase 1  
zinc uptake regulation protein  
hypothetical protein VFMJ11\_2671  
vegetable incompatibility protein HET-E-1  
virulence genes transcriptional regulator PhcA  
hypothetical protein VFMJ11\_0312  
thiazole synthase  
sulfate adenylyltransferase subunit 1  
sulfur transfer protein SirA  
50S ribosomal protein L16  
fkbp-type 22 kda peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
chaperonin GroEL  
30S ribosomal protein S14  
TatD family hydrolase  
thiamine transporter membrane protein  
organic solvent tolerance protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0295  
potassium transporter peripheral membrane protein  
50S ribosomal protein L33

50S ribosomal protein L30  
opacity associated proteins OapA  
F0F1 ATP synthase subunit beta  
guanosine pentaphosphate phosphohydrolase  
universal stress protein family protein  
Trk system potassium uptake protein TrkH  
3-ketoacyl-CoA thiolase  
sensory transduction protein kinase  
universal stress protein UspB  
acetolactate synthase 2 regulatory subunit  
multifunctional fatty acid oxidation complex subunit alpha  
hypothetical protein VFMJ11\_0106  
twin arginine translocase protein A  
methionyl-tRNA formyltransferase  
3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid kinase  
30S ribosomal protein S19  
acetyltransferase  
transcriptional regulator, TetR family  
sn-glycerol-3-phosphate transporter  
uroporphyrin-III C-methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_0290  
shikimate 5-dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_0076  
chromosome partitioning protein ParA  
universal stress protein A  
50S ribosomal protein L15  
chromosomal replication initiation protein  
transporter, drug/metabolite exporter family  
bifunctional N-acetylglucosamine-1-phosphate uridyltransferase/glucosamine-1-phosphate acetyltransferase  
triosephosphate isomerase  
outer membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_0316  
30S ribosomal protein S11  
hypothetical protein VFMJ11\_0117  
GTP-binding protein TypA/BipA  
protein YhdH  
VcgC  
DNA topoisomerase I  
L-cystine import ATP-binding protein TcyN  
osmolarity sensor protein  
F0F1 ATP synthase subunit epsilon  
50S ribosomal protein L4  
3-isopropylmalate dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_0311  
acetyltransferase  
tyrosine-protein kinase wzc  
ferritin  
DNA-directed RNA polymerase subunit omega  
50S ribosomal protein L22

protoporphyrinogen oxidase  
peptide deformylase  
twin arginine-targeting protein translocase TatC  
transporter, drug/metabolite exporter family  
DNA recombination protein  
isopropylmalate isomerase large subunit  
sporulation initiation inhibitor protein soj  
50S ribosomal protein L14  
F0F1 ATP synthase subunit B  
diadenosine tetrakisphosphatase  
glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
sulfur transfer complex subunit TusD  
phenol hydroxylase P5 protein  
cytochrome c oxidase accessory protein CcoG  
30S ribosomal protein S3  
lipopolysaccharide heptosyltransferase II  
tRNA modification GTPase TrmE  
DNA gyrase subunit B  
arginine repressor  
thiamine ABC transporter ATP-binding protein  
transcription termination factor Rho  
ATP-dependent RNA helicase RhlB  
Xaa-Pro aminopeptidase  
chaperone SurA  
nitrogen regulation protein  
polysaccharide export protein GfcE  
phosphoglyceromutase  
hypothetical protein VFMJ11\_0126  
30S ribosomal protein S7  
osmolarity response regulator  
thiamine transporter substrate binding subunit  
ABC transporter ATP-binding protein  
tRNA-dihydrouridine synthase A  
50S ribosomal protein L18  
2-isopropylmalate synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_0317  
50S ribosomal protein L23  
DNA-binding transcriptional regulator AsnC  
ABC transporter ATP-binding protein  
acetolactate synthase 2 catalytic subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_0320  
50S ribosomal protein L29  
yrdC domain-containing protein  
DNA repair protein RadC  
50S ribosomal protein L36  
aminopeptidase N  
delta-aminolevulinic acid dehydratase  
preprotein translocase subunit SecY  
thiamine biosynthesis protein ThiS

sensory box/ggdef family protein  
cytochrome c4  
4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_0205  
hypothetical protein VFMJ11\_0213  
5-carboxymethyl-2-hydroxymuconate delta-isomerase  
undecaprenyl-phosphate alpha-N-acetylglucosaminyl 1-phosphatetransferase  
lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase  
O-acetyltransferase  
F0F1 ATP synthase subunit A  
uroporphyrinogen-III synthase  
zinc protease  
50S ribosomal protein L34  
isopropylmalate isomerase small subunit  
glucose-6-phosphate isomerase  
sec-independent translocase  
3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase  
khg/kdpg aldolase  
permease  
transporter, drug/metabolite exporter family  
threonine dehydratase  
30S ribosomal protein S10  
acetyltransferase  
UDP-N-acetylmuramate:L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase  
nucleoid occlusion protein  
F0F1 ATP synthase subunit delta  
aromatic acid decarboxylase  
50S ribosomal protein L27  
Mg chelatase family protein  
MukF protein  
30S ribosomal protein S17  
adenosine deaminase  
DNA-directed RNA polymerase subunit alpha  
F0F1 ATP synthase subunit I  
thioredoxin  
recombination protein F  
fructose 1,6-bisphosphatase II  
cystine-binding protein  
30S ribosomal protein S12  
ribonuclease activity regulator protein RraA  
dihydrofolate reductase  
ATP-dependent DNA helicase RecQ  
acyltransferase  
phosphoadenosine phosphosulfate reductase  
cleavage and polyadenylation protein  
glycyl-tRNA synthetase subunit alpha  
peptidoglycan binding domain  
guanylate kinase  
coproporphyrinogen III oxidase

pimeloyl-BioC--CoA transferase BioH  
hypothetical protein VFMJ11\_0086  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein VFMJ11\_0057  
hemolysin-3  
immunogenic protein  
periplasmic alpha-amylase  
inner membrane protein translocase component YidC  
dihydroxy-acid dehydratase  
bifunctional 2',3'-cyclic nucleotide 2'-phosphodiesterase/3'-nucleotidase periplasmic protein  
peptide-methionine (S)-S-oxide reductase  
1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase  
FMN reductase  
hypothetical protein VFMJ11\_0095  
sulfite reductase (NADPH) flavoprotein, alpha-component  
outer membrane protein  
2-polyprenyl-3-methyl-5-hydroxy-6-methoxy-1,4-benzoquinol methylase  
bifunctional (p)ppGpp synthetase II/ guanosine-3',5'-bis pyrophosphate 3'-pyrophosphohydrolase  
3-octaprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase  
Dna-J like membrane chaperone protein  
competence protein F  
50S ribosomal protein L6  
hypothetical protein VFMJ11\_0020  
hypothetical protein VFMJ11\_0087  
Low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase etp  
coproporphyrinogen III oxidase  
50S ribosomal protein L3  
porphobilinogen deaminase  
ATP-dependent helicase HepA  
50S ribosomal protein L28  
hypothetical protein VFMJ11\_2681  
serine/threonine protein kinase  
30S ribosomal protein S13  
protein smf (DNA-processing chain A)  
50S ribosomal protein L5  
hydrolase  
ribosome biogenesis GTP-binding protein YsxC  
octaprenyl-diphosphate synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_2665  
SCP-2 sterol transfer family protein  
ribonuclease P  
thiamine-phosphate pyrophosphorylase  
fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase slyd  
glycogen debranching protein  
ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase  
50S ribosomal protein L21  
formamidopyrimidine-DNA glycosylase  
acriflavin resistance periplasmic protein

sensory box/ggdef family protein  
chromosome partitioning protein ParB  
adenylate cyclase  
xanthine permease  
cystine transport system permease  
hypothetical protein VFMJ11\_0042  
bifunctional phosphopantothencysteine decarboxylase/phosphopantothenate synthase  
valine--pyruvate transaminase  
50S ribosomal protein L2  
D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase  
transcription elongation factor GreB  
pantetheine-phosphate adenylyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_0279  
fructose-1,6-bisphosphatase  
hypothetical protein VFMJ11\_0108  
thiamine biosynthesis protein ThiC  
acriflavin resistance protein  
transcription regulator, Crp family  
co-chaperonin GroES  
WbfD protein  
chloramphenicol resistance protein  
30S ribosomal protein S5  
ribonuclease PH  
hypothetical protein VFMJ11\_0030  
hypothetical protein VFMJ11\_0296  
tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification protein GidA  
ribonuclease BN  
ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase  
protein PsiE  
transcriptional regulator  
RarD protein  
sulfur relay protein TusC/DsrF  
branched-chain amino acid aminotransferase  
thiol:disulfide interchange protein DsbA  
udp-glucose 6-dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_0315  
F0F1 ATP synthase subunit alpha  
transporter  
multidrug resistance protein D  
sensory transduction protein kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0980  
hypothetical protein VFMJ11\_A0856  
peptide transport system ATP-binding protein SapD  
formimidoylglutamase  
glycine dehydrogenase  
endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein  
sensor protein LuxQ  
acyl transferase  
transcriptional regulator, MerR family

chitin synthase  
hypothetical membrane spanning protein  
possible hydrogenase cytochrome b-type  
TPR domain protein  
lipoprotein, putative  
nucleoprotein/polynucleotide-associated enzyme  
1,4-alpha-glucan branching enzyme  
prokaryotic N- methylation motif domain protein  
methyl-accepting chemotaxis protein  
regulatory protein RecX  
hexose phosphate transport protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0943  
hypothetical protein VFMJ11\_A0875  
molecular chaperone protein  
phosphatidylserine decarboxylase  
transporter, MFS superfamily  
thiol-disulfide isomerase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0763  
hypothetical protein VFMJ11\_A0934  
outer membrane protein/protective antigen OMA87  
lipoprotein, putative  
transcriptional regulator, LysR family  
HAD superfamily (subfamily IA) hydrolase  
two component response regulator  
hydroxylamine reductase  
RibG  
N-acetylglucosamine-6-sulfatase  
esterase/lipase  
L-sorbose 1-phosphate reductase  
FOG: EAL domain protein  
ggdef domain protein  
ferric anguibactin-binding protein  
transporter, NadC family  
dethiobiotin synthase  
transcriptional regulatory protein  
nucleoside recognition domain protein  
outer membrane protein  
transcriptional regulatory protein CpxR  
phage shock protein C  
transcriptional regulator, TetR family  
lipoprotein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0154  
OqxB  
choloylglycine hydrolase  
sensory box/ggdef family protein  
glutaredoxin  
homoserine/homoserine lactone efflux protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0780  
NAD+ synthetase



inner membrane transporter YbgH  
hypothetical cytosolic protein  
glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC (K<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter)  
DNA-binding protein ParB  
homogentisate export protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0608  
methyl-accepting chemotaxis protein  
aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase  
lipoprotein, putative  
transcriptional regulator, LysR family  
lipoprotein releasing system, ATP-binding protein  
flagellar biosynthesis protein FlhF  
permease, major facilitator superfamily  
1-phosphofructokinase  
OmpA family protein  
hydrolase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0135  
hypothetical protein VFMJ11\_A0915  
lactoylglutathione lyase  
exoribonuclease II  
methyl-accepting chemotaxis protein  
protein VV2\_0759  
UDP-glucose 4-epimerase  
mechanosensitive ion channel  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase  
hyaluronate lyase  
sugar efflux transporter A  
oxidoreductase  
ATP-dependent Zn protease  
arginine decarboxylase  
transcriptional regulator, AraC family  
elastase 2  
maltose transport system permease protein MalG  
leucine-rich repeat protein  
membrane protein  
periplasmic maltose-binding protein  
PTS system, IIA component  
cellulose synthase catalytic subunit (UDP-forming)  
inner membrane protein YjiG  
hypothetical permease  
tellurium resistance protein TerC  
beta-hexosaminidase  
HTH-type transcriptional regulator MalT  
ABC transporter amino acid-binding protein  
short chain dehydrogenase  
transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_A0530  
sensory box/ggdef family protein  
TonB protein

ferric anguibactin transport system permease protein FatC  
hypothetical protein VFMJ11\_A0353  
thiosulfate sulfurtransferase  
sensory transduction protein kinase  
biopolymer transport protein exbD2  
RNA polymerase sigma factor, SigZ family  
transporter, drug/metabolite exporter family  
anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase activating protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A1052  
histidine utilization repressor  
hypothetical protein VFMJ11\_A1045  
ATP/GTP-binding site motif A  
hypothetical protein VFMJ11\_A0458  
methyl-accepting chemotaxis protein  
PTS system, fructose-specific IIA component  
S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0208  
translation initiation inhibitor  
hypothetical protein VFMJ11\_A0237  
mechanosensitive ion channel  
putative membrane protein YcdZ  
hypothetical protein VFMJ11\_A0365  
chondroitin sulfate/heparin utilization regulation protein  
pts system mannitol-specific eiicba component  
oxidoreductase YdhF  
transporter, nramp family  
probable transcriptional regulator SyrB  
two component response regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_A0262  
hypothetical protein VFMJ11\_A0630  
TraF protein  
export ABC transporter permease protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0044  
3-deoxy-7-phosphoheptulonate synthase  
phage shock protein A  
hypothetical protein VFMJ11\_A0941  
hypothetical protein VFMJ11\_A0842  
transporter, drug/metabolite exporter family  
hypothetical protein VFMJ11\_A0161  
putative ATP-dependent RNA helicase RhIE  
lipoprotein, putative  
DJ-1/Pfp1 family protein  
fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkpa  
drug resistance transporter, EmrB/QacA family  
pts system, mannose-specific iiab component  
hypothetical protein VFMJ11\_A0090  
transcriptional regulatory protein TcP  
catalase  
ABC transporter component, lysophospholipase L1 transport

zinc finger protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0510  
MoxR protein  
protein Mmc1\_2532  
glycosyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0287  
serine/threonine transporter SstT (Na(+)/serine-threonine symporter)  
hypothetical membrane spanning protein  
transcriptional activator ChrR  
cyclic nucleotide binding protein  
ABC transporter, periplasmic component  
transcriptional regulator, MerR family  
vitamin B12 transport ATP-binding protein BtuD  
NAD(P) transhydrogenase subunit beta  
trimethylamine-N-oxide reductase c-type cytochrome TorC  
biotin synthase  
CoIR  
molybdate ABC transporter, permease protein  
lipoprotein, putative  
sensory transduction protein kinase  
lipid A export permease/ATP-binding protein MsbA  
type I secretion outer membrane protein  
transaldolase  
methionyl-tRNA synthetase (Methionine--tRNA ligase)(MetRS)  
transcriptional regulator, LysR family  
transcriptional activator ChrR  
endoglucanase  
TolQ protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0333  
transposase  
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating  
hypothetical protein VFMJ11\_A0602  
hypothetical protein VFMJ11\_A0018  
formate transporter  
transporter, AcrB/D/F family  
hypothetical protein VFMJ11\_A1183  
TPR repeat containing protein  
amino-acid abc transporter binding protein  
autoinducer synthesis protein LuxI  
glycosyltransferase  
chitodextrinase  
HopJ type III effector protein  
plasmid partition ParA protein  
N-ethylmaleimide reductase  
transcriptional regulator, MarR family  
transcriptional regulatory protein FixJ  
purine nucleoside phosphorylase  
transcriptional regulator, MarR family  
putative hydrolase

Flp pilus assembly protein CpaB  
hypothetical protein VFMJ11\_A1019  
glycerol kinase  
molybdate ABC transporter, periplasmic molybdate-binding protein  
mannitol-specific cryptic phosphotransferase enzyme iia component  
hypothetical protein VFMJ11\_A1057  
putative nonsense-mediated mRNA decay protein NMD3 family protein  
methylated-dna--protein-cysteine methyltransferase  
MshO  
metal-dependent hydrolase  
chromosome segregation ATPase  
PTS system, IIB component  
periplasmic protein conserved in bacteria with histidine  
C4-dicarboxylate anaerobic carrier superfamily protein  
hemolysin co-regulated protein  
glutaredoxin 2  
hypothetical protein VFMJ11\_A0140  
CBS domain protein  
transporter  
protein YgiW  
pts system, mannitol-specific iibc component  
heme NO binding, putative  
maltose/maltodextrin-binding protein  
class II aldolase, tagatose bisphosphate family  
copper/silver resistance periplasmic protein  
sensory transduction protein kinase  
RIO1 protein  
4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase  
vulnibactin utilization protein ViuB  
L-serine ammonia-lyase  
phosphohydrolase  
queuosine biosynthesis protein QueE  
serine protease  
HAD-superfamily subfamily IB hydrolase  
peptide transport periplasmic protein SapA  
glycerol uptake facilitator protein  
Flp pilus assembly protein TadB  
transcriptional regulator, LysR family  
lipoprotein, putative  
chemotaxis MotA protein  
NirV  
hypothetical protein VFMJ11\_A0860  
anaerobic ribonucleoside-triphosphate reductase  
two component sensor kinase  
type I secretion outer membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0603  
S-(hydroxymethyl)glutathione synthase  
NADPH-dependent fmn reductase  
evolved beta-galactosidase subunit alpha (Lactase)

acetyltransferase  
glycosyltransferase  
peptidase T  
cellulose synthase operon protein YhjQ  
ATPase, MoxR family  
biotin biosynthesis protein BioC  
DNA polymerase III epsilon subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_A1211  
chromosome partition protein MukF (Protein kicB)  
type I protein secretion ATP-binding protein  
inner membrane protein YedI  
pyruvate formate-lyase activating enzyme  
methyl-accepting chemotaxis protein  
methyl-accepting chemotaxis protein  
dihydroorotase, homodimeric type  
hypothetical protein VFMJ11\_A0080  
nodulation protein N  
porin, Gram-negative type  
hypothetical protein VFMJ11\_A0269  
anti-anti-sigma regulatory factor  
integral membrane protein  
L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase  
minor tail protein  
oligopeptide-binding protein OppA  
two component response regulator  
NADH-dependent flavin oxidoreductase  
NAD(P)(+) transhydrogenase (AB-specific), alpha subunit  
acriflavin resistance protein  
transcriptional regulator, LysR family  
transcriptional regulator, GlpR family  
hypothetical protein VFMJ11\_A0969  
DNA integration/recombination/inversion protein  
ABC transporter substrate-binding protein  
transcriptional regulator, LysR family  
cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcD  
hypothetical protein VFMJ11\_A0878  
glycerol-3-phosphate dehydrogenase, anaerobic, A subunit  
bacterial sugar transferase  
Cti  
transcriptional regulator, LysR family  
lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (Heat shockprotein B)  
two component response regulator  
outer membrane lipoprotein blc  
cold-shock deAd box protein a  
iron-sulfur cluster-binding protein  
MshQ  
ATP:cobalamin adenosyltransferase  
multi antimicrobial extrusion protein MatE  
CreA protein

hypothetical hydrolase/lipase  
ABC transporter substrate-binding protein  
glucose-6-phosphate dehydrogenase  
putative methyltransferase YbiN  
hypothetical protein VFMJ11\_A0173  
hypothetical protein VFMJ11\_A0043  
Low specificity L-threonine aldolase  
sodium/glucose cotransporter  
OqxB  
hypothetical protein VFMJ11\_A0045  
pts system, fructose specific iibc component  
sensory transduction protein kinase  
transporter, drug/metabolite exporter family  
arylesterase  
DNA internalization-related competence protein ComEC/Rec2  
fusaric acid resistance protein FusE  
transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_A0183  
trimethylamine-n-oxide reductase 2  
ABC transporter ATP-binding protein  
cytochrome c-type protein TorY  
hypothetical outer membrane protein  
alkanal monooxygenase beta chain (Bacterial luciferase beta chain)  
putative RecF family protein  
HvnA; halovibrin  
transcriptional repressor SmtB  
anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
esterase Ydil  
rod shape-determining protein RodA  
glycerophosphoryl diester phosphodiesterase  
SCO2 protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0084  
formate/nitrite transporter family protein  
4-alpha-glucanotransferase  
transcriptional regulator  
peptide methionine sulfoxide reductase  
transporter, MFS superfamily  
amino-acid abc transporter binding protein  
TadA  
cysteine desulfurase family protein  
deacetylase  
amino acid/peptide transporter  
dead/deah box heliCase domain/helicase conserved domain/dbpa rna binding domain protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0127  
glycogen debranching enzyme GlgX  
chromosome segregation ATPase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0555  
GlcNAc-binding protein A  
putative tagatose-6-phosphate ketose/aldose isomerase

protein VV2\_0756  
glycogen synthase  
periplasmic protein  
transcriptional regulatory protein  
ABC transporter permease protein  
KtrB  
hypothetical protein VFMJ11\_A1022  
hypothetical protein VFMJ11\_A0514  
glycosyltransferase  
transcriptional regulator  
cyclic diguanylate phosphodiesterase domain protein  
sensor protein UhpB  
phosphate-binding protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0364  
daunorubicin resistance transmembrane protein  
protein tas  
evolved beta-galactosidase beta-subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_A0760  
plasmid partition protein A  
tetraacyldisaccharide 4'-kinase (Lipid A 4'-kinase)  
peptidyl-prolyl cis-trans isomerase C  
transcriptional regulator, LysR family  
oxalate/formate antiporter  
hypothetical protein VFMJ11\_A0180  
ribosome biogenesis GTP-binding protein YlqF  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
transporter, drug/metabolite exporter family  
bipartite nuclear localization signal containing protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0625  
hypothetical membrane protein  
carboxypeptidase G2  
transcription-repair coupling factor  
hypothetical protein VFMJ11\_A0872  
transcriptional regulator, LysR family  
major facilitator superfamily protein  
transcriptional regulator  
methyl-accepting chemotaxis protein  
daunorubicin resistance ATP-binding protein DrrA  
NAD(P)H-flavin reductase  
amino acid permease  
peptide transport system permease protein SapC  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IID component  
hypothetical protein VFMJ11\_A0548  
aerotaxis receptor  
hypothetical protein VFMJ11\_A1160  
guanosine monophosphate reductase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0252  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
copper-binding protein

asparagine synthetase (glutamine-hydrolyzing)  
hypothetical protein VFMJ11\_A0775  
tetratricopeptide repeat domain protein  
transcriptional repressor  
hypothetical protein VFMJ11\_A1014  
HvnC; halovibrin  
glutathione peroxidase  
hypothetical protein VFMJ11\_A1006  
lipoprotein-releasing system ATP-binding protein LoID  
hypothetical membrane protein  
lactoylglutathione lyase  
hypothetical protein VFMJ11\_A1264  
hypothetical protein VFMJ11\_A0592  
ggdef domain protein  
hypothetical cytosolic protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0576  
long-chain-fatty-acid--luciferin-component ligase (Acyl-protein synthetase)  
agglutination protein  
PhnA protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0324  
hypothetical cytosolic protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0024  
hypothetical protein VFMJ11\_A1228  
protein YgiW  
chemotaxis protein CheV  
tetraacyldisaccharide 4'-kinase  
transporter  
sodium/proton-dependent alanine carrier protein  
response regulator receiver domain protein  
putative oxidoreductase YgjR  
leucine-responsive regulatory protein  
mannose-6-phosphate isomerase, class I  
acriflavin resistance periplasmic protein  
integral membrane protein  
ectoine synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0419  
hypothetical protein VFMJ11\_A1010  
chondroitin sulfate/heparin utilization regulation protein  
pts system fructose-specific eiibc component  
methyl-accepting chemotaxis protein  
lipoprotein releasing system, transmembrane protein LoIE  
iron-regulated protein FrpC  
hypothetical protein VFMJ11\_A0249  
transcriptional regulator, LysR family  
integral membrane protein  
di-/tripeptide transporter  
ribosome small subunit-dependent GTPase A  
transcriptional regulator, MarR family  
hypothetical protein VFMJ11\_A0313



transcriptional regulator  
translation initiation inhibitor  
integral membrane protein  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIA component  
hypothetical protein VFMJ11\_A0134  
di-/tripeptide transporter  
anhydro-N-acetylmuramic acid kinase  
TolQ protein  
glutamate synthase small chain  
maltose transport system permease protein MalF  
arsenical-resistance protein  
transcriptional regulator, LysR family  
pyridine nucleotide-disulphide oxidoreductase domain protein  
aromatic-amino-acid aminotransferase  
beta-mannosidase  
acetyltransferase  
khg/kdpg aldolase  
transcriptional regulator, LysR family  
acetyltransferase family protein  
transcriptional regulator, LysR family  
sensory box/ggdef family protein  
TonB protein  
transcriptional regulator  
formate acetyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0527  
transcriptional regulator, AraC family  
MshP  
lipoprotein, putative  
ATP-dependent protease La  
hypothetical protein VFMJ11\_A0764  
ATPase involved in chromosome partitioning  
galactose mutarotase  
short chain dehydrogenase  
hypothetical cytosolic protein  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase  
transcriptional regulator, LysR family  
inner membrane lipoprotein YiaD  
virulence factor MviM  
hypothetical protein VFMJ11\_A0298  
caax amino protease family protein  
transcriptional regulatory protein TyrR  
phosphatase YidA  
glycosyltransferase  
glucose-1-phosphate adenylyltransferase  
hypothetical cytosolic protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0953  
galactokinase  
glycerol-3-phosphate O-acyltransferase  
RctB

hypothetical protein VFMJ11\_A0331  
TPR-repeat secretory protein  
two component system histidine kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0977  
glutathione S-transferase  
lipoprotein, putative  
hypothetical protein VFMJ11\_A0575  
type I secretion adaptor protein  
transcriptional regulator, LysR family  
twin-arginine translocation pathway signal  
carbamate kinase  
molybdate ABC transporter, ATP-binding protein  
HTH-type transcriptional regulator EbgR  
acetyltransferase/hydrolase family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0993  
hypothetical protein VFMJ11\_A1025  
D-tagatose-bisphosphate aldolase, class II, non-catalytic subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_A0857  
transcriptional regulator, LysR family  
multidrug resistance protein A  
hypothetical cytosolic protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A1230  
lipoprotein releasing system transmembrane protein LolE  
transporter, drug/metabolite exporter family  
lipoprotein, putative  
DNA polymerase III, epsilon chain  
ATP-dependent transcriptional regulator  
hypothetical protein VFMJ11\_A1144  
adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminase  
HTH-type transcriptional regulator GalR  
lipoprotein, putative  
oligosaccharide translocase  
endo/excinuclease domain protein  
transcriptional regulator, AraC family  
lipoprotein-releasing system ATP-binding protein LolD  
hypothetical protein VFMJ11\_A1050  
hypothetical protein VFMJ11\_A0623  
hypothetical protein VFMJ11\_A0309  
transporter  
amino acid ABC transporter permease protein  
bifunctional protein PutA  
peptide methionine sulfoxide reductase MsrA/msrB  
hypothetical cytosolic protein  
transcriptional regulator, AraC family  
acyl-CoA desaturase  
glycerol-3-phosphate regulon repressor  
hypothetical protein VFMJ11\_A0049  
succinylarginine dihydrolase  
transcriptional regulator, LuxO family

RNA polymerase sigma-70 factor  
glutathione S-transferase  
phospholipase  
acriflavin resistance periplasmic protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0898  
amine oxidase  
glycosyl hydrolase, family 88  
membrane-fusion protein  
trimethylamine N-oxide reductase system, TorE protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A1217  
hypothetical protein VFMJ11\_A0579  
two component response regulator  
ABC transporter permease protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0552  
outer membrane protein P1  
membrane protein  
peptidase family M3  
delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase  
transmembrane pair domain protein  
acetate kinase  
VgrG protein  
dopa 4,5-dioxygenase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0214  
two component system histidine kinase  
permease  
cytochrome c'  
ferrichrome transport ATP-binding protein FhuC  
transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein VFMJ11\_A0264  
hypothetical protein VFMJ11\_A0162  
sensor protein  
arylsulfatase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0546  
membrane protease domain protein  
MscS mechanosensitive ion channel  
MshD  
clavaldehyde dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0408  
general secretion pathway protein D  
hypothetical membrane spanning protein  
pyruvate kinase  
urocanate hydratase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0631  
fucose 4-O-acetylase  
putative translation initiation factor SUI1  
sensory transduction protein kinase  
acriflavin resistance periplasmic protein  
ABC transporter permease protein  
phosphomethylpyrimidine kinase

DNA-3-methyladenine glycosylase  
N-ethylmaleimide reductase  
general stress protein 14  
hypothetical protein VFMJ11\_A0414  
osmotically inducible protein C  
hypothetical protein VFMJ11\_A0181  
TolQ protein  
general L-amino acid transport ATP-binding protein AapP  
multiphosphoryl transfer protein  
dna-3-methyladenine glycosylase 1  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase domain 1  
two component system histidine kinase  
glutathione import ATP-binding protein GsiA  
chitobiase  
Zn-dependent enzyme from deacylase/carboxypeptidase superfamily  
ABC transporter ATP-binding protein  
protein SmtA  
transcriptional regulator, TetR family  
sulfatase, putative  
N-acetylgalactosamine-specific phosphotransferase enzyme iib component2  
hypothetical protein VFMJ11\_A1134  
hypothetical protein VFMJ11\_A0055  
phage shock protein B  
site-specific recombinase IntIA  
hypothetical protein VFMJ11\_A0020  
spermidine/putrescine import ATP-binding protein PotA  
peptidase E  
8-amino-7-oxononanoate synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0622  
L-threonine 3-dehydrogenase  
YbbM family integral membrane protei  
trimethylamine-N-oxide reductase TorA  
diaminobutyrate--2-oxoglutarate aminotransferase  
multidrug resistance protein A  
hypothetical protein VFMJ11\_A0081  
3-deoxy-D-manno-octulosonate cytidyltransferase  
ABC transporter, FecCD family  
putative formate dehydrogenase  
Methyltransferase domain family protein  
chloramphenicol acetyltransferase  
chemotaxis protein CheV  
pyridoxamine 5'-phosphate oxidase  
sodium/glutamate symporter  
glycerol-3-phosphate dehydrogenase, anaerobic, C subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_A1101  
sodium/proline symporter  
methyl-accepting chemotaxis protein  
guanine-hypoxanthine permease  
cytochrome B

coproporphyrinogen III oxidase  
oligo-1,6-glucosidase  
cellulose synthase regulatory subunit  
hypothetical protein VFMJ11\_A0879  
major NAD(p)h-flavin oxidoreductase  
Mg<sup>2+</sup> transporter MgtE  
transcriptional activator HlyU  
dehydrogenase  
ABC transporter permease protein  
sulfatase family protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0046  
ABC transporter ATP-binding protein  
acetyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A1229  
hypothetical protein VFMJ11\_A0547  
glycosyltransferase  
integrase  
hypothetical membrane spanning protein  
putative ATPase involved in pili biogenesis  
hypothetical protein VFMJ11\_A0551  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase domain 2  
acetyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0412  
hypothetical protein VFMJ11\_A0845  
catabolite repressor-activator  
ascorbate-specific PTS system enzyme IIC  
cobalamin synthase CobQ  
phosphoglycolate phosphatase  
2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase  
hypothetical protein VFMJ11\_A1206  
hypothetical protein VFMJ11\_A0463  
deoxyribodipyrimidine photo-lyase  
glycine cleavage system T protein  
spermidine N(1)-acetyltransferase  
outer membrane receptor protein  
oxidoreductase  
protein mlc (Making large colonies protein)  
FhuE receptor  
branched-chain amino acid transport system II carrier protein  
5'-nucleotidase  
copper/silver resistance outer membrane protein  
DedA family protein  
cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase  
hypothetical protein VFMJ11\_A1249  
cytochrome c-554  
regulatory protein UhpC  
biotin sulfoxide reductase  
integral membrane protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0450

zinc-carboxypeptidase  
OmpA family protein  
GTPase  
glucose-1-phosphate adenylyl transferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A1077  
pts system, fructose-specific iibc component  
glycosyl transferase family, helical bundle domain protein  
chemotaxis MotB protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0449  
hypothetical protein VFMJ11\_A0236  
imidazolonepropionase  
cellulose synthase operon protein YhjU  
putative hydrolase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0290  
transcriptional regulator, AraC family  
transcriptional regulator, TetR family  
molybdenum cofactor biosynthesis protein  
lipoprotein, putative  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0626  
hypothetical protein VFMJ11\_A0341  
sensory box/ggdef family protein  
transcriptional regulator  
chitin synthase  
inner membrane transport protein YdhC  
serine/threonine protein kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0614  
inosine-guanosine kinase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0184  
2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase  
lipoprotein, putative  
two component sensor histidine kinase  
2-dehydro-3-deoxygluconokinase  
amino acid ABC transporter permease protein  
transcriptional regulatory protein UhpA  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIC component  
histidine ammonia-lyase  
outer membrane porin F  
glycerol-3-phosphate dehydrogenase, anaerobic, B subunit  
ribosomal-protein-alanine acetyltransferase (Acetylating enzyme for N- of ribosomal protein S5)  
psp operon transcriptional activator  
transcriptional regulator, ArsR family  
lactose transport ATP-binding protein Lack  
hypothetical protein VFMJ11\_A0453  
transporter, drug/metabolite exporter family  
agmatinase  
type I phosphodiesterase/nucleotide pyrophosphatase  
ABC transporter ATP-binding protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0989

NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 2  
D-alanine--D-alanine ligase  
aspartate kinase  
hydroxymethylglutaryl-coenzyme A reductase  
outer membrane protein  
multidrug resistance protein A  
transporter  
chitin-binding protein  
alpha-galactosidase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0234  
multidrug resistance protein A  
hypothetical protein VFMJ11\_A0250  
ribosomal large subunit pseudouridine synthase A  
hypothetical protein VFMJ11\_A1008  
peptide transport system permease protein SapB  
helix-turn-helix- domain containing protein AraC type  
transporter  
transporter gate domain protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0217  
von Willebrand factor, type A  
RNA polymerase sigma factor RpoS (Sigma-38)  
pts system, N-acetylglucosamine-specific iibc component  
methyl-accepting chemotaxis protein  
acriflavine resistance protein E (Protein EnvC)  
lipoprotein, putative  
oxalate/formate antiporter  
manganese-dependent inorganic pyrophosphatase  
pts system glucose-specific eiicba component  
transcriptional regulator, LysR family  
major NAD(p)h-flavin oxidoreductase  
TonB-dependent outer membrane receptor  
class I peptide chain release factor  
cellulose synthase operon C protein  
bicyclomycin resistance protein  
glycine betaine transporter OpuD  
zinc metalloprotease  
threonine efflux protein  
pts system, fructose-specific iiabc component  
quaternary ammonium compound-resistance protein QacE  
HvnB; halovibrin  
hypothetical protein VFMJ11\_A0251  
choloylglycine hydrolase family  
amino acid permease  
KtrA  
6-phosphogluconolactonase  
maltodextrin phosphorylase  
phage shock protein E  
permease  
sensor protein IrlS

galactose-1-phosphate uridylyltransferase  
glycine cleavage system H protein  
FOG: TPR repeat protein, SEL1 subfamily  
hypothetical protein VFMJ11\_A1166  
hypothetical protein VFMJ11\_A1208  
RNP-1 like RNA-binding protein  
TolQ protein  
acyl-CoA reductase  
heavy metal efflux pump, CzcA family  
CBS domain protein  
hypothetical protein VFMJ11\_A0607  
malate synthase  
ATPase RavA  
methyltransferase  
hypothetical protein VFMJ11\_A0949  
chromosome partition protein MukE (Protein kicA)  
chromosome partition protein MukB  
toxin coregulated pilus biosynthesis protein I  
ABC-type multidrug efflux pump  
PTS system, 3-keto-L-gulonate specific IIA component  
hypothetical protein VFMJ11\_A0437  
transporter  
transcriptional regulator  
low-affinity zinc transport protein  
acetyltransferase, gnat family



Supplementary Table IV. – Genetic elements identified in three symbiotic strains of *Vibrio fischeri* and one free-living *Vibrio* sp. sequenced in this study, in addition to one model organism, *V. fischeri* ES114 (Ruby *et al.* 2005). Annotations provided by RAST (Overbeek *et al.* 2014).

Strain designation	Feature ID	Type	Contig	Start	Stop	Frame	Strand	Length (bp)
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1	CDS	contig00004	341	886	2	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2	CDS	contig00004	1142	879	-2	-	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3	CDS	contig00004	1963	1142	-1	-	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.4	CDS	contig00004	2593	2036	-1	-	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.5	CDS	contig00004	2793	3278	3	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.6	CDS	contig00004	3281	4393	2	+	1113
SA1G	fig 6666666.3236.peg.7	CDS	contig00004	5000	4431	-2	-	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.8	CDS	contig00004	5484	5011	-3	-	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.9	CDS	contig00004	6524	5487	-2	-	1038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.10	CDS	contig00004	7675	6605	-1	-	1071
SA1G	fig 6666666.3236.peg.11	CDS	contig00004	7793	8305	2	+	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.12	CDS	contig00004	8323	9270	1	+	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.13	CDS	contig00004	9300	10655	3	+	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.14	CDS	contig00004	10680	12056	3	+	1377
SA1G	fig 6666666.3236.peg.15	CDS	contig00004	12059	13504	2	+	1446
SA1G	fig 6666666.3236.peg.16	CDS	contig00004	14226	13579	-3	-	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.17	CDS	contig00004	15112	14324	-1	-	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.18	CDS	contig00004	15401	15520	2	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.19	CDS	contig00004	15671	15934	2	+	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.20	CDS	contig00004	16146	17564	3	+	1419
SA1G	fig 6666666.3236.peg.21	CDS	contig00004	17621	18604	2	+	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.22	CDS	contig00004	18645	19247	3	+	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.23	CDS	contig00004	20153	19290	-2	-	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.24	CDS	contig00004	21778	20252	-1	-	1527
SA1G	fig 6666666.3236.peg.25	CDS	contig00004	22186	23832	1	+	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.26	CDS	contig00004	23832	24077	3	+	246
SA1G	fig 6666666.3236.peg.27	CDS	contig00004	24090	25037	3	+	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.28	CDS	contig00004	25055	26896	2	+	1842
SA1G	fig 6666666.3236.peg.29	CDS	contig00004	26901	28433	3	+	1533
SA1G	fig 6666666.3236.peg.30	CDS	contig00004	28710	28919	3	+	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.31	CDS	contig00004	30418	29060	-1	-	1359
SA1G	fig 6666666.3236.peg.32	CDS	contig00004	31059	30637	-3	-	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.33	CDS	contig00004	32481	31078	-3	-	1404
SA1G	fig 6666666.3236.peg.34	CDS	contig00004	33381	32515	-3	-	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.35	CDS	contig00004	34968	33427	-3	-	1542
SA1G	fig 6666666.3236.peg.36	CDS	contig00004	35515	34982	-1	-	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.37	CDS	contig00004	35997	35533	-3	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.38	CDS	contig00004	36316	36059	-1	-	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.39	CDS	contig00004	37187	36375	-2	-	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.40	CDS	contig00004	37585	37196	-1	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.41	CDS	contig00004	38658	37774	-3	-	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.42	CDS	contig00004	39448	38651	-1	-	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.43	CDS	contig00004	40096	39464	-1	-	633

SA1G	fig 6666666.3236.peg.44	CDS	contig00004	41987	40098	-2	-	1890
SA1G	fig 6666666.3236.peg.45	CDS	contig00004	42845	42411	-2	-	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.46	CDS	contig00004	44274	42907	-3	-	1368
SA1G	fig 6666666.3236.peg.47	CDS	contig00004	45997	44372	-1	-	1626
SA1G	fig 6666666.3236.peg.48	CDS	contig00004	46547	46224	-2	-	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.49	CDS	contig00004	46727	46593	-2	-	135
SA1G	fig 6666666.3236.peg.50	CDS	contig00004	47650	46913	-1	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.51	CDS	contig00004	48318	47647	-3	-	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.52	CDS	contig00004	49224	48472	-3	-	753
SA1G	fig 6666666.3236.peg.53	CDS	contig00004	49521	50930	3	+	1410
SA1G	fig 6666666.3236.peg.54	CDS	contig00004	50963	52063	2	+	1101
SA1G	fig 6666666.3236.peg.55	CDS	contig00004	52077	53156	3	+	1080
SA1G	fig 6666666.3236.peg.56	CDS	contig00004	53174	55591	2	+	2418
SA1G	fig 6666666.3236.peg.57	CDS	contig00004	56015	56449	2	+	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.58	CDS	contig00004	56686	58344	1	+	1659
SA1G	fig 6666666.3236.peg.59	CDS	contig00004	59649	58402	-3	-	1248
SA1G	fig 6666666.3236.peg.60	CDS	contig00004	59974	60798	1	+	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.61	CDS	contig00004	60801	62867	3	+	2067
SA1G	fig 6666666.3236.peg.62	CDS	contig00004	63013	64653	1	+	1641
SA1G	fig 6666666.3236.peg.63	CDS	contig00004	64788	65039	3	+	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.64	CDS	contig00004	65337	65086	-3	-	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.65	CDS	contig00004	65523	65714	3	+	192
SA1G	fig 6666666.3236.peg.66	CDS	contig00004	65862	66803	3	+	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.67	CDS	contig00004	67864	66884	-1	-	981
SA1G	fig 6666666.3236.peg.68	CDS	contig00004	69787	68624	-1	-	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.69	CDS	contig00004	71978	69801	-2	-	2178
SA1G	fig 6666666.3236.peg.70	CDS	contig00004	72254	72838	2	+	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.71	CDS	contig00004	72895	74352	1	+	1458
SA1G	fig 6666666.3236.peg.72	CDS	contig00004	74385	74909	3	+	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.73	CDS	contig00004	75339	78092	3	+	2754
SA1G	fig 6666666.3236.peg.74	CDS	contig00004	78174	78368	3	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.75	CDS	contig00004	78666	80045	3	+	1380
SA1G	fig 6666666.3236.peg.76	CDS	contig00004	80228	80341	2	+	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.77	CDS	contig00004	80768	82702	2	+	1935
SA1G	fig 6666666.3236.peg.78	CDS	contig00004	82773	83432	3	+	660
SA1G	fig 6666666.3236.peg.79	CDS	contig00004	83425	84258	1	+	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.80	CDS	contig00004	84251	84463	2	+	213
SA1G	fig 6666666.3236.peg.81	CDS	contig00004	84465	85235	3	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.82	CDS	contig00004	85246	86358	1	+	1113
SA1G	fig 6666666.3236.peg.83	CDS	contig00004	88251	86458	-3	-	1794
SA1G	fig 6666666.3236.peg.84	CDS	contig00004	89318	88353	-2	-	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.85	CDS	contig00004	89416	90645	1	+	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.86	CDS	contig00004	90767	91057	2	+	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.87	CDS	contig00004	92058	91150	-3	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.88	CDS	contig00004	92186	93706	2	+	1521
SA1G	fig 6666666.3236.peg.89	CDS	contig00004	93763	94527	1	+	765
SA1G	fig 6666666.3236.peg.90	CDS	contig00004	94539	95162	3	+	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.91	CDS	contig00004	95159	96793	2	+	1635
SA1G	fig 6666666.3236.peg.92	CDS	contig00004	96845	97093	2	+	249

SA1G	fig 6666666.3236.peg.93	CDS	contig00004	97097	97477	2	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.94	CDS	contig00004	97480	98235	1	+	756
SA1G	fig 6666666.3236.peg.95	CDS	contig00004	100365	99604	-3	-	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.96	CDS	contig00004	100517	101533	2	+	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.97	CDS	contig00004	103349	101856	-2	-	1494
SA1G	fig 6666666.3236.peg.98	CDS	contig00004	104681	103383	-2	-	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.99	CDS	contig00004	104794	105120	1	+	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.100	CDS	contig00004	105360	106619	3	+	1260
SA1G	fig 6666666.3236.peg.101	CDS	contig00004	106778	107773	2	+	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.102	CDS	contig00004	107915	109759	2	+	1845
SA1G	fig 6666666.3236.peg.103	CDS	contig00004	109923	110189	3	+	267
SA1G	fig 6666666.3236.peg.104	CDS	contig00004	110287	110997	1	+	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.105	CDS	contig00004	112260	111076	-3	-	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.106	CDS	contig00004	113450	112257	-2	-	1194
SA1G	fig 6666666.3236.peg.107	CDS	contig00004	114208	113447	-1	-	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.108	CDS	contig00004	115146	114211	-3	-	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.109	CDS	contig00004	115404	117929	3	+	2526
SA1G	fig 6666666.3236.peg.110	CDS	contig00004	118014	120215	3	+	2202
SA1G	fig 6666666.3236.peg.111	CDS	contig00004	121540	120635	-1	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.112	CDS	contig00004	121767	123602	3	+	1836
SA1G	fig 6666666.3236.peg.113	CDS	contig00004	123606	123896	3	+	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.114	CDS	contig00004	125315	123951	-2	-	1365
SA1G	fig 6666666.3236.peg.115	CDS	contig00004	125659	126330	1	+	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.116	CDS	contig00004	126365	126556	2	+	192
SA1G	fig 6666666.3236.peg.117	CDS	contig00004	127031	129829	2	+	2799
SA1G	fig 6666666.3236.peg.118	CDS	contig00004	131195	130548	-2	-	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.119	CDS	contig00004	131484	132101	3	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.120	CDS	contig00004	132255	132896	3	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.121	CDS	contig00004	132896	133441	2	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.122	CDS	contig00004	133444	133935	1	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.123	CDS	contig00004	134044	135417	1	+	1374
SA1G	fig 6666666.3236.peg.124	CDS	contig00008	812	435	-2	-	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.125	CDS	contig00008	1741	809	-1	-	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.126	CDS	contig00008	1863	3059	3	+	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.127	CDS	contig00008	3059	4090	2	+	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.128	CDS	contig00008	4172	4513	2	+	342
SA1G	fig 6666666.3236.peg.129	CDS	contig00008	5814	4585	-3	-	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.130	CDS	contig00008	8340	6010	-3	-	2331
SA1G	fig 6666666.3236.peg.131	CDS	contig00009	421	732	1	+	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.132	CDS	contig00009	745	1374	1	+	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.133	CDS	contig00009	1392	1994	3	+	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.134	CDS	contig00009	1991	2293	2	+	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.135	CDS	contig00009	2309	3133	2	+	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.136	CDS	contig00009	3153	3431	3	+	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.137	CDS	contig00009	3442	3774	1	+	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.138	CDS	contig00009	3794	4492	2	+	699
SA1G	fig 6666666.3236.peg.139	CDS	contig00009	4504	4914	1	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.140	CDS	contig00009	4914	5105	3	+	192
SA1G	fig 6666666.3236.peg.141	CDS	contig00009	5105	5359	2	+	255

SA1G	fig 6666666.3236.peg.142	CDS	contig00009	5524	5895	1	+	372
SA1G	fig 6666666.3236.peg.143	CDS	contig00009	5909	6223	2	+	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.144	CDS	contig00009	6238	6777	1	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.145	CDS	contig00009	6795	7100	3	+	306
SA1G	fig 6666666.3236.peg.146	CDS	contig00009	7130	7522	2	+	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.147	CDS	contig00009	7535	8068	2	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.148	CDS	contig00009	8078	8431	2	+	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.149	CDS	contig00009	8446	8946	1	+	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.150	CDS	contig00009	8952	9131	3	+	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.151	CDS	contig00009	9137	9571	2	+	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.152	CDS	contig00009	9592	10923	1	+	1332
SA1G	fig 6666666.3236.peg.153	CDS	contig00009	10954	11067	1	+	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.154	CDS	contig00009	11217	11573	3	+	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.155	CDS	contig00009	11595	11984	3	+	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.156	CDS	contig00009	12016	12636	1	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.157	CDS	contig00009	12660	13649	3	+	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.158	CDS	contig00009	13686	14066	3	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.159	CDS	contig00009	15163	14153	-1	-	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.160	CDS	contig00009	15384	16727	3	+	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.161	CDS	contig00009	16729	17346	1	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.162	CDS	contig00009	17561	18577	2	+	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.163	CDS	contig00009	18620	19099	2	+	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.164	CDS	contig00009	19147	20223	1	+	1077
SA1G	fig 6666666.3236.peg.165	CDS	contig00009	20223	20927	3	+	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.166	CDS	contig00009	21121	24030	1	+	2910
SA1G	fig 6666666.3236.peg.167	CDS	contig00009	24093	24830	3	+	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.168	CDS	contig00009	25319	24882	-2	-	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.169	CDS	contig00009	27947	25371	-2	-	2577
SA1G	fig 6666666.3236.peg.170	CDS	contig00009	29218	28244	-1	-	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.171	CDS	contig00009	30020	29550	-2	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.172	CDS	contig00009	30294	31229	3	+	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.173	CDS	contig00009	32282	31311	-2	-	972
SA1G	fig 6666666.3236.peg.174	CDS	contig00009	32559	32870	3	+	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.175	CDS	contig00009	32888	33145	2	+	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.176	CDS	contig00009	33382	34554	1	+	1173
SA1G	fig 6666666.3236.peg.177	CDS	contig00009	34955	34647	-2	-	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.178	CDS	contig00009	34954	35457	1	+	504
SA1G	fig 6666666.3236.peg.179	CDS	contig00009	35450	35941	2	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.180	CDS	contig00009	35964	36443	3	+	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.181	CDS	contig00009	37484	36669	-2	-	816
SA1G	fig 6666666.3236.peg.182	CDS	contig00009	38375	37557	-2	-	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.183	CDS	contig00009	39361	38372	-1	-	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.184	CDS	contig00009	40667	39354	-2	-	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.185	CDS	contig00009	43095	40735	-3	-	2361
SA1G	fig 6666666.3236.peg.186	CDS	contig00009	43302	44153	3	+	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.187	CDS	contig00009	44999	44220	-2	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.188	CDS	contig00009	45728	45126	-2	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.189	CDS	contig00009	47156	45741	-2	-	1416
SA1G	fig 6666666.3236.peg.190	CDS	contig00009	48263	47172	-2	-	1092

SA1G	fig 6666666.3236.peg.191	CDS	contig00009	49892	48345	-2	-	1548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.192	CDS	contig00009	50379	51023	3	+	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.193	CDS	contig00009	51010	51420	1	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.194	CDS	contig00009	51549	52328	3	+	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.195	CDS	contig00009	52325	55429	2	+	3105
SA1G	fig 6666666.3236.peg.196	CDS	contig00009	56442	55441	-3	-	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.197	CDS	contig00009	56624	58021	2	+	1398
SA1G	fig 6666666.3236.peg.198	CDS	contig00009	58034	59116	2	+	1083
SA1G	fig 6666666.3236.peg.199	CDS	contig00009	59128	60333	1	+	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.200	CDS	contig00009	60548	62200	2	+	1653
SA1G	fig 6666666.3236.peg.201	CDS	contig00009	62971	62510	-1	-	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.202	CDS	contig00009	63457	62999	-1	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.203	CDS	contig00009	63628	64614	1	+	987
SA1G	fig 6666666.3236.peg.204	CDS	contig00009	64733	65428	2	+	696
SA1G	fig 6666666.3236.peg.205	CDS	contig00009	65470	65592	1	+	123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.206	CDS	contig00009	65589	65819	3	+	231
SA1G	fig 6666666.3236.peg.207	CDS	contig00009	65955	67772	3	+	1818
SA1G	fig 6666666.3236.peg.208	CDS	contig00009	67772	69502	2	+	1731
SA1G	fig 6666666.3236.peg.209	CDS	contig00009	69495	70256	3	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.210	CDS	contig00009	70805	70341	-2	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.211	CDS	contig00009	71549	70929	-2	-	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.212	CDS	contig00009	71689	72339	1	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.213	CDS	contig00009	73218	72349	-3	-	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.214	CDS	contig00009	73672	73220	-1	-	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.215	CDS	contig00009	74307	73738	-3	-	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.216	CDS	contig00009	76406	74424	-2	-	1983
SA1G	fig 6666666.3236.peg.217	CDS	contig00009	76816	77724	1	+	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.218	CDS	contig00009	77754	79190	3	+	1437
SA1G	fig 6666666.3236.peg.219	CDS	contig00009	79202	80929	2	+	1728
SA1G	fig 6666666.3236.peg.220	CDS	contig00009	80944	81558	1	+	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.221	CDS	contig00009	81826	81650	-1	-	177
SA1G	fig 6666666.3236.peg.222	CDS	contig00009	82548	81970	-3	-	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.223	CDS	contig00009	83344	82856	-1	-	489
SA1G	fig 6666666.3236.peg.224	CDS	contig00009	84615	83356	-3	-	1260
SA1G	fig 6666666.3236.peg.225	CDS	contig00009	85298	84612	-2	-	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.226	CDS	contig00009	85997	85335	-2	-	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.227	CDS	contig00009	86954	86403	-2	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.228	CDS	contig00009	87162	87377	3	+	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.229	CDS	contig00009	88009	87431	-1	-	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.230	CDS	contig00009	88124	89845	2	+	1722
SA1G	fig 6666666.3236.peg.231	CDS	contig00009	89857	93642	1	+	3786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.232	CDS	contig00010	2206	110	-1	-	2097
SA1G	fig 6666666.3236.peg.233	CDS	contig00010	2372	2184	-2	-	189
SA1G	fig 6666666.3236.peg.234	CDS	contig00010	2808	2338	-3	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.235	CDS	contig00010	3277	2903	-1	-	375
SA1G	fig 6666666.3236.peg.236	CDS	contig00010	3731	3441	-2	-	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.237	CDS	contig00010	4088	3732	-2	-	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.238	CDS	contig00010	4515	4123	-3	-	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.239	CDS	contig00010	5216	4512	-2	-	705

SA1G	fig 6666666.3236.peg.240	CDS	contig00010	6181	5387	-1	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.241	CDS	contig00010	6405	7418	3	+	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.242	CDS	contig00010	7418	7642	2	+	225
SA1G	fig 6666666.3236.peg.243	CDS	contig00010	8413	7826	-1	-	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.244	CDS	contig00010	8664	8470	-3	-	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.245	CDS	contig00010	10490	8700	-2	-	1791
SA1G	fig 6666666.3236.peg.246	CDS	contig00010	11032	10490	-1	-	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.247	CDS	contig00010	11248	13179	1	+	1932
SA1G	fig 6666666.3236.peg.248	CDS	contig00010	13163	13669	2	+	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.249	CDS	contig00010	13675	14643	1	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.250	CDS	contig00010	14689	14931	1	+	243
SA1G	fig 6666666.3236.peg.251	CDS	contig00010	15034	15903	1	+	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.252	CDS	contig00010	15986	16894	2	+	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.253	CDS	contig00010	17019	17516	3	+	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.254	CDS	contig00010	18261	18019	-3	-	243
SA1G	fig 6666666.3236.peg.255	CDS	contig00010	18628	19635	1	+	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.256	CDS	contig00010	20067	20420	3	+	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.257	CDS	contig00010	20779	20435	-1	-	345
SA1G	fig 6666666.3236.peg.258	CDS	contig00010	21048	21818	3	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.259	CDS	contig00010	22186	22332	1	+	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.260	CDS	contig00010	24446	22800	-2	-	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.261	CDS	contig00010	24814	24524	-1	-	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.262	CDS	contig00010	25235	26599	2	+	1365
SA1G	fig 6666666.3236.peg.263	CDS	contig00010	26979	28511	3	+	1533
SA1G	fig 6666666.3236.peg.264	CDS	contig00010	30026	29019	-2	-	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.265	CDS	contig00010	31125	30172	-3	-	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.266	CDS	contig00010	32683	31517	-1	-	1167
SA1G	fig 6666666.3236.peg.267	CDS	contig00010	32853	34085	3	+	1233
SA1G	fig 6666666.3236.peg.268	CDS	contig00010	34845	34096	-3	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.269	CDS	contig00010	35118	34867	-3	-	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.270	CDS	contig00010	36532	35363	-1	-	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.271	CDS	contig00010	37614	36565	-3	-	1050
SA1G	fig 6666666.3236.peg.272	CDS	contig00010	38528	37611	-2	-	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.273	CDS	contig00010	39532	38525	-1	-	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.274	CDS	contig00010	40979	39621	-2	-	1359
SA1G	fig 6666666.3236.peg.275	CDS	contig00010	41677	40976	-1	-	702
SA1G	fig 6666666.3236.peg.276	CDS	contig00010	41995	41687	-1	-	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.277	CDS	contig00010	42737	41988	-2	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.278	CDS	contig00010	42959	42738	-2	-	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.279	CDS	contig00010	44036	42963	-2	-	1074
SA1G	fig 6666666.3236.peg.280	CDS	contig00010	44520	44029	-3	-	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.281	CDS	contig00010	44957	44559	-2	-	399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.282	CDS	contig00010	45825	44959	-3	-	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.283	CDS	contig00010	46901	45825	-2	-	1077
SA1G	fig 6666666.3236.peg.284	CDS	contig00010	47506	46904	-1	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.285	CDS	contig00010	47722	47507	-1	-	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.286	CDS	contig00010	48834	47812	-3	-	1023
SA1G	fig 6666666.3236.peg.287	CDS	contig00010	50300	49209	-2	-	1092
SA1G	fig 6666666.3236.peg.288	CDS	contig00010	51985	50561	-1	-	1425

SA1G	fig 6666666.3236.peg.289	CDS	contig00010	53394	51988	-3	-	1407
SA1G	fig 6666666.3236.peg.290	CDS	contig00010	54449	53406	-2	-	1044
SA1G	fig 6666666.3236.peg.291	CDS	contig00010	55680	54589	-3	-	1092
SA1G	fig 6666666.3236.peg.292	CDS	contig00010	56350	55682	-1	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.293	CDS	contig00010	57825	56665	-3	-	1161
SA1G	fig 6666666.3236.peg.294	CDS	contig00010	59007	58003	-3	-	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.295	CDS	contig00010	59483	59004	-2	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.296	CDS	contig00010	60702	59470	-3	-	1233
SA1G	fig 6666666.3236.peg.297	CDS	contig00010	61553	60702	-2	-	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.298	CDS	contig00010	63787	61625	-1	-	2163
SA1G	fig 6666666.3236.peg.299	CDS	contig00010	64475	64035	-2	-	441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.300	CDS	contig00010	65182	64832	-1	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.301	CDS	contig00010	66552	65401	-3	-	1152
SA1G	fig 6666666.3236.peg.302	CDS	contig00010	67026	67274	3	+	249
SA1G	fig 6666666.3236.peg.303	CDS	contig00010	67398	68072	3	+	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.304	CDS	contig00010	68113	68874	1	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.305	CDS	contig00010	68878	71100	1	+	2223
SA1G	fig 6666666.3236.peg.306	CDS	contig00010	71935	71291	-1	-	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.307	CDS	contig00010	72424	72077	-1	-	348
SA1G	fig 6666666.3236.peg.308	CDS	contig00010	74098	72656	-1	-	1443
SA1G	fig 6666666.3236.peg.309	CDS	contig00010	74877	75818	3	+	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.310	CDS	contig00010	76016	76735	2	+	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.311	CDS	contig00010	76735	77769	1	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.312	CDS	contig00010	78704	77775	-2	-	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.313	CDS	contig00010	79431	78697	-3	-	735
SA1G	fig 6666666.3236.peg.314	CDS	contig00010	81014	79437	-2	-	1578
SA1G	fig 6666666.3236.peg.315	CDS	contig00010	81424	81005	-1	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.316	CDS	contig00010	81528	82865	3	+	1338
SA1G	fig 6666666.3236.peg.317	CDS	contig00010	82849	84102	1	+	1254
SA1G	fig 6666666.3236.peg.318	CDS	contig00010	84826	84137	-1	-	690
SA1G	fig 6666666.3236.peg.319	CDS	contig00010	85193	86248	2	+	1056
SA1G	fig 6666666.3236.peg.320	CDS	contig00010	86269	87039	1	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.321	CDS	contig00010	87036	87833	3	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.322	CDS	contig00010	87826	88308	1	+	483
SA1G	fig 6666666.3236.peg.323	CDS	contig00010	88305	89258	3	+	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.324	CDS	contig00010	90058	89237	-1	-	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.325	CDS	contig00010	90146	92128	2	+	1983
SA1G	fig 6666666.3236.peg.326	CDS	contig00010	92837	92382	-2	-	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.327	CDS	contig00010	94331	92967	-2	-	1365
SA1G	fig 6666666.3236.peg.328	CDS	contig00010	94759	94592	-1	-	168
SA1G	fig 6666666.3236.peg.329	CDS	contig00010	95010	94774	-3	-	237
SA1G	fig 6666666.3236.peg.330	CDS	contig00010	95880	95206	-3	-	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.331	CDS	contig00010	96102	97331	3	+	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.332	CDS	contig00010	97503	98093	3	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.333	CDS	contig00010	98118	99056	3	+	939
SA1G	fig 6666666.3236.peg.334	CDS	contig00010	99075	99542	3	+	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.335	CDS	contig00010	99759	102074	3	+	2316
SA1G	fig 6666666.3236.peg.336	CDS	contig00010	103124	102645	-2	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.337	CDS	contig00010	103924	103151	-1	-	774

SA1G	fig 6666666.3236.peg.338	CDS	contig00010	103953	104696	3	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.339	CDS	contig00010	105296	106687	2	+	1392
SA1G	fig 6666666.3236.peg.340	CDS	contig00010	108399	107242	-3	-	1158
SA1G	fig 6666666.3236.peg.341	CDS	contig00010	109658	108939	-2	-	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.342	CDS	contig00010	109864	110607	1	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.343	CDS	contig00010	111274	110633	-1	-	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.344	CDS	contig00010	112213	111497	-1	-	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.345	CDS	contig00010	112374	113237	3	+	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.346	CDS	contig00010	114253	113321	-1	-	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.347	CDS	contig00010	114864	114484	-3	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.348	CDS	contig00010	115486	115061	-1	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.349	CDS	contig00010	115715	116338	2	+	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.350	CDS	contig00010	116447	116719	2	+	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.351	CDS	contig00010	116771	118894	2	+	2124
SA1G	fig 6666666.3236.peg.352	CDS	contig00010	119146	119835	1	+	690
SA1G	fig 6666666.3236.peg.353	CDS	contig00010	120965	120066	-2	-	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.354	CDS	contig00010	121778	121344	-2	-	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.355	CDS	contig00010	122700	121750	-3	-	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.356	CDS	contig00010	124765	122897	-1	-	1869
SA1G	fig 6666666.3236.peg.357	CDS	contig00010	125267	126676	2	+	1410
SA1G	fig 6666666.3236.peg.358	CDS	contig00010	126926	127462	2	+	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.359	CDS	contig00010	127542	128597	3	+	1056
SA1G	fig 6666666.3236.peg.360	CDS	contig00010	128636	130036	2	+	1401
SA1G	fig 6666666.3236.peg.361	CDS	contig00010	130153	132708	1	+	2556
SA1G	fig 6666666.3236.peg.362	CDS	contig00010	132873	133874	3	+	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.363	CDS	contig00010	134124	134441	3	+	318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.364	CDS	contig00010	134717	136666	2	+	1950
SA1G	fig 6666666.3236.peg.365	CDS	contig00010	137317	136682	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.366	CDS	contig00010	137474	138484	2	+	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.367	CDS	contig00010	138496	138981	1	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.368	CDS	contig00010	141570	139075	-3	-	2496
SA1G	fig 6666666.3236.peg.369	CDS	contig00010	142871	141687	-2	-	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.370	CDS	contig00010	143258	142920	-2	-	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.371	CDS	contig00010	143892	143365	-3	-	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.372	CDS	contig00010	144075	144500	3	+	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.373	CDS	contig00010	145276	144497	-1	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.374	CDS	contig00010	145417	145878	1	+	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.375	CDS	contig00012	245	1273	2	+	1029
SA1G	fig 6666666.3236.peg.376	CDS	contig00012	1453	1280	-1	-	174
SA1G	fig 6666666.3236.peg.377	CDS	contig00012	2280	1456	-3	-	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.378	CDS	contig00012	2728	2303	-1	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.379	CDS	contig00012	2873	3577	2	+	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.380	CDS	contig00012	3880	3680	-1	-	201
SA1G	fig 6666666.3236.peg.381	CDS	contig00012	5873	3960	-2	-	1914
SA1G	fig 6666666.3236.peg.382	CDS	contig00012	6066	7022	3	+	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.383	CDS	contig00012	7071	8030	3	+	960
SA1G	fig 6666666.3236.peg.384	CDS	contig00012	8030	8563	2	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.385	CDS	contig00012	8556	9521	3	+	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.386	CDS	contig00012	9514	11376	1	+	1863



SA1G	fig 6666666.3236.peg.387	CDS	contig00012	11382	13043	3	+	1662
SA1G	fig 6666666.3236.peg.388	CDS	contig00012	13406	14356	2	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.389	CDS	contig00012	14537	16528	2	+	1992
SA1G	fig 6666666.3236.peg.390	CDS	contig00012	17577	16630	-3	-	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.391	CDS	contig00012	18568	17786	-1	-	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.392	CDS	contig00012	18817	19677	1	+	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.393	CDS	contig00012	19710	23801	3	+	4092
SA1G	fig 6666666.3236.peg.394	CDS	contig00012	24518	23862	-2	-	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.395	CDS	contig00012	25920	24607	-3	-	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.396	CDS	contig00012	26242	26439	1	+	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.397	CDS	contig00012	26730	27341	3	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.398	CDS	contig00012	27670	27431	-1	-	240
SA1G	fig 6666666.3236.peg.399	CDS	contig00012	28137	29231	3	+	1095
SA1G	fig 6666666.3236.peg.400	CDS	contig00012	29548	30039	1	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.401	CDS	contig00012	30238	30041	-1	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.402	CDS	contig00012	31874	30240	-2	-	1635
SA1G	fig 6666666.3236.peg.403	CDS	contig00012	32344	31871	-1	-	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.404	CDS	contig00012	33245	32355	-2	-	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.405	CDS	contig00012	34009	33242	-1	-	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.406	CDS	contig00012	35520	34009	-3	-	1512
SA1G	fig 6666666.3236.peg.407	CDS	contig00012	36104	35523	-2	-	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.408	CDS	contig00012	37302	36097	-3	-	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.409	CDS	contig00012	37655	37299	-2	-	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.410	CDS	contig00012	39432	37636	-3	-	1797
SA1G	fig 6666666.3236.peg.411	CDS	contig00012	39907	39635	-1	-	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.412	CDS	contig00012	40143	39904	-3	-	240
SA1G	fig 6666666.3236.peg.413	CDS	contig00012	40337	40146	-2	-	192
SA1G	fig 6666666.3236.peg.414	CDS	contig00012	40807	40385	-1	-	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.415	CDS	contig00012	41019	40804	-3	-	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.416	CDS	contig00012	41469	41020	-3	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.417	CDS	contig00012	42605	41472	-2	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.418	CDS	contig00012	43267	42608	-1	-	660
SA1G	fig 6666666.3236.peg.419	CDS	contig00012	43739	43260	-2	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.420	CDS	contig00012	44200	43736	-1	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.421	CDS	contig00012	45029	44316	-2	-	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.422	CDS	contig00012	46048	45032	-1	-	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.423	CDS	contig00012	46470	46048	-3	-	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.424	CDS	contig00012	46958	46512	-2	-	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.425	CDS	contig00012	47126	48907	2	+	1782
SA1G	fig 6666666.3236.peg.426	CDS	contig00012	48904	49917	1	+	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.427	CDS	contig00012	50733	51302	3	+	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.428	CDS	contig00012	51495	51623	3	+	129
SA1G	fig 6666666.3236.peg.429	CDS	contig00012	52120	51905	-1	-	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.430	CDS	contig00012	54720	52219	-3	-	2502
SA1G	fig 6666666.3236.peg.431	CDS	contig00012	55232	54720	-2	-	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.432	CDS	contig00012	55459	55229	-1	-	231
SA1G	fig 6666666.3236.peg.433	CDS	contig00012	55590	55462	-3	-	129
SA1G	fig 6666666.3236.peg.434	CDS	contig00012	56051	55587	-2	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.435	CDS	contig00012	56451	56131	-3	-	321

SA1G	fig 6666666.3236.peg.436	CDS	contig00012	56983	56462	-1	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.437	CDS	contig00012	57317	57105	-2	-	213
SA1G	fig 6666666.3236.peg.438	CDS	contig00012	57558	57442	-3	-	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.439	CDS	contig00012	57566	58012	2	+	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.440	CDS	contig00012	58123	59694	1	+	1572
SA1G	fig 6666666.3236.peg.441	CDS	contig00012	60609	59722	-3	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.442	CDS	contig00012	62138	60609	-2	-	1530
SA1G	fig 6666666.3236.peg.443	CDS	contig00012	62335	63366	1	+	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.444	CDS	contig00012	64571	63528	-2	-	1044
SA1G	fig 6666666.3236.peg.445	CDS	contig00012	65032	66336	1	+	1305
SA1G	fig 6666666.3236.peg.446	CDS	contig00014	35	499	2	+	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.447	CDS	contig00014	644	1732	2	+	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.448	CDS	contig00014	1874	2476	2	+	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.449	CDS	contig00014	3079	2627	-1	-	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.450	CDS	contig00014	3336	3515	3	+	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.451	CDS	contig00014	4536	5066	3	+	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.452	CDS	contig00014	5262	5672	3	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.453	CDS	contig00014	5870	6406	2	+	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.454	CDS	contig00014	6653	6961	2	+	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.455	CDS	contig00014	7159	7788	1	+	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.456	CDS	contig00014	7802	7948	2	+	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.457	CDS	contig00014	7978	8247	1	+	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.458	CDS	contig00014	8244	8723	3	+	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.459	CDS	contig00015	910	746	-1	-	165
SA1G	fig 6666666.3236.peg.460	CDS	contig00015	1531	1061	-1	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.461	CDS	contig00015	2673	1687	-3	-	987
SA1G	fig 6666666.3236.peg.462	CDS	contig00016	78	203	3	+	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.463	CDS	contig00016	434	237	-2	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.464	CDS	contig00016	717	1745	3	+	1029
SA1G	fig 6666666.3236.peg.465	CDS	contig00016	2735	1827	-2	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.466	CDS	contig00016	2986	3312	1	+	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.467	CDS	contig00016	3617	3396	-2	-	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.468	CDS	contig00016	4134	3607	-3	-	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.469	CDS	contig00016	4330	4785	1	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.470	CDS	contig00016	4801	5451	1	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.471	CDS	contig00016	5470	6543	1	+	1074
SA1G	fig 6666666.3236.peg.472	CDS	contig00016	7979	6615	-2	-	1365
SA1G	fig 6666666.3236.peg.473	CDS	contig00016	8638	7976	-1	-	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.474	CDS	contig00016	8972	9682	2	+	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.475	CDS	contig00016	9740	11209	2	+	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.476	CDS	contig00016	11218	12198	1	+	981
SA1G	fig 6666666.3236.peg.477	CDS	contig00016	12320	13789	2	+	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.478	CDS	contig00016	13791	14879	3	+	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.479	CDS	contig00016	14996	15373	2	+	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.480	CDS	contig00016	15668	15441	-2	-	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.481	CDS	contig00016	17831	16092	-2	-	1740
SA1G	fig 6666666.3236.peg.482	CDS	contig00016	18059	19693	2	+	1635
SA1G	fig 6666666.3236.peg.483	CDS	contig00016	20797	19745	-1	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.484	CDS	contig00016	21046	21792	1	+	747

SA1G	fig 6666666.3236.peg.485	CDS	contig00016	21794	22588	2	+	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.486	CDS	contig00016	22603	23412	1	+	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.487	CDS	contig00016	23416	24276	1	+	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.488	CDS	contig00016	25699	24344	-1	-	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.489	CDS	contig00016	26208	25801	-3	-	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.490	CDS	contig00016	27070	26390	-1	-	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.491	CDS	contig00016	28071	27166	-3	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.492	CDS	contig00016	28263	29726	3	+	1464
SA1G	fig 6666666.3236.peg.493	CDS	contig00016	30312	29788	-3	-	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.494	CDS	contig00016	31407	30445	-3	-	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.495	CDS	contig00016	31652	33682	2	+	2031
SA1G	fig 6666666.3236.peg.496	CDS	contig00016	35704	33782	-1	-	1923
SA1G	fig 6666666.3236.peg.497	CDS	contig00016	36029	38059	2	+	2031
SA1G	fig 6666666.3236.peg.498	CDS	contig00016	38489	38130	-2	-	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.499	CDS	contig00016	38634	39866	3	+	1233
SA1G	fig 6666666.3236.peg.500	CDS	contig00016	40034	40414	2	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.501	CDS	contig00016	40414	41544	1	+	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.502	CDS	contig00016	41739	43340	3	+	1602
SA1G	fig 6666666.3236.peg.503	CDS	contig00016	44471	43419	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.504	CDS	contig00016	45606	44482	-3	-	1125
SA1G	fig 6666666.3236.peg.505	CDS	contig00016	46497	45610	-3	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.506	CDS	contig00016	48028	46772	-1	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.507	CDS	contig00016	49236	48199	-3	-	1038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.508	CDS	contig00016	50885	49611	-2	-	1275
SA1G	fig 6666666.3236.peg.509	CDS	contig00016	52306	51041	-1	-	1266
SA1G	fig 6666666.3236.peg.510	CDS	contig00016	52575	53138	3	+	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.511	CDS	contig00016	56498	53232	-2	-	3267
SA1G	fig 6666666.3236.peg.512	CDS	contig00016	58108	56714	-1	-	1395
SA1G	fig 6666666.3236.peg.513	CDS	contig00016	58557	58126	-3	-	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.514	CDS	contig00016	60586	58823	-1	-	1764
SA1G	fig 6666666.3236.peg.515	CDS	contig00016	61623	60727	-3	-	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.516	CDS	contig00016	63013	61697	-1	-	1317
SA1G	fig 6666666.3236.peg.517	CDS	contig00016	63724	63377	-1	-	348
SA1G	fig 6666666.3236.peg.518	CDS	contig00016	64197	63805	-3	-	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.519	CDS	contig00016	65449	64277	-1	-	1173
SA1G	fig 6666666.3236.peg.520	CDS	contig00016	67243	65735	-1	-	1509
SA1G	fig 6666666.3236.peg.521	CDS	contig00016	67837	67505	-1	-	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.522	CDS	contig00016	67968	68966	3	+	999
SA1G	fig 6666666.3236.peg.523	CDS	contig00016	71589	68995	-3	-	2595
SA1G	fig 6666666.3236.peg.524	CDS	contig00016	72348	71737	-3	-	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.525	CDS	contig00016	72519	73631	3	+	1113
SA1G	fig 6666666.3236.peg.526	CDS	contig00016	73635	76685	3	+	3051
SA1G	fig 6666666.3236.peg.527	CDS	contig00016	77808	76747	-3	-	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.528	CDS	contig00016	78972	77818	-3	-	1155
SA1G	fig 6666666.3236.peg.529	CDS	contig00016	80167	79118	-1	-	1050
SA1G	fig 6666666.3236.peg.530	CDS	contig00016	81271	80261	-1	-	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.531	CDS	contig00016	81558	83189	3	+	1632
SA1G	fig 6666666.3236.peg.532	CDS	contig00016	83330	85189	2	+	1860
SA1G	fig 6666666.3236.peg.533	CDS	contig00016	85193	85972	2	+	780

SA1G	fig 6666666.3236.peg.534	CDS	contig00016	86075	87070	2	+	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.535	CDS	contig00016	87422	90523	2	+	3102
SA1G	fig 6666666.3236.peg.536	CDS	contig00016	90523	90975	1	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.537	CDS	contig00016	91081	90941	-1	-	141
SA1G	fig 6666666.3236.peg.538	CDS	contig00016	91150	92580	1	+	1431
SA1G	fig 6666666.3236.peg.539	CDS	contig00016	92810	95584	2	+	2775
SA1G	fig 6666666.3236.peg.540	CDS	contig00016	97088	95658	-2	-	1431
SA1G	fig 6666666.3236.peg.541	CDS	contig00016	98392	97094	-1	-	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.542	CDS	contig00016	99782	98409	-2	-	1374
SA1G	fig 6666666.3236.peg.543	CDS	contig00016	100385	101809	2	+	1425
SA1G	fig 6666666.3236.peg.544	CDS	contig00016	102173	103168	2	+	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.545	CDS	contig00016	103299	105677	3	+	2379
SA1G	fig 6666666.3236.peg.546	CDS	contig00016	106152	105748	-3	-	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.547	CDS	contig00016	106593	106171	-3	-	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.548	CDS	contig00016	106743	107210	3	+	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.549	CDS	contig00016	107352	108020	3	+	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.550	CDS	contig00016	108305	108186	-2	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.551	CDS	contig00016	108413	109111	2	+	699
SA1G	fig 6666666.3236.peg.552	CDS	contig00016	110854	109169	-1	-	1686
SA1G	fig 6666666.3236.peg.553	CDS	contig00016	111478	112818	1	+	1341
SA1G	fig 6666666.3236.peg.554	CDS	contig00016	113037	112906	-3	-	132
SA1G	fig 6666666.3236.peg.555	CDS	contig00016	113012	113818	2	+	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.556	CDS	contig00016	114462	113824	-3	-	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.557	CDS	contig00016	115276	114473	-1	-	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.558	CDS	contig00016	115971	115309	-3	-	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.559	CDS	contig00016	116937	115990	-3	-	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.560	CDS	contig00016	117783	116965	-3	-	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.561	CDS	contig00016	118438	117776	-1	-	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.562	CDS	contig00016	119393	118515	-2	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.563	CDS	contig00016	120679	119654	-1	-	1026
SA1G	fig 6666666.3236.peg.564	CDS	contig00016	122073	120676	-3	-	1398
SA1G	fig 6666666.3236.peg.565	CDS	contig00016	122555	122169	-2	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.566	CDS	contig00016	122779	122555	-1	-	225
SA1G	fig 6666666.3236.peg.567	CDS	contig00016	123508	122843	-1	-	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.568	CDS	contig00016	123684	124703	3	+	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.569	CDS	contig00016	124781	126406	2	+	1626
SA1G	fig 6666666.3236.peg.570	CDS	contig00016	126406	127368	1	+	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.571	CDS	contig00016	127355	128242	2	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.572	CDS	contig00016	128242	129255	1	+	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.573	CDS	contig00016	129239	130063	2	+	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.574	CDS	contig00016	130073	131200	2	+	1128
SA1G	fig 6666666.3236.peg.575	CDS	contig00016	131391	131245	-3	-	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.576	CDS	contig00016	133267	131381	-1	-	1887
SA1G	fig 6666666.3236.peg.577	CDS	contig00016	135318	133579	-3	-	1740
SA1G	fig 6666666.3236.peg.578	CDS	contig00016	135646	135530	-1	-	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.579	CDS	contig00016	137700	135715	-3	-	1986
SA1G	fig 6666666.3236.peg.580	CDS	contig00016	140400	137938	-3	-	2463
SA1G	fig 6666666.3236.peg.581	CDS	contig00016	141602	140424	-2	-	1179
SA1G	fig 6666666.3236.peg.582	CDS	contig00016	141837	141649	-3	-	189

SA1G	fig 6666666.3236.peg.583	CDS	contig00016	142358	142170	-2	-	189
SA1G	fig 6666666.3236.peg.584	CDS	contig00016	142562	143080	2	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.585	CDS	contig00016	143085	143261	3	+	177
SA1G	fig 6666666.3236.peg.586	CDS	contig00016	144009	143326	-3	-	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.587	CDS	contig00016	145114	144020	-1	-	1095
SA1G	fig 6666666.3236.peg.588	CDS	contig00016	145807	145118	-1	-	690
SA1G	fig 6666666.3236.peg.589	CDS	contig00016	146541	145804	-3	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.590	CDS	contig00016	148040	146553	-2	-	1488
SA1G	fig 6666666.3236.peg.591	CDS	contig00016	148267	148647	1	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.592	CDS	contig00016	148728	149267	3	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.593	CDS	contig00016	149531	150964	2	+	1434
SA1G	fig 6666666.3236.peg.594	CDS	contig00016	151055	152473	2	+	1419
SA1G	fig 6666666.3236.peg.595	CDS	contig00017	1114	32	-1	-	1083
SA1G	fig 6666666.3236.peg.596	CDS	contig00017	2612	1311	-2	-	1302
SA1G	fig 6666666.3236.peg.597	CDS	contig00017	2888	3436	2	+	549
SA1G	fig 6666666.3236.peg.598	CDS	contig00017	4111	3527	-1	-	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.599	CDS	contig00017	4530	5453	3	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.600	CDS	contig00017	5544	6443	3	+	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.601	CDS	contig00017	6580	7092	1	+	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.602	CDS	contig00017	7267	8910	1	+	1644
SA1G	fig 6666666.3236.peg.603	CDS	contig00017	9231	10088	3	+	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.604	CDS	contig00017	10200	10463	3	+	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.605	CDS	contig00017	10609	12291	1	+	1683
SA1G	fig 6666666.3236.peg.606	CDS	contig00017	13610	12408	-2	-	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.607	CDS	contig00017	15311	14163	-2	-	1149
SA1G	fig 6666666.3236.peg.608	CDS	contig00017	16351	15476	-1	-	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.609	CDS	contig00017	16596	16351	-3	-	246
SA1G	fig 6666666.3236.peg.610	CDS	contig00017	19049	16596	-2	-	2454
SA1G	fig 6666666.3236.peg.611	CDS	contig00017	19701	19030	-3	-	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.612	CDS	contig00017	20009	21451	2	+	1443
SA1G	fig 6666666.3236.peg.613	CDS	contig00017	22361	21681	-2	-	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.614	CDS	contig00017	23567	22362	-2	-	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.615	CDS	contig00017	24486	23782	-3	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.616	CDS	contig00017	26160	24559	-3	-	1602
SA1G	fig 6666666.3236.peg.617	CDS	contig00017	27203	26163	-2	-	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.618	CDS	contig00017	27337	28242	1	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.619	CDS	contig00017	28357	28863	1	+	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.620	CDS	contig00017	28994	30817	2	+	1824
SA1G	fig 6666666.3236.peg.621	CDS	contig00017	30821	31720	2	+	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.622	CDS	contig00017	33740	32136	-2	-	1605
SA1G	fig 6666666.3236.peg.623	CDS	contig00017	35389	33767	-1	-	1623
SA1G	fig 6666666.3236.peg.624	CDS	contig00017	36308	35382	-2	-	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.625	CDS	contig00017	36499	36702	1	+	204
SA1G	fig 6666666.3236.peg.626	CDS	contig00017	37734	37015	-3	-	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.627	CDS	contig00017	38923	37727	-1	-	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.628	CDS	contig00017	39988	39368	-1	-	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.629	CDS	contig00017	40767	40309	-3	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.630	CDS	contig00017	42155	41052	-2	-	1104
SA1G	fig 6666666.3236.peg.631	CDS	contig00017	42504	43592	3	+	1089

SA1G	fig 6666666.3236.peg.632	CDS	contig00017	44003	44872	2	+	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.633	CDS	contig00017	44872	45582	1	+	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.634	CDS	contig00017	45820	46275	1	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.635	CDS	contig00017	49056	46381	-3	-	2676
SA1G	fig 6666666.3236.peg.636	CDS	contig00017	51049	49043	-1	-	2007
SA1G	fig 6666666.3236.peg.637	CDS	contig00017	52436	51042	-2	-	1395
SA1G	fig 6666666.3236.peg.638	CDS	contig00017	53317	52814	-1	-	504
SA1G	fig 6666666.3236.peg.639	CDS	contig00017	53730	53605	-3	-	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.640	CDS	contig00017	53732	54355	2	+	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.641	CDS	contig00017	54406	55080	1	+	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.642	CDS	contig00017	56024	55227	-2	-	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.643	CDS	contig00017	57726	56179	-3	-	1548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.644	CDS	contig00017	57863	59587	2	+	1725
SA1G	fig 6666666.3236.peg.645	CDS	contig00017	60030	59605	-3	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.646	CDS	contig00017	60229	60507	1	+	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.647	CDS	contig00017	60820	61263	1	+	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.648	CDS	contig00017	62571	61336	-3	-	1236
SA1G	fig 6666666.3236.peg.649	CDS	contig00017	63293	62568	-2	-	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.650	CDS	contig00017	63774	63313	-3	-	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.651	CDS	contig00017	64961	63774	-2	-	1188
SA1G	fig 6666666.3236.peg.652	CDS	contig00017	65533	64967	-1	-	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.653	CDS	contig00017	67955	65583	-2	-	2373
SA1G	fig 6666666.3236.peg.654	CDS	contig00017	68559	67939	-3	-	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.655	CDS	contig00017	68998	68552	-1	-	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.656	CDS	contig00017	70545	69010	-3	-	1536
SA1G	fig 6666666.3236.peg.657	CDS	contig00017	72226	70535	-1	-	1692
SA1G	fig 6666666.3236.peg.658	CDS	contig00017	72603	72229	-3	-	375
SA1G	fig 6666666.3236.peg.659	CDS	contig00017	74005	72617	-1	-	1389
SA1G	fig 6666666.3236.peg.660	CDS	contig00017	74541	73981	-3	-	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.661	CDS	contig00017	74798	74541	-2	-	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.662	CDS	contig00017	75067	74810	-1	-	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.663	CDS	contig00017	75872	75075	-2	-	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.664	CDS	contig00017	76596	75877	-3	-	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.665	CDS	contig00017	76735	77310	1	+	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.666	CDS	contig00017	77414	78481	2	+	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.667	CDS	contig00017	78581	79813	2	+	1233
SA1G	fig 6666666.3236.peg.668	CDS	contig00017	80484	79888	-3	-	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.669	CDS	contig00017	80692	82425	1	+	1734
SA1G	fig 6666666.3236.peg.670	CDS	contig00017	82984	82535	-1	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.671	CDS	contig00017	83302	84498	1	+	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.672	CDS	contig00017	84598	86763	1	+	2166
SA1G	fig 6666666.3236.peg.673	CDS	contig00017	87463	87221	-1	-	243
SA1G	fig 6666666.3236.peg.674	CDS	contig00017	89736	87460	-3	-	2277
SA1G	fig 6666666.3236.peg.675	CDS	contig00017	89965	89738	-1	-	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.676	CDS	contig00017	93385	90593	-1	-	2793
SA1G	fig 6666666.3236.peg.677	CDS	contig00017	94001	93366	-2	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.678	CDS	contig00017	95490	94150	-3	-	1341
SA1G	fig 6666666.3236.peg.679	CDS	contig00017	96380	95487	-2	-	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.680	CDS	contig00017	96469	97239	1	+	771

SA1G	fig 6666666.3236.peg.681	CDS	contig00017	97236	98021	3	+	786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.682	CDS	contig00017	99763	98117	-1	-	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.683	CDS	contig00017	100832	99960	-2	-	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.684	CDS	contig00017	101998	100832	-1	-	1167
SA1G	fig 6666666.3236.peg.685	CDS	contig00017	103362	102151	-3	-	1212
SA1G	fig 6666666.3236.peg.686	CDS	contig00017	106198	103382	-1	-	2817
SA1G	fig 6666666.3236.peg.687	CDS	contig00017	107009	106296	-2	-	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.688	CDS	contig00017	108791	107022	-2	-	1770
SA1G	fig 6666666.3236.peg.689	CDS	contig00017	109138	108791	-1	-	348
SA1G	fig 6666666.3236.peg.690	CDS	contig00017	109425	109132	-3	-	294
SA1G	fig 6666666.3236.peg.691	CDS	contig00017	109921	111210	1	+	1290
SA1G	fig 6666666.3236.peg.692	CDS	contig00017	112057	111302	-1	-	756
SA1G	fig 6666666.3236.peg.693	CDS	contig00017	113768	112122	-2	-	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.694	CDS	contig00017	114359	113817	-2	-	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.695	CDS	contig00017	114458	115231	2	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.696	CDS	contig00017	115319	115540	2	+	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.697	CDS	contig00017	115600	116127	1	+	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.698	CDS	contig00017	116645	116181	-2	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.699	CDS	contig00017	116826	117269	3	+	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.700	CDS	contig00017	119005	117347	-1	-	1659
SA1G	fig 6666666.3236.peg.701	CDS	contig00017	120674	119181	-2	-	1494
SA1G	fig 6666666.3236.peg.702	CDS	contig00017	121077	122213	3	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.703	CDS	contig00017	122215	123429	1	+	1215
SA1G	fig 6666666.3236.peg.704	CDS	contig00017	123514	125118	1	+	1605
SA1G	fig 6666666.3236.peg.705	CDS	contig00017	125407	127074	1	+	1668
SA1G	fig 6666666.3236.peg.706	CDS	contig00017	127629	127135	-3	-	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.707	CDS	contig00017	128012	129367	2	+	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.708	CDS	contig00017	129796	129494	-1	-	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.709	CDS	contig00017	129825	129944	3	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.710	CDS	contig00017	131840	129984	-2	-	1857
SA1G	fig 6666666.3236.peg.711	CDS	contig00017	132317	132045	-2	-	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.712	CDS	contig00017	134772	132490	-3	-	2283
SA1G	fig 6666666.3236.peg.713	CDS	contig00017	136263	134977	-3	-	1287
SA1G	fig 6666666.3236.peg.714	CDS	contig00017	136973	136350	-2	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.715	CDS	contig00017	138377	137079	-2	-	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.716	CDS	contig00017	139687	138719	-1	-	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.717	CDS	contig00017	140417	139773	-2	-	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.718	CDS	contig00017	142574	140679	-2	-	1896
SA1G	fig 6666666.3236.peg.719	CDS	contig00017	142805	143686	2	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.720	CDS	contig00017	143677	144222	1	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.721	CDS	contig00017	144839	144291	-2	-	549
SA1G	fig 6666666.3236.peg.722	CDS	contig00017	144967	145872	1	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.723	CDS	contig00017	146263	147450	1	+	1188
SA1G	fig 6666666.3236.peg.724	CDS	contig00017	147454	148536	1	+	1083
SA1G	fig 6666666.3236.peg.725	CDS	contig00017	148539	149546	3	+	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.726	CDS	contig00017	149730	150329	3	+	600
SA1G	fig 6666666.3236.peg.727	CDS	contig00017	150887	151741	2	+	855
SA1G	fig 6666666.3236.peg.728	CDS	contig00017	152178	151777	-3	-	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.729	CDS	contig00017	152264	154945	2	+	2682

SA1G	fig 6666666.3236.peg.730	CDS	contig00017	155048	155485	2	+	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.731	CDS	contig00017	155996	156580	2	+	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.732	CDS	contig00017	158292	156631	-3	-	1662
SA1G	fig 6666666.3236.peg.733	CDS	contig00017	158717	160591	2	+	1875
SA1G	fig 6666666.3236.peg.734	CDS	contig00017	160888	163464	1	+	2577
SA1G	fig 6666666.3236.peg.735	CDS	contig00017	163467	163796	3	+	330
SA1G	fig 6666666.3236.peg.736	CDS	contig00017	163905	164714	3	+	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.737	CDS	contig00017	164843	165619	2	+	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.738	CDS	contig00017	166552	165698	-1	-	855
SA1G	fig 6666666.3236.peg.739	CDS	contig00017	167376	166564	-3	-	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.740	CDS	contig00017	167762	167379	-2	-	384
SA1G	fig 6666666.3236.peg.741	CDS	contig00017	168632	167778	-2	-	855
SA1G	fig 6666666.3236.peg.742	CDS	contig00017	169720	168632	-1	-	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.743	CDS	contig00017	171016	169760	-1	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.744	CDS	contig00017	171201	171812	3	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.745	CDS	contig00017	171809	172675	2	+	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.746	CDS	contig00017	172714	173661	1	+	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.747	CDS	contig00017	173843	174433	2	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.748	CDS	contig00017	174453	175544	3	+	1092
SA1G	fig 6666666.3236.peg.749	CDS	contig00017	178042	176885	-1	-	1158
SA1G	fig 6666666.3236.peg.750	CDS	contig00017	178257	179681	3	+	1425
SA1G	fig 6666666.3236.peg.751	CDS	contig00017	179827	180900	1	+	1074
SA1G	fig 6666666.3236.peg.752	CDS	contig00017	180917	181378	2	+	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.753	CDS	contig00017	181446	182324	3	+	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.754	CDS	contig00017	182420	183934	2	+	1515
SA1G	fig 6666666.3236.peg.755	CDS	contig00017	184476	183994	-3	-	483
SA1G	fig 6666666.3236.peg.756	CDS	contig00017	184643	187219	2	+	2577
SA1G	fig 6666666.3236.peg.757	CDS	contig00017	187387	188004	1	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.758	CDS	contig00017	188007	189041	3	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.759	CDS	contig00017	189095	189412	2	+	318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.760	CDS	contig00017	189417	189887	3	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.761	CDS	contig00017	189891	191771	3	+	1881
SA1G	fig 6666666.3236.peg.762	CDS	contig00017	191771	192892	2	+	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.763	CDS	contig00017	192892	193701	1	+	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.764	CDS	contig00017	193982	195157	2	+	1176
SA1G	fig 6666666.3236.peg.765	CDS	contig00017	195292	195561	1	+	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.766	CDS	contig00017	195759	196373	3	+	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.767	CDS	contig00017	196366	197331	1	+	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.768	CDS	contig00017	198667	197411	-1	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.769	CDS	contig00017	199707	198682	-3	-	1026
SA1G	fig 6666666.3236.peg.770	CDS	contig00017	201198	199960	-3	-	1239
SA1G	fig 6666666.3236.peg.771	CDS	contig00017	201800	201342	-2	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.772	CDS	contig00017	203130	201838	-3	-	1293
SA1G	fig 6666666.3236.peg.773	CDS	contig00017	203962	205416	1	+	1455
SA1G	fig 6666666.3236.peg.774	CDS	contig00017	206741	205530	-2	-	1212
SA1G	fig 6666666.3236.peg.775	CDS	contig00017	208028	206931	-2	-	1098
SA1G	fig 6666666.3236.peg.776	CDS	contig00017	208374	208141	-3	-	234
SA1G	fig 6666666.3236.peg.777	CDS	contig00017	209420	208386	-2	-	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.778	CDS	contig00017	210804	209578	-3	-	1227



SA1G	fig 6666666.3236.peg.779	CDS	contig00017	211430	210834	-2	-	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.780	CDS	contig00017	212070	211438	-3	-	633
SA1G	fig 6666666.3236.peg.781	CDS	contig00017	212837	212070	-2	-	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.782	CDS	contig00017	214071	212827	-3	-	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.783	CDS	contig00017	215415	214075	-3	-	1341
SA1G	fig 6666666.3236.peg.784	CDS	contig00017	216123	215809	-3	-	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.785	CDS	contig00017	216219	217367	3	+	1149
SA1G	fig 6666666.3236.peg.786	CDS	contig00017	217382	217951	2	+	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.787	CDS	contig00017	217951	218511	1	+	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.788	CDS	contig00017	218598	219941	3	+	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.789	CDS	contig00017	220224	221048	3	+	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.790	CDS	contig00017	221156	222049	2	+	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.791	CDS	contig00017	222046	222636	1	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.792	CDS	contig00017	224157	222709	-3	-	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.793	CDS	contig00017	225246	224317	-3	-	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.794	CDS	contig00017	226026	225262	-3	-	765
SA1G	fig 6666666.3236.peg.795	CDS	contig00017	226305	226547	3	+	243
SA1G	fig 6666666.3236.peg.796	CDS	contig00017	226540	227436	1	+	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.797	CDS	contig00017	227458	229341	1	+	1884
SA1G	fig 6666666.3236.peg.798	CDS	contig00017	229760	229410	-2	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.799	CDS	contig00017	229833	230111	3	+	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.800	CDS	contig00017	232346	230112	-2	-	2235
SA1G	fig 6666666.3236.peg.801	CDS	contig00017	233467	232349	-1	-	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.802	CDS	contig00017	233970	233467	-3	-	504
SA1G	fig 6666666.3236.peg.803	CDS	contig00017	234965	233967	-2	-	999
SA1G	fig 6666666.3236.peg.804	CDS	contig00017	235517	235050	-2	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.805	CDS	contig00017	235987	235517	-1	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.806	CDS	contig00017	237250	236141	-1	-	1110
SA1G	fig 6666666.3236.peg.807	CDS	contig00017	237947	237291	-2	-	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.808	CDS	contig00017	239069	237951	-2	-	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.809	CDS	contig00017	239520	239071	-3	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.810	CDS	contig00017	239689	241677	1	+	1989
SA1G	fig 6666666.3236.peg.811	CDS	contig00017	241762	242088	1	+	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.812	CDS	contig00017	246640	242192	-1	-	4449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.813	CDS	contig00017	248193	246943	-3	-	1251
SA1G	fig 6666666.3236.peg.814	CDS	contig00017	248593	249201	1	+	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.815	CDS	contig00017	249624	249295	-3	-	330
SA1G	fig 6666666.3236.peg.816	CDS	contig00017	250670	249702	-2	-	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.817	CDS	contig00017	251671	250667	-1	-	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.818	CDS	contig00017	253597	251759	-1	-	1839
SA1G	fig 6666666.3236.peg.819	CDS	contig00017	254687	253635	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.820	CDS	contig00017	255718	254690	-1	-	1029
SA1G	fig 6666666.3236.peg.821	CDS	contig00017	256179	256012	-3	-	168
SA1G	fig 6666666.3236.peg.822	CDS	contig00017	256947	256396	-3	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.823	CDS	contig00017	257170	258204	1	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.824	CDS	contig00017	258194	258871	2	+	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.825	CDS	contig00017	258910	259719	1	+	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.826	CDS	contig00017	259799	260512	2	+	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.827	CDS	contig00017	260661	262376	3	+	1716

SA1G	fig 6666666.3236.peg.828	CDS	contig00017	262754	264424	2	+	1671
SA1G	fig 6666666.3236.peg.829	CDS	contig00017	264415	265398	1	+	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.830	CDS	contig00017	265417	266199	1	+	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.831	CDS	contig00017	266340	266179	-3	-	162
SA1G	fig 6666666.3236.peg.832	CDS	contig00017	266408	266923	2	+	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.833	CDS	contig00017	266925	267512	3	+	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.834	CDS	contig00017	267881	268744	2	+	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.835	CDS	contig00017	268761	269063	3	+	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.836	CDS	contig00017	269074	269430	1	+	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.837	CDS	contig00017	269430	271133	3	+	1704
SA1G	fig 6666666.3236.peg.838	CDS	contig00017	271196	271687	2	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.839	CDS	contig00017	271699	272364	1	+	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.840	CDS	contig00017	272374	272994	1	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.841	CDS	contig00017	273582	273112	-3	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.842	CDS	contig00017	275155	273638	-1	-	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.843	CDS	contig00017	276090	275215	-3	-	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.844	CDS	contig00017	276824	276087	-2	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.845	CDS	contig00017	277052	278212	2	+	1161
SA1G	fig 6666666.3236.peg.846	CDS	contig00017	279149	278271	-2	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.847	CDS	contig00017	279442	280335	1	+	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.848	CDS	contig00017	280462	280668	1	+	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.849	CDS	contig00017	280668	280856	3	+	189
SA1G	fig 6666666.3236.peg.850	CDS	contig00017	282257	280956	-2	-	1302
SA1G	fig 6666666.3236.peg.851	CDS	contig00017	282794	283234	2	+	441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.852	CDS	contig00017	283234	284139	1	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.853	CDS	contig00017	284126	285193	2	+	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.854	CDS	contig00017	285738	285253	-3	-	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.855	CDS	contig00017	286170	285853	-3	-	318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.856	CDS	contig00017	286902	286408	-3	-	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.857	CDS	contig00017	287532	287017	-3	-	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.858	CDS	contig00017	291684	287773	-3	-	3912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.859	CDS	contig00017	292049	293536	2	+	1488
SA1G	fig 6666666.3236.peg.860	CDS	contig00017	293680	293844	1	+	165
SA1G	fig 6666666.3236.peg.861	CDS	contig00017	294479	293955	-2	-	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.862	CDS	contig00017	294674	294480	-2	-	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.863	CDS	contig00017	295351	294728	-1	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.864	CDS	contig00018	342	3506	3	+	3165
SA1G	fig 6666666.3236.peg.865	CDS	contig00018	4877	3591	-2	-	1287
SA1G	fig 6666666.3236.peg.866	CDS	contig00018	6073	4847	-1	-	1227
SA1G	fig 6666666.3236.peg.867	CDS	contig00018	6371	6760	2	+	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.868	CDS	contig00018	6788	7150	2	+	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.869	CDS	contig00018	7272	8129	3	+	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.870	CDS	contig00018	8815	8180	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.871	CDS	contig00018	9055	10215	1	+	1161
SA1G	fig 6666666.3236.peg.872	CDS	contig00018	10279	10596	1	+	318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.873	CDS	contig00018	10668	11708	3	+	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.874	CDS	contig00018	11957	12151	2	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.875	CDS	contig00018	13458	12127	-3	-	1332
SA1G	fig 6666666.3236.peg.876	CDS	contig00018	14573	13545	-2	-	1029

SA1G	fig 6666666.3236.peg.877	CDS	contig00018	14722	15405	1	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.878	CDS	contig00018	15398	16654	2	+	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.879	CDS	contig00018	17117	16695	-2	-	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.880	CDS	contig00018	19008	17548	-3	-	1461
SA1G	fig 6666666.3236.peg.881	CDS	contig00018	20850	19033	-3	-	1818
SA1G	fig 6666666.3236.peg.882	CDS	contig00018	22642	20843	-1	-	1800
SA1G	fig 6666666.3236.peg.883	CDS	contig00018	24245	22647	-2	-	1599
SA1G	fig 6666666.3236.peg.884	CDS	contig00018	24947	24402	-2	-	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.885	CDS	contig00018	26656	25019	-1	-	1638
SA1G	fig 6666666.3236.peg.886	CDS	contig00018	28274	26760	-2	-	1515
SA1G	fig 6666666.3236.peg.887	CDS	contig00018	29097	28264	-3	-	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.888	CDS	contig00018	29771	29121	-2	-	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.889	CDS	contig00018	31375	30071	-1	-	1305
SA1G	fig 6666666.3236.peg.890	CDS	contig00018	33047	31689	-2	-	1359
SA1G	fig 6666666.3236.peg.891	CDS	contig00018	33960	33253	-3	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.892	CDS	contig00018	34381	33995	-1	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.893	CDS	contig00018	35277	34825	-3	-	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.894	CDS	contig00018	35588	36178	2	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.895	CDS	contig00018	36603	37142	3	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.896	CDS	contig00018	37851	37198	-3	-	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.897	CDS	contig00018	38915	37854	-2	-	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.898	CDS	contig00018	39960	38941	-3	-	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.899	CDS	contig00018	41077	39950	-1	-	1128
SA1G	fig 6666666.3236.peg.900	CDS	contig00018	41344	42351	1	+	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.901	CDS	contig00018	43627	42506	-1	-	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.902	CDS	contig00018	44509	43730	-1	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.903	CDS	contig00018	44726	45178	2	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.904	CDS	contig00018	46281	45232	-3	-	1050
SA1G	fig 6666666.3236.peg.905	CDS	contig00018	47185	46412	-1	-	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.906	CDS	contig00018	47777	47211	-2	-	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.907	CDS	contig00018	49164	47812	-3	-	1353
SA1G	fig 6666666.3236.peg.908	CDS	contig00018	50209	49175	-1	-	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.909	CDS	contig00018	50672	50226	-2	-	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.910	CDS	contig00018	51358	50672	-1	-	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.911	CDS	contig00018	51758	51348	-2	-	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.912	CDS	contig00018	52238	51936	-2	-	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.913	CDS	contig00018	53487	52351	-3	-	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.914	CDS	contig00018	55094	53505	-2	-	1590
SA1G	fig 6666666.3236.peg.915	CDS	contig00018	56486	55473	-2	-	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.916	CDS	contig00018	57138	56515	-3	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.917	CDS	contig00018	57765	57244	-3	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.918	CDS	contig00018	59693	57918	-2	-	1776
SA1G	fig 6666666.3236.peg.919	CDS	contig00018	60080	60808	2	+	729
SA1G	fig 6666666.3236.peg.920	CDS	contig00018	60845	61819	2	+	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.921	CDS	contig00018	61899	62669	3	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.922	CDS	contig00018	62778	64286	3	+	1509
SA1G	fig 6666666.3236.peg.923	CDS	contig00018	64290	65255	3	+	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.924	CDS	contig00018	65807	65361	-2	-	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.925	CDS	contig00018	66054	65809	-3	-	246

SA1G	fig 6666666.3236.peg.926	CDS	contig00018	66530	66051	-2	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.927	CDS	contig00018	67532	66543	-2	-	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.928	CDS	contig00018	67916	68794	2	+	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.929	CDS	contig00018	69118	68783	-1	-	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.930	CDS	contig00018	70559	69129	-2	-	1431
SA1G	fig 6666666.3236.peg.931	CDS	contig00018	70602	70721	3	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.932	CDS	contig00018	72883	70853	-1	-	2031
SA1G	fig 6666666.3236.peg.933	CDS	contig00019	1579	110	-1	-	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.934	CDS	contig00019	2238	3572	3	+	1335
SA1G	fig 6666666.3236.peg.935	CDS	contig00019	3693	5831	3	+	2139
SA1G	fig 6666666.3236.peg.936	CDS	contig00019	5908	6777	1	+	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.937	CDS	contig00019	7095	8480	3	+	1386
SA1G	fig 6666666.3236.peg.938	CDS	contig00019	9600	8527	-3	-	1074
SA1G	fig 6666666.3236.peg.939	CDS	contig00019	10649	9600	-2	-	1050
SA1G	fig 6666666.3236.peg.940	CDS	contig00019	11018	11644	2	+	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.941	CDS	contig00019	12624	11689	-3	-	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.942	CDS	contig00019	14451	12694	-3	-	1758
SA1G	fig 6666666.3236.peg.943	CDS	contig00019	16527	14560	-3	-	1968
SA1G	fig 6666666.3236.peg.944	CDS	contig00019	17240	16617	-2	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.945	CDS	contig00019	18468	17332	-3	-	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.946	CDS	contig00019	19382	18468	-2	-	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.947	CDS	contig00019	20680	19382	-1	-	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.948	CDS	contig00019	21926	20793	-2	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.949	CDS	contig00019	23977	22349	-1	-	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.950	CDS	contig00019	24473	25402	2	+	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.951	CDS	contig00020	35	589	2	+	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.952	CDS	contig00020	953	630	-2	-	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.953	CDS	contig00020	2638	1190	-1	-	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.954	CDS	contig00020	3591	2665	-3	-	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.955	CDS	contig00020	4099	3740	-1	-	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.956	CDS	contig00020	5172	4108	-3	-	1065
SA1G	fig 6666666.3236.peg.957	CDS	contig00020	5564	7192	2	+	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.958	CDS	contig00020	8644	7538	-1	-	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.959	CDS	contig00020	8870	10006	2	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.960	CDS	contig00020	10165	10449	1	+	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.961	CDS	contig00020	11151	10540	-3	-	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.962	CDS	contig00020	11501	12373	2	+	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.963	CDS	contig00020	12428	13876	2	+	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.964	CDS	contig00020	14096	14635	2	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.965	CDS	contig00020	14904	16082	3	+	1179
SA1G	fig 6666666.3236.peg.966	CDS	contig00020	16294	16833	1	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.967	CDS	contig00020	17061	18671	3	+	1611
SA1G	fig 6666666.3236.peg.968	CDS	contig00020	18767	19405	2	+	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.969	CDS	contig00020	20920	19451	-1	-	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.970	CDS	contig00020	21445	22506	1	+	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.971	CDS	contig00020	22634	23353	2	+	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.972	CDS	contig00020	23447	24352	2	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.973	CDS	contig00020	24345	24986	3	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.974	CDS	contig00020	25019	26011	2	+	993

SA1G	fig 6666666.3236.peg.975	CDS	contig00020	26069	26575	2	+	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.976	CDS	contig00020	26596	27855	1	+	1260
SA1G	fig 6666666.3236.peg.977	CDS	contig00020	27867	29015	3	+	1149
SA1G	fig 6666666.3236.peg.978	CDS	contig00020	29018	30709	2	+	1692
SA1G	fig 6666666.3236.peg.979	CDS	contig00020	30706	31611	1	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.980	CDS	contig00020	31790	32041	2	+	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.981	CDS	contig00020	32250	32098	-3	-	153
SA1G	fig 6666666.3236.peg.982	CDS	contig00020	32773	32396	-1	-	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.983	CDS	contig00020	33006	32800	-3	-	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.984	CDS	contig00020	33013	33279	1	+	267
SA1G	fig 6666666.3236.peg.985	CDS	contig00020	34113	33271	-3	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.986	CDS	contig00020	34350	35246	3	+	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.987	CDS	contig00020	35430	35615	3	+	186
SA1G	fig 6666666.3236.peg.988	CDS	contig00020	35958	37472	3	+	1515
SA1G	fig 6666666.3236.peg.989	CDS	contig00020	38659	37538	-1	-	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.990	CDS	contig00020	39825	38944	-3	-	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.991	CDS	contig00020	40718	39906	-2	-	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.992	CDS	contig00020	40897	41847	1	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.993	CDS	contig00020	42299	41874	-2	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.994	CDS	contig00020	42446	42748	2	+	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.995	CDS	contig00020	44098	42860	-1	-	1239
SA1G	fig 6666666.3236.peg.996	CDS	contig00020	45520	44195	-1	-	1326
SA1G	fig 6666666.3236.peg.997	CDS	contig00020	46900	45728	-1	-	1173
SA1G	fig 6666666.3236.peg.998	CDS	contig00020	47553	46912	-3	-	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.999	CDS	contig00020	47762	48766	2	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1000	CDS	contig00020	50051	48816	-2	-	1236
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1001	CDS	contig00020	50130	50273	3	+	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1002	CDS	contig00020	50281	51189	1	+	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1003	CDS	contig00020	52045	51167	-1	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1004	CDS	contig00020	52145	52507	2	+	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1005	CDS	contig00020	53197	52562	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1006	CDS	contig00020	53527	54507	1	+	981
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1007	CDS	contig00020	55035	54661	-3	-	375
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1008	CDS	contig00020	55608	56522	3	+	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1009	CDS	contig00020	57916	56711	-1	-	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1010	CDS	contig00020	58122	59009	3	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1011	CDS	contig00020	59044	59883	1	+	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1012	CDS	contig00020	61404	60157	-3	-	1248
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1013	CDS	contig00020	62963	61506	-2	-	1458
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1014	CDS	contig00020	63610	63002	-1	-	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1015	CDS	contig00020	65152	63758	-1	-	1395
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1016	CDS	contig00020	66191	65448	-2	-	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1017	CDS	contig00020	66413	67486	2	+	1074
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1018	CDS	contig00020	67486	68547	1	+	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1019	CDS	contig00020	68547	71609	3	+	3063
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1020	CDS	contig00020	72415	71702	-1	-	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1021	CDS	contig00020	72663	74612	3	+	1950
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1022	CDS	contig00020	74810	77446	2	+	2637
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1023	CDS	contig00020	77669	78085	2	+	417

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1024 CDS	contig00020	78946	78227	-1	-	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1025 CDS	contig00020	80325	79123	-3	-	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1026 CDS	contig00020	80501	81382	2	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1027 CDS	contig00020	81410	82309	2	+	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1028 CDS	contig00020	82575	82387	-3	-	189
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1029 CDS	contig00020	83480	82665	-2	-	816
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1030 CDS	contig00020	83626	84054	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1031 CDS	contig00020	84117	84896	3	+	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1032 CDS	contig00020	84906	87290	3	+	2385
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1033 CDS	contig00020	87555	87388	-3	-	168
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1034 CDS	contig00020	88142	87612	-2	-	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1035 CDS	contig00020	88383	89684	3	+	1302
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1036 CDS	contig00020	91656	89665	-3	-	1992
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1037 CDS	contig00020	92234	91653	-2	-	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1038 CDS	contig00020	94420	92237	-1	-	2184
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1039 CDS	contig00020	94979	95422	2	+	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1040 CDS	contig00020	95436	96833	3	+	1398
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1041 CDS	contig00020	96884	98155	2	+	1272
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1042 CDS	contig00020	98214	98732	3	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1043 CDS	contig00020	98742	99476	3	+	735
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1044 CDS	contig00020	99486	100232	3	+	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1045 CDS	contig00020	101528	100320	-2	-	1209
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1046 CDS	contig00020	102102	102875	3	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1047 CDS	contig00020	103390	102929	-1	-	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1048 CDS	contig00020	103678	104211	1	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1049 CDS	contig00020	104230	105957	1	+	1728
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1050 CDS	contig00020	107500	106025	-1	-	1476
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1051 CDS	contig00020	108685	107765	-1	-	921
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1052 CDS	contig00020	111830	108708	-2	-	3123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1053 CDS	contig00020	113110	112022	-1	-	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1054 CDS	contig00020	113537	113103	-2	-	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1055 CDS	contig00020	114270	113509	-3	-	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1056 CDS	contig00020	114839	114303	-2	-	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1057 CDS	contig00020	115371	114829	-3	-	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1058 CDS	contig00020	116571	115726	-3	-	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1059 CDS	contig00020	117187	116573	-1	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1060 CDS	contig00020	119570	117198	-2	-	2373
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1061 CDS	contig00020	119972	120556	2	+	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1062 CDS	contig00020	120556	121113	1	+	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1063 CDS	contig00020	122286	121192	-3	-	1095
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1064 CDS	contig00020	124208	122454	-2	-	1755
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1065 CDS	contig00020	125436	124369	-3	-	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1066 CDS	contig00020	125716	126330	1	+	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1067 CDS	contig00020	126452	127441	2	+	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1068 CDS	contig00020	129334	127487	-1	-	1848
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1069 CDS	contig00020	131058	129502	-3	-	1557
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1070 CDS	contig00020	131535	132905	3	+	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1071 CDS	contig00020	133592	132984	-2	-	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1072 CDS	contig00020	134232	133585	-3	-	648

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1073 CDS	contig00020	135832	134246	-1	-	1587
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1074 CDS	contig00020	137070	135925	-3	-	1146
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1075 CDS	contig00020	137988	137311	-3	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1076 CDS	contig00020	138777	138004	-3	-	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1077 CDS	contig00020	140570	138774	-2	-	1797
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1078 CDS	contig00020	141583	140600	-1	-	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1079 CDS	contig00020	141988	143685	1	+	1698
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1080 CDS	contig00020	143695	144312	1	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1081 CDS	contig00020	144406	145080	1	+	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1082 CDS	contig00020	145158	146093	3	+	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1083 CDS	contig00020	148569	146161	-3	-	2409
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1084 CDS	contig00020	149017	150900	1	+	1884
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1085 CDS	contig00020	151152	151436	3	+	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1086 CDS	contig00020	151471	151899	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1087 CDS	contig00020	152376	151891	-3	-	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1088 CDS	contig00020	152568	153518	3	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1089 CDS	contig00020	153523	154449	1	+	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1090 CDS	contig00020	154446	155546	3	+	1101
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1091 CDS	contig00020	155997	156119	3	+	123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1092 CDS	contig00020	156854	156195	-2	-	660
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1093 CDS	contig00020	157073	158242	2	+	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1094 CDS	contig00020	158318	158854	2	+	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1095 CDS	contig00020	159051	159980	3	+	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1096 CDS	contig00020	160835	159984	-2	-	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1097 CDS	contig00020	162049	160946	-1	-	1104
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1098 CDS	contig00020	162442	162062	-1	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1099 CDS	contig00020	163743	162631	-3	-	1113
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1100 CDS	contig00020	164075	165541	2	+	1467
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1101 CDS	contig00020	165886	167370	1	+	1485
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1102 CDS	contig00020	167555	167905	2	+	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1103 CDS	contig00020	168621	167914	-3	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1104 CDS	contig00020	168809	169294	2	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1105 CDS	contig00020	169585	169854	1	+	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1106 CDS	contig00020	169870	171126	1	+	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1107 CDS	contig00020	171123	171572	3	+	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1108 CDS	contig00020	172645	171665	-1	-	981
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1109 CDS	contig00020	173079	172966	-3	-	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1110 CDS	contig00020	173124	173951	3	+	828
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1111 CDS	contig00020	174116	174352	2	+	237
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1112 CDS	contig00020	174832	174413	-1	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1113 CDS	contig00020	176142	175021	-3	-	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1114 CDS	contig00020	176921	176118	-2	-	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1115 CDS	contig00020	177157	176948	-1	-	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1116 CDS	contig00020	178156	177233	-1	-	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1117 CDS	contig00020	181518	178174	-3	-	3345
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1118 CDS	contig00020	182325	181522	-3	-	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1119 CDS	contig00020	182860	185196	1	+	2337
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1120 CDS	contig00020	185208	187376	3	+	2169
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1121 CDS	contig00020	187376	187600	2	+	225

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1122 CDS	contig00020	187587	189647	3	+	2061
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1123 CDS	contig00020	189640	190089	1	+	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1124 CDS	contig00020	190082	191137	2	+	1056
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1125 CDS	contig00020	193144	191123	-1	-	2022
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1126 CDS	contig00020	194263	193232	-1	-	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1127 CDS	contig00020	194819	195766	2	+	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1128 CDS	contig00020	197237	195849	-2	-	1389
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1129 CDS	contig00020	199889	197592	-2	-	2298
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1130 CDS	contig00020	200417	201889	2	+	1473
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1131 CDS	contig00020	202943	202005	-2	-	939
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1132 CDS	contig00020	203267	203758	2	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1133 CDS	contig00020	204009	203788	-3	-	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1134 CDS	contig00020	204409	204603	1	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1135 CDS	contig00020	205056	204670	-3	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1136 CDS	contig00020	205445	205651	2	+	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1137 CDS	contig00020	205742	206464	2	+	723
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1138 CDS	contig00020	206619	208121	3	+	1503
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1139 CDS	contig00020	208358	208921	2	+	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1140 CDS	contig00020	209012	208890	-2	-	123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1141 CDS	contig00020	209083	209808	1	+	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1142 CDS	contig00020	210058	211260	1	+	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1143 CDS	contig00020	212755	211367	-1	-	1389
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1144 CDS	contig00020	213058	214506	1	+	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1145 CDS	contig00020	214585	215316	1	+	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1146 CDS	contig00020	216537	215332	-3	-	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1147 CDS	contig00020	216801	217439	3	+	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1148 CDS	contig00020	217477	218370	1	+	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1149 CDS	contig00020	218461	220386	1	+	1926
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1150 CDS	contig00020	220535	222310	2	+	1776
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1151 CDS	contig00020	222303	223214	3	+	912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1152 CDS	contig00020	223214	224974	2	+	1761
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1153 CDS	contig00020	225003	226301	3	+	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1154 CDS	contig00020	226404	228578	3	+	2175
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1155 CDS	contig00020	228762	229685	3	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1156 CDS	contig00020	229695	230147	3	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1157 CDS	contig00020	230384	231634	2	+	1251
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1158 CDS	contig00020	232050	233681	3	+	1632
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1159 CDS	contig00020	234144	235769	3	+	1626
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1160 CDS	contig00020	236751	235873	-3	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1161 CDS	contig00020	237426	236902	-3	-	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1162 CDS	contig00020	238564	237644	-1	-	921
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1163 CDS	contig00020	238673	238984	2	+	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1164 CDS	contig00020	239007	239480	3	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1165 CDS	contig00020	240838	239498	-1	-	1341
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1166 CDS	contig00020	241523	240843	-2	-	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1167 CDS	contig00020	242007	241627	-3	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1168 CDS	contig00020	242202	242867	3	+	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1169 CDS	contig00020	242873	244261	2	+	1389
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1170 CDS	contig00020	244545	245528	3	+	984



SA1G	fig 6666666.3236.peg.1171 CDS	contig00020	245538	246080	3	+	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1172 CDS	contig00020	246170	247801	2	+	1632
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1173 CDS	contig00020	247798	248580	1	+	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1174 CDS	contig00020	248581	249222	1	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1175 CDS	contig00020	251786	249327	-2	-	2460
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1176 CDS	contig00020	252890	251799	-2	-	1092
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1177 CDS	contig00020	253250	255352	2	+	2103
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1178 CDS	contig00020	255463	256230	1	+	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1179 CDS	contig00020	256232	257587	2	+	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1180 CDS	contig00020	257587	258096	1	+	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1181 CDS	contig00020	258093	258497	3	+	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1182 CDS	contig00020	258497	259117	2	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1183 CDS	contig00020	259114	260295	1	+	1182
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1184 CDS	contig00020	260824	260345	-1	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1185 CDS	contig00020	261076	262212	1	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1186 CDS	contig00020	262616	262257	-2	-	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1187 CDS	contig00020	262964	263113	2	+	150
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1188 CDS	contig00020	263767	263165	-1	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1189 CDS	contig00020	264860	263922	-2	-	939
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1190 CDS	contig00020	266109	265141	-3	-	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1191 CDS	contig00020	267357	266191	-3	-	1167
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1192 CDS	contig00020	267519	268919	3	+	1401
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1193 CDS	contig00020	269049	270677	3	+	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1194 CDS	contig00020	270777	271463	3	+	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1195 CDS	contig00020	271451	272875	2	+	1425
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1196 CDS	contig00020	274481	272943	-2	-	1539
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1197 CDS	contig00020	275965	274523	-1	-	1443
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1198 CDS	contig00020	276920	276078	-2	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1199 CDS	contig00020	277462	278352	1	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1200 CDS	contig00020	278522	279490	2	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1201 CDS	contig00020	279459	279779	3	+	321
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1202 CDS	contig00020	280132	280344	1	+	213
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1203 CDS	contig00020	280585	280788	1	+	204
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1204 CDS	contig00020	280797	281582	3	+	786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1205 CDS	contig00020	281593	282915	1	+	1323
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1206 CDS	contig00020	282912	283448	3	+	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1207 CDS	contig00020	283450	284667	1	+	1218
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1208 CDS	contig00020	284670	285956	3	+	1287
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1209 CDS	contig00020	285953	286876	2	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1210 CDS	contig00020	286876	287757	1	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1211 CDS	contig00020	287747	288490	2	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1212 CDS	contig00020	288495	288983	3	+	489
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1213 CDS	contig00020	288967	289506	1	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1214 CDS	contig00020	289508	290779	2	+	1272
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1215 CDS	contig00020	290819	291562	2	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1216 CDS	contig00020	291737	292318	2	+	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1217 CDS	contig00020	292320	292715	3	+	396
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1218 CDS	contig00020	294944	292734	-2	-	2211
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1219 CDS	contig00020	295358	294963	-2	-	396

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1220 CDS	contig00020	295744	296598	1	+	855
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1221 CDS	contig00020	296664	298178	3	+	1515
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1222 CDS	contig00020	301057	298226	-1	-	2832
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1223 CDS	contig00020	302073	301054	-3	-	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1224 CDS	contig00020	302406	303173	3	+	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1225 CDS	contig00020	303351	304898	3	+	1548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1226 CDS	contig00020	306049	304928	-1	-	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1227 CDS	contig00020	306274	306471	1	+	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1228 CDS	contig00020	306558	307646	3	+	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1229 CDS	contig00020	309374	307668	-2	-	1707
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1230 CDS	contig00020	309710	309889	2	+	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1231 CDS	contig00020	310047	311864	3	+	1818
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1232 CDS	contig00020	313070	311907	-2	-	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1233 CDS	contig00020	314619	313348	-3	-	1272
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1234 CDS	contig00020	315983	314616	-2	-	1368
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1235 CDS	contig00020	317632	315980	-1	-	1653
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1236 CDS	contig00020	317928	322088	3	+	4161
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1237 CDS	contig00020	323393	322164	-2	-	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1238 CDS	contig00020	323908	323528	-1	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1239 CDS	contig00020	324460	325248	1	+	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1240 CDS	contig00020	325532	325885	2	+	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1241 CDS	contig00020	325993	327348	1	+	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1242 CDS	contig00020	327942	327382	-3	-	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1243 CDS	contig00020	328186	329604	1	+	1419
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1244 CDS	contig00020	330742	329642	-1	-	1101
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1245 CDS	contig00020	333085	331169	-1	-	1917
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1246 CDS	contig00020	333710	333093	-2	-	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1247 CDS	contig00020	334155	333826	-3	-	330
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1248 CDS	contig00020	334721	334314	-2	-	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1249 CDS	contig00020	334919	335281	2	+	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1250 CDS	contig00020	336477	335329	-3	-	1149
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1251 CDS	contig00020	337807	336551	-1	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1252 CDS	contig00020	338459	337782	-2	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1253 CDS	contig00020	338529	339410	3	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1254 CDS	contig00020	339553	340461	1	+	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1255 CDS	contig00020	340625	340464	-2	-	162
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1256 CDS	contig00020	341103	342008	3	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1257 CDS	contig00020	343029	342019	-3	-	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1258 CDS	contig00020	343272	344231	3	+	960
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1259 CDS	contig00021	42	440	3	+	399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1260 CDS	contig00022	1749	28	-3	-	1722
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1261 CDS	contig00022	3514	1742	-1	-	1773
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1262 CDS	contig00022	4633	3668	-1	-	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1263 CDS	contig00022	5898	4780	-3	-	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1264 CDS	contig00022	6055	6546	1	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1265 CDS	contig00022	6769	10206	1	+	3438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1266 CDS	contig00022	10234	10830	1	+	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1267 CDS	contig00022	10864	12210	1	+	1347
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1268 CDS	contig00022	12332	13639	2	+	1308

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1269 CDS	contig00022	14162	13728	-2	-	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1270 CDS	contig00022	14658	14335	-3	-	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1271 CDS	contig00022	14841	16145	3	+	1305
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1272 CDS	contig00022	17102	16227	-2	-	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1273 CDS	contig00022	18292	17297	-1	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1274 CDS	contig00022	18629	19036	2	+	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1275 CDS	contig00022	19941	19099	-3	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1276 CDS	contig00022	20065	20349	1	+	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1277 CDS	contig00022	20496	20645	3	+	150
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1278 CDS	contig00022	21527	20667	-2	-	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1279 CDS	contig00022	22110	24785	3	+	2676
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1280 CDS	contig00022	25644	24973	-3	-	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1281 CDS	contig00022	26373	25867	-3	-	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1282 CDS	contig00022	27160	26576	-1	-	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1283 CDS	contig00022	27395	27730	2	+	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1284 CDS	contig00022	29115	27796	-3	-	1320
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1285 CDS	contig00022	30612	29284	-3	-	1329
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1286 CDS	contig00022	31327	30659	-1	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1287 CDS	contig00022	31514	32392	2	+	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1288 CDS	contig00022	32878	32444	-1	-	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1289 CDS	contig00022	33437	33021	-2	-	417
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1290 CDS	contig00022	34097	33462	-2	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1291 CDS	contig00022	34839	34156	-3	-	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1292 CDS	contig00022	35471	34839	-2	-	633
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1293 CDS	contig00022	36471	35476	-3	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1294 CDS	contig00023	1382	246	-2	-	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1295 CDS	contig00023	1761	1489	-3	-	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1296 CDS	contig00023	2816	1764	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1297 CDS	contig00023	3061	3777	1	+	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1298 CDS	contig00023	3861	4781	3	+	921
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1299 CDS	contig00023	6247	5087	-1	-	1161
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1300 CDS	contig00023	6847	6251	-1	-	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1301 CDS	contig00023	7289	6858	-2	-	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1302 CDS	contig00023	7645	7358	-1	-	288
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1303 CDS	contig00023	8207	7653	-2	-	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1304 CDS	contig00023	9074	8256	-2	-	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1305 CDS	contig00023	9867	9157	-3	-	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1306 CDS	contig00023	9891	10928	3	+	1038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1307 CDS	contig00023	10931	12037	2	+	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1308 CDS	contig00023	12602	12177	-2	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1309 CDS	contig00023	13162	12599	-1	-	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1310 CDS	contig00023	14222	13275	-2	-	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1311 CDS	contig00023	14967	14236	-3	-	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1312 CDS	contig00023	15745	15041	-1	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1313 CDS	contig00023	16337	15837	-2	-	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1314 CDS	contig00023	17656	16502	-1	-	1155
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1315 CDS	contig00023	18021	20015	3	+	1995
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1316 CDS	contig00023	20161	21180	1	+	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1317 CDS	contig00023	21347	22510	2	+	1164

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1318 CDS	contig00023	22666	23742	1	+	1077
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1319 CDS	contig00023	25228	23987	-1	-	1242
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1320 CDS	contig00023	26021	25317	-2	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1321 CDS	contig00023	26311	27624	1	+	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1322 CDS	contig00023	28257	27739	-3	-	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1323 CDS	contig00023	28403	29299	2	+	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1324 CDS	contig00023	29374	30150	1	+	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1325 CDS	contig00023	30221	31960	2	+	1740
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1326 CDS	contig00023	32582	33328	2	+	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1327 CDS	contig00023	33342	34847	3	+	1506
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1328 CDS	contig00023	35235	36572	3	+	1338
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1329 CDS	contig00023	37295	36627	-2	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1330 CDS	contig00023	37893	38405	3	+	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1331 CDS	contig00023	38600	40705	2	+	2106
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1332 CDS	contig00023	40711	41508	1	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1333 CDS	contig00023	41521	42372	1	+	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1334 CDS	contig00023	42456	43307	3	+	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1335 CDS	contig00024	1185	58	-3	-	1128
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1336 CDS	contig00024	1318	1554	1	+	237
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1337 CDS	contig00024	2799	1564	-3	-	1236
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1338 CDS	contig00024	4029	3532	-3	-	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1339 CDS	contig00024	5130	4174	-3	-	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1340 CDS	contig00024	5519	6688	2	+	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1341 CDS	contig00024	7046	6750	-2	-	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1342 CDS	contig00024	7720	7208	-1	-	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1343 CDS	contig00024	7973	10003	2	+	2031
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1344 CDS	contig00024	10003	10473	1	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1345 CDS	contig00024	10564	11751	1	+	1188
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1346 CDS	contig00024	11816	12466	2	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1347 CDS	contig00025	1173	28	-3	-	1146
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1348 CDS	contig00025	1407	1565	3	+	159
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1349 CDS	contig00025	1589	2479	2	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1350 CDS	contig00025	2543	2839	2	+	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1351 CDS	contig00025	3221	2961	-2	-	261
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1352 CDS	contig00025	3543	5003	3	+	1461
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1353 CDS	contig00025	5094	6026	3	+	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1354 CDS	contig00025	6063	8921	3	+	2859
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1355 CDS	contig00025	8921	9436	2	+	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1356 CDS	contig00025	9508	9936	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1357 CDS	contig00025	9961	10905	1	+	945
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1358 CDS	contig00025	10978	11787	1	+	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1359 CDS	contig00025	12085	12201	1	+	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1360 CDS	contig00025	12382	13539	1	+	1158
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1361 CDS	contig00025	13557	16787	3	+	3231
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1362 CDS	contig00025	18333	16927	-3	-	1407
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1363 CDS	contig00025	19459	18476	-1	-	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1364 CDS	contig00025	20045	20518	2	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1365 CDS	contig00025	20914	20618	-1	-	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1366 CDS	contig00025	21033	21662	3	+	630

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1367 CDS	contig00025	21748	23721	1	+	1974
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1368 CDS	contig00025	23790	24626	3	+	837
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1369 CDS	contig00025	24674	26011	2	+	1338
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1370 CDS	contig00025	26163	26495	3	+	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1371 CDS	contig00025	26900	27355	2	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1372 CDS	contig00025	27373	28860	1	+	1488
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1373 CDS	contig00025	28885	31566	1	+	2682
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1374 CDS	contig00025	31679	32086	2	+	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1375 CDS	contig00025	32086	33036	1	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1376 CDS	contig00025	33199	33468	1	+	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1377 CDS	contig00025	33807	35936	3	+	2130
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1378 CDS	contig00025	36057	37040	3	+	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1379 CDS	contig00025	37993	37115	-1	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1380 CDS	contig00025	39004	38003	-1	-	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1381 CDS	contig00025	41249	39222	-2	-	2028
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1382 CDS	contig00025	41457	41975	3	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1383 CDS	contig00025	41965	42468	1	+	504
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1384 CDS	contig00025	42988	42521	-1	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1385 CDS	contig00025	43199	43600	2	+	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1386 CDS	contig00025	43590	44036	3	+	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1387 CDS	contig00025	44133	45713	3	+	1581
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1388 CDS	contig00025	45859	45972	1	+	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1389 CDS	contig00025	45972	46748	3	+	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1390 CDS	contig00025	46947	48203	3	+	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1391 CDS	contig00025	48489	48659	3	+	171
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1392 CDS	contig00025	48936	49712	3	+	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1393 CDS	contig00025	49828	51159	1	+	1332
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1394 CDS	contig00025	51170	52390	2	+	1221
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1395 CDS	contig00025	52461	53177	3	+	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1396 CDS	contig00025	53837	53241	-2	-	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1397 CDS	contig00025	53972	54940	2	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1398 CDS	contig00025	55200	55424	3	+	225
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1399 CDS	contig00025	55436	55873	2	+	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1400 CDS	contig00025	55881	56693	3	+	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1401 CDS	contig00025	56697	58007	3	+	1311
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1402 CDS	contig00025	58004	58474	2	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1403 CDS	contig00025	58524	59762	3	+	1239
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1404 CDS	contig00025	59769	61055	3	+	1287
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1405 CDS	contig00025	61058	61975	2	+	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1406 CDS	contig00025	61975	62847	1	+	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1407 CDS	contig00025	62840	63580	2	+	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1408 CDS	contig00025	63589	64074	1	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1409 CDS	contig00025	64049	64597	2	+	549
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1410 CDS	contig00025	64600	65994	1	+	1395
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1411 CDS	contig00025	66010	66669	1	+	660
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1412 CDS	contig00025	67545	66724	-3	-	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1413 CDS	contig00025	69036	67693	-3	-	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1414 CDS	contig00025	69719	69039	-2	-	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1415 CDS	contig00025	72178	69833	-1	-	2346

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1416 CDS	contig00025	72300	73682	3	+	1383
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1417 CDS	contig00025	73878	75965	3	+	2088
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1418 CDS	contig00025	76261	76031	-1	-	231
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1419 CDS	contig00025	77644	76367	-1	-	1278
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1420 CDS	contig00025	78903	77656	-3	-	1248
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1421 CDS	contig00025	81020	79344	-2	-	1677
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1422 CDS	contig00025	83793	81229	-3	-	2565
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1423 CDS	contig00025	83901	84398	3	+	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1424 CDS	contig00025	84539	85585	2	+	1047
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1425 CDS	contig00025	85828	88407	1	+	2580
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1426 CDS	contig00025	88420	89589	1	+	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1427 CDS	contig00025	89671	89868	1	+	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1428 CDS	contig00026	1136	57	-2	-	1080
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1429 CDS	contig00026	1531	1145	-1	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1430 CDS	contig00026	2432	1524	-2	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1431 CDS	contig00026	2802	4019	3	+	1218
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1432 CDS	contig00026	4206	4631	3	+	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1433 CDS	contig00026	5521	4712	-1	-	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1434 CDS	contig00026	6705	5605	-3	-	1101
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1435 CDS	contig00026	7279	6896	-1	-	384
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1436 CDS	contig00026	7432	8772	1	+	1341
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1437 CDS	contig00026	9207	8854	-3	-	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1438 CDS	contig00026	11436	9418	-3	-	2019
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1439 CDS	contig00026	15055	11429	-1	-	3627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1440 CDS	contig00026	18774	15355	-3	-	3420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1441 CDS	contig00026	19845	18856	-3	-	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1442 CDS	contig00026	19981	20856	1	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1443 CDS	contig00026	21523	20888	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1444 CDS	contig00026	21715	22005	1	+	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1445 CDS	contig00026	22223	23254	2	+	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1446 CDS	contig00026	23371	23559	1	+	189
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1447 CDS	contig00026	24510	23578	-3	-	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1448 CDS	contig00026	24620	25771	2	+	1152
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1449 CDS	contig00026	26190	25813	-3	-	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1450 CDS	contig00026	26348	26863	2	+	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1451 CDS	contig00026	26841	27461	3	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1452 CDS	contig00026	27461	28768	2	+	1308
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1453 CDS	contig00026	28758	29165	3	+	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1454 CDS	contig00027	960	181	-3	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1455 CDS	contig00027	2412	1054	-3	-	1359
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1456 CDS	contig00027	4126	2564	-1	-	1563
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1457 CDS	contig00027	6521	4302	-2	-	2220
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1458 CDS	contig00027	7465	6620	-1	-	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1459 CDS	contig00027	7570	8121	1	+	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1460 CDS	contig00027	8203	8976	1	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1461 CDS	contig00027	9467	9018	-2	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1462 CDS	contig00027	9736	9467	-1	-	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1463 CDS	contig00027	10700	12055	2	+	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1464 CDS	contig00027	12088	12393	1	+	306

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1465 CDS	contig00027	12433	13842	1	+	1410
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1466 CDS	contig00027	13869	14627	3	+	759
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1467 CDS	contig00027	14634	14804	3	+	171
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1468 CDS	contig00027	14816	15139	2	+	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1469 CDS	contig00027	15209	16213	2	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1470 CDS	contig00027	16473	17750	3	+	1278
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1471 CDS	contig00027	18125	17817	-2	-	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1472 CDS	contig00027	19166	18129	-2	-	1038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1473 CDS	contig00027	19251	19583	3	+	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1474 CDS	contig00027	19585	20364	1	+	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1475 CDS	contig00027	21232	20429	-1	-	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1476 CDS	contig00027	21439	22164	1	+	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1477 CDS	contig00027	22272	22778	3	+	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1478 CDS	contig00027	22765	24024	1	+	1260
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1479 CDS	contig00027	24059	24442	2	+	384
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1480 CDS	contig00027	24567	24890	3	+	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1481 CDS	contig00027	24906	25421	3	+	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1482 CDS	contig00027	25460	27310	2	+	1851
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1483 CDS	contig00027	27313	27651	1	+	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1484 CDS	contig00027	27775	27975	1	+	201
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1485 CDS	contig00027	28206	29492	3	+	1287
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1486 CDS	contig00027	29776	30210	1	+	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1487 CDS	contig00027	30451	31569	1	+	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1488 CDS	contig00027	31600	32370	1	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1489 CDS	contig00027	32351	33265	2	+	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1490 CDS	contig00027	33278	34396	2	+	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1491 CDS	contig00027	34435	35703	1	+	1269
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1492 CDS	contig00027	35715	36326	3	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1493 CDS	contig00027	36337	37494	1	+	1158
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1494 CDS	contig00027	37676	39178	2	+	1503
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1495 CDS	contig00027	39258	40133	3	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1496 CDS	contig00027	40451	40684	2	+	234
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1497 CDS	contig00027	42026	40677	-2	-	1350
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1498 CDS	contig00027	42235	43698	1	+	1464
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1499 CDS	contig00027	43918	45471	1	+	1554
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1500 CDS	contig00027	45747	47306	3	+	1560
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1501 CDS	contig00027	48015	47380	-3	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1502 CDS	contig00027	49352	48075	-2	-	1278
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1503 CDS	contig00027	49758	49378	-3	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1504 CDS	contig00027	50055	51359	3	+	1305
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1505 CDS	contig00027	52270	51428	-1	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1506 CDS	contig00027	52613	52488	-2	-	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1507 CDS	contig00028	223	104	-1	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1508 CDS	contig00028	301	2112	1	+	1812
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1509 CDS	contig00028	2278	2153	-1	-	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1510 CDS	contig00028	2592	3341	3	+	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1511 CDS	contig00028	3529	5424	1	+	1896
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1512 CDS	contig00028	6384	5425	-3	-	960
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1513 CDS	contig00028	7052	6381	-2	-	672

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1514 CDS	contig00028	10570	7049	-1	-	3522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1515 CDS	contig00028	11414	10581	-2	-	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1516 CDS	contig00028	12738	11416	-3	-	1323
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1517 CDS	contig00028	13241	12750	-2	-	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1518 CDS	contig00028	14588	13278	-2	-	1311
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1519 CDS	contig00028	14720	14592	-2	-	129
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1520 CDS	contig00028	16291	14723	-1	-	1569
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1521 CDS	contig00028	18879	16297	-3	-	2583
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1522 CDS	contig00028	19916	18876	-2	-	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1523 CDS	contig00028	21630	20140	-3	-	1491
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1524 CDS	contig00028	22052	21627	-2	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1525 CDS	contig00028	23617	22142	-1	-	1476
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1526 CDS	contig00028	24121	23621	-1	-	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1527 CDS	contig00028	25687	24137	-1	-	1551
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1528 CDS	contig00028	26116	25910	-1	-	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1529 CDS	contig00028	26660	26109	-2	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1530 CDS	contig00028	27441	26671	-3	-	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1531 CDS	contig00028	29594	27510	-2	-	2085
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1532 CDS	contig00028	30118	31128	1	+	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1533 CDS	contig00028	31767	32756	3	+	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1534 CDS	contig00028	33222	34118	3	+	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1535 CDS	contig00028	34124	35443	2	+	1320
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1536 CDS	contig00028	35453	36493	2	+	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1537 CDS	contig00028	36521	37642	2	+	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1538 CDS	contig00028	37651	38265	1	+	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1539 CDS	contig00028	38380	39117	1	+	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1540 CDS	contig00028	39099	39872	3	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1541 CDS	contig00028	39869	40489	2	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1542 CDS	contig00028	40598	41281	2	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1543 CDS	contig00028	41281	42231	1	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1544 CDS	contig00028	42703	42305	-1	-	399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1545 CDS	contig00028	43031	42729	-2	-	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1546 CDS	contig00028	43546	43136	-1	-	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1547 CDS	contig00028	44185	43640	-1	-	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1548 CDS	contig00028	45608	44352	-2	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1549 CDS	contig00028	46696	45890	-1	-	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1550 CDS	contig00028	47886	46696	-3	-	1191
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1551 CDS	contig00028	49309	47897	-1	-	1413
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1552 CDS	contig00028	50321	49314	-2	-	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1553 CDS	contig00028	50934	50332	-3	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1554 CDS	contig00028	52523	50934	-2	-	1590
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1555 CDS	contig00028	52948	53787	1	+	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1556 CDS	contig00028	53862	54482	3	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1557 CDS	contig00028	55989	54541	-3	-	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1558 CDS	contig00028	58202	57018	-2	-	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1559 CDS	contig00028	58538	59602	2	+	1065
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1560 CDS	contig00028	60430	59690	-1	-	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1561 CDS	contig00028	60594	61655	3	+	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1562 CDS	contig00028	62027	61782	-2	-	246



SA1G	fig 6666666.3236.peg.1563	CDS	contig00028	62462	65092	2	+	2631
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1564	CDS	contig00028	65282	66700	2	+	1419
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1565	CDS	contig00028	66704	68044	2	+	1341
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1566	CDS	contig00028	68031	68504	3	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1567	CDS	contig00028	69558	68563	-3	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1568	CDS	contig00028	69806	71515	2	+	1710
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1569	CDS	contig00028	72196	71561	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1570	CDS	contig00028	72980	72366	-2	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1571	CDS	contig00028	73261	74928	1	+	1668
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1572	CDS	contig00028	75093	76322	3	+	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1573	CDS	contig00028	76521	76294	-3	-	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1574	CDS	contig00028	76562	77692	2	+	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1575	CDS	contig00028	79038	77782	-3	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1576	CDS	contig00028	79174	80064	1	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1577	CDS	contig00028	80340	81734	3	+	1395
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1578	CDS	contig00028	81818	83695	2	+	1878
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1579	CDS	contig00028	84608	83706	-2	-	903
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1580	CDS	contig00028	84761	85153	2	+	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1581	CDS	contig00028	85163	86029	2	+	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1582	CDS	contig00028	86262	86065	-3	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1583	CDS	contig00028	87888	86410	-3	-	1479
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1584	CDS	contig00028	89512	87914	-1	-	1599
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1585	CDS	contig00028	89681	90607	2	+	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1586	CDS	contig00028	91508	90621	-2	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1587	CDS	contig00028	91642	91947	1	+	306
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1588	CDS	contig00028	91966	92337	1	+	372
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1589	CDS	contig00028	93376	92423	-1	-	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1590	CDS	contig00028	93894	93466	-3	-	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1591	CDS	contig00028	94892	94290	-2	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1592	CDS	contig00028	95543	94902	-2	-	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1593	CDS	contig00028	96306	95557	-3	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1594	CDS	contig00028	97005	96346	-3	-	660
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1595	CDS	contig00028	97190	97663	2	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1596	CDS	contig00028	98340	97756	-3	-	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1597	CDS	contig00028	98485	99177	1	+	693
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1598	CDS	contig00028	99213	100073	3	+	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1599	CDS	contig00028	100507	101832	1	+	1326
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1600	CDS	contig00028	102523	101909	-1	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1601	CDS	contig00028	102861	103346	3	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1602	CDS	contig00028	103454	103717	2	+	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1603	CDS	contig00028	103708	104187	1	+	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1604	CDS	contig00028	104460	105773	3	+	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1605	CDS	contig00028	105932	106369	2	+	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1606	CDS	contig00028	108027	106453	-3	-	1575
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1607	CDS	contig00028	108585	108367	-3	-	219
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1608	CDS	contig00028	108699	109799	3	+	1101
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1609	CDS	contig00028	109888	110589	1	+	702
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1610	CDS	contig00028	110651	111586	2	+	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1611	CDS	contig00028	111857	113062	2	+	1206

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1612	CDS	contig00028	114090	113182	-3	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1613	CDS	contig00028	114735	114238	-3	-	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1614	CDS	contig00028	115597	114746	-1	-	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1615	CDS	contig00028	116565	115648	-3	-	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1616	CDS	contig00028	116970	116626	-3	-	345
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1617	CDS	contig00028	117355	117570	1	+	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1618	CDS	contig00028	117814	118146	1	+	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1619	CDS	contig00028	118327	119034	1	+	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1620	CDS	contig00028	119050	120279	1	+	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1621	CDS	contig00028	120269	121486	2	+	1218
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1622	CDS	contig00028	121496	122179	2	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1623	CDS	contig00028	122302	123207	1	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1624	CDS	contig00028	123246	124430	3	+	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1625	CDS	contig00028	124632	124477	-3	-	156
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1626	CDS	contig00028	124975	125712	1	+	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1627	CDS	contig00028	126744	125761	-3	-	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1628	CDS	contig00028	127709	126858	-2	-	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1629	CDS	contig00028	127933	127754	-1	-	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1630	CDS	contig00028	127970	128872	2	+	903
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1631	CDS	contig00028	128959	130413	1	+	1455
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1632	CDS	contig00028	130585	131124	1	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1633	CDS	contig00028	131234	131947	2	+	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1634	CDS	contig00028	132069	132860	3	+	792
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1635	CDS	contig00028	134955	133003	-3	-	1953
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1636	CDS	contig00028	135341	135201	-2	-	141
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1637	CDS	contig00028	135407	137443	2	+	2037
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1638	CDS	contig00028	139047	137560	-3	-	1488
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1639	CDS	contig00028	139432	139629	1	+	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1640	CDS	contig00028	140026	141792	1	+	1767
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1641	CDS	contig00028	142833	141874	-3	-	960
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1642	CDS	contig00028	143326	142868	-1	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1643	CDS	contig00028	143421	143894	3	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1644	CDS	contig00028	144058	145440	1	+	1383
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1645	CDS	contig00028	146571	145564	-3	-	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1646	CDS	contig00028	148702	146711	-1	-	1992
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1647	CDS	contig00028	149008	149358	1	+	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1648	CDS	contig00028	149426	150823	2	+	1398
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1649	CDS	contig00028	150823	151212	1	+	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1650	CDS	contig00028	151329	151919	3	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1651	CDS	contig00028	153756	151999	-3	-	1758
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1652	CDS	contig00028	154267	154605	1	+	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1653	CDS	contig00028	155411	154668	-2	-	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1654	CDS	contig00028	155693	156523	2	+	831
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1655	CDS	contig00028	156656	157207	2	+	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1656	CDS	contig00028	157569	158858	3	+	1290
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1657	CDS	contig00028	159025	160320	1	+	1296
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1658	CDS	contig00028	160366	160776	1	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1659	CDS	contig00028	160942	162168	1	+	1227
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1660	CDS	contig00028	162165	162746	3	+	582

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1661 CDS	contig00028	162778	164973	1	+	2196
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1662 CDS	contig00028	164963	166369	2	+	1407
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1663 CDS	contig00028	166820	169189	2	+	2370
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1664 CDS	contig00028	170788	169322	-1	-	1467
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1665 CDS	contig00028	170838	170966	3	+	129
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1666 CDS	contig00028	171665	170949	-2	-	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1667 CDS	contig00028	173340	171658	-3	-	1683
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1668 CDS	contig00028	173581	174168	1	+	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1669 CDS	contig00028	174397	174236	-1	-	162
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1670 CDS	contig00028	174710	175585	2	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1671 CDS	contig00028	175779	176198	3	+	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1672 CDS	contig00028	176783	176271	-2	-	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1673 CDS	contig00028	178099	176897	-1	-	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1674 CDS	contig00028	178611	180020	3	+	1410
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1675 CDS	contig00028	180133	181674	1	+	1542
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1676 CDS	contig00028	181846	182397	1	+	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1677 CDS	contig00028	183890	182490	-2	-	1401
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1678 CDS	contig00028	184157	184519	2	+	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1679 CDS	contig00028	185147	184572	-2	-	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1680 CDS	contig00028	185548	185159	-1	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1681 CDS	contig00028	185766	187010	3	+	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1682 CDS	contig00028	187007	190687	2	+	3681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1683 CDS	contig00028	190720	191205	1	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1684 CDS	contig00028	191374	191805	1	+	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1685 CDS	contig00028	192301	193455	1	+	1155
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1686 CDS	contig00028	193567	194733	1	+	1167
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1687 CDS	contig00028	194805	195164	3	+	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1688 CDS	contig00028	195195	195554	3	+	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1689 CDS	contig00028	196157	195609	-2	-	549
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1690 CDS	contig00028	197733	196372	-3	-	1362
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1691 CDS	contig00028	199079	197829	-2	-	1251
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1692 CDS	contig00028	199850	199269	-2	-	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1693 CDS	contig00028	201237	199867	-3	-	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1694 CDS	contig00028	201402	202931	3	+	1530
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1695 CDS	contig00028	203062	203418	1	+	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1696 CDS	contig00028	203522	204556	2	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1697 CDS	contig00028	204559	205641	1	+	1083
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1698 CDS	contig00028	205638	208715	3	+	3078
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1699 CDS	contig00028	208840	209226	1	+	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1700 CDS	contig00028	210469	209279	-1	-	1191
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1701 CDS	contig00028	210615	210965	3	+	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1702 CDS	contig00028	211225	212370	1	+	1146
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1703 CDS	contig00028	212529	213128	3	+	600
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1704 CDS	contig00028	213338	214591	2	+	1254
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1705 CDS	contig00028	214770	216173	3	+	1404
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1706 CDS	contig00028	216184	217194	1	+	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1707 CDS	contig00028	217184	218293	2	+	1110
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1708 CDS	contig00028	218338	218991	1	+	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1709 CDS	contig00028	219194	219580	2	+	387

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1710 CDS	contig00028	220664	219750	-2	-	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1711 CDS	contig00028	221376	220813	-3	-	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1712 CDS	contig00028	221984	221493	-2	-	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1713 CDS	contig00028	222238	223467	1	+	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1714 CDS	contig00028	223741	223532	-1	-	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1715 CDS	contig00028	225964	223889	-1	-	2076
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1716 CDS	contig00028	227302	226169	-1	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1717 CDS	contig00028	229751	227475	-2	-	2277
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1718 CDS	contig00028	230950	230246	-1	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1719 CDS	contig00028	231276	233912	3	+	2637
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1720 CDS	contig00028	234247	234026	-1	-	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1721 CDS	contig00028	235135	234428	-1	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1722 CDS	contig00028	235402	235283	-1	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1723 CDS	contig00028	235405	235914	1	+	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1724 CDS	contig00028	235977	237329	3	+	1353
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1725 CDS	contig00028	237401	237718	2	+	318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1726 CDS	contig00028	237737	238819	2	+	1083
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1727 CDS	contig00028	238882	239628	1	+	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1728 CDS	contig00028	239997	239707	-3	-	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1729 CDS	contig00028	240414	240019	-3	-	396
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1730 CDS	contig00028	240795	240514	-3	-	282
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1731 CDS	contig00028	241059	242987	3	+	1929
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1732 CDS	contig00028	243072	243542	3	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1733 CDS	contig00028	243650	243844	2	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1734 CDS	contig00028	243886	244239	1	+	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1735 CDS	contig00028	244454	245773	2	+	1320
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1736 CDS	contig00028	246637	245858	-1	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1737 CDS	contig00028	247674	246637	-3	-	1038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1738 CDS	contig00028	248532	247684	-3	-	849
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1739 CDS	contig00028	248948	248529	-2	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1740 CDS	contig00028	249628	248945	-1	-	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1741 CDS	contig00028	250390	249650	-1	-	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1742 CDS	contig00028	250547	251923	2	+	1377
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1743 CDS	contig00028	251952	252443	3	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1744 CDS	contig00028	252495	253022	3	+	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1745 CDS	contig00028	253410	255467	3	+	2058
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1746 CDS	contig00028	255467	256321	2	+	855
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1747 CDS	contig00028	256318	259578	1	+	3261
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1748 CDS	contig00028	259565	260296	2	+	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1749 CDS	contig00028	260325	261056	3	+	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1750 CDS	contig00028	261085	261786	1	+	702
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1751 CDS	contig00028	264068	261870	-2	-	2199
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1752 CDS	contig00028	264389	265372	2	+	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1753 CDS	contig00028	265390	267777	1	+	2388
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1754 CDS	contig00028	268368	268664	3	+	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1755 CDS	contig00028	268958	269950	2	+	993
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1756 CDS	contig00028	270049	271833	1	+	1785
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1757 CDS	contig00028	272396	271914	-2	-	483
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1758 CDS	contig00028	273465	272413	-3	-	1053

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1759 CDS	contig00028	273674	274558	2	+	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1760 CDS	contig00028	275995	274640	-1	-	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1761 CDS	contig00028	276085	276921	1	+	837
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1762 CDS	contig00028	278635	277085	-1	-	1551
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1763 CDS	contig00028	279964	279104	-1	-	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1764 CDS	contig00028	280082	283654	2	+	3573
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1765 CDS	contig00028	283636	285702	1	+	2067
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1766 CDS	contig00028	286167	285889	-3	-	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1767 CDS	contig00028	286446	286168	-3	-	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1768 CDS	contig00028	286833	287225	3	+	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1769 CDS	contig00028	287276	287410	2	+	135
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1770 CDS	contig00028	287584	288435	1	+	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1771 CDS	contig00028	288576	289937	3	+	1362
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1772 CDS	contig00028	290030	291274	2	+	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1773 CDS	contig00028	291668	291498	-2	-	171
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1774 CDS	contig00028	291907	292821	1	+	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1775 CDS	contig00028	292821	294110	3	+	1290
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1776 CDS	contig00028	294119	295123	2	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1777 CDS	contig00028	295133	296080	2	+	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1778 CDS	contig00028	297379	296207	-1	-	1173
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1779 CDS	contig00028	298843	297389	-1	-	1455
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1780 CDS	contig00028	300002	298980	-2	-	1023
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1781 CDS	contig00028	300206	301198	2	+	993
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1782 CDS	contig00028	303187	301265	-1	-	1923
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1783 CDS	contig00028	303537	303947	3	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1784 CDS	contig00028	304520	304068	-2	-	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1785 CDS	contig00028	304646	305206	2	+	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1786 CDS	contig00028	305240	305620	2	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1787 CDS	contig00028	305797	306372	1	+	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1788 CDS	contig00028	306374	307060	2	+	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1789 CDS	contig00028	307208	308644	2	+	1437
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1790 CDS	contig00028	308769	309104	3	+	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1791 CDS	contig00028	310505	309162	-2	-	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1792 CDS	contig00028	311935	310679	-1	-	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1793 CDS	contig00028	312342	311935	-3	-	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1794 CDS	contig00028	313199	312435	-2	-	765
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1795 CDS	contig00028	313548	314369	3	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1796 CDS	contig00028	314455	315021	1	+	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1797 CDS	contig00028	316172	315120	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1798 CDS	contig00028	317805	316384	-3	-	1422
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1799 CDS	contig00028	320603	317967	-2	-	2637
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1800 CDS	contig00028	321807	320581	-3	-	1227
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1801 CDS	contig00028	323618	321825	-2	-	1794
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1802 CDS	contig00028	323715	324167	3	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1803 CDS	contig00028	324273	324899	3	+	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1804 CDS	contig00028	324917	326938	2	+	2022
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1805 CDS	contig00028	327068	327733	2	+	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1806 CDS	contig00028	327871	330474	1	+	2604
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1807 CDS	contig00028	330969	335807	3	+	4839

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1808 CDS	contig00028	336077	337087	2	+	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1809 CDS	contig00028	337304	337846	2	+	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1810 CDS	contig00028	338419	340536	1	+	2118
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1811 CDS	contig00028	340621	340785	1	+	165
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1812 CDS	contig00028	340766	342679	2	+	1914
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1813 CDS	contig00028	342688	344322	1	+	1635
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1814 CDS	contig00028	344522	344695	2	+	174
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1815 CDS	contig00028	345424	344906	-1	-	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1816 CDS	contig00028	347160	345490	-3	-	1671
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1817 CDS	contig00028	347341	347787	1	+	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1818 CDS	contig00028	348392	347838	-2	-	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1819 CDS	contig00028	350987	348909	-2	-	2079
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1820 CDS	contig00028	352200	350998	-3	-	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1821 CDS	contig00028	352734	352279	-3	-	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1822 CDS	contig00028	353005	354435	1	+	1431
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1823 CDS	contig00028	354448	355059	1	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1824 CDS	contig00028	355070	355255	2	+	186
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1825 CDS	contig00028	355252	356223	1	+	972
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1826 CDS	contig00028	356306	356785	2	+	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1827 CDS	contig00028	356804	359182	2	+	2379
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1828 CDS	contig00028	359175	360014	3	+	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1829 CDS	contig00028	360113	360862	2	+	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1830 CDS	contig00028	361013	361963	2	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1831 CDS	contig00028	362098	363021	1	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1832 CDS	contig00028	363740	363093	-2	-	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1833 CDS	contig00028	364476	363742	-3	-	735
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1834 CDS	contig00028	365300	364485	-2	-	816
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1835 CDS	contig00028	365614	366732	1	+	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1836 CDS	contig00028	366800	367573	2	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1837 CDS	contig00028	367600	368343	1	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1838 CDS	contig00028	368468	369502	2	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1839 CDS	contig00028	369704	370747	2	+	1044
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1840 CDS	contig00028	371544	370831	-3	-	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1841 CDS	contig00028	371702	372613	2	+	912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1842 CDS	contig00028	372853	374073	1	+	1221
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1843 CDS	contig00028	374435	374145	-2	-	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1844 CDS	contig00028	375144	374488	-3	-	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1845 CDS	contig00028	375747	375373	-3	-	375
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1846 CDS	contig00028	376471	375872	-1	-	600
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1847 CDS	contig00028	376929	376501	-3	-	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1848 CDS	contig00028	377557	377021	-1	-	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1849 CDS	contig00028	379504	377582	-1	-	1923
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1850 CDS	contig00028	380222	379677	-2	-	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1851 CDS	contig00028	381658	380315	-1	-	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1852 CDS	contig00028	383219	382518	-2	-	702
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1853 CDS	contig00028	383875	383207	-1	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1854 CDS	contig00028	384567	384022	-3	-	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1855 CDS	contig00028	385308	384679	-3	-	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1856 CDS	contig00028	385515	385973	3	+	459

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1857 CDS	contig00028	386292	386023	-3	-	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1858 CDS	contig00028	386446	387207	1	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1859 CDS	contig00028	387529	387215	-1	-	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1860 CDS	contig00028	387993	387529	-3	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1861 CDS	contig00028	388524	388057	-3	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1862 CDS	contig00028	389060	388521	-2	-	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1863 CDS	contig00028	389594	389259	-2	-	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1864 CDS	contig00028	390767	389736	-2	-	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1865 CDS	contig00028	391067	393112	2	+	2046
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1866 CDS	contig00028	393550	393158	-1	-	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1867 CDS	contig00028	394200	393916	-3	-	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1868 CDS	contig00028	394535	394197	-2	-	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1869 CDS	contig00028	395025	394558	-3	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1870 CDS	contig00028	395196	395062	-3	-	135
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1871 CDS	contig00028	395734	395420	-1	-	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1872 CDS	contig00028	396595	396008	-1	-	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1873 CDS	contig00028	397555	396749	-1	-	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1874 CDS	contig00028	399517	397685	-1	-	1833
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1875 CDS	contig00028	400555	399665	-1	-	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1876 CDS	contig00028	401922	400900	-3	-	1023
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1877 CDS	contig00028	402547	401939	-1	-	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1878 CDS	contig00028	405416	402561	-2	-	2856
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1879 CDS	contig00028	405626	405429	-2	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1880 CDS	contig00028	406313	405711	-2	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1881 CDS	contig00028	407994	406318	-3	-	1677
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1882 CDS	contig00028	408716	408198	-2	-	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1883 CDS	contig00028	409155	408697	-3	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1884 CDS	contig00028	409303	410124	1	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1885 CDS	contig00028	412358	410265	-2	-	2094
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1886 CDS	contig00028	413661	412498	-3	-	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1887 CDS	contig00028	415794	413902	-3	-	1893
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1888 CDS	contig00028	416703	416065	-3	-	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1889 CDS	contig00028	417620	416715	-2	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1890 CDS	contig00028	418307	417630	-2	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1891 CDS	contig00028	419754	418510	-3	-	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1892 CDS	contig00028	420792	419836	-3	-	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1893 CDS	contig00028	421507	420776	-1	-	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1894 CDS	contig00028	422247	421507	-3	-	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1895 CDS	contig00028	423096	422296	-3	-	801
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1896 CDS	contig00028	423243	424136	3	+	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1897 CDS	contig00028	427003	424133	-1	-	2871
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1898 CDS	contig00028	428162	427005	-2	-	1158
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1899 CDS	contig00028	428653	428303	-1	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1900 CDS	contig00028	429246	428716	-3	-	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1901 CDS	contig00028	431634	429391	-3	-	2244
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1902 CDS	contig00028	431806	432450	1	+	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1903 CDS	contig00028	432920	432447	-2	-	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1904 CDS	contig00028	433456	433010	-1	-	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1905 CDS	contig00028	433664	433446	-2	-	219

SA1G	fig 6666666.3236.peg.1906 CDS	contig00028	434544	433699	-3	-	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1907 CDS	contig00028	435350	434568	-2	-	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1908 CDS	contig00028	435812	435369	-2	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1909 CDS	contig00028	435998	437440	2	+	1443
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1910 CDS	contig00028	438327	437485	-3	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1911 CDS	contig00028	439003	438515	-1	-	489
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1912 CDS	contig00028	440103	439645	-3	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1913 CDS	contig00028	441768	440212	-3	-	1557
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1914 CDS	contig00028	442111	442494	1	+	384
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1915 CDS	contig00028	442530	443186	3	+	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1916 CDS	contig00028	443205	444569	3	+	1365
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1917 CDS	contig00028	445865	444531	-2	-	1335
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1918 CDS	contig00028	446617	445886	-1	-	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1919 CDS	contig00028	446848	447030	1	+	183
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1920 CDS	contig00028	449318	447276	-2	-	2043
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1921 CDS	contig00028	450742	449315	-1	-	1428
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1922 CDS	contig00028	451024	451845	1	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1923 CDS	contig00028	451849	452547	1	+	699
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1924 CDS	contig00028	452561	453268	2	+	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1925 CDS	contig00028	453246	453830	3	+	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1926 CDS	contig00028	453827	455608	2	+	1782
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1927 CDS	contig00028	455746	456078	1	+	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1928 CDS	contig00028	457097	456186	-2	-	912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1929 CDS	contig00028	458122	457223	-1	-	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1930 CDS	contig00029	16	141	1	+	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1931 CDS	contig00029	372	914	3	+	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1932 CDS	contig00029	1073	1711	2	+	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1933 CDS	contig00029	1856	2401	2	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1934 CDS	contig00029	2616	3608	3	+	993
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1935 CDS	contig00029	3746	4390	2	+	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1936 CDS	contig00029	4560	4838	3	+	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1937 CDS	contig00029	4838	5131	2	+	294
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1938 CDS	contig00029	5276	5842	2	+	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1939 CDS	contig00029	5976	6512	3	+	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1940 CDS	contig00029	6676	6999	1	+	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1941 CDS	contig00029	7152	7006	-3	-	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1942 CDS	contig00029	7151	7312	2	+	162
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1943 CDS	contig00029	7477	7935	1	+	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1944 CDS	contig00029	8221	8670	1	+	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1945 CDS	contig00029	8674	8793	1	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1946 CDS	contig00029	9083	9211	2	+	129
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1947 CDS	contig00029	9277	9681	1	+	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1948 CDS	contig00029	9822	10439	3	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1949 CDS	contig00029	11123	10977	-2	-	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1950 CDS	contig00029	11225	11680	2	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1951 CDS	contig00029	11885	12283	2	+	399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1952 CDS	contig00029	12684	13259	3	+	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1953 CDS	contig00029	13454	13341	-2	-	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1954 CDS	contig00029	13453	13713	1	+	261



SA1G	fig 6666666.3236.peg.1955 CDS	contig00029	13761	13979	3	+	219
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1956 CDS	contig00029	14278	14051	-1	-	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1957 CDS	contig00029	14481	14729	3	+	249
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1958 CDS	contig00029	16443	15127	-3	-	1317
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1959 CDS	contig00029	18414	16768	-3	-	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1960 CDS	contig00029	18692	18811	2	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1961 CDS	contig00029	18990	20393	3	+	1404
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1962 CDS	contig00029	20670	20960	3	+	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1963 CDS	contig00029	21590	20952	-2	-	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1964 CDS	contig00029	24012	21658	-3	-	2355
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1965 CDS	contig00029	25360	24122	-1	-	1239
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1966 CDS	contig00029	25677	26228	3	+	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1967 CDS	contig00029	26553	26918	3	+	366
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1968 CDS	contig00029	27054	28058	3	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1969 CDS	contig00029	28058	28501	2	+	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1970 CDS	contig00029	28875	28567	-3	-	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1971 CDS	contig00029	29394	28975	-3	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1972 CDS	contig00029	29546	30199	2	+	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1973 CDS	contig00029	30298	30483	1	+	186
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1974 CDS	contig00029	31310	30480	-2	-	831
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1975 CDS	contig00029	31465	31977	1	+	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1976 CDS	contig00029	31984	32493	1	+	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1977 CDS	contig00029	33193	32531	-1	-	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1978 CDS	contig00029	33332	34459	2	+	1128
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1979 CDS	contig00029	35384	34461	-2	-	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1980 CDS	contig00029	36038	35424	-2	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1981 CDS	contig00029	36236	36442	2	+	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1982 CDS	contig00029	36809	36513	-2	-	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1983 CDS	contig00029	37269	37730	3	+	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1984 CDS	contig00029	37827	39203	3	+	1377
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1985 CDS	contig00029	39208	40191	1	+	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1986 CDS	contig00029	40220	41335	2	+	1116
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1987 CDS	contig00029	41339	42463	2	+	1125
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1988 CDS	contig00029	42573	43127	3	+	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1989 CDS	contig00029	43207	43482	1	+	276
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1990 CDS	contig00029	43741	45297	1	+	1557
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1991 CDS	contig00029	45309	46685	3	+	1377
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1992 CDS	contig00029	46897	47274	1	+	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1993 CDS	contig00029	48117	47551	-3	-	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1994 CDS	contig00029	48153	48275	3	+	123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1995 CDS	contig00029	49594	49283	-1	-	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1996 CDS	contig00029	49984	49634	-1	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1997 CDS	contig00029	50128	51042	1	+	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1998 CDS	contig00029	52068	51076	-3	-	993
SA1G	fig 6666666.3236.peg.1999 CDS	contig00029	52686	52120	-3	-	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2000 CDS	contig00029	52911	55589	3	+	2679
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2001 CDS	contig00029	57843	55879	-3	-	1965
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2002 CDS	contig00029	58159	58383	1	+	225
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2003 CDS	contig00029	58951	58415	-1	-	537

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2004 CDS	contig00029	60226	59030	-1	-	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2005 CDS	contig00029	60552	60397	-3	-	156
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2006 CDS	contig00029	61460	60552	-2	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2007 CDS	contig00029	62123	61467	-2	-	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2008 CDS	contig00029	63543	62098	-3	-	1446
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2009 CDS	contig00029	63847	63990	1	+	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2010 CDS	contig00029	64026	64991	3	+	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2011 CDS	contig00029	66751	65039	-1	-	1713
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2012 CDS	contig00029	66881	67678	2	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2013 CDS	contig00029	67741	68553	1	+	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2014 CDS	contig00029	68615	68896	2	+	282
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2015 CDS	contig00029	70378	69041	-1	-	1338
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2016 CDS	contig00029	70569	71396	3	+	828
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2017 CDS	contig00029	71547	72347	3	+	801
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2018 CDS	contig00029	72661	74160	1	+	1500
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2019 CDS	contig00029	74157	74771	3	+	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2020 CDS	contig00029	74783	75232	2	+	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2021 CDS	contig00029	75373	76308	1	+	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2022 CDS	contig00029	77344	76376	-1	-	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2023 CDS	contig00029	77535	79361	3	+	1827
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2024 CDS	contig00029	79538	80533	2	+	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2025 CDS	contig00029	80754	81977	3	+	1224
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2026 CDS	contig00029	83810	82065	-2	-	1746
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2027 CDS	contig00029	84318	83833	-3	-	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2028 CDS	contig00029	84782	84360	-2	-	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2029 CDS	contig00029	84991	84878	-1	-	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2030 CDS	contig00029	85200	85670	3	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2031 CDS	contig00029	86350	85724	-1	-	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2032 CDS	contig00029	86559	86996	3	+	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2033 CDS	contig00029	87040	87282	1	+	243
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2034 CDS	contig00029	88731	87283	-3	-	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2035 CDS	contig00029	90399	88750	-3	-	1650
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2036 CDS	contig00029	90682	91686	1	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2037 CDS	contig00029	92978	91764	-2	-	1215
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2038 CDS	contig00029	93162	93842	3	+	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2039 CDS	contig00029	93944	95389	2	+	1446
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2040 CDS	contig00029	96464	95469	-2	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2041 CDS	contig00029	96637	97740	1	+	1104
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2042 CDS	contig00029	98816	97812	-2	-	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2043 CDS	contig00029	99821	98826	-2	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2044 CDS	contig00029	99930	100865	3	+	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2045 CDS	contig00029	101040	101906	3	+	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2046 CDS	contig00029	102080	103003	2	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2047 CDS	contig00029	103149	103385	3	+	237
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2048 CDS	contig00029	103521	105167	3	+	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2049 CDS	contig00029	105225	106931	3	+	1707
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2050 CDS	contig00029	107118	108215	3	+	1098
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2051 CDS	contig00029	108373	109596	1	+	1224
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2052 CDS	contig00029	111283	109655	-1	-	1629

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2053 CDS	contig00029	111598	111359	-1	-	240
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2054 CDS	contig00029	112710	111667	-3	-	1044
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2055 CDS	contig00029	114029	112716	-2	-	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2056 CDS	contig00029	115381	114029	-1	-	1353
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2057 CDS	contig00029	116846	115500	-2	-	1347
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2058 CDS	contig00029	118534	116843	-1	-	1692
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2059 CDS	contig00029	119584	118973	-1	-	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2060 CDS	contig00029	120455	119895	-2	-	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2061 CDS	contig00029	121142	121807	2	+	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2062 CDS	contig00029	123330	121882	-3	-	1449
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2063 CDS	contig00029	124089	123367	-3	-	723
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2064 CDS	contig00029	125588	124086	-2	-	1503
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2065 CDS	contig00029	127514	125751	-2	-	1764
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2066 CDS	contig00029	128656	127610	-1	-	1047
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2067 CDS	contig00029	129975	128662	-3	-	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2068 CDS	contig00029	131324	129975	-2	-	1350
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2069 CDS	contig00029	132733	131489	-1	-	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2070 CDS	contig00029	133449	132733	-3	-	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2071 CDS	contig00029	134650	133442	-1	-	1209
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2072 CDS	contig00029	134818	135387	1	+	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2073 CDS	contig00029	135403	138858	1	+	3456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2074 CDS	contig00029	138948	139838	3	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2075 CDS	contig00029	139957	140580	1	+	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2076 CDS	contig00029	140605	141078	1	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2077 CDS	contig00029	141766	141146	-1	-	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2078 CDS	contig00029	141928	142629	1	+	702
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2079 CDS	contig00029	142813	144039	1	+	1227
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2080 CDS	contig00029	144029	145066	2	+	1038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2081 CDS	contig00029	145085	146779	2	+	1695
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2082 CDS	contig00029	146821	148353	1	+	1533
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2083 CDS	contig00029	148464	148709	3	+	246
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2084 CDS	contig00029	148893	150521	3	+	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2085 CDS	contig00029	150739	152367	1	+	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2086 CDS	contig00029	152765	154393	2	+	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2087 CDS	contig00029	154993	154472	-1	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2088 CDS	contig00029	158209	155090	-1	-	3120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2089 CDS	contig00029	159675	158206	-3	-	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2090 CDS	contig00029	161020	159686	-1	-	1335
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2091 CDS	contig00029	161519	161133	-2	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2092 CDS	contig00029	161742	162767	3	+	1026
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2093 CDS	contig00029	163669	162824	-1	-	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2094 CDS	contig00029	163880	165064	2	+	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2095 CDS	contig00029	165220	166677	1	+	1458
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2096 CDS	contig00029	167153	166752	-2	-	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2097 CDS	contig00029	167400	168077	3	+	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2098 CDS	contig00029	168058	169407	1	+	1350
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2099 CDS	contig00029	170029	169412	-1	-	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2100 CDS	contig00029	174608	170142	-2	-	4467
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2101 CDS	contig00029	175348	174611	-1	-	738

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2102 CDS	contig00029	176666	175329	-2	-	1338
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2103 CDS	contig00029	177369	176692	-3	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2104 CDS	contig00029	177637	178470	1	+	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2105 CDS	contig00029	179288	178539	-2	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2106 CDS	contig00029	179467	179270	-1	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2107 CDS	contig00029	180455	179469	-2	-	987
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2108 CDS	contig00029	182203	180455	-1	-	1749
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2109 CDS	contig00029	184373	182238	-2	-	2136
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2110 CDS	contig00029	184548	185072	3	+	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2111 CDS	contig00029	185325	185477	3	+	153
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2112 CDS	contig00029	186460	185540	-1	-	921
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2113 CDS	contig00030	299	2185	2	+	1887
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2114 CDS	contig00030	3072	2257	-3	-	816
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2115 CDS	contig00030	3653	3153	-2	-	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2116 CDS	contig00030	3972	6326	3	+	2355
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2117 CDS	contig00030	6328	7209	1	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2118 CDS	contig00030	8110	7271	-1	-	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2119 CDS	contig00030	8314	8709	1	+	396
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2120 CDS	contig00030	8720	8992	2	+	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2121 CDS	contig00030	9280	8981	-1	-	300
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2122 CDS	contig00030	9720	9280	-3	-	441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2123 CDS	contig00030	9843	10094	3	+	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2124 CDS	contig00030	10346	10116	-2	-	231
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2125 CDS	contig00030	11386	10493	-1	-	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2126 CDS	contig00030	11651	12208	2	+	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2127 CDS	contig00030	12238	14106	1	+	1869
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2128 CDS	contig00030	15486	14086	-3	-	1401
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2129 CDS	contig00030	16448	15474	-2	-	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2130 CDS	contig00030	17390	16524	-2	-	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2131 CDS	contig00030	18190	17396	-1	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2132 CDS	contig00030	19907	18174	-2	-	1734
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2133 CDS	contig00030	21226	19904	-1	-	1323
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2134 CDS	contig00030	21610	22824	1	+	1215
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2135 CDS	contig00030	23419	22886	-1	-	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2136 CDS	contig00030	23530	24093	1	+	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2137 CDS	contig00030	24974	24090	-2	-	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2138 CDS	contig00030	25167	26315	3	+	1149
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2139 CDS	contig00030	27679	26375	-1	-	1305
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2140 CDS	contig00030	28730	27858	-2	-	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2141 CDS	contig00030	30222	28825	-3	-	1398
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2142 CDS	contig00030	30459	31805	3	+	1347
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2143 CDS	contig00030	32489	31866	-2	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2144 CDS	contig00030	32503	33066	1	+	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2145 CDS	contig00030	33640	33038	-1	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2146 CDS	contig00030	34077	33742	-3	-	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2147 CDS	contig00030	34782	34183	-3	-	600
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2148 CDS	contig00030	36313	34814	-1	-	1500
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2149 CDS	contig00030	36962	36417	-2	-	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2150 CDS	contig00030	37460	37092	-2	-	369

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2151 CDS	contig00030	38629	37523	-1	-	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2152 CDS	contig00030	38583	38726	3	+	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2153 CDS	contig00030	38877	39752	3	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2154 CDS	contig00031	1322	2638	2	+	1317
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2155 CDS	contig00031	2641	3249	1	+	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2156 CDS	contig00031	5434	3320	-1	-	2115
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2157 CDS	contig00031	7361	5436	-2	-	1926
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2158 CDS	contig00031	8036	7368	-2	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2159 CDS	contig00031	9451	8060	-1	-	1392
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2160 CDS	contig00031	11775	9658	-3	-	2118
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2161 CDS	contig00031	11928	12500	3	+	573
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2162 CDS	contig00031	13549	12575	-1	-	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2163 CDS	contig00031	14776	13553	-1	-	1224
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2164 CDS	contig00031	15870	17855	3	+	1986
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2165 CDS	contig00031	18205	18552	1	+	348
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2166 CDS	contig00031	19352	20119	2	+	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2167 CDS	contig00034	74	382	2	+	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2168 CDS	contig00036	1376	177	-2	-	1200
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2169 CDS	contig00036	1342	1461	1	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2170 CDS	contig00036	1636	5316	1	+	3681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2171 CDS	contig00036	6735	5383	-3	-	1353
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2172 CDS	contig00036	7187	8299	2	+	1113
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2173 CDS	contig00036	10111	8351	-1	-	1761
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2174 CDS	contig00036	13033	10208	-1	-	2826
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2175 CDS	contig00036	14071	13202	-1	-	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2176 CDS	contig00036	14656	14252	-1	-	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2177 CDS	contig00036	15776	14643	-2	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2178 CDS	contig00036	16986	15781	-3	-	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2179 CDS	contig00036	17981	16983	-2	-	999
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2180 CDS	contig00036	19353	17974	-3	-	1380
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2181 CDS	contig00036	20519	19356	-2	-	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2182 CDS	contig00036	22746	20566	-3	-	2181
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2183 CDS	contig00036	23337	22750	-3	-	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2184 CDS	contig00036	24384	23338	-3	-	1047
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2185 CDS	contig00036	26050	24638	-1	-	1413
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2186 CDS	contig00036	26363	26896	2	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2187 CDS	contig00036	27670	26981	-1	-	690
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2188 CDS	contig00036	27875	29854	2	+	1980
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2189 CDS	contig00036	29911	31437	1	+	1527
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2190 CDS	contig00036	31430	32068	2	+	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2191 CDS	contig00036	32070	32411	3	+	342
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2192 CDS	contig00036	32423	34063	2	+	1641
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2193 CDS	contig00036	34076	34924	2	+	849
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2194 CDS	contig00036	34921	36054	1	+	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2195 CDS	contig00036	36054	37778	3	+	1725
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2196 CDS	contig00036	37788	39014	3	+	1227
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2197 CDS	contig00036	39017	39472	2	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2198 CDS	contig00036	39558	40121	3	+	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2199 CDS	contig00036	40286	40759	2	+	474

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2200	CDS	contig00036	40886	41482	2	+	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2201	CDS	contig00036	41479	42060	1	+	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2202	CDS	contig00036	42060	42785	3	+	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2203	CDS	contig00036	42817	43209	1	+	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2204	CDS	contig00036	43209	46325	3	+	3117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2205	CDS	contig00036	46448	47491	2	+	1044
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2206	CDS	contig00036	47590	48372	1	+	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2207	CDS	contig00036	48362	48853	2	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2208	CDS	contig00036	48864	49439	3	+	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2209	CDS	contig00036	49459	50928	1	+	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2210	CDS	contig00036	50940	54809	3	+	3870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2211	CDS	contig00036	54824	55642	2	+	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2212	CDS	contig00036	55736	57181	2	+	1446
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2213	CDS	contig00036	57798	57268	-3	-	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2214	CDS	contig00036	57917	59260	2	+	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2215	CDS	contig00036	60723	59368	-3	-	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2216	CDS	contig00036	61152	60874	-3	-	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2217	CDS	contig00036	62016	61171	-3	-	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2218	CDS	contig00036	62493	62050	-3	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2219	CDS	contig00036	62782	62495	-1	-	288
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2220	CDS	contig00036	64271	62802	-2	-	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2221	CDS	contig00036	65020	64295	-1	-	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2222	CDS	contig00036	65520	65023	-3	-	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2223	CDS	contig00036	66064	65501	-1	-	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2224	CDS	contig00036	66621	66061	-3	-	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2225	CDS	contig00036	67595	66621	-2	-	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2226	CDS	contig00036	68752	67781	-1	-	972
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2227	CDS	contig00036	68954	69760	2	+	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2228	CDS	contig00036	69753	70547	3	+	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2229	CDS	contig00036	70551	71045	3	+	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2230	CDS	contig00036	71045	71686	2	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2231	CDS	contig00036	71686	72006	1	+	321
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2232	CDS	contig00036	72006	72263	3	+	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2233	CDS	contig00036	72275	73543	2	+	1269
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2234	CDS	contig00036	73691	74419	2	+	729
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2235	CDS	contig00036	74491	75036	1	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2236	CDS	contig00036	75500	75111	-2	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2237	CDS	contig00036	76103	75639	-2	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2238	CDS	contig00036	77046	76117	-3	-	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2239	CDS	contig00036	78296	77292	-2	-	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2240	CDS	contig00036	79629	78409	-3	-	1221
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2241	CDS	contig00036	79783	80199	1	+	417
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2242	CDS	contig00036	80270	81112	2	+	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2243	CDS	contig00036	84269	81396	-2	-	2874
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2244	CDS	contig00036	84823	84380	-1	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2245	CDS	contig00036	86411	84903	-2	-	1509
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2246	CDS	contig00036	86679	87713	3	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2247	CDS	contig00036	87706	88782	1	+	1077
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2248	CDS	contig00036	89321	88857	-2	-	465

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2249	CDS	contig00036	89971	89714	-1	-	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2250	CDS	contig00036	90391	90005	-1	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2251	CDS	contig00042	428	2596	2	+	2169
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2252	CDS	contig00042	2751	3302	3	+	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2253	CDS	contig00042	3306	5015	3	+	1710
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2254	CDS	contig00042	5005	5748	1	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2255	CDS	contig00042	5699	5848	2	+	150
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2256	CDS	contig00042	6239	5880	-2	-	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2257	CDS	contig00042	6440	7720	2	+	1281
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2258	CDS	contig00042	8023	9354	1	+	1332
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2259	CDS	contig00042	10040	9411	-2	-	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2260	CDS	contig00042	10447	10115	-1	-	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2261	CDS	contig00042	12246	10558	-3	-	1689
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2262	CDS	contig00042	12401	14743	2	+	2343
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2263	CDS	contig00042	14840	15613	2	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2264	CDS	contig00042	15776	16411	2	+	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2265	CDS	contig00042	17944	16508	-1	-	1437
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2266	CDS	contig00042	18414	19007	3	+	594
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2267	CDS	contig00042	19009	19695	1	+	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2268	CDS	contig00042	19697	20653	2	+	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2269	CDS	contig00042	20728	22614	1	+	1887
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2270	CDS	contig00042	22715	23137	2	+	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2271	CDS	contig00042	23137	23586	1	+	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2272	CDS	contig00042	24293	23583	-2	-	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2273	CDS	contig00042	25579	24335	-1	-	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2274	CDS	contig00042	25966	26847	1	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2275	CDS	contig00042	27518	26844	-2	-	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2276	CDS	contig00042	27919	29262	1	+	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2277	CDS	contig00042	29378	29854	2	+	477
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2278	CDS	contig00042	29862	31334	3	+	1473
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2279	CDS	contig00042	32096	31401	-2	-	696
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2280	CDS	contig00042	33110	32235	-2	-	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2281	CDS	contig00042	35469	33112	-3	-	2358
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2282	CDS	contig00042	35743	36735	1	+	993
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2283	CDS	contig00042	37491	36829	-3	-	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2284	CDS	contig00042	38459	37710	-2	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2285	CDS	contig00042	39584	38487	-2	-	1098
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2286	CDS	contig00042	40753	39587	-1	-	1167
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2287	CDS	contig00042	41872	40844	-1	-	1029
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2288	CDS	contig00042	42277	43203	1	+	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2289	CDS	contig00042	43212	43907	3	+	696
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2290	CDS	contig00042	44073	43891	-3	-	183
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2291	CDS	contig00042	44876	44187	-2	-	690
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2292	CDS	contig00042	45215	46276	2	+	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2293	CDS	contig00042	47073	46384	-3	-	690
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2294	CDS	contig00042	47255	50287	2	+	3033
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2295	CDS	contig00042	50444	52036	2	+	1593
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2296	CDS	contig00042	52165	52581	1	+	417
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2297	CDS	contig00042	52928	52767	-2	-	162

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2298 CDS	contig00042	52995	55046	3	+	2052
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2299 CDS	contig00042	55279	56037	1	+	759
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2300 CDS	contig00042	57325	56174	-1	-	1152
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2301 CDS	contig00042	57542	58015	2	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2302 CDS	contig00042	58382	58080	-2	-	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2303 CDS	contig00042	61359	58543	-3	-	2817
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2304 CDS	contig00042	63368	61548	-2	-	1821
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2305 CDS	contig00042	64000	63368	-1	-	633
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2306 CDS	contig00042	64247	65764	2	+	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2307 CDS	contig00042	65855	66385	2	+	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2308 CDS	contig00042	68126	66756	-2	-	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2309 CDS	contig00042	68371	69012	1	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2310 CDS	contig00042	69207	71111	3	+	1905
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2311 CDS	contig00042	71528	71178	-2	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2312 CDS	contig00042	71750	83698	2	+	11949
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2313 CDS	contig00042	84994	83804	-1	-	1191
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2314 CDS	contig00042	87118	85157	-1	-	1962
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2315 CDS	contig00042	88820	87417	-2	-	1404
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2316 CDS	contig00042	88907	89179	2	+	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2317 CDS	contig00042	89538	89212	-3	-	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2318 CDS	contig00042	89720	93616	2	+	3897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2319 CDS	contig00042	93726	94199	3	+	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2320 CDS	contig00042	95557	94454	-1	-	1104
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2321 CDS	contig00042	95734	96480	1	+	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2322 CDS	contig00042	96520	96807	1	+	288
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2323 CDS	contig00042	96873	98555	3	+	1683
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2324 CDS	contig00042	98808	99194	3	+	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2325 CDS	contig00042	99608	99225	-2	-	384
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2326 CDS	contig00042	99832	100590	1	+	759
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2327 CDS	contig00042	101432	100653	-2	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2328 CDS	contig00042	101700	102674	3	+	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2329 CDS	contig00042	102707	103900	2	+	1194
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2330 CDS	contig00042	105154	103964	-1	-	1191
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2331 CDS	contig00042	106518	105343	-3	-	1176
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2332 CDS	contig00042	106735	107898	1	+	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2333 CDS	contig00042	108874	107981	-1	-	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2334 CDS	contig00042	109700	109026	-2	-	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2335 CDS	contig00042	110008	109700	-1	-	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2336 CDS	contig00042	111471	110047	-3	-	1425
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2337 CDS	contig00042	111874	112524	1	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2338 CDS	contig00042	112517	113071	2	+	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2339 CDS	contig00042	113107	113274	1	+	168
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2340 CDS	contig00042	113462	114034	2	+	573
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2341 CDS	contig00042	114328	115014	1	+	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2342 CDS	contig00042	115226	115107	-2	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2343 CDS	contig00042	116370	115384	-3	-	987
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2344 CDS	contig00042	118215	116530	-3	-	1686
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2345 CDS	contig00042	118346	119245	2	+	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2346 CDS	contig00042	119747	119196	-2	-	552



SA1G	fig 6666666.3236.peg.2347 CDS	contig00042	119862	119749	-3	-	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2348 CDS	contig00042	120412	121983	1	+	1572
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2349 CDS	contig00042	124876	122003	-1	-	2874
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2350 CDS	contig00042	125085	125201	3	+	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2351 CDS	contig00042	125177	125491	2	+	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2352 CDS	contig00042	125495	126937	2	+	1443
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2353 CDS	contig00042	127157	127879	2	+	723
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2354 CDS	contig00042	128904	128146	-3	-	759
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2355 CDS	contig00042	129908	128895	-2	-	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2356 CDS	contig00042	131032	129938	-1	-	1095
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2357 CDS	contig00042	131563	132408	1	+	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2358 CDS	contig00042	132790	132413	-1	-	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2359 CDS	contig00042	133923	132793	-3	-	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2360 CDS	contig00042	133926	134051	3	+	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2361 CDS	contig00042	135620	134136	-2	-	1485
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2362 CDS	contig00042	135916	135785	-1	-	132
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2363 CDS	contig00042	136255	136908	1	+	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2364 CDS	contig00042	136998	137621	3	+	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2365 CDS	contig00042	139388	137703	-2	-	1686
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2366 CDS	contig00042	141135	139753	-3	-	1383
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2367 CDS	contig00042	141873	142619	3	+	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2368 CDS	contig00042	142772	144241	2	+	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2369 CDS	contig00042	146951	144297	-2	-	2655
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2370 CDS	contig00042	147278	148135	2	+	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2371 CDS	contig00042	149231	148224	-2	-	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2372 CDS	contig00042	150214	149297	-1	-	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2373 CDS	contig00042	151280	150402	-2	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2374 CDS	contig00042	152390	151404	-2	-	987
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2375 CDS	contig00042	153901	152387	-1	-	1515
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2376 CDS	contig00042	154333	153914	-1	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2377 CDS	contig00042	156632	154722	-2	-	1911
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2378 CDS	contig00042	157070	157648	2	+	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2379 CDS	contig00042	157681	158100	1	+	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2380 CDS	contig00042	158249	159514	2	+	1266
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2381 CDS	contig00042	159614	160066	2	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2382 CDS	contig00042	160749	160144	-3	-	606
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2383 CDS	contig00042	161131	161583	1	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2384 CDS	contig00042	161693	162037	2	+	345
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2385 CDS	contig00042	162327	162130	-3	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2386 CDS	contig00042	162764	162324	-2	-	441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2387 CDS	contig00042	163048	162764	-1	-	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2388 CDS	contig00042	163268	163612	2	+	345
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2389 CDS	contig00042	163620	163895	3	+	276
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2390 CDS	contig00042	165516	163957	-3	-	1560
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2391 CDS	contig00042	166601	165696	-2	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2392 CDS	contig00042	168220	166670	-1	-	1551
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2393 CDS	contig00042	168445	169992	1	+	1548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2394 CDS	contig00042	170194	172470	1	+	2277
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2395 CDS	contig00042	172551	173564	3	+	1014

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2396 CDS	contig00042	173573	174511	2	+	939
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2397 CDS	contig00042	174508	175047	1	+	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2398 CDS	contig00042	175037	176107	2	+	1071
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2399 CDS	contig00042	176100	177797	3	+	1698
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2400 CDS	contig00042	177797	179107	2	+	1311
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2401 CDS	contig00042	179279	180100	2	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2402 CDS	contig00042	180968	180174	-2	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2403 CDS	contig00042	181170	182486	3	+	1317
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2404 CDS	contig00042	182511	183515	3	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2405 CDS	contig00042	184988	183606	-2	-	1383
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2406 CDS	contig00042	185247	185855	3	+	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2407 CDS	contig00042	186065	185862	-2	-	204
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2408 CDS	contig00042	187168	186302	-1	-	867
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2409 CDS	contig00042	187426	187761	1	+	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2410 CDS	contig00042	188304	187825	-3	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2411 CDS	contig00042	188663	190255	2	+	1593
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2412 CDS	contig00042	190610	190329	-2	-	282
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2413 CDS	contig00043	893	21	-2	-	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2414 CDS	contig00043	904	1140	1	+	237
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2415 CDS	contig00043	3027	2497	-3	-	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2416 CDS	contig00043	3234	3043	-3	-	192
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2417 CDS	contig00043	3579	4598	3	+	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2418 CDS	contig00043	4652	8689	2	+	4038
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2419 CDS	contig00044	463	945	1	+	483
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2420 CDS	contig00044	1696	908	-1	-	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2421 CDS	contig00044	2433	1762	-3	-	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2422 CDS	contig00044	4329	2482	-3	-	1848
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2423 CDS	contig00044	4749	5855	3	+	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2424 CDS	contig00044	6286	5912	-1	-	375
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2425 CDS	contig00044	7014	6337	-3	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2426 CDS	contig00044	7249	8664	1	+	1416
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2427 CDS	contig00044	10063	8732	-1	-	1332
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2428 CDS	contig00044	10983	10189	-3	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2429 CDS	contig00044	11735	11109	-2	-	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2430 CDS	contig00044	11977	14400	1	+	2424
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2431 CDS	contig00044	15498	14635	-3	-	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2432 CDS	contig00044	16037	15495	-2	-	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2433 CDS	contig00044	16159	16569	1	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2434 CDS	contig00044	17490	16648	-3	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2435 CDS	contig00044	17820	17497	-3	-	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2436 CDS	contig00044	18656	18306	-2	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2437 CDS	contig00044	19165	18749	-1	-	417
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2438 CDS	contig00044	20334	19381	-3	-	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2439 CDS	contig00044	20995	20327	-1	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2440 CDS	contig00044	22237	20999	-1	-	1239
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2441 CDS	contig00044	22308	22910	3	+	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2442 CDS	contig00044	22911	23177	3	+	267
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2443 CDS	contig00044	23322	23915	3	+	594
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2444 CDS	contig00044	24222	23980	-3	-	243

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2445 CDS	contig00045	660	526	-3	-	135
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2446 CDS	contig00045	685	1608	1	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2447 CDS	contig00045	2568	1612	-3	-	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2448 CDS	contig00045	3601	2552	-1	-	1050
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2449 CDS	contig00045	3673	4104	1	+	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2450 CDS	contig00045	4177	5529	1	+	1353
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2451 CDS	contig00046	69	1001	3	+	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2452 CDS	contig00046	1088	1876	2	+	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2453 CDS	contig00046	1869	2042	3	+	174
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2454 CDS	contig00046	2029	2913	1	+	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2455 CDS	contig00046	3014	4294	2	+	1281
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2456 CDS	contig00046	4304	4861	2	+	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2457 CDS	contig00046	4923	5414	3	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2458 CDS	contig00046	5449	6963	1	+	1515
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2459 CDS	contig00047	349	1035	1	+	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2460 CDS	contig00047	1118	1936	2	+	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2461 CDS	contig00047	2471	9724	2	+	7254
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2462 CDS	contig00047	9721	10896	1	+	1176
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2463 CDS	contig00047	11668	11396	-1	-	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2464 CDS	contig00047	11944	11681	-1	-	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2465 CDS	contig00047	12873	11983	-3	-	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2466 CDS	contig00047	14752	13325	-1	-	1428
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2467 CDS	contig00047	15228	14842	-3	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2468 CDS	contig00047	16508	15243	-2	-	1266
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2469 CDS	contig00047	17074	16529	-1	-	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2470 CDS	contig00047	17775	17350	-3	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2471 CDS	contig00047	18419	17781	-2	-	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2472 CDS	contig00047	18554	18985	2	+	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2473 CDS	contig00047	19039	19719	1	+	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2474 CDS	contig00047	20127	20819	3	+	693
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2475 CDS	contig00047	20834	21808	2	+	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2476 CDS	contig00047	22516	21899	-1	-	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2477 CDS	contig00047	23507	22623	-2	-	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2478 CDS	contig00047	23648	24331	2	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2479 CDS	contig00047	24771	24328	-3	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2480 CDS	contig00047	24878	25465	2	+	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2481 CDS	contig00047	25557	26396	3	+	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2482 CDS	contig00047	27305	26403	-2	-	903
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2483 CDS	contig00047	27482	28003	2	+	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2484 CDS	contig00047	28240	29844	1	+	1605
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2485 CDS	contig00047	30113	29898	-2	-	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2486 CDS	contig00047	31145	30267	-2	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2487 CDS	contig00047	32785	31316	-1	-	1470
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2488 CDS	contig00047	33591	32782	-3	-	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2489 CDS	contig00047	34059	34862	3	+	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2490 CDS	contig00047	34972	34859	-1	-	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2491 CDS	contig00047	35303	35590	2	+	288
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2492 CDS	contig00047	35724	36692	3	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2493 CDS	contig00047	36694	38565	1	+	1872

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2494 CDS	contig00047	38702	39886	2	+	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2495 CDS	contig00047	39953	41794	2	+	1842
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2496 CDS	contig00047	41787	44009	3	+	2223
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2497 CDS	contig00047	44037	44933	3	+	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2498 CDS	contig00047	45283	45492	1	+	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2499 CDS	contig00047	45863	45979	2	+	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2500 CDS	contig00047	46620	46015	-3	-	606
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2501 CDS	contig00047	47702	46683	-2	-	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2502 CDS	contig00047	48487	47702	-1	-	786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2503 CDS	contig00047	49361	48474	-2	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2504 CDS	contig00047	50173	49358	-1	-	816
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2505 CDS	contig00047	51235	50183	-1	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2506 CDS	contig00047	52585	51695	-1	-	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2507 CDS	contig00047	52727	52897	2	+	171
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2508 CDS	contig00047	54813	52927	-3	-	1887
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2509 CDS	contig00047	55031	55918	2	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2510 CDS	contig00047	56005	57093	1	+	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2511 CDS	contig00047	57214	57858	1	+	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2512 CDS	contig00047	58747	57890	-1	-	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2513 CDS	contig00047	59061	59798	3	+	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2514 CDS	contig00047	60334	59858	-1	-	477
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2515 CDS	contig00047	60925	61893	1	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2516 CDS	contig00047	63074	62064	-2	-	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2517 CDS	contig00047	63378	63160	-3	-	219
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2518 CDS	contig00047	63780	65000	3	+	1221
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2519 CDS	contig00047	65048	65923	2	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2520 CDS	contig00047	66484	66011	-1	-	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2521 CDS	contig00047	66751	68025	1	+	1275
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2522 CDS	contig00047	68983	68069	-1	-	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2523 CDS	contig00047	69125	70429	2	+	1305
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2524 CDS	contig00047	70448	71938	2	+	1491
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2525 CDS	contig00047	72196	71999	-1	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2526 CDS	contig00047	72452	74314	2	+	1863
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2527 CDS	contig00047	74789	74400	-2	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2528 CDS	contig00047	75022	75897	1	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2529 CDS	contig00047	75951	76382	3	+	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2530 CDS	contig00047	76980	76459	-3	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2531 CDS	contig00047	78192	77086	-3	-	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2532 CDS	contig00047	78333	79259	3	+	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2533 CDS	contig00047	80667	79318	-3	-	1350
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2534 CDS	contig00047	81683	80823	-2	-	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2535 CDS	contig00047	81814	82152	1	+	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2536 CDS	contig00047	82850	82236	-2	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2537 CDS	contig00047	83009	83686	2	+	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2538 CDS	contig00047	83688	86147	3	+	2460
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2539 CDS	contig00047	86495	86866	2	+	372
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2540 CDS	contig00047	87192	86965	-3	-	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2541 CDS	contig00047	87781	87233	-1	-	549
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2542 CDS	contig00047	89761	87869	-1	-	1893

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2543	CDS	contig00047	90622	89978	-1	-	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2544	CDS	contig00047	91824	90637	-3	-	1188
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2545	CDS	contig00047	92909	91821	-2	-	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2546	CDS	contig00047	94566	93067	-3	-	1500
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2547	CDS	contig00047	95699	94563	-2	-	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2548	CDS	contig00047	96444	95689	-3	-	756
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2549	CDS	contig00047	97976	96591	-2	-	1386
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2550	CDS	contig00047	99415	97973	-1	-	1443
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2551	CDS	contig00047	100575	99412	-3	-	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2552	CDS	contig00047	101842	100568	-1	-	1275
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2553	CDS	contig00047	103019	102003	-2	-	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2554	CDS	contig00047	104514	103003	-3	-	1512
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2555	CDS	contig00047	106848	104548	-3	-	2301
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2556	CDS	contig00047	108393	106876	-3	-	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2557	CDS	contig00047	109082	108396	-2	-	687
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2558	CDS	contig00047	111214	109103	-1	-	2112
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2559	CDS	contig00047	112043	111219	-2	-	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2560	CDS	contig00047	112409	112092	-2	-	318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2561	CDS	contig00047	112825	114939	1	+	2115
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2562	CDS	contig00047	114955	115410	1	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2563	CDS	contig00047	116532	115615	-3	-	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2564	CDS	contig00047	118821	116683	-3	-	2139
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2565	CDS	contig00047	120404	118818	-2	-	1587
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2566	CDS	contig00047	121845	120394	-3	-	1452
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2567	CDS	contig00047	124051	121820	-1	-	2232
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2568	CDS	contig00047	125404	124055	-1	-	1350
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2569	CDS	contig00047	125801	141289	2	+	15489
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2570	CDS	contig00047	141411	141731	3	+	321
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2571	CDS	contig00047	143546	141828	-2	-	1719
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2572	CDS	contig00047	145679	143556	-2	-	2124
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2573	CDS	contig00047	146564	147448	2	+	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2574	CDS	contig00047	147494	149074	2	+	1581
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2575	CDS	contig00047	149474	149145	-2	-	330
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2576	CDS	contig00047	149638	150537	1	+	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2577	CDS	contig00047	151641	151162	-3	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2578	CDS	contig00047	152159	154804	2	+	2646
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2579	CDS	contig00047	155654	154926	-2	-	729
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2580	CDS	contig00047	157290	155734	-3	-	1557
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2581	CDS	contig00047	157700	158476	2	+	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2582	CDS	contig00047	158524	159825	1	+	1302
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2583	CDS	contig00047	159822	160991	3	+	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2584	CDS	contig00047	161006	161506	2	+	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2585	CDS	contig00047	161517	162287	3	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2586	CDS	contig00047	162277	163194	1	+	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2587	CDS	contig00047	163283	163720	2	+	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2588	CDS	contig00047	163722	164864	3	+	1143
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2589	CDS	contig00047	164966	165796	2	+	831
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2590	CDS	contig00047	165866	166621	2	+	756
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2591	CDS	contig00047	166647	167696	3	+	1050

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2592 CDS	contig00047	169042	169557	1	+	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2593 CDS	contig00047	172233	169825	-3	-	2409
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2594 CDS	contig00047	172454	173686	2	+	1233
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2595 CDS	contig00047	173727	175340	3	+	1614
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2596 CDS	contig00047	175412	176929	2	+	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2597 CDS	contig00047	177141	179789	3	+	2649
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2598 CDS	contig00047	180046	180900	1	+	855
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2599 CDS	contig00047	180998	181960	2	+	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2600 CDS	contig00047	181950	182600	3	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2601 CDS	contig00047	182590	183171	1	+	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2602 CDS	contig00047	183618	183475	-3	-	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2603 CDS	contig00047	184325	186517	2	+	2193
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2604 CDS	contig00047	186571	187890	1	+	1320
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2605 CDS	contig00047	188578	187967	-1	-	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2606 CDS	contig00047	189650	188781	-2	-	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2607 CDS	contig00047	189752	190945	2	+	1194
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2608 CDS	contig00047	192500	190971	-2	-	1530
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2609 CDS	contig00047	193333	192797	-1	-	537
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2610 CDS	contig00047	193572	194489	3	+	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2611 CDS	contig00047	194489	195529	2	+	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2612 CDS	contig00047	195526	196305	1	+	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2613 CDS	contig00047	197676	196306	-3	-	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2614 CDS	contig00047	198462	197740	-3	-	723
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2615 CDS	contig00047	200366	198600	-2	-	1767
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2616 CDS	contig00047	201373	200750	-1	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2617 CDS	contig00047	202197	201448	-3	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2618 CDS	contig00047	202755	202420	-3	-	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2619 CDS	contig00047	203091	205271	3	+	2181
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2620 CDS	contig00047	205274	207424	2	+	2151
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2621 CDS	contig00047	207868	208749	1	+	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2622 CDS	contig00047	209204	209061	-2	-	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2623 CDS	contig00047	209225	210259	2	+	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2624 CDS	contig00047	210539	211786	2	+	1248
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2625 CDS	contig00047	211789	213795	1	+	2007
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2626 CDS	contig00047	213806	215272	2	+	1467
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2627 CDS	contig00047	215295	215993	3	+	699
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2628 CDS	contig00047	217355	216066	-2	-	1290
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2629 CDS	contig00047	218198	217479	-2	-	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2630 CDS	contig00047	218603	219313	2	+	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2631 CDS	contig00047	219431	221296	2	+	1866
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2632 CDS	contig00047	221296	222012	1	+	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2633 CDS	contig00047	222765	222088	-3	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2634 CDS	contig00047	224069	222807	-2	-	1263
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2635 CDS	contig00047	224460	226232	3	+	1773
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2636 CDS	contig00047	226671	228431	3	+	1761
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2637 CDS	contig00047	228838	228518	-1	-	321
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2638 CDS	contig00047	229383	230315	3	+	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2639 CDS	contig00047	231860	230430	-2	-	1431
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2640 CDS	contig00047	233406	231946	-3	-	1461

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2641 CDS	contig00047	234134	233520	-2	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2642 CDS	contig00047	234289	234843	1	+	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2643 CDS	contig00047	234840	236636	3	+	1797
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2644 CDS	contig00047	237686	236679	-2	-	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2645 CDS	contig00047	238664	237753	-2	-	912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2646 CDS	contig00047	240199	238673	-1	-	1527
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2647 CDS	contig00047	240465	241628	3	+	1164
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2648 CDS	contig00047	241625	243595	2	+	1971
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2649 CDS	contig00047	243973	244716	1	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2650 CDS	contig00047	244758	246056	3	+	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2651 CDS	contig00047	246968	246147	-2	-	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2652 CDS	contig00047	247057	247707	1	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2653 CDS	contig00047	247946	248464	2	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2654 CDS	contig00047	248607	250703	3	+	2097
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2655 CDS	contig00047	250682	251533	2	+	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2656 CDS	contig00047	251530	252738	1	+	1209
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2657 CDS	contig00047	252751	253077	1	+	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2658 CDS	contig00047	254120	253143	-2	-	978
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2659 CDS	contig00047	254406	255542	3	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2660 CDS	contig00047	255546	256526	3	+	981
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2661 CDS	contig00047	256557	258290	3	+	1734
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2662 CDS	contig00047	258890	258366	-2	-	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2663 CDS	contig00047	258968	259582	2	+	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2664 CDS	contig00047	259734	260387	3	+	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2665 CDS	contig00047	261276	260443	-3	-	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2666 CDS	contig00047	262170	261289	-3	-	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2667 CDS	contig00047	262556	262167	-2	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2668 CDS	contig00047	262792	263247	1	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2669 CDS	contig00047	263385	263903	3	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2670 CDS	contig00047	263927	264712	2	+	786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2671 CDS	contig00047	265940	264816	-2	-	1125
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2672 CDS	contig00047	266417	265950	-2	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2673 CDS	contig00047	267154	266417	-1	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2674 CDS	contig00047	267511	267654	1	+	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2675 CDS	contig00047	267836	268636	2	+	801
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2676 CDS	contig00047	269436	268678	-3	-	759
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2677 CDS	contig00047	269649	270230	3	+	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2678 CDS	contig00047	270317	271729	2	+	1413
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2679 CDS	contig00047	271745	272668	2	+	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2680 CDS	contig00047	272699	273763	2	+	1065
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2681 CDS	contig00047	273802	274782	1	+	981
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2682 CDS	contig00047	274857	275993	3	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2683 CDS	contig00047	275997	276707	3	+	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2684 CDS	contig00047	277191	276748	-3	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2685 CDS	contig00047	277395	278765	3	+	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2686 CDS	contig00047	278874	279425	3	+	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2687 CDS	contig00047	279668	280912	2	+	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2688 CDS	contig00047	281836	280964	-1	-	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2689 CDS	contig00047	282552	281836	-3	-	717

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2690 CDS	contig00047	283960	283055	-1	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2691 CDS	contig00047	284075	284632	2	+	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2692 CDS	contig00047	284782	285579	1	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2693 CDS	contig00047	286399	285644	-1	-	756
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2694 CDS	contig00047	289610	286497	-2	-	3114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2695 CDS	contig00047	290786	289632	-2	-	1155
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2696 CDS	contig00047	292253	291009	-2	-	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2697 CDS	contig00047	294028	292253	-1	-	1776
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2698 CDS	contig00047	295073	294021	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2699 CDS	contig00047	295596	295066	-3	-	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2700 CDS	contig00047	296561	295599	-2	-	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2701 CDS	contig00047	297552	296569	-3	-	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2702 CDS	contig00047	298876	297581	-1	-	1296
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2703 CDS	contig00047	300462	298942	-3	-	1521
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2704 CDS	contig00047	301274	300513	-2	-	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2705 CDS	contig00047	301459	302322	1	+	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2706 CDS	contig00047	303596	302373	-2	-	1224
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2707 CDS	contig00047	303951	303589	-3	-	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2708 CDS	contig00047	305088	304078	-3	-	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2709 CDS	contig00047	305202	305669	3	+	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2710 CDS	contig00047	307367	305739	-2	-	1629
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2711 CDS	contig00047	307573	307367	-1	-	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2712 CDS	contig00047	309116	307578	-2	-	1539
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2713 CDS	contig00047	309607	310377	1	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2714 CDS	contig00047	310381	313008	1	+	2628
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2715 CDS	contig00047	313196	315292	2	+	2097
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2716 CDS	contig00047	315292	316470	1	+	1179
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2717 CDS	contig00047	316461	316826	3	+	366
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2718 CDS	contig00047	316889	320206	2	+	3318
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2719 CDS	contig00047	321346	320315	-1	-	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2720 CDS	contig00047	323102	321441	-2	-	1662
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2721 CDS	contig00047	324878	323343	-2	-	1536
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2722 CDS	contig00047	325232	325113	-2	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2723 CDS	contig00047	325907	325425	-2	-	483
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2724 CDS	contig00047	326170	326331	1	+	162
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2725 CDS	contig00047	326409	328283	3	+	1875
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2726 CDS	contig00047	329340	328357	-3	-	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2727 CDS	contig00047	329829	329488	-3	-	342
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2728 CDS	contig00047	330035	330394	2	+	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2729 CDS	contig00047	330466	331125	1	+	660
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2730 CDS	contig00047	331678	332679	1	+	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2731 CDS	contig00047	332691	333317	3	+	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2732 CDS	contig00047	334499	333375	-2	-	1125
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2733 CDS	contig00047	335690	334536	-2	-	1155
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2734 CDS	contig00047	335878	336672	1	+	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2735 CDS	contig00047	337510	336659	-1	-	852
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2736 CDS	contig00047	337665	338525	3	+	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2737 CDS	contig00047	339819	338635	-3	-	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2738 CDS	contig00047	340145	341479	2	+	1335



SA1G	fig 6666666.3236.peg.2739 CDS	contig00047	342792	341602	-3	-	1191
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2740 CDS	contig00047	343013	343819	2	+	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2741 CDS	contig00047	345027	343876	-3	-	1152
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2742 CDS	contig00047	345059	345178	2	+	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2743 CDS	contig00047	345332	345793	2	+	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2744 CDS	contig00047	347133	345874	-3	-	1260
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2745 CDS	contig00047	347417	349309	2	+	1893
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2746 CDS	contig00047	349309	350235	1	+	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2747 CDS	contig00047	351215	350310	-2	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2748 CDS	contig00047	351538	354591	1	+	3054
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2749 CDS	contig00047	355737	354685	-3	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2750 CDS	contig00047	356561	355773	-2	-	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2751 CDS	contig00047	356963	357628	2	+	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2752 CDS	contig00047	357772	358278	1	+	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2753 CDS	contig00047	358331	358987	2	+	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2754 CDS	contig00047	359055	361439	3	+	2385
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2755 CDS	contig00047	361429	362331	1	+	903
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2756 CDS	contig00047	364308	362461	-3	-	1848
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2757 CDS	contig00047	364772	365551	2	+	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2758 CDS	contig00047	365738	368887	2	+	3150
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2759 CDS	contig00047	368902	369609	1	+	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2760 CDS	contig00047	369719	371215	2	+	1497
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2761 CDS	contig00047	371401	371763	1	+	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2762 CDS	contig00047	372497	373381	2	+	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2763 CDS	contig00047	373455	374390	3	+	936
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2764 CDS	contig00047	374383	375333	1	+	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2765 CDS	contig00047	375342	376103	3	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2766 CDS	contig00047	376115	376909	2	+	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2767 CDS	contig00047	377013	377270	3	+	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2768 CDS	contig00047	377407	378117	1	+	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2769 CDS	contig00047	378228	378773	3	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2770 CDS	contig00047	379679	378846	-2	-	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2771 CDS	contig00047	380290	379844	-1	-	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2772 CDS	contig00047	380876	380316	-2	-	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2773 CDS	contig00047	381313	380873	-1	-	441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2774 CDS	contig00047	381431	382000	2	+	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2775 CDS	contig00047	382051	382236	1	+	186
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2776 CDS	contig00047	382406	383254	2	+	849
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2777 CDS	contig00047	384271	383345	-1	-	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2778 CDS	contig00047	387068	384363	-2	-	2706
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2779 CDS	contig00047	387464	389917	2	+	2454
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2780 CDS	contig00047	389970	392150	3	+	2181
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2781 CDS	contig00047	392165	394351	2	+	2187
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2782 CDS	contig00047	395101	394448	-1	-	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2783 CDS	contig00047	395395	396612	1	+	1218
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2784 CDS	contig00047	396602	398065	2	+	1464
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2785 CDS	contig00047	398193	398855	3	+	663
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2786 CDS	contig00047	400166	398925	-2	-	1242
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2787 CDS	contig00047	400370	401302	2	+	933

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2788 CDS	contig00047	401426	401295	-2	-	132
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2789 CDS	contig00047	403616	401661	-2	-	1956
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2790 CDS	contig00047	404837	403728	-2	-	1110
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2791 CDS	contig00047	405246	406430	3	+	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2792 CDS	contig00047	406575	408119	3	+	1545
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2793 CDS	contig00047	408188	409078	2	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2794 CDS	contig00047	410255	409293	-2	-	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2795 CDS	contig00047	411250	410255	-1	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2796 CDS	contig00047	411556	412752	1	+	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2797 CDS	contig00047	413662	412829	-1	-	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2798 CDS	contig00047	414508	413783	-1	-	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2799 CDS	contig00047	415639	414731	-1	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2800 CDS	contig00047	415729	416385	1	+	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2801 CDS	contig00047	416551	417036	1	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2802 CDS	contig00047	417261	417665	3	+	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2803 CDS	contig00047	418808	417732	-2	-	1077
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2804 CDS	contig00047	418949	419731	2	+	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2805 CDS	contig00047	419853	421424	3	+	1572
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2806 CDS	contig00047	421718	423328	2	+	1611
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2807 CDS	contig00047	423522	424283	3	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2808 CDS	contig00047	424285	425637	1	+	1353
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2809 CDS	contig00047	425637	426170	3	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2810 CDS	contig00047	426167	426571	2	+	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2811 CDS	contig00047	426571	427191	1	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2812 CDS	contig00047	427188	428360	3	+	1173
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2813 CDS	contig00047	429164	428418	-2	-	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2814 CDS	contig00047	429308	429487	2	+	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2815 CDS	contig00047	430140	429520	-3	-	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2816 CDS	contig00047	431107	430235	-1	-	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2817 CDS	contig00047	431186	432388	2	+	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2818 CDS	contig00047	432618	433274	3	+	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2819 CDS	contig00047	433258	434490	1	+	1233
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2820 CDS	contig00047	434783	434457	-2	-	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2821 CDS	contig00047	435006	435617	3	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2822 CDS	contig00047	435610	436293	1	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2823 CDS	contig00047	436396	436836	1	+	441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2824 CDS	contig00047	436833	437573	3	+	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2825 CDS	contig00047	437570	438829	2	+	1260
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2826 CDS	contig00047	438826	439578	1	+	753
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2827 CDS	contig00047	439587	440843	3	+	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2828 CDS	contig00047	440929	441498	1	+	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2829 CDS	contig00047	441464	441949	2	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2830 CDS	contig00047	441949	442467	1	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2831 CDS	contig00047	442451	442591	2	+	141
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2832 CDS	contig00047	442700	442954	2	+	255
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2833 CDS	contig00047	442945	443259	1	+	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2834 CDS	contig00047	444308	443361	-2	-	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2835 CDS	contig00047	444501	444638	3	+	138
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2836 CDS	contig00047	446517	444664	-3	-	1854

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2837	CDS	contig00047	446999	446568	-2	-	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2838	CDS	contig00047	447961	447056	-1	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2839	CDS	contig00047	448940	447996	-2	-	945
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2840	CDS	contig00047	449078	450625	2	+	1548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2841	CDS	contig00047	450637	451194	1	+	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2842	CDS	contig00047	451338	451547	3	+	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2843	CDS	contig00047	452903	451623	-2	-	1281
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2844	CDS	contig00047	453032	454084	2	+	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2845	CDS	contig00047	454068	455219	3	+	1152
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2846	CDS	contig00047	455226	456047	3	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2847	CDS	contig00047	456040	456720	1	+	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2848	CDS	contig00047	457938	457051	-3	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2849	CDS	contig00047	458053	459120	1	+	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2850	CDS	contig00047	459133	460158	1	+	1026
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2851	CDS	contig00047	460281	461285	3	+	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2852	CDS	contig00047	461469	461738	3	+	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2853	CDS	contig00047	462308	461814	-2	-	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2854	CDS	contig00047	462494	463135	2	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2855	CDS	contig00047	463145	463828	2	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2856	CDS	contig00047	463816	465090	1	+	1275
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2857	CDS	contig00047	465083	465880	2	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2858	CDS	contig00047	465883	467139	1	+	1257
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2859	CDS	contig00047	467139	468191	3	+	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2860	CDS	contig00047	468188	468991	2	+	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2861	CDS	contig00047	470024	469068	-2	-	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2862	CDS	contig00047	471212	470106	-2	-	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2863	CDS	contig00047	472382	471351	-2	-	1032
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2864	CDS	contig00047	472773	473579	3	+	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2865	CDS	contig00047	473606	473911	2	+	306
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2866	CDS	contig00047	474069	475229	3	+	1161
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2867	CDS	contig00047	475273	476550	1	+	1278
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2868	CDS	contig00047	476614	478707	1	+	2094
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2869	CDS	contig00047	478722	479891	3	+	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2870	CDS	contig00047	481607	479976	-2	-	1632
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2871	CDS	contig00047	481751	482638	2	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2872	CDS	contig00047	482723	483901	2	+	1179
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2873	CDS	contig00047	483948	484220	3	+	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2874	CDS	contig00047	484300	484644	1	+	345
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2875	CDS	contig00047	484675	485652	1	+	978
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2876	CDS	contig00047	486769	485729	-1	-	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2877	CDS	contig00047	486883	487791	1	+	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2878	CDS	contig00047	488085	487792	-3	-	294
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2879	CDS	contig00047	488604	490145	3	+	1542
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2880	CDS	contig00047	490396	492120	1	+	1725
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2881	CDS	contig00047	492128	493345	2	+	1218
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2882	CDS	contig00047	493342	498078	1	+	4737
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2883	CDS	contig00047	501945	498586	-3	-	3360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2884	CDS	contig00047	502843	504540	1	+	1698
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2885	CDS	contig00047	504545	505639	2	+	1095

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2886 CDS	contig00047	505639	510570	1	+	4932
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2887 CDS	contig00047	510778	510638	-1	-	141
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2888 CDS	contig00047	512748	511138	-3	-	1611
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2889 CDS	contig00047	515401	512735	-1	-	2667
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2890 CDS	contig00047	515865	516383	3	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2891 CDS	contig00047	516453	518531	3	+	2079
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2892 CDS	contig00047	518518	519009	1	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2893 CDS	contig00047	519022	520347	1	+	1326
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2894 CDS	contig00047	520328	521305	2	+	978
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2895 CDS	contig00047	521305	522246	1	+	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2896 CDS	contig00047	522400	524385	1	+	1986
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2897 CDS	contig00047	524387	525946	2	+	1560
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2898 CDS	contig00047	526005	526514	3	+	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2899 CDS	contig00047	526523	528001	2	+	1479
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2900 CDS	contig00047	528061	528471	1	+	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2901 CDS	contig00047	528484	530232	1	+	1749
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2902 CDS	contig00047	530229	531227	3	+	999
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2903 CDS	contig00047	531748	531299	-1	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2904 CDS	contig00047	535182	531784	-3	-	3399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2905 CDS	contig00047	535786	535217	-1	-	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2906 CDS	contig00047	536521	536135	-1	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2907 CDS	contig00047	537686	536757	-2	-	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2908 CDS	contig00047	537933	546677	3	+	8745
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2909 CDS	contig00047	547347	546766	-3	-	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2910 CDS	contig00047	547990	547376	-1	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2911 CDS	contig00047	548694	547987	-3	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2912 CDS	contig00047	551481	548707	-3	-	2775
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2913 CDS	contig00047	552244	551522	-1	-	723
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2914 CDS	contig00047	553635	552310	-3	-	1326
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2915 CDS	contig00047	554147	553647	-2	-	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2916 CDS	contig00047	555627	554149	-3	-	1479
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2917 CDS	contig00047	556239	555637	-3	-	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2918 CDS	contig00047	556517	558808	2	+	2292
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2919 CDS	contig00047	560771	558876	-2	-	1896
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2920 CDS	contig00047	560976	561275	3	+	300
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2921 CDS	contig00047	561275	562060	2	+	786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2922 CDS	contig00047	563423	562227	-2	-	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2923 CDS	contig00047	565396	563495	-1	-	1902
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2924 CDS	contig00047	565697	566554	2	+	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2925 CDS	contig00047	566636	567508	2	+	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2926 CDS	contig00047	569684	567594	-2	-	2091
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2927 CDS	contig00047	572900	570033	-2	-	2868
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2928 CDS	contig00047	573304	572924	-1	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2929 CDS	contig00047	573599	574228	2	+	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2930 CDS	contig00047	574297	575415	1	+	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2931 CDS	contig00047	575751	575638	-3	-	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2932 CDS	contig00047	575858	576541	2	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2933 CDS	contig00047	577537	576641	-1	-	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2934 CDS	contig00047	577677	577955	3	+	279

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2935	CDS	contig00048	102	5333	3	+	5232
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2936	CDS	contig00048	5453	6088	2	+	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2937	CDS	contig00048	7068	6160	-3	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2938	CDS	contig00048	7199	8392	2	+	1194
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2939	CDS	contig00048	10114	8474	-1	-	1641
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2940	CDS	contig00048	12140	10224	-2	-	1917
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2941	CDS	contig00048	12553	12140	-1	-	414
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2942	CDS	contig00048	12640	12996	1	+	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2943	CDS	contig00048	13109	14068	2	+	960
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2944	CDS	contig00048	14246	15364	2	+	1119
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2945	CDS	contig00048	15366	18518	3	+	3153
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2946	CDS	contig00048	18711	19673	3	+	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2947	CDS	contig00048	19770	20567	3	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2948	CDS	contig00048	21715	20645	-1	-	1071
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2949	CDS	contig00048	22076	22555	2	+	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2950	CDS	contig00048	22838	23110	2	+	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2951	CDS	contig00048	23650	23207	-1	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2952	CDS	contig00048	23787	24674	3	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2953	CDS	contig00048	24790	24671	-1	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2954	CDS	contig00048	25227	24952	-3	-	276
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2955	CDS	contig00048	25537	25259	-1	-	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2956	CDS	contig00048	25767	26414	3	+	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2957	CDS	contig00048	26575	27150	1	+	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2958	CDS	contig00048	27236	27514	2	+	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2959	CDS	contig00048	27550	27834	1	+	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2960	CDS	contig00048	27867	28145	3	+	279
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2961	CDS	contig00048	28254	28129	-3	-	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2962	CDS	contig00049	471	52	-3	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2963	CDS	contig00049	3162	499	-3	-	2664
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2964	CDS	contig00049	3958	3218	-1	-	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2965	CDS	contig00049	4826	4275	-2	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2966	CDS	contig00049	4940	5827	2	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2967	CDS	contig00049	6170	6568	2	+	399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2968	CDS	contig00049	6572	8260	2	+	1689
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2969	CDS	contig00049	8280	8474	3	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2970	CDS	contig00049	8471	9517	2	+	1047
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2971	CDS	contig00049	9622	10509	1	+	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2972	CDS	contig00049	10506	11129	3	+	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2973	CDS	contig00049	11150	11881	2	+	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2974	CDS	contig00049	11889	12098	3	+	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2975	CDS	contig00049	12570	12169	-3	-	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2976	CDS	contig00049	15385	12662	-1	-	2724
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2977	CDS	contig00049	15721	16188	1	+	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2978	CDS	contig00049	17133	16252	-3	-	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2979	CDS	contig00049	18525	17275	-3	-	1251
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2980	CDS	contig00049	19820	18558	-2	-	1263
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2981	CDS	contig00049	20574	19822	-3	-	753
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2982	CDS	contig00049	22262	20799	-2	-	1464
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2983	CDS	contig00049	23342	22278	-2	-	1065

SA1G	fig 6666666.3236.peg.2984 CDS	contig00049	24528	23326	-3	-	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2985 CDS	contig00049	25853	24531	-2	-	1323
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2986 CDS	contig00049	26937	25855	-3	-	1083
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2987 CDS	contig00049	28286	26937	-2	-	1350
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2988 CDS	contig00049	29773	28292	-1	-	1482
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2989 CDS	contig00049	31343	29781	-2	-	1563
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2990 CDS	contig00049	31842	31516	-3	-	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2991 CDS	contig00049	32789	31839	-2	-	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2992 CDS	contig00049	34283	33420	-2	-	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2993 CDS	contig00049	34462	36273	1	+	1812
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2994 CDS	contig00049	36302	36625	2	+	324
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2995 CDS	contig00049	36629	37219	2	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2996 CDS	contig00049	37224	37811	3	+	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2997 CDS	contig00049	38330	37881	-2	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2998 CDS	contig00049	38980	38345	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.2999 CDS	contig00049	39860	39123	-2	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3000 CDS	contig00049	41125	39857	-1	-	1269
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3001 CDS	contig00049	41766	41125	-3	-	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3002 CDS	contig00049	42505	42113	-1	-	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3003 CDS	contig00049	42949	42521	-1	-	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3004 CDS	contig00049	44374	43229	-1	-	1146
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3005 CDS	contig00049	44460	44915	3	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3006 CDS	contig00049	44995	46362	1	+	1368
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3007 CDS	contig00049	46477	47544	1	+	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3008 CDS	contig00049	49875	47599	-3	-	2277
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3009 CDS	contig00049	51758	49878	-2	-	1881
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3010 CDS	contig00049	52369	51902	-1	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3011 CDS	contig00049	53310	52486	-3	-	825
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3012 CDS	contig00049	53757	53326	-3	-	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3013 CDS	contig00049	54397	53759	-1	-	639
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3014 CDS	contig00049	54630	55955	3	+	1326
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3015 CDS	contig00049	57480	56050	-3	-	1431
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3016 CDS	contig00049	60474	57616	-3	-	2859
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3017 CDS	contig00049	62212	60680	-1	-	1533
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3018 CDS	contig00049	62388	63152	3	+	765
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3019 CDS	contig00049	64743	63226	-3	-	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3020 CDS	contig00049	64929	65609	3	+	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3021 CDS	contig00049	65637	66917	3	+	1281
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3022 CDS	contig00049	67086	67697	3	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3023 CDS	contig00049	68441	67761	-2	-	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3024 CDS	contig00049	69999	68443	-3	-	1557
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3025 CDS	contig00049	70138	71361	1	+	1224
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3026 CDS	contig00049	72253	71450	-1	-	804
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3027 CDS	contig00049	72751	72263	-1	-	489
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3028 CDS	contig00049	73101	72748	-3	-	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3029 CDS	contig00049	73247	73843	2	+	597
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3030 CDS	contig00049	74911	73895	-1	-	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3031 CDS	contig00049	75139	75354	1	+	216
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3032 CDS	contig00049	75384	75827	3	+	444

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3033 CDS	contig00049	75902	77665	2	+	1764
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3034 CDS	contig00049	77765	79606	2	+	1842
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3035 CDS	contig00049	80033	79884	-2	-	150
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3036 CDS	contig00049	80218	80838	1	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3037 CDS	contig00049	80983	82527	1	+	1545
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3038 CDS	contig00049	82610	83011	2	+	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3039 CDS	contig00049	83397	84809	3	+	1413
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3040 CDS	contig00049	84986	85612	2	+	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3041 CDS	contig00049	85790	85659	-2	-	132
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3042 CDS	contig00049	87819	85924	-3	-	1896
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3043 CDS	contig00049	88446	87952	-3	-	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3044 CDS	contig00049	90167	88446	-2	-	1722
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3045 CDS	contig00049	92279	90441	-2	-	1839
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3046 CDS	contig00049	93497	92526	-2	-	972
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3047 CDS	contig00049	96240	93823	-3	-	2418
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3048 CDS	contig00049	97406	96240	-2	-	1167
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3049 CDS	contig00049	97753	98073	1	+	321
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3050 CDS	contig00049	98193	100214	3	+	2022
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3051 CDS	contig00049	100625	101971	2	+	1347
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3052 CDS	contig00049	102045	102872	3	+	828
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3053 CDS	contig00049	104194	102947	-1	-	1248
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3054 CDS	contig00049	104678	104460	-2	-	219
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3055 CDS	contig00049	104909	107119	2	+	2211
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3056 CDS	contig00049	107311	108318	1	+	1008
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3057 CDS	contig00049	108490	109065	1	+	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3058 CDS	contig00049	109245	109769	3	+	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3059 CDS	contig00049	109789	111123	1	+	1335
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3060 CDS	contig00049	111610	111206	-1	-	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3061 CDS	contig00049	111856	112488	1	+	633
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3062 CDS	contig00049	113357	112563	-2	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3063 CDS	contig00049	114826	113369	-1	-	1458
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3064 CDS	contig00049	115855	114839	-1	-	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3065 CDS	contig00049	117137	115923	-2	-	1215
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3066 CDS	contig00049	118020	117442	-3	-	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3067 CDS	contig00049	119125	118109	-1	-	1017
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3068 CDS	contig00049	119928	119245	-3	-	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3069 CDS	contig00049	120611	119934	-2	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3070 CDS	contig00049	121609	120779	-1	-	831
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3071 CDS	contig00049	123215	121692	-2	-	1524
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3072 CDS	contig00049	124312	123224	-1	-	1089
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3073 CDS	contig00049	124867	124349	-1	-	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3074 CDS	contig00049	126779	125091	-2	-	1689
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3075 CDS	contig00049	127372	126866	-1	-	507
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3076 CDS	contig00049	127955	127377	-2	-	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3077 CDS	contig00049	128521	127955	-1	-	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3078 CDS	contig00049	129507	128506	-3	-	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3079 CDS	contig00049	129730	132144	1	+	2415
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3080 CDS	contig00049	133110	132211	-3	-	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3081 CDS	contig00049	133290	134018	3	+	729

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3082 CDS	contig00049	134113	135579	1	+	1467
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3083 CDS	contig00049	135807	135932	3	+	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3084 CDS	contig00049	137974	136100	-1	-	1875
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3085 CDS	contig00049	139483	138272	-1	-	1212
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3086 CDS	contig00049	140321	139542	-2	-	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3087 CDS	contig00049	141341	140337	-2	-	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3088 CDS	contig00049	141550	142686	1	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3089 CDS	contig00049	142866	145496	3	+	2631
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3090 CDS	contig00049	146534	145647	-2	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3091 CDS	contig00049	147252	146803	-3	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3092 CDS	contig00049	147520	147293	-1	-	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3093 CDS	contig00049	147691	147536	-1	-	156
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3094 CDS	contig00049	148227	147847	-3	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3095 CDS	contig00049	149224	148481	-1	-	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3096 CDS	contig00049	151798	149291	-1	-	2508
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3097 CDS	contig00049	152317	151892	-1	-	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3098 CDS	contig00049	152424	153608	3	+	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3099 CDS	contig00049	154341	153709	-3	-	633
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3100 CDS	contig00049	155922	154606	-3	-	1317
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3101 CDS	contig00049	156285	156100	-3	-	186
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3102 CDS	contig00049	157267	156383	-1	-	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3103 CDS	contig00049	158475	157270	-3	-	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3104 CDS	contig00049	159813	158512	-3	-	1302
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3105 CDS	contig00049	160119	159853	-3	-	267
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3106 CDS	contig00049	161156	160224	-2	-	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3107 CDS	contig00049	163134	161149	-3	-	1986
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3108 CDS	contig00049	164885	163146	-2	-	1740
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3109 CDS	contig00049	165343	164879	-1	-	465
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3110 CDS	contig00049	165556	166671	1	+	1116
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3111 CDS	contig00050	1039	485	-1	-	555
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3112 CDS	contig00050	2848	1085	-1	-	1764
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3113 CDS	contig00050	3555	2911	-3	-	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3114 CDS	contig00050	5631	3733	-3	-	1899
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3115 CDS	contig00050	6101	5667	-2	-	435
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3116 CDS	contig00050	6882	6106	-3	-	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3117 CDS	contig00050	8577	6991	-3	-	1587
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3118 CDS	contig00050	9087	9491	3	+	405
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3119 CDS	contig00050	10477	9764	-1	-	714
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3120 CDS	contig00050	11506	10664	-1	-	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3121 CDS	contig00050	11954	13546	2	+	1593
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3122 CDS	contig00050	13615	14124	1	+	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3123 CDS	contig00050	14810	14196	-2	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3124 CDS	contig00050	14912	15469	2	+	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3125 CDS	contig00050	15521	16468	2	+	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3126 CDS	contig00050	17983	16511	-1	-	1473
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3127 CDS	contig00050	18929	18108	-2	-	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3128 CDS	contig00050	20979	19009	-3	-	1971
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3129 CDS	contig00050	23036	21033	-2	-	2004
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3130 CDS	contig00050	23255	25111	2	+	1857



SA1G	fig 6666666.3236.peg.3131 CDS	contig00050	25252	26217	1	+	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3132 CDS	contig00050	27414	26299	-3	-	1116
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3133 CDS	contig00050	28039	29475	1	+	1437
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3134 CDS	contig00050	30916	29726	-1	-	1191
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3135 CDS	contig00050	32116	31058	-1	-	1059
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3136 CDS	contig00050	32155	32382	1	+	228
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3137 CDS	contig00050	32402	34210	2	+	1809
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3138 CDS	contig00053	582	220	-3	-	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3139 CDS	contig00053	2292	820	-3	-	1473
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3140 CDS	contig00053	6839	2292	-2	-	4548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3141 CDS	contig00053	7405	8346	1	+	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3142 CDS	contig00053	8401	10767	1	+	2367
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3143 CDS	contig00053	10776	11222	3	+	447
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3144 CDS	contig00053	12021	11302	-3	-	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3145 CDS	contig00053	12470	12946	2	+	477
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3146 CDS	contig00053	13350	15809	3	+	2460
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3147 CDS	contig00053	15811	16767	1	+	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3148 CDS	contig00053	16764	18047	3	+	1284
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3149 CDS	contig00053	18618	18241	-3	-	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3150 CDS	contig00053	18982	19830	1	+	849
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3151 CDS	contig00053	19830	20504	3	+	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3152 CDS	contig00053	20594	21121	2	+	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3153 CDS	contig00053	21349	21170	-1	-	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3154 CDS	contig00053	21780	21917	3	+	138
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3155 CDS	contig00053	22067	23500	2	+	1434
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3156 CDS	contig00053	23615	24394	2	+	780
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3157 CDS	contig00053	24639	25499	3	+	861
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3158 CDS	contig00053	25631	26323	2	+	693
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3159 CDS	contig00053	27613	26384	-1	-	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3160 CDS	contig00053	28464	27808	-3	-	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3161 CDS	contig00053	29186	28605	-2	-	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3162 CDS	contig00053	29726	29400	-2	-	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3163 CDS	contig00053	29980	30549	1	+	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3164 CDS	contig00053	30561	31748	3	+	1188
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3165 CDS	contig00053	31751	32959	2	+	1209
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3166 CDS	contig00053	33208	33005	-1	-	204
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3167 CDS	contig00053	34085	33615	-2	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3168 CDS	contig00053	35043	34087	-3	-	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3169 CDS	contig00053	35227	35487	1	+	261
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3170 CDS	contig00053	35459	35848	2	+	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3171 CDS	contig00053	37503	35884	-3	-	1620
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3172 CDS	contig00053	37816	38394	1	+	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3173 CDS	contig00053	38424	39041	3	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3174 CDS	contig00053	39042	40019	3	+	978
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3175 CDS	contig00053	40025	40510	2	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3176 CDS	contig00053	40600	42393	1	+	1794
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3177 CDS	contig00053	42465	43418	3	+	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3178 CDS	contig00053	43429	44100	1	+	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3179 CDS	contig00053	44100	45068	3	+	969

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3180 CDS	contig00053	45203	45919	2	+	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3181 CDS	contig00053	45916	46647	1	+	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3182 CDS	contig00053	46647	47027	3	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3183 CDS	contig00053	49880	47085	-2	-	2796
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3184 CDS	contig00053	50044	51360	1	+	1317
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3185 CDS	contig00053	51427	53664	1	+	2238
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3186 CDS	contig00053	53858	54991	2	+	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3187 CDS	contig00053	55085	55906	2	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3188 CDS	contig00053	56038	57678	1	+	1641
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3189 CDS	contig00053	57757	59055	1	+	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3190 CDS	contig00053	59228	59512	2	+	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3191 CDS	contig00053	59516	60232	2	+	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3192 CDS	contig00053	60232	60708	1	+	477
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3193 CDS	contig00053	60720	61775	3	+	1056
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3194 CDS	contig00053	61795	62556	1	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3195 CDS	contig00053	62556	63182	3	+	627
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3196 CDS	contig00053	63196	64185	1	+	990
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3197 CDS	contig00053	64240	65205	1	+	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3198 CDS	contig00053	65908	65345	-1	-	564
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3199 CDS	contig00053	66296	67510	2	+	1215
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3200 CDS	contig00053	68911	67583	-1	-	1329
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3201 CDS	contig00053	70117	69176	-1	-	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3202 CDS	contig00053	71886	70240	-3	-	1647
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3203 CDS	contig00053	72077	72490	2	+	414
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3204 CDS	contig00053	72499	72927	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3205 CDS	contig00053	73450	75075	1	+	1626
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3206 CDS	contig00057	349	846	1	+	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3207 CDS	contig00057	849	1433	3	+	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3208 CDS	contig00058	371	1045	2	+	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3209 CDS	contig00058	1391	1585	2	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3210 CDS	contig00058	3787	2774	-1	-	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3211 CDS	contig00058	4917	3787	-3	-	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3212 CDS	contig00058	6289	5078	-1	-	1212
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3213 CDS	contig00058	6410	8452	2	+	2043
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3214 CDS	contig00058	9553	8582	-1	-	972
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3215 CDS	contig00058	9839	9558	-2	-	282
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3216 CDS	contig00058	10024	10689	1	+	666
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3217 CDS	contig00058	10715	11527	2	+	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3218 CDS	contig00058	11530	11793	1	+	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3219 CDS	contig00058	12986	11865	-2	-	1122
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3220 CDS	contig00058	14797	13115	-1	-	1683
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3221 CDS	contig00058	15852	14983	-3	-	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3222 CDS	contig00058	16410	15859	-3	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3223 CDS	contig00058	16781	16482	-2	-	300
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3224 CDS	contig00058	17542	16841	-1	-	702
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3225 CDS	contig00058	19508	17550	-2	-	1959
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3226 CDS	contig00058	19744	20577	1	+	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3227 CDS	contig00058	21431	20634	-2	-	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3228 CDS	contig00058	22382	21597	-2	-	786

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3229 CDS	contig00058	22471	23364	1	+	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3230 CDS	contig00058	24600	23428	-3	-	1173
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3231 CDS	contig00058	26300	24723	-2	-	1578
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3232 CDS	contig00058	26549	27571	2	+	1023
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3233 CDS	contig00058	27692	27850	2	+	159
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3234 CDS	contig00058	30238	27914	-1	-	2325
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3235 CDS	contig00058	30459	31370	3	+	912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3236 CDS	contig00058	32326	31619	-1	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3237 CDS	contig00058	32657	34024	2	+	1368
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3238 CDS	contig00058	34394	36724	2	+	2331
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3239 CDS	contig00058	38132	36852	-2	-	1281
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3240 CDS	contig00058	38410	39180	1	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3241 CDS	contig00058	39530	40111	2	+	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3242 CDS	contig00058	40484	41950	2	+	1467
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3243 CDS	contig00058	41910	42047	3	+	138
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3244 CDS	contig00058	42150	42779	3	+	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3245 CDS	contig00058	44251	42824	-1	-	1428
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3246 CDS	contig00058	45470	44700	-2	-	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3247 CDS	contig00058	46410	45460	-3	-	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3248 CDS	contig00058	47065	46433	-1	-	633
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3249 CDS	contig00058	48078	47068	-3	-	1011
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3250 CDS	contig00058	48878	48072	-2	-	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3251 CDS	contig00058	50235	48991	-3	-	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3252 CDS	contig00058	50560	50327	-1	-	234
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3253 CDS	contig00058	51467	50730	-2	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3254 CDS	contig00058	52407	51484	-3	-	924
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3255 CDS	contig00058	53427	52474	-3	-	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3256 CDS	contig00058	54200	53433	-2	-	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3257 CDS	contig00058	54639	54469	-3	-	171
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3258 CDS	contig00058	55177	54656	-1	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3259 CDS	contig00058	55475	56056	2	+	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3260 CDS	contig00058	57082	56135	-1	-	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3261 CDS	contig00058	57526	60516	1	+	2991
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3262 CDS	contig00058	60693	62240	3	+	1548
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3263 CDS	contig00058	62341	62946	1	+	606
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3264 CDS	contig00058	65153	63018	-2	-	2136
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3265 CDS	contig00058	65975	65328	-2	-	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3266 CDS	contig00058	67147	66080	-1	-	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3267 CDS	contig00058	67280	69340	2	+	2061
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3268 CDS	contig00058	70169	69465	-2	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3269 CDS	contig00058	71450	70281	-2	-	1170
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3270 CDS	contig00058	71742	71458	-3	-	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3271 CDS	contig00058	72158	71877	-2	-	282
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3272 CDS	contig00058	73892	72219	-2	-	1674
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3273 CDS	contig00058	74662	73988	-1	-	675
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3274 CDS	contig00058	76100	74820	-2	-	1281
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3275 CDS	contig00058	76286	77005	2	+	720
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3276 CDS	contig00058	77002	77694	1	+	693
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3277 CDS	contig00058	77784	78002	3	+	219

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3278	CDS	contig00058	80377	78125	-1	-	2253
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3279	CDS	contig00058	80740	80420	-1	-	321
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3280	CDS	contig00058	81139	81360	1	+	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3281	CDS	contig00058	81469	82011	1	+	543
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3282	CDS	contig00058	83521	82064	-1	-	1458
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3283	CDS	contig00058	83976	84833	3	+	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3284	CDS	contig00058	85019	86953	2	+	1935
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3285	CDS	contig00058	87084	88355	3	+	1272
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3286	CDS	contig00058	88366	89883	1	+	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3287	CDS	contig00058	92203	89975	-1	-	2229
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3288	CDS	contig00058	92408	93028	2	+	621
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3289	CDS	contig00058	93131	93304	2	+	174
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3290	CDS	contig00058	93666	93394	-3	-	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3291	CDS	contig00058	94289	95572	2	+	1284
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3292	CDS	contig00058	95984	95649	-2	-	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3293	CDS	contig00058	96803	96030	-2	-	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3294	CDS	contig00058	97962	96817	-3	-	1146
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3295	CDS	contig00058	99467	97977	-2	-	1491
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3296	CDS	contig00058	99656	101194	2	+	1539
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3297	CDS	contig00058	101311	102435	1	+	1125
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3298	CDS	contig00058	102447	103064	3	+	618
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3299	CDS	contig00058	103134	104504	3	+	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3300	CDS	contig00058	105056	104628	-2	-	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3301	CDS	contig00058	105296	107389	2	+	2094
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3302	CDS	contig00058	107514	108710	3	+	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3303	CDS	contig00058	109705	108818	-1	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3304	CDS	contig00058	110202	109732	-3	-	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3305	CDS	contig00058	110797	112545	1	+	1749
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3306	CDS	contig00058	112649	113149	2	+	501
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3307	CDS	contig00058	114391	113342	-1	-	1050
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3308	CDS	contig00058	114889	115698	1	+	810
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3309	CDS	contig00058	115959	116561	3	+	603
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3310	CDS	contig00058	117911	116544	-2	-	1368
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3311	CDS	contig00058	119168	118227	-2	-	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3312	CDS	contig00058	119247	119672	3	+	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3313	CDS	contig00058	120007	119747	-1	-	261
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3314	CDS	contig00058	120545	120015	-2	-	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3315	CDS	contig00058	120735	121268	3	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3316	CDS	contig00058	121374	122015	3	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3317	CDS	contig00058	123258	122173	-3	-	1086
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3318	CDS	contig00058	123658	123771	1	+	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3319	CDS	contig00058	124750	123818	-1	-	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3320	CDS	contig00058	124803	125336	3	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3321	CDS	contig00058	125855	125400	-2	-	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3322	CDS	contig00058	126115	128892	1	+	2778
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3323	CDS	contig00058	131059	128960	-1	-	2100
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3324	CDS	contig00058	132387	131059	-3	-	1329
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3325	CDS	contig00058	132726	132872	3	+	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3326	CDS	contig00058	133269	134483	3	+	1215

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3327 CDS	contig00058	134989	136287	1	+	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3328 CDS	contig00058	136449	137054	3	+	606
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3329 CDS	contig00058	137912	137130	-2	-	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3330 CDS	contig00058	139293	138076	-3	-	1218
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3331 CDS	contig00058	139805	139290	-2	-	516
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3332 CDS	contig00058	140356	139805	-1	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3333 CDS	contig00058	142318	140360	-1	-	1959
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3334 CDS	contig00058	142800	142315	-3	-	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3335 CDS	contig00058	143003	142797	-2	-	207
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3336 CDS	contig00058	143779	143027	-1	-	753
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3337 CDS	contig00058	144491	143823	-2	-	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3338 CDS	contig00058	145106	144492	-2	-	615
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3339 CDS	contig00058	145848	145387	-3	-	462
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3340 CDS	contig00058	146342	145848	-2	-	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3341 CDS	contig00058	147429	146371	-3	-	1059
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3342 CDS	contig00058	148196	147429	-2	-	768
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3343 CDS	contig00058	149335	148205	-1	-	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3344 CDS	contig00058	151558	149351	-1	-	2208
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3345 CDS	contig00058	152284	151568	-1	-	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3346 CDS	contig00058	152696	152316	-2	-	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3347 CDS	contig00058	153464	152733	-2	-	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3348 CDS	contig00058	154347	153457	-3	-	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3349 CDS	contig00058	155822	154344	-2	-	1479
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3350 CDS	contig00058	157949	155856	-2	-	2094
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3351 CDS	contig00058	158212	158889	1	+	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3352 CDS	contig00058	160033	158903	-1	-	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3353 CDS	contig00058	160861	160079	-1	-	783
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3354 CDS	contig00058	161168	160899	-2	-	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3355 CDS	contig00058	162047	161178	-2	-	870
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3356 CDS	contig00058	162420	162034	-3	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3357 CDS	contig00058	162833	162444	-2	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3358 CDS	contig00058	163890	162856	-3	-	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3359 CDS	contig00058	164383	163898	-1	-	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3360 CDS	contig00058	165700	164447	-1	-	1254
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3361 CDS	contig00058	166315	165872	-1	-	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3362 CDS	contig00058	167645	166326	-2	-	1320
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3363 CDS	contig00058	168442	167645	-1	-	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3364 CDS	contig00058	169598	168546	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3365 CDS	contig00058	171324	169591	-3	-	1734
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3366 CDS	contig00058	171653	171342	-2	-	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3367 CDS	contig00058	173187	171754	-3	-	1434
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3368 CDS	contig00058	174252	173191	-3	-	1062
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3369 CDS	contig00058	175892	174411	-2	-	1482
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3370 CDS	contig00058	176491	176081	-1	-	411
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3371 CDS	contig00058	176797	176507	-1	-	291
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3372 CDS	contig00058	178799	176829	-2	-	1971
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3373 CDS	contig00058	179243	178824	-2	-	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3374 CDS	contig00058	180503	179367	-2	-	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3375 CDS	contig00058	181876	180749	-1	-	1128

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3376 CDS	contig00058	183405	182272	-3	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3377 CDS	contig00058	184936	183803	-1	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3378 CDS	contig00058	185362	184994	-1	-	369
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3379 CDS	contig00058	186754	185615	-1	-	1140
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3380 CDS	contig00058	188556	187363	-3	-	1194
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3381 CDS	contig00058	190454	188574	-2	-	1881
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3382 CDS	contig00058	190606	190731	1	+	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3383 CDS	contig00058	191727	190723	-3	-	1005
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3384 CDS	contig00058	192932	191835	-2	-	1098
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3385 CDS	contig00058	193750	192959	-1	-	792
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3386 CDS	contig00058	194551	193763	-1	-	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3387 CDS	contig00058	195355	194606	-1	-	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3388 CDS	contig00058	196868	195570	-2	-	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3389 CDS	contig00058	197739	197029	-3	-	711
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3390 CDS	contig00058	198171	197755	-3	-	417
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3391 CDS	contig00058	198569	198174	-2	-	396
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3392 CDS	contig00058	199592	198765	-2	-	828
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3393 CDS	contig00058	200596	199676	-1	-	921
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3394 CDS	contig00058	200674	201420	1	+	747
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3395 CDS	contig00058	201636	201947	3	+	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3396 CDS	contig00058	201994	202422	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3397 CDS	contig00058	203309	202878	-2	-	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3398 CDS	contig00058	203956	203321	-1	-	636
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3399 CDS	contig00058	204128	205264	2	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3400 CDS	contig00058	205482	206858	3	+	1377
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3401 CDS	contig00058	206939	207112	2	+	174
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3402 CDS	contig00058	208642	207218	-1	-	1425
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3403 CDS	contig00058	209609	208812	-2	-	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3404 CDS	contig00058	210738	209698	-3	-	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3405 CDS	contig00058	212528	211476	-2	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3406 CDS	contig00058	215063	213057	-2	-	2007
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3407 CDS	contig00058	216149	215154	-2	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3408 CDS	contig00058	216434	217186	2	+	753
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3409 CDS	contig00058	217317	218285	3	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3410 CDS	contig00058	218606	218863	2	+	258
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3411 CDS	contig00058	218919	220643	3	+	1725
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3412 CDS	contig00058	220719	221228	3	+	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3413 CDS	contig00058	222272	221367	-2	-	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3414 CDS	contig00058	222747	222355	-3	-	393
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3415 CDS	contig00058	223213	222764	-1	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3416 CDS	contig00058	223418	223777	2	+	360
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3417 CDS	contig00058	223997	223866	-2	-	132
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3418 CDS	contig00058	224582	224007	-2	-	576
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3419 CDS	contig00058	225088	224615	-1	-	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3420 CDS	contig00058	227653	225164	-1	-	2490
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3421 CDS	contig00058	227934	227650	-3	-	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3422 CDS	contig00058	228452	227928	-2	-	525
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3423 CDS	contig00058	228640	230331	1	+	1692
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3424 CDS	contig00058	230352	230963	3	+	612

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3425 CDS	contig00058	230965	231294	1	+	330
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3426 CDS	contig00058	231696	231415	-3	-	282
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3427 CDS	contig00058	232147	231863	-1	-	285
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3428 CDS	contig00058	232345	232692	1	+	348
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3429 CDS	contig00058	232726	233859	1	+	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3430 CDS	contig00058	233918	234586	2	+	669
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3431 CDS	contig00058	234589	234798	1	+	210
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3432 CDS	contig00058	235879	234827	-1	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3433 CDS	contig00058	236772	235891	-3	-	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3434 CDS	contig00058	237044	237571	2	+	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3435 CDS	contig00058	237670	238140	1	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3436 CDS	contig00058	239262	238198	-3	-	1065
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3437 CDS	contig00058	239492	239271	-2	-	222
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3438 CDS	contig00058	239651	241105	2	+	1455
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3439 CDS	contig00058	241121	241471	2	+	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3440 CDS	contig00058	241531	241959	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3441 CDS	contig00058	243211	242036	-1	-	1176
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3442 CDS	contig00058	243448	244668	1	+	1221
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3443 CDS	contig00058	245430	244786	-3	-	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3444 CDS	contig00058	245638	246678	1	+	1041
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3445 CDS	contig00058	246802	247443	1	+	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3446 CDS	contig00058	248335	247502	-1	-	834
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3447 CDS	contig00058	248989	248408	-1	-	582
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3448 CDS	contig00058	249332	251779	2	+	2448
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3449 CDS	contig00058	252024	251848	-3	-	177
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3450 CDS	contig00058	253459	252197	-1	-	1263
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3451 CDS	contig00058	254141	253470	-2	-	672
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3452 CDS	contig00058	254254	254712	1	+	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3453 CDS	contig00058	255452	254709	-2	-	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3454 CDS	contig00058	255500	256258	2	+	759
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3455 CDS	contig00058	256350	257903	3	+	1554
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3456 CDS	contig00058	257900	258592	2	+	693
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3457 CDS	contig00058	259445	258573	-2	-	873
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3458 CDS	contig00058	259895	259557	-2	-	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3459 CDS	contig00058	260349	260038	-3	-	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3460 CDS	contig00058	261771	260401	-3	-	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3461 CDS	contig00058	262801	261842	-1	-	960
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3462 CDS	contig00058	266332	262853	-1	-	3480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3463 CDS	contig00058	266955	266332	-3	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3464 CDS	contig00058	268111	266960	-1	-	1152
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3465 CDS	contig00058	268968	268180	-3	-	789
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3466 CDS	contig00058	269423	268971	-2	-	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3467 CDS	contig00058	270570	269551	-3	-	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3468 CDS	contig00058	271088	270579	-2	-	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3469 CDS	contig00058	273598	271169	-1	-	2430
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3470 CDS	contig00058	274986	273628	-3	-	1359
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3471 CDS	contig00058	276191	274989	-2	-	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3472 CDS	contig00058	277134	276295	-3	-	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3473 CDS	contig00058	277911	277138	-3	-	774

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3474 CDS	contig00058	278590	278033	-1	-	558
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3475 CDS	contig00058	279357	278626	-3	-	732
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3476 CDS	contig00058	280355	279510	-2	-	846
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3477 CDS	contig00058	281217	280489	-3	-	729
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3478 CDS	contig00058	281577	282404	3	+	828
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3479 CDS	contig00058	282464	285085	2	+	2622
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3480 CDS	contig00058	285225	285605	3	+	381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3481 CDS	contig00058	286625	285675	-2	-	951
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3482 CDS	contig00058	288461	286638	-2	-	1824
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3483 CDS	contig00058	288883	288548	-1	-	336
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3484 CDS	contig00058	290105	288978	-2	-	1128
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3485 CDS	contig00058	291372	290320	-3	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3486 CDS	contig00058	291605	292048	2	+	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3487 CDS	contig00058	293457	292129	-3	-	1329
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3488 CDS	contig00058	295076	293472	-2	-	1605
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3489 CDS	contig00058	296550	295651	-3	-	900
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3490 CDS	contig00058	296696	297304	2	+	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3491 CDS	contig00058	297479	297342	-2	-	138
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3492 CDS	contig00058	297586	298329	1	+	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3493 CDS	contig00058	298748	298386	-2	-	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3494 CDS	contig00058	299452	298805	-1	-	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3495 CDS	contig00058	299760	300689	3	+	930
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3496 CDS	contig00058	301275	301769	3	+	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3497 CDS	contig00058	302422	301862	-1	-	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3498 CDS	contig00058	303309	302611	-3	-	699
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3499 CDS	contig00058	304167	303349	-3	-	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3500 CDS	contig00058	305707	304172	-1	-	1536
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3501 CDS	contig00058	307925	305718	-2	-	2208
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3502 CDS	contig00058	308973	308035	-3	-	939
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3503 CDS	contig00058	310334	309039	-2	-	1296
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3504 CDS	contig00058	311066	310374	-2	-	693
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3505 CDS	contig00058	311279	312193	2	+	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3506 CDS	contig00058	312348	313736	3	+	1389
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3507 CDS	contig00058	313815	313994	3	+	180
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3508 CDS	contig00058	315170	314076	-2	-	1095
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3509 CDS	contig00058	316581	315397	-3	-	1185
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3510 CDS	contig00058	318780	316876	-3	-	1905
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3511 CDS	contig00058	319948	319001	-1	-	948
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3512 CDS	contig00058	320773	320189	-1	-	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3513 CDS	contig00058	320945	321835	2	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3514 CDS	contig00058	321953	323620	2	+	1668
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3515 CDS	contig00058	323836	324192	1	+	357
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3516 CDS	contig00058	324599	324288	-2	-	312
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3517 CDS	contig00058	325023	324586	-3	-	438
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3518 CDS	contig00058	325321	325806	1	+	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3519 CDS	contig00058	326708	326902	2	+	195
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3520 CDS	contig00060	1407	463	-3	-	945
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3521 CDS	contig00060	1406	1519	2	+	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3522 CDS	contig00060	2965	1520	-1	-	1446



SA1G	fig 6666666.3236.peg.3523 CDS	contig00060	3844	3146	-1	-	699
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3524 CDS	contig00060	4082	4729	2	+	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3525 CDS	contig00060	5009	6022	2	+	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3526 CDS	contig00060	6121	6005	-1	-	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3527 CDS	contig00060	6498	7085	3	+	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3528 CDS	contig00060	7902	7165	-3	-	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3529 CDS	contig00060	8011	8313	1	+	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3530 CDS	contig00060	8801	8343	-2	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3531 CDS	contig00060	9082	9945	1	+	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3532 CDS	contig00060	10475	10008	-2	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3533 CDS	contig00060	10595	11659	2	+	1065
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3534 CDS	contig00060	11789	12472	2	+	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3535 CDS	contig00060	15661	12551	-1	-	3111
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3536 CDS	contig00060	16710	15664	-3	-	1047
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3537 CDS	contig00060	17478	17666	3	+	189
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3538 CDS	contig00060	18969	18091	-3	-	879
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3539 CDS	contig00060	20289	19135	-3	-	1155
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3540 CDS	contig00060	20897	20364	-2	-	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3541 CDS	contig00060	23113	21227	-1	-	1887
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3542 CDS	contig00060	23558	23289	-2	-	270
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3543 CDS	contig00060	24255	23551	-3	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3544 CDS	contig00060	24637	24272	-1	-	366
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3545 CDS	contig00060	25792	24659	-1	-	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3546 CDS	contig00060	25959	25789	-3	-	171
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3547 CDS	contig00060	26481	25960	-3	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3548 CDS	contig00060	26945	26472	-2	-	474
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3549 CDS	contig00060	27394	26945	-1	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3550 CDS	contig00060	28549	27497	-1	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3551 CDS	contig00060	29425	28607	-1	-	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3552 CDS	contig00060	29559	31322	3	+	1764
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3553 CDS	contig00060	31364	32302	2	+	939
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3554 CDS	contig00060	34837	32339	-1	-	2499
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3555 CDS	contig00060	35287	34937	-1	-	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3556 CDS	contig00060	35680	35291	-1	-	390
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3557 CDS	contig00060	35915	35682	-2	-	234
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3558 CDS	contig00060	36741	36046	-3	-	696
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3559 CDS	contig00060	37796	36741	-2	-	1056
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3560 CDS	contig00060	38260	37793	-1	-	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3561 CDS	contig00060	39294	38242	-3	-	1053
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3562 CDS	contig00060	39677	39291	-2	-	387
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3563 CDS	contig00060	39871	39674	-1	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3564 CDS	contig00060	40384	39875	-1	-	510
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3565 CDS	contig00060	41318	40377	-2	-	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3566 CDS	contig00060	42511	41315	-1	-	1197
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3567 CDS	contig00060	43007	42771	-2	-	237
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3568 CDS	contig00060	45127	43025	-1	-	2103
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3569 CDS	contig00060	45321	45124	-3	-	198
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3570 CDS	contig00060	45620	45318	-2	-	303
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3571 CDS	contig00060	45847	45617	-1	-	231

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3572 CDS	contig00060	45987	45850	-3	-	138
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3573 CDS	contig00060	46259	45984	-2	-	276
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3574 CDS	contig00060	46809	46270	-3	-	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3575 CDS	contig00060	47246	46845	-2	-	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3576 CDS	contig00060	47536	48144	1	+	609
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3577 CDS	contig00060	48197	49087	2	+	891
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3578 CDS	contig00060	49090	49863	1	+	774
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3579 CDS	contig00060	50343	51140	3	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3580 CDS	contig00060	51227	51382	2	+	156
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3581 CDS	contig00060	51493	52299	1	+	807
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3582 CDS	contig00060	52373	53023	2	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3583 CDS	contig00060	53206	53084	-1	-	123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3584 CDS	contig00060	54038	53361	-2	-	678
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3585 CDS	contig00060	54781	54041	-1	-	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3586 CDS	contig00060	55684	54908	-1	-	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3587 CDS	contig00060	56528	55758	-2	-	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3588 CDS	contig00060	57143	58651	2	+	1509
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3589 CDS	contig00060	58938	61214	3	+	2277
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3590 CDS	contig00060	61374	62111	3	+	738
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3591 CDS	contig00060	62177	63325	2	+	1149
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3592 CDS	contig00060	64425	63430	-3	-	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3593 CDS	contig00060	65390	64425	-2	-	966
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3594 CDS	contig00060	66343	65441	-1	-	903
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3595 CDS	contig00060	67278	66358	-3	-	921
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3596 CDS	contig00060	69046	67382	-1	-	1665
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3597 CDS	contig00060	69663	72200	3	+	2538
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3598 CDS	contig00060	72866	72288	-2	-	579
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3599 CDS	contig00060	74330	72948	-2	-	1383
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3600 CDS	contig00060	74482	74979	1	+	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3601 CDS	contig00060	75040	75765	1	+	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3602 CDS	contig00060	75879	77081	3	+	1203
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3603 CDS	contig00060	77094	77492	3	+	399
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3604 CDS	contig00060	78923	77553	-2	-	1371
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3605 CDS	contig00060	79284	80738	3	+	1455
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3606 CDS	contig00060	81482	80829	-2	-	654
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3607 CDS	contig00060	81637	82881	1	+	1245
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3608 CDS	contig00060	82892	83641	2	+	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3609 CDS	contig00060	83899	84720	1	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3610 CDS	contig00060	84796	85722	1	+	927
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3611 CDS	contig00060	85727	86584	2	+	858
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3612 CDS	contig00060	86649	87398	3	+	750
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3613 CDS	contig00060	87553	88143	1	+	591
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3614 CDS	contig00060	88235	88864	2	+	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3615 CDS	contig00060	88889	89449	2	+	561
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3616 CDS	contig00060	91136	89496	-2	-	1641
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3617 CDS	contig00060	94148	91248	-2	-	2901
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3618 CDS	contig00060	94222	95220	1	+	999
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3619 CDS	contig00060	95317	95772	1	+	456
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3620 CDS	contig00060	97889	95826	-2	-	2064

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3621 CDS	contig00060	98083	100266	1	+	2184
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3622 CDS	contig00060	100395	100892	3	+	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3623 CDS	contig00061	226	603	1	+	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3624 CDS	contig00061	616	1161	1	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3625 CDS	contig00061	1282	1710	1	+	429
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3626 CDS	contig00061	1715	2419	2	+	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3627 CDS	contig00061	2665	3159	1	+	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3628 CDS	contig00061	3215	3583	2	+	369
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3629 CDS	contig00061	3821	7849	2	+	4029
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3630 CDS	contig00061	7921	12126	1	+	4206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3631 CDS	contig00061	13141	12200	-1	-	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3632 CDS	contig00061	13735	13166	-1	-	570
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3633 CDS	contig00061	13991	14635	2	+	645
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3634 CDS	contig00061	14632	15084	1	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3635 CDS	contig00061	15118	15495	1	+	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3636 CDS	contig00061	15517	16353	1	+	837
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3637 CDS	contig00061	16877	16395	-2	-	483
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3638 CDS	contig00061	17037	17831	3	+	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3639 CDS	contig00061	18038	19105	2	+	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3640 CDS	contig00061	19221	19673	3	+	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3641 CDS	contig00061	20633	19719	-2	-	915
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3642 CDS	contig00061	20705	21298	2	+	594
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3643 CDS	contig00061	22446	21376	-3	-	1071
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3644 CDS	contig00061	22668	22940	3	+	273
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3645 CDS	contig00061	22980	23684	3	+	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3646 CDS	contig00061	25041	23749	-3	-	1293
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3647 CDS	contig00061	26927	25335	-2	-	1593
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3648 CDS	contig00061	27208	27627	1	+	420
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3649 CDS	contig00061	27717	28025	3	+	309
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3650 CDS	contig00061	28060	28173	1	+	114
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3651 CDS	contig00061	28502	28206	-2	-	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3652 CDS	contig00061	29406	28525	-3	-	882
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3653 CDS	contig00061	30563	29679	-2	-	885
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3654 CDS	contig00061	32023	30680	-1	-	1344
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3655 CDS	contig00061	32493	32035	-3	-	459
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3656 CDS	contig00061	32973	32524	-3	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3657 CDS	contig00061	35378	33429	-2	-	1950
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3658 CDS	contig00061	36223	35582	-1	-	642
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3659 CDS	contig00061	38059	36227	-1	-	1833
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3660 CDS	contig00061	38264	39406	2	+	1143
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3661 CDS	contig00061	39526	42966	1	+	3441
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3662 CDS	contig00061	44095	43028	-1	-	1068
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3663 CDS	contig00061	44990	44235	-2	-	756
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3664 CDS	contig00061	45332	47116	2	+	1785
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3665 CDS	contig00061	47182	47649	1	+	468
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3666 CDS	contig00061	47659	48363	1	+	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3667 CDS	contig00061	48399	49220	3	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3668 CDS	contig00061	49225	49872	1	+	648
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3669 CDS	contig00061	49881	50762	3	+	882

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3670 CDS	contig00061	50937	51359	3	+	423
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3671 CDS	contig00061	53171	51468	-2	-	1704
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3672 CDS	contig00061	53449	53183	-1	-	267
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3673 CDS	contig00061	54256	53633	-1	-	624
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3674 CDS	contig00061	55010	54381	-2	-	630
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3675 CDS	contig00061	55237	55998	1	+	762
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3676 CDS	contig00061	56053	57885	1	+	1833
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3677 CDS	contig00061	59198	57972	-2	-	1227
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3678 CDS	contig00061	59597	60784	2	+	1188
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3679 CDS	contig00061	60892	62409	1	+	1518
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3680 CDS	contig00061	63383	62475	-2	-	909
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3681 CDS	contig00061	63514	63843	1	+	330
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3682 CDS	contig00061	63860	64861	2	+	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3683 CDS	contig00061	64896	65393	3	+	498
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3684 CDS	contig00061	65462	66667	2	+	1206
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3685 CDS	contig00061	67577	66777	-2	-	801
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3686 CDS	contig00061	69533	67686	-2	-	1848
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3687 CDS	contig00061	69748	70173	1	+	426
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3688 CDS	contig00061	71537	70236	-2	-	1302
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3689 CDS	contig00061	73155	71704	-3	-	1452
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3690 CDS	contig00061	73588	74121	1	+	534
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3691 CDS	contig00061	75255	74197	-3	-	1059
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3692 CDS	contig00061	75508	76002	1	+	495
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3693 CDS	contig00061	76133	76603	2	+	471
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3694 CDS	contig00061	76763	77785	2	+	1023
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3695 CDS	contig00061	77804	78625	2	+	822
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3696 CDS	contig00061	79183	78704	-1	-	480
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3697 CDS	contig00061	80692	79304	-1	-	1389
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3698 CDS	contig00061	81379	80696	-1	-	684
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3699 CDS	contig00061	81585	82076	3	+	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3700 CDS	contig00061	82236	83141	3	+	906
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3701 CDS	contig00061	83361	84323	3	+	963
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3702 CDS	contig00061	85409	84387	-2	-	1023
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3703 CDS	contig00061	85442	86008	2	+	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3704 CDS	contig00061	86661	86299	-3	-	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3705 CDS	contig00061	87056	86673	-2	-	384
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3706 CDS	contig00061	87802	87059	-1	-	744
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3707 CDS	contig00061	89607	87802	-3	-	1806
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3708 CDS	contig00061	90033	90989	3	+	957
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3709 CDS	contig00061	91913	91026	-2	-	888
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3710 CDS	contig00061	92872	92009	-1	-	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3711 CDS	contig00061	94016	92952	-2	-	1065
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3712 CDS	contig00061	94115	94660	2	+	546
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3713 CDS	contig00063	456	1151	3	+	696
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3714 CDS	contig00063	1218	2171	3	+	954
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3715 CDS	contig00063	2214	2825	3	+	612
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3716 CDS	contig00063	3010	4323	1	+	1314
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3717 CDS	contig00063	7463	4365	-2	-	3099
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3718 CDS	contig00063	8492	7473	-2	-	1020

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3719 CDS	contig00063	9058	8717	-1	-	342
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3720 CDS	contig00063	9285	10580	3	+	1296
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3721 CDS	contig00063	10921	12006	1	+	1086
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3722 CDS	contig00063	12124	13143	1	+	1020
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3723 CDS	contig00063	13309	16689	1	+	3381
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3724 CDS	contig00063	17311	18984	1	+	1674
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3725 CDS	contig00063	19133	20119	2	+	987
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3726 CDS	contig00063	20122	21147	1	+	1026
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3727 CDS	contig00063	21149	22132	2	+	984
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3728 CDS	contig00063	22155	23150	3	+	996
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3729 CDS	contig00063	23199	24917	3	+	1719
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3730 CDS	contig00063	24920	25795	2	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3731 CDS	contig00063	25816	27720	1	+	1905
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3732 CDS	contig00063	27759	30164	3	+	2406
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3733 CDS	contig00063	30245	31657	2	+	1413
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3734 CDS	contig00063	32782	31748	-1	-	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3735 CDS	contig00063	34413	32782	-3	-	1632
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3736 CDS	contig00063	35494	34481	-1	-	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3737 CDS	contig00063	36891	35662	-3	-	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3738 CDS	contig00063	37247	36909	-2	-	339
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3739 CDS	contig00063	37778	37410	-2	-	369
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3740 CDS	contig00063	37921	39066	1	+	1146
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3741 CDS	contig00063	39194	40459	2	+	1266
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3742 CDS	contig00063	40472	41602	2	+	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3743 CDS	contig00063	44258	41670	-2	-	2589
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3744 CDS	contig00063	46748	44478	-2	-	2271
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3745 CDS	contig00064	666	127	-3	-	540
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3746 CDS	contig00065	299	156	-2	-	144
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3747 CDS	contig00065	954	1100	3	+	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3748 CDS	contig00065	1216	1353	1	+	138
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3749 CDS	contig00065	1463	2464	2	+	1002
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3750 CDS	contig00065	2445	3743	3	+	1299
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3751 CDS	contig00065	4575	4721	3	+	147
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3752 CDS	contig00065	4996	5346	1	+	351
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3753 CDS	contig00065	5521	6363	1	+	843
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3754 CDS	contig00065	6531	7910	3	+	1380
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3755 CDS	contig00065	8048	8848	2	+	801
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3756 CDS	contig00066	44	487	2	+	444
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3757 CDS	contig00066	1486	1187	-1	-	300
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3758 CDS	contig00066	2284	1757	-1	-	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3759 CDS	contig00066	2331	2453	3	+	123
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3760 CDS	contig00066	2652	3569	3	+	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3761 CDS	contig00067	379	14	-1	-	366
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3762 CDS	contig00067	678	1010	3	+	333
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3763 CDS	contig00067	1032	3113	3	+	2082
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3764 CDS	contig00067	3778	3194	-1	-	585
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3765 CDS	contig00067	4715	3897	-2	-	819
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3766 CDS	contig00067	5272	4721	-1	-	552
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3767 CDS	contig00067	6044	5283	-2	-	762

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3768 CDS	contig00067	6532	6041	-1	-	492
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3769 CDS	contig00067	7761	6532	-3	-	1230
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3770 CDS	contig00067	8788	7754	-1	-	1035
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3771 CDS	contig00067	9468	8788	-3	-	681
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3772 CDS	contig00067	9832	9455	-1	-	378
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3773 CDS	contig00067	10343	9822	-2	-	522
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3774 CDS	contig00067	10893	10441	-3	-	453
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3775 CDS	contig00067	12170	10956	-2	-	1215
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3776 CDS	contig00067	13670	12171	-2	-	1500
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3777 CDS	contig00067	15706	13670	-1	-	2037
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3778 CDS	contig00067	16635	15739	-3	-	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3779 CDS	contig00067	16927	17328	1	+	402
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3780 CDS	contig00067	17421	18296	3	+	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3781 CDS	contig00067	18633	20255	3	+	1623
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3782 CDS	contig00067	20438	22396	2	+	1959
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3783 CDS	contig00067	23577	22462	-3	-	1116
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3784 CDS	contig00067	23928	24896	3	+	969
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3785 CDS	contig00067	25064	25861	2	+	798
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3786 CDS	contig00067	26889	25978	-3	-	912
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3787 CDS	contig00067	27586	26882	-1	-	705
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3788 CDS	contig00067	28368	27583	-3	-	786
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3789 CDS	contig00067	29747	28494	-2	-	1254
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3790 CDS	contig00067	29929	29810	-1	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3791 CDS	contig00067	30011	30325	2	+	315
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3792 CDS	contig00067	32522	30480	-2	-	2043
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3793 CDS	contig00067	32675	33514	2	+	840
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3794 CDS	contig00067	33762	35117	3	+	1356
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3795 CDS	contig00067	35949	35221	-3	-	729
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3796 CDS	contig00067	36476	35973	-2	-	504
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3797 CDS	contig00067	38572	36476	-1	-	2097
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3798 CDS	contig00067	39682	39095	-1	-	588
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3799 CDS	contig00067	39948	41273	3	+	1326
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3800 CDS	contig00067	41303	42730	2	+	1428
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3801 CDS	contig00067	42742	43308	1	+	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3802 CDS	contig00067	43315	44883	1	+	1569
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3803 CDS	contig00067	45814	44951	-1	-	864
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3804 CDS	contig00067	46042	48186	1	+	2145
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3805 CDS	contig00067	48512	48859	2	+	348
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3806 CDS	contig00067	48861	49223	3	+	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3807 CDS	contig00067	49230	49526	3	+	297
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3808 CDS	contig00067	49583	50359	2	+	777
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3809 CDS	contig00067	50378	51028	2	+	651
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3810 CDS	contig00067	51086	52222	2	+	1137
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3811 CDS	contig00067	52206	53309	3	+	1104
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3812 CDS	contig00067	53322	54062	3	+	741
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3813 CDS	contig00067	54261	56183	3	+	1923
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3814 CDS	contig00067	56505	56242	-3	-	264
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3815 CDS	contig00067	57385	56489	-1	-	897
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3816 CDS	contig00067	57561	59441	3	+	1881

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3817 CDS	contig00067	59451	60167	3	+	717
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3818 CDS	contig00067	61838	60258	-2	-	1581
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3819 CDS	contig00067	63018	62077	-3	-	942
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3820 CDS	contig00067	63953	63021	-2	-	933
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3821 CDS	contig00067	65696	64143	-2	-	1554
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3822 CDS	contig00067	67484	65769	-2	-	1716
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3823 CDS	contig00067	68658	69065	3	+	408
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3824 CDS	contig00067	71149	69134	-1	-	2016
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3825 CDS	contig00067	71337	71903	3	+	567
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3826 CDS	contig00067	71922	73028	3	+	1107
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3827 CDS	contig00067	73040	76111	2	+	3072
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3828 CDS	contig00067	76222	76473	1	+	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3829 CDS	contig00067	78088	76604	-1	-	1485
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3830 CDS	contig00067	78287	79099	2	+	813
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3831 CDS	contig00071	48	1415	3	+	1368
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3832 CDS	contig00071	1691	3118	2	+	1428
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3833 CDS	contig00071	3976	3371	-1	-	606
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3834 CDS	contig00071	4350	4880	3	+	531
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3835 CDS	contig00071	5415	5666	3	+	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3836 CDS	contig00071	6443	5787	-2	-	657
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3837 CDS	contig00071	6736	8391	1	+	1656
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3838 CDS	contig00071	8544	9461	3	+	918
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3839 CDS	contig00071	9461	10231	2	+	771
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3840 CDS	contig00071	11207	10332	-2	-	876
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3841 CDS	contig00071	12011	11217	-2	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3842 CDS	contig00071	12519	12034	-3	-	486
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3843 CDS	contig00071	13943	12516	-2	-	1428
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3844 CDS	contig00071	14857	13964	-1	-	894
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3845 CDS	contig00071	15371	14922	-2	-	450
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3846 CDS	contig00071	16244	15537	-2	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3847 CDS	contig00071	16304	18769	2	+	2466
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3848 CDS	contig00071	18794	21166	2	+	2373
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3849 CDS	contig00071	23478	21853	-3	-	1626
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3850 CDS	contig00075	501	385	-3	-	117
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3851 CDS	contig00081	1150	443	-1	-	708
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3852 CDS	contig00093	536	787	2	+	252
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3853 CDS	contig00093	824	2611	2	+	1788
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3854 CDS	contig00093	2627	3757	2	+	1131
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3855 CDS	contig00093	3854	4285	2	+	432
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3856 CDS	contig00093	4295	7147	2	+	2853
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3857 CDS	contig00093	7279	8844	1	+	1566
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3858 CDS	contig00093	8911	9510	1	+	600
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3859 CDS	contig00093	9542	10060	2	+	519
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3860 CDS	contig00093	11429	10155	-2	-	1275
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3861 CDS	contig00093	12357	11563	-3	-	795
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3862 CDS	contig00093	12509	13882	2	+	1374
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3863 CDS	contig00093	14140	14388	1	+	249
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3864 CDS	contig00093	14416	14943	1	+	528
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3865 CDS	contig00093	14966	15715	2	+	750

SA1G	fig 6666666.3236.peg.3866	CDS	contig00093	15757	16110	1	+	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3867	CDS	contig00093	16326	17399	3	+	1074
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3868	CDS	contig00093	17406	18539	3	+	1134
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3869	CDS	contig00093	19626	18613	-3	-	1014
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3870	CDS	contig00093	20013	19651	-3	-	363
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3871	CDS	contig00093	21797	20130	-2	-	1668
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3872	CDS	contig00093	21970	23919	1	+	1950
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3873	CDS	contig00093	24015	24341	3	+	327
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3874	CDS	contig00093	24822	24310	-3	-	513
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3875	CDS	contig00093	26023	24845	-1	-	1179
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3876	CDS	contig00093	26492	26139	-2	-	354
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3877	CDS	contig00093	27658	26933	-1	-	726
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3878	CDS	contig00093	27820	28794	1	+	975
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3879	CDS	contig00093	28797	29531	3	+	735
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3880	CDS	contig00093	29636	32221	2	+	2586
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3881	CDS	contig00103	44	169	2	+	126
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3882	CDS	contig00103	402	1679	3	+	1278
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3883	CDS	contig00103	2349	1750	-3	-	600
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3884	CDS	contig00103	2784	2410	-3	-	375
SA1G	fig 6666666.3236.peg.3885	CDS	contig00131	51	401	3	+	351
SA1G	fig 6666666.3236.rna.1	RNA	contig00001	66	1	-3	-	66
SA1G	fig 6666666.3236.rna.2	RNA	contig00001	147	75	-3	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.rna.3	RNA	contig00003	68	1	-2	-	68
SA1G	fig 6666666.3236.rna.4	RNA	contig00004	75028	75101	1	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.5	RNA	contig00005	66	1	-3	-	66
SA1G	fig 6666666.3236.rna.6	RNA	contig00016	85	14	-1	-	72
SA1G	fig 6666666.3236.rna.7	RNA	contig00017	155785	155712	-1	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.8	RNA	contig00017	175852	175925	1	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.9	RNA	contig00017	176007	176088	3	+	82
SA1G	fig 6666666.3236.rna.10	RNA	contig00017	176117	176188	2	+	72
SA1G	fig 6666666.3236.rna.11	RNA	contig00017	176272	176353	1	+	82
SA1G	fig 6666666.3236.rna.12	RNA	contig00017	176367	176440	3	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.13	RNA	contig00017	176533	176614	1	+	82
SA1G	fig 6666666.3236.rna.14	RNA	contig00017	176643	176714	3	+	72
SA1G	fig 6666666.3236.rna.15	RNA	contig00018	34646	34562	-2	-	85
SA1G	fig 6666666.3236.rna.16	RNA	contig00018	73364	73436	2	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.rna.17	RNA	contig00023	136	64	-1	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.rna.18	RNA	contig00024	3320	3247	-2	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.19	RNA	contig00024	3449	3362	-2	-	88
SA1G	fig 6666666.3236.rna.20	RNA	contig00025	26505	26586	3	+	82
SA1G	fig 6666666.3236.rna.21	RNA	contig00025	26659	26732	1	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.22	RNA	contig00025	90084	90172	3	+	89
SA1G	fig 6666666.3236.rna.23	RNA	contig00026	29500	29427	-1	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.24	RNA	contig00026	29613	29540	-3	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.25	RNA	contig00028	278809	278882	1	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.26	RNA	contig00028	278963	279036	2	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.27	RNA	contig00029	186839	186766	-2	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.rna.28	RNA	contig00029	187020	186901	-3	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.rna.29	RNA	contig00033	50	122	2	+	73



SA1G	fig 6666666.3236.ma.30	RNA	contig00033	128	200	2	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.31	RNA	contig00033	265	337	1	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.32	RNA	contig00036	89501	89582	2	+	82
SA1G	fig 6666666.3236.ma.33	RNA	contig00036	90577	90505	-1	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.34	RNA	contig00036	90659	90587	-2	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.35	RNA	contig00036	90742	90670	-1	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.36	RNA	contig00037	18	91	3	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.37	RNA	contig00038	255	1	-3	-	255
SA1G	fig 6666666.3236.ma.38	RNA	contig00039	255	1	-3	-	255
SA1G	fig 6666666.3236.ma.39	RNA	contig00040	466	1	-1	-	466
SA1G	fig 6666666.3236.ma.40	RNA	contig00041	215	394	2	+	180
SA1G	fig 6666666.3236.ma.41	RNA	contig00042	51	134	3	+	84
SA1G	fig 6666666.3236.ma.42	RNA	contig00045	175	103	-1	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.43	RNA	contig00045	262	191	-1	-	72
SA1G	fig 6666666.3236.ma.44	RNA	contig00045	381	301	-3	-	81
SA1G	fig 6666666.3236.ma.45	RNA	contig00045	491	419	-2	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.46	RNA	contig00047	150696	150783	3	+	88
SA1G	fig 6666666.3236.ma.47	RNA	contig00047	150834	150906	3	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.48	RNA	contig00047	150938	151010	2	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.49	RNA	contig00047	498276	498347	3	+	72
SA1G	fig 6666666.3236.ma.50	RNA	contig00049	79760	79832	2	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.51	RNA	contig00049	167305	167233	-1	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.52	RNA	contig00049	167414	167341	-2	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.53	RNA	contig00050	78	6	-3	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.54	RNA	contig00050	170	100	-2	-	71
SA1G	fig 6666666.3236.ma.55	RNA	contig00057	55	127	1	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.56	RNA	contig00058	83709	83636	-3	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.57	RNA	contig00060	246	174	-3	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.58	RNA	contig00060	334	264	-1	-	71
SA1G	fig 6666666.3236.ma.59	RNA	contig00060	17015	17095	2	+	81
SA1G	fig 6666666.3236.ma.60	RNA	contig00060	17181	17261	3	+	81
SA1G	fig 6666666.3236.ma.61	RNA	contig00061	94798	94870	1	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.62	RNA	contig00067	68120	68047	-2	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.63	RNA	contig00067	68269	68197	-1	-	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.64	RNA	contig00067	68380	68307	-1	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.65	RNA	contig00067	79265	79146	-2	-	120
SA1G	fig 6666666.3236.ma.66	RNA	contig00067	79357	79284	-1	-	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.67	RNA	contig00071	21403	21475	1	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.68	RNA	contig00071	21531	21603	3	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.69	RNA	contig00071	21636	21708	3	+	73
SA1G	fig 6666666.3236.ma.70	RNA	contig00081	331	244	-1	-	88
SA1G	fig 6666666.3236.ma.71	RNA	contig00082	18	105	3	+	88
SA1G	fig 6666666.3236.ma.72	RNA	contig00082	147	220	3	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.73	RNA	contig00085	1	1014	1	+	1014
SA1G	fig 6666666.3236.ma.74	RNA	contig00087	118	1	-1	-	118
SA1G	fig 6666666.3236.ma.75	RNA	contig00088	1	2104	1	+	2104
SA1G	fig 6666666.3236.ma.76	RNA	contig00091	1	350	1	+	350
SA1G	fig 6666666.3236.ma.77	RNA	contig00093	4	77	1	+	74
SA1G	fig 6666666.3236.ma.78	RNA	contig00093	148	221	1	+	74

SA1G	fig 6666666.3236.ma.79	RNA	contig00108	180	1	-3	-	180
SA1G	fig 6666666.3236.ma.80	RNA	contig00128	100	27	-1	-	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1	CDS	contig00001	59	1504	2	+	1446
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2	CDS	contig00001	1479	2135	3	+	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3	CDS	contig00001	2239	3048	1	+	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.4	CDS	contig00001	3048	3209	3	+	162
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.5	CDS	contig00001	3375	4571	3	+	1197
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.6	CDS	contig00001	4650	5186	3	+	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.7	CDS	contig00001	5442	5218	-3	-	225
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.8	CDS	contig00001	5759	7723	2	+	1965
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.9	CDS	contig00001	10691	7998	-2	-	2694
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.10	CDS	contig00001	10916	11476	2	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.11	CDS	contig00001	11528	12520	2	+	993
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.12	CDS	contig00001	13465	12551	-1	-	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.13	CDS	contig00001	13609	13959	1	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.14	CDS	contig00001	13999	14310	1	+	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.15	CDS	contig00001	14963	14775	-2	-	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.16	CDS	contig00001	15098	14976	-2	-	123
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.17	CDS	contig00001	15134	15700	2	+	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.18	CDS	contig00001	16354	15776	-1	-	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.19	CDS	contig00001	17943	16567	-3	-	1377
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.20	CDS	contig00001	19511	17955	-2	-	1557
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.21	CDS	contig00001	20044	19769	-1	-	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.22	CDS	contig00001	20678	20124	-2	-	555
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.23	CDS	contig00001	21912	20788	-3	-	1125
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.24	CDS	contig00001	23031	21916	-3	-	1116
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.25	CDS	contig00001	24043	23060	-1	-	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.26	CDS	contig00001	25406	24048	-2	-	1359
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.27	CDS	contig00001	25963	25502	-1	-	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.28	CDS	contig00001	26421	26717	3	+	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.29	CDS	contig00001	26994	26788	-3	-	207
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.30	CDS	contig00001	27192	27806	3	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.31	CDS	contig00001	27846	28769	3	+	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.32	CDS	contig00001	29898	28771	-3	-	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.33	CDS	contig00001	30037	30699	1	+	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.34	CDS	contig00001	31245	30736	-3	-	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.35	CDS	contig00001	31764	31252	-3	-	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.36	CDS	contig00001	31919	32749	2	+	831
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.37	CDS	contig00001	33030	32746	-3	-	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.38	CDS	contig00001	33683	33030	-2	-	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.39	CDS	contig00001	33835	34254	1	+	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.40	CDS	contig00001	34354	34662	1	+	309
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.41	CDS	contig00001	35169	34726	-3	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.42	CDS	contig00001	36173	35169	-2	-	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.43	CDS	contig00001	36674	36309	-2	-	366
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.44	CDS	contig00001	37551	37000	-3	-	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.45	CDS	contig00001	37869	39107	3	+	1239
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.46	CDS	contig00001	39217	41571	1	+	2355
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.47	CDS	contig00001	41735	42265	2	+	531

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.48	CDS	contig00001	42561	42271	-3	-	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.49	CDS	contig00001	44241	42838	-3	-	1404
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.50	CDS	contig00001	44539	44420	-1	-	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.51	CDS	contig00001	44817	46463	3	+	1647
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.52	CDS	contig00001	46828	48105	1	+	1278
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.53	CDS	contig00001	48750	48502	-3	-	249
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.54	CDS	contig00001	48953	49180	2	+	228
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.55	CDS	contig00001	49782	49252	-3	-	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.56	CDS	contig00001	49781	49894	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.57	CDS	contig00001	50553	49978	-3	-	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.58	CDS	contig00001	51319	51453	1	+	135
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.59	CDS	contig00001	51827	51675	-2	-	153
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.60	CDS	contig00001	52378	51872	-1	-	507
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.61	CDS	contig00001	52768	52502	-1	-	267
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.62	CDS	contig00001	53448	53014	-3	-	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.63	CDS	contig00001	54243	53545	-3	-	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.64	CDS	contig00001	54463	54735	1	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.65	CDS	contig00001	54735	55238	3	+	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.66	CDS	contig00001	56052	55318	-3	-	735
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.67	CDS	contig00001	57400	56216	-1	-	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.68	CDS	contig00003	218	592	2	+	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.69	CDS	contig00003	583	891	1	+	309
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.70	CDS	contig00004	482	21	-2	-	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.71	CDS	contig00005	28	687	1	+	660
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.72	CDS	contig00005	1528	833	-1	-	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.73	CDS	contig00005	2320	2174	-1	-	147
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.74	CDS	contig00006	1323	694	-3	-	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.75	CDS	contig00006	2184	1474	-3	-	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.76	CDS	contig00007	1416	727	-3	-	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.77	CDS	contig00008	545	102	-2	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.78	CDS	contig00008	1841	1239	-2	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.79	CDS	contig00008	2289	1834	-3	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.80	CDS	contig00008	3112	2510	-1	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.81	CDS	contig00009	95	1273	2	+	1179
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.82	CDS	contig00009	1484	2023	2	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.83	CDS	contig00009	2250	3860	3	+	1611
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.84	CDS	contig00009	3946	4584	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.85	CDS	contig00009	6099	4630	-3	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.86	CDS	contig00009	6625	7686	1	+	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.87	CDS	contig00009	7917	8441	3	+	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.88	CDS	contig00009	8501	8752	2	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.89	CDS	contig00009	8961	8809	-3	-	153
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.90	CDS	contig00009	9337	9107	-1	-	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.91	CDS	contig00009	9589	9774	1	+	186
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.92	CDS	contig00009	10255	11622	1	+	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.93	CDS	contig00009	11902	11705	-1	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.94	CDS	contig00009	12894	12013	-3	-	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.95	CDS	contig00009	13787	12975	-2	-	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.96	CDS	contig00009	13966	14916	1	+	951

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.97	CDS	contig00009	15368	14943	-2	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.98	CDS	contig00009	15516	15818	3	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.99	CDS	contig00009	16169	16489	2	+	321
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.100	CDS	contig00009	16493	17488	2	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.101	CDS	contig00009	18470	17568	-2	-	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.102	CDS	contig00009	18736	18515	-1	-	222
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.103	CDS	contig00009	20075	18876	-2	-	1200
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.104	CDS	contig00009	20267	21154	2	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.105	CDS	contig00009	21300	22127	3	+	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.106	CDS	contig00009	22992	22111	-3	-	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.107	CDS	contig00009	23092	23454	1	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.108	CDS	contig00009	24377	23478	-2	-	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.109	CDS	contig00009	24541	25074	1	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.110	CDS	contig00009	25535	25164	-2	-	372
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.111	CDS	contig00009	25775	25936	2	+	162
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.112	CDS	contig00009	26348	26779	2	+	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.113	CDS	contig00009	26820	27623	3	+	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.114	CDS	contig00009	27598	29097	1	+	1500
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.115	CDS	contig00009	29309	29506	2	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.116	CDS	contig00009	30112	30279	1	+	168
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.117	CDS	contig00009	30340	31683	1	+	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.118	CDS	contig00009	32640	31744	-3	-	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.119	CDS	contig00009	32758	34779	1	+	2022
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.120	CDS	contig00009	35971	35144	-1	-	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.121	CDS	contig00009	36774	35971	-3	-	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.122	CDS	contig00009	37313	38152	2	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.123	CDS	contig00009	39762	38422	-3	-	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.124	CDS	contig00009	41228	39771	-2	-	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.125	CDS	contig00009	41875	41267	-1	-	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.126	CDS	contig00009	43417	42023	-1	-	1395
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.127	CDS	contig00009	44457	43714	-3	-	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.128	CDS	contig00009	44679	45752	3	+	1074
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.129	CDS	contig00009	45752	46813	2	+	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.130	CDS	contig00009	46813	49875	1	+	3063
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.131	CDS	contig00009	50680	49967	-1	-	714
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.132	CDS	contig00009	50928	52874	3	+	1947
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.133	CDS	contig00009	53073	55709	3	+	2637
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.134	CDS	contig00009	55932	56348	3	+	417
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.135	CDS	contig00009	57209	56490	-2	-	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.136	CDS	contig00009	57372	58274	3	+	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.137	CDS	contig00009	58550	58338	-2	-	213
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.138	CDS	contig00009	59093	58563	-2	-	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.139	CDS	contig00009	59334	60635	3	+	1302
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.140	CDS	contig00009	62607	60616	-3	-	1992
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.141	CDS	contig00009	63185	62604	-2	-	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.142	CDS	contig00009	65371	63188	-1	-	2184
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.143	CDS	contig00009	65930	66373	2	+	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.144	CDS	contig00009	66387	67784	3	+	1398
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.145	CDS	contig00009	67834	69105	1	+	1272

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.146	CDS	contig00009	69164	69682	2	+	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.147	CDS	contig00009	69692	70426	2	+	735
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.148	CDS	contig00009	70436	71182	2	+	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.149	CDS	contig00009	72479	71271	-2	-	1209
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.150	CDS	contig00009	72671	72489	-2	-	183
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.151	CDS	contig00009	73052	73825	2	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.152	CDS	contig00009	74336	73875	-2	-	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.153	CDS	contig00009	74624	75157	2	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.154	CDS	contig00009	75176	76903	2	+	1728
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.155	CDS	contig00009	78445	76970	-1	-	1476
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.156	CDS	contig00009	79630	78710	-1	-	921
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.157	CDS	contig00009	84047	79653	-2	-	4395
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.158	CDS	contig00009	84474	84040	-3	-	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.159	CDS	contig00009	85207	84446	-1	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.160	CDS	contig00009	85794	85240	-3	-	555
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.161	CDS	contig00009	86308	85784	-1	-	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.162	CDS	contig00009	87525	86680	-3	-	846
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.163	CDS	contig00009	88141	87527	-1	-	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.164	CDS	contig00009	90524	88152	-2	-	2373
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.165	CDS	contig00009	90926	91510	2	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.166	CDS	contig00009	91510	92067	1	+	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.167	CDS	contig00009	93240	92146	-3	-	1095
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.168	CDS	contig00009	95162	93408	-2	-	1755
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.169	CDS	contig00009	96390	95323	-3	-	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.170	CDS	contig00009	96625	97239	1	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.171	CDS	contig00009	97362	98333	3	+	972
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.172	CDS	contig00009	99367	98339	-1	-	1029
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.173	CDS	contig00009	99715	100338	1	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.174	CDS	contig00009	102289	100439	-1	-	1851
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.175	CDS	contig00009	104005	102449	-1	-	1557
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.176	CDS	contig00009	104482	105852	1	+	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.177	CDS	contig00009	106539	105931	-3	-	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.178	CDS	contig00009	107179	106532	-1	-	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.179	CDS	contig00009	108779	107193	-2	-	1587
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.180	CDS	contig00009	109729	108872	-1	-	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.181	CDS	contig00009	110018	109752	-2	-	267
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.182	CDS	contig00009	110936	110259	-2	-	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.183	CDS	contig00009	111725	110952	-2	-	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.184	CDS	contig00009	113455	111722	-1	-	1734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.185	CDS	contig00009	114531	113548	-3	-	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.186	CDS	contig00009	114944	116641	2	+	1698
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.187	CDS	contig00009	116650	117267	1	+	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.188	CDS	contig00009	117361	118035	1	+	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.189	CDS	contig00009	118095	119048	3	+	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.190	CDS	contig00009	121524	119116	-3	-	2409
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.191	CDS	contig00009	121970	123853	2	+	1884
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.192	CDS	contig00009	124106	124390	2	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.193	CDS	contig00009	124957	124472	-1	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.194	CDS	contig00009	125148	126098	3	+	951

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.195	CDS	contig00009	126103	127029	1	+	927
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.196	CDS	contig00009	127026	128126	3	+	1101
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.197	CDS	contig00009	128577	128699	3	+	123
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.198	CDS	contig00009	129434	128775	-2	-	660
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.199	CDS	contig00009	129653	130822	2	+	1170
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.200	CDS	contig00009	130898	131434	2	+	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.201	CDS	contig00009	131631	132560	3	+	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.202	CDS	contig00009	133463	132564	-2	-	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.203	CDS	contig00009	134630	133527	-2	-	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.204	CDS	contig00009	135023	134643	-2	-	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.205	CDS	contig00009	135343	137487	1	+	2145
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.206	CDS	contig00009	137499	137972	3	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.207	CDS	contig00009	139141	138029	-1	-	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.208	CDS	contig00009	139473	140939	3	+	1467
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.209	CDS	contig00009	141284	142768	2	+	1485
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.210	CDS	contig00009	142953	143303	3	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.211	CDS	contig00009	143488	145857	1	+	2370
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.212	CDS	contig00009	145854	146399	3	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.213	CDS	contig00009	147255	146548	-3	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.214	CDS	contig00009	147446	147931	2	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.215	CDS	contig00009	148222	148491	1	+	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.216	CDS	contig00009	148507	149763	1	+	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.217	CDS	contig00009	149760	150209	3	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.218	CDS	contig00009	150368	151195	2	+	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.219	CDS	contig00009	151360	151596	1	+	237
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.220	CDS	contig00009	152077	151658	-1	-	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.221	CDS	contig00009	154124	152262	-2	-	1863
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.222	CDS	contig00009	154395	155522	3	+	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.223	CDS	contig00009	156095	155505	-2	-	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.224	CDS	contig00009	156800	156261	-2	-	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.225	CDS	contig00009	158018	156984	-2	-	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.226	CDS	contig00010	954	409	-3	-	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.227	CDS	contig00010	2359	1124	-1	-	1236
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.228	CDS	contig00010	3459	2653	-3	-	807
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.229	CDS	contig00010	4649	3459	-2	-	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.230	CDS	contig00010	6072	4660	-3	-	1413
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.231	CDS	contig00010	7084	6077	-1	-	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.232	CDS	contig00010	7697	7095	-2	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.233	CDS	contig00010	9286	7697	-1	-	1590
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.234	CDS	contig00010	9711	10550	3	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.235	CDS	contig00010	10624	11244	1	+	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.236	CDS	contig00010	13512	11299	-3	-	2214
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.237	CDS	contig00010	14912	13770	-2	-	1143
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.238	CDS	contig00010	15293	16357	2	+	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.239	CDS	contig00010	17179	16439	-1	-	741
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.240	CDS	contig00010	17342	18403	2	+	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.241	CDS	contig00010	18776	18531	-2	-	246
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.242	CDS	contig00010	19211	21841	2	+	2631
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.243	CDS	contig00010	22031	23449	2	+	1419

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.244	CDS	contig00010	23453	24793	2	+	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.245	CDS	contig00010	24780	25253	3	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.246	CDS	contig00010	26299	25304	-1	-	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.247	CDS	contig00010	26547	28256	3	+	1710
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.248	CDS	contig00010	28937	28302	-2	-	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.249	CDS	contig00010	29721	29107	-3	-	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.250	CDS	contig00010	30002	31669	2	+	1668
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.251	CDS	contig00010	31835	33064	2	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.252	CDS	contig00010	33067	34434	1	+	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.253	CDS	contig00010	35789	34533	-2	-	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.254	CDS	contig00010	35925	36815	3	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.255	CDS	contig00010	37091	38485	2	+	1395
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.256	CDS	contig00010	38576	40453	2	+	1878
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.257	CDS	contig00010	41366	40473	-2	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.258	CDS	contig00010	41519	41911	2	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.259	CDS	contig00010	41921	42709	2	+	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.260	CDS	contig00010	43015	42818	-1	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.261	CDS	contig00010	44641	43163	-1	-	1479
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.262	CDS	contig00010	46264	44666	-1	-	1599
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.263	CDS	contig00010	46429	47367	1	+	939
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.264	CDS	contig00010	48295	47342	-1	-	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.265	CDS	contig00010	48942	48385	-3	-	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.266	CDS	contig00010	49811	49209	-2	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.267	CDS	contig00010	50462	49821	-2	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.268	CDS	contig00010	51225	50476	-3	-	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.269	CDS	contig00010	51635	51231	-2	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.270	CDS	contig00010	52267	51608	-1	-	660
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.271	CDS	contig00010	52454	52927	2	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.272	CDS	contig00010	53604	53020	-3	-	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.273	CDS	contig00010	53749	54441	1	+	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.274	CDS	contig00010	54486	55346	3	+	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.275	CDS	contig00010	55786	57111	1	+	1326
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.276	CDS	contig00010	57802	57188	-1	-	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.277	CDS	contig00010	58140	58997	3	+	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.278	CDS	contig00010	58988	59467	2	+	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.279	CDS	contig00010	59740	61053	1	+	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.280	CDS	contig00010	61212	61649	3	+	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.281	CDS	contig00010	63306	61732	-3	-	1575
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.282	CDS	contig00010	65638	63632	-1	-	2007
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.283	CDS	contig00010	66135	67127	3	+	993
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.284	CDS	contig00010	67217	67918	2	+	702
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.285	CDS	contig00010	67980	68915	3	+	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.286	CDS	contig00010	69186	70391	3	+	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.287	CDS	contig00010	71398	70490	-1	-	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.288	CDS	contig00010	72041	71544	-2	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.289	CDS	contig00010	72903	72052	-3	-	852
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.290	CDS	contig00010	73871	72954	-2	-	918
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.291	CDS	contig00010	74276	73926	-2	-	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.292	CDS	contig00010	74514	74873	3	+	360

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.293	CDS	contig00010	74985	75452	3	+	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.294	CDS	contig00010	75565	76341	1	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.295	CDS	contig00010	76357	77586	1	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.296	CDS	contig00010	77576	78793	2	+	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.297	CDS	contig00010	78803	79486	2	+	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.298	CDS	contig00010	79609	80514	1	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.299	CDS	contig00010	80553	81737	3	+	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.300	CDS	contig00010	81982	81785	-1	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.301	CDS	contig00010	82150	83016	1	+	867
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.302	CDS	contig00010	83425	83072	-1	-	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.303	CDS	contig00010	83473	83586	1	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.304	CDS	contig00010	84626	83643	-2	-	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.305	CDS	contig00010	85528	84740	-1	-	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.306	CDS	contig00010	85849	86751	1	+	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.307	CDS	contig00010	86838	87206	3	+	369
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.308	CDS	contig00010	87203	88291	2	+	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.309	CDS	contig00010	88462	89001	1	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.310	CDS	contig00010	89111	89824	2	+	714
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.311	CDS	contig00010	89906	90508	2	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.312	CDS	contig00010	92550	90598	-3	-	1953
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.313	CDS	contig00010	93002	95038	2	+	2037
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.314	CDS	contig00010	96642	95155	-3	-	1488
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.315	CDS	contig00010	96935	97129	2	+	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.316	CDS	contig00010	97469	99448	2	+	1980
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.317	CDS	contig00010	99451	99705	1	+	255
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.318	CDS	contig00010	100064	100378	2	+	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.319	CDS	contig00010	100329	100511	3	+	183
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.320	CDS	contig00010	100672	103950	1	+	3279
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.321	CDS	contig00010	104045	104158	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.322	CDS	contig00010	105318	104359	-3	-	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.323	CDS	contig00010	105811	105353	-1	-	459
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.324	CDS	contig00010	105906	106379	3	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.325	CDS	contig00010	106543	107925	1	+	1383
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.326	CDS	contig00010	110001	108010	-3	-	1992
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.327	CDS	contig00010	110307	110657	3	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.328	CDS	contig00010	110725	112122	1	+	1398
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.329	CDS	contig00010	112122	112511	3	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.330	CDS	contig00010	112628	113218	2	+	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.331	CDS	contig00010	115055	113298	-2	-	1758
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.332	CDS	contig00010	115566	115907	3	+	342
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.333	CDS	contig00010	116713	115970	-1	-	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.334	CDS	contig00010	116997	117833	3	+	837
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.335	CDS	contig00010	117960	118511	3	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.336	CDS	contig00010	118875	120164	3	+	1290
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.337	CDS	contig00010	120331	121626	1	+	1296
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.338	CDS	contig00010	121672	122082	1	+	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.339	CDS	contig00010	122473	124842	1	+	2370
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.340	CDS	contig00010	126228	124975	-3	-	1254
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.341	CDS	contig00010	127319	126603	-2	-	717



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.342	CDS	contig00010	128994	127312	-3	-	1683
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.343	CDS	contig00010	129241	129828	1	+	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.344	CDS	contig00010	130057	129896	-1	-	162
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.345	CDS	contig00010	130370	131245	2	+	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.346	CDS	contig00010	131439	131858	3	+	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.347	CDS	contig00010	132442	131930	-1	-	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.348	CDS	contig00010	133839	132556	-3	-	1284
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.349	CDS	contig00010	134269	135678	1	+	1410
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.350	CDS	contig00010	135791	137329	2	+	1539
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.351	CDS	contig00010	137504	138055	2	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.352	CDS	contig00010	139549	138149	-1	-	1401
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.353	CDS	contig00010	139817	140179	2	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.354	CDS	contig00010	140592	141746	3	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.355	CDS	contig00010	141739	142950	1	+	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.356	CDS	contig00010	143012	144229	2	+	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.357	CDS	contig00010	144266	145516	2	+	1251
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.358	CDS	contig00010	145509	146234	3	+	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.359	CDS	contig00010	147273	146257	-3	-	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.360	CDS	contig00010	147454	148698	1	+	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.361	CDS	contig00010	148695	152375	3	+	3681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.362	CDS	contig00010	152408	152893	2	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.363	CDS	contig00010	153372	154526	3	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.364	CDS	contig00010	154638	155804	3	+	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.365	CDS	contig00010	155876	156232	2	+	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.366	CDS	contig00010	156263	156622	2	+	360
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.367	CDS	contig00010	157226	156678	-2	-	549
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.368	CDS	contig00010	158801	157440	-2	-	1362
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.369	CDS	contig00010	160147	158897	-1	-	1251
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.370	CDS	contig00010	160918	160337	-1	-	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.371	CDS	contig00010	162305	160935	-2	-	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.372	CDS	contig00010	162470	163999	2	+	1530
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.373	CDS	contig00010	164130	164486	3	+	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.374	CDS	contig00010	164590	165624	1	+	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.375	CDS	contig00010	165627	166709	3	+	1083
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.376	CDS	contig00010	166706	169783	2	+	3078
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.377	CDS	contig00010	169910	170296	2	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.378	CDS	contig00010	171539	170349	-2	-	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.379	CDS	contig00010	171658	171524	-1	-	135
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.380	CDS	contig00010	171684	172034	3	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.381	CDS	contig00010	172293	173438	3	+	1146
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.382	CDS	contig00010	173598	174197	3	+	600
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.383	CDS	contig00010	174408	175661	3	+	1254
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.384	CDS	contig00010	175841	177244	2	+	1404
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.385	CDS	contig00010	177255	178265	3	+	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.386	CDS	contig00010	178255	179364	1	+	1110
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.387	CDS	contig00010	179409	180062	3	+	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.388	CDS	contig00010	180265	180651	1	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.389	CDS	contig00010	181735	180821	-1	-	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.390	CDS	contig00010	183056	181884	-2	-	1173

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.391	CDS	contig00010	183310	184539	1	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.392	CDS	contig00010	184812	184603	-3	-	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.393	CDS	contig00010	186741	184960	-3	-	1782
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.394	CDS	contig00010	188374	187241	-1	-	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.395	CDS	contig00010	190824	188548	-3	-	2277
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.396	CDS	contig00010	192023	191319	-2	-	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.397	CDS	contig00010	192349	194976	1	+	2628
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.398	CDS	contig00010	195257	195036	-2	-	222
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.399	CDS	contig00010	196148	195441	-2	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.400	CDS	contig00010	196378	196926	1	+	549
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.401	CDS	contig00010	196989	198341	3	+	1353
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.402	CDS	contig00010	198413	198730	2	+	318
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.403	CDS	contig00010	198749	199228	2	+	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.404	CDS	contig00010	199248	199832	3	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.405	CDS	contig00010	199882	200628	1	+	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.406	CDS	contig00010	200997	200707	-3	-	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.407	CDS	contig00010	201414	201019	-3	-	396
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.408	CDS	contig00010	201795	201514	-3	-	282
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.409	CDS	contig00010	202059	203987	3	+	1929
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.410	CDS	contig00010	204072	204542	3	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.411	CDS	contig00010	204650	204844	2	+	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.412	CDS	contig00010	204886	205239	1	+	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.413	CDS	contig00010	205454	206392	2	+	939
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.414	CDS	contig00010	206350	206490	1	+	141
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.415	CDS	contig00011	847	68	-1	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.416	CDS	contig00011	1884	847	-3	-	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.417	CDS	contig00011	2742	1894	-3	-	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.418	CDS	contig00011	3158	2739	-2	-	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.419	CDS	contig00011	3838	3155	-1	-	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.420	CDS	contig00011	4612	3860	-1	-	753
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.421	CDS	contig00011	4769	6145	2	+	1377
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.422	CDS	contig00011	6174	6665	3	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.423	CDS	contig00011	6718	7245	1	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.424	CDS	contig00011	7633	9690	1	+	2058
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.425	CDS	contig00011	9690	10544	3	+	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.426	CDS	contig00011	10541	13186	2	+	2646
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.427	CDS	contig00011	13415	13711	2	+	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.428	CDS	contig00011	13809	14516	3	+	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.429	CDS	contig00011	16782	14584	-3	-	2199
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.430	CDS	contig00011	17103	18086	3	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.431	CDS	contig00011	18104	20491	2	+	2388
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.432	CDS	contig00011	21081	21377	3	+	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.433	CDS	contig00011	21672	22664	3	+	993
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.434	CDS	contig00011	22763	24547	2	+	1785
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.435	CDS	contig00011	25099	24617	-1	-	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.436	CDS	contig00011	26168	25116	-2	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.437	CDS	contig00011	26378	27262	2	+	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.438	CDS	contig00011	28700	27345	-2	-	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.439	CDS	contig00011	28790	29626	2	+	837

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.440	CDS	contig00011	31339	29789	-1	-	1551
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.441	CDS	contig00012	177	2639	3	+	2463
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.442	CDS	contig00012	2789	3121	2	+	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.443	CDS	contig00012	3179	3553	2	+	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.444	CDS	contig00012	3802	3957	1	+	156
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.445	CDS	contig00012	4083	4481	3	+	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.446	CDS	contig00012	4492	5004	1	+	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.447	CDS	contig00012	5360	5863	2	+	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.448	CDS	contig00012	5868	6677	3	+	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.449	CDS	contig00012	6652	7059	1	+	408
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.450	CDS	contig00012	7064	7378	2	+	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.451	CDS	contig00012	7410	8711	3	+	1302
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.452	CDS	contig00012	9781	8870	-1	-	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.453	CDS	contig00012	10246	10638	1	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.454	CDS	contig00012	11880	10708	-3	-	1173
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.455	CDS	contig00012	13347	11890	-3	-	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.456	CDS	contig00012	14505	13492	-3	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.457	CDS	contig00012	14709	15701	3	+	993
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.458	CDS	contig00012	17690	15768	-2	-	1923
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.459	CDS	contig00012	18041	18451	2	+	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.460	CDS	contig00012	19024	18572	-1	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.461	CDS	contig00012	19150	19710	1	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.462	CDS	contig00012	19744	20124	1	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.463	CDS	contig00012	20303	20878	2	+	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.464	CDS	contig00012	20880	21566	3	+	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.465	CDS	contig00012	21714	23150	3	+	1437
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.466	CDS	contig00012	23290	23610	1	+	321
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.467	CDS	contig00012	25010	23667	-2	-	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.468	CDS	contig00012	26440	25184	-1	-	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.469	CDS	contig00012	26847	26440	-3	-	408
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.470	CDS	contig00012	27312	28133	3	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.471	CDS	contig00012	28219	28785	1	+	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.472	CDS	contig00012	29936	28884	-2	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.473	CDS	contig00012	31499	30150	-2	-	1350
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.474	CDS	contig00012	35572	31733	-1	-	3840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.475	CDS	contig00012	37383	35590	-3	-	1794
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.476	CDS	contig00012	37480	37932	1	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.477	CDS	contig00012	38038	38664	1	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.478	CDS	contig00012	38682	40703	3	+	2022
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.479	CDS	contig00012	40833	41498	3	+	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.480	CDS	contig00012	41636	44239	2	+	2604
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.481	CDS	contig00012	44375	44575	2	+	201
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.482	CDS	contig00012	44734	49572	1	+	4839
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.483	CDS	contig00012	49842	50852	3	+	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.484	CDS	contig00012	51069	51611	3	+	543
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.485	CDS	contig00012	52245	54362	3	+	2118
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.486	CDS	contig00012	54447	54611	3	+	165
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.487	CDS	contig00012	54592	56502	1	+	1911
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.488	CDS	contig00012	56511	58175	3	+	1665

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.489	CDS	contig00012	58375	58548	1	+	174
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.490	CDS	contig00012	59274	58756	-3	-	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.491	CDS	contig00012	61010	59340	-2	-	1671
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.492	CDS	contig00012	61191	61637	3	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.493	CDS	contig00012	62245	61691	-1	-	555
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.494	CDS	contig00012	62818	63051	1	+	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.495	CDS	contig00012	63807	63043	-3	-	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.496	CDS	contig00012	64000	63809	-1	-	192
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.497	CDS	contig00012	64742	64533	-2	-	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.498	CDS	contig00012	66260	65046	-2	-	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.499	CDS	contig00012	67308	66238	-3	-	1071
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.500	CDS	contig00012	67673	67308	-2	-	366
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.501	CDS	contig00012	69337	67676	-1	-	1662
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.502	CDS	contig00012	69643	69413	-1	-	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.503	CDS	contig00012	69771	69658	-3	-	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.504	CDS	contig00012	70191	69880	-3	-	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.505	CDS	contig00012	72185	70257	-2	-	1929
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.506	CDS	contig00012	72463	72188	-1	-	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.507	CDS	contig00012	72750	72466	-3	-	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.508	CDS	contig00012	72982	73350	1	+	369
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.509	CDS	contig00012	75603	73525	-3	-	2079
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.510	CDS	contig00012	76797	75613	-3	-	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.511	CDS	contig00012	77329	76874	-1	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.512	CDS	contig00012	77601	79031	3	+	1431
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.513	CDS	contig00012	79044	79655	3	+	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.514	CDS	contig00012	79666	79848	1	+	183
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.515	CDS	contig00012	79848	80819	3	+	972
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.516	CDS	contig00012	80902	81381	1	+	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.517	CDS	contig00012	81400	83778	1	+	2379
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.518	CDS	contig00012	83771	83947	2	+	177
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.519	CDS	contig00012	83937	84611	3	+	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.520	CDS	contig00012	84710	85459	2	+	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.521	CDS	contig00012	85611	86561	3	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.522	CDS	contig00012	86696	87619	2	+	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.523	CDS	contig00013	86	277	2	+	192
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.524	CDS	contig00013	372	836	3	+	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.525	CDS	contig00013	1613	1053	-2	-	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.526	CDS	contig00013	1859	3520	2	+	1662
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.527	CDS	contig00013	3513	4502	3	+	990
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.528	CDS	contig00013	5453	4629	-2	-	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.529	CDS	contig00013	6403	5453	-1	-	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.530	CDS	contig00013	7088	7207	2	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.531	CDS	contig00013	7653	7351	-3	-	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.532	CDS	contig00013	7763	7933	2	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.533	CDS	contig00013	9259	8048	-1	-	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.534	CDS	contig00013	10293	9430	-3	-	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.535	CDS	contig00013	10454	11170	2	+	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.536	CDS	contig00013	11479	12120	1	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.537	CDS	contig00013	12890	12147	-2	-	744

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.538	CDS	contig00013	13096	13815	1	+	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.539	CDS	contig00013	14312	15616	2	+	1305
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.540	CDS	contig00013	17534	16143	-2	-	1392
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.541	CDS	contig00013	18493	17774	-1	-	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.542	CDS	contig00013	18522	19295	3	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.543	CDS	contig00013	19322	19801	2	+	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.544	CDS	contig00013	22534	20219	-1	-	2316
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.545	CDS	contig00013	23206	22739	-1	-	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.546	CDS	contig00013	24163	23225	-1	-	939
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.547	CDS	contig00013	24778	24188	-1	-	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.548	CDS	contig00013	26161	24932	-1	-	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.549	CDS	contig00013	26383	27057	1	+	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.550	CDS	contig00013	27253	27489	1	+	237
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.551	CDS	contig00013	27504	27671	3	+	168
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.552	CDS	contig00013	28236	28691	3	+	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.553	CDS	contig00013	30851	28869	-2	-	1983
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.554	CDS	contig00013	30939	31760	3	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.555	CDS	contig00013	32692	31739	-1	-	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.556	CDS	contig00013	33171	32689	-3	-	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.557	CDS	contig00013	33961	33164	-1	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.558	CDS	contig00013	34728	33958	-3	-	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.559	CDS	contig00013	35804	34749	-2	-	1056
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.560	CDS	contig00013	35999	36688	2	+	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.561	CDS	contig00013	37976	36723	-2	-	1254
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.562	CDS	contig00013	39297	37960	-3	-	1338
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.563	CDS	contig00013	39441	39821	3	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.564	CDS	contig00013	39812	41389	2	+	1578
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.565	CDS	contig00013	41395	42129	1	+	735
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.566	CDS	contig00013	42122	43060	2	+	939
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.567	CDS	contig00013	43097	44251	2	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.568	CDS	contig00013	45269	44244	-2	-	1026
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.569	CDS	contig00013	45988	45269	-1	-	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.570	CDS	contig00013	47075	46134	-2	-	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.571	CDS	contig00013	47430	48881	3	+	1452
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.572	CDS	contig00013	49144	49314	1	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.573	CDS	contig00013	49437	50081	3	+	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.574	CDS	contig00013	52540	50288	-1	-	2253
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.575	CDS	contig00013	53305	52544	-1	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.576	CDS	contig00013	54020	53346	-2	-	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.577	CDS	contig00013	54865	56016	1	+	1152
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.578	CDS	contig00013	56209	56559	1	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.579	CDS	contig00013	56914	57354	1	+	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.580	CDS	contig00013	57655	59817	1	+	2163
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.581	CDS	contig00013	59889	61133	3	+	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.582	CDS	contig00013	61130	62338	2	+	1209
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.583	CDS	contig00013	62335	63294	1	+	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.584	CDS	contig00013	63278	63973	2	+	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.585	CDS	contig00013	64332	65447	3	+	1116
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.586	CDS	contig00013	65457	66494	3	+	1038

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.587	CDS	contig00013	66494	67597	2	+	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.588	CDS	contig00013	67612	68742	1	+	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.589	CDS	contig00013	68742	69932	3	+	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.590	CDS	contig00013	70130	71296	2	+	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.591	CDS	contig00013	71539	72630	1	+	1092
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.592	CDS	contig00013	73140	74054	3	+	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.593	CDS	contig00013	74102	75817	2	+	1716
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.594	CDS	contig00013	75842	76471	2	+	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.595	CDS	contig00013	76484	77896	2	+	1413
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.596	CDS	contig00013	77893	78960	1	+	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.597	CDS	contig00013	78969	79883	3	+	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.598	CDS	contig00013	79880	80431	2	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.599	CDS	contig00013	80428	81357	1	+	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.600	CDS	contig00013	81350	81577	2	+	228
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.601	CDS	contig00013	81595	82380	1	+	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.602	CDS	contig00013	82541	83959	2	+	1419
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.603	CDS	contig00013	83970	84965	3	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.604	CDS	contig00013	85055	85948	2	+	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.605	CDS	contig00013	86054	86902	2	+	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.606	CDS	contig00013	86892	87746	3	+	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.607	CDS	contig00013	87892	88986	1	+	1095
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.608	CDS	contig00013	88986	89879	3	+	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.609	CDS	contig00013	89879	90760	2	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.610	CDS	contig00013	90765	91328	3	+	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.611	CDS	contig00013	91565	92440	2	+	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.612	CDS	contig00013	92471	93310	2	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.613	CDS	contig00013	93412	94212	1	+	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.614	CDS	contig00013	94209	94757	3	+	549
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.615	CDS	contig00013	94772	96679	2	+	1908
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.616	CDS	contig00013	97013	98179	2	+	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.617	CDS	contig00013	98567	99520	2	+	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.618	CDS	contig00013	99949	100956	1	+	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.619	CDS	contig00013	103053	101521	-3	-	1533
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.620	CDS	contig00013	104916	103552	-3	-	1365
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.621	CDS	contig00013	105285	105575	3	+	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.622	CDS	contig00013	105653	107299	2	+	1647
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.623	CDS	contig00013	108355	107585	-1	-	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.624	CDS	contig00013	108624	108968	3	+	345
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.625	CDS	contig00013	109336	108983	-1	-	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.626	CDS	contig00013	110775	109768	-3	-	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.627	CDS	contig00013	111143	111385	2	+	243
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.628	CDS	contig00013	112370	111873	-2	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.629	CDS	contig00013	113403	112495	-3	-	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.630	CDS	contig00013	114355	113486	-1	-	870
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.631	CDS	contig00013	114700	114458	-1	-	243
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.632	CDS	contig00013	115714	114746	-1	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.633	CDS	contig00013	116226	115720	-3	-	507
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.634	CDS	contig00013	118141	116210	-1	-	1932
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.635	CDS	contig00013	118357	118899	1	+	543

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.636	CDS	contig00013	118899	120689	3	+	1791
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.637	CDS	contig00013	120725	120919	2	+	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.638	CDS	contig00013	120976	121563	1	+	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.639	CDS	contig00013	121973	121749	-2	-	225
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.640	CDS	contig00013	122986	121973	-1	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.641	CDS	contig00013	123210	124004	3	+	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.642	CDS	contig00013	124175	124879	2	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.643	CDS	contig00013	124876	125268	1	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.644	CDS	contig00013	125303	125659	2	+	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.645	CDS	contig00013	125660	125950	2	+	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.646	CDS	contig00013	126114	126488	3	+	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.647	CDS	contig00013	126583	127053	1	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.648	CDS	contig00013	127185	129281	3	+	2097
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.649	CDS	contig00015	275	652	2	+	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.650	CDS	contig00015	665	1210	2	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.651	CDS	contig00015	1331	1759	2	+	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.652	CDS	contig00015	1764	2468	3	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.653	CDS	contig00015	2714	3208	2	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.654	CDS	contig00015	3264	3632	3	+	369
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.655	CDS	contig00015	3870	7898	3	+	4029
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.656	CDS	contig00015	7970	12175	2	+	4206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.657	CDS	contig00015	13185	12241	-3	-	945
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.658	CDS	contig00015	13779	13210	-3	-	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.659	CDS	contig00015	14035	14307	1	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.660	CDS	contig00015	14307	14678	3	+	372
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.661	CDS	contig00015	14764	15126	1	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.662	CDS	contig00015	15160	15537	1	+	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.663	CDS	contig00015	15559	16395	1	+	837
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.664	CDS	contig00015	16919	16437	-2	-	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.665	CDS	contig00015	17079	17873	3	+	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.666	CDS	contig00015	18080	19147	2	+	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.667	CDS	contig00015	19263	19715	3	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.668	CDS	contig00015	20675	19761	-2	-	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.669	CDS	contig00015	20747	21340	2	+	594
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.670	CDS	contig00015	22492	21419	-1	-	1074
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.671	CDS	contig00015	22714	22986	1	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.672	CDS	contig00015	23026	23730	1	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.673	CDS	contig00015	25087	23795	-1	-	1293
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.674	CDS	contig00015	26973	25381	-3	-	1593
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.675	CDS	contig00015	27253	27672	1	+	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.676	CDS	contig00015	27762	28070	3	+	309
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.677	CDS	contig00015	28548	28252	-3	-	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.678	CDS	contig00015	29539	28571	-1	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.679	CDS	contig00015	30609	29725	-3	-	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.680	CDS	contig00015	32069	30726	-2	-	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.681	CDS	contig00015	32536	32081	-1	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.682	CDS	contig00015	33016	32567	-1	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.683	CDS	contig00015	35421	33472	-3	-	1950
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.684	CDS	contig00015	36267	35626	-3	-	642

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.685	CDS	contig00015	38103	36271	-3	-	1833
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.686	CDS	contig00015	38102	38215	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.687	CDS	contig00015	38309	39451	2	+	1143
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.688	CDS	contig00015	39571	43011	1	+	3441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.689	CDS	contig00015	44791	43088	-1	-	1704
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.690	CDS	contig00015	45069	44803	-3	-	267
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.691	CDS	contig00015	45876	45253	-3	-	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.692	CDS	contig00015	46630	46001	-1	-	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.693	CDS	contig00015	46857	47618	3	+	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.694	CDS	contig00015	47711	49543	2	+	1833
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.695	CDS	contig00015	50677	49655	-1	-	1023
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.696	CDS	contig00015	51227	50667	-2	-	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.697	CDS	contig00015	52102	51281	-1	-	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.698	CDS	contig00015	52823	52092	-2	-	732
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.699	CDS	contig00015	52975	53526	1	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.700	CDS	contig00015	54829	53603	-1	-	1227
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.701	CDS	contig00015	55228	55668	1	+	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.702	CDS	contig00015	55706	56416	2	+	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.703	CDS	contig00015	56533	58050	1	+	1518
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.704	CDS	contig00015	59024	58116	-2	-	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.705	CDS	contig00015	59155	59484	1	+	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.706	CDS	contig00015	59497	60498	1	+	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.707	CDS	contig00015	60529	61026	1	+	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.708	CDS	contig00015	61095	62300	3	+	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.709	CDS	contig00015	63208	62408	-1	-	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.710	CDS	contig00015	65164	63317	-1	-	1848
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.711	CDS	contig00015	65379	65804	3	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.712	CDS	contig00015	67169	65868	-2	-	1302
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.713	CDS	contig00015	68785	67334	-1	-	1452
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.714	CDS	contig00015	69218	69751	2	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.715	CDS	contig00015	70959	69814	-3	-	1146
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.716	CDS	contig00015	71125	71619	1	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.717	CDS	contig00015	71749	72219	1	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.718	CDS	contig00015	72379	73401	1	+	1023
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.719	CDS	contig00015	73420	74241	1	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.720	CDS	contig00015	74820	74341	-3	-	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.721	CDS	contig00015	76330	74942	-1	-	1389
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.722	CDS	contig00015	77017	76334	-1	-	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.723	CDS	contig00015	77223	77714	3	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.724	CDS	contig00015	77873	78778	2	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.725	CDS	contig00015	78999	79961	3	+	963
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.726	CDS	contig00015	81047	80025	-2	-	1023
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.727	CDS	contig00015	81125	81646	2	+	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.728	CDS	contig00015	82129	81767	-1	-	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.729	CDS	contig00015	82524	82141	-3	-	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.730	CDS	contig00015	83270	82527	-2	-	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.731	CDS	contig00015	85075	83270	-1	-	1806
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.732	CDS	contig00015	85483	86457	1	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.733	CDS	contig00015	87381	86494	-3	-	888



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.734	CDS	contig00015	88340	87477	-2	-	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.735	CDS	contig00015	89484	88420	-3	-	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.736	CDS	contig00015	89583	90128	3	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.737	CDS	contig00016	355	852	1	+	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.738	CDS	contig00016	855	1439	3	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.739	CDS	contig00016	1443	3422	3	+	1980
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.740	CDS	contig00016	3603	4598	3	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.741	CDS	contig00016	4603	5235	1	+	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.742	CDS	contig00016	5235	5918	3	+	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.743	CDS	contig00016	5977	6612	1	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.744	CDS	contig00016	6626	7042	2	+	417
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.745	CDS	contig00016	7184	7618	2	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.746	CDS	contig00016	8548	7670	-1	-	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.747	CDS	contig00016	8738	9403	2	+	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.748	CDS	contig00016	9450	10778	3	+	1329
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.749	CDS	contig00016	10948	12267	1	+	1320
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.750	CDS	contig00016	12651	12316	-3	-	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.751	CDS	contig00016	12886	13470	1	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.752	CDS	contig00016	13673	14179	2	+	507
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.753	CDS	contig00016	14402	15073	2	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.754	CDS	contig00016	17937	15262	-3	-	2676
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.755	CDS	contig00016	18521	19369	2	+	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.756	CDS	contig00016	19553	19404	-2	-	150
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.757	CDS	contig00016	19984	19700	-1	-	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.758	CDS	contig00016	20108	20950	2	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.759	CDS	contig00016	21416	21009	-2	-	408
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.760	CDS	contig00016	21753	22748	3	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.761	CDS	contig00016	22943	23818	2	+	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.762	CDS	contig00016	25215	23911	-3	-	1305
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.763	CDS	contig00016	25398	25721	3	+	324
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.764	CDS	contig00016	25893	26327	3	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.765	CDS	contig00016	27723	26416	-3	-	1308
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.766	CDS	contig00016	29191	27845	-1	-	1347
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.767	CDS	contig00016	29821	29225	-1	-	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.768	CDS	contig00016	33278	29847	-2	-	3432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.769	CDS	contig00016	33992	33501	-2	-	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.770	CDS	contig00016	34149	35267	3	+	1119
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.771	CDS	contig00016	35415	36380	3	+	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.772	CDS	contig00016	36534	38306	3	+	1773
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.773	CDS	contig00016	38299	40020	1	+	1722
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.774	CDS	contig00017	70	372	1	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.775	CDS	contig00017	398	796	2	+	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.776	CDS	contig00017	1821	871	-3	-	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.777	CDS	contig00017	2504	1821	-2	-	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.778	CDS	contig00017	3233	2613	-2	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.779	CDS	contig00017	4003	3230	-1	-	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.780	CDS	contig00017	4722	3985	-3	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.781	CDS	contig00017	5451	4837	-3	-	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.782	CDS	contig00017	6533	5460	-2	-	1074

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.783	CDS	contig00017	7810	6770	-1	-	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.784	CDS	contig00017	9139	7820	-1	-	1320
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.785	CDS	contig00017	10041	9145	-3	-	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.786	CDS	contig00017	11510	10506	-2	-	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.787	CDS	contig00017	13170	12151	-3	-	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.788	CDS	contig00017	13694	15778	2	+	2085
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.789	CDS	contig00017	15847	16617	1	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.790	CDS	contig00017	16628	17179	2	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.791	CDS	contig00017	17172	17378	3	+	207
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.792	CDS	contig00017	17598	19148	3	+	1551
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.793	CDS	contig00017	19164	19664	3	+	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.794	CDS	contig00017	19668	21143	3	+	1476
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.795	CDS	contig00017	21233	21658	2	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.796	CDS	contig00017	21655	23406	1	+	1752
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.797	CDS	contig00017	23370	24410	3	+	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.798	CDS	contig00017	24407	26989	2	+	2583
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.799	CDS	contig00017	26995	28563	1	+	1569
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.800	CDS	contig00017	28566	28694	3	+	129
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.801	CDS	contig00017	28698	30008	3	+	1311
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.802	CDS	contig00017	30045	30536	3	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.803	CDS	contig00017	30548	31870	2	+	1323
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.804	CDS	contig00017	31872	32705	3	+	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.805	CDS	contig00017	32716	36237	1	+	3522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.806	CDS	contig00017	36234	36905	3	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.807	CDS	contig00017	36902	37861	2	+	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.808	CDS	contig00017	39061	37862	-1	-	1200
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.809	CDS	contig00018	324	869	3	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.810	CDS	contig00018	1125	862	-3	-	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.811	CDS	contig00018	1946	1125	-2	-	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.812	CDS	contig00018	2576	2019	-2	-	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.813	CDS	contig00018	2776	3261	1	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.814	CDS	contig00018	3264	4376	3	+	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.815	CDS	contig00018	4983	4414	-3	-	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.816	CDS	contig00018	5467	4994	-1	-	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.817	CDS	contig00018	6507	5470	-3	-	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.818	CDS	contig00018	7658	6588	-2	-	1071
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.819	CDS	contig00018	7776	8288	3	+	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.820	CDS	contig00018	8306	9253	2	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.821	CDS	contig00018	9283	10638	1	+	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.822	CDS	contig00018	10663	12039	1	+	1377
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.823	CDS	contig00018	12042	13487	3	+	1446
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.824	CDS	contig00018	14197	13550	-1	-	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.825	CDS	contig00018	15084	14296	-3	-	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.826	CDS	contig00018	15373	15504	1	+	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.827	CDS	contig00018	15642	15905	3	+	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.828	CDS	contig00018	16117	17535	1	+	1419
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.829	CDS	contig00018	17592	18575	3	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.830	CDS	contig00018	18616	19218	1	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.831	CDS	contig00018	20126	19263	-2	-	864

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.832	CDS	contig00018	21752	20226	-2	-	1527
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.833	CDS	contig00019	2009	732	-2	-	1278
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.834	CDS	contig00019	2192	5872	2	+	3681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.835	CDS	contig00019	7291	5939	-1	-	1353
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.836	CDS	contig00019	7742	8854	2	+	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.837	CDS	contig00019	10117	8906	-1	-	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.838	CDS	contig00019	13589	10764	-2	-	2826
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.839	CDS	contig00019	14630	13761	-2	-	870
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.840	CDS	contig00019	15213	14809	-3	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.841	CDS	contig00019	16333	15200	-1	-	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.842	CDS	contig00019	17543	16338	-2	-	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.843	CDS	contig00019	18538	17540	-1	-	999
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.844	CDS	contig00019	19910	18531	-2	-	1380
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.845	CDS	contig00019	21118	19913	-1	-	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.846	CDS	contig00019	23303	21123	-2	-	2181
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.847	CDS	contig00019	23894	23307	-2	-	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.848	CDS	contig00019	24980	23895	-2	-	1086
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.849	CDS	contig00019	26607	25195	-3	-	1413
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.850	CDS	contig00019	26920	27453	1	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.851	CDS	contig00019	28228	27539	-1	-	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.852	CDS	contig00019	28435	30414	1	+	1980
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.853	CDS	contig00019	30471	31997	3	+	1527
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.854	CDS	contig00019	31990	32628	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.855	CDS	contig00019	32630	32971	2	+	342
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.856	CDS	contig00019	32983	34623	1	+	1641
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.857	CDS	contig00019	34636	35484	1	+	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.858	CDS	contig00019	35481	36614	3	+	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.859	CDS	contig00019	36614	38338	2	+	1725
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.860	CDS	contig00019	38348	39574	2	+	1227
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.861	CDS	contig00019	39577	40032	1	+	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.862	CDS	contig00019	40119	40682	3	+	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.863	CDS	contig00019	40847	41320	2	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.864	CDS	contig00019	41447	42043	2	+	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.865	CDS	contig00019	42040	42621	1	+	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.866	CDS	contig00019	42621	43346	3	+	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.867	CDS	contig00019	43336	43770	1	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.868	CDS	contig00019	43770	46877	3	+	3108
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.869	CDS	contig00019	47000	48043	2	+	1044
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.870	CDS	contig00019	48142	48918	1	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.871	CDS	contig00019	48908	49399	2	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.872	CDS	contig00019	49410	49985	3	+	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.873	CDS	contig00019	50004	51473	3	+	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.874	CDS	contig00019	51485	55354	2	+	3870
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.875	CDS	contig00019	55369	56187	1	+	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.876	CDS	contig00019	56281	57726	1	+	1446
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.877	CDS	contig00019	58349	57819	-2	-	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.878	CDS	contig00019	58468	59811	1	+	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.879	CDS	contig00019	61253	59898	-2	-	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.880	CDS	contig00019	61682	61404	-2	-	279

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.881	CDS	contig00019	62546	61701	-2	-	846
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.882	CDS	contig00019	63022	62579	-1	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.883	CDS	contig00019	63311	63024	-2	-	288
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.884	CDS	contig00019	64800	63331	-3	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.885	CDS	contig00019	65549	64824	-2	-	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.886	CDS	contig00019	66049	65552	-1	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.887	CDS	contig00019	66593	66030	-2	-	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.888	CDS	contig00019	67150	66590	-1	-	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.889	CDS	contig00019	68124	67150	-3	-	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.890	CDS	contig00019	69281	68310	-2	-	972
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.891	CDS	contig00019	69468	70289	3	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.892	CDS	contig00019	70282	71076	1	+	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.893	CDS	contig00019	71080	71574	1	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.894	CDS	contig00019	71574	72215	3	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.895	CDS	contig00019	72215	72535	2	+	321
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.896	CDS	contig00019	72535	72792	1	+	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.897	CDS	contig00019	72804	74072	3	+	1269
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.898	CDS	contig00019	74220	74948	3	+	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.899	CDS	contig00019	75020	75556	2	+	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.900	CDS	contig00019	76028	75639	-2	-	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.901	CDS	contig00019	76631	76167	-2	-	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.902	CDS	contig00019	77574	76645	-3	-	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.903	CDS	contig00019	78824	77820	-2	-	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.904	CDS	contig00019	80158	78938	-1	-	1221
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.905	CDS	contig00019	80312	80728	2	+	417
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.906	CDS	contig00019	80799	81641	3	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.907	CDS	contig00019	84635	81762	-2	-	2874
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.908	CDS	contig00019	85189	84746	-1	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.909	CDS	contig00019	86777	85269	-2	-	1509
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.910	CDS	contig00019	87045	88079	3	+	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.911	CDS	contig00019	88072	89148	1	+	1077
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.912	CDS	contig00019	89686	89222	-1	-	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.913	CDS	contig00019	90730	91842	1	+	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.914	CDS	contig00019	91845	93458	3	+	1614
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.915	CDS	contig00019	93445	94248	1	+	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.916	CDS	contig00019	95254	94997	-1	-	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.917	CDS	contig00019	95674	95288	-1	-	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.918	CDS	contig00019	97422	96286	-3	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.919	CDS	contig00019	97803	97531	-3	-	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.920	CDS	contig00019	98858	97806	-2	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.921	CDS	contig00019	99103	99819	1	+	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.922	CDS	contig00019	99903	100823	3	+	921
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.923	CDS	contig00019	102087	100927	-3	-	1161
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.924	CDS	contig00019	102687	102091	-3	-	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.925	CDS	contig00019	103129	102698	-1	-	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.926	CDS	contig00019	103486	103199	-1	-	288
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.927	CDS	contig00019	104048	103494	-2	-	555
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.928	CDS	contig00019	104915	104097	-2	-	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.929	CDS	contig00019	105709	104999	-1	-	711

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.930	CDS	contig00019	105733	106770	1	+	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.931	CDS	contig00019	106773	107879	3	+	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.932	CDS	contig00019	108433	108008	-1	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.933	CDS	contig00019	108993	108430	-3	-	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.934	CDS	contig00019	110053	109106	-1	-	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.935	CDS	contig00019	110798	110067	-2	-	732
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.936	CDS	contig00019	111576	110872	-3	-	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.937	CDS	contig00019	112168	111668	-1	-	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.938	CDS	contig00019	113489	112335	-2	-	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.939	CDS	contig00020	901	50	-1	-	852
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.940	CDS	contig00020	1813	980	-1	-	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.941	CDS	contig00020	2622	1825	-3	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.942	CDS	contig00020	4889	2628	-2	-	2262
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.943	CDS	contig00020	5440	4928	-1	-	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.944	CDS	contig00020	6038	6706	2	+	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.945	CDS	contig00020	8098	6761	-1	-	1338
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.946	CDS	contig00020	9990	8485	-3	-	1506
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.947	CDS	contig00020	10750	10004	-1	-	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.948	CDS	contig00020	13111	11372	-1	-	1740
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.949	CDS	contig00020	13958	13182	-2	-	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.950	CDS	contig00020	14881	14033	-1	-	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.951	CDS	contig00020	15076	15594	1	+	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.952	CDS	contig00020	17015	15702	-2	-	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.953	CDS	contig00020	17304	18008	3	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.954	CDS	contig00020	18097	19338	1	+	1242
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.955	CDS	contig00020	20659	19583	-1	-	1077
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.956	CDS	contig00020	21978	20815	-3	-	1164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.957	CDS	contig00020	23164	22145	-1	-	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.958	CDS	contig00020	23792	23310	-2	-	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.959	CDS	contig00021	1433	60	-2	-	1374
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.960	CDS	contig00021	2192	1470	-2	-	723
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.961	CDS	contig00021	3691	2189	-1	-	1503
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.962	CDS	contig00021	4876	3830	-1	-	1047
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.963	CDS	contig00021	6195	4882	-3	-	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.964	CDS	contig00021	7544	6195	-2	-	1350
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.965	CDS	contig00021	8953	7709	-1	-	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.966	CDS	contig00021	9669	8953	-3	-	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.967	CDS	contig00021	10870	9662	-1	-	1209
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.968	CDS	contig00021	11038	11607	1	+	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.969	CDS	contig00021	11623	15078	1	+	3456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.970	CDS	contig00021	15168	16058	3	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.971	CDS	contig00021	16177	16800	1	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.972	CDS	contig00021	16825	17298	1	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.973	CDS	contig00021	17986	17366	-1	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.974	CDS	contig00021	18147	18848	3	+	702
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.975	CDS	contig00021	19032	20258	3	+	1227
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.976	CDS	contig00021	20248	21285	1	+	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.977	CDS	contig00021	21304	22998	1	+	1695
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.978	CDS	contig00021	23040	24572	3	+	1533

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.979	CDS	contig00021	24683	24928	2	+	246
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.980	CDS	contig00021	25113	26741	3	+	1629
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.981	CDS	contig00021	26959	28587	1	+	1629
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.982	CDS	contig00021	29172	28666	-3	-	507
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.983	CDS	contig00021	32390	29271	-2	-	3120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.984	CDS	contig00021	33856	32387	-1	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.985	CDS	contig00021	35201	33867	-2	-	1335
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.986	CDS	contig00021	35763	35377	-3	-	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.987	CDS	contig00021	35986	37011	1	+	1026
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.988	CDS	contig00021	37958	37104	-2	-	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.989	CDS	contig00021	38159	39343	2	+	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.990	CDS	contig00021	39499	40956	1	+	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.991	CDS	contig00021	41432	41031	-2	-	402
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.992	CDS	contig00021	41673	42350	3	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.993	CDS	contig00021	42331	43680	1	+	1350
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.994	CDS	contig00021	44304	43687	-3	-	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.995	CDS	contig00021	48884	44418	-2	-	4467
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.996	CDS	contig00021	49624	48887	-1	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.997	CDS	contig00021	50942	49605	-2	-	1338
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.998	CDS	contig00021	51645	50968	-3	-	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.999	CDS	contig00021	51913	52746	1	+	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1000	CDS	contig00021	53564	52815	-2	-	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1001	CDS	contig00021	53743	53546	-1	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1002	CDS	contig00021	54731	53745	-2	-	987
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1003	CDS	contig00021	56479	54731	-1	-	1749
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1004	CDS	contig00021	58649	56514	-2	-	2136
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1005	CDS	contig00021	58824	59348	3	+	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1006	CDS	contig00021	59604	59756	3	+	153
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1007	CDS	contig00021	60739	59819	-1	-	921
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1008	CDS	contig00022	762	55	-3	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1009	CDS	contig00023	50	1150	2	+	1101
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1010	CDS	contig00023	1237	2025	1	+	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1011	CDS	contig00023	2018	2191	2	+	174
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1012	CDS	contig00023	2178	3062	3	+	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1013	CDS	contig00023	3163	4443	1	+	1281
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1014	CDS	contig00023	4453	5010	1	+	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1015	CDS	contig00023	5072	5563	2	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1016	CDS	contig00023	5598	7112	3	+	1515
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1017	CDS	contig00023	8044	7169	-1	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1018	CDS	contig00023	8287	9393	1	+	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1019	CDS	contig00023	9953	10498	2	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1020	CDS	contig00023	10602	12728	3	+	2127
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1021	CDS	contig00023	12834	13169	3	+	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1022	CDS	contig00023	13271	13873	2	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1023	CDS	contig00023	14408	13845	-2	-	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1024	CDS	contig00023	14422	15045	1	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1025	CDS	contig00023	16452	15106	-3	-	1347
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1026	CDS	contig00023	16689	18086	3	+	1398
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1027	CDS	contig00023	18181	19053	1	+	873

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1028 CDS	contig00023	19232	20146	2	+	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1029 CDS	contig00023	20257	20535	1	+	279
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1030 CDS	contig00023	21743	20595	-2	-	1149
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1031 CDS	contig00023	21936	22820	3	+	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1032 CDS	contig00023	23379	22882	-3	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1033 CDS	contig00023	23490	24023	3	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1034 CDS	contig00023	24225	24043	-3	-	183
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1035 CDS	contig00023	24406	26148	1	+	1743
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1036 CDS	contig00023	27420	26206	-3	-	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1037 CDS	contig00023	27804	29126	3	+	1323
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1038 CDS	contig00023	29123	30856	2	+	1734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1039 CDS	contig00023	30870	31634	3	+	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1040 CDS	contig00023	31640	32506	2	+	867
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1041 CDS	contig00023	32742	33716	3	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1042 CDS	contig00023	33704	35104	2	+	1401
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1043 CDS	contig00023	36952	35084	-1	-	1869
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1044 CDS	contig00023	37539	36982	-3	-	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1045 CDS	contig00023	37804	38697	1	+	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1046 CDS	contig00023	38844	39074	3	+	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1047 CDS	contig00023	39347	39096	-2	-	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1048 CDS	contig00023	39313	39438	1	+	126
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1049 CDS	contig00023	39470	39910	2	+	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1050 CDS	contig00023	39910	40209	1	+	300
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1051 CDS	contig00023	40890	40198	-3	-	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1052 CDS	contig00023	41094	41933	3	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1053 CDS	contig00023	42876	41995	-3	-	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1054 CDS	contig00023	45232	42878	-1	-	2355
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1055 CDS	contig00023	45553	46053	1	+	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1056 CDS	contig00023	46134	46949	3	+	816
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1057 CDS	contig00023	48907	47021	-1	-	1887
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1058 CDS	contig00026	1980	3086	3	+	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1059 CDS	contig00026	5165	3354	-2	-	1812
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1060 CDS	contig00026	5834	8998	2	+	3165
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1061 CDS	contig00026	9971	9081	-2	-	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1062 CDS	contig00026	11563	10082	-1	-	1482
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1063 CDS	contig00026	11861	12250	2	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1064 CDS	contig00026	12278	12640	2	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1065 CDS	contig00026	12761	13648	2	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1066 CDS	contig00026	14301	13666	-3	-	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1067 CDS	contig00026	14541	15701	3	+	1161
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1068 CDS	contig00026	15765	16082	3	+	318
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1069 CDS	contig00026	16154	17197	2	+	1044
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1070 CDS	contig00026	17641	17219	-1	-	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1071 CDS	contig00026	18766	18071	-1	-	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1072 CDS	contig00026	19531	18830	-1	-	702
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1073 CDS	contig00026	21359	19704	-2	-	1656
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1074 CDS	contig00026	22959	21445	-3	-	1515
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1075 CDS	contig00026	23782	22949	-1	-	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1076 CDS	contig00026	24456	23806	-3	-	651

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1077 CDS	contig00026	25929	24625	-3	-	1305
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1078 CDS	contig00026	27600	26242	-3	-	1359
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1079 CDS	contig00026	28512	27805	-3	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1080 CDS	contig00026	28933	28547	-1	-	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1081 CDS	contig00026	30443	29388	-2	-	1056
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1082 CDS	contig00026	31894	31442	-1	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1083 CDS	contig00026	32205	32795	3	+	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1084 CDS	contig00026	33220	33759	1	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1085 CDS	contig00026	34468	33815	-1	-	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1086 CDS	contig00026	35532	34471	-3	-	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1087 CDS	contig00026	36577	35558	-1	-	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1088 CDS	contig00026	37694	36567	-2	-	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1089 CDS	contig00026	37960	38967	1	+	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1090 CDS	contig00026	40244	38985	-2	-	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1091 CDS	contig00026	41624	40368	-2	-	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1092 CDS	contig00026	42298	41657	-1	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1093 CDS	contig00026	42878	42357	-2	-	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1094 CDS	contig00026	43732	42875	-1	-	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1095 CDS	contig00026	44928	43909	-3	-	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1096 CDS	contig00026	45037	44921	-1	-	117
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1097 CDS	contig00026	46007	45228	-2	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1098 CDS	contig00026	46224	46676	3	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1099 CDS	contig00026	47777	46728	-2	-	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1100 CDS	contig00026	48682	47909	-1	-	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1101 CDS	contig00026	49274	48708	-2	-	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1102 CDS	contig00026	50662	49310	-1	-	1353
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1103 CDS	contig00026	51713	50673	-2	-	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1104 CDS	contig00026	52176	51730	-3	-	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1105 CDS	contig00026	52862	52176	-2	-	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1106 CDS	contig00026	53262	52852	-3	-	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1107 CDS	contig00026	53742	53440	-3	-	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1108 CDS	contig00026	54991	53855	-1	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1109 CDS	contig00026	56598	55009	-3	-	1590
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1110 CDS	contig00026	57990	56977	-3	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1111 CDS	contig00026	58642	58019	-1	-	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1112 CDS	contig00026	59269	58748	-1	-	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1113 CDS	contig00026	61197	59422	-3	-	1776
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1114 CDS	contig00026	61584	62312	3	+	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1115 CDS	contig00026	62349	63323	3	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1116 CDS	contig00026	63403	64173	1	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1117 CDS	contig00026	64282	65790	1	+	1509
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1118 CDS	contig00026	65794	66759	1	+	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1119 CDS	contig00026	67311	66865	-3	-	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1120 CDS	contig00026	67558	67313	-1	-	246
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1121 CDS	contig00026	68034	67555	-3	-	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1122 CDS	contig00026	69036	68047	-3	-	990
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1123 CDS	contig00026	69419	70297	2	+	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1124 CDS	contig00026	70621	70286	-1	-	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1125 CDS	contig00026	72062	70632	-2	-	1431



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1126 CDS	contig00026	72105	72224	3	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1127 CDS	contig00026	74386	72356	-1	-	2031
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1128 CDS	contig00028	133	342	1	+	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1129 CDS	contig00029	100	696	1	+	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1130 CDS	contig00029	872	3235	2	+	2364
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1131 CDS	contig00029	3246	3854	3	+	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1132 CDS	contig00030	199	750	1	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1133 CDS	contig00030	841	3765	1	+	2925
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1134 CDS	contig00030	3758	4387	2	+	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1135 CDS	contig00031	11	826	2	+	816
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1136 CDS	contig00031	826	1071	1	+	246
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1137 CDS	contig00031	1084	2031	1	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1138 CDS	contig00031	2049	3890	3	+	1842
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1139 CDS	contig00031	3895	5427	1	+	1533
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1140 CDS	contig00031	5704	5913	1	+	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1141 CDS	contig00031	7412	6054	-2	-	1359
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1142 CDS	contig00031	8053	7631	-1	-	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1143 CDS	contig00031	9475	8072	-1	-	1404
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1144 CDS	contig00031	10375	9509	-1	-	867
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1145 CDS	contig00031	11962	10421	-1	-	1542
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1146 CDS	contig00031	12509	11976	-2	-	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1147 CDS	contig00031	12991	12527	-1	-	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1148 CDS	contig00031	13310	13053	-2	-	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1149 CDS	contig00031	14181	13369	-3	-	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1150 CDS	contig00031	14579	14190	-2	-	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1151 CDS	contig00031	15652	14768	-1	-	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1152 CDS	contig00031	16442	15645	-2	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1153 CDS	contig00031	17090	16458	-2	-	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1154 CDS	contig00031	18981	17092	-3	-	1890
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1155 CDS	contig00031	19839	19405	-3	-	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1156 CDS	contig00031	21259	19892	-1	-	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1157 CDS	contig00031	22739	21357	-2	-	1383
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1158 CDS	contig00031	23531	23208	-2	-	324
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1159 CDS	contig00031	23711	23577	-2	-	135
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1160 CDS	contig00031	24634	23897	-1	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1161 CDS	contig00031	25302	24631	-3	-	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1162 CDS	contig00031	26179	25427	-1	-	753
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1163 CDS	contig00031	26476	27885	1	+	1410
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1164 CDS	contig00031	27918	29018	3	+	1101
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1165 CDS	contig00031	29032	30111	1	+	1080
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1166 CDS	contig00031	30129	32546	3	+	2418
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1167 CDS	contig00031	32969	33403	2	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1168 CDS	contig00031	33640	35298	1	+	1659
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1169 CDS	contig00031	36603	35356	-3	-	1248
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1170 CDS	contig00031	36928	37752	1	+	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1171 CDS	contig00031	37755	39821	3	+	2067
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1172 CDS	contig00031	39967	41607	1	+	1641
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1173 CDS	contig00031	41742	41993	3	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1174 CDS	contig00031	42290	42039	-2	-	252

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1175 CDS	contig00031	42475	42666	1	+	192
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1176 CDS	contig00031	42813	43754	3	+	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1177 CDS	contig00031	44833	43853	-1	-	981
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1178 CDS	contig00031	46756	45593	-1	-	1164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1179 CDS	contig00031	48947	46770	-2	-	2178
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1180 CDS	contig00031	49223	49807	2	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1181 CDS	contig00031	49864	51321	1	+	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1182 CDS	contig00031	51354	51878	3	+	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1183 CDS	contig00031	52255	55008	1	+	2754
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1184 CDS	contig00031	55090	55284	1	+	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1185 CDS	contig00031	55583	56962	2	+	1380
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1186 CDS	contig00031	57023	57136	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1187 CDS	contig00031	57563	59497	2	+	1935
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1188 CDS	contig00031	59568	60227	3	+	660
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1189 CDS	contig00031	60220	61053	1	+	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1190 CDS	contig00031	61058	61258	2	+	201
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1191 CDS	contig00031	61260	62030	3	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1192 CDS	contig00031	62041	63153	1	+	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1193 CDS	contig00031	65046	63253	-3	-	1794
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1194 CDS	contig00031	66113	65148	-2	-	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1195 CDS	contig00031	66211	67440	1	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1196 CDS	contig00031	67562	67852	2	+	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1197 CDS	contig00031	68904	67975	-3	-	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1198 CDS	contig00031	69005	70525	2	+	1521
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1199 CDS	contig00031	70583	71347	2	+	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1200 CDS	contig00031	71359	71982	1	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1201 CDS	contig00031	71979	73613	3	+	1635
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1202 CDS	contig00031	73665	73913	3	+	249
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1203 CDS	contig00031	73917	74297	3	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1204 CDS	contig00031	74300	75055	2	+	756
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1205 CDS	contig00031	77205	76444	-3	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1206 CDS	contig00031	77356	78372	1	+	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1207 CDS	contig00031	80156	78663	-2	-	1494
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1208 CDS	contig00031	81488	80190	-2	-	1299
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1209 CDS	contig00031	81601	81927	1	+	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1210 CDS	contig00031	82167	83426	3	+	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1211 CDS	contig00031	83584	84579	1	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1212 CDS	contig00031	84717	86561	3	+	1845
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1213 CDS	contig00031	86725	86988	1	+	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1214 CDS	contig00031	87085	87795	1	+	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1215 CDS	contig00031	89061	87877	-3	-	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1216 CDS	contig00031	90251	89058	-2	-	1194
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1217 CDS	contig00031	91009	90248	-1	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1218 CDS	contig00031	91947	91012	-3	-	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1219 CDS	contig00031	92205	94730	3	+	2526
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1220 CDS	contig00031	94815	97016	3	+	2202
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1221 CDS	contig00031	98340	97435	-3	-	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1222 CDS	contig00031	98568	100403	3	+	1836
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1223 CDS	contig00031	100407	100697	3	+	291

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1224 CDS	contig00031	102116	100752	-2	-	1365
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1225 CDS	contig00031	102460	103131	1	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1226 CDS	contig00031	103833	106631	3	+	2799
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1227 CDS	contig00031	108003	107356	-3	-	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1228 CDS	contig00031	108292	108909	1	+	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1229 CDS	contig00031	109064	109705	2	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1230 CDS	contig00031	109705	110250	1	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1231 CDS	contig00031	110253	110744	3	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1232 CDS	contig00031	110853	112226	3	+	1374
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1233 CDS	contig00031	113251	112790	-1	-	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1234 CDS	contig00031	113392	114171	1	+	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1235 CDS	contig00031	114593	114168	-2	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1236 CDS	contig00031	114776	115303	2	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1237 CDS	contig00031	115399	115737	1	+	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1238 CDS	contig00031	115786	116970	1	+	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1239 CDS	contig00031	117087	119582	3	+	2496
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1240 CDS	contig00031	120159	119572	-3	-	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1241 CDS	contig00031	121181	120171	-2	-	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1242 CDS	contig00031	121338	121973	3	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1243 CDS	contig00031	124476	121990	-3	-	2487
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1244 CDS	contig00031	125823	124822	-3	-	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1245 CDS	contig00031	128498	125988	-2	-	2511
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1246 CDS	contig00031	130064	128661	-2	-	1404
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1247 CDS	contig00031	131155	130103	-1	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1248 CDS	contig00031	131774	131238	-2	-	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1249 CDS	contig00031	133434	132025	-3	-	1410
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1250 CDS	contig00031	133936	135804	1	+	1869
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1251 CDS	contig00031	136083	137033	3	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1252 CDS	contig00031	137005	137439	1	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1253 CDS	contig00031	137773	138672	1	+	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1254 CDS	contig00031	139533	138844	-3	-	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1255 CDS	contig00031	141805	139682	-1	-	2124
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1256 CDS	contig00031	142129	141857	-1	-	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1257 CDS	contig00031	142837	142238	-1	-	600
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1258 CDS	contig00031	143090	143515	2	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1259 CDS	contig00031	143712	144092	3	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1260 CDS	contig00031	144323	145255	2	+	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1261 CDS	contig00031	146389	145478	-1	-	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1262 CDS	contig00031	146502	147947	3	+	1446
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1263 CDS	contig00031	148273	148911	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1264 CDS	contig00035	1314	157	-3	-	1158
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1265 CDS	contig00035	1568	2953	2	+	1386
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1266 CDS	contig00035	3100	3462	1	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1267 CDS	contig00035	3504	4172	3	+	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1268 CDS	contig00035	4189	4650	1	+	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1269 CDS	contig00035	4718	5596	2	+	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1270 CDS	contig00035	5692	7206	1	+	1515
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1271 CDS	contig00035	7751	7269	-2	-	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1272 CDS	contig00035	7918	10494	1	+	2577

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1273 CDS	contig00035	10662	11279	3	+	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1274 CDS	contig00035	11282	12316	2	+	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1275 CDS	contig00035	12370	12687	1	+	318
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1276 CDS	contig00035	12692	13162	2	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1277 CDS	contig00035	13166	15046	2	+	1881
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1278 CDS	contig00035	15046	16167	1	+	1122
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1279 CDS	contig00035	16167	16976	3	+	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1280 CDS	contig00035	17257	18432	1	+	1176
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1281 CDS	contig00035	18568	18837	1	+	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1282 CDS	contig00035	19035	19649	3	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1283 CDS	contig00035	19642	20607	1	+	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1284 CDS	contig00035	21942	20686	-3	-	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1285 CDS	contig00035	22982	21957	-2	-	1026
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1286 CDS	contig00035	24473	23235	-2	-	1239
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1287 CDS	contig00035	25037	24618	-2	-	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1288 CDS	contig00035	26406	25114	-3	-	1293
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1289 CDS	contig00035	27237	28691	3	+	1455
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1290 CDS	contig00035	30016	28805	-1	-	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1291 CDS	contig00035	31303	30206	-1	-	1098
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1292 CDS	contig00035	31649	31416	-2	-	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1293 CDS	contig00035	32695	31661	-1	-	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1294 CDS	contig00035	34079	32853	-2	-	1227
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1295 CDS	contig00035	34705	34109	-1	-	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1296 CDS	contig00035	35345	34713	-2	-	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1297 CDS	contig00035	36112	35345	-1	-	768
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1298 CDS	contig00035	37346	36102	-2	-	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1299 CDS	contig00035	38690	37350	-2	-	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1300 CDS	contig00035	39387	39073	-3	-	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1301 CDS	contig00035	39483	40631	3	+	1149
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1302 CDS	contig00035	40646	41215	2	+	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1303 CDS	contig00035	41215	41775	1	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1304 CDS	contig00035	41862	43205	3	+	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1305 CDS	contig00035	43488	44312	3	+	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1306 CDS	contig00035	44420	45313	2	+	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1307 CDS	contig00035	45310	45900	1	+	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1308 CDS	contig00035	47421	45973	-3	-	1449
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1309 CDS	contig00035	48510	47581	-3	-	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1310 CDS	contig00035	49290	48526	-3	-	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1311 CDS	contig00035	49569	49811	3	+	243
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1312 CDS	contig00035	49804	50700	1	+	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1313 CDS	contig00035	50722	52605	1	+	1884
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1314 CDS	contig00035	53018	52668	-2	-	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1315 CDS	contig00035	53094	53369	3	+	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1316 CDS	contig00035	55604	53370	-2	-	2235
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1317 CDS	contig00035	56656	55607	-1	-	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1318 CDS	contig00035	57228	56725	-3	-	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1319 CDS	contig00035	58223	57225	-2	-	999
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1320 CDS	contig00035	58775	58308	-2	-	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1321 CDS	contig00035	59245	58775	-1	-	471

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1322 CDS	contig00035	60508	59399	-1	-	1110
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1323 CDS	contig00035	61205	60549	-2	-	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1324 CDS	contig00035	62300	61209	-2	-	1092
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1325 CDS	contig00035	62778	62329	-3	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1326 CDS	contig00035	62947	64935	1	+	1989
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1327 CDS	contig00035	65020	65346	1	+	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1328 CDS	contig00035	69890	65439	-2	-	4452
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1329 CDS	contig00035	71442	70192	-3	-	1251
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1330 CDS	contig00035	71842	72450	1	+	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1331 CDS	contig00035	72873	72544	-3	-	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1332 CDS	contig00035	73919	72951	-2	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1333 CDS	contig00035	74920	73916	-1	-	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1334 CDS	contig00035	76846	75008	-1	-	1839
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1335 CDS	contig00035	77936	76884	-2	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1336 CDS	contig00035	78967	77939	-1	-	1029
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1337 CDS	contig00035	79428	79261	-3	-	168
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1338 CDS	contig00035	80195	79644	-2	-	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1339 CDS	contig00035	80418	81452	3	+	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1340 CDS	contig00035	81442	82119	1	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1341 CDS	contig00035	82158	82967	3	+	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1342 CDS	contig00035	83047	83760	1	+	714
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1343 CDS	contig00035	83909	85624	2	+	1716
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1344 CDS	contig00035	85980	87650	3	+	1671
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1345 CDS	contig00035	87641	88624	2	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1346 CDS	contig00035	88643	89407	2	+	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1347 CDS	contig00035	89397	90149	3	+	753
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1348 CDS	contig00035	90100	90738	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1349 CDS	contig00035	91108	91971	1	+	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1350 CDS	contig00035	91988	92290	2	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1351 CDS	contig00035	92301	92657	3	+	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1352 CDS	contig00035	92657	94360	2	+	1704
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1353 CDS	contig00035	94422	94913	3	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1354 CDS	contig00035	94925	95590	2	+	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1355 CDS	contig00035	95600	96220	2	+	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1356 CDS	contig00035	96808	96338	-1	-	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1357 CDS	contig00035	98381	96864	-2	-	1518
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1358 CDS	contig00035	99317	98442	-2	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1359 CDS	contig00035	100051	99314	-1	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1360 CDS	contig00035	100279	101439	1	+	1161
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1361 CDS	contig00035	102376	101498	-1	-	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1362 CDS	contig00035	102669	103562	3	+	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1363 CDS	contig00035	103689	103895	3	+	207
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1364 CDS	contig00035	103895	104083	2	+	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1365 CDS	contig00035	105529	104183	-1	-	1347
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1366 CDS	contig00035	106021	106461	1	+	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1367 CDS	contig00035	106461	107366	3	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1368 CDS	contig00035	107326	108420	1	+	1095
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1369 CDS	contig00035	108966	108481	-3	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1370 CDS	contig00035	109219	111759	1	+	2541

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1371 CDS	contig00035	112138	111821	-1	-	318
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1372 CDS	contig00035	112815	112306	-3	-	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1373 CDS	contig00035	116967	113056	-3	-	3912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1374 CDS	contig00035	117370	118818	1	+	1449
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1375 CDS	contig00035	118963	119121	1	+	159
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1376 CDS	contig00035	119695	119180	-1	-	516
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1377 CDS	contig00035	120568	119696	-1	-	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1378 CDS	contig00035	120744	121892	3	+	1149
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1379 CDS	contig00035	122106	122948	3	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1380 CDS	contig00035	124320	123016	-3	-	1305
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1381 CDS	contig00035	124617	124997	3	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1382 CDS	contig00035	125023	126300	1	+	1278
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1383 CDS	contig00035	126360	126995	3	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1384 CDS	contig00035	128629	127070	-1	-	1560
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1385 CDS	contig00035	130458	128905	-3	-	1554
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1386 CDS	contig00035	132123	130660	-3	-	1464
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1387 CDS	contig00035	132332	133681	2	+	1350
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1388 CDS	contig00035	133907	133674	-2	-	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1389 CDS	contig00035	135100	134225	-1	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1390 CDS	contig00035	136682	135180	-2	-	1503
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1391 CDS	contig00035	138021	136864	-3	-	1158
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1392 CDS	contig00035	138643	138032	-1	-	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1393 CDS	contig00035	139923	138655	-3	-	1269
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1394 CDS	contig00035	141080	139962	-2	-	1119
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1395 CDS	contig00035	142013	141093	-2	-	921
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1396 CDS	contig00035	142764	141994	-3	-	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1397 CDS	contig00035	143913	142795	-3	-	1119
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1398 CDS	contig00035	144573	144139	-3	-	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1399 CDS	contig00035	146144	144858	-2	-	1287
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1400 CDS	contig00035	146576	146376	-2	-	201
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1401 CDS	contig00035	147037	146699	-1	-	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1402 CDS	contig00035	148890	147040	-3	-	1851
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1403 CDS	contig00035	149444	148929	-2	-	516
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1404 CDS	contig00035	149783	149460	-2	-	324
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1405 CDS	contig00035	150291	149908	-3	-	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1406 CDS	contig00035	151540	150326	-1	-	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1407 CDS	contig00035	152078	151572	-2	-	507
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1408 CDS	contig00035	152911	152186	-1	-	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1409 CDS	contig00035	153119	153922	2	+	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1410 CDS	contig00036	368	1417	2	+	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1411 CDS	contig00036	1510	2310	1	+	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1412 CDS	contig00036	2711	3766	2	+	1056
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1413 CDS	contig00036	3859	4656	1	+	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1414 CDS	contig00036	4826	6250	2	+	1425
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1415 CDS	contig00036	6533	6360	-2	-	174
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1416 CDS	contig00036	7992	6616	-3	-	1377
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1417 CDS	contig00036	9346	8210	-1	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1418 CDS	contig00036	9518	10153	2	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1419 CDS	contig00036	10165	10596	1	+	432

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1420 CDS	contig00036	11453	11025	-2	-	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1421 CDS	contig00036	11811	11500	-3	-	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1422 CDS	contig00036	12773	12027	-2	-	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1423 CDS	contig00036	12851	13771	2	+	921
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1424 CDS	contig00036	13855	14682	1	+	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1425 CDS	contig00036	14878	15273	1	+	396
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1426 CDS	contig00036	15276	15692	3	+	417
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1427 CDS	contig00036	15708	16418	3	+	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1428 CDS	contig00036	16579	17877	1	+	1299
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1429 CDS	contig00036	18092	18841	2	+	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1430 CDS	contig00036	18896	19684	2	+	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1431 CDS	contig00036	19697	20488	2	+	792
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1432 CDS	contig00036	20515	21612	1	+	1098
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1433 CDS	contig00036	21720	22724	3	+	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1434 CDS	contig00036	22994	24874	2	+	1881
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1435 CDS	contig00036	24892	26085	1	+	1194
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1436 CDS	contig00036	26693	27832	2	+	1140
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1437 CDS	contig00036	28151	29284	2	+	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1438 CDS	contig00036	29392	29267	-1	-	126
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1439 CDS	contig00036	29683	30816	1	+	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1440 CDS	contig00036	31212	32339	3	+	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1441 CDS	contig00036	32585	33721	2	+	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1442 CDS	contig00036	33845	34264	2	+	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1443 CDS	contig00036	34289	36259	2	+	1971
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1444 CDS	contig00036	36291	36581	3	+	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1445 CDS	contig00036	36597	37007	3	+	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1446 CDS	contig00036	37196	38677	2	+	1482
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1447 CDS	contig00036	38836	39897	1	+	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1448 CDS	contig00036	39901	41334	1	+	1434
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1449 CDS	contig00036	41435	41746	2	+	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1450 CDS	contig00036	41764	43497	1	+	1734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1451 CDS	contig00036	43490	44542	2	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1452 CDS	contig00036	44645	45442	2	+	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1453 CDS	contig00036	45442	46761	1	+	1320
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1454 CDS	contig00036	46772	47215	2	+	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1455 CDS	contig00036	47387	48637	2	+	1251
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1456 CDS	contig00036	48702	49187	3	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1457 CDS	contig00036	49195	50229	1	+	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1458 CDS	contig00036	50252	50641	2	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1459 CDS	contig00036	50665	51051	1	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1460 CDS	contig00036	51038	51907	2	+	870
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1461 CDS	contig00036	51917	52186	2	+	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1462 CDS	contig00036	52224	53006	3	+	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1463 CDS	contig00036	53052	54182	3	+	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1464 CDS	contig00036	54828	54196	-3	-	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1465 CDS	contig00036	55136	57229	2	+	2094
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1466 CDS	contig00036	57263	58741	2	+	1479
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1467 CDS	contig00036	58738	59628	1	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1468 CDS	contig00036	59621	60352	2	+	732

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1469 CDS	contig00036	60389	60769	2	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1470 CDS	contig00036	60801	61517	3	+	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1471 CDS	contig00036	61527	63734	3	+	2208
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1472 CDS	contig00036	63750	64880	3	+	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1473 CDS	contig00036	64889	65656	2	+	768
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1474 CDS	contig00036	65656	66684	1	+	1029
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1475 CDS	contig00036	66713	67207	2	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1476 CDS	contig00036	67207	67668	1	+	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1477 CDS	contig00036	67949	68563	2	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1478 CDS	contig00036	68564	69232	2	+	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1479 CDS	contig00036	69276	70028	3	+	753
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1480 CDS	contig00036	70052	70258	2	+	207
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1481 CDS	contig00036	70255	70740	1	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1482 CDS	contig00036	70737	72695	3	+	1959
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1483 CDS	contig00036	72699	73250	3	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1484 CDS	contig00036	73250	73765	2	+	516
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1485 CDS	contig00036	73762	74979	1	+	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1486 CDS	contig00036	75139	75921	1	+	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1487 CDS	contig00036	76602	75997	-3	-	606
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1488 CDS	contig00036	78056	76764	-2	-	1293
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1489 CDS	contig00036	79760	78513	-2	-	1248
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1490 CDS	contig00036	80642	81970	2	+	1329
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1491 CDS	contig00036	81970	82548	1	+	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1492 CDS	contig00036	82587	83807	3	+	1221
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1493 CDS	contig00036	83792	84067	2	+	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1494 CDS	contig00036	86912	84135	-2	-	2778
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1495 CDS	contig00036	87162	87617	3	+	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1496 CDS	contig00036	88214	87681	-2	-	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1497 CDS	contig00036	88267	89199	1	+	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1498 CDS	contig00036	89360	89196	-2	-	165
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1499 CDS	contig00036	89760	90845	3	+	1086
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1500 CDS	contig00036	91648	91007	-1	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1501 CDS	contig00036	92287	91754	-1	-	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1502 CDS	contig00036	92478	93008	3	+	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1503 CDS	contig00036	93016	93276	1	+	261
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1504 CDS	contig00036	93780	93355	-3	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1505 CDS	contig00036	93859	94800	1	+	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1506 CDS	contig00036	95111	96478	2	+	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1507 CDS	contig00036	97063	96461	-1	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1508 CDS	contig00036	98133	97324	-3	-	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1509 CDS	contig00036	98625	99683	3	+	1059
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1510 CDS	contig00036	100376	99876	-2	-	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1511 CDS	contig00036	102228	100480	-3	-	1749
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1512 CDS	contig00036	102737	103207	2	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1513 CDS	contig00036	103234	104121	1	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1514 CDS	contig00036	105405	104209	-3	-	1197
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1515 CDS	contig00036	107624	105531	-2	-	2094
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1516 CDS	contig00036	107864	108292	2	+	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1517 CDS	contig00036	109778	108408	-2	-	1371



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1518 CDS	contig00036	110465	109848	-2	-	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1519 CDS	contig00036	111601	110477	-1	-	1125
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1520 CDS	contig00036	113256	111718	-3	-	1539
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1521 CDS	contig00036	113445	114935	3	+	1491
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1522 CDS	contig00036	114950	116095	2	+	1146
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1523 CDS	contig00036	116109	116882	3	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1524 CDS	contig00036	116928	117263	3	+	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1525 CDS	contig00036	118959	117340	-3	-	1620
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1526 CDS	contig00036	119246	119518	2	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1527 CDS	contig00036	119777	119604	-2	-	174
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1528 CDS	contig00036	120500	119880	-2	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1529 CDS	contig00036	120706	122934	1	+	2229
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1530 CDS	contig00036	124532	123015	-2	-	1518
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1531 CDS	contig00036	125814	124543	-3	-	1272
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1532 CDS	contig00036	127879	125945	-1	-	1935
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1533 CDS	contig00036	128922	128065	-3	-	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1534 CDS	contig00036	129378	130835	3	+	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1535 CDS	contig00036	131430	130888	-3	-	543
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1536 CDS	contig00036	131762	131541	-2	-	222
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1537 CDS	contig00036	132161	132481	2	+	321
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1538 CDS	contig00036	132524	134692	2	+	2169
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1539 CDS	contig00036	134662	134775	1	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1540 CDS	contig00036	135116	134898	-2	-	219
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1541 CDS	contig00036	135898	135206	-1	-	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1542 CDS	contig00036	136614	135895	-3	-	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1543 CDS	contig00036	136800	138080	3	+	1281
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1544 CDS	contig00036	138239	138913	2	+	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1545 CDS	contig00036	139009	140682	1	+	1674
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1546 CDS	contig00036	140743	141024	1	+	282
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1547 CDS	contig00036	141159	141443	3	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1548 CDS	contig00036	141451	142620	1	+	1170
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1549 CDS	contig00036	142732	143436	1	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1550 CDS	contig00036	145621	143561	-1	-	2061
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1551 CDS	contig00036	145754	146821	2	+	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1552 CDS	contig00036	146926	147573	1	+	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1553 CDS	contig00036	147748	149883	1	+	2136
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1554 CDS	contig00036	150485	149955	-2	-	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1555 CDS	contig00036	152207	150660	-2	-	1548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1556 CDS	contig00036	155368	152384	-1	-	2985
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1557 CDS	contig00036	155812	156759	1	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1558 CDS	contig00036	157420	156839	-1	-	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1559 CDS	contig00036	157719	158240	3	+	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1560 CDS	contig00036	158257	158427	1	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1561 CDS	contig00036	158702	159463	2	+	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1562 CDS	contig00036	159469	160422	1	+	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1563 CDS	contig00036	160505	161428	2	+	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1564 CDS	contig00036	161445	162182	3	+	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1565 CDS	contig00036	162352	162585	1	+	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1566 CDS	contig00036	162677	163921	2	+	1245

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1567 CDS	contig00036	164034	164840	3	+	807
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1568 CDS	contig00036	164834	165844	2	+	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1569 CDS	contig00036	165847	166479	1	+	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1570 CDS	contig00036	166502	167452	2	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1571 CDS	contig00036	167442	168212	3	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1572 CDS	contig00036	168662	170089	2	+	1428
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1573 CDS	contig00036	170763	170134	-3	-	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1574 CDS	contig00036	170996	170859	-2	-	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1575 CDS	contig00036	172422	170956	-3	-	1467
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1576 CDS	contig00036	173376	172795	-3	-	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1577 CDS	contig00036	174500	173730	-2	-	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1578 CDS	contig00036	174778	176058	1	+	1281
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1579 CDS	contig00037	549	424	-3	-	126
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1580 CDS	contig00037	1131	985	-3	-	147
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1581 CDS	contig00038	1606	515	-1	-	1092
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1582 CDS	contig00038	2216	1626	-2	-	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1583 CDS	contig00038	3396	2398	-3	-	999
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1584 CDS	contig00038	4250	3384	-2	-	867
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1585 CDS	contig00038	4858	4247	-1	-	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1586 CDS	contig00038	5043	6299	3	+	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1587 CDS	contig00038	6339	7427	3	+	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1588 CDS	contig00038	7427	8281	2	+	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1589 CDS	contig00038	8297	8680	2	+	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1590 CDS	contig00038	8683	8985	1	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1591 CDS	contig00038	8997	9494	3	+	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1592 CDS	contig00038	9506	10360	2	+	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1593 CDS	contig00038	11214	10438	-3	-	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1594 CDS	contig00038	12152	11343	-2	-	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1595 CDS	contig00038	12591	12262	-3	-	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1596 CDS	contig00038	15170	12594	-2	-	2577
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1597 CDS	contig00038	17340	15466	-3	-	1875
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1598 CDS	contig00038	17766	19427	3	+	1662
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1599 CDS	contig00038	20062	19478	-1	-	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1600 CDS	contig00038	21178	20741	-1	-	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1601 CDS	contig00038	23962	21281	-1	-	2682
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1602 CDS	contig00038	24048	24449	3	+	402
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1603 CDS	contig00038	25324	24470	-1	-	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1604 CDS	contig00038	26480	25653	-2	-	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1605 CDS	contig00038	27673	26666	-1	-	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1606 CDS	contig00038	28757	27693	-2	-	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1607 CDS	contig00038	29948	28761	-2	-	1188
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1608 CDS	contig00038	31250	30345	-2	-	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1609 CDS	contig00038	31378	31686	1	+	309
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1610 CDS	contig00038	31725	31928	3	+	204
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1611 CDS	contig00038	32541	31996	-3	-	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1612 CDS	contig00038	33413	32532	-2	-	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1613 CDS	contig00038	33644	35539	2	+	1896
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1614 CDS	contig00038	35801	36445	2	+	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1615 CDS	contig00038	36531	37499	3	+	969

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1616 CDS	contig00038	37841	39139	2	+	1299
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1617 CDS	contig00038	39245	39868	2	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1618 CDS	contig00038	39955	41241	1	+	1287
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1619 CDS	contig00038	41445	43727	3	+	2283
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1620 CDS	contig00038	43900	44172	1	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1621 CDS	contig00038	44377	46233	1	+	1857
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1622 CDS	contig00038	46392	46273	-3	-	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1623 CDS	contig00038	46421	46723	2	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1624 CDS	contig00038	48205	46850	-1	-	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1625 CDS	contig00038	48588	49082	3	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1626 CDS	contig00038	50813	49146	-2	-	1668
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1627 CDS	contig00038	52861	51257	-1	-	1605
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1628 CDS	contig00038	54160	52946	-1	-	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1629 CDS	contig00038	55298	54162	-2	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1630 CDS	contig00038	55701	57194	3	+	1494
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1631 CDS	contig00038	57370	59028	1	+	1659
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1632 CDS	contig00038	59550	59107	-3	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1633 CDS	contig00038	59731	60195	1	+	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1634 CDS	contig00038	60776	60249	-2	-	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1635 CDS	contig00038	61057	60836	-1	-	222
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1636 CDS	contig00038	61918	61145	-1	-	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1637 CDS	contig00038	62017	62559	1	+	543
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1638 CDS	contig00038	62608	64254	1	+	1647
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1639 CDS	contig00038	64318	65073	1	+	756
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1640 CDS	contig00038	66455	65166	-2	-	1290
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1641 CDS	contig00038	66864	67244	3	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1642 CDS	contig00038	67238	67585	2	+	348
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1643 CDS	contig00038	67585	69354	1	+	1770
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1644 CDS	contig00038	69367	70080	1	+	714
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1645 CDS	contig00038	70178	72994	2	+	2817
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1646 CDS	contig00038	73014	74225	3	+	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1647 CDS	contig00038	74378	75544	2	+	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1648 CDS	contig00038	75544	76416	1	+	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1649 CDS	contig00038	76613	78259	2	+	1647
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1650 CDS	contig00038	79140	78355	-3	-	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1651 CDS	contig00038	79556	79137	-2	-	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1652 CDS	contig00038	79906	79673	-1	-	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1653 CDS	contig00038	80061	80888	3	+	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1654 CDS	contig00038	80885	82225	2	+	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1655 CDS	contig00038	82374	85781	3	+	3408
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1656 CDS	contig00038	86410	86637	1	+	228
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1657 CDS	contig00038	86639	88915	2	+	2277
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1658 CDS	contig00038	88912	89154	1	+	243
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1659 CDS	contig00038	91807	89642	-1	-	2166
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1660 CDS	contig00038	93103	91907	-1	-	1197
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1661 CDS	contig00038	93421	93870	1	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1662 CDS	contig00038	95713	93980	-1	-	1734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1663 CDS	contig00038	95921	96517	2	+	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1664 CDS	contig00038	97823	96591	-2	-	1233

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1665 CDS	contig00038	98990	97923	-2	-	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1666 CDS	contig00038	99669	99094	-3	-	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1667 CDS	contig00038	99808	100527	1	+	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1668 CDS	contig00038	100532	101329	2	+	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1669 CDS	contig00038	101337	101594	3	+	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1670 CDS	contig00038	101606	101863	2	+	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1671 CDS	contig00038	101863	102423	1	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1672 CDS	contig00038	102420	103787	3	+	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1673 CDS	contig00038	103801	104175	1	+	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1674 CDS	contig00038	104178	105869	3	+	1692
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1675 CDS	contig00038	105859	107394	1	+	1536
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1676 CDS	contig00038	107406	107852	3	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1677 CDS	contig00038	107845	108465	1	+	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1678 CDS	contig00038	108449	110821	2	+	2373
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1679 CDS	contig00038	110811	111437	3	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1680 CDS	contig00038	111491	112630	2	+	1140
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1681 CDS	contig00038	112630	113091	1	+	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1682 CDS	contig00038	113111	113836	2	+	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1683 CDS	contig00038	113833	115068	1	+	1236
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1684 CDS	contig00038	115640	115197	-2	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1685 CDS	contig00038	116232	115954	-3	-	279
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1686 CDS	contig00038	116431	116856	1	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1687 CDS	contig00038	118598	116874	-2	-	1725
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1688 CDS	contig00038	118735	120282	1	+	1548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1689 CDS	contig00038	121038	120364	-3	-	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1690 CDS	contig00038	121715	121089	-2	-	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1691 CDS	contig00038	122166	122669	3	+	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1692 CDS	contig00038	123881	122793	-2	-	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1693 CDS	contig00038	125147	125557	2	+	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1694 CDS	contig00038	125560	125793	1	+	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1695 CDS	contig00038	125786	127249	2	+	1464
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1696 CDS	contig00038	127252	128409	1	+	1158
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1697 CDS	contig00038	129884	128985	-2	-	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1698 CDS	contig00038	131711	129888	-2	-	1824
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1699 CDS	contig00038	132348	131842	-3	-	507
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1700 CDS	contig00038	133368	132463	-3	-	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1701 CDS	contig00038	133502	134542	2	+	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1702 CDS	contig00038	134545	136146	1	+	1602
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1703 CDS	contig00038	136219	136923	1	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1704 CDS	contig00038	137138	138343	2	+	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1705 CDS	contig00038	138344	139024	2	+	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1706 CDS	contig00038	140534	139092	-2	-	1443
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1707 CDS	contig00038	140841	141512	3	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1708 CDS	contig00038	141493	143946	1	+	2454
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1709 CDS	contig00038	143946	145067	3	+	1122
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1710 CDS	contig00038	145232	146380	2	+	1149
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1711 CDS	contig00038	146933	148135	2	+	1203
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1712 CDS	contig00038	149920	148238	-1	-	1683
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1713 CDS	contig00038	150330	150067	-3	-	264

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1714 CDS	contig00038	151299	150442	-3	-	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1715 CDS	contig00038	153263	151620	-2	-	1644
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1716 CDS	contig00038	153950	153438	-2	-	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1717 CDS	contig00038	154974	154087	-3	-	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1718 CDS	contig00038	156000	155077	-3	-	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1719 CDS	contig00038	156419	157003	2	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1720 CDS	contig00038	157643	157095	-2	-	549
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1721 CDS	contig00038	157917	159218	3	+	1302
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1722 CDS	contig00038	159416	160498	2	+	1083
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1723 CDS	contig00039	1236	559	-3	-	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1724 CDS	contig00039	2547	1276	-3	-	1272
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1725 CDS	contig00039	3088	2549	-1	-	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1726 CDS	contig00039	3536	3072	-2	-	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1727 CDS	contig00039	4309	3566	-1	-	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1728 CDS	contig00039	5180	4299	-2	-	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1729 CDS	contig00039	6103	5180	-1	-	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1730 CDS	contig00039	7386	6100	-3	-	1287
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1731 CDS	contig00039	8606	7389	-2	-	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1732 CDS	contig00039	9144	8608	-3	-	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1733 CDS	contig00039	10463	9141	-2	-	1323
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1734 CDS	contig00039	11259	10474	-3	-	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1735 CDS	contig00039	11471	11268	-2	-	204
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1736 CDS	contig00039	11924	11712	-2	-	213
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1737 CDS	contig00039	12593	12273	-2	-	321
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1738 CDS	contig00039	13530	12562	-3	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1739 CDS	contig00039	14590	13700	-1	-	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1740 CDS	contig00039	15132	15974	3	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1741 CDS	contig00039	16087	17529	1	+	1443
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1742 CDS	contig00039	17571	19109	3	+	1539
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1743 CDS	contig00039	20603	19179	-2	-	1425
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1744 CDS	contig00039	21277	20591	-1	-	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1745 CDS	contig00039	22996	21377	-1	-	1620
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1746 CDS	contig00039	24535	23135	-1	-	1401
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1747 CDS	contig00039	24697	25863	1	+	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1748 CDS	contig00039	25946	26893	2	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1749 CDS	contig00039	27314	28153	2	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1750 CDS	contig00039	28308	28910	3	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1751 CDS	contig00039	29111	28962	-2	-	150
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1752 CDS	contig00039	29413	29811	1	+	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1753 CDS	contig00039	31000	29864	-1	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1754 CDS	contig00039	31392	31871	3	+	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1755 CDS	contig00039	33077	31935	-2	-	1143
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1756 CDS	contig00039	33733	33113	-1	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1757 CDS	contig00039	34137	33733	-3	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1758 CDS	contig00039	34643	34134	-2	-	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1759 CDS	contig00039	35998	34643	-1	-	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1760 CDS	contig00039	36767	36000	-2	-	768
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1761 CDS	contig00039	38980	36878	-1	-	2103
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1762 CDS	contig00039	39348	40439	3	+	1092

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1763 CDS	contig00039	40452	42905	3	+	2454
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1764 CDS	contig00039	43651	43010	-1	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1765 CDS	contig00039	44434	43652	-1	-	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1766 CDS	contig00039	46065	44431	-3	-	1635
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1767 CDS	contig00039	46697	46155	-2	-	543
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1768 CDS	contig00039	47759	46707	-2	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1769 CDS	contig00039	49362	47974	-3	-	1389
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1770 CDS	contig00039	50033	49368	-2	-	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1771 CDS	contig00039	50228	50608	2	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1772 CDS	contig00039	50712	51392	3	+	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1773 CDS	contig00039	51397	51768	1	+	372
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1774 CDS	contig00039	51915	52736	3	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1775 CDS	contig00039	53227	52754	-1	-	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1776 CDS	contig00039	53561	53250	-2	-	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1777 CDS	contig00039	53711	54589	2	+	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1778 CDS	contig00039	54790	55314	1	+	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1779 CDS	contig00039	55467	56345	3	+	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1780 CDS	contig00039	58081	56456	-1	-	1626
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1781 CDS	contig00039	60167	58542	-2	-	1626
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1782 CDS	contig00039	61739	60489	-2	-	1251
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1783 CDS	contig00039	62428	61979	-1	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1784 CDS	contig00039	63361	62438	-1	-	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1785 CDS	contig00039	65719	63545	-1	-	2175
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1786 CDS	contig00039	67122	65824	-3	-	1299
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1787 CDS	contig00039	68911	67151	-1	-	1761
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1788 CDS	contig00039	69822	68911	-3	-	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1789 CDS	contig00039	71590	69815	-1	-	1776
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1790 CDS	contig00039	73742	71739	-2	-	2004
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1791 CDS	contig00039	74647	73754	-1	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1792 CDS	contig00039	75324	74686	-3	-	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1793 CDS	contig00039	75335	75448	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1794 CDS	contig00039	75588	76799	3	+	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1795 CDS	contig00039	77546	76809	-2	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1796 CDS	contig00039	79073	77625	-2	-	1449
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1797 CDS	contig00039	79376	80764	2	+	1389
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1798 CDS	contig00039	82057	80855	-1	-	1203
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1799 CDS	contig00039	83111	82308	-2	-	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1800 CDS	contig00039	83757	83149	-3	-	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1801 CDS	contig00039	85506	83995	-3	-	1512
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1802 CDS	contig00039	86383	85661	-1	-	723
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1803 CDS	contig00039	86680	86474	-1	-	207
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1804 CDS	contig00039	87057	87443	3	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1805 CDS	contig00039	87704	87510	-2	-	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1806 CDS	contig00039	88101	88322	3	+	222
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1807 CDS	contig00039	88853	88353	-2	-	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1808 CDS	contig00039	89167	90105	1	+	939
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1809 CDS	contig00039	91702	90221	-1	-	1482
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1810 CDS	contig00039	92229	94526	3	+	2298
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1811 CDS	contig00039	94884	96272	3	+	1389

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1812 CDS	contig00040	87	278	3	+	192
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1813 CDS	contig00040	371	826	2	+	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1814 CDS	contig00040	1032	3623	3	+	2592
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1815 CDS	contig00040	3616	4878	1	+	1263
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1816 CDS	contig00040	4916	8047	2	+	3132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1817 CDS	contig00040	8133	9542	3	+	1410
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1818 CDS	contig00040	10168	9593	-1	-	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1819 CDS	contig00040	10833	10168	-3	-	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1820 CDS	contig00040	11947	11462	-1	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1821 CDS	contig00040	12047	12484	2	+	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1822 CDS	contig00040	12471	12782	3	+	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1823 CDS	contig00040	13218	12862	-3	-	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1824 CDS	contig00040	15101	13434	-2	-	1668
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1825 CDS	contig00040	16109	15219	-2	-	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1826 CDS	contig00040	16281	16865	3	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1827 CDS	contig00040	17106	18053	3	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1828 CDS	contig00040	18274	20178	1	+	1905
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1829 CDS	contig00040	20613	21797	3	+	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1830 CDS	contig00040	22167	23228	3	+	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1831 CDS	contig00040	23491	23312	-1	-	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1832 CDS	contig00040	24958	23570	-1	-	1389
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1833 CDS	contig00040	26027	25113	-2	-	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1834 CDS	contig00040	26239	26931	1	+	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1835 CDS	contig00040	26957	28252	2	+	1296
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1836 CDS	contig00040	28276	29256	1	+	981
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1837 CDS	contig00040	29366	31573	2	+	2208
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1838 CDS	contig00040	31584	33119	3	+	1536
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1839 CDS	contig00040	33124	33942	1	+	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1840 CDS	contig00040	33982	34680	1	+	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1841 CDS	contig00040	34869	35429	3	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1842 CDS	contig00040	36171	35677	-3	-	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1843 CDS	contig00040	37567	36638	-1	-	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1844 CDS	contig00040	37891	38526	1	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1845 CDS	contig00040	38583	38945	3	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1846 CDS	contig00040	39745	39002	-1	-	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1847 CDS	contig00040	40635	40027	-3	-	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1848 CDS	contig00040	40781	41680	2	+	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1849 CDS	contig00040	41744	41926	2	+	183
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1850 CDS	contig00040	42255	43859	3	+	1605
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1851 CDS	contig00040	43874	45202	2	+	1329
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1852 CDS	contig00040	45725	45282	-2	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1853 CDS	contig00040	45958	47010	1	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1854 CDS	contig00040	47225	48352	2	+	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1855 CDS	contig00040	48439	48774	1	+	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1856 CDS	contig00040	48861	50684	3	+	1824
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1857 CDS	contig00040	50697	51647	3	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1858 CDS	contig00040	52097	51717	-2	-	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1859 CDS	contig00040	54858	52237	-3	-	2622
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1860 CDS	contig00040	55745	54918	-2	-	828

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1861 CDS	contig00040	56105	56833	2	+	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1862 CDS	contig00040	56966	57811	2	+	846
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1863 CDS	contig00040	57964	58695	1	+	732
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1864 CDS	contig00040	58731	59288	3	+	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1865 CDS	contig00040	59410	60183	1	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1866 CDS	contig00040	60187	61026	1	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1867 CDS	contig00040	61133	62335	2	+	1203
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1868 CDS	contig00040	62338	63696	1	+	1359
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1869 CDS	contig00040	63726	66155	3	+	2430
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1870 CDS	contig00040	66236	66745	2	+	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1871 CDS	contig00040	66754	67773	1	+	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1872 CDS	contig00040	67901	68353	2	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1873 CDS	contig00040	68356	69144	1	+	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1874 CDS	contig00040	69213	70364	3	+	1152
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1875 CDS	contig00040	70369	70992	1	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1876 CDS	contig00040	70992	74471	3	+	3480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1877 CDS	contig00040	74523	75482	3	+	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1878 CDS	contig00040	75553	76923	1	+	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1879 CDS	contig00040	76975	77286	1	+	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1880 CDS	contig00040	77429	77767	2	+	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1881 CDS	contig00040	77879	78751	2	+	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1882 CDS	contig00040	79424	78732	-2	-	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1883 CDS	contig00040	80971	79421	-1	-	1551
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1884 CDS	contig00040	81821	81063	-2	-	759
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1885 CDS	contig00040	81869	82612	2	+	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1886 CDS	contig00040	83067	82609	-3	-	459
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1887 CDS	contig00040	83180	83851	2	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1888 CDS	contig00040	83862	85124	3	+	1263
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1889 CDS	contig00040	85297	85473	1	+	177
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1890 CDS	contig00040	87989	85542	-2	-	2448
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1891 CDS	contig00040	88332	88913	3	+	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1892 CDS	contig00040	88986	89819	3	+	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1893 CDS	contig00040	90519	89878	-3	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1894 CDS	contig00040	91683	90643	-3	-	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1895 CDS	contig00040	91909	92535	1	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1896 CDS	contig00040	93902	92682	-2	-	1221
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1897 CDS	contig00040	94139	95314	2	+	1176
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1898 CDS	contig00040	95818	95390	-1	-	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1899 CDS	contig00040	96229	95879	-1	-	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1900 CDS	contig00040	97699	96245	-1	-	1455
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1901 CDS	contig00040	97900	98079	1	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1902 CDS	contig00040	98088	99152	3	+	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1903 CDS	contig00040	99783	99313	-3	-	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1904 CDS	contig00040	100409	99882	-2	-	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1905 CDS	contig00040	100681	101562	1	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1906 CDS	contig00040	101574	102626	3	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1907 CDS	contig00040	102864	102655	-3	-	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1908 CDS	contig00040	103535	102867	-2	-	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1909 CDS	contig00040	104727	103594	-3	-	1134



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1910 CDS	contig00040	105108	104761	-3	-	348
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1911 CDS	contig00040	105307	105591	1	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1912 CDS	contig00040	105758	106039	2	+	282
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1913 CDS	contig00040	106420	106160	-1	-	261
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1914 CDS	contig00040	107102	106491	-2	-	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1915 CDS	contig00040	108814	107123	-1	-	1692
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1916 CDS	contig00040	109002	109526	3	+	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1917 CDS	contig00040	109520	109804	2	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1918 CDS	contig00040	109801	112290	1	+	2490
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1919 CDS	contig00040	112366	112839	1	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1920 CDS	contig00040	112872	113447	3	+	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1921 CDS	contig00040	113457	113588	3	+	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1922 CDS	contig00040	114029	113670	-2	-	360
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1923 CDS	contig00040	114234	114683	3	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1924 CDS	contig00040	114700	115092	1	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1925 CDS	contig00040	115175	116080	2	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1926 CDS	contig00040	116728	116219	-1	-	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1927 CDS	contig00040	118528	116804	-1	-	1725
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1928 CDS	contig00040	118841	118584	-2	-	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1929 CDS	contig00040	120132	119164	-3	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1930 CDS	contig00040	121015	120263	-1	-	753
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1931 CDS	contig00040	121300	122283	1	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1932 CDS	contig00041	32	220	2	+	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1933 CDS	contig00041	646	365	-1	-	282
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1934 CDS	contig00041	1520	708	-2	-	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1935 CDS	contig00041	2380	1583	-1	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1936 CDS	contig00041	2510	4222	2	+	1713
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1937 CDS	contig00041	5235	4270	-3	-	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1938 CDS	contig00042	689	42	-2	-	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1939 CDS	contig00042	1170	679	-3	-	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1940 CDS	contig00042	1814	1179	-2	-	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1941 CDS	contig00042	2597	1824	-2	-	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1942 CDS	contig00042	3277	2600	-1	-	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1943 CDS	contig00042	4104	3307	-3	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1944 CDS	contig00042	4722	4267	-3	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1945 CDS	contig00042	5749	4949	-1	-	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1946 CDS	contig00042	7283	5742	-2	-	1542
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1947 CDS	contig00042	7927	7370	-1	-	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1948 CDS	contig00042	9394	7937	-1	-	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1949 CDS	contig00042	10157	9435	-2	-	723
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1950 CDS	contig00042	11548	10223	-1	-	1326
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1951 CDS	contig00042	12060	11560	-3	-	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1952 CDS	contig00042	13522	12062	-1	-	1461
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1953 CDS	contig00042	14134	13532	-1	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1954 CDS	contig00042	14384	16702	2	+	2319
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1955 CDS	contig00042	18665	16770	-2	-	1896
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1956 CDS	contig00042	18870	19169	3	+	300
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1957 CDS	contig00042	19169	19954	2	+	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1958 CDS	contig00042	21288	20092	-3	-	1197

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1959 CDS	contig00042	23261	21360	-2	-	1902
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1960 CDS	contig00042	23562	24419	3	+	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1961 CDS	contig00042	24501	25373	3	+	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1962 CDS	contig00042	27495	25462	-3	-	2034
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1963 CDS	contig00042	28796	27936	-2	-	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1964 CDS	contig00042	29072	32839	2	+	3768
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1965 CDS	contig00042	32836	33477	1	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1966 CDS	contig00042	33478	34719	1	+	1242
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1967 CDS	contig00042	34716	35576	3	+	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1968 CDS	contig00042	38599	35732	-1	-	2868
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1969 CDS	contig00042	39003	38623	-3	-	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1970 CDS	contig00042	39298	39927	1	+	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1971 CDS	contig00042	39993	41111	3	+	1119
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1972 CDS	contig00042	41546	42229	2	+	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1973 CDS	contig00042	43228	42332	-1	-	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1974 CDS	contig00042	43369	43647	1	+	279
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1975 CDS	contig00042	45028	43724	-1	-	1305
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1976 CDS	contig00042	45489	46532	3	+	1044
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1977 CDS	contig00042	46889	46692	-2	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1978 CDS	contig00042	47211	48524	3	+	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1979 CDS	contig00042	48614	49270	2	+	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1980 CDS	contig00042	53422	49331	-1	-	4092
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1981 CDS	contig00042	54315	53455	-3	-	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1982 CDS	contig00042	54565	55347	1	+	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1983 CDS	contig00042	55557	56504	3	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1984 CDS	contig00042	57005	56607	-2	-	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1985 CDS	contig00043	467	105	-2	-	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1986 CDS	contig00043	2341	869	-1	-	1473
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1987 CDS	contig00043	6888	2341	-3	-	4548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1988 CDS	contig00043	7454	8395	2	+	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1989 CDS	contig00043	8450	10816	2	+	2367
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1990 CDS	contig00043	10825	11271	1	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1991 CDS	contig00043	12068	11349	-2	-	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1992 CDS	contig00043	12517	12993	1	+	477
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1993 CDS	contig00043	13397	15856	2	+	2460
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1994 CDS	contig00043	15858	16814	3	+	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1995 CDS	contig00043	16811	18094	2	+	1284
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1996 CDS	contig00043	18662	18285	-2	-	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1997 CDS	contig00043	19025	19873	2	+	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1998 CDS	contig00043	19873	20547	1	+	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.1999 CDS	contig00043	20637	21164	3	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2000 CDS	contig00043	21392	21213	-2	-	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2001 CDS	contig00043	21823	21960	1	+	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2002 CDS	contig00043	22111	23544	1	+	1434
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2003 CDS	contig00043	23659	24438	1	+	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2004 CDS	contig00043	24682	25542	1	+	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2005 CDS	contig00043	25674	26366	3	+	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2006 CDS	contig00043	27656	26427	-2	-	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2007 CDS	contig00043	28507	27851	-1	-	657

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2008 CDS	contig00043	29229	28648	-3	-	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2009 CDS	contig00043	29769	29443	-3	-	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2010 CDS	contig00043	30023	30592	2	+	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2011 CDS	contig00043	30604	31791	1	+	1188
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2012 CDS	contig00043	31794	33002	3	+	1209
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2013 CDS	contig00043	33251	33048	-2	-	204
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2014 CDS	contig00043	34128	33658	-3	-	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2015 CDS	contig00043	35086	34130	-1	-	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2016 CDS	contig00043	35270	35530	2	+	261
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2017 CDS	contig00043	35610	35873	3	+	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2018 CDS	contig00043	37573	35921	-1	-	1653
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2019 CDS	contig00043	37853	38431	2	+	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2020 CDS	contig00043	38461	39078	1	+	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2021 CDS	contig00043	39079	40056	1	+	978
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2022 CDS	contig00043	40062	40547	3	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2023 CDS	contig00043	40637	42430	2	+	1794
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2024 CDS	contig00043	42553	43455	1	+	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2025 CDS	contig00043	43466	44137	2	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2026 CDS	contig00043	44137	45105	1	+	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2027 CDS	contig00043	45240	45956	3	+	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2028 CDS	contig00043	45953	46684	2	+	732
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2029 CDS	contig00043	46684	47064	1	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2030 CDS	contig00043	49917	47122	-3	-	2796
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2031 CDS	contig00043	50081	51397	2	+	1317
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2032 CDS	contig00043	51464	53701	2	+	2238
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2033 CDS	contig00043	53895	55028	3	+	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2034 CDS	contig00043	55122	55943	3	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2035 CDS	contig00043	56075	57715	2	+	1641
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2036 CDS	contig00043	57794	59092	2	+	1299
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2037 CDS	contig00043	59265	59549	3	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2038 CDS	contig00043	59553	60269	3	+	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2039 CDS	contig00043	60269	60745	2	+	477
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2040 CDS	contig00043	60757	61812	1	+	1056
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2041 CDS	contig00043	61832	62593	2	+	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2042 CDS	contig00043	62593	63219	1	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2043 CDS	contig00043	63233	64222	2	+	990
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2044 CDS	contig00043	64277	65242	2	+	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2045 CDS	contig00043	65945	65382	-2	-	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2046 CDS	contig00043	66333	67547	3	+	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2047 CDS	contig00043	68947	67619	-1	-	1329
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2048 CDS	contig00043	70151	69210	-2	-	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2049 CDS	contig00043	71919	70273	-3	-	1647
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2050 CDS	contig00043	72109	72522	1	+	414
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2051 CDS	contig00043	72533	72958	2	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2052 CDS	contig00043	73481	75106	2	+	1626
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2053 CDS	contig00043	76669	75200	-1	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2054 CDS	contig00043	77326	78660	1	+	1335
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2055 CDS	contig00043	78781	80919	1	+	2139
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2056 CDS	contig00043	80996	81865	2	+	870

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2057 CDS	contig00043	82183	83568	1	+	1386
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2058 CDS	contig00043	84688	83615	-1	-	1074
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2059 CDS	contig00043	85737	84688	-3	-	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2060 CDS	contig00043	86106	86732	3	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2061 CDS	contig00043	87712	86777	-1	-	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2062 CDS	contig00043	89539	87782	-1	-	1758
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2063 CDS	contig00043	91615	89648	-1	-	1968
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2064 CDS	contig00043	92328	91705	-3	-	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2065 CDS	contig00043	93556	92420	-1	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2066 CDS	contig00043	94470	93556	-3	-	915
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2067 CDS	contig00043	95768	94470	-2	-	1299
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2068 CDS	contig00043	97014	95881	-3	-	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2069 CDS	contig00043	99065	97437	-2	-	1629
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2070 CDS	contig00043	100296	99448	-3	-	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2071 CDS	contig00043	100508	101131	2	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2072 CDS	contig00043	101137	101841	1	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2073 CDS	contig00043	102166	102804	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2074 CDS	contig00044	19	516	1	+	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2075 CDS	contig00044	683	1837	2	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2076 CDS	contig00044	1973	2575	2	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2077 CDS	contig00044	2691	3494	3	+	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2078 CDS	contig00044	3630	4232	3	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2079 CDS	contig00044	4395	4817	3	+	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2080 CDS	contig00044	4957	5547	1	+	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2081 CDS	contig00044	5550	5888	3	+	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2082 CDS	contig00044	6103	6501	1	+	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2083 CDS	contig00044	6755	6567	-2	-	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2084 CDS	contig00044	6831	7217	3	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2085 CDS	contig00044	7210	7350	1	+	141
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2086 CDS	contig00044	7617	8009	3	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2087 CDS	contig00044	8233	8829	1	+	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2088 CDS	contig00044	8983	9447	1	+	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2089 CDS	contig00044	9582	10241	3	+	660
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2090 CDS	contig00044	10414	11400	1	+	987
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2091 CDS	contig00044	12371	12706	2	+	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2092 CDS	contig00044	12690	13151	3	+	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2093 CDS	contig00044	13306	13572	1	+	267
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2094 CDS	contig00044	14675	13950	-2	-	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2095 CDS	contig00045	641	504	-2	-	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2096 CDS	contig00045	680	1210	2	+	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2097 CDS	contig00045	1372	1722	1	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2098 CDS	contig00045	1776	2351	3	+	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2099 CDS	contig00045	2583	2834	3	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2100 CDS	contig00045	2840	3091	2	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2101 CDS	contig00046	471	782	3	+	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2102 CDS	contig00046	795	1424	3	+	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2103 CDS	contig00046	1442	2044	2	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2104 CDS	contig00046	2041	2343	1	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2105 CDS	contig00046	2359	3183	1	+	825

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2106 CDS	contig00046	3317	3481	2	+	165
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2107 CDS	contig00046	3492	3824	3	+	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2108 CDS	contig00046	3844	4542	1	+	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2109 CDS	contig00046	4554	4964	3	+	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2110 CDS	contig00046	4964	5155	2	+	192
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2111 CDS	contig00046	5155	5409	1	+	255
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2112 CDS	contig00046	5574	5945	3	+	372
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2113 CDS	contig00046	5959	6273	1	+	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2114 CDS	contig00046	6288	6827	3	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2115 CDS	contig00046	6845	7150	2	+	306
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2116 CDS	contig00046	7180	7572	1	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2117 CDS	contig00046	7585	8118	1	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2118 CDS	contig00046	8128	8481	1	+	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2119 CDS	contig00046	8496	8996	3	+	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2120 CDS	contig00046	9002	9181	2	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2121 CDS	contig00046	9187	9621	1	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2122 CDS	contig00046	9642	10973	3	+	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2123 CDS	contig00046	11004	11117	3	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2124 CDS	contig00046	11267	11623	2	+	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2125 CDS	contig00046	11645	12034	2	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2126 CDS	contig00046	12066	12686	3	+	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2127 CDS	contig00046	12710	13699	2	+	990
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2128 CDS	contig00046	13736	14116	2	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2129 CDS	contig00046	15214	14204	-1	-	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2130 CDS	contig00046	15435	16778	3	+	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2131 CDS	contig00046	16780	17397	1	+	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2132 CDS	contig00046	17612	18628	2	+	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2133 CDS	contig00046	18670	20274	1	+	1605
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2134 CDS	contig00046	20274	20978	3	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2135 CDS	contig00046	21172	24081	1	+	2910
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2136 CDS	contig00046	24144	24881	3	+	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2137 CDS	contig00046	25369	24932	-1	-	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2138 CDS	contig00046	28000	25421	-1	-	2580
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2139 CDS	contig00046	29268	28294	-3	-	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2140 CDS	contig00046	30068	29598	-2	-	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2141 CDS	contig00046	30342	31277	3	+	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2142 CDS	contig00046	32330	31359	-2	-	972
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2143 CDS	contig00046	32607	32918	3	+	312
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2144 CDS	contig00046	32936	33193	2	+	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2145 CDS	contig00046	33430	34602	1	+	1173
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2146 CDS	contig00046	34735	35505	1	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2147 CDS	contig00046	35498	35989	2	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2148 CDS	contig00046	36068	36577	2	+	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2149 CDS	contig00046	37660	36845	-1	-	816
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2150 CDS	contig00046	38551	37733	-1	-	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2151 CDS	contig00046	39537	38548	-3	-	990
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2152 CDS	contig00046	40843	39530	-1	-	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2153 CDS	contig00046	43268	40911	-2	-	2358
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2154 CDS	contig00046	43475	44326	2	+	852

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2155 CDS	contig00046	45172	44393	-1	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2156 CDS	contig00046	45937	45335	-1	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2157 CDS	contig00046	47365	45950	-1	-	1416
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2158 CDS	contig00046	48472	47381	-1	-	1092
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2159 CDS	contig00046	50101	48554	-1	-	1548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2160 CDS	contig00046	50585	51229	2	+	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2161 CDS	contig00046	51216	52535	3	+	1320
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2162 CDS	contig00046	52532	55636	2	+	3105
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2163 CDS	contig00046	56649	55648	-3	-	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2164 CDS	contig00046	56831	58228	2	+	1398
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2165 CDS	contig00046	58241	59323	2	+	1083
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2166 CDS	contig00046	59335	60540	1	+	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2167 CDS	contig00046	60755	62407	2	+	1653
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2168 CDS	contig00046	63183	62722	-3	-	462
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2169 CDS	contig00046	63660	63211	-3	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2170 CDS	contig00046	63840	64826	3	+	987
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2171 CDS	contig00046	64945	65646	1	+	702
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2172 CDS	contig00046	65818	66048	1	+	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2173 CDS	contig00046	66184	67998	1	+	1815
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2174 CDS	contig00046	67998	69728	3	+	1731
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2175 CDS	contig00046	69721	70482	1	+	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2176 CDS	contig00046	71034	70570	-3	-	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2177 CDS	contig00046	71778	71158	-3	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2178 CDS	contig00046	71918	72568	2	+	651
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2179 CDS	contig00046	73432	72581	-1	-	852
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2180 CDS	contig00046	73901	73449	-2	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2181 CDS	contig00046	74122	73967	-1	-	156
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2182 CDS	contig00046	74537	74142	-2	-	396
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2183 CDS	contig00046	76636	74654	-1	-	1983
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2184 CDS	contig00046	77046	77954	3	+	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2185 CDS	contig00046	77984	79420	2	+	1437
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2186 CDS	contig00046	79432	81159	1	+	1728
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2187 CDS	contig00046	81174	81788	3	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2188 CDS	contig00046	82169	81879	-2	-	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2189 CDS	contig00046	82777	82199	-1	-	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2190 CDS	contig00046	83570	83085	-2	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2191 CDS	contig00046	84841	83582	-1	-	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2192 CDS	contig00046	85524	84838	-3	-	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2193 CDS	contig00046	86214	85561	-3	-	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2194 CDS	contig00046	87171	86620	-3	-	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2195 CDS	contig00046	87379	87594	1	+	216
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2196 CDS	contig00046	88226	87648	-2	-	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2197 CDS	contig00046	88341	90062	3	+	1722
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2198 CDS	contig00046	90074	93859	2	+	3786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2199 CDS	contig00047	1189	290	-1	-	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2200 CDS	contig00047	1356	1685	3	+	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2201 CDS	contig00047	3336	1756	-3	-	1581
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2202 CDS	contig00047	4267	3383	-1	-	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2203 CDS	contig00047	5398	5171	-1	-	228

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2204 CDS	contig00047	5617	7311	1	+	1695
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2205 CDS	contig00047	7321	9054	1	+	1734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2206 CDS	contig00047	9548	9096	-2	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2207 CDS	contig00047	11677	9563	-1	-	2115
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2208 CDS	contig00047	12092	12409	2	+	318
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2209 CDS	contig00047	12458	13282	2	+	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2210 CDS	contig00047	13287	15398	3	+	2112
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2211 CDS	contig00047	15398	16105	2	+	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2212 CDS	contig00047	16108	17625	1	+	1518
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2213 CDS	contig00047	17648	19948	2	+	2301
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2214 CDS	contig00047	19982	21493	2	+	1512
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2215 CDS	contig00047	21477	22493	3	+	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2216 CDS	contig00047	22653	23927	3	+	1275
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2217 CDS	contig00047	23920	25083	1	+	1164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2218 CDS	contig00047	25080	26522	3	+	1443
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2219 CDS	contig00047	26963	27904	2	+	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2220 CDS	contig00047	28051	28806	1	+	756
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2221 CDS	contig00047	28796	29932	2	+	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2222 CDS	contig00047	29929	31428	1	+	1500
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2223 CDS	contig00047	31586	32674	2	+	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2224 CDS	contig00047	32671	33858	1	+	1188
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2225 CDS	contig00047	33873	34517	3	+	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2226 CDS	contig00047	34738	36630	1	+	1893
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2227 CDS	contig00047	36718	37266	1	+	549
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2228 CDS	contig00047	37307	37534	2	+	228
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2229 CDS	contig00047	38008	37637	-1	-	372
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2230 CDS	contig00047	40815	38356	-3	-	2460
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2231 CDS	contig00047	41494	40817	-1	-	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2232 CDS	contig00047	41653	42267	1	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2233 CDS	contig00047	42664	42326	-1	-	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2234 CDS	contig00047	42795	43655	3	+	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2235 CDS	contig00047	43810	45159	1	+	1350
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2236 CDS	contig00047	46148	45219	-2	-	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2237 CDS	contig00047	46293	47399	3	+	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2238 CDS	contig00047	47505	48026	3	+	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2239 CDS	contig00047	48535	48104	-1	-	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2240 CDS	contig00047	49464	48589	-3	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2241 CDS	contig00047	49595	49449	-2	-	147
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2242 CDS	contig00047	49708	50097	1	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2243 CDS	contig00047	52044	50182	-3	-	1863
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2244 CDS	contig00047	52137	52253	3	+	117
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2245 CDS	contig00047	53120	52407	-2	-	714
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2246 CDS	contig00047	53888	53478	-2	-	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2247 CDS	contig00047	55996	53978	-1	-	2019
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2248 CDS	contig00047	57902	56628	-2	-	1275
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2249 CDS	contig00047	58169	58642	2	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2250 CDS	contig00047	58797	59753	3	+	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2251 CDS	contig00047	60947	59925	-2	-	1023
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2252 CDS	contig00047	62031	61132	-3	-	900

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2253	CDS	contig00047	62160	62834	3	+	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2254	CDS	contig00047	62843	63913	2	+	1071
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2255	CDS	contig00047	64706	63969	-2	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2256	CDS	contig00047	65020	65877	1	+	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2257	CDS	contig00047	66553	65909	-1	-	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2258	CDS	contig00047	67763	66675	-2	-	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2259	CDS	contig00047	68737	67850	-1	-	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2260	CDS	contig00047	68954	70840	2	+	1887
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2261	CDS	contig00047	71040	70870	-3	-	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2262	CDS	contig00047	71174	72064	2	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2263	CDS	contig00047	72524	73576	2	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2264	CDS	contig00047	73586	74398	2	+	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2265	CDS	contig00047	74395	75282	1	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2266	CDS	contig00047	75269	76054	2	+	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2267	CDS	contig00047	76054	77073	1	+	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2268	CDS	contig00047	77076	77585	3	+	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2269	CDS	contig00048	262	957	1	+	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2270	CDS	contig00048	1024	1977	1	+	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2271	CDS	contig00048	2020	2631	1	+	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2272	CDS	contig00048	2816	4129	2	+	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2273	CDS	contig00048	7268	4170	-2	-	3099
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2274	CDS	contig00048	8390	7278	-2	-	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2275	CDS	contig00048	8864	8523	-2	-	342
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2276	CDS	contig00048	9092	10387	2	+	1296
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2277	CDS	contig00048	10898	11779	2	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2278	CDS	contig00048	11897	12916	2	+	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2279	CDS	contig00048	13082	16462	2	+	3381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2280	CDS	contig00048	17083	18756	1	+	1674
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2281	CDS	contig00048	18905	19891	2	+	987
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2282	CDS	contig00048	19894	20919	1	+	1026
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2283	CDS	contig00048	20921	21904	2	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2284	CDS	contig00048	21927	22922	3	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2285	CDS	contig00048	22971	24689	3	+	1719
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2286	CDS	contig00048	24692	25567	2	+	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2287	CDS	contig00048	25588	27492	1	+	1905
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2288	CDS	contig00048	27531	29936	3	+	2406
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2289	CDS	contig00048	30017	31429	2	+	1413
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2290	CDS	contig00048	32554	31520	-1	-	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2291	CDS	contig00048	34185	32554	-3	-	1632
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2292	CDS	contig00048	35266	34253	-1	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2293	CDS	contig00048	36664	35435	-1	-	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2294	CDS	contig00048	37020	36682	-3	-	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2295	CDS	contig00048	37551	37183	-3	-	369
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2296	CDS	contig00048	37693	38838	1	+	1146
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2297	CDS	contig00048	38966	40231	2	+	1266
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2298	CDS	contig00048	40244	41374	2	+	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2299	CDS	contig00048	44030	41442	-2	-	2589
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2300	CDS	contig00048	46516	44252	-1	-	2265
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2301	CDS	contig00049	782	1024	2	+	243



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2302 CDS	contig00049	1682	1089	-2	-	594
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2303 CDS	contig00049	2093	1827	-2	-	267
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2304 CDS	contig00049	2696	2094	-2	-	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2305 CDS	contig00049	2767	4005	1	+	1239
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2306 CDS	contig00049	4009	4677	1	+	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2307 CDS	contig00049	4670	5623	2	+	954
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2308 CDS	contig00049	5839	6699	1	+	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2309 CDS	contig00049	7180	7503	1	+	324
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2310 CDS	contig00049	7510	8352	1	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2311 CDS	contig00049	8841	8431	-3	-	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2312 CDS	contig00049	8964	9506	3	+	543
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2313 CDS	contig00049	9503	10366	2	+	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2314 CDS	contig00049	13024	10601	-1	-	2424
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2315 CDS	contig00049	13266	13892	3	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2316 CDS	contig00049	14018	14812	2	+	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2317 CDS	contig00049	14938	16269	1	+	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2318 CDS	contig00049	17670	16336	-3	-	1335
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2319 CDS	contig00049	17708	17905	2	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2320 CDS	contig00049	17986	18663	1	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2321 CDS	contig00049	18714	19088	3	+	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2322 CDS	contig00049	20248	19142	-1	-	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2323 CDS	contig00049	20667	22514	3	+	1848
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2324 CDS	contig00049	22562	23233	2	+	672
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2325 CDS	contig00049	23299	24087	1	+	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2326 CDS	contig00049	24532	24050	-1	-	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2327 CDS	contig00050	1406	24	-2	-	1383
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2328 CDS	contig00050	1665	2270	3	+	606
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2329 CDS	contig00050	2478	2275	-3	-	204
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2330 CDS	contig00050	3580	2714	-1	-	867
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2331 CDS	contig00050	3837	4172	3	+	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2332 CDS	contig00050	4720	4241	-1	-	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2333 CDS	contig00050	5079	6659	3	+	1581
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2334 CDS	contig00050	7532	6729	-2	-	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2335 CDS	contig00050	7624	8367	1	+	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2336 CDS	contig00050	8493	9404	3	+	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2337 CDS	contig00050	9869	9537	-2	-	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2338 CDS	contig00050	10158	10676	3	+	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2339 CDS	contig00050	10808	13123	2	+	2316
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2340 CDS	contig00050	13123	14394	1	+	1272
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2341 CDS	contig00050	14718	15215	3	+	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2342 CDS	contig00050	15616	16005	1	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2343 CDS	contig00050	17175	16096	-3	-	1080
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2344 CDS	contig00050	19174	17393	-1	-	1782
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2345 CDS	contig00050	19755	19171	-3	-	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2346 CDS	contig00050	20440	19733	-1	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2347 CDS	contig00050	21152	20454	-2	-	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2348 CDS	contig00050	21977	21156	-2	-	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2349 CDS	contig00050	22259	23686	2	+	1428
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2350 CDS	contig00050	23683	25725	1	+	2043

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2351 CDS	contig00050	27646	26282	-1	-	1365
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2352 CDS	contig00050	28321	27665	-1	-	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2353 CDS	contig00050	28743	28360	-3	-	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2354 CDS	contig00050	29085	30641	3	+	1557
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2355 CDS	contig00050	30750	31208	3	+	459
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2356 CDS	contig00050	31850	32338	2	+	489
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2357 CDS	contig00050	32577	33368	3	+	792
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2358 CDS	contig00050	35105	33414	-2	-	1692
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2359 CDS	contig00050	35291	35734	2	+	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2360 CDS	contig00050	35754	36536	3	+	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2361 CDS	contig00050	36560	37405	2	+	846
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2362 CDS	contig00050	37440	37646	3	+	207
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2363 CDS	contig00050	37647	38093	3	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2364 CDS	contig00050	38183	38656	2	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2365 CDS	contig00050	39297	38653	-3	-	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2366 CDS	contig00050	39469	41712	1	+	2244
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2367 CDS	contig00050	41857	42387	1	+	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2368 CDS	contig00050	42450	42800	3	+	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2369 CDS	contig00050	42941	44098	2	+	1158
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2370 CDS	contig00050	44100	46970	3	+	2871
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2371 CDS	contig00050	47860	46967	-1	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2372 CDS	contig00050	48007	48807	1	+	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2373 CDS	contig00050	48856	49596	1	+	741
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2374 CDS	contig00050	49596	50327	3	+	732
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2375 CDS	contig00050	50311	51267	1	+	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2376 CDS	contig00050	51348	52592	3	+	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2377 CDS	contig00050	52795	53472	1	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2378 CDS	contig00050	53482	54387	1	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2379 CDS	contig00050	54399	55037	3	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2380 CDS	contig00050	55402	57201	1	+	1800
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2381 CDS	contig00050	57441	58604	3	+	1164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2382 CDS	contig00050	58746	60839	3	+	2094
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2383 CDS	contig00050	61875	61042	-3	-	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2384 CDS	contig00050	62023	62481	1	+	459
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2385 CDS	contig00050	62462	62980	2	+	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2386 CDS	contig00050	63184	64860	1	+	1677
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2387 CDS	contig00050	64865	65467	2	+	603
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2388 CDS	contig00050	65552	65749	2	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2389 CDS	contig00050	65762	68617	2	+	2856
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2390 CDS	contig00050	68631	69239	3	+	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2391 CDS	contig00050	69256	70278	1	+	1023
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2392 CDS	contig00050	70691	71380	2	+	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2393 CDS	contig00050	71548	72036	1	+	489
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2394 CDS	contig00050	72186	72058	-3	-	129
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2395 CDS	contig00050	72165	72998	3	+	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2396 CDS	contig00050	73135	74367	1	+	1233
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2397 CDS	contig00050	74519	75106	2	+	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2398 CDS	contig00050	75329	75568	2	+	240
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2399 CDS	contig00050	75555	75869	3	+	315

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2400 CDS	contig00050	76015	76743	1	+	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2401 CDS	contig00050	77074	77316	1	+	243
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2402 CDS	contig00050	78008	78799	2	+	792
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2403 CDS	contig00050	78954	79610	3	+	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2404 CDS	contig00050	79842	79976	3	+	135
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2405 CDS	contig00050	80013	80465	3	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2406 CDS	contig00050	81069	80827	-3	-	243
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2407 CDS	contig00050	83398	81353	-1	-	2046
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2408 CDS	contig00050	83869	85593	1	+	1725
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2409 CDS	contig00050	85786	86817	1	+	1032
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2410 CDS	contig00050	86959	87294	1	+	336
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2411 CDS	contig00050	87326	87493	2	+	168
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2412 CDS	contig00050	87500	88039	2	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2413 CDS	contig00050	88080	88502	3	+	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2414 CDS	contig00050	88563	89030	3	+	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2415 CDS	contig00050	89030	89344	2	+	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2416 CDS	contig00050	90113	89352	-2	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2417 CDS	contig00050	90267	90536	3	+	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2418 CDS	contig00050	91044	90586	-3	-	459
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2419 CDS	contig00050	91237	91866	1	+	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2420 CDS	contig00050	91995	92522	3	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2421 CDS	contig00050	92669	93337	2	+	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2422 CDS	contig00050	93325	93957	1	+	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2423 CDS	contig00050	94806	94009	-3	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2424 CDS	contig00050	95877	94921	-3	-	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2425 CDS	contig00050	95958	97328	3	+	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2426 CDS	contig00050	97420	97965	1	+	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2427 CDS	contig00050	99250	98015	-1	-	1236
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2428 CDS	contig00051	645	2354	3	+	1710
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2429 CDS	contig00051	2433	3986	3	+	1554
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2430 CDS	contig00051	4176	5108	3	+	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2431 CDS	contig00051	5111	6052	2	+	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2432 CDS	contig00051	6291	7871	3	+	1581
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2433 CDS	contig00051	8677	7961	-1	-	717
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2434 CDS	contig00051	9064	8687	-1	-	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2435 CDS	contig00051	10566	9127	-3	-	1440
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2436 CDS	contig00051	10742	11638	2	+	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2437 CDS	contig00051	11622	11885	3	+	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2438 CDS	contig00051	13866	11944	-3	-	1923
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2439 CDS	contig00051	14805	14065	-3	-	741
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2440 CDS	contig00051	15921	14818	-3	-	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2441 CDS	contig00051	17041	15905	-1	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2442 CDS	contig00051	17749	17099	-1	-	651
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2443 CDS	contig00051	18544	17768	-1	-	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2444 CDS	contig00051	18897	18601	-3	-	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2445 CDS	contig00051	19266	18904	-3	-	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2446 CDS	contig00051	19615	19268	-1	-	348
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2447 CDS	contig00051	22086	19942	-3	-	2145
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2448 CDS	contig00051	22313	23176	2	+	864

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2449 CDS	contig00051	24814	23246	-1	-	1569
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2450 CDS	contig00051	25387	24821	-1	-	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2451 CDS	contig00051	26826	25399	-3	-	1428
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2452 CDS	contig00051	28142	26856	-2	-	1287
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2453 CDS	contig00051	28447	29034	1	+	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2454 CDS	contig00051	29170	29502	1	+	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2455 CDS	contig00051	29559	31655	3	+	2097
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2456 CDS	contig00051	31655	32158	2	+	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2457 CDS	contig00051	32183	32911	2	+	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2458 CDS	contig00051	34371	33016	-3	-	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2459 CDS	contig00051	35413	34574	-1	-	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2460 CDS	contig00051	35566	37608	1	+	2043
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2461 CDS	contig00051	38061	37747	-3	-	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2462 CDS	contig00051	38143	38262	1	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2463 CDS	contig00051	38325	39578	3	+	1254
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2464 CDS	contig00051	39704	40489	2	+	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2465 CDS	contig00051	40486	41190	1	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2466 CDS	contig00051	41183	42094	2	+	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2467 CDS	contig00051	43013	42216	-2	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2468 CDS	contig00051	44149	43181	-1	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2469 CDS	contig00051	44500	45615	1	+	1116
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2470 CDS	contig00051	47636	45678	-2	-	1959
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2471 CDS	contig00051	49439	47817	-2	-	1623
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2472 CDS	contig00051	50651	49776	-2	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2473 CDS	contig00051	51145	50744	-1	-	402
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2474 CDS	contig00051	51437	52333	2	+	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2475 CDS	contig00051	52366	54399	1	+	2034
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2476 CDS	contig00051	54399	55898	3	+	1500
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2477 CDS	contig00051	55899	57113	3	+	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2478 CDS	contig00051	57176	57628	2	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2479 CDS	contig00051	57651	58247	3	+	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2480 CDS	contig00051	58237	58614	1	+	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2481 CDS	contig00051	58601	59281	2	+	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2482 CDS	contig00051	59281	60315	1	+	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2483 CDS	contig00051	60308	61537	2	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2484 CDS	contig00051	61537	62028	1	+	492
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2485 CDS	contig00051	62025	62786	3	+	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2486 CDS	contig00051	62797	63348	1	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2487 CDS	contig00051	63354	64172	3	+	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2488 CDS	contig00051	64291	64875	1	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2489 CDS	contig00051	67037	64956	-2	-	2082
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2490 CDS	contig00051	67391	67059	-2	-	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2491 CDS	contig00051	67690	68055	1	+	366
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2492 CDS	contig00055	1155	10	-3	-	1146
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2493 CDS	contig00055	1571	2461	2	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2494 CDS	contig00055	2525	2821	2	+	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2495 CDS	contig00055	3203	2943	-2	-	261
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2496 CDS	contig00055	3525	4985	3	+	1461
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2497 CDS	contig00055	5076	6008	3	+	933

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2498 CDS	contig00055	6045	8903	3	+	2859
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2499 CDS	contig00055	8903	9418	2	+	516
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2500 CDS	contig00055	9490	9918	1	+	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2501 CDS	contig00055	9943	10887	1	+	945
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2502 CDS	contig00055	10960	11769	1	+	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2503 CDS	contig00055	12067	12183	1	+	117
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2504 CDS	contig00055	12364	13521	1	+	1158
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2505 CDS	contig00055	13539	16769	3	+	3231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2506 CDS	contig00055	18323	16917	-2	-	1407
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2507 CDS	contig00055	19434	18466	-3	-	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2508 CDS	contig00055	20022	20495	3	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2509 CDS	contig00055	20891	20595	-2	-	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2510 CDS	contig00055	21010	21639	1	+	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2511 CDS	contig00055	21725	23698	2	+	1974
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2512 CDS	contig00055	23767	24603	1	+	837
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2513 CDS	contig00055	24651	25988	3	+	1338
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2514 CDS	contig00055	26140	26472	1	+	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2515 CDS	contig00055	26877	27332	3	+	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2516 CDS	contig00055	27350	28837	2	+	1488
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2517 CDS	contig00055	28862	31540	2	+	2679
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2518 CDS	contig00055	31652	32059	2	+	408
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2519 CDS	contig00055	32059	33009	1	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2520 CDS	contig00055	33173	33442	2	+	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2521 CDS	contig00055	33781	35910	1	+	2130
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2522 CDS	contig00055	36031	37014	1	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2523 CDS	contig00055	37968	37090	-3	-	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2524 CDS	contig00055	38979	37978	-3	-	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2525 CDS	contig00055	41224	39197	-1	-	2028
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2526 CDS	contig00055	41414	41950	2	+	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2527 CDS	contig00055	41940	42443	3	+	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2528 CDS	contig00055	42966	42499	-3	-	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2529 CDS	contig00055	43176	43577	3	+	402
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2530 CDS	contig00055	43567	44013	1	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2531 CDS	contig00055	44110	45690	1	+	1581
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2532 CDS	contig00055	45836	45949	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2533 CDS	contig00055	45949	46725	1	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2534 CDS	contig00055	46924	48180	1	+	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2535 CDS	contig00055	48464	48634	2	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2536 CDS	contig00055	48911	49687	2	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2537 CDS	contig00055	49803	51134	3	+	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2538 CDS	contig00055	51145	52365	1	+	1221
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2539 CDS	contig00055	52489	53151	1	+	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2540 CDS	contig00055	53811	53215	-3	-	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2541 CDS	contig00055	53947	54915	1	+	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2542 CDS	contig00055	57334	54989	-1	-	2346
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2543 CDS	contig00055	57456	58838	3	+	1383
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2544 CDS	contig00055	59034	61121	3	+	2088
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2545 CDS	contig00055	61417	61187	-1	-	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2546 CDS	contig00055	62800	61523	-1	-	1278

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2547 CDS	contig00055	64053	62812	-3	-	1242
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2548 CDS	contig00055	66170	64494	-2	-	1677
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2549 CDS	contig00055	68943	66379	-3	-	2565
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2550 CDS	contig00055	69051	69548	3	+	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2551 CDS	contig00055	69689	70735	2	+	1047
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2552 CDS	contig00055	70978	73557	1	+	2580
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2553 CDS	contig00055	73570	74739	1	+	1170
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2554 CDS	contig00055	74821	75018	1	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2555 CDS	contig00056	250	1350	1	+	1101
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2556 CDS	contig00056	2775	1387	-3	-	1389
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2557 CDS	contig00056	3049	3609	1	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2558 CDS	contig00056	3842	3705	-2	-	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2559 CDS	contig00056	4080	3907	-3	-	174
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2560 CDS	contig00056	5130	4342	-3	-	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2561 CDS	contig00056	5673	6053	3	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2562 CDS	contig00056	6188	7417	2	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2563 CDS	contig00056	11663	7500	-2	-	4164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2564 CDS	contig00056	11959	13611	1	+	1653
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2565 CDS	contig00056	13608	14975	3	+	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2566 CDS	contig00056	14972	16228	2	+	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2567 CDS	contig00056	16506	17147	3	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2568 CDS	contig00056	19672	17711	-1	-	1962
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2569 CDS	contig00056	20201	21901	2	+	1701
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2570 CDS	contig00056	23011	21923	-1	-	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2571 CDS	contig00056	23295	23098	-3	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2572 CDS	contig00056	23521	24219	1	+	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2573 CDS	contig00056	24514	24386	-1	-	129
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2574 CDS	contig00056	26216	24669	-2	-	1548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2575 CDS	contig00056	27161	26394	-2	-	768
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2576 CDS	contig00056	28864	27350	-1	-	1515
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2577 CDS	contig00056	29779	28928	-1	-	852
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2578 CDS	contig00056	30166	30561	1	+	396
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2579 CDS	contig00056	30580	32790	1	+	2211
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2580 CDS	contig00056	33191	32793	-2	-	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2581 CDS	contig00057	352	705	1	+	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2582 CDS	contig00057	939	2246	3	+	1308
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2583 CDS	contig00057	2281	5679	1	+	3399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2584 CDS	contig00057	5715	6164	3	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2585 CDS	contig00057	7234	6236	-1	-	999
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2586 CDS	contig00057	8979	7231	-3	-	1749
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2587 CDS	contig00057	9402	8992	-3	-	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2588 CDS	contig00057	10940	9462	-2	-	1479
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2589 CDS	contig00057	11458	10949	-1	-	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2590 CDS	contig00057	13076	11517	-2	-	1560
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2591 CDS	contig00057	14976	13078	-3	-	1899
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2592 CDS	contig00057	16157	15216	-2	-	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2593 CDS	contig00057	16549	16157	-1	-	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2594 CDS	contig00057	16823	16530	-2	-	294
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2595 CDS	contig00057	17131	16883	-1	-	249

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2596 CDS	contig00057	18437	17112	-2	-	1326
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2597 CDS	contig00057	18940	18446	-1	-	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2598 CDS	contig00057	21005	18927	-2	-	2079
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2599 CDS	contig00057	21593	21075	-2	-	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2600 CDS	contig00057	22058	24724	2	+	2667
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2601 CDS	contig00057	24711	26315	3	+	1605
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2602 CDS	contig00057	26316	26816	3	+	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2603 CDS	contig00057	31645	26894	-1	-	4752
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2604 CDS	contig00057	32852	31635	-2	-	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2605 CDS	contig00057	34510	32954	-1	-	1557
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2606 CDS	contig00057	35311	34859	-1	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2607 CDS	contig00057	36673	35459	-1	-	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2608 CDS	contig00057	37223	37104	-2	-	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2609 CDS	contig00057	37374	41150	3	+	3777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2610 CDS	contig00057	41224	42318	1	+	1095
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2611 CDS	contig00057	42305	44698	2	+	2394
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2612 CDS	contig00057	44691	45791	3	+	1101
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2613 CDS	contig00057	45791	47449	2	+	1659
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2614 CDS	contig00057	47450	47734	2	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2615 CDS	contig00057	48072	47932	-3	-	141
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2616 CDS	contig00057	48628	48389	-1	-	240
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2617 CDS	contig00057	49269	48682	-3	-	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2618 CDS	contig00057	49959	49279	-3	-	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2619 CDS	contig00057	50681	49989	-2	-	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2620 CDS	contig00057	51707	51081	-2	-	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2621 CDS	contig00057	52461	51778	-3	-	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2622 CDS	contig00057	52859	52461	-2	-	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2623 CDS	contig00057	53064	52924	-3	-	141
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2624 CDS	contig00057	54092	53148	-2	-	945
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2625 CDS	contig00057	54902	54093	-2	-	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2626 CDS	contig00057	55328	54912	-2	-	417
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2627 CDS	contig00057	55615	60396	1	+	4782
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2628 CDS	contig00057	60407	62629	2	+	2223
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2629 CDS	contig00057	63950	62859	-2	-	1092
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2630 CDS	contig00057	64518	63955	-3	-	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2631 CDS	contig00057	65520	68879	3	+	3360
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2632 CDS	contig00057	74120	69387	-2	-	4734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2633 CDS	contig00057	75334	74117	-1	-	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2634 CDS	contig00057	77066	75342	-2	-	1725
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2635 CDS	contig00057	78858	77317	-3	-	1542
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2636 CDS	contig00057	79369	79662	1	+	294
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2637 CDS	contig00057	80570	79713	-2	-	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2638 CDS	contig00057	80684	81724	2	+	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2639 CDS	contig00057	82776	81799	-3	-	978
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2640 CDS	contig00057	83151	82807	-3	-	345
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2641 CDS	contig00057	83503	83231	-1	-	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2642 CDS	contig00057	84728	83550	-2	-	1179
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2643 CDS	contig00057	85700	84813	-2	-	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2644 CDS	contig00057	85845	87476	3	+	1632

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2645 CDS	contig00057	88349	87546	-2	-	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2646 CDS	contig00057	89398	88346	-1	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2647 CDS	contig00057	90654	89398	-3	-	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2648 CDS	contig00057	91454	90657	-2	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2649 CDS	contig00057	92715	91447	-3	-	1269
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2650 CDS	contig00057	93386	92703	-2	-	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2651 CDS	contig00057	94037	93396	-2	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2652 CDS	contig00057	94223	94717	2	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2653 CDS	contig00057	95063	94794	-2	-	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2654 CDS	contig00057	96251	95247	-2	-	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2655 CDS	contig00057	97399	96374	-1	-	1026
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2656 CDS	contig00057	98479	97412	-1	-	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2657 CDS	contig00057	98594	99481	2	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2658 CDS	contig00057	100492	99812	-1	-	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2659 CDS	contig00057	101306	100485	-2	-	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2660 CDS	contig00057	102464	101313	-2	-	1152
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2661 CDS	contig00057	103500	102448	-3	-	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2662 CDS	contig00057	103629	103901	3	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2663 CDS	contig00057	103867	104910	1	+	1044
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2664 CDS	contig00057	105195	104986	-3	-	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2665 CDS	contig00057	105896	105339	-2	-	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2666 CDS	contig00057	107455	105908	-1	-	1548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2667 CDS	contig00057	107590	108534	1	+	945
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2668 CDS	contig00057	108569	109963	2	+	1395
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2669 CDS	contig00057	110014	111867	1	+	1854
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2670 CDS	contig00057	112030	111893	-1	-	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2671 CDS	contig00057	112223	113170	2	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2672 CDS	contig00057	113759	113241	-2	-	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2673 CDS	contig00057	114244	113759	-1	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2674 CDS	contig00057	114779	114210	-2	-	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2675 CDS	contig00057	116122	114866	-1	-	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2676 CDS	contig00057	116883	116131	-3	-	753
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2677 CDS	contig00057	118139	116880	-2	-	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2678 CDS	contig00057	118876	118136	-1	-	741
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2679 CDS	contig00057	119313	118873	-3	-	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2680 CDS	contig00057	120099	119416	-3	-	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2681 CDS	contig00057	120703	120092	-1	-	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2682 CDS	contig00057	120925	121251	1	+	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2683 CDS	contig00057	122450	121218	-2	-	1233
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2684 CDS	contig00057	123090	122434	-3	-	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2685 CDS	contig00057	124522	123320	-1	-	1203
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2686 CDS	contig00057	124601	125473	2	+	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2687 CDS	contig00057	125637	126188	3	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2688 CDS	contig00057	126400	126221	-1	-	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2689 CDS	contig00057	126544	127290	1	+	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2690 CDS	contig00057	128484	127348	-3	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2691 CDS	contig00057	129137	128517	-2	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2692 CDS	contig00057	129541	129137	-1	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2693 CDS	contig00057	130071	129538	-3	-	534



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2694 CDS	contig00057	131423	130071	-2	-	1353
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2695 CDS	contig00057	132186	131425	-3	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2696 CDS	contig00057	133990	132380	-1	-	1611
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2697 CDS	contig00057	135854	134283	-2	-	1572
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2698 CDS	contig00057	136758	135976	-3	-	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2699 CDS	contig00057	136899	137975	3	+	1077
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2700 CDS	contig00057	138446	138042	-2	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2701 CDS	contig00057	139161	138676	-3	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2702 CDS	contig00057	139986	139381	-3	-	606
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2703 CDS	contig00057	140076	140984	3	+	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2704 CDS	contig00057	142434	141238	-3	-	1197
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2705 CDS	contig00057	142741	143736	1	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2706 CDS	contig00057	143736	144698	3	+	963
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2707 CDS	contig00057	145803	144913	-3	-	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2708 CDS	contig00057	147416	145872	-2	-	1545
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2709 CDS	contig00057	148751	147567	-2	-	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2710 CDS	contig00057	149160	150269	3	+	1110
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2711 CDS	contig00057	150382	152337	1	+	1956
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2712 CDS	contig00057	153629	152697	-2	-	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2713 CDS	contig00057	153831	155072	3	+	1242
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2714 CDS	contig00057	155806	155144	-1	-	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2715 CDS	contig00057	157397	155934	-2	-	1464
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2716 CDS	contig00057	158604	157387	-3	-	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2717 CDS	contig00057	158898	159551	3	+	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2718 CDS	contig00057	161835	159649	-3	-	2187
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2719 CDS	contig00057	164030	161850	-2	-	2181
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2720 CDS	contig00057	166536	164083	-3	-	2454
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2721 CDS	contig00057	166932	169637	3	+	2706
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2722 CDS	contig00057	169729	170655	1	+	927
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2723 CDS	contig00057	171583	170735	-1	-	849
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2724 CDS	contig00057	171937	171752	-1	-	186
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2725 CDS	contig00057	172557	171988	-3	-	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2726 CDS	contig00057	172675	173115	1	+	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2727 CDS	contig00057	173112	173672	3	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2728 CDS	contig00057	173698	174144	1	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2729 CDS	contig00057	174246	175142	3	+	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2730 CDS	contig00057	175761	175216	-3	-	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2731 CDS	contig00057	176582	175872	-2	-	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2732 CDS	contig00057	176976	176719	-3	-	258
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2733 CDS	contig00057	177873	177079	-3	-	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2734 CDS	contig00057	178646	177885	-2	-	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2735 CDS	contig00057	179605	178655	-1	-	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2736 CDS	contig00057	180533	179598	-2	-	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2737 CDS	contig00057	181491	180607	-3	-	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2738 CDS	contig00057	182587	182225	-1	-	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2739 CDS	contig00057	184269	182773	-3	-	1497
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2740 CDS	contig00057	185086	184379	-1	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2741 CDS	contig00057	188250	185101	-3	-	3150
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2742 CDS	contig00057	189216	188437	-3	-	780

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2743 CDS	contig00057	189680	191527	2	+	1848
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2744 CDS	contig00057	191694	192482	3	+	789
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2745 CDS	contig00057	192518	193570	2	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2746 CDS	contig00057	196710	193657	-3	-	3054
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2747 CDS	contig00057	197033	197938	2	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2748 CDS	contig00057	198936	198010	-3	-	927
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2749 CDS	contig00057	200828	198936	-2	-	1893
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2750 CDS	contig00057	201129	202388	3	+	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2751 CDS	contig00057	202999	202469	-1	-	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2752 CDS	contig00057	203203	203084	-1	-	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2753 CDS	contig00057	203235	204386	3	+	1152
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2754 CDS	contig00057	205250	204444	-2	-	807
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2755 CDS	contig00057	205470	206660	3	+	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2756 CDS	contig00057	208117	206783	-1	-	1335
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2757 CDS	contig00057	208441	209628	1	+	1188
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2758 CDS	contig00057	210598	209738	-1	-	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2759 CDS	contig00057	210753	211604	3	+	852
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2760 CDS	contig00057	212385	211591	-3	-	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2761 CDS	contig00057	212572	213726	1	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2762 CDS	contig00057	213763	214887	1	+	1125
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2763 CDS	contig00057	215571	214945	-3	-	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2764 CDS	contig00057	216584	215583	-2	-	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2765 CDS	contig00057	217796	217137	-2	-	660
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2766 CDS	contig00057	218227	217868	-1	-	360
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2767 CDS	contig00057	218433	218774	3	+	342
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2768 CDS	contig00057	218864	219904	2	+	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2769 CDS	contig00057	221852	219978	-2	-	1875
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2770 CDS	contig00057	222096	221932	-3	-	165
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2771 CDS	contig00057	222359	222841	2	+	483
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2772 CDS	contig00057	223034	223153	2	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2773 CDS	contig00057	223390	224925	1	+	1536
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2774 CDS	contig00057	225167	226828	2	+	1662
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2775 CDS	contig00057	226923	227954	3	+	1032
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2776 CDS	contig00057	231800	228063	-2	-	3738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2777 CDS	contig00057	232969	231791	-1	-	1179
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2778 CDS	contig00057	235215	232969	-3	-	2247
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2779 CDS	contig00057	237880	235253	-1	-	2628
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2780 CDS	contig00057	238654	237884	-1	-	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2781 CDS	contig00057	239145	240689	3	+	1545
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2782 CDS	contig00057	240694	240897	1	+	204
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2783 CDS	contig00057	240897	242525	3	+	1629
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2784 CDS	contig00057	243071	242601	-2	-	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2785 CDS	contig00057	243185	244195	2	+	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2786 CDS	contig00057	244305	246545	3	+	2241
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2787 CDS	contig00057	246966	248792	3	+	1827
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2788 CDS	contig00057	248974	249336	1	+	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2789 CDS	contig00057	249329	250552	2	+	1224
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2790 CDS	contig00057	251466	250603	-3	-	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2791 CDS	contig00057	251651	252412	2	+	762

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2792 CDS	contig00057	252463	253983	1	+	1521
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2793 CDS	contig00057	254049	255344	3	+	1296
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2794 CDS	contig00057	255374	256357	2	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2795 CDS	contig00057	256365	257327	3	+	963
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2796 CDS	contig00057	257330	257860	2	+	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2797 CDS	contig00057	257853	258905	3	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2798 CDS	contig00057	258898	260673	1	+	1776
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2799 CDS	contig00057	260673	261917	3	+	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2800 CDS	contig00057	262140	263294	3	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2801 CDS	contig00057	263316	263729	3	+	414
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2802 CDS	contig00057	263831	266428	2	+	2598
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2803 CDS	contig00057	266526	267281	3	+	756
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2804 CDS	contig00057	268142	267342	-2	-	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2805 CDS	contig00057	268713	269480	3	+	768
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2806 CDS	contig00057	269480	270352	2	+	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2807 CDS	contig00057	271699	270404	-1	-	1296
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2808 CDS	contig00057	272442	271870	-3	-	573
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2809 CDS	contig00057	273653	272550	-2	-	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2810 CDS	contig00057	273919	273644	-1	-	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2811 CDS	contig00057	274124	274567	2	+	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2812 CDS	contig00057	275319	274663	-3	-	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2813 CDS	contig00057	276459	275329	-3	-	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2814 CDS	contig00057	277449	276538	-3	-	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2815 CDS	contig00057	278596	277529	-1	-	1068
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2816 CDS	contig00057	279542	278619	-2	-	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2817 CDS	contig00057	280997	279558	-2	-	1440
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2818 CDS	contig00057	281607	281035	-3	-	573
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2819 CDS	contig00057	281823	282416	3	+	594
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2820 CDS	contig00057	283424	282624	-2	-	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2821 CDS	contig00057	283800	283606	-3	-	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2822 CDS	contig00057	284107	284844	1	+	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2823 CDS	contig00057	284844	285311	3	+	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2824 CDS	contig00057	285321	286445	3	+	1125
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2825 CDS	contig00057	287335	286550	-1	-	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2826 CDS	contig00057	287877	287359	-3	-	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2827 CDS	contig00057	288470	288015	-2	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2828 CDS	contig00057	288705	289094	3	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2829 CDS	contig00057	289091	289972	2	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2830 CDS	contig00057	289988	290818	2	+	831
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2831 CDS	contig00057	291527	290874	-2	-	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2832 CDS	contig00057	292295	291681	-2	-	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2833 CDS	contig00057	292394	292897	2	+	504
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2834 CDS	contig00057	294706	292973	-1	-	1734
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2835 CDS	contig00057	295717	294737	-1	-	981
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2836 CDS	contig00057	296854	295721	-1	-	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2837 CDS	contig00057	297140	298117	2	+	978
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2838 CDS	contig00057	298599	298162	-3	-	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2839 CDS	contig00057	299213	298794	-2	-	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2840 CDS	contig00057	301210	299408	-1	-	1803

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2841 CDS	contig00057	302007	301207	-3	-	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2842 CDS	contig00057	304048	302012	-1	-	2037
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2843 CDS	contig00057	304709	304191	-2	-	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2844 CDS	contig00057	305598	304948	-3	-	651
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2845 CDS	contig00057	305686	306507	1	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2846 CDS	contig00057	306937	306599	-1	-	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2847 CDS	contig00057	308988	307321	-3	-	1668
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2848 CDS	contig00057	309446	310402	2	+	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2849 CDS	contig00057	311013	311576	3	+	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2850 CDS	contig00057	313804	311627	-1	-	2178
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2851 CDS	contig00057	315120	313804	-3	-	1317
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2852 CDS	contig00057	315478	315248	-1	-	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2853 CDS	contig00057	316324	317253	1	+	930
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2854 CDS	contig00057	317336	317470	2	+	135
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2855 CDS	contig00057	317602	318048	1	+	447
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2856 CDS	contig00057	318849	318664	-3	-	186
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2857 CDS	contig00057	320582	318900	-2	-	1683
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2858 CDS	contig00057	322108	321125	-1	-	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2859 CDS	contig00057	322893	322150	-3	-	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2860 CDS	contig00057	325244	323274	-2	-	1971
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2861 CDS	contig00057	326404	325241	-1	-	1164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2862 CDS	contig00057	326662	328188	1	+	1527
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2863 CDS	contig00057	328197	329108	3	+	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2864 CDS	contig00057	330184	329252	-1	-	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2865 CDS	contig00057	330495	331052	3	+	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2866 CDS	contig00057	332981	331116	-2	-	1866
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2867 CDS	contig00057	333291	334661	3	+	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2868 CDS	contig00057	334893	336113	3	+	1221
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2869 CDS	contig00057	336136	336855	1	+	720
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2870 CDS	contig00057	336913	338259	1	+	1347
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2871 CDS	contig00057	338397	339035	3	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2872 CDS	contig00057	339827	339048	-2	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2873 CDS	contig00057	340864	339824	-1	-	1041
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2874 CDS	contig00057	341781	340864	-3	-	918
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2875 CDS	contig00057	342020	342556	2	+	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2876 CDS	contig00057	342790	343875	1	+	1086
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2877 CDS	contig00057	343950	344381	3	+	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2878 CDS	contig00057	345610	344417	-1	-	1194
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2879 CDS	contig00057	345712	346581	1	+	870
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2880 CDS	contig00057	346784	347428	2	+	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2881 CDS	contig00057	347702	348085	2	+	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2882 CDS	contig00057	348396	348124	-3	-	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2883 CDS	contig00057	349268	348417	-2	-	852
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2884 CDS	contig00057	349832	349284	-2	-	549
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2885 CDS	contig00057	349968	350387	3	+	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2886 CDS	contig00060	693	196	-3	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2887 CDS	contig00060	3006	823	-3	-	2184
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2888 CDS	contig00060	3199	5262	1	+	2064
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2889 CDS	contig00060	5769	5314	-3	-	456

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2890 CDS	contig00060	6863	5862	-2	-	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2891 CDS	contig00060	6937	9813	1	+	2877
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2892 CDS	contig00060	9946	11595	1	+	1650
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2893 CDS	contig00060	12203	11643	-2	-	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2894 CDS	contig00060	12857	12228	-2	-	630
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2895 CDS	contig00060	13483	13079	-1	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2896 CDS	contig00060	14118	13597	-3	-	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2897 CDS	contig00060	15006	14242	-3	-	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2898 CDS	contig00060	15899	15009	-2	-	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2899 CDS	contig00060	16575	15952	-3	-	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2900 CDS	contig00060	16881	17084	3	+	204
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2901 CDS	contig00060	17120	17659	2	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2902 CDS	contig00060	17670	17945	3	+	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2903 CDS	contig00060	17942	18079	2	+	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2904 CDS	contig00060	18082	18312	1	+	231
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2905 CDS	contig00060	18309	18506	3	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2906 CDS	contig00060	18503	20605	2	+	2103
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2907 CDS	contig00060	20623	20859	1	+	237
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2908 CDS	contig00060	21119	22315	2	+	1197
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2909 CDS	contig00060	22561	23253	1	+	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2910 CDS	contig00060	23246	23755	2	+	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2911 CDS	contig00060	23759	23956	2	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2912 CDS	contig00060	23953	24339	1	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2913 CDS	contig00060	24336	25388	3	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2914 CDS	contig00060	25370	25834	2	+	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2915 CDS	contig00060	25834	26958	1	+	1125
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2916 CDS	contig00060	26958	27653	3	+	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2917 CDS	contig00060	27784	28017	1	+	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2918 CDS	contig00060	28019	28408	2	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2919 CDS	contig00060	28412	28756	2	+	345
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2920 CDS	contig00060	28895	30583	2	+	1689
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2921 CDS	contig00060	30555	31010	3	+	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2922 CDS	contig00060	31992	31051	-3	-	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2923 CDS	contig00060	33797	32034	-2	-	1764
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2924 CDS	contig00060	33931	34743	1	+	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2925 CDS	contig00060	34802	35854	2	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2926 CDS	contig00060	35957	36406	2	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2927 CDS	contig00060	36406	36879	1	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2928 CDS	contig00060	36870	37391	3	+	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2929 CDS	contig00060	37392	37562	3	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2930 CDS	contig00060	37559	38692	2	+	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2931 CDS	contig00060	38714	39079	2	+	366
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2932 CDS	contig00060	39095	39799	2	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2933 CDS	contig00060	39831	40064	3	+	234
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2934 CDS	contig00060	40236	42122	3	+	1887
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2935 CDS	contig00060	42254	44794	2	+	2541
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2936 CDS	contig00060	44805	46652	3	+	1848
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2937 CDS	contig00060	47192	46788	-2	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2938 CDS	contig00060	47644	48471	1	+	828

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2939 CDS	contig00060	49345	48596	-1	-	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2940 CDS	contig00060	50144	49410	-2	-	735
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2941 CDS	contig00060	51197	50271	-2	-	927
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2942 CDS	contig00060	52094	51273	-2	-	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2943 CDS	contig00060	53101	52352	-1	-	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2944 CDS	contig00060	54356	53112	-2	-	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2945 CDS	contig00060	54511	55164	1	+	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2946 CDS	contig00060	56587	55256	-1	-	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2947 CDS	contig00060	57070	58440	1	+	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2948 CDS	contig00060	58900	58502	-1	-	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2949 CDS	contig00060	60115	58913	-1	-	1203
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2950 CDS	contig00060	60954	60229	-3	-	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2951 CDS	contig00060	61512	61015	-3	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2952 CDS	contig00060	61664	63046	2	+	1383
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2953 CDS	contig00060	63128	63706	2	+	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2954 CDS	contig00060	66330	63793	-3	-	2538
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2955 CDS	contig00060	66946	68610	1	+	1665
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2956 CDS	contig00060	68716	69636	1	+	921
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2957 CDS	contig00060	69651	70553	3	+	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2958 CDS	contig00060	70604	71569	2	+	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2959 CDS	contig00060	71569	72564	1	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2960 CDS	contig00060	73817	72669	-2	-	1149
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2961 CDS	contig00060	74619	73882	-3	-	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2962 CDS	contig00060	77055	74779	-3	-	2277
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2963 CDS	contig00060	78850	77342	-1	-	1509
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2964 CDS	contig00060	79465	80235	1	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2965 CDS	contig00060	80309	81085	2	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2966 CDS	contig00060	81212	81952	2	+	741
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2967 CDS	contig00060	81955	82632	1	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2968 CDS	contig00060	82781	82903	2	+	123
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2969 CDS	contig00060	82866	82991	3	+	126
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2970 CDS	contig00060	83614	82964	-1	-	651
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2971 CDS	contig00060	84495	83689	-3	-	807
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2972 CDS	contig00060	84780	84592	-3	-	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2973 CDS	contig00061	1046	573	-2	-	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2974 CDS	contig00061	1150	1446	1	+	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2975 CDS	contig00061	1472	1651	2	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2976 CDS	contig00061	1674	2231	3	+	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2977 CDS	contig00061	2228	3487	2	+	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2978 CDS	contig00061	3477	3905	3	+	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2979 CDS	contig00061	5093	3942	-2	-	1152
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2980 CDS	contig00061	5203	6135	1	+	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2981 CDS	contig00061	6342	6154	-3	-	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2982 CDS	contig00061	7490	6459	-2	-	1032
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2983 CDS	contig00061	7998	7708	-3	-	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2984 CDS	contig00061	8190	8825	3	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2985 CDS	contig00061	9732	8854	-3	-	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2986 CDS	contig00061	9868	10857	1	+	990
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2987 CDS	contig00061	10939	14322	1	+	3384

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2988 CDS	contig00061	14614	18240	1	+	3627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2989 CDS	contig00061	18233	20251	2	+	2019
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2990 CDS	contig00061	20462	20815	2	+	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2991 CDS	contig00061	22264	20924	-1	-	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2992 CDS	contig00061	22417	22800	1	+	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2993 CDS	contig00061	22991	24091	2	+	1101
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2994 CDS	contig00061	24185	24994	2	+	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2995 CDS	contig00061	25501	25076	-1	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2996 CDS	contig00061	26905	25688	-1	-	1218
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2997 CDS	contig00061	27275	28183	2	+	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2998 CDS	contig00061	28173	28562	3	+	390
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.2999 CDS	contig00061	28571	29650	2	+	1080
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3000 CDS	contig00061	30711	29932	-3	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3001 CDS	contig00061	32163	30805	-3	-	1359
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3002 CDS	contig00061	33877	32315	-1	-	1563
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3003 CDS	contig00061	36272	34053	-2	-	2220
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3004 CDS	contig00061	37216	36371	-1	-	846
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3005 CDS	contig00061	37321	37872	1	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3006 CDS	contig00061	37954	38727	1	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3007 CDS	contig00061	39218	38769	-2	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3008 CDS	contig00061	39487	39218	-1	-	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3009 CDS	contig00061	40474	41829	1	+	1356
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3010 CDS	contig00061	41862	42167	3	+	306
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3011 CDS	contig00061	42207	43616	3	+	1410
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3012 CDS	contig00061	43643	44578	2	+	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3013 CDS	contig00061	44590	44913	1	+	324
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3014 CDS	contig00061	44983	45987	1	+	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3015 CDS	contig00061	46247	47524	2	+	1278
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3016 CDS	contig00061	47788	47591	-1	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3017 CDS	contig00061	48941	47904	-2	-	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3018 CDS	contig00061	49044	49358	3	+	315
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3019 CDS	contig00061	49360	50139	1	+	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3020 CDS	contig00062	2391	61	-3	-	2331
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3021 CDS	contig00062	4129	2762	-1	-	1368
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3022 CDS	contig00062	4460	5167	2	+	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3023 CDS	contig00062	5235	5429	3	+	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3024 CDS	contig00062	6327	5416	-3	-	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3025 CDS	contig00062	6547	8871	1	+	2325
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3026 CDS	contig00062	9094	8936	-1	-	159
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3027 CDS	contig00062	10235	9213	-2	-	1023
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3028 CDS	contig00062	10633	12063	1	+	1431
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3029 CDS	contig00062	12186	13358	3	+	1173
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3030 CDS	contig00062	14315	13422	-2	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3031 CDS	contig00062	14404	15189	1	+	786
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3032 CDS	contig00062	15354	16151	3	+	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3033 CDS	contig00062	17041	16208	-1	-	834
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3034 CDS	contig00062	17277	17537	3	+	261
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3035 CDS	contig00062	17537	19234	2	+	1698
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3036 CDS	contig00062	19242	19943	3	+	702

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3037 CDS	contig00062	20003	20302	2	+	300
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3038 CDS	contig00062	20374	20925	1	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3039 CDS	contig00062	20932	21801	1	+	870
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3040 CDS	contig00062	21987	23669	3	+	1683
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3041 CDS	contig00062	23809	24930	1	+	1122
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3042 CDS	contig00062	25263	25000	-3	-	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3043 CDS	contig00062	26078	25266	-2	-	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3044 CDS	contig00062	26769	26104	-3	-	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3045 CDS	contig00062	26954	27235	2	+	282
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3046 CDS	contig00062	27240	28211	3	+	972
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3047 CDS	contig00062	30379	28337	-1	-	2043
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3048 CDS	contig00062	30500	31711	2	+	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3049 CDS	contig00062	31872	33002	3	+	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3050 CDS	contig00062	33002	34015	2	+	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3051 CDS	contig00062	35393	35202	-2	-	192
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3052 CDS	contig00062	36416	35808	-2	-	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3053 CDS	contig00063	125	811	2	+	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3054 CDS	contig00063	1442	984	-2	-	459
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3055 CDS	contig00063	1751	1969	2	+	219
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3056 CDS	contig00063	2081	2650	2	+	570
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3057 CDS	contig00063	3394	3555	1	+	162
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3058 CDS	contig00064	653	360	-2	-	294
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3059 CDS	contig00064	931	653	-1	-	279
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3060 CDS	contig00064	1161	1406	3	+	246
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3061 CDS	contig00064	1407	1724	3	+	318
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3062 CDS	contig00065	714	235	-3	-	480
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3063 CDS	contig00065	1233	3878	3	+	2646
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3064 CDS	contig00065	4726	3998	-1	-	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3065 CDS	contig00065	6257	4806	-2	-	1452
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3066 CDS	contig00065	6266	6379	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3067 CDS	contig00065	6773	7549	2	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3068 CDS	contig00065	7597	8898	1	+	1302
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3069 CDS	contig00065	8895	10064	3	+	1170
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3070 CDS	contig00065	10079	10579	2	+	501
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3071 CDS	contig00065	10590	11360	3	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3072 CDS	contig00065	11350	12267	1	+	918
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3073 CDS	contig00065	12356	12793	2	+	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3074 CDS	contig00065	12795	13937	3	+	1143
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3075 CDS	contig00065	14039	14869	2	+	831
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3076 CDS	contig00065	14939	15694	2	+	756
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3077 CDS	contig00065	15720	16769	3	+	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3078 CDS	contig00065	17685	16855	-3	-	831
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3079 CDS	contig00065	20248	17840	-1	-	2409
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3080 CDS	contig00065	20469	21701	3	+	1233
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3081 CDS	contig00065	21742	23355	1	+	1614
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3082 CDS	contig00065	23620	24945	1	+	1326
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3083 CDS	contig00065	25157	27805	2	+	2649
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3084 CDS	contig00065	28063	28917	1	+	855
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3085 CDS	contig00065	29014	29976	1	+	963



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3086 CDS	contig00065	29966	30616	2	+	651
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3087 CDS	contig00065	30606	31187	3	+	582
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3088 CDS	contig00065	31877	31260	-2	-	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3089 CDS	contig00065	32478	31993	-3	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3090 CDS	contig00067	203	2320	2	+	2118
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3091 CDS	contig00067	2526	3917	3	+	1392
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3092 CDS	contig00067	3941	4609	2	+	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3093 CDS	contig00067	4616	6541	2	+	1926
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3094 CDS	contig00067	6543	8657	3	+	2115
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3095 CDS	contig00067	9337	8729	-1	-	609
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3096 CDS	contig00067	10656	9340	-3	-	1317
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3097 CDS	contig00068	310	561	1	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3098 CDS	contig00068	598	2385	1	+	1788
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3099 CDS	contig00068	2401	3531	1	+	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3100 CDS	contig00068	3628	4059	1	+	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3101 CDS	contig00068	4069	6921	1	+	2853
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3102 CDS	contig00068	7053	8618	3	+	1566
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3103 CDS	contig00068	8685	9284	3	+	600
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3104 CDS	contig00068	9316	9834	1	+	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3105 CDS	contig00068	11204	9930	-2	-	1275
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3106 CDS	contig00068	12132	11338	-3	-	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3107 CDS	contig00068	12284	13657	2	+	1374
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3108 CDS	contig00068	13915	14163	1	+	249
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3109 CDS	contig00068	14191	14718	1	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3110 CDS	contig00068	14741	15490	2	+	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3111 CDS	contig00068	15532	15885	1	+	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3112 CDS	contig00068	16102	17175	1	+	1074
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3113 CDS	contig00068	17182	18315	1	+	1134
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3114 CDS	contig00068	19404	18391	-3	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3115 CDS	contig00068	19791	19429	-3	-	363
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3116 CDS	contig00068	21573	19906	-3	-	1668
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3117 CDS	contig00068	21746	22489	2	+	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3118 CDS	contig00068	22501	23694	1	+	1194
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3119 CDS	contig00068	23790	24116	3	+	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3120 CDS	contig00068	24597	24085	-3	-	513
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3121 CDS	contig00068	25798	24620	-1	-	1179
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3122 CDS	contig00068	26267	25914	-2	-	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3123 CDS	contig00068	27432	26707	-3	-	726
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3124 CDS	contig00068	27594	28568	3	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3125 CDS	contig00068	28571	29305	2	+	735
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3126 CDS	contig00068	29411	31996	2	+	2586
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3127 CDS	contig00069	261	115	-3	-	147
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3128 CDS	contig00069	303	863	3	+	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3129 CDS	contig00069	1018	1581	1	+	564
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3130 CDS	contig00069	2181	2369	3	+	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3131 CDS	contig00069	2534	3445	2	+	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3132 CDS	contig00070	422	93	-2	-	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3133 CDS	contig00071	695	156	-2	-	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3134 CDS	contig00071	2363	915	-2	-	1449

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3135 CDS	contig00071	3290	2418	-2	-	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3136 CDS	contig00071	3644	4255	2	+	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3137 CDS	contig00071	4628	4344	-2	-	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3138 CDS	contig00071	5901	4765	-3	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3139 CDS	contig00071	6127	7233	1	+	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3140 CDS	contig00071	9132	7591	-3	-	1542
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3141 CDS	contig00071	9292	9426	1	+	135
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3142 CDS	contig00071	9788	9441	-2	-	348
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3143 CDS	contig00071	10935	10138	-3	-	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3144 CDS	contig00071	12124	11003	-1	-	1122
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3145 CDS	contig00071	13217	14440	2	+	1224
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3146 CDS	contig00071	14444	15418	2	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3147 CDS	contig00071	15842	15492	-2	-	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3148 CDS	contig00072	166	5808	1	+	5643
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3149 CDS	contig00072	5928	6563	3	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3150 CDS	contig00072	7541	6633	-2	-	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3151 CDS	contig00072	7672	8865	1	+	1194
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3152 CDS	contig00072	10583	8943	-2	-	1641
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3153 CDS	contig00072	12609	10693	-3	-	1917
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3154 CDS	contig00072	13022	12609	-2	-	414
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3155 CDS	contig00072	13109	13465	2	+	357
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3156 CDS	contig00072	13578	14537	3	+	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3157 CDS	contig00072	14715	15833	3	+	1119
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3158 CDS	contig00072	15835	18987	1	+	3153
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3159 CDS	contig00072	19180	20142	1	+	963
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3160 CDS	contig00072	20239	21036	1	+	798
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3161 CDS	contig00072	22095	21112	-3	-	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3162 CDS	contig00072	22627	22764	1	+	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3163 CDS	contig00072	22786	22965	1	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3164 CDS	contig00072	23506	23063	-1	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3165 CDS	contig00072	23643	24530	3	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3166 CDS	contig00072	26009	24582	-2	-	1428
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3167 CDS	contig00072	26484	26098	-3	-	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3168 CDS	contig00072	27764	26499	-2	-	1266
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3169 CDS	contig00072	28330	27785	-1	-	546
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3170 CDS	contig00072	29021	28596	-2	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3171 CDS	contig00072	29665	29027	-1	-	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3172 CDS	contig00072	29800	30231	1	+	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3173 CDS	contig00072	30602	31294	2	+	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3174 CDS	contig00072	31309	32283	1	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3175 CDS	contig00072	32994	32377	-3	-	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3176 CDS	contig00072	33984	33100	-3	-	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3177 CDS	contig00072	34123	34806	1	+	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3178 CDS	contig00072	35246	34803	-2	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3179 CDS	contig00072	35355	35942	3	+	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3180 CDS	contig00072	36034	36873	1	+	840
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3181 CDS	contig00072	37782	36880	-3	-	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3182 CDS	contig00072	37959	38480	3	+	522
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3183 CDS	contig00072	38717	40321	2	+	1605

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3184 CDS	contig00072	40586	40401	-2	-	186
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3185 CDS	contig00072	41617	40739	-1	-	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3186 CDS	contig00072	43256	41787	-2	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3187 CDS	contig00072	44062	43253	-1	-	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3188 CDS	contig00072	44529	44954	3	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3189 CDS	contig00072	45774	46061	3	+	288
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3190 CDS	contig00072	46195	47163	1	+	969
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3191 CDS	contig00072	47165	49042	2	+	1878
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3192 CDS	contig00072	49182	50387	3	+	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3193 CDS	contig00073	85	738	1	+	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3194 CDS	contig00073	881	1408	2	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3195 CDS	contig00073	2061	1900	-3	-	162
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3196 CDS	contig00073	2364	2495	3	+	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3197 CDS	contig00073	3004	2789	-1	-	216
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3198 CDS	contig00073	3056	3784	2	+	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3199 CDS	contig00073	4213	3911	-1	-	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3200 CDS	contig00073	4472	5119	2	+	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3201 CDS	contig00073	5793	6308	3	+	516
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3202 CDS	contig00073	6924	6472	-3	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3203 CDS	contig00074	1238	489	-2	-	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3204 CDS	contig00074	2837	1935	-2	-	903
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3205 CDS	contig00074	4116	2830	-3	-	1287
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3206 CDS	contig00075	732	67	-3	-	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3207 CDS	contig00075	1423	1719	1	+	297
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3208 CDS	contig00075	1793	1981	2	+	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3209 CDS	contig00075	2293	2670	1	+	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3210 CDS	contig00075	3345	5036	3	+	1692
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3211 CDS	contig00075	5033	6136	2	+	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3212 CDS	contig00075	6502	7854	1	+	1353
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3213 CDS	contig00075	7854	9167	3	+	1314
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3214 CDS	contig00075	9410	10216	2	+	807
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3215 CDS	contig00075	10285	10524	1	+	240
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3216 CDS	contig00075	10600	12228	1	+	1629
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3217 CDS	contig00075	13510	12287	-1	-	1224
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3218 CDS	contig00075	14763	13666	-3	-	1098
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3219 CDS	contig00075	16656	14950	-3	-	1707
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3220 CDS	contig00075	18361	16661	-1	-	1701
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3221 CDS	contig00075	18733	18497	-1	-	237
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3222 CDS	contig00075	19802	18879	-2	-	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3223 CDS	contig00075	20842	19976	-1	-	867
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3224 CDS	contig00075	21980	20877	-2	-	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3225 CDS	contig00075	22153	23148	1	+	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3226 CDS	contig00075	24674	23229	-2	-	1446
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3227 CDS	contig00075	25456	24776	-1	-	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3228 CDS	contig00075	25640	26854	2	+	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3229 CDS	contig00075	27935	26931	-2	-	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3230 CDS	contig00075	28218	29867	3	+	1650
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3231 CDS	contig00075	29886	31334	3	+	1449
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3232 CDS	contig00075	31577	31335	-2	-	243

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3233 CDS	contig00075	32058	31621	-3	-	438
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3234 CDS	contig00075	32267	32893	2	+	627
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3235 CDS	contig00075	33417	32947	-3	-	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3236 CDS	contig00075	33625	33738	1	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3237 CDS	contig00075	33834	34256	3	+	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3238 CDS	contig00075	34298	34783	2	+	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3239 CDS	contig00075	34806	36551	3	+	1746
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3240 CDS	contig00075	37845	36622	-3	-	1224
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3241 CDS	contig00075	39061	38066	-1	-	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3242 CDS	contig00075	41064	39238	-3	-	1827
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3243 CDS	contig00075	41422	42225	1	+	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3244 CDS	contig00075	43215	42280	-3	-	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3245 CDS	contig00075	43808	43359	-2	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3246 CDS	contig00075	45932	43821	-2	-	2112
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3247 CDS	contig00075	47150	46350	-2	-	801
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3248 CDS	contig00075	48128	47301	-2	-	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3249 CDS	contig00076	563	66	-2	-	498
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3250 CDS	contig00076	1665	709	-3	-	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3251 CDS	contig00076	2054	3214	2	+	1161
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3252 CDS	contig00076	4168	3275	-1	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3253 CDS	contig00076	4498	6528	1	+	2031
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3254 CDS	contig00076	6528	6998	3	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3255 CDS	contig00076	7089	8276	3	+	1188
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3256 CDS	contig00076	8341	8982	1	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3257 CDS	contig00076	10477	9059	-1	-	1419
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3258 CDS	contig00076	12001	10568	-1	-	1434
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3259 CDS	contig00076	12804	12265	-3	-	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3260 CDS	contig00076	13265	12885	-2	-	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3261 CDS	contig00076	13478	14965	2	+	1488
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3262 CDS	contig00076	14977	15714	1	+	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3263 CDS	contig00076	15711	16400	3	+	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3264 CDS	contig00076	16404	17498	3	+	1095
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3265 CDS	contig00076	17509	18189	1	+	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3266 CDS	contig00076	18447	18271	-3	-	177
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3267 CDS	contig00076	18970	18452	-1	-	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3268 CDS	contig00076	19024	19362	1	+	339
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3269 CDS	contig00076	19693	19869	1	+	177
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3270 CDS	contig00076	19927	21105	1	+	1179
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3271 CDS	contig00076	21129	23591	3	+	2463
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3272 CDS	contig00076	23829	25814	3	+	1986
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3273 CDS	contig00076	26212	27951	1	+	1740
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3274 CDS	contig00076	28252	29076	1	+	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3275 CDS	contig00076	29208	30149	3	+	942
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3276 CDS	contig00076	30139	30288	1	+	150
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3277 CDS	contig00076	31460	30333	-2	-	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3278 CDS	contig00076	32294	31470	-2	-	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3279 CDS	contig00076	33291	32278	-3	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3280 CDS	contig00076	34178	33291	-2	-	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3281 CDS	contig00076	35127	34165	-3	-	963

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3282 CDS	contig00076	36752	35127	-2	-	1626
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3283 CDS	contig00076	37849	36830	-1	-	1020
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3284 CDS	contig00076	38025	38690	3	+	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3285 CDS	contig00076	38767	38976	1	+	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3286 CDS	contig00076	38976	39362	3	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3287 CDS	contig00076	39458	40855	2	+	1398
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3288 CDS	contig00076	40852	41877	1	+	1026
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3289 CDS	contig00076	42138	43016	3	+	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3290 CDS	contig00076	43093	43368	1	+	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3291 CDS	contig00076	43362	43754	3	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3292 CDS	contig00076	43747	44565	1	+	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3293 CDS	contig00076	44593	45540	1	+	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3294 CDS	contig00076	45559	46221	1	+	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3295 CDS	contig00076	46263	47057	3	+	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3296 CDS	contig00076	47068	47706	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3297 CDS	contig00076	48518	47712	-2	-	807
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3298 CDS	contig00076	48493	48624	1	+	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3299 CDS	contig00076	50052	48712	-3	-	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3300 CDS	contig00076	50782	52371	1	+	1590
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3301 CDS	contig00076	53127	52429	-3	-	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3302 CDS	contig00076	53235	53354	3	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3303 CDS	contig00076	54188	53520	-2	-	669
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3304 CDS	contig00076	54899	54339	-2	-	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3305 CDS	contig00076	56239	54902	-1	-	1338
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3306 CDS	contig00076	58712	56433	-2	-	2280
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3307 CDS	contig00076	59357	58722	-2	-	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3308 CDS	contig00076	60856	59525	-1	-	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3309 CDS	contig00076	62876	60873	-2	-	2004
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3310 CDS	contig00076	63584	63117	-2	-	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3311 CDS	contig00076	63735	64157	3	+	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3312 CDS	contig00076	64176	64580	3	+	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3313 CDS	contig00076	67029	64651	-3	-	2379
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3314 CDS	contig00076	68155	67160	-1	-	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3315 CDS	contig00076	69943	68519	-1	-	1425
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3316 CDS	contig00076	70855	72186	1	+	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3317 CDS	contig00076	72416	73504	2	+	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3318 CDS	contig00076	73510	74940	1	+	1431
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3319 CDS	contig00076	77786	75012	-2	-	2775
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3320 CDS	contig00076	79441	78011	-1	-	1431
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3321 CDS	contig00076	80067	79615	-3	-	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3322 CDS	contig00076	83168	80067	-2	-	3102
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3323 CDS	contig00076	84515	83520	-2	-	996
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3324 CDS	contig00076	85396	84617	-1	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3325 CDS	contig00076	87259	85400	-1	-	1860
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3326 CDS	contig00076	89031	87400	-3	-	1632
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3327 CDS	contig00076	89317	90327	1	+	1011
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3328 CDS	contig00076	90467	91516	2	+	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3329 CDS	contig00076	91663	92817	1	+	1155
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3330 CDS	contig00076	92827	93888	1	+	1062

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3331 CDS	contig00076	97011	93961	-3	-	3051
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3332 CDS	contig00076	98127	97015	-3	-	1113
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3333 CDS	contig00076	98298	98921	3	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3334 CDS	contig00076	99056	100102	2	+	1047
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3335 CDS	contig00076	100132	101649	1	+	1518
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3336 CDS	contig00076	102677	101679	-2	-	999
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3337 CDS	contig00076	102808	103140	1	+	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3338 CDS	contig00076	103536	104909	3	+	1374
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3339 CDS	contig00076	104989	105381	1	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3340 CDS	contig00076	105462	105809	3	+	348
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3341 CDS	contig00076	106173	107489	3	+	1317
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3342 CDS	contig00076	107562	108458	3	+	897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3343 CDS	contig00076	108673	110358	1	+	1686
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3344 CDS	contig00076	110639	111070	2	+	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3345 CDS	contig00076	111088	112491	1	+	1404
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3346 CDS	contig00076	113206	112646	-1	-	561
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3347 CDS	contig00076	113475	114734	3	+	1260
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3348 CDS	contig00076	114889	116163	1	+	1275
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3349 CDS	contig00076	116548	116426	-1	-	123
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3350 CDS	contig00076	116577	117614	3	+	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3351 CDS	contig00076	117787	119043	1	+	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3352 CDS	contig00076	119319	120197	3	+	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3353 CDS	contig00076	120201	121325	3	+	1125
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3354 CDS	contig00076	121336	122388	1	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3355 CDS	contig00076	123942	122488	-3	-	1455
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3356 CDS	contig00076	125411	124281	-2	-	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3357 CDS	contig00076	125791	125411	-1	-	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3358 CDS	contig00076	126995	125958	-2	-	1038
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3359 CDS	contig00076	127335	127694	3	+	360
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3360 CDS	contig00076	129794	127764	-2	-	2031
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3361 CDS	contig00076	130118	132022	2	+	1905
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3362 CDS	contig00076	132318	132842	3	+	525
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3363 CDS	contig00076	134367	132904	-3	-	1464
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3364 CDS	contig00076	134559	134711	3	+	153
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3365 CDS	contig00076	134728	135465	1	+	738
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3366 CDS	contig00076	135561	136241	3	+	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3367 CDS	contig00076	136423	138288	1	+	1866
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3368 CDS	contig00076	139220	138360	-2	-	861
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3369 CDS	contig00076	140033	139224	-2	-	810
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3370 CDS	contig00076	140842	140048	-1	-	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3371 CDS	contig00076	141590	140844	-2	-	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3372 CDS	contig00076	141839	142891	2	+	1053
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3373 CDS	contig00076	144576	142942	-3	-	1635
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3374 CDS	contig00076	144803	146542	2	+	1740
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3375 CDS	contig00076	147014	147202	2	+	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3376 CDS	contig00076	147651	147271	-3	-	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3377 CDS	contig00076	148853	147918	-2	-	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3378 CDS	contig00076	150324	148855	-3	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3379 CDS	contig00076	151426	150446	-1	-	981

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3380 CDS	contig00076	152904	151435	-3	-	1470
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3381 CDS	contig00076	153672	152962	-3	-	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3382 CDS	contig00076	154006	154668	1	+	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3383 CDS	contig00076	154665	156029	3	+	1365
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3384 CDS	contig00076	157336	156263	-1	-	1074
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3385 CDS	contig00076	158005	157355	-1	-	651
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3386 CDS	contig00076	158476	158021	-1	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3387 CDS	contig00076	158672	159199	2	+	528
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3388 CDS	contig00076	159189	159410	3	+	222
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3389 CDS	contig00076	159808	159482	-1	-	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3390 CDS	contig00076	160062	160970	3	+	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3391 CDS	contig00076	162083	161055	-2	-	1029
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3392 CDS	contig00076	162367	162564	1	+	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3393 CDS	contig00076	162723	162598	-3	-	126
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3394 CDS	contig00077	2047	131	-1	-	1917
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3395 CDS	contig00077	2672	2055	-2	-	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3396 CDS	contig00077	3117	2788	-3	-	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3397 CDS	contig00077	3683	3270	-2	-	414
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3398 CDS	contig00077	4964	3816	-2	-	1149
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3399 CDS	contig00077	6204	5038	-3	-	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3400 CDS	contig00077	6934	6269	-1	-	666
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3401 CDS	contig00077	7016	7897	2	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3402 CDS	contig00077	8041	8949	1	+	909
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3403 CDS	contig00077	9326	8952	-2	-	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3404 CDS	contig00077	9591	10496	3	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3405 CDS	contig00077	11079	10507	-3	-	573
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3406 CDS	contig00077	11760	12719	3	+	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3407 CDS	contig00077	13906	12779	-1	-	1128
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3408 CDS	contig00077	14039	14275	2	+	237
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3409 CDS	contig00077	15520	14285	-1	-	1236
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3410 CDS	contig00078	1414	1551	1	+	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3411 CDS	contig00078	2786	2965	2	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3412 CDS	contig00078	2932	5184	1	+	2253
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3413 CDS	contig00078	5212	5904	1	+	693
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3414 CDS	contig00078	5978	6115	2	+	138
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3415 CDS	contig00080	28	207	1	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3416 CDS	contig00080	245	520	2	+	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3417 CDS	contig00080	637	921	1	+	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3418 CDS	contig00082	50	217	2	+	168
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3419 CDS	contig00082	217	660	1	+	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3420 CDS	contig00082	725	1192	2	+	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3421 CDS	contig00082	1270	2160	1	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3422 CDS	contig00082	2287	2457	1	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3423 CDS	contig00083	50	217	2	+	168
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3424 CDS	contig00083	391	660	1	+	270
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3425 CDS	contig00083	725	1192	2	+	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3426 CDS	contig00083	1276	2166	1	+	891
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3427 CDS	contig00083	2293	2463	1	+	171
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3428 CDS	contig00084	138	2468	3	+	2331

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3429 CDS	contig00084	2664	3893	3	+	1230
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3430 CDS	contig00084	4309	3968	-1	-	342
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3431 CDS	contig00084	5423	4392	-2	-	1032
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3432 CDS	contig00084	6619	5423	-1	-	1197
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3433 CDS	contig00084	6742	7677	1	+	936
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3434 CDS	contig00084	7664	8041	2	+	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3435 CDS	contig00087	535	2160	1	+	1626
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3436 CDS	contig00088	238	1650	1	+	1413
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3437 CDS	contig00088	1691	1954	2	+	264
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3438 CDS	contig00088	2111	2662	2	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3439 CDS	contig00088	2666	4375	2	+	1710
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3440 CDS	contig00088	4365	5207	3	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3441 CDS	contig00088	5606	5238	-2	-	369
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3442 CDS	contig00088	5746	7086	1	+	1341
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3443 CDS	contig00088	7383	8714	3	+	1332
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3444 CDS	contig00088	9448	8771	-1	-	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3445 CDS	contig00088	9807	9475	-3	-	333
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3446 CDS	contig00088	11606	9918	-2	-	1689
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3447 CDS	contig00088	11761	14067	1	+	2307
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3448 CDS	contig00088	14199	14972	3	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3449 CDS	contig00088	15134	15769	2	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3450 CDS	contig00088	17299	15863	-1	-	1437
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3451 CDS	contig00088	17769	18362	3	+	594
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3452 CDS	contig00088	18364	19050	1	+	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3453 CDS	contig00088	19052	20008	2	+	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3454 CDS	contig00088	20083	21969	1	+	1887
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3455 CDS	contig00088	22070	22492	2	+	423
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3456 CDS	contig00088	22492	22941	1	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3457 CDS	contig00088	23648	22938	-2	-	711
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3458 CDS	contig00088	24934	23690	-1	-	1245
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3459 CDS	contig00088	25321	26202	1	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3460 CDS	contig00088	26873	26199	-2	-	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3461 CDS	contig00088	27274	28599	1	+	1326
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3462 CDS	contig00088	28715	29191	2	+	477
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3463 CDS	contig00088	29199	30671	3	+	1473
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3464 CDS	contig00088	31433	30738	-2	-	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3465 CDS	contig00088	32447	31572	-2	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3466 CDS	contig00088	34806	32449	-3	-	2358
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3467 CDS	contig00088	35091	36071	3	+	981
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3468 CDS	contig00088	36827	36165	-2	-	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3469 CDS	contig00088	37795	37046	-1	-	750
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3470 CDS	contig00088	38920	37823	-1	-	1098
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3471 CDS	contig00088	39396	38923	-3	-	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3472 CDS	contig00088	40090	39503	-1	-	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3473 CDS	contig00088	41209	40181	-1	-	1029
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3474 CDS	contig00088	41614	42540	1	+	927
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3475 CDS	contig00088	42549	43244	3	+	696
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3476 CDS	contig00088	43410	43228	-3	-	183
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3477 CDS	contig00088	44213	43524	-2	-	690



ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3478 CDS	contig00088	44552	45613	2	+	1062
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3479 CDS	contig00088	46398	45709	-3	-	690
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3480 CDS	contig00088	46580	49612	2	+	3033
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3481 CDS	contig00088	49769	51361	2	+	1593
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3482 CDS	contig00088	51490	51906	1	+	417
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3483 CDS	contig00088	52052	54367	2	+	2316
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3484 CDS	contig00088	54599	55357	2	+	759
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3485 CDS	contig00088	55383	55496	3	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3486 CDS	contig00088	56644	55493	-1	-	1152
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3487 CDS	contig00088	56861	57334	2	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3488 CDS	contig00088	57700	57398	-1	-	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3489 CDS	contig00088	60677	57861	-2	-	2817
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3490 CDS	contig00088	62686	60866	-1	-	1821
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3491 CDS	contig00088	63318	62686	-3	-	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3492 CDS	contig00088	63565	64212	1	+	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3493 CDS	contig00088	64178	65083	2	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3494 CDS	contig00088	65174	65704	2	+	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3495 CDS	contig00088	67445	66075	-2	-	1371
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3496 CDS	contig00088	67690	68331	1	+	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3497 CDS	contig00088	68771	68421	-2	-	351
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3498 CDS	contig00088	68992	80940	1	+	11949
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3499 CDS	contig00088	82231	81041	-1	-	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3500 CDS	contig00088	84357	82396	-3	-	1962
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3501 CDS	contig00088	86056	84653	-1	-	1404
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3502 CDS	contig00088	86143	86415	1	+	273
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3503 CDS	contig00088	86774	86448	-2	-	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3504 CDS	contig00088	86956	90852	1	+	3897
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3505 CDS	contig00088	90962	91435	2	+	474
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3506 CDS	contig00088	92793	91690	-3	-	1104
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3507 CDS	contig00088	92970	93716	3	+	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3508 CDS	contig00088	93756	94043	3	+	288
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3509 CDS	contig00088	94109	95791	2	+	1683
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3510 CDS	contig00088	96044	96430	2	+	387
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3511 CDS	contig00088	96844	96461	-1	-	384
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3512 CDS	contig00088	97068	97826	3	+	759
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3513 CDS	contig00088	98671	97892	-1	-	780
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3514 CDS	contig00088	98939	99913	2	+	975
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3515 CDS	contig00088	99946	101139	1	+	1194
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3516 CDS	contig00088	102394	101204	-1	-	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3517 CDS	contig00088	103758	102583	-3	-	1176
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3518 CDS	contig00088	103975	105138	1	+	1164
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3519 CDS	contig00088	106114	105221	-1	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3520 CDS	contig00088	106940	106266	-2	-	675
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3521 CDS	contig00088	107248	106940	-1	-	309
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3522 CDS	contig00088	108711	107287	-3	-	1425
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3523 CDS	contig00088	110812	108902	-1	-	1911
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3524 CDS	contig00088	111194	111766	2	+	573
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3525 CDS	contig00088	112060	112746	1	+	687
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3526 CDS	contig00088	112958	112839	-2	-	120

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3527 CDS	contig00088	113989	113117	-1	-	873
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3528 CDS	contig00088	115947	114262	-3	-	1686
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3529 CDS	contig00088	116078	116977	2	+	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3530 CDS	contig00088	117479	116928	-2	-	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3531 CDS	contig00088	117977	119281	2	+	1305
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3532 CDS	contig00088	119509	121080	1	+	1572
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3533 CDS	contig00088	121367	125629	2	+	4263
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3534 CDS	contig00088	127156	125837	-1	-	1320
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3535 CDS	contig00088	127329	127156	-3	-	174
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3536 CDS	contig00088	127420	127289	-1	-	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3537 CDS	contig00088	127694	128539	2	+	846
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3538 CDS	contig00088	128921	128544	-2	-	378
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3539 CDS	contig00088	130054	128924	-1	-	1131
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3540 CDS	contig00088	130057	130236	1	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3541 CDS	contig00088	131749	130265	-1	-	1485
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3542 CDS	contig00088	132044	131913	-2	-	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3543 CDS	contig00088	132394	133047	1	+	654
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3544 CDS	contig00088	133137	133760	3	+	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3545 CDS	contig00088	135527	133842	-2	-	1686
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3546 CDS	contig00088	137274	135892	-3	-	1383
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3547 CDS	contig00088	138013	138759	1	+	747
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3548 CDS	contig00088	138945	140375	3	+	1431
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3549 CDS	contig00088	143085	140431	-3	-	2655
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3550 CDS	contig00088	143412	144269	3	+	858
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3551 CDS	contig00088	145365	144358	-3	-	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3552 CDS	contig00088	146348	145431	-2	-	918
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3553 CDS	contig00088	147418	146540	-1	-	879
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3554 CDS	contig00088	148536	147550	-3	-	987
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3555 CDS	contig00088	150047	148533	-2	-	1515
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3556 CDS	contig00088	150479	150060	-2	-	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3557 CDS	contig00088	152705	150795	-2	-	1911
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3558 CDS	contig00088	153141	153719	3	+	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3559 CDS	contig00088	153752	154171	2	+	420
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3560 CDS	contig00088	154311	155567	3	+	1257
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3561 CDS	contig00088	155671	156123	1	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3562 CDS	contig00088	156806	156201	-2	-	606
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3563 CDS	contig00088	157188	157640	3	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3564 CDS	contig00088	157750	158094	1	+	345
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3565 CDS	contig00088	158502	158305	-3	-	198
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3566 CDS	contig00088	158939	158499	-2	-	441
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3567 CDS	contig00088	159223	158939	-1	-	285
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3568 CDS	contig00088	159443	159787	2	+	345
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3569 CDS	contig00088	159795	160070	3	+	276
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3570 CDS	contig00088	161704	160133	-1	-	1572
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3571 CDS	contig00088	162790	161885	-1	-	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3572 CDS	contig00088	164409	162859	-3	-	1551
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3573 CDS	contig00088	164634	166181	3	+	1548
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3574 CDS	contig00088	166382	168658	2	+	2277
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3575 CDS	contig00088	168739	169752	1	+	1014

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3576 CDS	contig00088	169761	170699	3	+	939
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3577 CDS	contig00088	170696	171235	2	+	540
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3578 CDS	contig00088	171225	172295	3	+	1071
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3579 CDS	contig00088	172288	173049	1	+	762
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3580 CDS	contig00088	173093	173986	2	+	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3581 CDS	contig00088	173986	175296	1	+	1311
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3582 CDS	contig00088	175468	176289	1	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3583 CDS	contig00088	176990	176349	-2	-	642
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3584 CDS	contig00088	177345	178661	3	+	1317
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3585 CDS	contig00088	178715	179719	2	+	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3586 CDS	contig00090	10	1461	1	+	1452
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3587 CDS	contig00090	1737	3164	3	+	1428
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3588 CDS	contig00090	3858	3253	-3	-	606
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3589 CDS	contig00090	4233	4763	3	+	531
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3590 CDS	contig00090	5297	5548	2	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3591 CDS	contig00090	6325	5669	-1	-	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3592 CDS	contig00090	6618	8273	3	+	1656
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3593 CDS	contig00090	8425	9342	1	+	918
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3594 CDS	contig00090	9342	10112	3	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3595 CDS	contig00090	11088	10213	-3	-	876
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3596 CDS	contig00090	11892	11098	-3	-	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3597 CDS	contig00090	12400	11915	-1	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3598 CDS	contig00090	13824	12397	-3	-	1428
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3599 CDS	contig00090	14738	13845	-2	-	894
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3600 CDS	contig00090	15252	14803	-3	-	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3601 CDS	contig00090	16125	15418	-3	-	708
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3602 CDS	contig00090	16185	18650	3	+	2466
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3603 CDS	contig00090	18808	21048	1	+	2241
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3604 CDS	contig00091	683	1606	2	+	924
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3605 CDS	contig00091	2566	1610	-1	-	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3606 CDS	contig00091	3599	2550	-2	-	1050
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3607 CDS	contig00091	3671	4102	2	+	432
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3608 CDS	contig00091	4175	5527	2	+	1353
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3609 CDS	contig00092	8770	29	-1	-	8742
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3610 CDS	contig00093	2174	1059	-2	-	1116
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3611 CDS	contig00093	2387	2851	2	+	465
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3612 CDS	contig00093	2845	4575	1	+	1731
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3613 CDS	contig00093	4587	6569	3	+	1983
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3614 CDS	contig00093	6562	7494	1	+	933
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3615 CDS	contig00093	7599	7865	3	+	267
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3616 CDS	contig00093	7905	9206	3	+	1302
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3617 CDS	contig00093	9243	10448	3	+	1206
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3618 CDS	contig00093	10451	11335	2	+	885
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3619 CDS	contig00093	11433	11618	3	+	186
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3620 CDS	contig00093	11796	13112	3	+	1317
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3621 CDS	contig00093	13447	14079	1	+	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3622 CDS	contig00093	15364	14180	-1	-	1185
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3623 CDS	contig00093	15470	15895	2	+	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3624 CDS	contig00093	15989	18496	2	+	2508

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3625 CDS	contig00093	18563	19306	2	+	744
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3626 CDS	contig00093	19561	19941	1	+	381
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3627 CDS	contig00093	20109	20252	3	+	144
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3628 CDS	contig00093	20268	20495	3	+	228
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3629 CDS	contig00093	20536	20985	1	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3630 CDS	contig00093	21251	22138	2	+	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3631 CDS	contig00093	24917	22287	-2	-	2631
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3632 CDS	contig00093	26233	25097	-1	-	1137
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3633 CDS	contig00093	26442	27446	3	+	1005
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3634 CDS	contig00093	27462	28244	3	+	783
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3635 CDS	contig00093	28301	29512	2	+	1212
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3636 CDS	contig00093	29811	31685	3	+	1875
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3637 CDS	contig00093	31978	31853	-1	-	126
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3638 CDS	contig00093	33671	32205	-2	-	1467
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3639 CDS	contig00093	34494	33766	-3	-	729
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3640 CDS	contig00093	34674	35573	3	+	900
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3641 CDS	contig00093	38054	35640	-2	-	2415
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3642 CDS	contig00093	38277	39278	3	+	1002
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3643 CDS	contig00093	39263	39829	2	+	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3644 CDS	contig00093	39829	40407	1	+	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3645 CDS	contig00093	40442	40918	2	+	477
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3646 CDS	contig00093	41005	42693	1	+	1689
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3647 CDS	contig00093	42917	43435	2	+	519
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3648 CDS	contig00093	43472	44560	2	+	1089
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3649 CDS	contig00093	44569	46092	1	+	1524
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3650 CDS	contig00093	46175	47005	2	+	831
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3651 CDS	contig00093	47173	47850	1	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3652 CDS	contig00093	47856	48539	3	+	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3653 CDS	contig00093	48659	49675	2	+	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3654 CDS	contig00093	49764	50342	3	+	579
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3655 CDS	contig00093	50647	51861	1	+	1215
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3656 CDS	contig00093	51929	52945	2	+	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3657 CDS	contig00093	52958	54415	2	+	1458
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3658 CDS	contig00093	54427	55221	1	+	795
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3659 CDS	contig00093	55928	55296	-2	-	633
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3660 CDS	contig00093	56174	56578	2	+	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3661 CDS	contig00093	57988	56654	-1	-	1335
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3662 CDS	contig00093	58574	58008	-2	-	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3663 CDS	contig00093	59288	58713	-2	-	576
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3664 CDS	contig00093	60466	59459	-1	-	1008
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3665 CDS	contig00093	62859	60658	-3	-	2202
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3666 CDS	contig00093	63099	63317	3	+	219
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3667 CDS	contig00093	63583	64830	1	+	1248
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3668 CDS	contig00093	65733	64906	-3	-	828
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3669 CDS	contig00093	67150	65807	-1	-	1344
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3670 CDS	contig00093	69582	67561	-3	-	2022
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3671 CDS	contig00093	70022	69702	-2	-	321
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3672 CDS	contig00093	70371	71537	3	+	1167
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3673 CDS	contig00093	71537	73954	2	+	2418

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3674 CDS	contig00093	74280	75251	3	+	972
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3675 CDS	contig00093	75498	77336	3	+	1839
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3676 CDS	contig00093	77610	79331	3	+	1722
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3677 CDS	contig00093	79331	79825	2	+	495
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3678 CDS	contig00093	79958	81853	2	+	1896
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3679 CDS	contig00093	81979	82110	1	+	132
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3680 CDS	contig00093	82816	82154	-1	-	663
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3681 CDS	contig00093	84370	82958	-1	-	1413
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3682 CDS	contig00093	85157	84756	-2	-	402
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3683 CDS	contig00093	86784	85240	-3	-	1545
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3684 CDS	contig00093	87551	86931	-2	-	621
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3685 CDS	contig00093	87789	87908	3	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3686 CDS	contig00093	90007	88163	-1	-	1845
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3687 CDS	contig00093	91870	90107	-1	-	1764
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3688 CDS	contig00093	92388	91945	-3	-	444
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3689 CDS	contig00093	92633	92418	-2	-	216
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3690 CDS	contig00093	92861	93877	2	+	1017
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3691 CDS	contig00093	94525	93929	-1	-	597
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3692 CDS	contig00093	94671	95024	3	+	354
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3693 CDS	contig00093	95021	95509	2	+	489
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3694 CDS	contig00093	95519	96322	2	+	804
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3695 CDS	contig00093	97612	96389	-1	-	1224
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3696 CDS	contig00093	97751	99307	2	+	1557
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3697 CDS	contig00093	99309	99986	3	+	678
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3698 CDS	contig00093	100661	100050	-2	-	612
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3699 CDS	contig00093	102110	100830	-2	-	1281
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3700 CDS	contig00093	102818	102138	-2	-	681
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3701 CDS	contig00093	103004	104521	2	+	1518
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3702 CDS	contig00093	105366	104602	-3	-	765
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3703 CDS	contig00093	105542	107074	2	+	1533
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3704 CDS	contig00093	107281	110139	1	+	2859
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3705 CDS	contig00093	110275	111705	1	+	1431
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3706 CDS	contig00093	113124	111799	-3	-	1326
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3707 CDS	contig00093	113357	113995	2	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3708 CDS	contig00093	113958	114428	3	+	471
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3709 CDS	contig00093	114444	115268	3	+	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3710 CDS	contig00093	115268	115852	2	+	585
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3711 CDS	contig00093	115996	117876	1	+	1881
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3712 CDS	contig00093	117879	120155	3	+	2277
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3713 CDS	contig00093	121282	120218	-1	-	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3714 CDS	contig00093	122375	121398	-2	-	978
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3715 CDS	contig00093	122764	122435	-1	-	330
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3716 CDS	contig00093	123299	122844	-2	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3717 CDS	contig00093	123410	124555	2	+	1146
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3718 CDS	contig00093	124835	125263	2	+	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3719 CDS	contig00093	125279	125671	2	+	393
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3720 CDS	contig00093	126022	126660	1	+	639
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3721 CDS	contig00093	126660	127928	3	+	1269
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3722 CDS	contig00093	127925	128662	2	+	738

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3723 CDS	contig00093	128805	129440	3	+	636
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3724 CDS	contig00093	129455	129904	2	+	450
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3725 CDS	contig00093	130562	129975	-2	-	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3726 CDS	contig00093	131157	130567	-3	-	591
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3727 CDS	contig00093	131532	131161	-3	-	372
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3728 CDS	contig00093	133324	131513	-1	-	1812
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3729 CDS	contig00093	133503	134366	3	+	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3730 CDS	contig00093	134997	135947	3	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3731 CDS	contig00093	135944	136270	2	+	327
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3732 CDS	contig00093	136267	138006	1	+	1740
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3733 CDS	contig00093	138014	139495	2	+	1482
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3734 CDS	contig00093	139501	140850	1	+	1350
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3735 CDS	contig00093	140850	141932	3	+	1083
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3736 CDS	contig00093	141934	143256	1	+	1323
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3737 CDS	contig00093	143259	144461	3	+	1203
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3738 CDS	contig00093	144445	145509	1	+	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3739 CDS	contig00093	145525	146988	1	+	1464
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3740 CDS	contig00093	147195	147965	3	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3741 CDS	contig00093	147967	149229	1	+	1263
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3742 CDS	contig00093	149262	150512	3	+	1251
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3743 CDS	contig00093	150654	151535	3	+	882
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3744 CDS	contig00093	152075	151608	-2	-	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3745 CDS	contig00093	152411	155134	2	+	2724
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3746 CDS	contig00093	155226	155627	3	+	402
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3747 CDS	contig00093	155906	155697	-2	-	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3748 CDS	contig00093	156645	155914	-3	-	732
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3749 CDS	contig00093	157289	156666	-2	-	624
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3750 CDS	contig00093	158173	157286	-1	-	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3751 CDS	contig00093	159324	158278	-3	-	1047
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3752 CDS	contig00093	159515	159321	-2	-	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3753 CDS	contig00093	161223	159535	-3	-	1689
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3754 CDS	contig00093	161625	161227	-3	-	399
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3755 CDS	contig00093	162854	161967	-2	-	888
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3756 CDS	contig00093	162968	163519	2	+	552
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3757 CDS	contig00093	163806	164576	3	+	771
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3758 CDS	contig00093	164632	167295	1	+	2664
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3759 CDS	contig00094	174	2096	3	+	1923
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3760 CDS	contig00094	2121	2657	3	+	537
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3761 CDS	contig00094	2749	3177	1	+	429
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3762 CDS	contig00094	3207	3806	3	+	600
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3763 CDS	contig00094	3931	4305	1	+	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3764 CDS	contig00094	4534	5190	1	+	657
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3765 CDS	contig00094	5243	5533	2	+	291
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3766 CDS	contig00094	6825	5605	-3	-	1221
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3767 CDS	contig00094	7976	7065	-2	-	912
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3768 CDS	contig00094	8134	8847	1	+	714
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3769 CDS	contig00094	9968	8925	-2	-	1044
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3770 CDS	contig00094	11204	10170	-2	-	1035
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3771 CDS	contig00094	12099	11329	-3	-	771

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3772 CDS	contig00094	12872	12099	-2	-	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3773 CDS	contig00094	14058	12940	-3	-	1119
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3774 CDS	contig00094	14374	15189	1	+	816
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3775 CDS	contig00094	15198	15932	3	+	735
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3776 CDS	contig00094	15934	16581	1	+	648
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3777 CDS	contig00095	14	1057	2	+	1044
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3778 CDS	contig00095	1083	3272	3	+	2190
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3779 CDS	contig00095	3300	4205	3	+	906
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3780 CDS	contig00095	4544	4753	2	+	210
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3781 CDS	contig00096	1031	414	-2	-	618
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3782 CDS	contig00098	481	365	-1	-	117
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3783 CDS	contig00104	118	312	1	+	195
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3784 CDS	contig00105	143	358	2	+	216
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3785 CDS	contig00120	92	559	2	+	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3786 CDS	contig00122	26	799	2	+	774
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3787 CDS	contig00126	367	221	-1	-	147
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3788 CDS	contig00126	1439	621	-2	-	819
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3789 CDS	contig00126	1749	2732	3	+	984
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3790 CDS	contig00126	2897	2739	-2	-	159
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3791 CDS	contig00126	3739	2915	-1	-	825
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3792 CDS	contig00126	4187	3762	-2	-	426
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3793 CDS	contig00126	4332	5036	3	+	705
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3794 CDS	contig00126	5339	5139	-2	-	201
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3795 CDS	contig00126	7263	5419	-3	-	1845
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3796 CDS	contig00126	7333	7217	-1	-	117
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3797 CDS	contig00126	7526	8482	2	+	957
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3798 CDS	contig00126	8531	9490	2	+	960
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3799 CDS	contig00126	9490	10023	1	+	534
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3800 CDS	contig00126	10016	10981	2	+	966
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3801 CDS	contig00126	10974	12827	3	+	1854
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3802 CDS	contig00126	12881	14494	2	+	1614
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3803 CDS	contig00126	14857	15807	1	+	951
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3804 CDS	contig00128	235	414	1	+	180
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3805 CDS	contig00130	20	166	2	+	147
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3806 CDS	contig00130	974	687	-2	-	288
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3807 CDS	contig00130	1252	971	-1	-	282
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3808 CDS	contig00130	1832	1458	-2	-	375
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3809 CDS	contig00130	2414	2004	-2	-	411
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3810 CDS	contig00133	258	130	-3	-	129
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3811 CDS	contig00134	1293	349	-3	-	945
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3812 CDS	contig00134	1292	1405	2	+	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3813 CDS	contig00134	2050	1406	-1	-	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3814 CDS	contig00134	2858	2118	-2	-	741
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3815 CDS	contig00134	3734	3036	-2	-	699
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3816 CDS	contig00134	3972	4160	3	+	189
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3817 CDS	contig00134	4166	4618	2	+	453
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3818 CDS	contig00134	4899	5912	3	+	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3819 CDS	contig00134	6402	6989	3	+	588
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3820 CDS	contig00134	7805	7068	-2	-	738

ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3821	CDS	contig00134	7913	8215	2	+	303
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3822	CDS	contig00134	8739	8284	-3	-	456
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3823	CDS	contig00134	9020	9883	2	+	864
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3824	CDS	contig00134	10413	9946	-3	-	468
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3825	CDS	contig00134	10533	11597	3	+	1065
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3826	CDS	contig00134	11727	12410	3	+	684
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3827	CDS	contig00134	15597	12487	-3	-	3111
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3828	CDS	contig00134	16646	15600	-2	-	1047
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3829	CDS	contig00136	126	13	-3	-	114
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3830	CDS	contig00136	1995	187	-3	-	1809
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3831	CDS	contig00136	2242	2015	-1	-	228
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3832	CDS	contig00136	2281	3339	1	+	1059
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3833	CDS	contig00136	3480	4670	3	+	1191
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3834	CDS	contig00136	6374	4938	-2	-	1437
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3835	CDS	contig00136	6998	8113	2	+	1116
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3836	CDS	contig00136	9207	8194	-3	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3837	CDS	contig00136	11156	9300	-2	-	1857
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3838	CDS	contig00136	11375	13378	2	+	2004
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3839	CDS	contig00136	13432	15402	1	+	1971
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3840	CDS	contig00136	15482	16303	2	+	822
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3841	CDS	contig00136	16428	17900	3	+	1473
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3842	CDS	contig00136	18890	17943	-2	-	948
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3843	CDS	contig00136	19499	18942	-2	-	558
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3844	CDS	contig00136	19601	20215	2	+	615
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3845	CDS	contig00136	20796	20287	-3	-	510
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3846	CDS	contig00136	22457	20865	-2	-	1593
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3847	CDS	contig00136	22904	23746	2	+	843
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3848	CDS	contig00136	24049	24648	1	+	600
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3849	CDS	contig00136	25329	24925	-3	-	405
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3850	CDS	contig00136	25838	27424	2	+	1587
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3851	CDS	contig00136	27533	28309	2	+	777
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3852	CDS	contig00136	28314	28748	3	+	435
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3853	CDS	contig00136	28784	30682	2	+	1899
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3854	CDS	contig00136	30859	31503	1	+	645
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3855	CDS	contig00136	31566	33329	3	+	1764
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3856	CDS	contig00136	33375	33929	3	+	555
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3857	CDS	contig00138	470	877	2	+	408
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3858	CDS	contig00138	2960	945	-2	-	2016
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3859	CDS	contig00138	3148	3714	1	+	567
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3860	CDS	contig00138	3733	4839	1	+	1107
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3861	CDS	contig00138	4851	7922	3	+	3072
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3862	CDS	contig00138	8033	8284	2	+	252
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3863	CDS	contig00138	9899	8415	-2	-	1485
ETJB5C	fig 6666666.3234.peg.3864	CDS	contig00138	10098	10910	3	+	813
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.1	RNA	contig00015	90266	90338	2	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.2	RNA	contig00016	61	133	1	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.3	RNA	contig00019	89866	89947	1	+	82
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.4	RNA	contig00019	95860	95788	-1	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.5	RNA	contig00019	95942	95870	-2	-	73



ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.6	RNA	contig00019	96025	95953	-1	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.7	RNA	contig00019	96176	96104	-2	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.8	RNA	contig00025	58	145	1	+	88
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.9	RNA	contig00026	31263	31179	-3	-	85
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.10	RNA	contig00031	51997	52070	1	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.11	RNA	contig00032	51	123	3	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.12	RNA	contig00032	129	201	3	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.13	RNA	contig00032	266	338	2	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.14	RNA	contig00033	72	1	-3	-	72
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.15	RNA	contig00034	66	1	-3	-	66
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.16	RNA	contig00034	147	75	-3	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.17	RNA	contig00036	129189	129262	3	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.18	RNA	contig00038	207	134	-3	-	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.19	RNA	contig00038	20273	20346	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.20	RNA	contig00044	11427	11523	3	+	97
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.21	RNA	contig00047	131	44	-2	-	88
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.22	RNA	contig00048	46755	46682	-3	-	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.23	RNA	contig00051	8	81	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.24	RNA	contig00052	9	128	3	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.25	RNA	contig00053	80	153	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.26	RNA	contig00054	112	231	1	+	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.27	RNA	contig00054	293	366	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.28	RNA	contig00055	26482	26563	1	+	82
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.29	RNA	contig00055	26636	26709	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.30	RNA	contig00055	75234	75322	3	+	89
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.31	RNA	contig00057	69189	69118	-3	-	72
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.32	RNA	contig00061	66	139	3	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.33	RNA	contig00061	179	252	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.34	RNA	contig00065	17	89	2	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.35	RNA	contig00076	162716	162787	2	+	72
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.36	RNA	contig00079	18	105	3	+	88
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.37	RNA	contig00085	1104	91	-3	-	1014
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.38	RNA	contig00086	486	1	-3	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.39	RNA	contig00087	2375	2303	-2	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.40	RNA	contig00090	21284	21356	2	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.41	RNA	contig00091	175	103	-1	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.42	RNA	contig00091	262	191	-1	-	72
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.43	RNA	contig00091	381	301	-3	-	81
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.44	RNA	contig00091	490	418	-1	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.45	RNA	contig00093	71	144	2	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.46	RNA	contig00093	180	252	3	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.47	RNA	contig00093	316	389	1	+	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.48	RNA	contig00093	426	498	3	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.49	RNA	contig00093	88009	87937	-1	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.50	RNA	contig00118	53	136	2	+	84
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.51	RNA	contig00119	26	98	2	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.52	RNA	contig00123	486	1	-3	-	486
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.53	RNA	contig00134	134	62	-2	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.54	RNA	contig00134	221	151	-2	-	71

ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.55	RNA	contig00136	34244	34314	2	+	71
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.56	RNA	contig00136	34336	34408	1	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.57	RNA	contig00137	146	74	-2	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.58	RNA	contig00138	78	6	-3	-	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.59	RNA	contig00138	190	117	-1	-	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.60	RNA	contig00138	11075	10956	-2	-	120
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.61	RNA	contig00138	11167	11094	-1	-	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.62	RNA	contig00139	1	2859	1	+	2859
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.63	RNA	contig00145	72	1	-3	-	72
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.64	RNA	contig00145	186	113	-3	-	74
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.65	RNA	contig00148	34	101	1	+	68
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.66	RNA	contig00149	38	110	2	+	73
ETJB5C	fig 6666666.3234.ma.67	RNA	contig00150	49	105	1	+	57
ES114	fig 6666666.3235.peg.1	CDS	contig00001	1777	1364	-1	-	414
ES114	fig 6666666.3235.peg.2	CDS	contig00001	1864	2220	1	+	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.3	CDS	contig00001	2333	3292	2	+	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.4	CDS	contig00001	3470	4588	2	+	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.5	CDS	contig00001	4590	7742	3	+	3153
ES114	fig 6666666.3235.peg.6	CDS	contig00001	7935	8897	3	+	963
ES114	fig 6666666.3235.peg.7	CDS	contig00001	8994	9791	3	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.8	CDS	contig00001	10937	9867	-2	-	1071
ES114	fig 6666666.3235.peg.9	CDS	contig00001	11299	11778	1	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.10	CDS	contig00001	12052	12324	1	+	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.11	CDS	contig00001	12864	12394	-3	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.12	CDS	contig00001	13001	13888	2	+	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.13	CDS	contig00001	14004	13885	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.14	CDS	contig00001	14441	14166	-2	-	276
ES114	fig 6666666.3235.peg.15	CDS	contig00001	14751	14473	-3	-	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.16	CDS	contig00001	14984	15631	2	+	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.17	CDS	contig00001	15955	16368	1	+	414
ES114	fig 6666666.3235.peg.18	CDS	contig00001	16454	16732	2	+	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.19	CDS	contig00001	16768	17052	1	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.20	CDS	contig00002	776	1018	2	+	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.21	CDS	contig00002	1676	1083	-2	-	594
ES114	fig 6666666.3235.peg.22	CDS	contig00002	2087	1821	-2	-	267
ES114	fig 6666666.3235.peg.23	CDS	contig00002	2690	2088	-2	-	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.24	CDS	contig00002	2761	3999	1	+	1239
ES114	fig 6666666.3235.peg.25	CDS	contig00002	4003	4671	1	+	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.26	CDS	contig00002	4664	5617	2	+	954
ES114	fig 6666666.3235.peg.27	CDS	contig00002	5833	6693	1	+	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.28	CDS	contig00002	7174	7497	1	+	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.29	CDS	contig00002	7504	8346	1	+	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.30	CDS	contig00002	8835	8425	-3	-	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.31	CDS	contig00002	8957	9499	2	+	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.32	CDS	contig00002	9496	10353	1	+	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.33	CDS	contig00002	12854	10431	-2	-	2424
ES114	fig 6666666.3235.peg.34	CDS	contig00002	13096	13722	1	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.35	CDS	contig00002	13848	14642	3	+	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.36	CDS	contig00002	14768	16099	2	+	1332

ES114	fig 6666666.3235.peg.37	CDS	contig00002	17582	16167	-2	-	1416
ES114	fig 6666666.3235.peg.38	CDS	contig00002	17539	17736	1	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.39	CDS	contig00002	17817	18494	3	+	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.40	CDS	contig00002	18545	18919	2	+	375
ES114	fig 6666666.3235.peg.41	CDS	contig00002	20081	18975	-2	-	1107
ES114	fig 6666666.3235.peg.42	CDS	contig00002	20494	22341	1	+	1848
ES114	fig 6666666.3235.peg.43	CDS	contig00002	22390	23061	1	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.44	CDS	contig00002	23127	23915	3	+	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.45	CDS	contig00002	24360	23878	-3	-	483
ES114	fig 6666666.3235.peg.46	CDS	contig00003	1318	2007	1	+	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.47	CDS	contig00003	2121	2303	3	+	183
ES114	fig 6666666.3235.peg.48	CDS	contig00003	2982	2287	-3	-	696
ES114	fig 6666666.3235.peg.49	CDS	contig00003	3917	2991	-2	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.50	CDS	contig00003	4321	5349	1	+	1029
ES114	fig 6666666.3235.peg.51	CDS	contig00003	5519	6607	2	+	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.52	CDS	contig00003	6610	7707	1	+	1098
ES114	fig 6666666.3235.peg.53	CDS	contig00003	7735	8484	1	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.54	CDS	contig00003	8703	9365	3	+	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.55	CDS	contig00003	10438	9458	-1	-	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.56	CDS	contig00003	10722	13076	3	+	2355
ES114	fig 6666666.3235.peg.57	CDS	contig00003	13078	13953	1	+	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.58	CDS	contig00003	14092	14787	1	+	696
ES114	fig 6666666.3235.peg.59	CDS	contig00003	16326	14854	-3	-	1473
ES114	fig 6666666.3235.peg.60	CDS	contig00003	16810	16334	-1	-	477
ES114	fig 6666666.3235.peg.61	CDS	contig00003	18269	16926	-2	-	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.62	CDS	contig00003	18670	19344	1	+	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.63	CDS	contig00003	20222	19341	-2	-	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.64	CDS	contig00003	20608	21852	1	+	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.65	CDS	contig00003	21894	22604	3	+	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.66	CDS	contig00003	23050	22601	-1	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.67	CDS	contig00003	23577	23050	-3	-	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.68	CDS	contig00003	25460	23574	-2	-	1887
ES114	fig 6666666.3235.peg.69	CDS	contig00003	26491	25535	-1	-	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.70	CDS	contig00003	27179	26493	-2	-	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.71	CDS	contig00003	27774	27181	-3	-	594
ES114	fig 6666666.3235.peg.72	CDS	contig00003	28244	29680	2	+	1437
ES114	fig 6666666.3235.peg.73	CDS	contig00003	30409	29774	-1	-	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.74	CDS	contig00003	31344	30571	-3	-	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.75	CDS	contig00003	31556	31440	-2	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.76	CDS	contig00003	33780	31783	-3	-	1998
ES114	fig 6666666.3235.peg.77	CDS	contig00003	33935	35623	2	+	1689
ES114	fig 6666666.3235.peg.78	CDS	contig00003	35734	36066	1	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.79	CDS	contig00003	36141	36770	3	+	630
ES114	fig 6666666.3235.peg.80	CDS	contig00003	38157	36826	-3	-	1332
ES114	fig 6666666.3235.peg.81	CDS	contig00003	39794	38454	-2	-	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.82	CDS	contig00003	39934	40302	1	+	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.83	CDS	contig00003	41175	40333	-3	-	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.84	CDS	contig00003	42874	41165	-1	-	1710
ES114	fig 6666666.3235.peg.85	CDS	contig00003	43429	42878	-1	-	552

ES114	fig 6666666.3235.peg.86	CDS	contig00003	45754	43586	-1	-	2169
ES114	fig 6666666.3235.peg.87	CDS	contig00004	675	28	-3	-	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.88	CDS	contig00004	913	1611	1	+	699
ES114	fig 6666666.3235.peg.89	CDS	contig00004	1791	3236	3	+	1446
ES114	fig 6666666.3235.peg.90	CDS	contig00004	3350	3237	-2	-	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.91	CDS	contig00004	3349	4293	1	+	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.92	CDS	contig00005	2824	452	-1	-	2373
ES114	fig 6666666.3235.peg.93	CDS	contig00005	5314	2849	-1	-	2466
ES114	fig 6666666.3235.peg.94	CDS	contig00005	5374	6081	1	+	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.95	CDS	contig00005	6247	6696	1	+	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.96	CDS	contig00005	6761	7654	2	+	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.97	CDS	contig00005	7675	9102	1	+	1428
ES114	fig 6666666.3235.peg.98	CDS	contig00005	9099	9584	3	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.99	CDS	contig00005	9607	10401	1	+	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.100	CDS	contig00005	10411	11286	1	+	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.101	CDS	contig00005	12140	11370	-2	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.102	CDS	contig00005	13057	12140	-1	-	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.103	CDS	contig00005	14865	13210	-3	-	1656
ES114	fig 6666666.3235.peg.104	CDS	contig00005	15158	15814	2	+	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.105	CDS	contig00005	16186	15935	-1	-	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.106	CDS	contig00005	17248	16718	-1	-	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.107	CDS	contig00005	17623	18228	1	+	606
ES114	fig 6666666.3235.peg.108	CDS	contig00007	432	683	3	+	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.109	CDS	contig00007	720	2507	3	+	1788
ES114	fig 6666666.3235.peg.110	CDS	contig00007	2523	3653	3	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.111	CDS	contig00007	3750	4181	3	+	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.112	CDS	contig00007	4191	7043	3	+	2853
ES114	fig 6666666.3235.peg.113	CDS	contig00007	7175	8740	2	+	1566
ES114	fig 6666666.3235.peg.114	CDS	contig00007	8807	9406	2	+	600
ES114	fig 6666666.3235.peg.115	CDS	contig00007	9438	9956	3	+	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.116	CDS	contig00007	11323	10049	-1	-	1275
ES114	fig 6666666.3235.peg.117	CDS	contig00007	12251	11457	-2	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.118	CDS	contig00007	12403	13776	1	+	1374
ES114	fig 6666666.3235.peg.119	CDS	contig00007	14034	14282	3	+	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.120	CDS	contig00007	14310	14837	3	+	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.121	CDS	contig00007	14860	15609	1	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.122	CDS	contig00007	15651	16004	3	+	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.123	CDS	contig00007	16221	17294	3	+	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.124	CDS	contig00007	17301	18434	3	+	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.125	CDS	contig00007	19521	18508	-3	-	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.126	CDS	contig00007	19908	19546	-3	-	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.127	CDS	contig00007	21690	20023	-3	-	1668
ES114	fig 6666666.3235.peg.128	CDS	contig00007	21863	23812	2	+	1950
ES114	fig 6666666.3235.peg.129	CDS	contig00007	23908	24234	1	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.130	CDS	contig00007	24715	24203	-1	-	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.131	CDS	contig00007	25916	24738	-2	-	1179
ES114	fig 6666666.3235.peg.132	CDS	contig00007	26384	26031	-2	-	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.133	CDS	contig00007	27548	26823	-2	-	726
ES114	fig 6666666.3235.peg.134	CDS	contig00007	27710	28684	2	+	975

ES114	fig 6666666.3235.peg.135	CDS	contig00007	28687	29421	1	+	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.136	CDS	contig00007	29527	32112	1	+	2586
ES114	fig 6666666.3235.peg.137	CDS	contig00008	144	359	3	+	216
ES114	fig 6666666.3235.peg.138	CDS	contig00008	991	413	-1	-	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.139	CDS	contig00008	1106	2827	2	+	1722
ES114	fig 6666666.3235.peg.140	CDS	contig00008	2839	6624	1	+	3786
ES114	fig 6666666.3235.peg.141	CDS	contig00009	1811	279	-2	-	1533
ES114	fig 6666666.3235.peg.142	CDS	contig00009	3657	1816	-3	-	1842
ES114	fig 6666666.3235.peg.143	CDS	contig00009	4622	3675	-2	-	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.144	CDS	contig00009	4880	4635	-2	-	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.145	CDS	contig00009	6526	4880	-1	-	1647
ES114	fig 6666666.3235.peg.146	CDS	contig00009	6934	8460	1	+	1527
ES114	fig 6666666.3235.peg.147	CDS	contig00009	8560	9423	1	+	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.148	CDS	contig00009	10070	9468	-2	-	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.149	CDS	contig00009	11094	10111	-3	-	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.150	CDS	contig00009	12569	11151	-2	-	1419
ES114	fig 6666666.3235.peg.151	CDS	contig00009	13044	12781	-3	-	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.152	CDS	contig00009	13314	13195	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.153	CDS	contig00009	13603	14391	1	+	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.154	CDS	contig00009	14491	15138	1	+	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.155	CDS	contig00009	16646	15201	-2	-	1446
ES114	fig 6666666.3235.peg.156	CDS	contig00009	18025	16649	-1	-	1377
ES114	fig 6666666.3235.peg.157	CDS	contig00009	19405	18050	-1	-	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.158	CDS	contig00009	20382	19435	-3	-	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.159	CDS	contig00009	20912	20400	-2	-	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.160	CDS	contig00009	21030	21356	3	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.161	CDS	contig00009	21341	22099	2	+	759
ES114	fig 6666666.3235.peg.162	CDS	contig00009	22180	23217	1	+	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.163	CDS	contig00009	23220	23693	3	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.164	CDS	contig00009	23704	24273	1	+	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.165	CDS	contig00009	25423	24311	-1	-	1113
ES114	fig 6666666.3235.peg.166	CDS	contig00009	25911	25426	-3	-	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.167	CDS	contig00009	26111	26668	2	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.168	CDS	contig00009	26741	27562	2	+	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.169	CDS	contig00009	27562	27825	1	+	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.170	CDS	contig00009	28363	27818	-1	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.171	CDS	contig00010	242	3295	2	+	3054
ES114	fig 6666666.3235.peg.172	CDS	contig00010	4612	3560	-1	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.173	CDS	contig00010	5436	4648	-3	-	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.174	CDS	contig00010	7439	5592	-2	-	1848
ES114	fig 6666666.3235.peg.175	CDS	contig00010	7903	8682	1	+	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.176	CDS	contig00010	8869	12018	1	+	3150
ES114	fig 6666666.3235.peg.177	CDS	contig00010	12033	12740	3	+	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.178	CDS	contig00010	12850	14346	1	+	1497
ES114	fig 6666666.3235.peg.179	CDS	contig00010	14532	14894	3	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.180	CDS	contig00010	15628	16512	1	+	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.181	CDS	contig00010	16586	17521	2	+	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.182	CDS	contig00010	17514	18464	3	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.183	CDS	contig00010	18473	19234	2	+	762

ES114	fig 6666666.3235.peg.184	CDS	contig00010	19246	20040	1	+	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.185	CDS	contig00010	20143	20400	1	+	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.186	CDS	contig00010	20537	21247	2	+	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.187	CDS	contig00010	21358	21903	1	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.188	CDS	contig00010	22873	21977	-1	-	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.189	CDS	contig00010	23421	22975	-3	-	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.190	CDS	contig00010	24007	23447	-1	-	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.191	CDS	contig00010	24444	24004	-3	-	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.192	CDS	contig00010	24562	25131	1	+	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.193	CDS	contig00010	25182	25367	3	+	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.194	CDS	contig00010	25536	26384	3	+	849
ES114	fig 6666666.3235.peg.195	CDS	contig00010	27401	26475	-2	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.196	CDS	contig00010	30197	27492	-2	-	2706
ES114	fig 6666666.3235.peg.197	CDS	contig00010	30593	33046	2	+	2454
ES114	fig 6666666.3235.peg.198	CDS	contig00010	33099	35279	3	+	2181
ES114	fig 6666666.3235.peg.199	CDS	contig00010	35294	37480	2	+	2187
ES114	fig 6666666.3235.peg.200	CDS	contig00010	38231	37578	-2	-	654
ES114	fig 6666666.3235.peg.201	CDS	contig00010	38525	39742	2	+	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.202	CDS	contig00010	39732	41192	3	+	1461
ES114	fig 6666666.3235.peg.203	CDS	contig00010	41324	41986	2	+	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.204	CDS	contig00010	43300	42059	-1	-	1242
ES114	fig 6666666.3235.peg.205	CDS	contig00010	43502	44434	2	+	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.206	CDS	contig00010	46377	44794	-3	-	1584
ES114	fig 6666666.3235.peg.207	CDS	contig00010	46748	46425	-2	-	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.208	CDS	contig00010	47970	46861	-3	-	1110
ES114	fig 6666666.3235.peg.209	CDS	contig00010	48379	49563	1	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.210	CDS	contig00010	49709	51253	2	+	1545
ES114	fig 6666666.3235.peg.211	CDS	contig00010	51322	52212	1	+	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.212	CDS	contig00010	53389	52427	-1	-	963
ES114	fig 6666666.3235.peg.213	CDS	contig00010	53880	53389	-3	-	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.214	CDS	contig00011	4372	917	-1	-	3456
ES114	fig 6666666.3235.peg.215	CDS	contig00011	4957	4388	-1	-	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.216	CDS	contig00011	5125	6333	1	+	1209
ES114	fig 6666666.3235.peg.217	CDS	contig00011	6326	7042	2	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.218	CDS	contig00011	7042	8286	1	+	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.219	CDS	contig00011	8451	9800	3	+	1350
ES114	fig 6666666.3235.peg.220	CDS	contig00011	9800	10354	2	+	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.221	CDS	contig00011	10390	11112	1	+	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.222	CDS	contig00011	11118	12164	3	+	1047
ES114	fig 6666666.3235.peg.223	CDS	contig00011	12302	13804	2	+	1503
ES114	fig 6666666.3235.peg.224	CDS	contig00011	13801	14523	1	+	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.225	CDS	contig00011	14560	16008	1	+	1449
ES114	fig 6666666.3235.peg.226	CDS	contig00011	16747	16082	-1	-	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.227	CDS	contig00011	17371	17994	1	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.228	CDS	contig00011	18305	18745	2	+	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.229	CDS	contig00011	18766	18915	1	+	150
ES114	fig 6666666.3235.peg.230	CDS	contig00011	18912	19301	3	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.231	CDS	contig00011	19354	21045	1	+	1692
ES114	fig 6666666.3235.peg.232	CDS	contig00011	21263	22387	2	+	1125

ES114	fig 6666666.3235.peg.233	CDS	contig00011	22508	23860	2	+	1353
ES114	fig 6666666.3235.peg.234	CDS	contig00011	23860	25173	1	+	1314
ES114	fig 6666666.3235.peg.235	CDS	contig00011	25416	26222	3	+	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.236	CDS	contig00011	26291	26539	2	+	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.237	CDS	contig00011	26605	28233	1	+	1629
ES114	fig 6666666.3235.peg.238	CDS	contig00011	29515	28292	-1	-	1224
ES114	fig 6666666.3235.peg.239	CDS	contig00011	30768	29671	-3	-	1098
ES114	fig 6666666.3235.peg.240	CDS	contig00011	32172	30955	-3	-	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.241	CDS	contig00012	169	936	1	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.242	CDS	contig00012	1111	1662	1	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.243	CDS	contig00012	3173	1755	-2	-	1419
ES114	fig 6666666.3235.peg.244	CDS	contig00012	3421	3783	1	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.245	CDS	contig00012	4206	5363	3	+	1158
ES114	fig 6666666.3235.peg.246	CDS	contig00012	5356	6636	1	+	1281
ES114	fig 6666666.3235.peg.247	CDS	contig00012	6633	7850	3	+	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.248	CDS	contig00012	7854	9137	3	+	1284
ES114	fig 6666666.3235.peg.249	CDS	contig00012	9130	9855	1	+	726
ES114	fig 6666666.3235.peg.250	CDS	contig00012	10894	9878	-1	-	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.251	CDS	contig00012	11075	12319	2	+	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.252	CDS	contig00012	12316	15996	1	+	3681
ES114	fig 6666666.3235.peg.253	CDS	contig00012	16029	16514	3	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.254	CDS	contig00012	16683	16910	3	+	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.255	CDS	contig00012	16975	17145	1	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.256	CDS	contig00012	17610	18764	3	+	1155
ES114	fig 6666666.3235.peg.257	CDS	contig00012	18876	20042	3	+	1167
ES114	fig 6666666.3235.peg.258	CDS	contig00012	20114	20470	2	+	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.259	CDS	contig00012	20501	20860	2	+	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.260	CDS	contig00012	21463	20915	-1	-	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.261	CDS	contig00012	23039	21678	-2	-	1362
ES114	fig 6666666.3235.peg.262	CDS	contig00012	24385	23135	-1	-	1251
ES114	fig 6666666.3235.peg.263	CDS	contig00012	25156	24575	-1	-	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.264	CDS	contig00012	26543	25173	-2	-	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.265	CDS	contig00012	26708	28237	2	+	1530
ES114	fig 6666666.3235.peg.266	CDS	contig00012	28369	28725	1	+	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.267	CDS	contig00012	28828	29862	1	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.268	CDS	contig00012	29865	30947	3	+	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.269	CDS	contig00012	30944	34021	2	+	3078
ES114	fig 6666666.3235.peg.270	CDS	contig00012	34148	34534	2	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.271	CDS	contig00012	35778	34588	-3	-	1191
ES114	fig 6666666.3235.peg.272	CDS	contig00012	35923	36273	1	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.273	CDS	contig00012	36515	37660	2	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.274	CDS	contig00012	37820	38419	2	+	600
ES114	fig 6666666.3235.peg.275	CDS	contig00012	38630	39883	2	+	1254
ES114	fig 6666666.3235.peg.276	CDS	contig00012	40063	41466	1	+	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.277	CDS	contig00012	41477	42487	2	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.278	CDS	contig00012	42477	43586	3	+	1110
ES114	fig 6666666.3235.peg.279	CDS	contig00012	43631	44284	2	+	654
ES114	fig 6666666.3235.peg.280	CDS	contig00012	44487	44873	3	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.281	CDS	contig00012	45957	45043	-3	-	915

ES114	fig 6666666.3235.peg.282	CDS	contig00012	47218	46106	-1	-	1113
ES114	fig 6666666.3235.peg.283	CDS	contig00012	47529	48761	3	+	1233
ES114	fig 6666666.3235.peg.284	CDS	contig00012	49034	48825	-2	-	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.285	CDS	contig00012	50963	49182	-2	-	1782
ES114	fig 6666666.3235.peg.286	CDS	contig00012	52596	51463	-3	-	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.287	CDS	contig00012	55045	52769	-1	-	2277
ES114	fig 6666666.3235.peg.288	CDS	contig00012	56246	55542	-2	-	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.289	CDS	contig00012	56572	59208	1	+	2637
ES114	fig 6666666.3235.peg.290	CDS	contig00012	59489	59268	-2	-	222
ES114	fig 6666666.3235.peg.291	CDS	contig00012	60380	59673	-2	-	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.292	CDS	contig00012	60610	61158	1	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.293	CDS	contig00013	664	287	-1	-	378
ES114	fig 6666666.3235.peg.294	CDS	contig00013	1586	651	-2	-	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.295	CDS	contig00013	1709	2905	2	+	1197
ES114	fig 6666666.3235.peg.296	CDS	contig00013	2905	3936	1	+	1032
ES114	fig 6666666.3235.peg.297	CDS	contig00013	4020	4361	3	+	342
ES114	fig 6666666.3235.peg.298	CDS	contig00013	5665	4436	-1	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.299	CDS	contig00013	8190	5860	-3	-	2331
ES114	fig 6666666.3235.peg.300	CDS	contig00014	438	863	3	+	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.301	CDS	contig00022	1955	678	-2	-	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.302	CDS	contig00022	2138	5818	2	+	3681
ES114	fig 6666666.3235.peg.303	CDS	contig00022	7236	5884	-3	-	1353
ES114	fig 6666666.3235.peg.304	CDS	contig00022	7721	8800	2	+	1080
ES114	fig 6666666.3235.peg.305	CDS	contig00022	10612	8852	-1	-	1761
ES114	fig 6666666.3235.peg.306	CDS	contig00022	13534	10709	-1	-	2826
ES114	fig 6666666.3235.peg.307	CDS	contig00022	14575	13706	-1	-	870
ES114	fig 6666666.3235.peg.308	CDS	contig00022	15160	14756	-1	-	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.309	CDS	contig00022	16280	15147	-2	-	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.310	CDS	contig00022	17457	16285	-3	-	1173
ES114	fig 6666666.3235.peg.311	CDS	contig00025	422	733	2	+	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.312	CDS	contig00025	746	1375	2	+	630
ES114	fig 6666666.3235.peg.313	CDS	contig00025	1393	1995	1	+	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.314	CDS	contig00025	1992	2294	3	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.315	CDS	contig00025	2310	3134	3	+	825
ES114	fig 6666666.3235.peg.316	CDS	contig00025	3268	3432	1	+	165
ES114	fig 6666666.3235.peg.317	CDS	contig00025	3443	3775	2	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.318	CDS	contig00025	3795	4493	3	+	699
ES114	fig 6666666.3235.peg.319	CDS	contig00025	4505	4915	2	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.320	CDS	contig00025	4915	5106	1	+	192
ES114	fig 6666666.3235.peg.321	CDS	contig00025	5106	5360	3	+	255
ES114	fig 6666666.3235.peg.322	CDS	contig00025	5525	5896	2	+	372
ES114	fig 6666666.3235.peg.323	CDS	contig00025	5910	6224	3	+	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.324	CDS	contig00025	6239	6778	2	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.325	CDS	contig00025	6796	7101	1	+	306
ES114	fig 6666666.3235.peg.326	CDS	contig00025	7131	7523	3	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.327	CDS	contig00025	7536	8069	3	+	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.328	CDS	contig00025	8079	8432	3	+	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.329	CDS	contig00025	8447	8947	2	+	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.330	CDS	contig00025	8953	9132	1	+	180



ES114	fig 6666666.3235.peg.331	CDS	contig00025	9138	9572	3	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.332	CDS	contig00025	9593	10924	2	+	1332
ES114	fig 6666666.3235.peg.333	CDS	contig00025	10955	11068	2	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.334	CDS	contig00025	11218	11574	1	+	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.335	CDS	contig00025	11596	11985	1	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.336	CDS	contig00025	12017	12637	2	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.337	CDS	contig00025	12661	13650	1	+	990
ES114	fig 6666666.3235.peg.338	CDS	contig00025	13687	14067	1	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.339	CDS	contig00025	15164	14154	-2	-	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.340	CDS	contig00025	15385	16728	1	+	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.341	CDS	contig00025	16731	17348	3	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.342	CDS	contig00025	17563	18579	1	+	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.343	CDS	contig00025	18621	20225	3	+	1605
ES114	fig 6666666.3235.peg.344	CDS	contig00025	20225	20929	2	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.345	CDS	contig00025	21123	24032	3	+	2910
ES114	fig 6666666.3235.peg.346	CDS	contig00025	24095	24832	2	+	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.347	CDS	contig00025	25321	24884	-1	-	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.348	CDS	contig00025	27952	25373	-1	-	2580
ES114	fig 6666666.3235.peg.349	CDS	contig00025	29220	28246	-3	-	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.350	CDS	contig00025	30021	29551	-3	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.351	CDS	contig00025	30295	31230	1	+	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.352	CDS	contig00025	32290	31319	-1	-	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.353	CDS	contig00025	32567	32878	2	+	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.354	CDS	contig00025	32896	33153	1	+	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.355	CDS	contig00025	33390	34562	3	+	1173
ES114	fig 6666666.3235.peg.356	CDS	contig00025	34696	35466	1	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.357	CDS	contig00025	35459	35950	2	+	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.358	CDS	contig00025	35973	36452	3	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.359	CDS	contig00025	37522	36707	-1	-	816
ES114	fig 6666666.3235.peg.360	CDS	contig00025	38413	37595	-1	-	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.361	CDS	contig00025	39399	38410	-3	-	990
ES114	fig 6666666.3235.peg.362	CDS	contig00025	40705	39392	-1	-	1314
ES114	fig 6666666.3235.peg.363	CDS	contig00025	43133	40773	-2	-	2361
ES114	fig 6666666.3235.peg.364	CDS	contig00025	43340	44191	2	+	852
ES114	fig 6666666.3235.peg.365	CDS	contig00025	45037	44258	-1	-	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.366	CDS	contig00025	45762	45160	-3	-	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.367	CDS	contig00025	47190	45775	-3	-	1416
ES114	fig 6666666.3235.peg.368	CDS	contig00025	48297	47206	-3	-	1092
ES114	fig 6666666.3235.peg.369	CDS	contig00025	49926	48379	-3	-	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.370	CDS	contig00026	520	1038	1	+	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.371	CDS	contig00026	1028	1531	2	+	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.372	CDS	contig00026	2054	1587	-2	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.373	CDS	contig00026	2264	2665	2	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.374	CDS	contig00026	2655	3101	3	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.375	CDS	contig00026	3198	4778	3	+	1581
ES114	fig 6666666.3235.peg.376	CDS	contig00026	4924	5037	1	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.377	CDS	contig00026	5037	5813	3	+	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.378	CDS	contig00026	6012	7268	3	+	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.379	CDS	contig00026	7554	7724	3	+	171

ES114	fig 6666666.3235.peg.380	CDS	contig00026	8001	8777	3	+	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.381	CDS	contig00026	8893	10224	1	+	1332
ES114	fig 6666666.3235.peg.382	CDS	contig00026	10235	11467	2	+	1233
ES114	fig 6666666.3235.peg.383	CDS	contig00026	11538	12254	3	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.384	CDS	contig00026	12914	12318	-2	-	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.385	CDS	contig00026	13049	14017	2	+	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.386	CDS	contig00026	14277	14492	3	+	216
ES114	fig 6666666.3235.peg.387	CDS	contig00026	14504	14941	2	+	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.388	CDS	contig00026	14949	15761	3	+	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.389	CDS	contig00026	15765	17075	3	+	1311
ES114	fig 6666666.3235.peg.390	CDS	contig00026	17072	17542	2	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.391	CDS	contig00026	17592	18830	3	+	1239
ES114	fig 6666666.3235.peg.392	CDS	contig00026	18837	20126	3	+	1290
ES114	fig 6666666.3235.peg.393	CDS	contig00026	20126	21043	2	+	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.394	CDS	contig00026	21043	21915	1	+	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.395	CDS	contig00026	21908	22648	2	+	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.396	CDS	contig00026	22657	23142	1	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.397	CDS	contig00026	23117	23665	2	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.398	CDS	contig00026	23668	25059	1	+	1392
ES114	fig 6666666.3235.peg.399	CDS	contig00026	25075	25734	1	+	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.400	CDS	contig00026	26517	25789	-3	-	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.401	CDS	contig00026	28101	26758	-3	-	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.402	CDS	contig00026	28784	28104	-2	-	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.403	CDS	contig00026	30163	28898	-1	-	1266
ES114	fig 6666666.3235.peg.404	CDS	contig00026	31241	30228	-2	-	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.405	CDS	contig00026	31363	32745	1	+	1383
ES114	fig 6666666.3235.peg.406	CDS	contig00026	32941	35028	1	+	2088
ES114	fig 6666666.3235.peg.407	CDS	contig00026	35325	35095	-3	-	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.408	CDS	contig00026	36707	35430	-2	-	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.409	CDS	contig00026	37960	36719	-1	-	1242
ES114	fig 6666666.3235.peg.410	CDS	contig00026	40026	38404	-3	-	1623
ES114	fig 6666666.3235.peg.411	CDS	contig00026	42855	40291	-3	-	2565
ES114	fig 6666666.3235.peg.412	CDS	contig00026	42963	43460	3	+	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.413	CDS	contig00026	43601	44647	2	+	1047
ES114	fig 6666666.3235.peg.414	CDS	contig00026	44890	47469	1	+	2580
ES114	fig 6666666.3235.peg.415	CDS	contig00026	47482	48651	1	+	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.416	CDS	contig00026	48733	48930	1	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.417	CDS	contig00027	292	1062	1	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.418	CDS	contig00027	1303	1118	-1	-	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.419	CDS	contig00027	2055	1402	-3	-	654
ES114	fig 6666666.3235.peg.420	CDS	contig00027	2207	2626	2	+	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.421	CDS	contig00027	2726	3034	2	+	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.422	CDS	contig00027	3542	3099	-2	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.423	CDS	contig00027	4546	3542	-1	-	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.424	CDS	contig00027	5047	4682	-1	-	366
ES114	fig 6666666.3235.peg.425	CDS	contig00027	5924	5373	-2	-	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.426	CDS	contig00027	6242	7480	2	+	1239
ES114	fig 6666666.3235.peg.427	CDS	contig00027	7590	9182	3	+	1593
ES114	fig 6666666.3235.peg.428	CDS	contig00027	9241	9945	1	+	705

ES114	fig 6666666.3235.peg.429	CDS	contig00027	10109	10336	2	+	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.430	CDS	contig00027	10371	10640	3	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.431	CDS	contig00027	10822	10646	-1	-	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.432	CDS	contig00027	12615	11212	-3	-	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.433	CDS	contig00027	12913	12794	-1	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.434	CDS	contig00027	13191	14837	3	+	1647
ES114	fig 6666666.3235.peg.435	CDS	contig00027	15163	16479	1	+	1317
ES114	fig 6666666.3235.peg.436	CDS	contig00027	17123	16875	-2	-	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.437	CDS	contig00027	17328	17555	3	+	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.438	CDS	contig00027	18157	17627	-1	-	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.439	CDS	contig00027	18156	18269	3	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.440	CDS	contig00027	18928	18353	-1	-	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.441	CDS	contig00027	20705	20001	-2	-	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.442	CDS	contig00027	21004	20840	-1	-	165
ES114	fig 6666666.3235.peg.443	CDS	contig00027	21552	21421	-3	-	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.444	CDS	contig00027	21788	21534	-2	-	255
ES114	fig 6666666.3235.peg.445	CDS	contig00027	22028	21885	-2	-	144
ES114	fig 6666666.3235.peg.446	CDS	contig00027	22587	22039	-3	-	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.447	CDS	contig00027	22855	23646	1	+	792
ES114	fig 6666666.3235.peg.448	CDS	contig00028	1278	754	-3	-	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.449	CDS	contig00028	2353	1400	-1	-	954
ES114	fig 6666666.3235.peg.450	CDS	contig00028	3221	2643	-2	-	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.451	CDS	contig00028	3915	3535	-3	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.452	CDS	contig00028	4352	4185	-2	-	168
ES114	fig 6666666.3235.peg.453	CDS	contig00028	4985	4512	-2	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.454	CDS	contig00028	5375	5091	-2	-	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.455	CDS	contig00028	7276	6731	-1	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.456	CDS	contig00028	7681	7520	-1	-	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.457	CDS	contig00028	7680	7826	3	+	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.458	CDS	contig00029	86	892	2	+	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.459	CDS	contig00029	1890	964	-3	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.460	CDS	contig00029	3782	1890	-2	-	1893
ES114	fig 6666666.3235.peg.461	CDS	contig00029	4083	5342	3	+	1260
ES114	fig 6666666.3235.peg.462	CDS	contig00029	5953	5423	-1	-	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.463	CDS	contig00029	6157	6038	-1	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.464	CDS	contig00029	6189	7340	3	+	1152
ES114	fig 6666666.3235.peg.465	CDS	contig00029	8204	7398	-2	-	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.466	CDS	contig00029	8425	9081	1	+	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.467	CDS	contig00029	9179	9616	2	+	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.468	CDS	contig00029	11071	9737	-1	-	1335
ES114	fig 6666666.3235.peg.469	CDS	contig00029	11396	12583	2	+	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.470	CDS	contig00029	13552	12692	-1	-	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.471	CDS	contig00029	13707	14558	3	+	852
ES114	fig 6666666.3235.peg.472	CDS	contig00029	15339	14545	-3	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.473	CDS	contig00029	15527	16681	2	+	1155
ES114	fig 6666666.3235.peg.474	CDS	contig00029	16718	17842	2	+	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.475	CDS	contig00029	18923	18264	-2	-	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.476	CDS	contig00029	19354	18995	-1	-	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.477	CDS	contig00029	19560	19901	3	+	342

ES114	fig 6666666.3235.peg.478	CDS	contig00029	20049	21044	3	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.479	CDS	contig00029	22977	21103	-3	-	1875
ES114	fig 6666666.3235.peg.480	CDS	contig00029	23185	23054	-1	-	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.481	CDS	contig00029	23481	23963	3	+	483
ES114	fig 6666666.3235.peg.482	CDS	contig00029	24512	26047	2	+	1536
ES114	fig 6666666.3235.peg.483	CDS	contig00029	26164	26039	-1	-	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.484	CDS	contig00029	26288	27154	2	+	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.485	CDS	contig00029	27234	27950	3	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.486	CDS	contig00029	28045	29076	1	+	1032
ES114	fig 6666666.3235.peg.487	CDS	contig00029	32401	30506	-1	-	1896
ES114	fig 6666666.3235.peg.488	CDS	contig00029	32796	32398	-3	-	399
ES114	fig 6666666.3235.peg.489	CDS	contig00029	33296	32802	-2	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.490	CDS	contig00029	34638	33667	-3	-	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.491	CDS	contig00029	36034	34667	-1	-	1368
ES114	fig 6666666.3235.peg.492	CDS	contig00029	36605	36156	-2	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.493	CDS	contig00029	36864	36619	-3	-	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.494	CDS	contig00029	37451	36927	-2	-	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.495	CDS	contig00029	37864	37445	-1	-	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.496	CDS	contig00029	39209	37851	-2	-	1359
ES114	fig 6666666.3235.peg.497	CDS	contig00029	39823	39311	-1	-	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.498	CDS	contig00029	41165	39828	-2	-	1338
ES114	fig 6666666.3235.peg.499	CDS	contig00029	41811	41185	-3	-	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.500	CDS	contig00029	41837	41995	2	+	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.501	CDS	contig00029	42072	42845	3	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.502	CDS	contig00029	43591	42950	-1	-	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.503	CDS	contig00030	968	84	-2	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.504	CDS	contig00030	1107	1790	3	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.505	CDS	contig00030	2230	1787	-1	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.506	CDS	contig00030	2339	2926	2	+	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.507	CDS	contig00030	3018	3857	3	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.508	CDS	contig00030	4766	3864	-2	-	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.509	CDS	contig00030	4943	5464	2	+	522
ES114	fig 6666666.3235.peg.510	CDS	contig00030	5701	7305	1	+	1605
ES114	fig 6666666.3235.peg.511	CDS	contig00030	7572	7357	-3	-	216
ES114	fig 6666666.3235.peg.512	CDS	contig00030	8605	7727	-1	-	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.513	CDS	contig00030	10244	8775	-2	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.514	CDS	contig00030	11050	10241	-1	-	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.515	CDS	contig00030	11517	12320	3	+	804
ES114	fig 6666666.3235.peg.516	CDS	contig00030	12430	12317	-1	-	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.517	CDS	contig00030	12761	13048	2	+	288
ES114	fig 6666666.3235.peg.518	CDS	contig00030	13182	14156	3	+	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.519	CDS	contig00030	14158	16035	1	+	1878
ES114	fig 6666666.3235.peg.520	CDS	contig00030	16175	17377	2	+	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.521	CDS	contig00030	17444	19285	2	+	1842
ES114	fig 6666666.3235.peg.522	CDS	contig00030	19311	20378	3	+	1068
ES114	fig 6666666.3235.peg.523	CDS	contig00030	20378	21499	2	+	1122
ES114	fig 6666666.3235.peg.524	CDS	contig00030	21527	22417	2	+	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.525	CDS	contig00030	22767	22976	3	+	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.526	CDS	contig00030	23253	23462	3	+	210

ES114	fig 6666666.3235.peg.527	CDS	contig00030	24162	23497	-3	-	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.528	CDS	contig00030	25184	24165	-2	-	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.529	CDS	contig00030	25969	25184	-1	-	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.530	CDS	contig00030	26843	25956	-2	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.531	CDS	contig00030	27655	26840	-1	-	816
ES114	fig 6666666.3235.peg.532	CDS	contig00030	28717	27665	-1	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.533	CDS	contig00030	30067	29177	-1	-	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.534	CDS	contig00030	30201	30371	3	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.535	CDS	contig00030	32275	30401	-1	-	1875
ES114	fig 6666666.3235.peg.536	CDS	contig00031	180	1514	3	+	1335
ES114	fig 6666666.3235.peg.537	CDS	contig00031	1635	3773	3	+	2139
ES114	fig 6666666.3235.peg.538	CDS	contig00031	3850	4719	1	+	870
ES114	fig 6666666.3235.peg.539	CDS	contig00031	5037	6422	3	+	1386
ES114	fig 6666666.3235.peg.540	CDS	contig00031	7542	6469	-3	-	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.541	CDS	contig00031	8591	7542	-2	-	1050
ES114	fig 6666666.3235.peg.542	CDS	contig00031	8960	9586	2	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.543	CDS	contig00031	10566	9631	-3	-	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.544	CDS	contig00031	12468	10636	-3	-	1833
ES114	fig 6666666.3235.peg.545	CDS	contig00031	14469	12502	-3	-	1968
ES114	fig 6666666.3235.peg.546	CDS	contig00031	15182	14559	-2	-	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.547	CDS	contig00031	16410	15274	-3	-	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.548	CDS	contig00031	17324	16410	-2	-	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.549	CDS	contig00031	18622	17324	-1	-	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.550	CDS	contig00031	19868	18735	-2	-	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.551	CDS	contig00031	21919	20291	-1	-	1629
ES114	fig 6666666.3235.peg.552	CDS	contig00031	23225	22248	-2	-	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.553	CDS	contig00031	23898	23293	-3	-	606
ES114	fig 6666666.3235.peg.554	CDS	contig00031	24245	23895	-2	-	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.555	CDS	contig00031	25020	24232	-3	-	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.556	CDS	contig00031	25801	25460	-1	-	342
ES114	fig 6666666.3235.peg.557	CDS	contig00031	26094	25813	-3	-	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.558	CDS	contig00031	26776	26129	-1	-	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.559	CDS	contig00031	26928	27113	3	+	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.560	CDS	contig00031	27123	27332	3	+	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.561	CDS	contig00031	27360	27893	3	+	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.562	CDS	contig00031	27904	28374	1	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.563	CDS	contig00031	28371	28772	3	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.564	CDS	contig00031	28772	28900	2	+	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.565	CDS	contig00031	28903	29130	1	+	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.566	CDS	contig00031	29134	29364	1	+	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.567	CDS	contig00031	29361	29573	3	+	213
ES114	fig 6666666.3235.peg.568	CDS	contig00031	29582	29767	2	+	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.569	CDS	contig00031	29802	30011	3	+	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.570	CDS	contig00031	30040	32160	1	+	2121
ES114	fig 6666666.3235.peg.571	CDS	contig00031	32170	32376	1	+	207
ES114	fig 6666666.3235.peg.572	CDS	contig00031	32387	32941	2	+	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.573	CDS	contig00031	33027	33941	3	+	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.574	CDS	contig00031	33943	34356	1	+	414
ES114	fig 6666666.3235.peg.575	CDS	contig00031	34424	34567	2	+	144

ES114	fig 6666666.3235.peg.576	CDS	contig00031	34895	36154	2	+	1260
ES114	fig 6666666.3235.peg.577	CDS	contig00031	36151	37095	1	+	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.578	CDS	contig00031	37088	37597	2	+	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.579	CDS	contig00031	37600	37797	1	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.580	CDS	contig00031	37794	38180	3	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.581	CDS	contig00031	38177	39229	2	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.582	CDS	contig00031	39211	39684	1	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.583	CDS	contig00031	39681	41027	3	+	1347
ES114	fig 6666666.3235.peg.584	CDS	contig00031	41027	41482	2	+	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.585	CDS	contig00031	41618	41851	2	+	234
ES114	fig 6666666.3235.peg.586	CDS	contig00031	41853	42242	3	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.587	CDS	contig00031	42236	42448	2	+	213
ES114	fig 6666666.3235.peg.588	CDS	contig00031	42450	42800	3	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.589	CDS	contig00031	43864	42947	-1	-	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.590	CDS	contig00031	45714	43930	-3	-	1785
ES114	fig 6666666.3235.peg.591	CDS	contig00031	45828	46640	3	+	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.592	CDS	contig00031	46703	47737	2	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.593	CDS	contig00031	47849	48298	2	+	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.594	CDS	contig00031	48298	48771	1	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.595	CDS	contig00031	48762	49283	3	+	522
ES114	fig 6666666.3235.peg.596	CDS	contig00031	49284	49436	3	+	153
ES114	fig 6666666.3235.peg.597	CDS	contig00031	49450	50583	1	+	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.598	CDS	contig00031	50609	50974	2	+	366
ES114	fig 6666666.3235.peg.599	CDS	contig00031	50991	51698	3	+	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.600	CDS	contig00031	51691	51960	1	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.601	CDS	contig00031	52136	54022	2	+	1887
ES114	fig 6666666.3235.peg.602	CDS	contig00031	54582	55130	3	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.603	CDS	contig00031	56242	55757	-1	-	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.604	CDS	contig00031	56539	56976	1	+	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.605	CDS	contig00031	56963	57274	2	+	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.606	CDS	contig00031	57712	57356	-1	-	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.607	CDS	contig00031	59595	57928	-3	-	1668
ES114	fig 6666666.3235.peg.608	CDS	contig00031	60603	59713	-3	-	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.609	CDS	contig00031	60775	61359	1	+	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.610	CDS	contig00031	61600	62547	1	+	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.611	CDS	contig00031	62895	62716	-3	-	180
ES114	fig 6666666.3235.peg.612	CDS	contig00032	292	1212	1	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.613	CDS	contig00032	1427	1275	-2	-	153
ES114	fig 6666666.3235.peg.614	CDS	contig00032	2207	1683	-2	-	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.615	CDS	contig00032	2383	3486	1	+	1104
ES114	fig 6666666.3235.peg.616	CDS	contig00032	3491	4519	2	+	1029
ES114	fig 6666666.3235.peg.617	CDS	contig00032	4554	6302	3	+	1749
ES114	fig 6666666.3235.peg.618	CDS	contig00032	6302	7288	2	+	987
ES114	fig 6666666.3235.peg.619	CDS	contig00032	7290	7487	3	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.620	CDS	contig00032	7469	8218	2	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.621	CDS	contig00032	9120	8287	-3	-	834
ES114	fig 6666666.3235.peg.622	CDS	contig00032	9388	10065	1	+	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.623	CDS	contig00032	10091	11428	2	+	1338
ES114	fig 6666666.3235.peg.624	CDS	contig00032	11409	12146	3	+	738

ES114	fig 6666666.3235.peg.625	CDS	contig00032	12149	16615	2	+	4467
ES114	fig 6666666.3235.peg.626	CDS	contig00032	16729	17346	1	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.627	CDS	contig00032	18702	17353	-3	-	1350
ES114	fig 6666666.3235.peg.628	CDS	contig00032	18841	18683	-1	-	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.629	CDS	contig00033	167	670	2	+	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.630	CDS	contig00033	1006	2190	1	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.631	CDS	contig00033	2368	3462	1	+	1095
ES114	fig 6666666.3235.peg.632	CDS	contig00033	3798	3544	-3	-	255
ES114	fig 6666666.3235.peg.633	CDS	contig00033	5190	3802	-3	-	1389
ES114	fig 6666666.3235.peg.634	CDS	contig00033	6259	5345	-1	-	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.635	CDS	contig00033	6471	7163	3	+	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.636	CDS	contig00033	7190	8485	2	+	1296
ES114	fig 6666666.3235.peg.637	CDS	contig00033	8509	9489	1	+	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.638	CDS	contig00034	249	9716	3	+	9468
ES114	fig 6666666.3235.peg.639	CDS	contig00034	11007	9817	-3	-	1191
ES114	fig 6666666.3235.peg.640	CDS	contig00034	12538	11171	-1	-	1368
ES114	fig 6666666.3235.peg.641	CDS	contig00034	13131	12565	-3	-	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.642	CDS	contig00034	14833	13430	-1	-	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.643	CDS	contig00034	14920	15192	1	+	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.644	CDS	contig00034	15550	15224	-1	-	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.645	CDS	contig00034	15732	19628	3	+	3897
ES114	fig 6666666.3235.peg.646	CDS	contig00034	19738	20211	1	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.647	CDS	contig00034	21430	20327	-1	-	1104
ES114	fig 6666666.3235.peg.648	CDS	contig00034	21607	22353	1	+	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.649	CDS	contig00034	22393	22680	1	+	288
ES114	fig 6666666.3235.peg.650	CDS	contig00034	22746	24428	3	+	1683
ES114	fig 6666666.3235.peg.651	CDS	contig00034	24681	25067	3	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.652	CDS	contig00034	25481	25098	-2	-	384
ES114	fig 6666666.3235.peg.653	CDS	contig00034	25705	26463	1	+	759
ES114	fig 6666666.3235.peg.654	CDS	contig00034	27290	26526	-2	-	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.655	CDS	contig00034	27573	28547	3	+	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.656	CDS	contig00034	28580	29773	2	+	1194
ES114	fig 6666666.3235.peg.657	CDS	contig00034	31028	29838	-2	-	1191
ES114	fig 6666666.3235.peg.658	CDS	contig00034	32392	31217	-1	-	1176
ES114	fig 6666666.3235.peg.659	CDS	contig00034	32609	33772	2	+	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.660	CDS	contig00034	34748	33855	-2	-	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.661	CDS	contig00034	35574	34900	-3	-	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.662	CDS	contig00034	35882	35574	-2	-	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.663	CDS	contig00034	37345	35921	-1	-	1425
ES114	fig 6666666.3235.peg.664	CDS	contig00034	39447	37537	-3	-	1911
ES114	fig 6666666.3235.peg.665	CDS	contig00034	39828	40400	3	+	573
ES114	fig 6666666.3235.peg.666	CDS	contig00034	40694	41380	2	+	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.667	CDS	contig00034	41592	41473	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.668	CDS	contig00034	42737	41751	-2	-	987
ES114	fig 6666666.3235.peg.669	CDS	contig00034	44582	42897	-2	-	1686
ES114	fig 6666666.3235.peg.670	CDS	contig00034	44713	45612	1	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.671	CDS	contig00034	46114	45563	-1	-	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.672	CDS	contig00034	46391	46116	-2	-	276
ES114	fig 6666666.3235.peg.673	CDS	contig00034	46779	48350	3	+	1572

ES114	fig 6666666.3235.peg.674	CDS	contig00034	49164	48760	-3	-	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.675	CDS	contig00034	50080	49121	-1	-	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.676	CDS	contig00034	50343	50080	-3	-	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.677	CDS	contig00034	50603	51238	2	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.678	CDS	contig00034	53235	51337	-3	-	1899
ES114	fig 6666666.3235.peg.679	CDS	contig00034	53781	53359	-3	-	423
ES114	fig 6666666.3235.peg.680	CDS	contig00034	55457	54054	-2	-	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.681	CDS	contig00034	56966	55569	-2	-	1398
ES114	fig 6666666.3235.peg.682	CDS	contig00034	57252	58376	3	+	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.683	CDS	contig00034	58613	58837	2	+	225
ES114	fig 6666666.3235.peg.684	CDS	contig00034	58834	60849	1	+	2016
ES114	fig 6666666.3235.peg.685	CDS	contig00034	61269	62114	3	+	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.686	CDS	contig00034	62496	62119	-3	-	378
ES114	fig 6666666.3235.peg.687	CDS	contig00034	63629	62499	-2	-	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.688	CDS	contig00034	65326	63842	-1	-	1485
ES114	fig 6666666.3235.peg.689	CDS	contig00034	65622	65491	-3	-	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.690	CDS	contig00034	65850	66473	3	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.691	CDS	contig00034	68242	66557	-1	-	1686
ES114	fig 6666666.3235.peg.692	CDS	contig00034	69989	68607	-2	-	1383
ES114	fig 6666666.3235.peg.693	CDS	contig00034	70727	71473	2	+	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.694	CDS	contig00034	71625	73094	3	+	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.695	CDS	contig00034	75804	73150	-3	-	2655
ES114	fig 6666666.3235.peg.696	CDS	contig00034	76131	76988	3	+	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.697	CDS	contig00034	78085	77078	-1	-	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.698	CDS	contig00034	79068	78151	-3	-	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.699	CDS	contig00034	80138	79260	-2	-	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.700	CDS	contig00034	81256	80270	-1	-	987
ES114	fig 6666666.3235.peg.701	CDS	contig00034	82767	81253	-3	-	1515
ES114	fig 6666666.3235.peg.702	CDS	contig00034	83199	82780	-3	-	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.703	CDS	contig00034	83661	83792	3	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.704	CDS	contig00034	84207	83872	-3	-	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.705	CDS	contig00034	84515	85093	2	+	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.706	CDS	contig00034	85126	85545	1	+	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.707	CDS	contig00034	85685	86950	2	+	1266
ES114	fig 6666666.3235.peg.708	CDS	contig00034	87051	87503	3	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.709	CDS	contig00034	88186	87581	-1	-	606
ES114	fig 6666666.3235.peg.710	CDS	contig00034	88351	88512	1	+	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.711	CDS	contig00034	88568	89020	2	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.712	CDS	contig00034	89130	89474	3	+	345
ES114	fig 6666666.3235.peg.713	CDS	contig00034	89882	89685	-2	-	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.714	CDS	contig00034	90319	89879	-1	-	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.715	CDS	contig00034	90603	90319	-3	-	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.716	CDS	contig00034	90823	91167	1	+	345
ES114	fig 6666666.3235.peg.717	CDS	contig00034	91175	91450	2	+	276
ES114	fig 6666666.3235.peg.718	CDS	contig00034	93084	91513	-3	-	1572
ES114	fig 6666666.3235.peg.719	CDS	contig00034	94170	93265	-3	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.720	CDS	contig00034	95789	94239	-2	-	1551
ES114	fig 6666666.3235.peg.721	CDS	contig00034	96014	97561	2	+	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.722	CDS	contig00034	97812	100037	3	+	2226



ES114	fig 6666666.3235.peg.723	CDS	contig00034	100118	101131	2	+	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.724	CDS	contig00034	101140	102078	1	+	939
ES114	fig 6666666.3235.peg.725	CDS	contig00034	102075	102614	3	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.726	CDS	contig00034	102604	103674	1	+	1071
ES114	fig 6666666.3235.peg.727	CDS	contig00034	103667	105364	2	+	1698
ES114	fig 6666666.3235.peg.728	CDS	contig00034	105364	106674	1	+	1311
ES114	fig 6666666.3235.peg.729	CDS	contig00034	106846	107667	1	+	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.730	CDS	contig00034	108061	107741	-1	-	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.731	CDS	contig00034	108537	108178	-3	-	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.732	CDS	contig00034	108739	110055	1	+	1317
ES114	fig 6666666.3235.peg.733	CDS	contig00034	110109	111113	3	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.734	CDS	contig00034	112579	111197	-1	-	1383
ES114	fig 6666666.3235.peg.735	CDS	contig00034	112838	113446	2	+	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.736	CDS	contig00034	113656	113453	-1	-	204
ES114	fig 6666666.3235.peg.737	CDS	contig00034	114758	113892	-2	-	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.738	CDS	contig00034	115015	115350	1	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.739	CDS	contig00034	115899	115519	-3	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.740	CDS	contig00034	116257	117849	1	+	1593
ES114	fig 6666666.3235.peg.741	CDS	contig00034	118726	117923	-1	-	804
ES114	fig 6666666.3235.peg.742	CDS	contig00034	118818	119561	3	+	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.743	CDS	contig00034	119687	120598	2	+	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.744	CDS	contig00034	121063	120731	-1	-	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.745	CDS	contig00034	122982	121201	-3	-	1782
ES114	fig 6666666.3235.peg.746	CDS	contig00034	123563	122979	-2	-	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.747	CDS	contig00034	124248	123541	-3	-	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.748	CDS	contig00034	124960	124262	-1	-	699
ES114	fig 6666666.3235.peg.749	CDS	contig00034	125785	124964	-1	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.750	CDS	contig00034	126067	127494	1	+	1428
ES114	fig 6666666.3235.peg.751	CDS	contig00034	127491	128330	3	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.752	CDS	contig00034	128404	129534	1	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.753	CDS	contig00034	129961	129779	-1	-	183
ES114	fig 6666666.3235.peg.754	CDS	contig00034	130192	130455	1	+	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.755	CDS	contig00034	130464	130922	3	+	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.756	CDS	contig00034	130943	132220	2	+	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.757	CDS	contig00034	133136	132240	-2	-	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.758	CDS	contig00035	349	822	1	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.759	CDS	contig00035	1188	886	-3	-	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.760	CDS	contig00035	4165	1349	-1	-	2817
ES114	fig 6666666.3235.peg.761	CDS	contig00035	6174	4354	-3	-	1821
ES114	fig 6666666.3235.peg.762	CDS	contig00035	6806	6174	-2	-	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.763	CDS	contig00035	7080	8570	3	+	1491
ES114	fig 6666666.3235.peg.764	CDS	contig00035	8661	9191	3	+	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.765	CDS	contig00035	10932	9562	-3	-	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.766	CDS	contig00035	11177	11818	2	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.767	CDS	contig00035	12012	13916	3	+	1905
ES114	fig 6666666.3235.peg.768	CDS	contig00035	14846	13947	-2	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.769	CDS	contig00035	15040	16176	1	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.770	CDS	contig00035	16187	17647	2	+	1461
ES114	fig 6666666.3235.peg.771	CDS	contig00035	18073	17723	-1	-	351

ES114	fig 6666666.3235.peg.772	CDS	contig00036	845	66	-2	-	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.773	CDS	contig00036	1882	845	-1	-	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.774	CDS	contig00036	2740	1892	-1	-	849
ES114	fig 6666666.3235.peg.775	CDS	contig00036	3156	2737	-3	-	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.776	CDS	contig00036	3836	3153	-2	-	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.777	CDS	contig00036	4610	3858	-2	-	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.778	CDS	contig00036	4767	6143	3	+	1377
ES114	fig 6666666.3235.peg.779	CDS	contig00036	6172	6663	1	+	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.780	CDS	contig00036	6716	7243	2	+	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.781	CDS	contig00036	7630	9687	1	+	2058
ES114	fig 6666666.3235.peg.782	CDS	contig00036	9687	10541	3	+	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.783	CDS	contig00036	10538	13798	2	+	3261
ES114	fig 6666666.3235.peg.784	CDS	contig00036	13785	14384	3	+	600
ES114	fig 6666666.3235.peg.785	CDS	contig00036	14548	15261	1	+	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.786	CDS	contig00036	17529	15331	-3	-	2199
ES114	fig 6666666.3235.peg.787	CDS	contig00036	17849	18832	2	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.788	CDS	contig00036	18850	21237	1	+	2388
ES114	fig 6666666.3235.peg.789	CDS	contig00036	21827	22123	2	+	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.790	CDS	contig00036	22465	23457	1	+	993
ES114	fig 6666666.3235.peg.791	CDS	contig00036	23556	25340	3	+	1785
ES114	fig 6666666.3235.peg.792	CDS	contig00036	25904	25422	-2	-	483
ES114	fig 6666666.3235.peg.793	CDS	contig00036	26973	25921	-3	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.794	CDS	contig00036	27182	28066	2	+	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.795	CDS	contig00036	29504	28149	-2	-	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.796	CDS	contig00036	29594	30430	2	+	837
ES114	fig 6666666.3235.peg.797	CDS	contig00036	31617	30592	-3	-	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.798	CDS	contig00036	32143	31856	-1	-	288
ES114	fig 6666666.3235.peg.799	CDS	contig00036	33548	32637	-2	-	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.800	CDS	contig00036	34012	34404	1	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.801	CDS	contig00036	34587	34474	-3	-	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.802	CDS	contig00036	34933	34763	-1	-	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.803	CDS	contig00036	35178	36092	3	+	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.804	CDS	contig00036	36092	37381	2	+	1290
ES114	fig 6666666.3235.peg.805	CDS	contig00036	37390	38394	1	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.806	CDS	contig00036	38404	39351	1	+	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.807	CDS	contig00036	40647	39475	-3	-	1173
ES114	fig 6666666.3235.peg.808	CDS	contig00036	42114	40657	-3	-	1458
ES114	fig 6666666.3235.peg.809	CDS	contig00036	43273	42251	-1	-	1023
ES114	fig 6666666.3235.peg.810	CDS	contig00036	43477	44469	1	+	993
ES114	fig 6666666.3235.peg.811	CDS	contig00036	46463	44541	-2	-	1923
ES114	fig 6666666.3235.peg.812	CDS	contig00036	46815	47225	3	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.813	CDS	contig00036	47812	47360	-1	-	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.814	CDS	contig00036	47943	48503	3	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.815	CDS	contig00036	48537	48917	3	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.816	CDS	contig00036	49096	49671	1	+	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.817	CDS	contig00036	49673	50359	2	+	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.818	CDS	contig00036	50508	51944	3	+	1437
ES114	fig 6666666.3235.peg.819	CDS	contig00036	52069	52404	1	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.820	CDS	contig00036	53790	52447	-3	-	1344

ES114	fig 6666666.3235.peg.821	CDS	contig00036	54359	53964	-2	-	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.822	CDS	contig00036	54469	54314	-1	-	156
ES114	fig 6666666.3235.peg.823	CDS	contig00036	55225	54515	-1	-	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.824	CDS	contig00036	55632	55225	-3	-	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.825	CDS	contig00036	56489	55725	-2	-	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.826	CDS	contig00036	56840	57661	2	+	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.827	CDS	contig00036	57747	58313	3	+	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.828	CDS	contig00036	59464	58412	-1	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.829	CDS	contig00036	61099	59678	-1	-	1422
ES114	fig 6666666.3235.peg.830	CDS	contig00036	63897	61261	-3	-	2637
ES114	fig 6666666.3235.peg.831	CDS	contig00036	65101	63875	-1	-	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.832	CDS	contig00036	66912	65119	-3	-	1794
ES114	fig 6666666.3235.peg.833	CDS	contig00036	67009	67461	1	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.834	CDS	contig00036	67567	68193	1	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.835	CDS	contig00036	68211	70232	3	+	2022
ES114	fig 6666666.3235.peg.836	CDS	contig00036	70362	71027	3	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.837	CDS	contig00036	71165	73768	2	+	2604
ES114	fig 6666666.3235.peg.838	CDS	contig00036	73904	74104	2	+	201
ES114	fig 6666666.3235.peg.839	CDS	contig00036	74263	76425	1	+	2163
ES114	fig 6666666.3235.peg.840	CDS	contig00036	76443	79100	3	+	2658
ES114	fig 6666666.3235.peg.841	CDS	contig00036	79370	80380	2	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.842	CDS	contig00036	80597	81139	2	+	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.843	CDS	contig00036	81773	83890	2	+	2118
ES114	fig 6666666.3235.peg.844	CDS	contig00036	83975	84139	2	+	165
ES114	fig 6666666.3235.peg.845	CDS	contig00036	84120	86030	3	+	1911
ES114	fig 6666666.3235.peg.846	CDS	contig00036	86039	87676	2	+	1638
ES114	fig 6666666.3235.peg.847	CDS	contig00036	87877	88050	1	+	174
ES114	fig 6666666.3235.peg.848	CDS	contig00036	88776	88258	-3	-	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.849	CDS	contig00036	90512	88842	-2	-	1671
ES114	fig 6666666.3235.peg.850	CDS	contig00036	90693	91139	3	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.851	CDS	contig00036	91744	91190	-1	-	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.852	CDS	contig00036	92212	92087	-1	-	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.853	CDS	contig00036	94350	92272	-3	-	2079
ES114	fig 6666666.3235.peg.854	CDS	contig00036	95337	94360	-3	-	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.855	CDS	contig00036	96097	95642	-1	-	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.856	CDS	contig00036	96369	97799	3	+	1431
ES114	fig 6666666.3235.peg.857	CDS	contig00036	97812	98423	3	+	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.858	CDS	contig00036	98434	98619	1	+	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.859	CDS	contig00036	98616	99587	3	+	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.860	CDS	contig00036	99670	100149	1	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.861	CDS	contig00036	100168	102546	1	+	2379
ES114	fig 6666666.3235.peg.862	CDS	contig00036	102539	102715	2	+	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.863	CDS	contig00036	102705	103379	3	+	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.864	CDS	contig00036	103478	104227	2	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.865	CDS	contig00036	104378	105328	2	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.866	CDS	contig00036	105463	106386	1	+	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.867	CDS	contig00036	107105	106458	-2	-	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.868	CDS	contig00036	107841	107107	-3	-	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.869	CDS	contig00036	108665	107850	-2	-	816

ES114	fig 6666666.3235.peg.870	CDS	contig00037	432	1859	3	+	1428
ES114	fig 6666666.3235.peg.871	CDS	contig00037	2767	2630	-1	-	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.872	CDS	contig00037	4193	2727	-2	-	1467
ES114	fig 6666666.3235.peg.873	CDS	contig00037	5147	4566	-2	-	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.874	CDS	contig00037	6266	5496	-2	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.875	CDS	contig00037	6544	7824	1	+	1281
ES114	fig 6666666.3235.peg.876	CDS	contig00037	10325	7956	-2	-	2370
ES114	fig 6666666.3235.peg.877	CDS	contig00037	12249	10717	-3	-	1533
ES114	fig 6666666.3235.peg.878	CDS	contig00037	13818	12448	-3	-	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.879	CDS	contig00037	14149	14856	1	+	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.880	CDS	contig00037	14924	15118	2	+	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.881	CDS	contig00037	16016	15105	-2	-	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.882	CDS	contig00037	16237	18561	1	+	2325
ES114	fig 6666666.3235.peg.883	CDS	contig00037	18783	18625	-3	-	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.884	CDS	contig00037	19642	18902	-1	-	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.885	CDS	contig00037	19925	19755	-2	-	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.886	CDS	contig00037	20174	21751	2	+	1578
ES114	fig 6666666.3235.peg.887	CDS	contig00037	21874	23046	1	+	1173
ES114	fig 6666666.3235.peg.888	CDS	contig00037	24004	23111	-1	-	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.889	CDS	contig00037	24093	24878	3	+	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.890	CDS	contig00037	25043	25840	2	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.891	CDS	contig00037	26732	25848	-2	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.892	CDS	contig00037	26968	28926	1	+	1959
ES114	fig 6666666.3235.peg.893	CDS	contig00037	28934	29635	2	+	702
ES114	fig 6666666.3235.peg.894	CDS	contig00037	29695	29994	1	+	300
ES114	fig 6666666.3235.peg.895	CDS	contig00037	30066	30617	3	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.896	CDS	contig00037	30624	31136	3	+	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.897	CDS	contig00037	31184	31492	2	+	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.898	CDS	contig00037	31678	33360	1	+	1683
ES114	fig 6666666.3235.peg.899	CDS	contig00037	33489	34610	3	+	1122
ES114	fig 6666666.3235.peg.900	CDS	contig00037	34944	34681	-3	-	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.901	CDS	contig00037	35759	34947	-2	-	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.902	CDS	contig00037	36450	35785	-3	-	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.903	CDS	contig00037	36635	36916	2	+	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.904	CDS	contig00037	36921	37898	3	+	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.905	CDS	contig00037	40069	38027	-1	-	2043
ES114	fig 6666666.3235.peg.906	CDS	contig00037	40190	41401	2	+	1212
ES114	fig 6666666.3235.peg.907	CDS	contig00037	41562	42692	3	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.908	CDS	contig00037	42692	43705	2	+	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.909	CDS	contig00037	45019	44891	-1	-	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.910	CDS	contig00037	46159	45497	-1	-	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.911	CDS	contig00039	2520	712	-3	-	1809
ES114	fig 6666666.3235.peg.912	CDS	contig00039	2767	2540	-1	-	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.913	CDS	contig00039	2806	3864	1	+	1059
ES114	fig 6666666.3235.peg.914	CDS	contig00039	4005	5195	3	+	1191
ES114	fig 6666666.3235.peg.915	CDS	contig00039	6899	5463	-2	-	1437
ES114	fig 6666666.3235.peg.916	CDS	contig00039	7524	8639	3	+	1116
ES114	fig 6666666.3235.peg.917	CDS	contig00039	9733	8720	-1	-	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.918	CDS	contig00039	11682	9826	-3	-	1857

ES114	fig 6666666.3235.peg.919	CDS	contig00039	11901	13904	3	+	2004
ES114	fig 6666666.3235.peg.920	CDS	contig00040	1941	274	-3	-	1668
ES114	fig 6666666.3235.peg.921	CDS	contig00040	3835	2231	-1	-	1605
ES114	fig 6666666.3235.peg.922	CDS	contig00040	5134	3920	-1	-	1215
ES114	fig 6666666.3235.peg.923	CDS	contig00040	6272	5136	-2	-	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.924	CDS	contig00040	6675	8168	3	+	1494
ES114	fig 6666666.3235.peg.925	CDS	contig00040	8344	10002	1	+	1659
ES114	fig 6666666.3235.peg.926	CDS	contig00040	10524	10081	-3	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.927	CDS	contig00040	10705	11115	1	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.928	CDS	contig00040	11749	11222	-1	-	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.929	CDS	contig00040	12030	11809	-3	-	222
ES114	fig 6666666.3235.peg.930	CDS	contig00040	12891	12118	-3	-	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.931	CDS	contig00040	12990	13532	3	+	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.932	CDS	contig00040	13581	15227	3	+	1647
ES114	fig 6666666.3235.peg.933	CDS	contig00040	15292	16047	1	+	756
ES114	fig 6666666.3235.peg.934	CDS	contig00040	17429	16140	-2	-	1290
ES114	fig 6666666.3235.peg.935	CDS	contig00040	17925	18218	3	+	294
ES114	fig 6666666.3235.peg.936	CDS	contig00040	18212	18559	2	+	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.937	CDS	contig00040	18559	20328	1	+	1770
ES114	fig 6666666.3235.peg.938	CDS	contig00040	20341	21054	1	+	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.939	CDS	contig00040	21152	23968	2	+	2817
ES114	fig 6666666.3235.peg.940	CDS	contig00040	23988	25199	3	+	1212
ES114	fig 6666666.3235.peg.941	CDS	contig00040	25352	26518	2	+	1167
ES114	fig 6666666.3235.peg.942	CDS	contig00040	26518	27390	1	+	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.943	CDS	contig00040	27587	29233	2	+	1647
ES114	fig 6666666.3235.peg.944	CDS	contig00040	30113	29328	-2	-	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.945	CDS	contig00040	30880	30110	-1	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.946	CDS	contig00040	31035	31700	3	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.947	CDS	contig00040	31860	33200	3	+	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.948	CDS	contig00040	33349	36756	1	+	3408
ES114	fig 6666666.3235.peg.949	CDS	contig00040	37380	37607	3	+	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.950	CDS	contig00040	37609	39885	1	+	2277
ES114	fig 6666666.3235.peg.951	CDS	contig00040	39882	40124	3	+	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.952	CDS	contig00040	42698	40533	-2	-	2166
ES114	fig 6666666.3235.peg.953	CDS	contig00040	43994	42798	-2	-	1197
ES114	fig 6666666.3235.peg.954	CDS	contig00040	44039	44161	2	+	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.955	CDS	contig00040	44360	44761	2	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.956	CDS	contig00040	46604	44871	-2	-	1734
ES114	fig 6666666.3235.peg.957	CDS	contig00040	46812	47408	3	+	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.958	CDS	contig00040	48714	47482	-3	-	1233
ES114	fig 6666666.3235.peg.959	CDS	contig00040	49170	48814	-3	-	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.960	CDS	contig00040	49882	49187	-1	-	696
ES114	fig 6666666.3235.peg.961	CDS	contig00040	50561	49986	-2	-	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.962	CDS	contig00040	50700	51419	3	+	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.963	CDS	contig00040	51424	52221	1	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.964	CDS	contig00040	52229	52486	2	+	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.965	CDS	contig00040	52498	52755	1	+	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.966	CDS	contig00040	52755	53315	3	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.967	CDS	contig00040	53291	54679	2	+	1389

ES114	fig 6666666.3235.peg.968	CDS	contig00040	54693	55067	3	+	375
ES114	fig 6666666.3235.peg.969	CDS	contig00040	55070	56761	2	+	1692
ES114	fig 6666666.3235.peg.970	CDS	contig00040	56751	58286	3	+	1536
ES114	fig 6666666.3235.peg.971	CDS	contig00040	58298	58744	2	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.972	CDS	contig00040	58737	59357	3	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.973	CDS	contig00040	59341	61713	1	+	2373
ES114	fig 6666666.3235.peg.974	CDS	contig00040	61763	62329	2	+	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.975	CDS	contig00040	62335	63522	1	+	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.976	CDS	contig00040	63522	63983	3	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.977	CDS	contig00040	64003	64728	1	+	726
ES114	fig 6666666.3235.peg.978	CDS	contig00040	64725	65960	3	+	1236
ES114	fig 6666666.3235.peg.979	CDS	contig00040	66484	66041	-1	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.980	CDS	contig00040	67078	66800	-1	-	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.981	CDS	contig00040	67276	67701	1	+	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.982	CDS	contig00040	69443	67719	-2	-	1725
ES114	fig 6666666.3235.peg.983	CDS	contig00040	69580	71127	1	+	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.984	CDS	contig00040	71883	71209	-3	-	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.985	CDS	contig00040	72557	71934	-2	-	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.986	CDS	contig00040	73007	73510	2	+	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.987	CDS	contig00040	73912	73655	-1	-	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.988	CDS	contig00040	74543	74040	-2	-	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.989	CDS	contig00040	74510	74626	2	+	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.990	CDS	contig00040	75175	74633	-1	-	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.991	CDS	contig00040	76522	75434	-1	-	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.992	CDS	contig00040	76854	77240	3	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.993	CDS	contig00040	78440	77541	-2	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.994	CDS	contig00040	80267	78444	-2	-	1824
ES114	fig 6666666.3235.peg.995	CDS	contig00040	80904	80398	-3	-	507
ES114	fig 6666666.3235.peg.996	CDS	contig00040	81926	81021	-2	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.997	CDS	contig00040	82060	83100	1	+	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.998	CDS	contig00040	83103	84704	3	+	1602
ES114	fig 6666666.3235.peg.999	CDS	contig00040	84777	85481	3	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.1000	CDS	contig00040	85696	86901	1	+	1206
ES114	fig 6666666.3235.peg.1001	CDS	contig00040	86902	87582	1	+	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.1002	CDS	contig00040	89091	87649	-3	-	1443
ES114	fig 6666666.3235.peg.1003	CDS	contig00040	89397	90068	3	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.1004	CDS	contig00040	90049	92502	1	+	2454
ES114	fig 6666666.3235.peg.1005	CDS	contig00040	92502	93623	3	+	1122
ES114	fig 6666666.3235.peg.1006	CDS	contig00040	93788	94936	2	+	1149
ES114	fig 6666666.3235.peg.1007	CDS	contig00040	95490	96692	3	+	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.1008	CDS	contig00040	98620	96938	-1	-	1683
ES114	fig 6666666.3235.peg.1009	CDS	contig00040	99030	98767	-3	-	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.1010	CDS	contig00040	99999	99142	-3	-	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.1011	CDS	contig00040	101619	100321	-3	-	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.1012	CDS	contig00041	27	1052	3	+	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.1013	CDS	contig00041	1313	2191	2	+	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.1014	CDS	contig00041	2268	2930	3	+	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.1015	CDS	contig00041	2923	3741	1	+	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.1016	CDS	contig00041	3769	4716	1	+	948

ES114	fig 6666666.3235.peg.1017 CDS	contig00041	4735	5397	1	+	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.1018 CDS	contig00041	5430	6233	3	+	804
ES114	fig 6666666.3235.peg.1019 CDS	contig00041	6244	6882	1	+	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.1020 CDS	contig00041	7694	6888	-2	-	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.1021 CDS	contig00041	7669	7800	1	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.1022 CDS	contig00041	9228	7888	-3	-	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.1023 CDS	contig00041	9948	11537	3	+	1590
ES114	fig 6666666.3235.peg.1024 CDS	contig00041	12293	11595	-2	-	699
ES114	fig 6666666.3235.peg.1025 CDS	contig00041	12350	12520	2	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.1026 CDS	contig00041	13354	12686	-1	-	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.1027 CDS	contig00041	14066	13506	-2	-	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.1028 CDS	contig00041	15571	14069	-1	-	1503
ES114	fig 6666666.3235.peg.1029 CDS	contig00041	17879	15600	-2	-	2280
ES114	fig 6666666.3235.peg.1030 CDS	contig00041	18524	17889	-2	-	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.1031 CDS	contig00041	20023	18692	-1	-	1332
ES114	fig 6666666.3235.peg.1032 CDS	contig00041	22043	20040	-2	-	2004
ES114	fig 6666666.3235.peg.1033 CDS	contig00041	22750	22283	-1	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.1034 CDS	contig00041	22901	23323	2	+	423
ES114	fig 6666666.3235.peg.1035 CDS	contig00041	23342	23737	2	+	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.1036 CDS	contig00041	26197	23819	-1	-	2379
ES114	fig 6666666.3235.peg.1037 CDS	contig00041	27257	26328	-2	-	930
ES114	fig 6666666.3235.peg.1038 CDS	contig00041	27370	27507	1	+	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.1039 CDS	contig00041	29111	27687	-2	-	1425
ES114	fig 6666666.3235.peg.1040 CDS	contig00041	29995	29876	-1	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.1041 CDS	contig00041	30034	31365	1	+	1332
ES114	fig 6666666.3235.peg.1042 CDS	contig00041	31355	32683	2	+	1329
ES114	fig 6666666.3235.peg.1043 CDS	contig00041	32689	34119	1	+	1431
ES114	fig 6666666.3235.peg.1044 CDS	contig00041	35620	34190	-1	-	1431
ES114	fig 6666666.3235.peg.1045 CDS	contig00041	36246	35794	-3	-	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.1046 CDS	contig00041	39305	36246	-2	-	3060
ES114	fig 6666666.3235.peg.1047 CDS	contig00041	40173	39697	-3	-	477
ES114	fig 6666666.3235.peg.1048 CDS	contig00041	40693	40556	-1	-	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.1049 CDS	contig00041	41574	40795	-3	-	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.1050 CDS	contig00041	43437	41578	-3	-	1860
ES114	fig 6666666.3235.peg.1051 CDS	contig00041	45209	43578	-2	-	1632
ES114	fig 6666666.3235.peg.1052 CDS	contig00041	45496	46506	1	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.1053 CDS	contig00041	46644	47696	3	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1054 CDS	contig00041	47890	49044	1	+	1155
ES114	fig 6666666.3235.peg.1055 CDS	contig00041	49054	50115	1	+	1062
ES114	fig 6666666.3235.peg.1056 CDS	contig00041	53239	50189	-1	-	3051
ES114	fig 6666666.3235.peg.1057 CDS	contig00041	54355	53243	-1	-	1113
ES114	fig 6666666.3235.peg.1058 CDS	contig00041	54526	55137	1	+	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.1059 CDS	contig00041	55285	57879	1	+	2595
ES114	fig 6666666.3235.peg.1060 CDS	contig00041	58790	57909	-2	-	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.1061 CDS	contig00041	59041	59373	1	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.1062 CDS	contig00041	59633	61141	2	+	1509
ES114	fig 6666666.3235.peg.1063 CDS	contig00041	61221	61613	3	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.1064 CDS	contig00041	61694	62041	2	+	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.1065 CDS	contig00041	62405	63721	2	+	1317

ES114	fig 6666666.3235.peg.1066 CDS	contig00041	63795	64691	3	+	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.1067 CDS	contig00041	64910	66595	2	+	1686
ES114	fig 6666666.3235.peg.1068 CDS	contig00041	66876	67307	3	+	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.1069 CDS	contig00041	67325	68728	2	+	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.1070 CDS	contig00041	69443	68883	-2	-	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.1071 CDS	contig00042	893	21	-2	-	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.1072 CDS	contig00042	1063	2214	1	+	1152
ES114	fig 6666666.3235.peg.1073 CDS	contig00042	2694	2263	-3	-	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.1074 CDS	contig00042	2798	3313	2	+	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.1075 CDS	contig00042	3291	3911	3	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.1076 CDS	contig00042	3911	4645	2	+	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.1077 CDS	contig00042	4909	5217	1	+	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.1078 CDS	contig00042	5207	5614	2	+	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.1079 CDS	contig00043	87	209	3	+	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.1080 CDS	contig00043	287	1324	2	+	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.1081 CDS	contig00043	1324	2427	1	+	1104
ES114	fig 6666666.3235.peg.1082 CDS	contig00043	2437	3567	1	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.1083 CDS	contig00043	3569	4780	2	+	1212
ES114	fig 6666666.3235.peg.1084 CDS	contig00043	4861	5688	1	+	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.1085 CDS	contig00043	5685	6233	3	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.1086 CDS	contig00043	6248	6916	2	+	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.1087 CDS	contig00043	6928	8154	1	+	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.1088 CDS	contig00043	8488	8940	1	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.1089 CDS	contig00043	8966	9655	2	+	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.1090 CDS	contig00043	9864	10817	3	+	954
ES114	fig 6666666.3235.peg.1091 CDS	contig00043	10940	11947	2	+	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.1092 CDS	contig00043	13807	12275	-1	-	1533
ES114	fig 6666666.3235.peg.1093 CDS	contig00043	15543	14179	-3	-	1365
ES114	fig 6666666.3235.peg.1094 CDS	contig00043	15830	16120	2	+	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.1095 CDS	contig00043	16198	17844	1	+	1647
ES114	fig 6666666.3235.peg.1096 CDS	contig00043	18969	18199	-3	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.1097 CDS	contig00043	19238	19582	2	+	345
ES114	fig 6666666.3235.peg.1098 CDS	contig00043	19950	19597	-3	-	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.1099 CDS	contig00043	21682	20675	-1	-	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.1100 CDS	contig00043	22050	22292	3	+	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.1101 CDS	contig00043	23277	22780	-3	-	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.1102 CDS	contig00043	24310	23402	-1	-	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.1103 CDS	contig00043	25262	24393	-2	-	870
ES114	fig 6666666.3235.peg.1104 CDS	contig00043	25625	25365	-2	-	261
ES114	fig 6666666.3235.peg.1105 CDS	contig00043	26621	25653	-2	-	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.1106 CDS	contig00043	27133	26627	-1	-	507
ES114	fig 6666666.3235.peg.1107 CDS	contig00043	29048	27117	-2	-	1932
ES114	fig 6666666.3235.peg.1108 CDS	contig00043	29265	29807	3	+	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.1109 CDS	contig00043	29807	31597	2	+	1791
ES114	fig 6666666.3235.peg.1110 CDS	contig00043	31633	31827	1	+	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.1111 CDS	contig00043	31884	32471	3	+	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.1112 CDS	contig00043	32881	32657	-1	-	225
ES114	fig 6666666.3235.peg.1113 CDS	contig00043	33894	32881	-3	-	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.1114 CDS	contig00043	34118	34912	2	+	795



ES114	fig 6666666.3235.peg.1115 CDS	contig00043	35083	35787	1	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.1116 CDS	contig00043	35784	36176	3	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.1117 CDS	contig00043	36211	36567	1	+	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.1118 CDS	contig00043	36568	36858	1	+	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.1119 CDS	contig00043	37022	37396	2	+	375
ES114	fig 6666666.3235.peg.1120 CDS	contig00043	37491	37961	3	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1121 CDS	contig00043	37927	38115	1	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.1122 CDS	contig00043	38093	40189	2	+	2097
ES114	fig 6666666.3235.peg.1123 CDS	contig00045	795	157	-3	-	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.1124 CDS	contig00045	945	1076	3	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.1125 CDS	contig00045	1316	1116	-2	-	201
ES114	fig 6666666.3235.peg.1126 CDS	contig00045	1609	1758	1	+	150
ES114	fig 6666666.3235.peg.1127 CDS	contig00045	2450	1980	-2	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1128 CDS	contig00045	3146	2583	-2	-	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.1129 CDS	contig00045	4006	3284	-1	-	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.1130 CDS	contig00045	5186	3999	-2	-	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.1131 CDS	contig00045	6789	5629	-3	-	1161
ES114	fig 6666666.3235.peg.1132 CDS	contig00045	7906	6956	-1	-	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.1133 CDS	contig00045	9862	8801	-1	-	1062
ES114	fig 6666666.3235.peg.1134 CDS	contig00045	10026	10766	3	+	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.1135 CDS	contig00045	11915	10851	-2	-	1065
ES114	fig 6666666.3235.peg.1136 CDS	contig00045	12296	13438	2	+	1143
ES114	fig 6666666.3235.peg.1137 CDS	contig00045	13450	15909	1	+	2460
ES114	fig 6666666.3235.peg.1138 CDS	contig00045	16584	15964	-3	-	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.1139 CDS	contig00045	17497	16658	-1	-	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.1140 CDS	contig00045	17922	19511	3	+	1590
ES114	fig 6666666.3235.peg.1141 CDS	contig00045	19511	20113	2	+	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.1142 CDS	contig00045	20124	21131	3	+	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.1143 CDS	contig00045	21136	22548	1	+	1413
ES114	fig 6666666.3235.peg.1144 CDS	contig00045	22559	23749	2	+	1191
ES114	fig 6666666.3235.peg.1145 CDS	contig00045	23749	24555	1	+	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.1146 CDS	contig00045	24857	26092	2	+	1236
ES114	fig 6666666.3235.peg.1147 CDS	contig00045	26262	26807	3	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.1148 CDS	contig00045	26901	27311	3	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.1149 CDS	contig00045	27416	27718	2	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.1150 CDS	contig00045	27824	28141	2	+	318
ES114	fig 6666666.3235.peg.1151 CDS	contig00045	29165	28215	-2	-	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.1152 CDS	contig00045	29848	29162	-1	-	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.1153 CDS	contig00045	30577	29957	-1	-	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.1154 CDS	contig00045	31347	30574	-3	-	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.1155 CDS	contig00045	32066	31329	-2	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.1156 CDS	contig00045	32795	32181	-2	-	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.1157 CDS	contig00045	33877	32804	-1	-	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.1158 CDS	contig00045	35155	34115	-1	-	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.1159 CDS	contig00045	36484	35165	-1	-	1320
ES114	fig 6666666.3235.peg.1160 CDS	contig00045	37386	36490	-3	-	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.1161 CDS	contig00045	38909	37851	-2	-	1059
ES114	fig 6666666.3235.peg.1162 CDS	contig00045	40566	39547	-3	-	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.1163 CDS	contig00045	41090	43174	2	+	2085

ES114	fig 6666666.3235.peg.1164 CDS	contig00045	43243	44013	1	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.1165 CDS	contig00045	44024	44575	2	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.1166 CDS	contig00045	44568	44774	3	+	207
ES114	fig 6666666.3235.peg.1167 CDS	contig00045	44997	46547	3	+	1551
ES114	fig 6666666.3235.peg.1168 CDS	contig00045	46563	46730	3	+	168
ES114	fig 6666666.3235.peg.1169 CDS	contig00045	46696	46815	1	+	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.1170 CDS	contig00045	46898	47065	2	+	168
ES114	fig 6666666.3235.peg.1171 CDS	contig00045	47069	48544	2	+	1476
ES114	fig 6666666.3235.peg.1172 CDS	contig00045	48634	49059	1	+	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.1173 CDS	contig00045	49056	50807	3	+	1752
ES114	fig 6666666.3235.peg.1174 CDS	contig00045	50771	51811	2	+	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.1175 CDS	contig00045	51808	54390	1	+	2583
ES114	fig 6666666.3235.peg.1176 CDS	contig00045	54396	55964	3	+	1569
ES114	fig 6666666.3235.peg.1177 CDS	contig00045	55967	56095	2	+	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.1178 CDS	contig00045	56099	57409	2	+	1311
ES114	fig 6666666.3235.peg.1179 CDS	contig00045	57446	57937	2	+	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.1180 CDS	contig00045	57949	59271	1	+	1323
ES114	fig 6666666.3235.peg.1181 CDS	contig00046	598	236	-1	-	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.1182 CDS	contig00046	2472	1000	-3	-	1473
ES114	fig 6666666.3235.peg.1183 CDS	contig00046	7019	2472	-2	-	4548
ES114	fig 6666666.3235.peg.1184 CDS	contig00046	7585	8526	1	+	942
ES114	fig 6666666.3235.peg.1185 CDS	contig00046	8581	10947	1	+	2367
ES114	fig 6666666.3235.peg.1186 CDS	contig00046	10956	11402	3	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.1187 CDS	contig00046	12198	11479	-3	-	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.1188 CDS	contig00046	12647	13123	2	+	477
ES114	fig 6666666.3235.peg.1189 CDS	contig00046	13524	15983	3	+	2460
ES114	fig 6666666.3235.peg.1190 CDS	contig00046	15985	16941	1	+	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.1191 CDS	contig00046	16938	18221	3	+	1284
ES114	fig 6666666.3235.peg.1192 CDS	contig00046	18790	18413	-1	-	378
ES114	fig 6666666.3235.peg.1193 CDS	contig00046	19153	20001	1	+	849
ES114	fig 6666666.3235.peg.1194 CDS	contig00046	20001	20675	3	+	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.1195 CDS	contig00046	20765	21292	2	+	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.1196 CDS	contig00046	21520	21341	-1	-	180
ES114	fig 6666666.3235.peg.1197 CDS	contig00046	21951	22088	3	+	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.1198 CDS	contig00046	22239	23672	3	+	1434
ES114	fig 6666666.3235.peg.1199 CDS	contig00046	23787	24566	3	+	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.1200 CDS	contig00046	24807	25667	3	+	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.1201 CDS	contig00046	25798	26490	1	+	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.1202 CDS	contig00046	27780	26551	-3	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.1203 CDS	contig00046	28631	27975	-2	-	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.1204 CDS	contig00046	29353	28772	-1	-	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.1205 CDS	contig00046	29893	29567	-1	-	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.1206 CDS	contig00046	30147	30716	3	+	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.1207 CDS	contig00046	30728	31915	2	+	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.1208 CDS	contig00046	31918	33126	1	+	1209
ES114	fig 6666666.3235.peg.1209 CDS	contig00046	33375	33172	-3	-	204
ES114	fig 6666666.3235.peg.1210 CDS	contig00046	34252	33782	-1	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1211 CDS	contig00046	35210	34254	-2	-	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.1212 CDS	contig00046	35394	35654	3	+	261

ES114	fig 6666666.3235.peg.1213 CDS	contig00046	35734	36015	1	+	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.1214 CDS	contig00046	37664	36045	-2	-	1620
ES114	fig 6666666.3235.peg.1215 CDS	contig00046	37959	38555	3	+	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.1216 CDS	contig00046	38585	39202	2	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.1217 CDS	contig00046	39203	40180	2	+	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.1218 CDS	contig00046	40186	40671	1	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.1219 CDS	contig00046	40761	42554	3	+	1794
ES114	fig 6666666.3235.peg.1220 CDS	contig00046	42677	43579	2	+	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.1221 CDS	contig00046	43590	44261	3	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.1222 CDS	contig00046	44261	45226	2	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.1223 CDS	contig00046	45361	46077	1	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.1224 CDS	contig00046	46074	46805	3	+	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.1225 CDS	contig00046	46805	47185	2	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.1226 CDS	contig00046	50039	47244	-2	-	2796
ES114	fig 6666666.3235.peg.1227 CDS	contig00046	50203	51519	1	+	1317
ES114	fig 6666666.3235.peg.1228 CDS	contig00046	51586	53823	1	+	2238
ES114	fig 6666666.3235.peg.1229 CDS	contig00046	54017	55150	2	+	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.1230 CDS	contig00046	55245	56066	3	+	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.1231 CDS	contig00046	56198	57838	2	+	1641
ES114	fig 6666666.3235.peg.1232 CDS	contig00046	57917	59215	2	+	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.1233 CDS	contig00046	59388	59672	3	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.1234 CDS	contig00046	59676	60392	3	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.1235 CDS	contig00046	60392	60868	2	+	477
ES114	fig 6666666.3235.peg.1236 CDS	contig00046	60880	61935	1	+	1056
ES114	fig 6666666.3235.peg.1237 CDS	contig00046	61955	62716	2	+	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.1238 CDS	contig00046	62716	63342	1	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.1239 CDS	contig00046	63356	64345	2	+	990
ES114	fig 6666666.3235.peg.1240 CDS	contig00046	64400	65365	2	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.1241 CDS	contig00046	66066	65503	-3	-	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.1242 CDS	contig00046	66454	67668	1	+	1215
ES114	fig 6666666.3235.peg.1243 CDS	contig00046	69069	67741	-3	-	1329
ES114	fig 6666666.3235.peg.1244 CDS	contig00046	70275	69334	-3	-	942
ES114	fig 6666666.3235.peg.1245 CDS	contig00046	70645	70893	1	+	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.1246 CDS	contig00046	70904	71329	2	+	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.1247 CDS	contig00046	71852	73477	2	+	1626
ES114	fig 6666666.3235.peg.1248 CDS	contig00046	75039	73570	-3	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.1249 CDS	contig00047	145	507	1	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.1250 CDS	contig00047	913	1557	1	+	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.1251 CDS	contig00047	1594	2280	1	+	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.1252 CDS	contig00047	2277	3536	3	+	1260
ES114	fig 6666666.3235.peg.1253 CDS	contig00047	3548	4033	2	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.1254 CDS	contig00047	4341	5240	3	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.1255 CDS	contig00047	5938	5324	-1	-	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.1256 CDS	contig00047	7680	5953	-3	-	1728
ES114	fig 6666666.3235.peg.1257 CDS	contig00047	9128	7692	-2	-	1437
ES114	fig 6666666.3235.peg.1258 CDS	contig00047	10066	9158	-1	-	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.1259 CDS	contig00047	10474	12456	1	+	1983
ES114	fig 6666666.3235.peg.1260 CDS	contig00047	12573	13136	3	+	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.1261 CDS	contig00047	13207	13659	1	+	453

ES114	fig 6666666.3235.peg.1262 CDS	contig00047	13676	14503	2	+	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.1263 CDS	contig00047	15190	14540	-1	-	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.1264 CDS	contig00047	15330	15950	3	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.1265 CDS	contig00047	16074	16538	3	+	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.1266 CDS	contig00047	17387	16626	-2	-	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.1267 CDS	contig00047	19110	17380	-3	-	1731
ES114	fig 6666666.3235.peg.1268 CDS	contig00047	20924	19110	-2	-	1815
ES114	fig 6666666.3235.peg.1269 CDS	contig00047	21290	21060	-2	-	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.1270 CDS	contig00047	21409	21287	-1	-	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.1271 CDS	contig00047	22163	21462	-2	-	702
ES114	fig 6666666.3235.peg.1272 CDS	contig00047	23268	22282	-3	-	987
ES114	fig 6666666.3235.peg.1273 CDS	contig00047	23448	23897	3	+	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.1274 CDS	contig00047	23925	24386	3	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.1275 CDS	contig00047	26195	24543	-2	-	1653
ES114	fig 6666666.3235.peg.1276 CDS	contig00047	26292	26405	3	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.1277 CDS	contig00047	27447	26410	-3	-	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.1278 CDS	contig00047	28709	27627	-2	-	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.1279 CDS	contig00047	30119	28722	-2	-	1398
ES114	fig 6666666.3235.peg.1280 CDS	contig00047	30301	31302	1	+	1002
ES114	fig 6666666.3235.peg.1281 CDS	contig00047	34418	31314	-2	-	3105
ES114	fig 6666666.3235.peg.1282 CDS	contig00047	35734	34415	-1	-	1320
ES114	fig 6666666.3235.peg.1283 CDS	contig00047	36365	35721	-2	-	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.1284 CDS	contig00048	1577	123	-2	-	1455
ES114	fig 6666666.3235.peg.1285 CDS	contig00048	2566	1664	-1	-	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.1286 CDS	contig00048	2603	2782	2	+	180
ES114	fig 6666666.3235.peg.1287 CDS	contig00048	2827	3678	1	+	852
ES114	fig 6666666.3235.peg.1288 CDS	contig00048	3792	4037	3	+	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.1289 CDS	contig00048	4064	4774	2	+	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.1290 CDS	contig00048	5689	4823	-1	-	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.1291 CDS	contig00048	5857	6054	1	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.1292 CDS	contig00048	7286	6102	-2	-	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.1293 CDS	contig00048	8230	7325	-1	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.1294 CDS	contig00048	9036	8353	-3	-	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.1295 CDS	contig00048	10263	9046	-3	-	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.1296 CDS	contig00048	11482	10253	-1	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.1297 CDS	contig00048	12274	11498	-1	-	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.1298 CDS	contig00048	12719	12387	-2	-	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.1299 CDS	contig00048	13324	12965	-1	-	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.1300 CDS	contig00048	13562	13906	2	+	345
ES114	fig 6666666.3235.peg.1301 CDS	contig00048	13969	14886	1	+	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.1302 CDS	contig00048	14937	15788	3	+	852
ES114	fig 6666666.3235.peg.1303 CDS	contig00048	15799	16296	1	+	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.1304 CDS	contig00048	16572	17351	3	+	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.1305 CDS	contig00048	18711	17506	-3	-	1206
ES114	fig 6666666.3235.peg.1306 CDS	contig00048	19917	18982	-3	-	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.1307 CDS	contig00048	20680	19979	-1	-	702
ES114	fig 6666666.3235.peg.1308 CDS	contig00048	21695	20769	-2	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.1309 CDS	contig00048	22259	24265	2	+	2007
ES114	fig 6666666.3235.peg.1310 CDS	contig00050	60	1118	3	+	1059

ES114	fig 6666666.3235.peg.1311 CDS	contig00050	1685	1834	2	+	150
ES114	fig 6666666.3235.peg.1312 CDS	contig00050	2165	3049	2	+	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.1313 CDS	contig00050	3078	3875	3	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.1314 CDS	contig00050	4125	3901	-3	-	225
ES114	fig 6666666.3235.peg.1315 CDS	contig00050	5323	4298	-1	-	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.1316 CDS	contig00050	6108	5395	-3	-	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.1317 CDS	contig00051	75	1118	3	+	1044
ES114	fig 6666666.3235.peg.1318 CDS	contig00051	3102	1192	-3	-	1911
ES114	fig 6666666.3235.peg.1319 CDS	contig00051	4115	3189	-2	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.1320 CDS	contig00051	5677	4364	-1	-	1314
ES114	fig 6666666.3235.peg.1321 CDS	contig00052	1827	343	-3	-	1485
ES114	fig 6666666.3235.peg.1322 CDS	contig00052	3150	1846	-3	-	1305
ES114	fig 6666666.3235.peg.1323 CDS	contig00052	3292	4206	1	+	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.1324 CDS	contig00052	5524	4250	-1	-	1275
ES114	fig 6666666.3235.peg.1325 CDS	contig00052	5790	6263	3	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.1326 CDS	contig00052	6364	7374	1	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.1327 CDS	contig00052	8568	7546	-3	-	1023
ES114	fig 6666666.3235.peg.1328 CDS	contig00052	9652	8753	-1	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.1329 CDS	contig00052	9781	10455	1	+	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.1330 CDS	contig00052	11254	10517	-1	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.1331 CDS	contig00052	12599	11640	-2	-	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.1332 CDS	contig00052	13517	13275	-2	-	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.1333 CDS	contig00052	14190	13597	-3	-	594
ES114	fig 6666666.3235.peg.1334 CDS	contig00052	15127	14183	-1	-	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.1335 CDS	contig00053	1602	445	-3	-	1158
ES114	fig 6666666.3235.peg.1336 CDS	contig00053	1856	3241	2	+	1386
ES114	fig 6666666.3235.peg.1337 CDS	contig00053	3388	4461	1	+	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.1338 CDS	contig00053	4478	4939	2	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.1339 CDS	contig00053	5007	5885	3	+	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.1340 CDS	contig00053	5981	7495	2	+	1515
ES114	fig 6666666.3235.peg.1341 CDS	contig00053	8040	7558	-3	-	483
ES114	fig 6666666.3235.peg.1342 CDS	contig00053	8207	10783	2	+	2577
ES114	fig 6666666.3235.peg.1343 CDS	contig00053	10951	11568	1	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.1344 CDS	contig00053	11571	12605	3	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.1345 CDS	contig00053	12659	12976	2	+	318
ES114	fig 6666666.3235.peg.1346 CDS	contig00053	12981	13451	3	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1347 CDS	contig00053	13455	15335	3	+	1881
ES114	fig 6666666.3235.peg.1348 CDS	contig00053	15335	16456	2	+	1122
ES114	fig 6666666.3235.peg.1349 CDS	contig00053	16456	17265	1	+	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.1350 CDS	contig00053	17546	18721	2	+	1176
ES114	fig 6666666.3235.peg.1351 CDS	contig00053	18857	19126	2	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.1352 CDS	contig00053	19324	19938	1	+	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.1353 CDS	contig00053	19931	20896	2	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.1354 CDS	contig00053	22281	21025	-3	-	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.1355 CDS	contig00053	23321	22296	-2	-	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.1356 CDS	contig00053	24812	23574	-2	-	1239
ES114	fig 6666666.3235.peg.1357 CDS	contig00053	25415	24957	-2	-	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.1358 CDS	contig00053	26745	25453	-3	-	1293
ES114	fig 6666666.3235.peg.1359 CDS	contig00053	27576	29030	3	+	1455

ES114	fig 6666666.3235.peg.1360 CDS	contig00053	30355	29144	-1	-	1212
ES114	fig 6666666.3235.peg.1361 CDS	contig00053	31574	30525	-2	-	1050
ES114	fig 6666666.3235.peg.1362 CDS	contig00053	31989	31756	-3	-	234
ES114	fig 6666666.3235.peg.1363 CDS	contig00053	33035	32001	-2	-	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.1364 CDS	contig00053	34419	33193	-3	-	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.1365 CDS	contig00053	35045	34449	-2	-	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.1366 CDS	contig00053	35685	35053	-3	-	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.1367 CDS	contig00053	36452	35685	-2	-	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.1368 CDS	contig00053	37686	36442	-3	-	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.1369 CDS	contig00053	39030	37690	-3	-	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.1370 CDS	contig00053	39738	39424	-3	-	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.1371 CDS	contig00053	39834	40982	3	+	1149
ES114	fig 6666666.3235.peg.1372 CDS	contig00053	40997	41566	2	+	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.1373 CDS	contig00053	41566	42126	1	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.1374 CDS	contig00053	42213	43556	3	+	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.1375 CDS	contig00053	43838	44611	2	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.1376 CDS	contig00053	44719	45612	1	+	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.1377 CDS	contig00053	45609	46199	3	+	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.1378 CDS	contig00053	47720	46272	-2	-	1449
ES114	fig 6666666.3235.peg.1379 CDS	contig00053	48809	47880	-2	-	930
ES114	fig 6666666.3235.peg.1380 CDS	contig00053	49589	48825	-2	-	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.1381 CDS	contig00053	49868	50110	2	+	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.1382 CDS	contig00053	50103	50999	3	+	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.1383 CDS	contig00053	51021	52904	3	+	1884
ES114	fig 6666666.3235.peg.1384 CDS	contig00053	53317	52967	-1	-	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.1385 CDS	contig00053	53390	53668	2	+	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.1386 CDS	contig00053	55348	53669	-1	-	1680
ES114	fig 6666666.3235.peg.1387 CDS	contig00053	55904	55410	-2	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.1388 CDS	contig00053	57025	55907	-1	-	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.1389 CDS	contig00053	57432	57025	-3	-	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.1390 CDS	contig00053	58523	57525	-2	-	999
ES114	fig 6666666.3235.peg.1391 CDS	contig00053	59075	58608	-2	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.1392 CDS	contig00053	59545	59075	-1	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1393 CDS	contig00053	60808	59699	-1	-	1110
ES114	fig 6666666.3235.peg.1394 CDS	contig00053	61505	60849	-2	-	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.1395 CDS	contig00053	62600	61509	-2	-	1092
ES114	fig 6666666.3235.peg.1396 CDS	contig00053	63078	62629	-3	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.1397 CDS	contig00053	63247	65235	1	+	1989
ES114	fig 6666666.3235.peg.1398 CDS	contig00053	65320	65646	1	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.1399 CDS	contig00053	70447	65738	-1	-	4710
ES114	fig 6666666.3235.peg.1400 CDS	contig00053	72001	70751	-1	-	1251
ES114	fig 6666666.3235.peg.1401 CDS	contig00053	72401	73009	2	+	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.1402 CDS	contig00053	73432	73103	-1	-	330
ES114	fig 6666666.3235.peg.1403 CDS	contig00053	74478	73510	-3	-	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.1404 CDS	contig00053	75479	74475	-2	-	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.1405 CDS	contig00053	77405	75567	-2	-	1839
ES114	fig 6666666.3235.peg.1406 CDS	contig00053	78566	77514	-2	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1407 CDS	contig00053	79597	78569	-1	-	1029
ES114	fig 6666666.3235.peg.1408 CDS	contig00053	80060	79893	-2	-	168

ES114	fig 6666666.3235.peg.1409 CDS	contig00053	80827	80276	-1	-	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.1410 CDS	contig00053	81050	82084	2	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.1411 CDS	contig00053	82074	82751	3	+	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.1412 CDS	contig00053	82790	83599	2	+	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.1413 CDS	contig00053	83679	84392	3	+	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.1414 CDS	contig00053	84541	86256	1	+	1716
ES114	fig 6666666.3235.peg.1415 CDS	contig00053	86612	88282	2	+	1671
ES114	fig 6666666.3235.peg.1416 CDS	contig00053	88273	89256	1	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.1417 CDS	contig00053	89275	90039	1	+	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.1418 CDS	contig00053	90029	90781	2	+	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.1419 CDS	contig00053	90783	91370	3	+	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.1420 CDS	contig00053	91740	92603	3	+	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.1421 CDS	contig00053	92620	92922	1	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.1422 CDS	contig00053	92933	93289	2	+	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.1423 CDS	contig00053	93289	94992	1	+	1704
ES114	fig 6666666.3235.peg.1424 CDS	contig00053	95054	95545	2	+	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.1425 CDS	contig00053	95557	96222	1	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.1426 CDS	contig00053	96232	96852	1	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.1427 CDS	contig00053	97441	96971	-1	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1428 CDS	contig00053	99014	97497	-2	-	1518
ES114	fig 6666666.3235.peg.1429 CDS	contig00053	99949	99074	-1	-	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.1430 CDS	contig00053	100683	99946	-3	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.1431 CDS	contig00053	100911	102071	3	+	1161
ES114	fig 6666666.3235.peg.1432 CDS	contig00053	102777	102130	-3	-	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.1433 CDS	contig00053	103009	102779	-1	-	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.1434 CDS	contig00053	103302	104195	3	+	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.1435 CDS	contig00053	104322	104528	3	+	207
ES114	fig 6666666.3235.peg.1436 CDS	contig00053	104528	104716	2	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.1437 CDS	contig00053	106117	104816	-1	-	1302
ES114	fig 6666666.3235.peg.1438 CDS	contig00053	106653	107093	3	+	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.1439 CDS	contig00053	107093	107998	2	+	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.1440 CDS	contig00053	107958	109052	3	+	1095
ES114	fig 6666666.3235.peg.1441 CDS	contig00053	109599	109114	-3	-	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.1442 CDS	contig00053	109851	112391	3	+	2541
ES114	fig 6666666.3235.peg.1443 CDS	contig00053	112773	112453	-3	-	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.1444 CDS	contig00053	113451	112942	-3	-	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.1445 CDS	contig00053	117603	113692	-3	-	3912
ES114	fig 6666666.3235.peg.1446 CDS	contig00053	117836	117702	-2	-	135
ES114	fig 6666666.3235.peg.1447 CDS	contig00053	117966	118724	3	+	759
ES114	fig 6666666.3235.peg.1448 CDS	contig00053	118955	119452	2	+	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.1449 CDS	contig00053	119597	119755	2	+	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.1450 CDS	contig00053	120329	119814	-2	-	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.1451 CDS	contig00053	120473	120330	-2	-	144
ES114	fig 6666666.3235.peg.1452 CDS	contig00053	121203	120553	-3	-	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.1453 CDS	contig00054	1553	462	-2	-	1092
ES114	fig 6666666.3235.peg.1454 CDS	contig00054	2163	1573	-3	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.1455 CDS	contig00054	3343	2345	-1	-	999
ES114	fig 6666666.3235.peg.1456 CDS	contig00054	4197	3331	-3	-	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.1457 CDS	contig00054	4805	4194	-2	-	612

ES114	fig 6666666.3235.peg.1458 CDS	contig00054	4990	6246	1	+	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.1459 CDS	contig00054	6286	7374	1	+	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.1460 CDS	contig00054	7374	8228	3	+	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.1461 CDS	contig00054	8244	8627	3	+	384
ES114	fig 6666666.3235.peg.1462 CDS	contig00054	8630	9442	2	+	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.1463 CDS	contig00054	9454	10308	1	+	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.1464 CDS	contig00055	40	1623	1	+	1584
ES114	fig 6666666.3235.peg.1465 CDS	contig00055	1634	3169	2	+	1536
ES114	fig 6666666.3235.peg.1466 CDS	contig00055	3174	3992	3	+	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.1467 CDS	contig00055	4032	4730	3	+	699
ES114	fig 6666666.3235.peg.1468 CDS	contig00055	4919	5479	2	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.1469 CDS	contig00055	6220	5726	-1	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.1470 CDS	contig00055	7682	6741	-2	-	942
ES114	fig 6666666.3235.peg.1471 CDS	contig00055	7990	8625	1	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.1472 CDS	contig00055	8682	9044	3	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.1473 CDS	contig00055	9844	9101	-1	-	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.1474 CDS	contig00055	10733	10125	-2	-	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.1475 CDS	contig00055	10879	11778	1	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.1476 CDS	contig00055	12353	13957	2	+	1605
ES114	fig 6666666.3235.peg.1477 CDS	contig00055	13972	15300	1	+	1329
ES114	fig 6666666.3235.peg.1478 CDS	contig00055	15824	15381	-2	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.1479 CDS	contig00055	16057	17109	1	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1480 CDS	contig00055	17323	18450	1	+	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.1481 CDS	contig00055	18545	18880	2	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.1482 CDS	contig00055	18967	20790	1	+	1824
ES114	fig 6666666.3235.peg.1483 CDS	contig00055	20803	21753	1	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.1484 CDS	contig00055	22202	21822	-2	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.1485 CDS	contig00055	24963	22342	-3	-	2622
ES114	fig 6666666.3235.peg.1486 CDS	contig00055	25849	25022	-1	-	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.1487 CDS	contig00055	26209	26937	1	+	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.1488 CDS	contig00055	27071	27916	2	+	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.1489 CDS	contig00055	28069	28800	1	+	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.1490 CDS	contig00055	28836	29393	3	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.1491 CDS	contig00055	29515	30288	1	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.1492 CDS	contig00055	30292	31131	1	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.1493 CDS	contig00055	31238	32440	2	+	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.1494 CDS	contig00055	32443	33801	1	+	1359
ES114	fig 6666666.3235.peg.1495 CDS	contig00055	33831	36260	3	+	2430
ES114	fig 6666666.3235.peg.1496 CDS	contig00055	36341	36850	2	+	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.1497 CDS	contig00055	36859	37878	1	+	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.1498 CDS	contig00055	38006	38458	2	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.1499 CDS	contig00055	38461	39249	1	+	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.1500 CDS	contig00055	39318	40469	3	+	1152
ES114	fig 6666666.3235.peg.1501 CDS	contig00055	40474	41097	1	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.1502 CDS	contig00055	41097	44576	3	+	3480
ES114	fig 6666666.3235.peg.1503 CDS	contig00055	44628	45587	3	+	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.1504 CDS	contig00055	45658	47028	1	+	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.1505 CDS	contig00055	47080	47391	1	+	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.1506 CDS	contig00055	47534	47872	2	+	339



ES114	fig 6666666.3235.peg.1507 CDS	contig00055	47990	48856	2	+	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.1508 CDS	contig00055	49529	48837	-2	-	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.1509 CDS	contig00055	51079	49526	-1	-	1554
ES114	fig 6666666.3235.peg.1510 CDS	contig00055	51929	51171	-2	-	759
ES114	fig 6666666.3235.peg.1511 CDS	contig00055	51977	52720	2	+	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.1512 CDS	contig00055	53175	52717	-3	-	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.1513 CDS	contig00055	53288	53959	2	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.1514 CDS	contig00056	1159	302	-1	-	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.1515 CDS	contig00056	1497	1345	-3	-	153
ES114	fig 6666666.3235.peg.1516 CDS	contig00056	1496	2110	2	+	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.1517 CDS	contig00056	3512	2187	-2	-	1326
ES114	fig 6666666.3235.peg.1518 CDS	contig00056	3662	3799	2	+	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.1519 CDS	contig00056	4806	3946	-3	-	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.1520 CDS	contig00056	5543	4851	-2	-	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.1521 CDS	contig00056	5688	6272	3	+	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.1522 CDS	contig00056	6839	6366	-2	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.1523 CDS	contig00056	7024	7683	1	+	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.1524 CDS	contig00056	7656	8060	3	+	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.1525 CDS	contig00056	8066	8815	2	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.1526 CDS	contig00056	8829	9470	3	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.1527 CDS	contig00056	9480	10082	3	+	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.1528 CDS	contig00056	10349	10906	2	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.1529 CDS	contig00056	10996	11949	1	+	954
ES114	fig 6666666.3235.peg.1530 CDS	contig00056	12862	11924	-1	-	939
ES114	fig 6666666.3235.peg.1531 CDS	contig00056	13027	14625	1	+	1599
ES114	fig 6666666.3235.peg.1532 CDS	contig00056	14650	16128	1	+	1479
ES114	fig 6666666.3235.peg.1533 CDS	contig00056	16276	16473	1	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.1534 CDS	contig00056	17370	16504	-3	-	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.1535 CDS	contig00056	17772	17380	-3	-	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.1536 CDS	contig00056	17925	18827	3	+	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.1537 CDS	contig00056	20715	18838	-3	-	1878
ES114	fig 6666666.3235.peg.1538 CDS	contig00056	22200	20806	-3	-	1395
ES114	fig 6666666.3235.peg.1539 CDS	contig00056	23366	22476	-2	-	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.1540 CDS	contig00056	23502	24758	3	+	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.1541 CDS	contig00056	26216	24849	-2	-	1368
ES114	fig 6666666.3235.peg.1542 CDS	contig00056	27448	26219	-1	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.1543 CDS	contig00056	29281	27614	-1	-	1668
ES114	fig 6666666.3235.peg.1544 CDS	contig00056	29562	30176	3	+	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.1545 CDS	contig00056	30346	30981	1	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.1546 CDS	contig00056	32736	31027	-3	-	1710
ES114	fig 6666666.3235.peg.1547 CDS	contig00056	32985	33980	3	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.1548 CDS	contig00056	34504	34031	-1	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.1549 CDS	contig00056	35831	34491	-2	-	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.1550 CDS	contig00056	37253	35835	-2	-	1419
ES114	fig 6666666.3235.peg.1551 CDS	contig00056	40073	37443	-2	-	2631
ES114	fig 6666666.3235.peg.1552 CDS	contig00056	40508	40753	2	+	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.1553 CDS	contig00057	187	873	1	+	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.1554 CDS	contig00057	861	2285	3	+	1425
ES114	fig 6666666.3235.peg.1555 CDS	contig00057	3797	2355	-2	-	1443

ES114	fig 6666666.3235.peg.1556 CDS	contig00057	4179	3790	-3	-	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.1557 CDS	contig00057	4405	4292	-1	-	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.1558 CDS	contig00057	5135	4485	-2	-	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.1559 CDS	contig00057	5920	6234	1	+	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.1560 CDS	contig00057	6380	6568	2	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.1561 CDS	contig00057	6738	7706	3	+	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.1562 CDS	contig00057	7675	7995	1	+	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.1563 CDS	contig00057	8346	8564	3	+	219
ES114	fig 6666666.3235.peg.1564 CDS	contig00057	8877	9008	3	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.1565 CDS	contig00057	9017	9802	2	+	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.1566 CDS	contig00057	9813	11135	3	+	1323
ES114	fig 6666666.3235.peg.1567 CDS	contig00057	11132	11668	2	+	537
ES114	fig 6666666.3235.peg.1568 CDS	contig00057	11670	12887	3	+	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.1569 CDS	contig00057	12890	14176	2	+	1287
ES114	fig 6666666.3235.peg.1570 CDS	contig00057	14173	15096	1	+	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.1571 CDS	contig00057	15096	15977	3	+	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.1572 CDS	contig00057	15967	16710	1	+	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.1573 CDS	contig00057	16715	17203	2	+	489
ES114	fig 6666666.3235.peg.1574 CDS	contig00057	17187	17726	3	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.1575 CDS	contig00057	17728	18999	1	+	1272
ES114	fig 6666666.3235.peg.1576 CDS	contig00058	1539	664	-3	-	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.1577 CDS	contig00059	5	151	2	+	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.1578 CDS	contig00059	444	118	-3	-	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.1579 CDS	contig00059	666	1277	3	+	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.1580 CDS	contig00059	1270	1953	1	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.1581 CDS	contig00059	2056	2496	1	+	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.1582 CDS	contig00059	2493	3233	3	+	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.1583 CDS	contig00059	3230	4489	2	+	1260
ES114	fig 6666666.3235.peg.1584 CDS	contig00059	4486	5238	1	+	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.1585 CDS	contig00059	5196	6503	3	+	1308
ES114	fig 6666666.3235.peg.1586 CDS	contig00059	6589	7158	1	+	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.1587 CDS	contig00059	7124	7609	2	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.1588 CDS	contig00059	7609	8127	1	+	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.1589 CDS	contig00059	9145	8198	-1	-	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.1590 CDS	contig00059	9338	9475	2	+	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.1591 CDS	contig00059	11354	9501	-2	-	1854
ES114	fig 6666666.3235.peg.1592 CDS	contig00059	12844	11405	-1	-	1440
ES114	fig 6666666.3235.peg.1593 CDS	contig00059	13265	12834	-2	-	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.1594 CDS	contig00059	13779	13348	-3	-	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.1595 CDS	contig00059	13914	15461	3	+	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.1596 CDS	contig00059	15473	16030	2	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.1597 CDS	contig00059	16174	16383	1	+	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.1598 CDS	contig00059	17739	16459	-3	-	1281
ES114	fig 6666666.3235.peg.1599 CDS	contig00059	17868	18920	3	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1600 CDS	contig00059	18904	20055	1	+	1152
ES114	fig 6666666.3235.peg.1601 CDS	contig00059	20062	20883	1	+	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.1602 CDS	contig00059	20876	21556	2	+	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.1603 CDS	contig00059	22775	21888	-2	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.1604 CDS	contig00059	22890	23957	3	+	1068

ES114	fig 6666666.3235.peg.1605 CDS	contig00059	23970	24995	3	+	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.1606 CDS	contig00059	25118	26122	2	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.1607 CDS	contig00059	26306	26575	2	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.1608 CDS	contig00059	27146	26652	-2	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.1609 CDS	contig00059	27332	27973	2	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.1610 CDS	contig00059	27983	28666	2	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.1611 CDS	contig00059	28654	29922	1	+	1269
ES114	fig 6666666.3235.peg.1612 CDS	contig00059	29915	30712	2	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.1613 CDS	contig00059	30715	31971	1	+	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.1614 CDS	contig00059	31971	33023	3	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1615 CDS	contig00059	33020	33823	2	+	804
ES114	fig 6666666.3235.peg.1616 CDS	contig00059	35524	33893	-1	-	1632
ES114	fig 6666666.3235.peg.1617 CDS	contig00059	35669	36556	2	+	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.1618 CDS	contig00059	36641	37819	2	+	1179
ES114	fig 6666666.3235.peg.1619 CDS	contig00059	37866	38138	3	+	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.1620 CDS	contig00059	38218	38562	1	+	345
ES114	fig 6666666.3235.peg.1621 CDS	contig00059	38593	39570	1	+	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.1622 CDS	contig00059	40687	39647	-1	-	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.1623 CDS	contig00059	40801	41709	1	+	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.1624 CDS	contig00059	42003	41710	-3	-	294
ES114	fig 6666666.3235.peg.1625 CDS	contig00059	42513	44054	3	+	1542
ES114	fig 6666666.3235.peg.1626 CDS	contig00059	44306	46000	2	+	1695
ES114	fig 6666666.3235.peg.1627 CDS	contig00059	46005	47096	3	+	1092
ES114	fig 6666666.3235.peg.1628 CDS	contig00059	47096	51937	2	+	4842
ES114	fig 6666666.3235.peg.1629 CDS	contig00060	1150	5	-1	-	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.1630 CDS	contig00060	1405	1551	1	+	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.1631 CDS	contig00060	1566	2456	3	+	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.1632 CDS	contig00060	2520	2816	3	+	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.1633 CDS	contig00060	3191	2931	-2	-	261
ES114	fig 6666666.3235.peg.1634 CDS	contig00060	3513	4973	3	+	1461
ES114	fig 6666666.3235.peg.1635 CDS	contig00060	5118	5996	3	+	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.1636 CDS	contig00060	6033	8891	3	+	2859
ES114	fig 6666666.3235.peg.1637 CDS	contig00060	8891	9406	2	+	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.1638 CDS	contig00060	9478	9906	1	+	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.1639 CDS	contig00060	9931	10875	1	+	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.1640 CDS	contig00060	10948	11757	1	+	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.1641 CDS	contig00060	12056	12172	2	+	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.1642 CDS	contig00060	12353	13510	2	+	1158
ES114	fig 6666666.3235.peg.1643 CDS	contig00060	13528	16758	1	+	3231
ES114	fig 6666666.3235.peg.1644 CDS	contig00060	18313	16907	-1	-	1407
ES114	fig 6666666.3235.peg.1645 CDS	contig00060	19424	18456	-2	-	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.1646 CDS	contig00060	20011	20484	1	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.1647 CDS	contig00060	20880	20584	-3	-	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.1648 CDS	contig00060	20999	21628	2	+	630
ES114	fig 6666666.3235.peg.1649 CDS	contig00060	21714	23687	3	+	1974
ES114	fig 6666666.3235.peg.1650 CDS	contig00060	23756	24592	2	+	837
ES114	fig 6666666.3235.peg.1651 CDS	contig00060	24641	25978	2	+	1338
ES114	fig 6666666.3235.peg.1652 CDS	contig00060	26130	26462	3	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.1653 CDS	contig00060	26867	27322	2	+	456

ES114	fig 6666666.3235.peg.1654 CDS	contig00060	27340	28827	1	+	1488
ES114	fig 6666666.3235.peg.1655 CDS	contig00060	28852	31533	1	+	2682
ES114	fig 6666666.3235.peg.1656 CDS	contig00060	31645	32052	1	+	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.1657 CDS	contig00060	32052	33002	3	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.1658 CDS	contig00060	33166	33435	1	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.1659 CDS	contig00060	33774	35903	3	+	2130
ES114	fig 6666666.3235.peg.1660 CDS	contig00060	36024	37007	3	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.1661 CDS	contig00060	37961	37083	-2	-	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.1662 CDS	contig00060	38972	37971	-2	-	1002
ES114	fig 6666666.3235.peg.1663 CDS	contig00060	40737	39190	-3	-	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.1664 CDS	contig00061	11	595	2	+	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.1665 CDS	contig00061	770	1351	2	+	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.1666 CDS	contig00062	326	78	-2	-	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.1667 CDS	contig00062	1592	705	-2	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.1668 CDS	contig00062	2843	2319	-2	-	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.1669 CDS	contig00063	934	524	-1	-	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.1670 CDS	contig00063	1488	1180	-3	-	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.1671 CDS	contig00063	1766	2134	2	+	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.1672 CDS	contig00063	3091	2303	-1	-	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.1673 CDS	contig00063	3866	4234	2	+	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.1674 CDS	contig00063	4800	4357	-3	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.1675 CDS	contig00063	5400	4942	-3	-	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.1676 CDS	contig00063	6376	5555	-1	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.1677 CDS	contig00063	6754	6389	-1	-	366
ES114	fig 6666666.3235.peg.1678 CDS	contig00063	7224	6910	-3	-	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.1679 CDS	contig00063	7469	7215	-2	-	255
ES114	fig 6666666.3235.peg.1680 CDS	contig00063	7690	7562	-1	-	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.1681 CDS	contig00063	8314	9483	1	+	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.1682 CDS	contig00063	9500	10525	2	+	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.1683 CDS	contig00064	49	525	1	+	477
ES114	fig 6666666.3235.peg.1684 CDS	contig00064	680	1954	2	+	1275
ES114	fig 6666666.3235.peg.1685 CDS	contig00064	2246	3058	2	+	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.1686 CDS	contig00064	3196	3501	1	+	306
ES114	fig 6666666.3235.peg.1687 CDS	contig00064	3776	4654	2	+	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.1688 CDS	contig00064	4658	5782	2	+	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.1689 CDS	contig00064	5793	6845	3	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1690 CDS	contig00064	8525	6924	-2	-	1602
ES114	fig 6666666.3235.peg.1691 CDS	contig00064	9845	8715	-2	-	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.1692 CDS	contig00064	10225	9845	-1	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.1693 CDS	contig00064	11430	10636	-3	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.1694 CDS	contig00064	11770	12129	1	+	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.1695 CDS	contig00064	14241	12199	-3	-	2043
ES114	fig 6666666.3235.peg.1696 CDS	contig00064	14565	16469	3	+	1905
ES114	fig 6666666.3235.peg.1697 CDS	contig00064	16844	17287	2	+	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.1698 CDS	contig00064	18811	17348	-1	-	1464
ES114	fig 6666666.3235.peg.1699 CDS	contig00064	19003	19908	1	+	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.1700 CDS	contig00064	20004	20684	3	+	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.1701 CDS	contig00064	20878	22743	1	+	1866
ES114	fig 6666666.3235.peg.1702 CDS	contig00064	23675	22815	-2	-	861

ES114	fig 6666666.3235.peg.1703 CDS	contig00064	24335	23679	-2	-	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.1704 CDS	contig00064	25296	24502	-3	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.1705 CDS	contig00064	26044	25298	-1	-	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.1706 CDS	contig00064	26293	27345	1	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.1707 CDS	contig00064	29030	27396	-2	-	1635
ES114	fig 6666666.3235.peg.1708 CDS	contig00064	29257	30996	1	+	1740
ES114	fig 6666666.3235.peg.1709 CDS	contig00064	31458	31646	3	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.1710 CDS	contig00064	32017	31715	-1	-	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.1711 CDS	contig00064	33298	32210	-1	-	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.1712 CDS	contig00064	34769	33300	-2	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.1713 CDS	contig00064	35871	34891	-3	-	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.1714 CDS	contig00064	37349	35880	-2	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.1715 CDS	contig00064	38117	37407	-2	-	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.1716 CDS	contig00064	38451	39113	3	+	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.1717 CDS	contig00064	39110	40474	2	+	1365
ES114	fig 6666666.3235.peg.1718 CDS	contig00064	41798	40725	-2	-	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.1719 CDS	contig00064	42467	41817	-2	-	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.1720 CDS	contig00064	42938	42483	-2	-	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.1721 CDS	contig00064	43134	43661	3	+	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.1722 CDS	contig00064	43651	43872	1	+	222
ES114	fig 6666666.3235.peg.1723 CDS	contig00064	44270	43944	-2	-	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.1724 CDS	contig00064	44522	45436	2	+	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.1725 CDS	contig00064	46548	45520	-3	-	1029
ES114	fig 6666666.3235.peg.1726 CDS	contig00064	46832	47029	2	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.1727 CDS	contig00065	739	65	-1	-	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.1728 CDS	contig00065	989	1849	2	+	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.1729 CDS	contig00065	1882	5973	1	+	4092
ES114	fig 6666666.3235.peg.1730 CDS	contig00065	6690	6034	-3	-	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.1731 CDS	contig00065	8093	6780	-2	-	1314
ES114	fig 6666666.3235.peg.1732 CDS	contig00065	8457	8615	3	+	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.1733 CDS	contig00065	8970	9518	3	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.1734 CDS	contig00065	10637	9594	-2	-	1044
ES114	fig 6666666.3235.peg.1735 CDS	contig00065	11098	12402	1	+	1305
ES114	fig 6666666.3235.peg.1736 CDS	contig00065	12758	12480	-2	-	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.1737 CDS	contig00065	12899	13795	2	+	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.1738 CDS	contig00065	14600	13917	-2	-	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.1739 CDS	contig00065	16159	15041	-1	-	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.1740 CDS	contig00065	16853	16377	-2	-	477
ES114	fig 6666666.3235.peg.1741 CDS	contig00065	17148	17528	3	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.1742 CDS	contig00065	17552	20419	2	+	2868
ES114	fig 6666666.3235.peg.1743 CDS	contig00065	21270	20740	-3	-	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.1744 CDS	contig00065	27754	21311	-1	-	6444
ES114	fig 6666666.3235.peg.1745 CDS	contig00065	28761	30851	3	+	2091
ES114	fig 6666666.3235.peg.1746 CDS	contig00065	31811	30939	-2	-	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.1747 CDS	contig00065	32750	31893	-2	-	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.1748 CDS	contig00065	32893	32741	-1	-	153
ES114	fig 6666666.3235.peg.1749 CDS	contig00065	33051	34952	3	+	1902
ES114	fig 6666666.3235.peg.1750 CDS	contig00065	35024	35350	2	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.1751 CDS	contig00065	35448	36221	3	+	774

ES114	fig 6666666.3235.peg.1752 CDS	contig00065	37186	36401	-1	-	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.1753 CDS	contig00065	37485	37186	-3	-	300
ES114	fig 6666666.3235.peg.1754 CDS	contig00065	37690	39585	1	+	1896
ES114	fig 6666666.3235.peg.1755 CDS	contig00065	41944	39653	-1	-	2292
ES114	fig 6666666.3235.peg.1756 CDS	contig00065	42675	46034	3	+	3360
ES114	fig 6666666.3235.peg.1757 CDS	contig00066	49	618	1	+	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.1758 CDS	contig00066	633	2516	3	+	1884
ES114	fig 6666666.3235.peg.1759 CDS	contig00066	2659	3198	1	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.1760 CDS	contig00066	3308	4021	2	+	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.1761 CDS	contig00066	4103	4705	2	+	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.1762 CDS	contig00066	6746	4794	-2	-	1953
ES114	fig 6666666.3235.peg.1763 CDS	contig00066	7132	6992	-1	-	141
ES114	fig 6666666.3235.peg.1764 CDS	contig00066	7198	9234	1	+	2037
ES114	fig 6666666.3235.peg.1765 CDS	contig00066	9544	12087	1	+	2544
ES114	fig 6666666.3235.peg.1766 CDS	contig00066	13661	12174	-2	-	1488
ES114	fig 6666666.3235.peg.1767 CDS	contig00066	14043	14240	3	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.1768 CDS	contig00066	15330	16796	3	+	1467
ES114	fig 6666666.3235.peg.1769 CDS	contig00066	16793	18424	2	+	1632
ES114	fig 6666666.3235.peg.1770 CDS	contig00067	563	66	-2	-	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.1771 CDS	contig00067	1665	709	-3	-	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.1772 CDS	contig00067	2054	3223	2	+	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.1773 CDS	contig00067	3724	3284	-1	-	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.1774 CDS	contig00067	4086	3742	-3	-	345
ES114	fig 6666666.3235.peg.1775 CDS	contig00067	4255	4127	-1	-	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.1776 CDS	contig00067	4508	6538	2	+	2031
ES114	fig 6666666.3235.peg.1777 CDS	contig00067	6538	7008	1	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1778 CDS	contig00067	7099	8286	1	+	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.1779 CDS	contig00067	8351	8992	2	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.1780 CDS	contig00067	10487	9069	-2	-	1419
ES114	fig 6666666.3235.peg.1781 CDS	contig00067	11090	10578	-2	-	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.1782 CDS	contig00067	12010	11162	-1	-	849
ES114	fig 6666666.3235.peg.1783 CDS	contig00067	12814	12275	-1	-	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.1784 CDS	contig00067	13278	12898	-3	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.1785 CDS	contig00067	13469	14956	2	+	1488
ES114	fig 6666666.3235.peg.1786 CDS	contig00067	14968	15705	1	+	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.1787 CDS	contig00067	15702	16391	3	+	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.1788 CDS	contig00067	16395	17489	3	+	1095
ES114	fig 6666666.3235.peg.1789 CDS	contig00067	17500	18180	1	+	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.1790 CDS	contig00067	18437	18261	-2	-	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.1791 CDS	contig00067	18960	18442	-3	-	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.1792 CDS	contig00068	8	556	2	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.1793 CDS	contig00068	1463	585	-2	-	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.1794 CDS	contig00068	1599	2588	3	+	990
ES114	fig 6666666.3235.peg.1795 CDS	contig00068	2670	6089	3	+	3420
ES114	fig 6666666.3235.peg.1796 CDS	contig00068	6381	10007	3	+	3627
ES114	fig 6666666.3235.peg.1797 CDS	contig00068	10000	12018	1	+	2019
ES114	fig 6666666.3235.peg.1798 CDS	contig00068	12229	12582	1	+	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.1799 CDS	contig00068	14005	12665	-1	-	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.1800 CDS	contig00068	14158	14541	1	+	384

ES114	fig 6666666.3235.peg.1801 CDS	contig00068	14732	15064	2	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.1802 CDS	contig00068	15064	15831	1	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.1803 CDS	contig00068	15925	16734	1	+	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.1804 CDS	contig00068	17241	16816	-3	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.1805 CDS	contig00068	18482	17265	-2	-	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.1806 CDS	contig00068	18853	19761	1	+	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.1807 CDS	contig00068	19751	20140	2	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.1808 CDS	contig00068	20149	21228	1	+	1080
ES114	fig 6666666.3235.peg.1809 CDS	contig00068	22269	21490	-3	-	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.1810 CDS	contig00068	23721	22363	-3	-	1359
ES114	fig 6666666.3235.peg.1811 CDS	contig00068	25434	23872	-3	-	1563
ES114	fig 6666666.3235.peg.1812 CDS	contig00068	27829	25610	-1	-	2220
ES114	fig 6666666.3235.peg.1813 CDS	contig00068	28773	27928	-3	-	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.1814 CDS	contig00068	28878	29429	3	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.1815 CDS	contig00068	29511	30284	3	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.1816 CDS	contig00068	30775	30326	-1	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.1817 CDS	contig00068	31044	30775	-3	-	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.1818 CDS	contig00068	32029	33384	1	+	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.1819 CDS	contig00068	33417	33722	3	+	306
ES114	fig 6666666.3235.peg.1820 CDS	contig00068	33762	35171	3	+	1410
ES114	fig 6666666.3235.peg.1821 CDS	contig00068	35198	36133	2	+	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.1822 CDS	contig00068	36145	36468	1	+	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.1823 CDS	contig00068	36538	37542	1	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.1824 CDS	contig00068	37803	39080	3	+	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.1825 CDS	contig00068	39455	39147	-2	-	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.1826 CDS	contig00068	40496	39459	-2	-	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.1827 CDS	contig00068	40581	40913	3	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.1828 CDS	contig00068	40915	41721	1	+	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.1829 CDS	contig00068	42563	41760	-2	-	804
ES114	fig 6666666.3235.peg.1830 CDS	contig00068	42771	43496	3	+	726
ES114	fig 6666666.3235.peg.1831 CDS	contig00068	43604	44110	2	+	507
ES114	fig 6666666.3235.peg.1832 CDS	contig00068	44097	45356	3	+	1260
ES114	fig 6666666.3235.peg.1833 CDS	contig00068	45391	45774	1	+	384
ES114	fig 6666666.3235.peg.1834 CDS	contig00068	45899	46222	2	+	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.1835 CDS	contig00068	46238	46753	2	+	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.1836 CDS	contig00068	46792	48642	1	+	1851
ES114	fig 6666666.3235.peg.1837 CDS	contig00068	48645	48983	3	+	339
ES114	fig 6666666.3235.peg.1838 CDS	contig00068	49106	49306	2	+	201
ES114	fig 6666666.3235.peg.1839 CDS	contig00068	49537	50823	1	+	1287
ES114	fig 6666666.3235.peg.1840 CDS	contig00068	51112	51546	1	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.1841 CDS	contig00068	51780	52898	3	+	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.1842 CDS	contig00068	52929	53699	3	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.1843 CDS	contig00068	53680	54594	1	+	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.1844 CDS	contig00068	54607	55725	1	+	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.1845 CDS	contig00068	55764	57032	3	+	1269
ES114	fig 6666666.3235.peg.1846 CDS	contig00068	57044	57655	2	+	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.1847 CDS	contig00068	57666	58823	3	+	1158
ES114	fig 6666666.3235.peg.1848 CDS	contig00068	59005	60507	1	+	1503
ES114	fig 6666666.3235.peg.1849 CDS	contig00068	60587	61462	2	+	876

ES114	fig 6666666.3235.peg.1850 CDS	contig00068	61780	62013	1	+	234
ES114	fig 6666666.3235.peg.1851 CDS	contig00068	63355	62006	-1	-	1350
ES114	fig 6666666.3235.peg.1852 CDS	contig00068	63564	65027	3	+	1464
ES114	fig 6666666.3235.peg.1853 CDS	contig00068	65229	66782	3	+	1554
ES114	fig 6666666.3235.peg.1854 CDS	contig00068	67058	68617	2	+	1560
ES114	fig 6666666.3235.peg.1855 CDS	contig00068	69327	68692	-3	-	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.1856 CDS	contig00068	70664	69387	-2	-	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.1857 CDS	contig00068	71070	70690	-3	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.1858 CDS	contig00068	71367	72671	3	+	1305
ES114	fig 6666666.3235.peg.1859 CDS	contig00068	73581	72739	-3	-	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.1860 CDS	contig00069	114	431	3	+	318
ES114	fig 6666666.3235.peg.1861 CDS	contig00069	450	1532	3	+	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.1862 CDS	contig00069	1582	2328	1	+	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.1863 CDS	contig00069	2694	2404	-3	-	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.1864 CDS	contig00069	3111	2716	-3	-	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.1865 CDS	contig00069	3492	3211	-3	-	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.1866 CDS	contig00069	3756	5684	3	+	1929
ES114	fig 6666666.3235.peg.1867 CDS	contig00069	5769	6239	3	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1868 CDS	contig00069	6347	6541	2	+	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.1869 CDS	contig00069	6583	6936	1	+	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.1870 CDS	contig00070	194	568	2	+	375
ES114	fig 6666666.3235.peg.1871 CDS	contig00070	798	1226	3	+	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.1872 CDS	contig00070	2575	1298	-1	-	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.1873 CDS	contig00072	1717	785	-1	-	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.1874 CDS	contig00072	1826	2821	2	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.1875 CDS	contig00072	2831	3835	2	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.1876 CDS	contig00072	5010	3907	-3	-	1104
ES114	fig 6666666.3235.peg.1877 CDS	contig00072	5183	6178	2	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.1878 CDS	contig00072	7704	6259	-3	-	1446
ES114	fig 6666666.3235.peg.1879 CDS	contig00072	8486	7806	-2	-	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.1880 CDS	contig00072	8670	9884	3	+	1215
ES114	fig 6666666.3235.peg.1881 CDS	contig00072	10966	9962	-1	-	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.1882 CDS	contig00072	11249	12898	2	+	1650
ES114	fig 6666666.3235.peg.1883 CDS	contig00072	12917	14365	2	+	1449
ES114	fig 6666666.3235.peg.1884 CDS	contig00072	14608	14366	-1	-	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.1885 CDS	contig00072	15089	14652	-2	-	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.1886 CDS	contig00072	15298	15924	1	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.1887 CDS	contig00072	16448	15978	-2	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.1888 CDS	contig00072	16655	16768	2	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.1889 CDS	contig00072	16864	17286	1	+	423
ES114	fig 6666666.3235.peg.1890 CDS	contig00072	17328	17813	3	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.1891 CDS	contig00072	17836	18558	1	+	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.1892 CDS	contig00072	18564	19583	3	+	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.1893 CDS	contig00072	20892	19669	-3	-	1224
ES114	fig 6666666.3235.peg.1894 CDS	contig00072	22108	21113	-1	-	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.1895 CDS	contig00072	24111	22285	-3	-	1827
ES114	fig 6666666.3235.peg.1896 CDS	contig00072	24302	25270	2	+	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.1897 CDS	contig00072	26246	25338	-2	-	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.1898 CDS	contig00072	26755	26967	1	+	213



ES114	fig 6666666.3235.peg.1899 CDS	contig00072	27000	27182	3	+	183
ES114	fig 6666666.3235.peg.1900 CDS	contig00072	28261	27308	-1	-	954
ES114	fig 6666666.3235.peg.1901 CDS	contig00072	28696	29349	1	+	654
ES114	fig 6666666.3235.peg.1902 CDS	contig00072	30832	29393	-1	-	1440
ES114	fig 6666666.3235.peg.1903 CDS	contig00072	31615	30851	-1	-	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.1904 CDS	contig00072	32193	31858	-3	-	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.1905 CDS	contig00072	32655	32431	-3	-	225
ES114	fig 6666666.3235.peg.1906 CDS	contig00072	33563	32664	-2	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.1907 CDS	contig00072	34126	33659	-1	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.1908 CDS	contig00072	34634	34191	-2	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.1909 CDS	contig00072	35107	34634	-1	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.1910 CDS	contig00072	35254	35445	1	+	192
ES114	fig 6666666.3235.peg.1911 CDS	contig00072	35538	35984	3	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.1912 CDS	contig00072	36729	37175	3	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.1913 CDS	contig00072	37206	38075	3	+	870
ES114	fig 6666666.3235.peg.1914 CDS	contig00072	39069	39968	3	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.1915 CDS	contig00072	40106	40315	2	+	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.1916 CDS	contig00072	40397	42040	2	+	1644
ES114	fig 6666666.3235.peg.1917 CDS	contig00072	42602	43336	2	+	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.1918 CDS	contig00072	43333	44067	1	+	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.1919 CDS	contig00072	44198	44881	2	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.1920 CDS	contig00072	45071	45214	2	+	144
ES114	fig 6666666.3235.peg.1921 CDS	contig00072	45306	47534	3	+	2229
ES114	fig 6666666.3235.peg.1922 CDS	contig00072	47826	47996	3	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.1923 CDS	contig00072	47993	49474	2	+	1482
ES114	fig 6666666.3235.peg.1924 CDS	contig00072	49471	51342	1	+	1872
ES114	fig 6666666.3235.peg.1925 CDS	contig00072	51339	52805	3	+	1467
ES114	fig 6666666.3235.peg.1926 CDS	contig00072	52805	54025	2	+	1221
ES114	fig 6666666.3235.peg.1927 CDS	contig00072	54028	55659	1	+	1632
ES114	fig 6666666.3235.peg.1928 CDS	contig00072	55679	57022	2	+	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.1929 CDS	contig00072	57047	58372	2	+	1326
ES114	fig 6666666.3235.peg.1930 CDS	contig00073	507	1364	3	+	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.1931 CDS	contig00073	2040	1396	-3	-	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.1932 CDS	contig00073	3250	2162	-1	-	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.1933 CDS	contig00073	4179	3337	-3	-	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.1934 CDS	contig00073	4853	4662	-2	-	192
ES114	fig 6666666.3235.peg.1935 CDS	contig00074	127	1956	1	+	1830
ES114	fig 6666666.3235.peg.1936 CDS	contig00074	2306	2653	2	+	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.1937 CDS	contig00074	2963	4504	2	+	1542
ES114	fig 6666666.3235.peg.1938 CDS	contig00074	4746	4859	3	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.1939 CDS	contig00074	5968	4862	-1	-	1107
ES114	fig 6666666.3235.peg.1940 CDS	contig00074	6194	7330	2	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.1941 CDS	contig00074	7431	7751	3	+	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.1942 CDS	contig00074	8451	7840	-3	-	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.1943 CDS	contig00074	8808	9680	3	+	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.1944 CDS	contig00074	9735	11183	3	+	1449
ES114	fig 6666666.3235.peg.1945 CDS	contig00074	11208	11324	3	+	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.1946 CDS	contig00074	11402	11941	2	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.1947 CDS	contig00074	12193	11984	-1	-	210

ES114	fig 6666666.3235.peg.1948 CDS	contig00074	12209	13387	2	+	1179
ES114	fig 6666666.3235.peg.1949 CDS	contig00074	13597	14136	1	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.1950 CDS	contig00074	14363	15973	2	+	1611
ES114	fig 6666666.3235.peg.1951 CDS	contig00074	16059	16697	3	+	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.1952 CDS	contig00074	18212	16743	-2	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.1953 CDS	contig00074	18737	19798	2	+	1062
ES114	fig 6666666.3235.peg.1954 CDS	contig00074	20028	20552	3	+	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.1955 CDS	contig00074	20612	20863	2	+	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.1956 CDS	contig00074	21072	20920	-3	-	153
ES114	fig 6666666.3235.peg.1957 CDS	contig00074	21446	21216	-2	-	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.1958 CDS	contig00074	21763	21948	1	+	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.1959 CDS	contig00074	22282	23796	1	+	1515
ES114	fig 6666666.3235.peg.1960 CDS	contig00074	24334	24188	-1	-	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.1961 CDS	contig00074	25216	24404	-1	-	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.1962 CDS	contig00074	25396	26346	1	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.1963 CDS	contig00074	26798	26373	-2	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.1964 CDS	contig00074	26946	27248	3	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.1965 CDS	contig00074	28560	27316	-3	-	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.1966 CDS	contig00074	29899	28700	-1	-	1200
ES114	fig 6666666.3235.peg.1967 CDS	contig00074	30091	30978	1	+	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.1968 CDS	contig00074	31124	31951	2	+	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.1969 CDS	contig00074	32917	32033	-1	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.1970 CDS	contig00074	33081	33614	3	+	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.1971 CDS	contig00074	34075	33704	-1	-	372
ES114	fig 6666666.3235.peg.1972 CDS	contig00074	35047	34151	-1	-	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.1973 CDS	contig00074	35165	37186	2	+	2022
ES114	fig 6666666.3235.peg.1974 CDS	contig00074	38096	37461	-2	-	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.1975 CDS	contig00074	39505	38093	-1	-	1413
ES114	fig 6666666.3235.peg.1976 CDS	contig00074	39914	40753	2	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.1977 CDS	contig00074	42367	41027	-1	-	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.1978 CDS	contig00074	43833	42376	-3	-	1458
ES114	fig 6666666.3235.peg.1979 CDS	contig00074	44480	43872	-2	-	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.1980 CDS	contig00074	46022	44628	-2	-	1395
ES114	fig 6666666.3235.peg.1981 CDS	contig00074	47039	46296	-2	-	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.1982 CDS	contig00074	47282	48355	2	+	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.1983 CDS	contig00074	48355	49416	1	+	1062
ES114	fig 6666666.3235.peg.1984 CDS	contig00074	49517	52477	2	+	2961
ES114	fig 6666666.3235.peg.1985 CDS	contig00074	53028	52576	-3	-	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.1986 CDS	contig00074	53429	53034	-2	-	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.1987 CDS	contig00074	54405	53485	-3	-	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.1988 CDS	contig00074	54606	55022	3	+	417
ES114	fig 6666666.3235.peg.1989 CDS	contig00074	55870	55151	-1	-	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.1990 CDS	contig00074	56033	56935	2	+	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.1991 CDS	contig00074	57163	56999	-1	-	165
ES114	fig 6666666.3235.peg.1992 CDS	contig00074	57750	57220	-3	-	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.1993 CDS	contig00074	57990	59237	3	+	1248
ES114	fig 6666666.3235.peg.1994 CDS	contig00074	59623	59273	-1	-	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.1995 CDS	contig00075	365	1561	2	+	1197
ES114	fig 6666666.3235.peg.1996 CDS	contig00075	2645	1710	-2	-	936

ES114	fig 6666666.3235.peg.1997 CDS	contig00075	2714	3559	2	+	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.1998 CDS	contig00075	4746	3838	-3	-	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.1999 CDS	contig00075	4836	5492	3	+	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.2000 CDS	contig00075	5659	6144	1	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.2001 CDS	contig00075	6374	6778	2	+	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.2002 CDS	contig00075	6903	8498	3	+	1596
ES114	fig 6666666.3235.peg.2003 CDS	contig00075	8792	10402	2	+	1611
ES114	fig 6666666.3235.peg.2004 CDS	contig00075	10542	11441	3	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.2005 CDS	contig00075	11586	13784	3	+	2199
ES114	fig 6666666.3235.peg.2006 CDS	contig00075	13898	14665	2	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.2007 CDS	contig00075	14659	15603	1	+	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.2008 CDS	contig00075	15678	17621	3	+	1944
ES114	fig 6666666.3235.peg.2009 CDS	contig00075	17694	18455	3	+	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.2010 CDS	contig00075	18457	19809	1	+	1353
ES114	fig 6666666.3235.peg.2011 CDS	contig00075	19809	20342	3	+	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.2012 CDS	contig00075	20339	20743	2	+	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.2013 CDS	contig00075	20743	21363	1	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.2014 CDS	contig00075	21360	22532	3	+	1173
ES114	fig 6666666.3235.peg.2015 CDS	contig00075	23336	22590	-2	-	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.2016 CDS	contig00075	23480	23659	2	+	180
ES114	fig 6666666.3235.peg.2017 CDS	contig00075	24312	23692	-3	-	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.2018 CDS	contig00075	25279	24407	-1	-	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.2019 CDS	contig00075	25358	26560	2	+	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.2020 CDS	contig00075	26790	27446	3	+	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.2021 CDS	contig00076	313	630	1	+	318
ES114	fig 6666666.3235.peg.2022 CDS	contig00076	679	1503	1	+	825
ES114	fig 6666666.3235.peg.2023 CDS	contig00076	1508	3619	2	+	2112
ES114	fig 6666666.3235.peg.2024 CDS	contig00076	3640	4326	1	+	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.2025 CDS	contig00076	4491	5846	3	+	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.2026 CDS	contig00076	5874	8174	3	+	2301
ES114	fig 6666666.3235.peg.2027 CDS	contig00076	8208	9719	3	+	1512
ES114	fig 6666666.3235.peg.2028 CDS	contig00076	9703	10719	1	+	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.2029 CDS	contig00076	10880	12154	2	+	1275
ES114	fig 6666666.3235.peg.2030 CDS	contig00076	12147	13310	3	+	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.2031 CDS	contig00076	13307	14749	2	+	1443
ES114	fig 6666666.3235.peg.2032 CDS	contig00076	14746	16131	1	+	1386
ES114	fig 6666666.3235.peg.2033 CDS	contig00076	16278	17033	3	+	756
ES114	fig 6666666.3235.peg.2034 CDS	contig00076	17023	18159	1	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.2035 CDS	contig00076	18156	19493	3	+	1338
ES114	fig 6666666.3235.peg.2036 CDS	contig00076	19812	20900	3	+	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.2037 CDS	contig00076	20897	22084	2	+	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.2038 CDS	contig00076	22099	22743	1	+	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.2039 CDS	contig00076	22964	24856	2	+	1893
ES114	fig 6666666.3235.peg.2040 CDS	contig00076	24944	25492	2	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.2041 CDS	contig00076	25533	25760	3	+	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.2042 CDS	contig00076	26234	25863	-2	-	372
ES114	fig 6666666.3235.peg.2043 CDS	contig00076	29041	26582	-1	-	2460
ES114	fig 6666666.3235.peg.2044 CDS	contig00076	29720	29043	-2	-	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.2045 CDS	contig00076	29879	30493	2	+	615

ES114	fig 6666666.3235.peg.2046 CDS	contig00076	30891	30553	-3	-	339
ES114	fig 6666666.3235.peg.2047 CDS	contig00076	31022	31882	2	+	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.2048 CDS	contig00076	32037	33386	3	+	1350
ES114	fig 6666666.3235.peg.2049 CDS	contig00076	34378	33449	-1	-	930
ES114	fig 6666666.3235.peg.2050 CDS	contig00076	34523	35644	2	+	1122
ES114	fig 6666666.3235.peg.2051 CDS	contig00076	35641	36432	1	+	792
ES114	fig 6666666.3235.peg.2052 CDS	contig00076	37353	36508	-3	-	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.2053 CDS	contig00076	38851	37364	-1	-	1488
ES114	fig 6666666.3235.peg.2054 CDS	contig00076	39312	39833	3	+	522
ES114	fig 6666666.3235.peg.2055 CDS	contig00076	40342	39911	-1	-	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.2056 CDS	contig00076	41271	40396	-3	-	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.2057 CDS	contig00076	41515	41904	1	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.2058 CDS	contig00076	43776	41989	-3	-	1788
ES114	fig 6666666.3235.peg.2059 CDS	contig00077	374	2227	2	+	1854
ES114	fig 6666666.3235.peg.2060 CDS	contig00077	2184	11789	3	+	9606
ES114	fig 6666666.3235.peg.2061 CDS	contig00077	12165	12049	-3	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.2062 CDS	contig00077	12604	12332	-1	-	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.2063 CDS	contig00077	12880	12617	-1	-	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.2064 CDS	contig00077	13739	12918	-2	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.2065 CDS	contig00077	15690	14263	-3	-	1428
ES114	fig 6666666.3235.peg.2066 CDS	contig00077	16165	15779	-1	-	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.2067 CDS	contig00077	17445	16180	-3	-	1266
ES114	fig 6666666.3235.peg.2068 CDS	contig00077	18011	17466	-2	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.2069 CDS	contig00077	18712	18287	-1	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2070 CDS	contig00077	19356	18718	-3	-	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.2071 CDS	contig00077	19491	19922	3	+	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.2072 CDS	contig00077	20293	20985	1	+	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.2073 CDS	contig00077	21000	21974	3	+	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.2074 CDS	contig00077	22709	22068	-2	-	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.2075 CDS	contig00078	57	2171	3	+	2115
ES114	fig 6666666.3235.peg.2076 CDS	contig00078	2185	2637	1	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.2077 CDS	contig00078	4412	2694	-2	-	1719
ES114	fig 6666666.3235.peg.2078 CDS	contig00078	5585	4422	-2	-	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.2079 CDS	contig00079	1273	50	-1	-	1224
ES114	fig 6666666.3235.peg.2080 CDS	contig00079	1410	2966	3	+	1557
ES114	fig 6666666.3235.peg.2081 CDS	contig00079	2968	3645	1	+	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.2082 CDS	contig00079	4320	3709	-3	-	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.2083 CDS	contig00079	5769	4489	-3	-	1281
ES114	fig 6666666.3235.peg.2084 CDS	contig00079	6477	5797	-3	-	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.2085 CDS	contig00079	6663	8180	3	+	1518
ES114	fig 6666666.3235.peg.2086 CDS	contig00079	8983	8261	-1	-	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.2087 CDS	contig00079	9201	10733	3	+	1533
ES114	fig 6666666.3235.peg.2088 CDS	contig00079	10939	13794	1	+	2856
ES114	fig 6666666.3235.peg.2089 CDS	contig00079	13930	15360	1	+	1431
ES114	fig 6666666.3235.peg.2090 CDS	contig00079	16779	15454	-3	-	1326
ES114	fig 6666666.3235.peg.2091 CDS	contig00079	17012	17650	2	+	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.2092 CDS	contig00079	17613	18083	3	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.2093 CDS	contig00079	18099	18923	3	+	825
ES114	fig 6666666.3235.peg.2094 CDS	contig00079	18923	19507	2	+	585

ES114	fig 6666666.3235.peg.2095 CDS	contig00079	19651	21531	1	+	1881
ES114	fig 6666666.3235.peg.2096 CDS	contig00079	21534	23810	3	+	2277
ES114	fig 6666666.3235.peg.2097 CDS	contig00079	24937	23873	-1	-	1065
ES114	fig 6666666.3235.peg.2098 CDS	contig00079	26419	25052	-1	-	1368
ES114	fig 6666666.3235.peg.2099 CDS	contig00079	26954	26499	-2	-	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.2100 CDS	contig00079	27066	27194	3	+	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.2101 CDS	contig00079	27157	28212	1	+	1056
ES114	fig 6666666.3235.peg.2102 CDS	contig00079	28491	28919	3	+	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.2103 CDS	contig00079	28935	29327	3	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.2104 CDS	contig00079	29722	30315	1	+	594
ES114	fig 6666666.3235.peg.2105 CDS	contig00079	30315	31583	3	+	1269
ES114	fig 6666666.3235.peg.2106 CDS	contig00079	31580	32317	2	+	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.2107 CDS	contig00079	32461	33096	1	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.2108 CDS	contig00079	33096	33560	3	+	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.2109 CDS	contig00079	34217	33630	-2	-	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.2110 CDS	contig00079	34812	34222	-3	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.2111 CDS	contig00079	35139	34816	-3	-	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.2112 CDS	contig00079	36970	35168	-1	-	1803
ES114	fig 6666666.3235.peg.2113 CDS	contig00079	37158	38021	3	+	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.2114 CDS	contig00079	38652	39602	3	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.2115 CDS	contig00079	39599	39925	2	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.2116 CDS	contig00079	40098	41660	3	+	1563
ES114	fig 6666666.3235.peg.2117 CDS	contig00079	41668	43149	1	+	1482
ES114	fig 6666666.3235.peg.2118 CDS	contig00079	43155	44504	3	+	1350
ES114	fig 6666666.3235.peg.2119 CDS	contig00079	44504	45586	2	+	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.2120 CDS	contig00079	45588	46910	3	+	1323
ES114	fig 6666666.3235.peg.2121 CDS	contig00079	46913	48115	2	+	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.2122 CDS	contig00079	48099	49163	3	+	1065
ES114	fig 6666666.3235.peg.2123 CDS	contig00079	49179	50642	3	+	1464
ES114	fig 6666666.3235.peg.2124 CDS	contig00079	50849	51619	2	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.2125 CDS	contig00079	51621	52883	3	+	1263
ES114	fig 6666666.3235.peg.2126 CDS	contig00079	52916	54166	2	+	1251
ES114	fig 6666666.3235.peg.2127 CDS	contig00079	54308	55189	2	+	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.2128 CDS	contig00079	55733	55266	-2	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.2129 CDS	contig00079	56069	58792	2	+	2724
ES114	fig 6666666.3235.peg.2130 CDS	contig00079	58884	59285	3	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.2131 CDS	contig00079	59564	59355	-2	-	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.2132 CDS	contig00079	60303	59572	-3	-	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.2133 CDS	contig00079	60947	60324	-2	-	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.2134 CDS	contig00079	61831	60944	-1	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.2135 CDS	contig00079	63174	61936	-3	-	1239
ES114	fig 6666666.3235.peg.2136 CDS	contig00079	64882	63194	-1	-	1689
ES114	fig 6666666.3235.peg.2137 CDS	contig00079	65293	64889	-1	-	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.2138 CDS	contig00079	66522	65635	-3	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.2139 CDS	contig00079	66636	67187	3	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.2140 CDS	contig00079	67474	68244	1	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.2141 CDS	contig00079	68300	70963	2	+	2664
ES114	fig 6666666.3235.peg.2142 CDS	contig00079	70991	72877	2	+	1887
ES114	fig 6666666.3235.peg.2143 CDS	contig00079	73152	74588	3	+	1437

ES114	fig 6666666.3235.peg.2144 CDS	contig00084	1626	445	-3	-	1182
ES114	fig 6666666.3235.peg.2145 CDS	contig00084	2315	1863	-2	-	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.2146 CDS	contig00084	3248	2325	-2	-	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.2147 CDS	contig00084	5604	3430	-3	-	2175
ES114	fig 6666666.3235.peg.2148 CDS	contig00084	7006	5708	-1	-	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.2149 CDS	contig00084	8798	7035	-2	-	1764
ES114	fig 6666666.3235.peg.2150 CDS	contig00084	9706	8795	-1	-	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.2151 CDS	contig00084	11474	9699	-2	-	1776
ES114	fig 6666666.3235.peg.2152 CDS	contig00084	13548	11623	-3	-	1926
ES114	fig 6666666.3235.peg.2153 CDS	contig00084	14532	13639	-3	-	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.2154 CDS	contig00084	15209	14571	-2	-	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.2155 CDS	contig00084	15733	16677	1	+	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.2156 CDS	contig00084	17424	16693	-3	-	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.2157 CDS	contig00084	18951	17503	-3	-	1449
ES114	fig 6666666.3235.peg.2158 CDS	contig00084	19254	20642	3	+	1389
ES114	fig 6666666.3235.peg.2159 CDS	contig00084	21951	20749	-3	-	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.2160 CDS	contig00084	22690	22202	-1	-	489
ES114	fig 6666666.3235.peg.2161 CDS	contig00084	23654	22749	-2	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.2162 CDS	contig00084	25393	23891	-1	-	1503
ES114	fig 6666666.3235.peg.2163 CDS	contig00084	26270	25548	-2	-	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.2164 CDS	contig00084	26942	27328	2	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.2165 CDS	contig00084	27589	27395	-1	-	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.2166 CDS	contig00084	27986	28207	2	+	222
ES114	fig 6666666.3235.peg.2167 CDS	contig00084	28738	28238	-1	-	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.2168 CDS	contig00084	29051	29989	2	+	939
ES114	fig 6666666.3235.peg.2169 CDS	contig00084	31583	30105	-2	-	1479
ES114	fig 6666666.3235.peg.2170 CDS	contig00084	32111	34408	2	+	2298
ES114	fig 6666666.3235.peg.2171 CDS	contig00084	35172	36152	3	+	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.2172 CDS	contig00084	37185	36238	-3	-	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.2173 CDS	contig00084	37741	38775	1	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.2174 CDS	contig00084	38959	39498	1	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.2175 CDS	contig00084	39665	40255	2	+	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.2176 CDS	contig00084	41365	40238	-1	-	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.2177 CDS	contig00084	41636	43498	2	+	1863
ES114	fig 6666666.3235.peg.2178 CDS	contig00084	43672	44091	1	+	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.2179 CDS	contig00084	44388	44152	-3	-	237
ES114	fig 6666666.3235.peg.2180 CDS	contig00084	45380	44553	-2	-	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.2181 CDS	contig00084	45988	45539	-1	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.2182 CDS	contig00084	47241	45985	-3	-	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.2183 CDS	contig00084	47526	47257	-3	-	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.2184 CDS	contig00084	48302	47817	-2	-	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.2185 CDS	contig00084	48493	49200	1	+	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.2186 CDS	contig00084	49560	49210	-3	-	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.2187 CDS	contig00084	51230	49746	-2	-	1485
ES114	fig 6666666.3235.peg.2188 CDS	contig00084	53041	51575	-1	-	1467
ES114	fig 6666666.3235.peg.2189 CDS	contig00084	53373	54485	3	+	1113
ES114	fig 6666666.3235.peg.2190 CDS	contig00084	55015	54542	-1	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.2191 CDS	contig00084	57171	55027	-3	-	2145
ES114	fig 6666666.3235.peg.2192 CDS	contig00084	57491	57871	2	+	381

ES114	fig 6666666.3235.peg.2193 CDS	contig00084	57884	58987	2	+	1104
ES114	fig 6666666.3235.peg.2194 CDS	contig00084	59051	59950	2	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.2195 CDS	contig00084	60883	59954	-1	-	930
ES114	fig 6666666.3235.peg.2196 CDS	contig00084	61364	61080	-2	-	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.2197 CDS	contig00084	61615	61361	-1	-	255
ES114	fig 6666666.3235.peg.2198 CDS	contig00084	62860	61691	-1	-	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.2199 CDS	contig00084	63079	63738	1	+	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.2200 CDS	contig00084	63936	63814	-3	-	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.2201 CDS	contig00084	65487	64387	-3	-	1101
ES114	fig 6666666.3235.peg.2202 CDS	contig00084	66410	65484	-2	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.2203 CDS	contig00084	67365	66415	-3	-	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.2204 CDS	contig00084	67557	68042	3	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.2205 CDS	contig00084	68408	68124	-2	-	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.2206 CDS	contig00084	70544	68661	-2	-	1884
ES114	fig 6666666.3235.peg.2207 CDS	contig00084	71016	70900	-3	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.2208 CDS	contig00084	70991	73399	2	+	2409
ES114	fig 6666666.3235.peg.2209 CDS	contig00084	74401	73466	-1	-	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.2210 CDS	contig00084	75154	74480	-1	-	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.2211 CDS	contig00084	75865	75248	-1	-	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.2212 CDS	contig00084	77571	75874	-3	-	1698
ES114	fig 6666666.3235.peg.2213 CDS	contig00084	77984	78967	2	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.2214 CDS	contig00084	78997	80793	1	+	1797
ES114	fig 6666666.3235.peg.2215 CDS	contig00084	80790	81563	3	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.2216 CDS	contig00084	81579	82256	3	+	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.2217 CDS	contig00084	82497	83642	3	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.2218 CDS	contig00084	83735	85321	2	+	1587
ES114	fig 6666666.3235.peg.2219 CDS	contig00084	85335	85982	3	+	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.2220 CDS	contig00084	85975	86583	1	+	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.2221 CDS	contig00084	88032	86662	-3	-	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.2222 CDS	contig00084	88516	90072	1	+	1557
ES114	fig 6666666.3235.peg.2223 CDS	contig00084	90220	92067	1	+	1848
ES114	fig 6666666.3235.peg.2224 CDS	contig00084	92966	93733	2	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.2225 CDS	contig00084	93859	94098	1	+	240
ES114	fig 6666666.3235.peg.2226 CDS	contig00084	95075	94104	-2	-	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.2227 CDS	contig00084	95812	95198	-1	-	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.2228 CDS	contig00084	96107	97114	2	+	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.2229 CDS	contig00084	97276	99030	1	+	1755
ES114	fig 6666666.3235.peg.2230 CDS	contig00084	99198	99079	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.2231 CDS	contig00084	99198	100292	3	+	1095
ES114	fig 6666666.3235.peg.2232 CDS	contig00084	100928	100371	-2	-	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.2233 CDS	contig00084	101512	100928	-1	-	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.2234 CDS	contig00084	101914	104286	1	+	2373
ES114	fig 6666666.3235.peg.2235 CDS	contig00084	104297	104911	2	+	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.2236 CDS	contig00084	104913	105758	3	+	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.2237 CDS	contig00084	106130	106654	2	+	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.2238 CDS	contig00084	106644	107198	3	+	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.2239 CDS	contig00084	107198	107992	2	+	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.2240 CDS	contig00084	107964	108398	3	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.2241 CDS	contig00084	108391	112785	1	+	4395

ES114	fig 6666666.3235.peg.2242 CDS	contig00084	112808	113728	2	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.2243 CDS	contig00084	113993	115468	2	+	1476
ES114	fig 6666666.3235.peg.2244 CDS	contig00084	117261	115534	-3	-	1728
ES114	fig 6666666.3235.peg.2245 CDS	contig00084	117813	117280	-3	-	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.2246 CDS	contig00084	118103	118564	2	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.2247 CDS	contig00084	119387	118614	-2	-	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.2248 CDS	contig00084	119768	119950	2	+	183
ES114	fig 6666666.3235.peg.2249 CDS	contig00084	120050	121168	2	+	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.2250 CDS	contig00084	122003	121257	-2	-	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.2251 CDS	contig00084	122747	122013	-2	-	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.2252 CDS	contig00084	123275	122757	-2	-	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.2253 CDS	contig00084	124605	123334	-3	-	1272
ES114	fig 6666666.3235.peg.2254 CDS	contig00084	126053	124656	-2	-	1398
ES114	fig 6666666.3235.peg.2255 CDS	contig00084	126510	126067	-3	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.2256 CDS	contig00084	127069	129252	1	+	2184
ES114	fig 6666666.3235.peg.2257 CDS	contig00084	129255	129836	3	+	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.2258 CDS	contig00085	15	323	3	+	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.2259 CDS	contig00085	655	831	1	+	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.2260 CDS	contig00085	889	2067	1	+	1179
ES114	fig 6666666.3235.peg.2261 CDS	contig00085	2091	4553	3	+	2463
ES114	fig 6666666.3235.peg.2262 CDS	contig00085	4791	6776	3	+	1986
ES114	fig 6666666.3235.peg.2263 CDS	contig00085	6845	6961	2	+	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.2264 CDS	contig00085	7173	8912	3	+	1740
ES114	fig 6666666.3235.peg.2265 CDS	contig00085	9225	11111	3	+	1887
ES114	fig 6666666.3235.peg.2266 CDS	contig00085	11101	11247	1	+	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.2267 CDS	contig00085	12423	11296	-3	-	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.2268 CDS	contig00085	13257	12433	-3	-	825
ES114	fig 6666666.3235.peg.2269 CDS	contig00085	14254	13241	-1	-	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.2270 CDS	contig00085	15141	14254	-3	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.2271 CDS	contig00085	16075	15128	-1	-	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.2272 CDS	contig00085	17700	16075	-3	-	1626
ES114	fig 6666666.3235.peg.2273 CDS	contig00085	18798	17770	-3	-	1029
ES114	fig 6666666.3235.peg.2274 CDS	contig00085	18974	19639	2	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.2275 CDS	contig00085	19703	19927	2	+	225
ES114	fig 6666666.3235.peg.2276 CDS	contig00085	19927	20313	1	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.2277 CDS	contig00086	124	1203	1	+	1080
ES114	fig 6666666.3235.peg.2278 CDS	contig00086	1694	1221	-2	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.2279 CDS	contig00086	2029	1718	-1	-	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.2280 CDS	contig00086	2137	3057	1	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.2281 CDS	contig00086	3274	3798	1	+	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.2282 CDS	contig00086	3949	4830	1	+	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.2283 CDS	contig00086	5116	4895	-1	-	222
ES114	fig 6666666.3235.peg.2284 CDS	contig00086	5614	5498	-1	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.2285 CDS	contig00087	191	1114	2	+	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.2286 CDS	contig00087	2088	1132	-3	-	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.2287 CDS	contig00087	3121	2072	-1	-	1050
ES114	fig 6666666.3235.peg.2288 CDS	contig00087	3193	3624	1	+	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.2289 CDS	contig00087	3697	5049	1	+	1353
ES114	fig 6666666.3235.peg.2290 CDS	contig00088	111	497	3	+	387



ES114	fig 6666666.3235.peg.2291 CDS	contig00088	531	788	3	+	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.2292 CDS	contig00088	1187	1651	2	+	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.2293 CDS	contig00088	2801	1725	-2	-	1077
ES114	fig 6666666.3235.peg.2294 CDS	contig00088	3828	2794	-3	-	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.2295 CDS	contig00088	4096	5604	1	+	1509
ES114	fig 6666666.3235.peg.2296 CDS	contig00088	5684	6127	2	+	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.2297 CDS	contig00088	6238	9111	1	+	2874
ES114	fig 6666666.3235.peg.2298 CDS	contig00088	10074	9232	-3	-	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.2299 CDS	contig00088	10561	10145	-1	-	417
ES114	fig 6666666.3235.peg.2300 CDS	contig00088	10715	11935	2	+	1221
ES114	fig 6666666.3235.peg.2301 CDS	contig00088	12048	13052	3	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.2302 CDS	contig00088	13298	14227	2	+	930
ES114	fig 6666666.3235.peg.2303 CDS	contig00088	14241	14705	3	+	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.2304 CDS	contig00088	14844	15233	3	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.2305 CDS	contig00088	15852	15307	-3	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.2306 CDS	contig00088	16652	15924	-2	-	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.2307 CDS	contig00088	18068	16800	-2	-	1269
ES114	fig 6666666.3235.peg.2308 CDS	contig00088	18337	18080	-1	-	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.2309 CDS	contig00088	19298	18657	-2	-	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.2310 CDS	contig00088	19792	19298	-1	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.2311 CDS	contig00088	20590	19796	-1	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.2312 CDS	contig00088	21389	20583	-2	-	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.2313 CDS	contig00088	21591	22562	3	+	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.2314 CDS	contig00088	22748	23722	2	+	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.2315 CDS	contig00088	23722	24282	1	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.2316 CDS	contig00088	24357	24842	3	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.2317 CDS	contig00088	24823	25320	1	+	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.2318 CDS	contig00088	25323	26048	3	+	726
ES114	fig 6666666.3235.peg.2319 CDS	contig00088	26072	27541	2	+	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.2320 CDS	contig00088	27561	27848	3	+	288
ES114	fig 6666666.3235.peg.2321 CDS	contig00088	27850	28293	1	+	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.2322 CDS	contig00088	28326	29171	3	+	846
ES114	fig 6666666.3235.peg.2323 CDS	contig00088	29190	29468	3	+	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.2324 CDS	contig00088	29619	30974	3	+	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.2325 CDS	contig00088	32424	31081	-3	-	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.2326 CDS	contig00088	32543	33073	2	+	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.2327 CDS	contig00088	34611	33166	-3	-	1446
ES114	fig 6666666.3235.peg.2328 CDS	contig00088	35523	34705	-3	-	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.2329 CDS	contig00088	39407	35538	-2	-	3870
ES114	fig 6666666.3235.peg.2330 CDS	contig00088	40888	39419	-1	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.2331 CDS	contig00088	41482	40907	-1	-	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.2332 CDS	contig00088	41984	41493	-2	-	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.2333 CDS	contig00088	42750	41974	-3	-	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.2334 CDS	contig00088	43892	42849	-2	-	1044
ES114	fig 6666666.3235.peg.2335 CDS	contig00088	44815	44015	-1	-	801
ES114	fig 6666666.3235.peg.2336 CDS	contig00088	47124	44872	-3	-	2253
ES114	fig 6666666.3235.peg.2337 CDS	contig00088	47558	47124	-2	-	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.2338 CDS	contig00088	48273	47548	-3	-	726
ES114	fig 6666666.3235.peg.2339 CDS	contig00088	48854	48273	-2	-	582

ES114	fig 6666666.3235.peg.2340 CDS	contig00088	49447	48851	-1	-	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.2341 CDS	contig00088	50038	49574	-1	-	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.2342 CDS	contig00088	50767	50204	-1	-	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.2343 CDS	contig00088	51309	50854	-3	-	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.2344 CDS	contig00088	52538	51312	-2	-	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.2345 CDS	contig00088	54272	52548	-2	-	1725
ES114	fig 6666666.3235.peg.2346 CDS	contig00088	55405	54272	-1	-	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.2347 CDS	contig00088	56250	55402	-3	-	849
ES114	fig 6666666.3235.peg.2348 CDS	contig00088	57903	56263	-3	-	1641
ES114	fig 6666666.3235.peg.2349 CDS	contig00088	58256	57915	-2	-	342
ES114	fig 6666666.3235.peg.2350 CDS	contig00088	58896	58258	-3	-	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.2351 CDS	contig00088	60343	58889	-1	-	1455
ES114	fig 6666666.3235.peg.2352 CDS	contig00088	62451	60472	-3	-	1980
ES114	fig 6666666.3235.peg.2353 CDS	contig00088	62658	63347	3	+	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.2354 CDS	contig00088	63965	63432	-2	-	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.2355 CDS	contig00088	64278	65690	3	+	1413
ES114	fig 6666666.3235.peg.2356 CDS	contig00088	65905	66990	1	+	1086
ES114	fig 6666666.3235.peg.2357 CDS	contig00088	66991	67578	1	+	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.2358 CDS	contig00088	67582	69762	1	+	2181
ES114	fig 6666666.3235.peg.2359 CDS	contig00088	69767	70972	2	+	1206
ES114	fig 6666666.3235.peg.2360 CDS	contig00088	70975	72354	1	+	1380
ES114	fig 6666666.3235.peg.2361 CDS	contig00089	1252	116	-1	-	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.2362 CDS	contig00089	1633	1361	-1	-	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.2363 CDS	contig00089	2688	1636	-3	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.2364 CDS	contig00089	2933	3649	2	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.2365 CDS	contig00089	3733	4653	1	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.2366 CDS	contig00089	5917	4757	-1	-	1161
ES114	fig 6666666.3235.peg.2367 CDS	contig00089	6517	5921	-1	-	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.2368 CDS	contig00089	6959	6528	-2	-	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.2369 CDS	contig00089	7316	7029	-2	-	288
ES114	fig 6666666.3235.peg.2370 CDS	contig00089	7878	7324	-3	-	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.2371 CDS	contig00089	8745	7927	-3	-	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.2372 CDS	contig00089	9539	8829	-2	-	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.2373 CDS	contig00089	9563	10600	2	+	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.2374 CDS	contig00089	10603	11709	1	+	1107
ES114	fig 6666666.3235.peg.2375 CDS	contig00089	12269	11844	-2	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2376 CDS	contig00089	12829	12266	-1	-	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.2377 CDS	contig00089	13889	12942	-2	-	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.2378 CDS	contig00089	14634	13903	-3	-	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.2379 CDS	contig00089	15412	14708	-1	-	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.2380 CDS	contig00089	16004	15504	-2	-	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.2381 CDS	contig00089	17324	16170	-2	-	1155
ES114	fig 6666666.3235.peg.2382 CDS	contig00089	17689	19683	1	+	1995
ES114	fig 6666666.3235.peg.2383 CDS	contig00089	19828	20847	1	+	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.2384 CDS	contig00089	21014	22177	2	+	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.2385 CDS	contig00089	22333	23409	1	+	1077
ES114	fig 6666666.3235.peg.2386 CDS	contig00089	24875	23634	-2	-	1242
ES114	fig 6666666.3235.peg.2387 CDS	contig00089	25668	24964	-3	-	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.2388 CDS	contig00089	25957	27270	1	+	1314

ES114	fig 6666666.3235.peg.2389 CDS	contig00089	27910	27392	-1	-	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.2390 CDS	contig00089	28056	28952	3	+	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.2391 CDS	contig00089	29027	29803	2	+	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.2392 CDS	contig00089	29874	31613	3	+	1740
ES114	fig 6666666.3235.peg.2393 CDS	contig00089	31884	31765	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.2394 CDS	contig00089	32235	32981	3	+	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.2395 CDS	contig00089	32995	34500	1	+	1506
ES114	fig 6666666.3235.peg.2396 CDS	contig00089	34887	36224	3	+	1338
ES114	fig 6666666.3235.peg.2397 CDS	contig00089	36945	36277	-3	-	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.2398 CDS	contig00089	37211	37369	2	+	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.2399 CDS	contig00089	37543	38055	1	+	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.2400 CDS	contig00089	38094	40355	3	+	2262
ES114	fig 6666666.3235.peg.2401 CDS	contig00089	40361	41158	2	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.2402 CDS	contig00089	41170	42003	1	+	834
ES114	fig 6666666.3235.peg.2403 CDS	contig00089	42811	42695	-1	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.2404 CDS	contig00090	552	154	-3	-	399
ES114	fig 6666666.3235.peg.2405 CDS	contig00090	1101	823	-3	-	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.2406 CDS	contig00090	1817	1392	-2	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2407 CDS	contig00090	2140	3123	1	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.2408 CDS	contig00090	3288	3130	-3	-	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.2409 CDS	contig00090	4130	3306	-2	-	825
ES114	fig 6666666.3235.peg.2410 CDS	contig00090	4578	4153	-3	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2411 CDS	contig00090	4723	5427	1	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.2412 CDS	contig00090	5730	5530	-3	-	201
ES114	fig 6666666.3235.peg.2413 CDS	contig00090	6114	6230	3	+	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.2414 CDS	contig00090	7185	7030	-3	-	156
ES114	fig 6666666.3235.peg.2415 CDS	contig00090	7843	7601	-1	-	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.2416 CDS	contig00090	10798	8660	-1	-	2139
ES114	fig 6666666.3235.peg.2417 CDS	contig00090	11814	10795	-3	-	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.2418 CDS	contig00090	12001	11858	-1	-	144
ES114	fig 6666666.3235.peg.2419 CDS	contig00090	12595	12047	-1	-	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.2420 CDS	contig00090	12840	12598	-3	-	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.2421 CDS	contig00090	13366	13500	1	+	135
ES114	fig 6666666.3235.peg.2422 CDS	contig00090	13608	14258	3	+	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.2423 CDS	contig00090	16469	14556	-2	-	1914
ES114	fig 6666666.3235.peg.2424 CDS	contig00090	16662	17618	3	+	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.2425 CDS	contig00090	17667	18626	3	+	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.2426 CDS	contig00090	18626	19159	2	+	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.2427 CDS	contig00090	19152	20117	3	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.2428 CDS	contig00090	20137	22017	1	+	1881
ES114	fig 6666666.3235.peg.2429 CDS	contig00090	22023	23684	3	+	1662
ES114	fig 6666666.3235.peg.2430 CDS	contig00090	24034	24984	1	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.2431 CDS	contig00090	25298	27289	2	+	1992
ES114	fig 6666666.3235.peg.2432 CDS	contig00090	28066	27374	-1	-	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.2433 CDS	contig00091	1586	228	-2	-	1359
ES114	fig 6666666.3235.peg.2434 CDS	contig00091	2226	1804	-3	-	423
ES114	fig 6666666.3235.peg.2435 CDS	contig00091	3648	2245	-3	-	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.2436 CDS	contig00091	4548	3682	-3	-	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.2437 CDS	contig00091	6135	4594	-3	-	1542

ES114	fig 6666666.3235.peg.2438 CDS	contig00091	6682	6149	-1	-	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.2439 CDS	contig00091	7164	6700	-3	-	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.2440 CDS	contig00091	7483	7226	-1	-	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.2441 CDS	contig00091	8354	7542	-2	-	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.2442 CDS	contig00091	8752	8363	-1	-	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.2443 CDS	contig00091	9825	8941	-3	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.2444 CDS	contig00091	10615	9818	-1	-	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.2445 CDS	contig00091	11263	10631	-1	-	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.2446 CDS	contig00091	13154	11265	-2	-	1890
ES114	fig 6666666.3235.peg.2447 CDS	contig00091	14012	13578	-2	-	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.2448 CDS	contig00091	15449	14082	-2	-	1368
ES114	fig 6666666.3235.peg.2449 CDS	contig00091	17171	15546	-2	-	1626
ES114	fig 6666666.3235.peg.2450 CDS	contig00091	17721	17398	-3	-	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.2451 CDS	contig00091	17901	17767	-3	-	135
ES114	fig 6666666.3235.peg.2452 CDS	contig00091	18824	18087	-2	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.2453 CDS	contig00091	19492	18821	-1	-	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.2454 CDS	contig00091	20369	19617	-2	-	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.2455 CDS	contig00091	20666	22075	2	+	1410
ES114	fig 6666666.3235.peg.2456 CDS	contig00091	22108	23208	1	+	1101
ES114	fig 6666666.3235.peg.2457 CDS	contig00091	23222	24301	2	+	1080
ES114	fig 6666666.3235.peg.2458 CDS	contig00091	24319	26736	1	+	2418
ES114	fig 6666666.3235.peg.2459 CDS	contig00091	27160	27594	1	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.2460 CDS	contig00091	29051	27804	-2	-	1248
ES114	fig 6666666.3235.peg.2461 CDS	contig00091	29376	30200	3	+	825
ES114	fig 6666666.3235.peg.2462 CDS	contig00091	30203	32269	2	+	2067
ES114	fig 6666666.3235.peg.2463 CDS	contig00091	32415	34055	3	+	1641
ES114	fig 6666666.3235.peg.2464 CDS	contig00091	34190	34441	2	+	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.2465 CDS	contig00091	34738	34487	-1	-	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.2466 CDS	contig00091	34924	35115	1	+	192
ES114	fig 6666666.3235.peg.2467 CDS	contig00091	35262	36203	3	+	942
ES114	fig 6666666.3235.peg.2468 CDS	contig00091	36328	36774	1	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.2469 CDS	contig00091	37901	36921	-2	-	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.2470 CDS	contig00091	39824	38661	-2	-	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.2471 CDS	contig00091	42015	39838	-3	-	2178
ES114	fig 6666666.3235.peg.2472 CDS	contig00091	42294	42875	3	+	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.2473 CDS	contig00091	42932	44389	2	+	1458
ES114	fig 6666666.3235.peg.2474 CDS	contig00091	44422	44946	1	+	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.2475 CDS	contig00091	45449	48202	2	+	2754
ES114	fig 6666666.3235.peg.2476 CDS	contig00091	48283	48477	1	+	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.2477 CDS	contig00091	48776	50155	2	+	1380
ES114	fig 6666666.3235.peg.2478 CDS	contig00091	50216	50329	2	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.2479 CDS	contig00091	50756	52690	2	+	1935
ES114	fig 6666666.3235.peg.2480 CDS	contig00091	52761	53420	3	+	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.2481 CDS	contig00091	53413	54246	1	+	834
ES114	fig 6666666.3235.peg.2482 CDS	contig00091	54239	54451	2	+	213
ES114	fig 6666666.3235.peg.2483 CDS	contig00091	54453	55223	3	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.2484 CDS	contig00091	55234	56349	1	+	1116
ES114	fig 6666666.3235.peg.2485 CDS	contig00091	58914	56467	-3	-	2448
ES114	fig 6666666.3235.peg.2486 CDS	contig00091	60967	59174	-1	-	1794

ES114	fig 6666666.3235.peg.2487 CDS	contig00091	62037	61072	-3	-	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.2488 CDS	contig00091	62135	63364	2	+	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.2489 CDS	contig00091	63486	63776	3	+	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.2490 CDS	contig00091	64800	63898	-3	-	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.2491 CDS	contig00091	64928	66448	2	+	1521
ES114	fig 6666666.3235.peg.2492 CDS	contig00091	66506	67270	2	+	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.2493 CDS	contig00091	67282	67905	1	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.2494 CDS	contig00091	67902	69536	3	+	1635
ES114	fig 6666666.3235.peg.2495 CDS	contig00091	69588	69836	3	+	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.2496 CDS	contig00091	69840	70220	3	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.2497 CDS	contig00091	70223	70978	2	+	756
ES114	fig 6666666.3235.peg.2498 CDS	contig00091	73130	72369	-2	-	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.2499 CDS	contig00091	73282	74298	1	+	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.2500 CDS	contig00091	76085	74592	-2	-	1494
ES114	fig 6666666.3235.peg.2501 CDS	contig00091	77417	76119	-2	-	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.2502 CDS	contig00091	77530	77856	1	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.2503 CDS	contig00091	78096	79355	3	+	1260
ES114	fig 6666666.3235.peg.2504 CDS	contig00091	79513	80508	1	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.2505 CDS	contig00091	80610	82454	3	+	1845
ES114	fig 6666666.3235.peg.2506 CDS	contig00091	82618	82881	1	+	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.2507 CDS	contig00091	82978	83688	1	+	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.2508 CDS	contig00091	84950	83766	-2	-	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.2509 CDS	contig00091	86119	84947	-1	-	1173
ES114	fig 6666666.3235.peg.2510 CDS	contig00091	86877	86116	-3	-	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.2511 CDS	contig00091	87815	86880	-2	-	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.2512 CDS	contig00091	88073	90598	2	+	2526
ES114	fig 6666666.3235.peg.2513 CDS	contig00091	90683	92884	2	+	2202
ES114	fig 6666666.3235.peg.2514 CDS	contig00091	94208	93303	-2	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.2515 CDS	contig00091	94437	96272	3	+	1836
ES114	fig 6666666.3235.peg.2516 CDS	contig00091	96276	96566	3	+	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.2517 CDS	contig00091	97985	96621	-2	-	1365
ES114	fig 6666666.3235.peg.2518 CDS	contig00091	98329	99000	1	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.2519 CDS	contig00091	99701	102499	2	+	2799
ES114	fig 6666666.3235.peg.2520 CDS	contig00091	103132	102974	-1	-	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.2521 CDS	contig00091	103871	103224	-2	-	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.2522 CDS	contig00091	104160	104777	3	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.2523 CDS	contig00091	104932	105573	1	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.2524 CDS	contig00091	105573	106118	3	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.2525 CDS	contig00091	106121	106612	2	+	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.2526 CDS	contig00091	106721	108094	2	+	1374
ES114	fig 6666666.3235.peg.2527 CDS	contig00091	108745	108284	-1	-	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.2528 CDS	contig00091	108886	109665	1	+	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.2529 CDS	contig00091	110087	109662	-2	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2530 CDS	contig00091	110270	110797	2	+	528
ES114	fig 6666666.3235.peg.2531 CDS	contig00091	110893	111231	1	+	339
ES114	fig 6666666.3235.peg.2532 CDS	contig00091	111280	112464	1	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.2533 CDS	contig00091	112581	115076	3	+	2496
ES114	fig 6666666.3235.peg.2534 CDS	contig00091	115653	115066	-3	-	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.2535 CDS	contig00091	116675	115665	-2	-	1011

ES114	fig 6666666.3235.peg.2536 CDS	contig00091	116832	117467	3	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.2537 CDS	contig00091	119970	117484	-3	-	2487
ES114	fig 6666666.3235.peg.2538 CDS	contig00091	121272	120271	-3	-	1002
ES114	fig 6666666.3235.peg.2539 CDS	contig00091	123995	121437	-2	-	2559
ES114	fig 6666666.3235.peg.2540 CDS	contig00091	125515	124112	-1	-	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.2541 CDS	contig00091	126609	125554	-3	-	1056
ES114	fig 6666666.3235.peg.2542 CDS	contig00091	127225	126689	-1	-	537
ES114	fig 6666666.3235.peg.2543 CDS	contig00091	128884	127475	-1	-	1410
ES114	fig 6666666.3235.peg.2544 CDS	contig00091	129386	131254	2	+	1869
ES114	fig 6666666.3235.peg.2545 CDS	contig00091	131533	132483	1	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.2546 CDS	contig00091	132455	132889	2	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.2547 CDS	contig00091	133407	134306	3	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.2548 CDS	contig00091	135329	134640	-2	-	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.2549 CDS	contig00091	137704	135581	-1	-	2124
ES114	fig 6666666.3235.peg.2550 CDS	contig00091	138027	137755	-3	-	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.2551 CDS	contig00091	138759	138136	-3	-	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.2552 CDS	contig00091	138988	139413	1	+	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2553 CDS	contig00091	139610	139990	2	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.2554 CDS	contig00091	140222	141154	2	+	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.2555 CDS	contig00091	142099	141236	-1	-	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.2556 CDS	contig00091	142260	142976	3	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.2557 CDS	contig00091	143225	143866	2	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.2558 CDS	contig00091	144636	143893	-3	-	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.2559 CDS	contig00091	144842	145561	2	+	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.2560 CDS	contig00091	146141	147298	2	+	1158
ES114	fig 6666666.3235.peg.2561 CDS	contig00091	148936	147545	-1	-	1392
ES114	fig 6666666.3235.peg.2562 CDS	contig00091	150019	149300	-1	-	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.2563 CDS	contig00091	150048	150821	3	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.2564 CDS	contig00091	150848	151327	2	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.2565 CDS	contig00091	153838	151523	-1	-	2316
ES114	fig 6666666.3235.peg.2566 CDS	contig00091	154539	154066	-3	-	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.2567 CDS	contig00091	155496	154558	-3	-	939
ES114	fig 6666666.3235.peg.2568 CDS	contig00091	156111	155521	-3	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.2569 CDS	contig00091	157495	156266	-1	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.2570 CDS	contig00091	157717	158391	1	+	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.2571 CDS	contig00091	158587	158823	1	+	237
ES114	fig 6666666.3235.peg.2572 CDS	contig00091	158838	159005	3	+	168
ES114	fig 6666666.3235.peg.2573 CDS	contig00091	159466	159921	1	+	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.2574 CDS	contig00091	160161	160979	3	+	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.2575 CDS	contig00091	161004	162983	3	+	1980
ES114	fig 6666666.3235.peg.2576 CDS	contig00091	163515	163027	-3	-	489
ES114	fig 6666666.3235.peg.2577 CDS	contig00091	164536	163508	-1	-	1029
ES114	fig 6666666.3235.peg.2578 CDS	contig00091	165324	164539	-3	-	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.2579 CDS	contig00091	166377	165334	-3	-	1044
ES114	fig 6666666.3235.peg.2580 CDS	contig00091	166572	167276	3	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.2581 CDS	contig00091	167313	169160	3	+	1848
ES114	fig 6666666.3235.peg.2582 CDS	contig00091	170584	169328	-1	-	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.2583 CDS	contig00091	171606	170581	-3	-	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.2584 CDS	contig00091	171689	172879	2	+	1191

ES114	fig 6666666.3235.peg.2585 CDS	contig00091	172903	174048	1	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.2586 CDS	contig00091	174083	175267	2	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.2587 CDS	contig00091	175275	176348	3	+	1074
ES114	fig 6666666.3235.peg.2588 CDS	contig00091	176341	176985	1	+	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.2589 CDS	contig00091	177001	178059	1	+	1059
ES114	fig 6666666.3235.peg.2590 CDS	contig00091	178065	179045	3	+	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.2591 CDS	contig00091	179061	179750	3	+	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.2592 CDS	contig00091	179750	180520	2	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.2593 CDS	contig00091	180529	180849	1	+	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.2594 CDS	contig00091	180960	181532	3	+	573
ES114	fig 6666666.3235.peg.2595 CDS	contig00091	181526	181696	2	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.2596 CDS	contig00091	182563	181712	-1	-	852
ES114	fig 6666666.3235.peg.2597 CDS	contig00091	183925	182693	-1	-	1233
ES114	fig 6666666.3235.peg.2598 CDS	contig00091	184894	183953	-1	-	942
ES114	fig 6666666.3235.peg.2599 CDS	contig00091	185562	187034	3	+	1473
ES114	fig 6666666.3235.peg.2600 CDS	contig00091	187120	187473	1	+	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.2601 CDS	contig00091	187596	188240	3	+	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.2602 CDS	contig00091	190683	188431	-3	-	2253
ES114	fig 6666666.3235.peg.2603 CDS	contig00091	191094	190687	-3	-	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.2604 CDS	contig00091	191120	191302	2	+	183
ES114	fig 6666666.3235.peg.2605 CDS	contig00091	192164	191490	-2	-	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.2606 CDS	contig00091	192536	192288	-2	-	249
ES114	fig 6666666.3235.peg.2607 CDS	contig00091	193016	194161	2	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.2608 CDS	contig00091	194322	194672	3	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.2609 CDS	contig00091	195027	195467	3	+	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.2610 CDS	contig00091	195752	197914	2	+	2163
ES114	fig 6666666.3235.peg.2611 CDS	contig00091	197996	199090	2	+	1095
ES114	fig 6666666.3235.peg.2612 CDS	contig00091	199090	199989	1	+	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.2613 CDS	contig00091	199989	200546	3	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.2614 CDS	contig00091	200548	201363	1	+	816
ES114	fig 6666666.3235.peg.2615 CDS	contig00091	201367	202407	1	+	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.2616 CDS	contig00091	202484	202621	2	+	138
ES114	fig 6666666.3235.peg.2617 CDS	contig00091	202643	203962	2	+	1320
ES114	fig 6666666.3235.peg.2618 CDS	contig00091	203943	204575	3	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.2619 CDS	contig00091	204580	205527	1	+	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.2620 CDS	contig00091	205520	206659	2	+	1140
ES114	fig 6666666.3235.peg.2621 CDS	contig00091	206659	207651	1	+	993
ES114	fig 6666666.3235.peg.2622 CDS	contig00091	207654	208442	3	+	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.2623 CDS	contig00091	208455	209252	3	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.2624 CDS	contig00091	209255	209818	2	+	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.2625 CDS	contig00091	209822	210574	2	+	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.2626 CDS	contig00091	210575	211507	2	+	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.2627 CDS	contig00091	211753	212844	1	+	1092
ES114	fig 6666666.3235.peg.2628 CDS	contig00091	213419	214384	2	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.2629 CDS	contig00091	214407	215180	3	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.2630 CDS	contig00091	215184	216266	3	+	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.2631 CDS	contig00091	216266	217579	2	+	1314
ES114	fig 6666666.3235.peg.2632 CDS	contig00091	217595	219295	2	+	1701
ES114	fig 6666666.3235.peg.2633 CDS	contig00091	219288	220295	3	+	1008

ES114	fig 6666666.3235.peg.2634 CDS	contig00091	220378	221298	1	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.2635 CDS	contig00091	221333	222322	2	+	990
ES114	fig 6666666.3235.peg.2636 CDS	contig00091	222309	222812	3	+	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.2637 CDS	contig00091	222853	223587	1	+	735
ES114	fig 6666666.3235.peg.2638 CDS	contig00092	932	129	-2	-	804
ES114	fig 6666666.3235.peg.2639 CDS	contig00092	1142	942	-2	-	201
ES114	fig 6666666.3235.peg.2640 CDS	contig00092	1429	1271	-1	-	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.2641 CDS	contig00092	1779	1426	-3	-	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.2642 CDS	contig00092	1925	2521	2	+	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.2643 CDS	contig00092	3589	2573	-1	-	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.2644 CDS	contig00092	3817	4032	1	+	216
ES114	fig 6666666.3235.peg.2645 CDS	contig00092	4062	4505	3	+	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.2646 CDS	contig00092	4580	6343	2	+	1764
ES114	fig 6666666.3235.peg.2647 CDS	contig00092	6443	8284	2	+	1842
ES114	fig 6666666.3235.peg.2648 CDS	contig00092	8711	8562	-2	-	150
ES114	fig 6666666.3235.peg.2649 CDS	contig00092	8896	9516	1	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.2650 CDS	contig00092	9662	11206	2	+	1545
ES114	fig 6666666.3235.peg.2651 CDS	contig00092	11289	11690	3	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.2652 CDS	contig00092	12076	13488	1	+	1413
ES114	fig 6666666.3235.peg.2653 CDS	contig00092	13665	14291	3	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.2654 CDS	contig00092	16488	14593	-3	-	1896
ES114	fig 6666666.3235.peg.2655 CDS	contig00092	17115	16621	-3	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.2656 CDS	contig00092	18836	17115	-2	-	1722
ES114	fig 6666666.3235.peg.2657 CDS	contig00092	20949	19114	-3	-	1836
ES114	fig 6666666.3235.peg.2658 CDS	contig00092	22167	21196	-3	-	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.2659 CDS	contig00092	24910	22493	-1	-	2418
ES114	fig 6666666.3235.peg.2660 CDS	contig00092	26076	24910	-3	-	1167
ES114	fig 6666666.3235.peg.2661 CDS	contig00092	26425	26745	1	+	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.2662 CDS	contig00092	26865	28886	3	+	2022
ES114	fig 6666666.3235.peg.2663 CDS	contig00092	29297	30637	2	+	1341
ES114	fig 6666666.3235.peg.2664 CDS	contig00092	30711	31538	3	+	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.2665 CDS	contig00092	32863	31616	-1	-	1248
ES114	fig 6666666.3235.peg.2666 CDS	contig00092	33347	33129	-2	-	219
ES114	fig 6666666.3235.peg.2667 CDS	contig00092	33587	35788	2	+	2202
ES114	fig 6666666.3235.peg.2668 CDS	contig00092	35980	36987	1	+	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.2669 CDS	contig00092	37159	37734	1	+	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.2670 CDS	contig00092	37915	38439	1	+	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.2671 CDS	contig00092	38459	39793	2	+	1335
ES114	fig 6666666.3235.peg.2672 CDS	contig00092	40273	39869	-1	-	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.2673 CDS	contig00092	40519	41151	1	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.2674 CDS	contig00092	42020	41226	-2	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.2675 CDS	contig00092	43489	42032	-1	-	1458
ES114	fig 6666666.3235.peg.2676 CDS	contig00092	44518	43502	-1	-	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.2677 CDS	contig00092	45800	44586	-2	-	1215
ES114	fig 6666666.3235.peg.2678 CDS	contig00092	46683	46105	-3	-	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.2679 CDS	contig00092	47788	46772	-1	-	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.2680 CDS	contig00092	48591	47908	-3	-	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.2681 CDS	contig00092	49274	48597	-2	-	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.2682 CDS	contig00092	50272	49442	-1	-	831



ES114	fig 6666666.3235.peg.2683 CDS	contig00092	51878	50355	-2	-	1524
ES114	fig 6666666.3235.peg.2684 CDS	contig00092	52975	51887	-1	-	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.2685 CDS	contig00092	53530	53012	-1	-	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.2686 CDS	contig00092	55442	53754	-2	-	1689
ES114	fig 6666666.3235.peg.2687 CDS	contig00092	56035	55529	-1	-	507
ES114	fig 6666666.3235.peg.2688 CDS	contig00092	56618	56040	-2	-	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.2689 CDS	contig00092	57184	56618	-1	-	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.2690 CDS	contig00092	58170	57169	-3	-	1002
ES114	fig 6666666.3235.peg.2691 CDS	contig00092	58389	60803	3	+	2415
ES114	fig 6666666.3235.peg.2692 CDS	contig00092	61769	60870	-2	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.2693 CDS	contig00092	61950	62678	3	+	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.2694 CDS	contig00092	62773	64239	1	+	1467
ES114	fig 6666666.3235.peg.2695 CDS	contig00092	64464	64589	3	+	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.2696 CDS	contig00092	66631	64757	-1	-	1875
ES114	fig 6666666.3235.peg.2697 CDS	contig00092	68140	66929	-1	-	1212
ES114	fig 6666666.3235.peg.2698 CDS	contig00092	68979	68197	-3	-	783
ES114	fig 6666666.3235.peg.2699 CDS	contig00092	69999	68995	-3	-	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.2700 CDS	contig00092	70208	71344	2	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.2701 CDS	contig00092	71524	74154	1	+	2631
ES114	fig 6666666.3235.peg.2702 CDS	contig00092	75191	74304	-2	-	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.2703 CDS	contig00092	75908	75459	-2	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.2704 CDS	contig00092	76176	75949	-3	-	228
ES114	fig 6666666.3235.peg.2705 CDS	contig00092	76347	76192	-3	-	156
ES114	fig 6666666.3235.peg.2706 CDS	contig00092	76883	76503	-2	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.2707 CDS	contig00092	77881	77138	-1	-	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.2708 CDS	contig00092	80455	77948	-1	-	2508
ES114	fig 6666666.3235.peg.2709 CDS	contig00092	80974	80549	-1	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.2710 CDS	contig00092	81081	82265	3	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.2711 CDS	contig00092	82999	82367	-1	-	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.2712 CDS	contig00092	84573	83257	-3	-	1317
ES114	fig 6666666.3235.peg.2713 CDS	contig00092	84936	84751	-3	-	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.2714 CDS	contig00092	85918	85034	-1	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.2715 CDS	contig00092	87126	85921	-3	-	1206
ES114	fig 6666666.3235.peg.2716 CDS	contig00092	88464	87163	-3	-	1302
ES114	fig 6666666.3235.peg.2717 CDS	contig00092	88770	88504	-3	-	267
ES114	fig 6666666.3235.peg.2718 CDS	contig00092	89807	88875	-2	-	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.2719 CDS	contig00092	91782	89800	-3	-	1983
ES114	fig 6666666.3235.peg.2720 CDS	contig00092	93524	91794	-2	-	1731
ES114	fig 6666666.3235.peg.2721 CDS	contig00092	93982	93518	-1	-	465
ES114	fig 6666666.3235.peg.2722 CDS	contig00092	94195	95310	1	+	1116
ES114	fig 6666666.3235.peg.2723 CDS	contig00093	539	946	2	+	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.2724 CDS	contig00093	3029	1014	-2	-	2016
ES114	fig 6666666.3235.peg.2725 CDS	contig00093	3217	3783	1	+	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.2726 CDS	contig00093	3802	4908	1	+	1107
ES114	fig 6666666.3235.peg.2727 CDS	contig00093	4920	7991	3	+	3072
ES114	fig 6666666.3235.peg.2728 CDS	contig00093	8102	8353	2	+	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.2729 CDS	contig00093	9971	8487	-2	-	1485
ES114	fig 6666666.3235.peg.2730 CDS	contig00093	10170	10982	3	+	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.2731 CDS	contig00095	24	2084	3	+	2061

ES114	fig 6666666.3235.peg.2732 CDS	contig00095	5330	2169	-2	-	3162
ES114	fig 6666666.3235.peg.2733 CDS	contig00095	5922	5800	-3	-	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.2734 CDS	contig00095	6000	7811	3	+	1812
ES114	fig 6666666.3235.peg.2735 CDS	contig00095	7971	7852	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.2736 CDS	contig00095	8284	9033	1	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.2737 CDS	contig00095	9219	11114	3	+	1896
ES114	fig 6666666.3235.peg.2738 CDS	contig00095	12074	11115	-2	-	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.2739 CDS	contig00095	12742	12071	-1	-	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.2740 CDS	contig00095	16260	12739	-3	-	3522
ES114	fig 6666666.3235.peg.2741 CDS	contig00096	99	947	3	+	849
ES114	fig 6666666.3235.peg.2742 CDS	contig00096	4087	989	-1	-	3099
ES114	fig 6666666.3235.peg.2743 CDS	contig00096	5209	4097	-1	-	1113
ES114	fig 6666666.3235.peg.2744 CDS	contig00096	5684	5343	-2	-	342
ES114	fig 6666666.3235.peg.2745 CDS	contig00096	5912	7207	2	+	1296
ES114	fig 6666666.3235.peg.2746 CDS	contig00096	7516	8601	1	+	1086
ES114	fig 6666666.3235.peg.2747 CDS	contig00096	8719	9738	1	+	1020
ES114	fig 6666666.3235.peg.2748 CDS	contig00096	9904	13284	1	+	3381
ES114	fig 6666666.3235.peg.2749 CDS	contig00096	13904	15577	2	+	1674
ES114	fig 6666666.3235.peg.2750 CDS	contig00096	15726	16712	3	+	987
ES114	fig 6666666.3235.peg.2751 CDS	contig00096	16715	17740	2	+	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.2752 CDS	contig00096	17742	18725	3	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.2753 CDS	contig00096	18748	19743	1	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.2754 CDS	contig00096	19792	21510	1	+	1719
ES114	fig 6666666.3235.peg.2755 CDS	contig00096	21513	22388	3	+	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.2756 CDS	contig00096	22409	24313	2	+	1905
ES114	fig 6666666.3235.peg.2757 CDS	contig00096	24352	26757	1	+	2406
ES114	fig 6666666.3235.peg.2758 CDS	contig00096	26838	28250	3	+	1413
ES114	fig 6666666.3235.peg.2759 CDS	contig00096	29369	28335	-2	-	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.2760 CDS	contig00096	31000	29369	-1	-	1632
ES114	fig 6666666.3235.peg.2761 CDS	contig00096	32081	31068	-2	-	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.2762 CDS	contig00096	33479	32250	-2	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.2763 CDS	contig00096	33835	33497	-1	-	339
ES114	fig 6666666.3235.peg.2764 CDS	contig00096	34366	33998	-1	-	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.2765 CDS	contig00096	34509	35654	3	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.2766 CDS	contig00096	35782	37047	1	+	1266
ES114	fig 6666666.3235.peg.2767 CDS	contig00096	37060	38190	1	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.2768 CDS	contig00096	40846	38258	-1	-	2589
ES114	fig 6666666.3235.peg.2769 CDS	contig00096	43336	41066	-1	-	2271
ES114	fig 6666666.3235.peg.2770 CDS	contig00097	1572	2120	3	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.2771 CDS	contig00097	2430	2212	-3	-	219
ES114	fig 6666666.3235.peg.2772 CDS	contig00097	2797	2441	-1	-	357
ES114	fig 6666666.3235.peg.2773 CDS	contig00097	3390	4139	3	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.2774 CDS	contig00097	4242	5129	3	+	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.2775 CDS	contig00097	5266	5778	1	+	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.2776 CDS	contig00098	1085	588	-2	-	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.2777 CDS	contig00098	3398	1215	-2	-	2184
ES114	fig 6666666.3235.peg.2778 CDS	contig00098	3591	5654	3	+	2064
ES114	fig 6666666.3235.peg.2779 CDS	contig00098	6162	5707	-3	-	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.2780 CDS	contig00098	7257	6259	-3	-	999

ES114	fig 6666666.3235.peg.2781 CDS	contig00098	7331	10207	2	+	2877
ES114	fig 6666666.3235.peg.2782 CDS	contig00098	10341	11981	3	+	1641
ES114	fig 6666666.3235.peg.2783 CDS	contig00098	12591	12196	-3	-	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.2784 CDS	contig00098	13245	12616	-3	-	630
ES114	fig 6666666.3235.peg.2785 CDS	contig00098	13927	13337	-1	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.2786 CDS	contig00098	14198	15025	2	+	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.2787 CDS	contig00098	15899	15150	-2	-	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.2788 CDS	contig00098	16821	15964	-3	-	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.2789 CDS	contig00098	17752	16826	-1	-	927
ES114	fig 6666666.3235.peg.2790 CDS	contig00098	18649	17828	-1	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.2791 CDS	contig00098	19656	18907	-3	-	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.2792 CDS	contig00098	20911	19667	-1	-	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.2793 CDS	contig00098	21066	21719	3	+	654
ES114	fig 6666666.3235.peg.2794 CDS	contig00098	23266	21812	-1	-	1455
ES114	fig 6666666.3235.peg.2795 CDS	contig00098	23626	24996	1	+	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.2796 CDS	contig00098	25458	25060	-3	-	399
ES114	fig 6666666.3235.peg.2797 CDS	contig00098	26673	25471	-3	-	1203
ES114	fig 6666666.3235.peg.2798 CDS	contig00098	27513	26791	-3	-	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.2799 CDS	contig00098	28071	27574	-3	-	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.2800 CDS	contig00098	28223	29605	2	+	1383
ES114	fig 6666666.3235.peg.2801 CDS	contig00098	29687	30265	2	+	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.2802 CDS	contig00098	32889	30352	-3	-	2538
ES114	fig 6666666.3235.peg.2803 CDS	contig00099	31	201	1	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.2804 CDS	contig00099	467	294	-2	-	174
ES114	fig 6666666.3235.peg.2805 CDS	contig00099	1190	570	-2	-	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.2806 CDS	contig00099	1395	3623	3	+	2229
ES114	fig 6666666.3235.peg.2807 CDS	contig00099	5221	3704	-1	-	1518
ES114	fig 6666666.3235.peg.2808 CDS	contig00099	6503	5232	-2	-	1272
ES114	fig 6666666.3235.peg.2809 CDS	contig00099	8568	6634	-3	-	1935
ES114	fig 6666666.3235.peg.2810 CDS	contig00099	9611	8754	-2	-	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.2811 CDS	contig00099	10067	11524	2	+	1458
ES114	fig 6666666.3235.peg.2812 CDS	contig00099	12119	11577	-2	-	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.2813 CDS	contig00099	12450	12229	-3	-	222
ES114	fig 6666666.3235.peg.2814 CDS	contig00099	12849	13169	3	+	321
ES114	fig 6666666.3235.peg.2815 CDS	contig00099	13212	15464	3	+	2253
ES114	fig 6666666.3235.peg.2816 CDS	contig00099	15805	15587	-1	-	219
ES114	fig 6666666.3235.peg.2817 CDS	contig00099	16587	15895	-3	-	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.2818 CDS	contig00099	17303	16584	-2	-	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.2819 CDS	contig00099	17489	18769	2	+	1281
ES114	fig 6666666.3235.peg.2820 CDS	contig00099	18928	19602	1	+	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.2821 CDS	contig00099	19698	21371	3	+	1674
ES114	fig 6666666.3235.peg.2822 CDS	contig00099	21432	21713	3	+	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.2823 CDS	contig00099	21848	22132	2	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.2824 CDS	contig00099	22140	23309	3	+	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.2825 CDS	contig00099	23421	24125	3	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.2826 CDS	contig00099	26310	24250	-3	-	2061
ES114	fig 6666666.3235.peg.2827 CDS	contig00099	26443	27510	1	+	1068
ES114	fig 6666666.3235.peg.2828 CDS	contig00099	27615	28262	3	+	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.2829 CDS	contig00099	28437	30572	3	+	2136

ES114	fig 6666666.3235.peg.2830 CDS	contig00099	31249	30644	-1	-	606
ES114	fig 6666666.3235.peg.2831 CDS	contig00099	32897	31350	-2	-	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.2832 CDS	contig00099	36058	33074	-1	-	2985
ES114	fig 6666666.3235.peg.2833 CDS	contig00099	36502	37449	1	+	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.2834 CDS	contig00099	38110	37529	-1	-	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.2835 CDS	contig00099	38245	38766	1	+	522
ES114	fig 6666666.3235.peg.2836 CDS	contig00099	38783	38953	2	+	171
ES114	fig 6666666.3235.peg.2837 CDS	contig00099	39222	39989	3	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.2838 CDS	contig00099	39995	40948	2	+	954
ES114	fig 6666666.3235.peg.2839 CDS	contig00099	41015	41938	2	+	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.2840 CDS	contig00099	41955	42692	3	+	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.2841 CDS	contig00099	42862	43095	1	+	234
ES114	fig 6666666.3235.peg.2842 CDS	contig00099	43187	44431	2	+	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.2843 CDS	contig00099	44627	45349	2	+	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.2844 CDS	contig00099	45343	46353	1	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.2845 CDS	contig00099	46356	46988	3	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.2846 CDS	contig00099	47011	47961	1	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.2847 CDS	contig00100	1285	386	-1	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.2848 CDS	contig00100	1452	1781	3	+	330
ES114	fig 6666666.3235.peg.2849 CDS	contig00100	2817	1852	-3	-	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.2850 CDS	contig00100	3433	3152	-1	-	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.2851 CDS	contig00100	4364	3480	-2	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.2852 CDS	contig00100	4814	5866	2	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.2853 CDS	contig00101	621	142	-3	-	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.2854 CDS	contig00101	1140	3785	3	+	2646
ES114	fig 6666666.3235.peg.2855 CDS	contig00101	4633	3905	-1	-	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.2856 CDS	contig00101	6269	4713	-2	-	1557
ES114	fig 6666666.3235.peg.2857 CDS	contig00101	6680	7456	2	+	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.2858 CDS	contig00101	7504	8805	1	+	1302
ES114	fig 6666666.3235.peg.2859 CDS	contig00101	8802	9971	3	+	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.2860 CDS	contig00101	9986	10486	2	+	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.2861 CDS	contig00101	10497	11267	3	+	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.2862 CDS	contig00101	11257	12174	1	+	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.2863 CDS	contig00101	12263	12700	2	+	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.2864 CDS	contig00101	12702	13844	3	+	1143
ES114	fig 6666666.3235.peg.2865 CDS	contig00101	13946	14776	2	+	831
ES114	fig 6666666.3235.peg.2866 CDS	contig00101	14846	15601	2	+	756
ES114	fig 6666666.3235.peg.2867 CDS	contig00101	15627	16676	3	+	1050
ES114	fig 6666666.3235.peg.2868 CDS	contig00101	17592	16762	-3	-	831
ES114	fig 6666666.3235.peg.2869 CDS	contig00101	20155	17747	-1	-	2409
ES114	fig 6666666.3235.peg.2870 CDS	contig00101	20376	21608	3	+	1233
ES114	fig 6666666.3235.peg.2871 CDS	contig00101	21649	23262	1	+	1614
ES114	fig 6666666.3235.peg.2872 CDS	contig00102	312	1547	3	+	1236
ES114	fig 6666666.3235.peg.2873 CDS	contig00102	1793	1557	-2	-	237
ES114	fig 6666666.3235.peg.2874 CDS	contig00102	1926	3053	3	+	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.2875 CDS	contig00102	4072	3113	-1	-	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.2876 CDS	contig00102	4315	5325	1	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.2877 CDS	contig00102	5638	5336	-1	-	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.2878 CDS	contig00102	6241	5669	-1	-	573

ES114	fig 6666666.3235.peg.2879 CDS	contig00102	6721	6882	1	+	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.2880 CDS	contig00102	7793	6885	-2	-	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.2881 CDS	contig00102	8821	7937	-1	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.2882 CDS	contig00102	8903	9568	2	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.2883 CDS	contig00102	9543	10799	3	+	1257
ES114	fig 6666666.3235.peg.2884 CDS	contig00102	10874	12022	2	+	1149
ES114	fig 6666666.3235.peg.2885 CDS	contig00102	12155	12562	2	+	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.2886 CDS	contig00102	12721	13050	1	+	330
ES114	fig 6666666.3235.peg.2887 CDS	contig00102	13166	13783	2	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.2888 CDS	contig00102	13791	15707	3	+	1917
ES114	fig 6666666.3235.peg.2889 CDS	contig00102	16399	17238	1	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.2890 CDS	contig00102	18694	17276	-1	-	1419
ES114	fig 6666666.3235.peg.2891 CDS	contig00102	18938	19498	2	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.2892 CDS	contig00102	19947	19594	-3	-	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.2893 CDS	contig00102	21036	20230	-3	-	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.2894 CDS	contig00102	21571	21951	1	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.2895 CDS	contig00102	22086	23315	3	+	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.2896 CDS	contig00102	27561	23398	-3	-	4164
ES114	fig 6666666.3235.peg.2897 CDS	contig00102	27857	29509	2	+	1653
ES114	fig 6666666.3235.peg.2898 CDS	contig00102	29506	29946	1	+	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.2899 CDS	contig00102	29937	30872	3	+	936
ES114	fig 6666666.3235.peg.2900 CDS	contig00102	30869	32140	2	+	1272
ES114	fig 6666666.3235.peg.2901 CDS	contig00102	32418	33581	3	+	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.2902 CDS	contig00102	35225	33624	-2	-	1602
ES114	fig 6666666.3235.peg.2903 CDS	contig00102	35490	35218	-3	-	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.2904 CDS	contig00102	35764	35618	-1	-	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.2905 CDS	contig00102	36115	37815	1	+	1701
ES114	fig 6666666.3235.peg.2906 CDS	contig00102	38925	37837	-3	-	1089
ES114	fig 6666666.3235.peg.2907 CDS	contig00102	39167	39012	-2	-	156
ES114	fig 6666666.3235.peg.2908 CDS	contig00102	39435	40556	3	+	1122
ES114	fig 6666666.3235.peg.2909 CDS	contig00102	42133	40586	-1	-	1548
ES114	fig 6666666.3235.peg.2910 CDS	contig00102	43078	42311	-1	-	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.2911 CDS	contig00102	43660	46443	1	+	2784
ES114	fig 6666666.3235.peg.2912 CDS	contig00102	48027	46513	-3	-	1515
ES114	fig 6666666.3235.peg.2913 CDS	contig00102	48947	48093	-2	-	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.2914 CDS	contig00102	49334	49729	2	+	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.2915 CDS	contig00102	49748	50263	2	+	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.2916 CDS	contig00102	50358	51329	3	+	972
ES114	fig 6666666.3235.peg.2917 CDS	contig00102	51313	51960	1	+	648
ES114	fig 6666666.3235.peg.2918 CDS	contig00103	325	1965	1	+	1641
ES114	fig 6666666.3235.peg.2919 CDS	contig00103	3236	2043	-2	-	1194
ES114	fig 6666666.3235.peg.2920 CDS	contig00103	3367	4275	1	+	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.2921 CDS	contig00103	4981	4346	-1	-	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.2922 CDS	contig00103	10274	5100	-2	-	5175
ES114	fig 6666666.3235.peg.2923 CDS	contig00104	776	1999	2	+	1224
ES114	fig 6666666.3235.peg.2924 CDS	contig00104	2003	2977	2	+	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.2925 CDS	contig00104	3623	3051	-2	-	573
ES114	fig 6666666.3235.peg.2926 CDS	contig00104	3774	5891	3	+	2118
ES114	fig 6666666.3235.peg.2927 CDS	contig00104	6097	7488	1	+	1392

ES114	fig 6666666.3235.peg.2928 CDS	contig00104	7512	8177	3	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.2929 CDS	contig00104	8184	10109	3	+	1926
ES114	fig 6666666.3235.peg.2930 CDS	contig00104	10111	12225	1	+	2115
ES114	fig 6666666.3235.peg.2931 CDS	contig00104	12905	12297	-2	-	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.2932 CDS	contig00104	14224	12908	-1	-	1317
ES114	fig 6666666.3235.peg.2933 CDS	contig00105	313	2961	1	+	2649
ES114	fig 6666666.3235.peg.2934 CDS	contig00105	3218	4072	2	+	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.2935 CDS	contig00105	4169	4720	2	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.2936 CDS	contig00105	4744	5130	1	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.2937 CDS	contig00105	5120	5770	2	+	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.2938 CDS	contig00105	5760	6341	3	+	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.2939 CDS	contig00108	88	219	1	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.2940 CDS	contig00108	226	735	1	+	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.2941 CDS	contig00108	1434	772	-3	-	663
ES114	fig 6666666.3235.peg.2942 CDS	contig00108	1573	2700	1	+	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.2943 CDS	contig00108	3625	2702	-1	-	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.2944 CDS	contig00108	4279	3665	-1	-	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.2945 CDS	contig00108	4477	4683	1	+	207
ES114	fig 6666666.3235.peg.2946 CDS	contig00108	5049	4753	-3	-	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.2947 CDS	contig00108	5507	5968	2	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.2948 CDS	contig00108	6064	7422	1	+	1359
ES114	fig 6666666.3235.peg.2949 CDS	contig00108	7427	8410	2	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.2950 CDS	contig00108	8439	9554	3	+	1116
ES114	fig 6666666.3235.peg.2951 CDS	contig00108	9558	10682	3	+	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.2952 CDS	contig00108	10792	11346	1	+	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.2953 CDS	contig00108	11426	11701	2	+	276
ES114	fig 6666666.3235.peg.2954 CDS	contig00108	11959	13515	1	+	1557
ES114	fig 6666666.3235.peg.2955 CDS	contig00108	13527	14903	3	+	1377
ES114	fig 6666666.3235.peg.2956 CDS	contig00108	15116	15694	2	+	579
ES114	fig 6666666.3235.peg.2957 CDS	contig00108	16336	15770	-1	-	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.2958 CDS	contig00108	16372	16494	1	+	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.2959 CDS	contig00108	16507	16695	1	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.2960 CDS	contig00108	17108	16830	-2	-	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.2961 CDS	contig00108	17859	17999	3	+	141
ES114	fig 6666666.3235.peg.2962 CDS	contig00108	18391	18098	-1	-	294
ES114	fig 6666666.3235.peg.2963 CDS	contig00108	18760	19710	1	+	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.2964 CDS	contig00108	19713	20039	3	+	327
ES114	fig 6666666.3235.peg.2965 CDS	contig00108	20048	20179	2	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.2966 CDS	contig00108	20182	20427	1	+	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.2967 CDS	contig00108	20543	21748	2	+	1206
ES114	fig 6666666.3235.peg.2968 CDS	contig00108	21755	22039	2	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.2969 CDS	contig00108	22036	23220	1	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.2970 CDS	contig00109	421	1092	1	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.2971 CDS	contig00109	1179	1967	3	+	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.2972 CDS	contig00109	1960	2133	1	+	174
ES114	fig 6666666.3235.peg.2973 CDS	contig00109	2120	3004	2	+	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.2974 CDS	contig00109	3105	4385	3	+	1281
ES114	fig 6666666.3235.peg.2975 CDS	contig00109	4395	4952	3	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.2976 CDS	contig00109	5014	5505	1	+	492

ES114	fig 6666666.3235.peg.2977 CDS	contig00109	5540	7054	2	+	1515
ES114	fig 6666666.3235.peg.2978 CDS	contig00109	7985	7110	-2	-	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.2979 CDS	contig00109	8228	9334	2	+	1107
ES114	fig 6666666.3235.peg.2980 CDS	contig00109	9396	9764	3	+	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.2981 CDS	contig00109	9894	10439	3	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.2982 CDS	contig00109	10543	12669	1	+	2127
ES114	fig 6666666.3235.peg.2983 CDS	contig00109	12775	13110	1	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.2984 CDS	contig00109	13212	13814	3	+	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.2985 CDS	contig00109	14349	13786	-3	-	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.2986 CDS	contig00109	14363	14986	2	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.2987 CDS	contig00109	16393	15047	-1	-	1347
ES114	fig 6666666.3235.peg.2988 CDS	contig00109	16630	18027	1	+	1398
ES114	fig 6666666.3235.peg.2989 CDS	contig00109	18122	18994	2	+	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.2990 CDS	contig00109	19173	20477	3	+	1305
ES114	fig 6666666.3235.peg.2991 CDS	contig00109	21685	20537	-1	-	1149
ES114	fig 6666666.3235.peg.2992 CDS	contig00109	21878	22762	2	+	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.2993 CDS	contig00109	23322	22759	-3	-	564
ES114	fig 6666666.3235.peg.2994 CDS	contig00109	23433	23966	3	+	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.2995 CDS	contig00109	24168	23986	-3	-	183
ES114	fig 6666666.3235.peg.2996 CDS	contig00109	24349	26091	1	+	1743
ES114	fig 6666666.3235.peg.2997 CDS	contig00109	27363	26149	-3	-	1215
ES114	fig 6666666.3235.peg.2998 CDS	contig00109	27746	29068	2	+	1323
ES114	fig 6666666.3235.peg.2999 CDS	contig00109	29065	30798	1	+	1734
ES114	fig 6666666.3235.peg.3000 CDS	contig00109	30812	31576	2	+	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.3001 CDS	contig00109	31582	32448	1	+	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.3002 CDS	contig00109	32524	33498	1	+	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.3003 CDS	contig00109	33486	34886	3	+	1401
ES114	fig 6666666.3235.peg.3004 CDS	contig00109	36734	34866	-2	-	1869
ES114	fig 6666666.3235.peg.3005 CDS	contig00109	37321	36764	-1	-	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.3006 CDS	contig00109	37586	38479	2	+	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.3007 CDS	contig00109	38626	38856	1	+	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.3008 CDS	contig00109	39129	38878	-3	-	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.3009 CDS	contig00109	39095	39220	2	+	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.3010 CDS	contig00109	39252	39692	3	+	441
ES114	fig 6666666.3235.peg.3011 CDS	contig00109	39692	39991	2	+	300
ES114	fig 6666666.3235.peg.3012 CDS	contig00109	40672	39980	-1	-	693
ES114	fig 6666666.3235.peg.3013 CDS	contig00109	40876	41715	1	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.3014 CDS	contig00109	42658	41777	-1	-	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.3015 CDS	contig00109	45014	42660	-2	-	2355
ES114	fig 6666666.3235.peg.3016 CDS	contig00109	45335	45835	2	+	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.3017 CDS	contig00109	45916	46731	1	+	816
ES114	fig 6666666.3235.peg.3018 CDS	contig00109	48493	46802	-1	-	1692
ES114	fig 6666666.3235.peg.3019 CDS	contig00109	50495	49788	-2	-	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.3020 CDS	contig00110	163	408	1	+	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.3021 CDS	contig00110	425	571	2	+	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.3022 CDS	contig00110	4325	591	-2	-	3735
ES114	fig 6666666.3235.peg.3023 CDS	contig00110	5494	4316	-1	-	1179
ES114	fig 6666666.3235.peg.3024 CDS	contig00110	7788	5494	-3	-	2295
ES114	fig 6666666.3235.peg.3025 CDS	contig00110	9259	7802	-1	-	1458

ES114	fig 6666666.3235.peg.3026 CDS	contig00110	10406	9237	-2	-	1170
ES114	fig 6666666.3235.peg.3027 CDS	contig00110	11180	10410	-2	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.3028 CDS	contig00110	11671	13215	1	+	1545
ES114	fig 6666666.3235.peg.3029 CDS	contig00110	13220	13423	2	+	204
ES114	fig 6666666.3235.peg.3030 CDS	contig00110	13423	15051	1	+	1629
ES114	fig 6666666.3235.peg.3031 CDS	contig00110	15595	15299	-1	-	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.3032 CDS	contig00110	15823	16191	1	+	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.3033 CDS	contig00110	16330	16941	1	+	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.3034 CDS	contig00110	18075	17098	-3	-	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.3035 CDS	contig00110	18687	18875	3	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.3036 CDS	contig00110	19800	19330	-3	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.3037 CDS	contig00110	19914	20924	3	+	1011
ES114	fig 6666666.3235.peg.3038 CDS	contig00110	21035	22822	2	+	1788
ES114	fig 6666666.3235.peg.3039 CDS	contig00110	23019	23381	3	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.3040 CDS	contig00110	23374	24597	1	+	1224
ES114	fig 6666666.3235.peg.3041 CDS	contig00110	25511	24648	-2	-	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.3042 CDS	contig00110	25696	26457	1	+	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.3043 CDS	contig00110	26508	28028	3	+	1521
ES114	fig 6666666.3235.peg.3044 CDS	contig00110	28094	29389	2	+	1296
ES114	fig 6666666.3235.peg.3045 CDS	contig00110	29419	30402	1	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.3046 CDS	contig00110	30410	31372	2	+	963
ES114	fig 6666666.3235.peg.3047 CDS	contig00110	31375	31905	1	+	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.3048 CDS	contig00110	31898	32950	2	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.3049 CDS	contig00110	32943	34718	3	+	1776
ES114	fig 6666666.3235.peg.3050 CDS	contig00110	34718	35863	2	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.3051 CDS	contig00110	36183	37337	3	+	1155
ES114	fig 6666666.3235.peg.3052 CDS	contig00110	37359	40472	3	+	3114
ES114	fig 6666666.3235.peg.3053 CDS	contig00110	40571	41326	2	+	756
ES114	fig 6666666.3235.peg.3054 CDS	contig00110	42180	41383	-3	-	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.3055 CDS	contig00110	42472	42329	-1	-	144
ES114	fig 6666666.3235.peg.3056 CDS	contig00111	74	1075	2	+	1002
ES114	fig 6666666.3235.peg.3057 CDS	contig00112	208	792	1	+	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.3058 CDS	contig00112	2501	843	-2	-	1659
ES114	fig 6666666.3235.peg.3059 CDS	contig00112	2930	4804	2	+	1875
ES114	fig 6666666.3235.peg.3060 CDS	contig00112	5101	7677	1	+	2577
ES114	fig 6666666.3235.peg.3061 CDS	contig00112	7680	8009	3	+	330
ES114	fig 6666666.3235.peg.3062 CDS	contig00112	8119	8928	1	+	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.3063 CDS	contig00113	765	328	-3	-	438
ES114	fig 6666666.3235.peg.3064 CDS	contig00113	3549	868	-3	-	2682
ES114	fig 6666666.3235.peg.3065 CDS	contig00113	3635	4036	2	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.3066 CDS	contig00113	4927	4073	-1	-	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.3067 CDS	contig00113	6083	5256	-2	-	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.3068 CDS	contig00113	7275	6268	-3	-	1008
ES114	fig 6666666.3235.peg.3069 CDS	contig00113	8360	7278	-2	-	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.3070 CDS	contig00113	9551	8364	-2	-	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.3071 CDS	contig00113	10846	9941	-1	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.3072 CDS	contig00113	10974	11525	3	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.3073 CDS	contig00113	12138	11593	-3	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.3074 CDS	contig00113	13010	12129	-2	-	882



ES114	fig 6666666.3235.peg.3075 CDS	contig00113	13242	15137	3	+	1896
ES114	fig 6666666.3235.peg.3076 CDS	contig00113	15399	16043	3	+	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.3077 CDS	contig00113	16129	17097	1	+	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.3078 CDS	contig00113	17439	18737	3	+	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.3079 CDS	contig00113	18843	19466	3	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.3080 CDS	contig00113	19553	20839	2	+	1287
ES114	fig 6666666.3235.peg.3081 CDS	contig00113	21043	21285	1	+	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.3082 CDS	contig00113	21245	23326	2	+	2082
ES114	fig 6666666.3235.peg.3083 CDS	contig00113	23499	23771	3	+	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.3084 CDS	contig00113	23976	25832	3	+	1857
ES114	fig 6666666.3235.peg.3085 CDS	contig00113	25991	25872	-2	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.3086 CDS	contig00113	26020	26322	1	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.3087 CDS	contig00113	27803	26448	-2	-	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.3088 CDS	contig00114	214	101	-1	-	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.3089 CDS	contig00114	252	1061	3	+	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.3090 CDS	contig00114	1279	1100	-1	-	180
ES114	fig 6666666.3235.peg.3091 CDS	contig00114	1460	1272	-2	-	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.3092 CDS	contig00114	1658	2248	2	+	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.3093 CDS	contig00115	1024	197	-1	-	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.3094 CDS	contig00115	1215	2552	3	+	1338
ES114	fig 6666666.3235.peg.3095 CDS	contig00115	2979	2698	-3	-	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.3096 CDS	contig00115	3853	3041	-1	-	813
ES114	fig 6666666.3235.peg.3097 CDS	contig00115	4713	3916	-3	-	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.3098 CDS	contig00115	4843	6555	1	+	1713
ES114	fig 6666666.3235.peg.3099 CDS	contig00115	7568	6603	-2	-	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.3100 CDS	contig00115	8054	9499	2	+	1446
ES114	fig 6666666.3235.peg.3101 CDS	contig00115	9474	10130	3	+	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.3102 CDS	contig00115	10135	11043	1	+	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.3103 CDS	contig00115	11043	11204	3	+	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.3104 CDS	contig00115	11371	12570	1	+	1200
ES114	fig 6666666.3235.peg.3105 CDS	contig00115	12649	13185	1	+	537
ES114	fig 6666666.3235.peg.3106 CDS	contig00115	13441	13217	-1	-	225
ES114	fig 6666666.3235.peg.3107 CDS	contig00115	13759	15723	1	+	1965
ES114	fig 6666666.3235.peg.3108 CDS	contig00115	18691	16013	-1	-	2679
ES114	fig 6666666.3235.peg.3109 CDS	contig00115	18916	19476	1	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.3110 CDS	contig00115	19528	20520	1	+	993
ES114	fig 6666666.3235.peg.3111 CDS	contig00115	21465	20551	-3	-	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.3112 CDS	contig00115	21609	21959	3	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.3113 CDS	contig00115	21999	22310	3	+	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.3114 CDS	contig00116	81	704	3	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.3115 CDS	contig00116	774	1202	3	+	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.3116 CDS	contig00116	1890	1270	-3	-	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.3117 CDS	contig00116	2051	2752	2	+	702
ES114	fig 6666666.3235.peg.3118 CDS	contig00116	2936	4162	2	+	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.3119 CDS	contig00116	4152	5189	3	+	1038
ES114	fig 6666666.3235.peg.3120 CDS	contig00116	5208	6902	3	+	1695
ES114	fig 6666666.3235.peg.3121 CDS	contig00116	6944	8476	2	+	1533
ES114	fig 6666666.3235.peg.3122 CDS	contig00116	8587	8832	1	+	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.3123 CDS	contig00116	9016	10644	1	+	1629

ES114	fig 6666666.3235.peg.3124 CDS	contig00116	10863	12491	3	+	1629
ES114	fig 6666666.3235.peg.3125 CDS	contig00116	13076	12570	-2	-	507
ES114	fig 6666666.3235.peg.3126 CDS	contig00116	16293	13174	-3	-	3120
ES114	fig 6666666.3235.peg.3127 CDS	contig00116	17759	16290	-2	-	1470
ES114	fig 6666666.3235.peg.3128 CDS	contig00116	19104	17770	-3	-	1335
ES114	fig 6666666.3235.peg.3129 CDS	contig00116	19666	19280	-1	-	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3130 CDS	contig00116	19889	20914	2	+	1026
ES114	fig 6666666.3235.peg.3131 CDS	contig00116	21862	21008	-1	-	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.3132 CDS	contig00116	22061	23245	2	+	1185
ES114	fig 6666666.3235.peg.3133 CDS	contig00116	23400	24662	3	+	1263
ES114	fig 6666666.3235.peg.3134 CDS	contig00117	64	240	1	+	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.3135 CDS	contig00117	2756	309	-2	-	2448
ES114	fig 6666666.3235.peg.3136 CDS	contig00117	3099	3680	3	+	582
ES114	fig 6666666.3235.peg.3137 CDS	contig00117	3753	4586	3	+	834
ES114	fig 6666666.3235.peg.3138 CDS	contig00117	5286	4645	-3	-	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.3139 CDS	contig00117	6450	5410	-3	-	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.3140 CDS	contig00117	6658	7302	1	+	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.3141 CDS	contig00117	8614	7394	-1	-	1221
ES114	fig 6666666.3235.peg.3142 CDS	contig00117	8851	10026	1	+	1176
ES114	fig 6666666.3235.peg.3143 CDS	contig00117	10530	10102	-3	-	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.3144 CDS	contig00117	10945	10595	-1	-	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.3145 CDS	contig00117	12415	10961	-1	-	1455
ES114	fig 6666666.3235.peg.3146 CDS	contig00117	12616	12795	1	+	180
ES114	fig 6666666.3235.peg.3147 CDS	contig00117	12804	13868	3	+	1065
ES114	fig 6666666.3235.peg.3148 CDS	contig00117	14396	13926	-2	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.3149 CDS	contig00117	14881	14495	-1	-	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3150 CDS	contig00117	15294	16175	3	+	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.3151 CDS	contig00117	16187	17239	2	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.3152 CDS	contig00117	17477	17268	-2	-	210
ES114	fig 6666666.3235.peg.3153 CDS	contig00117	18148	17480	-1	-	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.3154 CDS	contig00117	19340	18207	-2	-	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.3155 CDS	contig00117	19721	19374	-2	-	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.3156 CDS	contig00117	19919	20203	2	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.3157 CDS	contig00117	20370	20651	3	+	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.3158 CDS	contig00117	20957	20772	-2	-	186
ES114	fig 6666666.3235.peg.3159 CDS	contig00117	21714	21103	-3	-	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.3160 CDS	contig00117	23426	21735	-2	-	1692
ES114	fig 6666666.3235.peg.3161 CDS	contig00117	23614	24138	1	+	525
ES114	fig 6666666.3235.peg.3162 CDS	contig00117	24132	24416	3	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.3163 CDS	contig00117	24413	26902	2	+	2490
ES114	fig 6666666.3235.peg.3164 CDS	contig00117	26978	27451	2	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.3165 CDS	contig00117	27484	28059	1	+	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.3166 CDS	contig00117	28069	28200	1	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.3167 CDS	contig00117	28645	28286	-1	-	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.3168 CDS	contig00117	28850	29299	2	+	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.3169 CDS	contig00117	29316	29708	3	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.3170 CDS	contig00117	29791	30696	1	+	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.3171 CDS	contig00117	31347	30838	-3	-	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.3172 CDS	contig00117	33147	31423	-3	-	1725

ES114	fig 6666666.3235.peg.3173 CDS	contig00117	33460	33203	-1	-	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.3174 CDS	contig00117	34750	33782	-1	-	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.3175 CDS	contig00117	35633	34881	-2	-	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.3176 CDS	contig00117	35918	36919	2	+	1002
ES114	fig 6666666.3235.peg.3177 CDS	contig00117	37011	39017	3	+	2007
ES114	fig 6666666.3235.peg.3178 CDS	contig00117	39544	40596	1	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.3179 CDS	contig00117	41363	42406	2	+	1044
ES114	fig 6666666.3235.peg.3180 CDS	contig00117	42495	43292	3	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.3181 CDS	contig00117	43462	44886	1	+	1425
ES114	fig 6666666.3235.peg.3182 CDS	contig00117	45169	44996	-1	-	174
ES114	fig 6666666.3235.peg.3183 CDS	contig00117	46627	45251	-1	-	1377
ES114	fig 6666666.3235.peg.3184 CDS	contig00117	47980	46844	-1	-	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.3185 CDS	contig00117	48152	48787	2	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.3186 CDS	contig00117	48799	49230	1	+	432
ES114	fig 6666666.3235.peg.3187 CDS	contig00117	49967	49539	-2	-	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.3188 CDS	contig00117	50325	50014	-3	-	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.3189 CDS	contig00117	51287	50541	-2	-	747
ES114	fig 6666666.3235.peg.3190 CDS	contig00117	51365	52285	2	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.3191 CDS	contig00117	52369	53196	1	+	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.3192 CDS	contig00117	53392	53787	1	+	396
ES114	fig 6666666.3235.peg.3193 CDS	contig00117	53790	54206	3	+	417
ES114	fig 6666666.3235.peg.3194 CDS	contig00117	54222	54932	3	+	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.3195 CDS	contig00117	55093	56391	1	+	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.3196 CDS	contig00117	56606	57355	2	+	750
ES114	fig 6666666.3235.peg.3197 CDS	contig00117	57410	58198	2	+	789
ES114	fig 6666666.3235.peg.3198 CDS	contig00117	58211	59002	2	+	792
ES114	fig 6666666.3235.peg.3199 CDS	contig00117	59029	60126	1	+	1098
ES114	fig 6666666.3235.peg.3200 CDS	contig00117	60235	61239	1	+	1005
ES114	fig 6666666.3235.peg.3201 CDS	contig00117	61509	63389	3	+	1881
ES114	fig 6666666.3235.peg.3202 CDS	contig00117	63407	64600	2	+	1194
ES114	fig 6666666.3235.peg.3203 CDS	contig00117	64857	64970	3	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.3204 CDS	contig00117	65219	66358	2	+	1140
ES114	fig 6666666.3235.peg.3205 CDS	contig00117	66677	67810	2	+	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.3206 CDS	contig00117	68208	69341	3	+	1134
ES114	fig 6666666.3235.peg.3207 CDS	contig00117	69737	70864	2	+	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.3208 CDS	contig00117	71110	72246	1	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.3209 CDS	contig00117	72370	72789	1	+	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.3210 CDS	contig00117	72814	74784	1	+	1971
ES114	fig 6666666.3235.peg.3211 CDS	contig00117	74816	75106	2	+	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.3212 CDS	contig00117	75122	75532	2	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.3213 CDS	contig00117	75721	77202	1	+	1482
ES114	fig 6666666.3235.peg.3214 CDS	contig00117	77361	78422	3	+	1062
ES114	fig 6666666.3235.peg.3215 CDS	contig00117	78426	79859	3	+	1434
ES114	fig 6666666.3235.peg.3216 CDS	contig00117	79960	80271	1	+	312
ES114	fig 6666666.3235.peg.3217 CDS	contig00117	80289	82022	3	+	1734
ES114	fig 6666666.3235.peg.3218 CDS	contig00117	82015	83067	1	+	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.3219 CDS	contig00117	83171	83968	2	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.3220 CDS	contig00117	83968	85287	1	+	1320
ES114	fig 6666666.3235.peg.3221 CDS	contig00117	85298	85741	2	+	444

ES114	fig 6666666.3235.peg.3222 CDS	contig00117	85913	87163	2	+	1251
ES114	fig 6666666.3235.peg.3223 CDS	contig00117	87228	87713	3	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.3224 CDS	contig00117	87721	88755	1	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.3225 CDS	contig00117	88778	89167	2	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.3226 CDS	contig00117	89191	89577	1	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3227 CDS	contig00117	89564	90433	2	+	870
ES114	fig 6666666.3235.peg.3228 CDS	contig00117	90443	90712	2	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.3229 CDS	contig00117	90750	91532	3	+	783
ES114	fig 6666666.3235.peg.3230 CDS	contig00117	91578	92708	3	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.3231 CDS	contig00117	93399	92722	-3	-	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.3232 CDS	contig00117	93684	95777	3	+	2094
ES114	fig 6666666.3235.peg.3233 CDS	contig00117	95811	97289	3	+	1479
ES114	fig 6666666.3235.peg.3234 CDS	contig00117	97286	98176	2	+	891
ES114	fig 6666666.3235.peg.3235 CDS	contig00117	98169	98900	3	+	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.3236 CDS	contig00117	98937	99317	3	+	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.3237 CDS	contig00117	99349	100065	1	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.3238 CDS	contig00117	100075	102282	1	+	2208
ES114	fig 6666666.3235.peg.3239 CDS	contig00117	102298	103428	1	+	1131
ES114	fig 6666666.3235.peg.3240 CDS	contig00117	103437	104204	3	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.3241 CDS	contig00117	104204	105262	2	+	1059
ES114	fig 6666666.3235.peg.3242 CDS	contig00117	105291	105785	3	+	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.3243 CDS	contig00117	105785	106246	2	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.3244 CDS	contig00117	106526	107140	2	+	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.3245 CDS	contig00117	107141	107809	2	+	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.3246 CDS	contig00117	107853	108605	3	+	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.3247 CDS	contig00117	108629	108835	2	+	207
ES114	fig 6666666.3235.peg.3248 CDS	contig00117	108832	109317	1	+	486
ES114	fig 6666666.3235.peg.3249 CDS	contig00117	109314	111272	3	+	1959
ES114	fig 6666666.3235.peg.3250 CDS	contig00117	111276	111827	3	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.3251 CDS	contig00117	111827	112342	2	+	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.3252 CDS	contig00117	112339	113556	1	+	1218
ES114	fig 6666666.3235.peg.3253 CDS	contig00117	113716	114498	1	+	783
ES114	fig 6666666.3235.peg.3254 CDS	contig00117	115179	114574	-3	-	606
ES114	fig 6666666.3235.peg.3255 CDS	contig00117	116639	115341	-2	-	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.3256 CDS	contig00117	118383	117157	-3	-	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.3257 CDS	contig00117	119265	120593	3	+	1329
ES114	fig 6666666.3235.peg.3258 CDS	contig00117	120593	122692	2	+	2100
ES114	fig 6666666.3235.peg.3259 CDS	contig00117	125537	122760	-2	-	2778
ES114	fig 6666666.3235.peg.3260 CDS	contig00117	125797	126252	1	+	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.3261 CDS	contig00117	126849	126316	-3	-	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.3262 CDS	contig00117	126902	127834	2	+	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.3263 CDS	contig00117	127994	127881	-2	-	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.3264 CDS	contig00117	128394	129479	3	+	1086
ES114	fig 6666666.3235.peg.3265 CDS	contig00117	130284	129643	-3	-	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.3266 CDS	contig00117	130923	130390	-3	-	534
ES114	fig 6666666.3235.peg.3267 CDS	contig00117	131113	131643	1	+	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.3268 CDS	contig00117	131651	131911	2	+	261
ES114	fig 6666666.3235.peg.3269 CDS	contig00117	132415	131990	-1	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.3270 CDS	contig00117	132494	133435	2	+	942

ES114	fig 6666666.3235.peg.3271 CDS	contig00117	133746	135113	3	+	1368
ES114	fig 6666666.3235.peg.3272 CDS	contig00117	135698	135096	-2	-	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.3273 CDS	contig00117	136767	135958	-3	-	810
ES114	fig 6666666.3235.peg.3274 CDS	contig00117	137264	138313	2	+	1050
ES114	fig 6666666.3235.peg.3275 CDS	contig00117	139005	138505	-3	-	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.3276 CDS	contig00117	140857	139109	-1	-	1749
ES114	fig 6666666.3235.peg.3277 CDS	contig00117	141366	141836	3	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.3278 CDS	contig00117	141863	142750	2	+	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.3279 CDS	contig00117	144034	142838	-1	-	1197
ES114	fig 6666666.3235.peg.3280 CDS	contig00117	146253	144160	-3	-	2094
ES114	fig 6666666.3235.peg.3281 CDS	contig00117	146538	146921	3	+	384
ES114	fig 6666666.3235.peg.3282 CDS	contig00117	147181	146987	-1	-	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.3283 CDS	contig00117	147348	148202	3	+	855
ES114	fig 6666666.3235.peg.3284 CDS	contig00117	149640	148270	-3	-	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.3285 CDS	contig00117	150327	149710	-3	-	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.3286 CDS	contig00117	151463	150339	-2	-	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.3287 CDS	contig00117	153118	151580	-1	-	1539
ES114	fig 6666666.3235.peg.3288 CDS	contig00117	153306	154796	3	+	1491
ES114	fig 6666666.3235.peg.3289 CDS	contig00117	154811	155956	2	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.3290 CDS	contig00117	155970	156743	3	+	774
ES114	fig 6666666.3235.peg.3291 CDS	contig00117	156789	157124	3	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.3292 CDS	contig00117	158769	157150	-3	-	1620
ES114	fig 6666666.3235.peg.3293 CDS	contig00118	1024	47	-1	-	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.3294 CDS	contig00118	984	1124	3	+	141
ES114	fig 6666666.3235.peg.3295 CDS	contig00118	1310	2446	2	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.3296 CDS	contig00118	2450	3430	2	+	981
ES114	fig 6666666.3235.peg.3297 CDS	contig00118	3461	5194	2	+	1734
ES114	fig 6666666.3235.peg.3298 CDS	contig00118	5773	5270	-1	-	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.3299 CDS	contig00118	5872	6486	1	+	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.3300 CDS	contig00118	6640	7293	1	+	654
ES114	fig 6666666.3235.peg.3301 CDS	contig00118	8179	7349	-1	-	831
ES114	fig 6666666.3235.peg.3302 CDS	contig00118	9076	8195	-1	-	882
ES114	fig 6666666.3235.peg.3303 CDS	contig00118	9462	9073	-3	-	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.3304 CDS	contig00118	9698	10153	2	+	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.3305 CDS	contig00118	10293	10811	3	+	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.3306 CDS	contig00118	10835	11620	2	+	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.3307 CDS	contig00118	12849	11725	-3	-	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.3308 CDS	contig00118	13326	12859	-3	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.3309 CDS	contig00118	14063	13326	-2	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.3310 CDS	contig00118	14370	14564	3	+	195
ES114	fig 6666666.3235.peg.3311 CDS	contig00118	14746	15546	1	+	801
ES114	fig 6666666.3235.peg.3312 CDS	contig00118	16340	15588	-2	-	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.3313 CDS	contig00118	16556	17128	2	+	573
ES114	fig 6666666.3235.peg.3314 CDS	contig00118	17166	18605	3	+	1440
ES114	fig 6666666.3235.peg.3315 CDS	contig00118	18621	19544	3	+	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.3316 CDS	contig00118	19567	20634	1	+	1068
ES114	fig 6666666.3235.peg.3317 CDS	contig00118	20714	21625	2	+	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.3318 CDS	contig00118	21704	21826	2	+	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.3319 CDS	contig00118	21984	22835	3	+	852

ES114	fig 6666666.3235.peg.3320 CDS	contig00118	22845	23555	3	+	711
ES114	fig 6666666.3235.peg.3321 CDS	contig00118	24039	23596	-3	-	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.3322 CDS	contig00118	24244	25614	1	+	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.3323 CDS	contig00118	25721	26272	2	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.3324 CDS	contig00118	26463	27758	3	+	1296
ES114	fig 6666666.3235.peg.3325 CDS	contig00118	28681	27809	-1	-	873
ES114	fig 6666666.3235.peg.3326 CDS	contig00118	29397	28681	-3	-	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.3327 CDS	contig00118	30805	29900	-1	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.3328 CDS	contig00119	107	1216	2	+	1110
ES114	fig 6666666.3235.peg.3329 CDS	contig00119	1213	1830	1	+	618
ES114	fig 6666666.3235.peg.3330 CDS	contig00119	1836	2462	3	+	627
ES114	fig 6666666.3235.peg.3331 CDS	contig00119	2831	2950	2	+	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.3332 CDS	contig00120	561	214	-3	-	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.3333 CDS	contig00120	1358	558	-2	-	801
ES114	fig 6666666.3235.peg.3334 CDS	contig00120	3399	1363	-3	-	2037
ES114	fig 6666666.3235.peg.3335 CDS	contig00120	4060	3542	-1	-	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.3336 CDS	contig00120	4949	4299	-2	-	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.3337 CDS	contig00120	5038	5859	1	+	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.3338 CDS	contig00120	7248	5950	-3	-	1299
ES114	fig 6666666.3235.peg.3339 CDS	contig00120	8033	7290	-2	-	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.3340 CDS	contig00120	10384	8414	-1	-	1971
ES114	fig 6666666.3235.peg.3341 CDS	contig00120	11544	10381	-3	-	1164
ES114	fig 6666666.3235.peg.3342 CDS	contig00120	11802	13328	3	+	1527
ES114	fig 6666666.3235.peg.3343 CDS	contig00120	13337	14248	2	+	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.3344 CDS	contig00120	15324	14392	-3	-	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.3345 CDS	contig00120	15634	16191	1	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.3346 CDS	contig00120	16369	17091	1	+	723
ES114	fig 6666666.3235.peg.3347 CDS	contig00120	17156	18526	2	+	1371
ES114	fig 6666666.3235.peg.3348 CDS	contig00120	18758	19660	2	+	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.3349 CDS	contig00120	19660	19977	1	+	318
ES114	fig 6666666.3235.peg.3350 CDS	contig00120	20000	20719	2	+	720
ES114	fig 6666666.3235.peg.3351 CDS	contig00120	20777	22123	2	+	1347
ES114	fig 6666666.3235.peg.3352 CDS	contig00121	170	1165	2	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.3353 CDS	contig00121	1170	1802	3	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.3354 CDS	contig00121	1802	2485	2	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.3355 CDS	contig00121	2556	3191	3	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.3356 CDS	contig00121	3205	3621	1	+	417
ES114	fig 6666666.3235.peg.3357 CDS	contig00121	3763	4197	1	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.3358 CDS	contig00121	5127	4249	-3	-	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.3359 CDS	contig00121	5314	5982	1	+	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.3360 CDS	contig00121	6029	7357	2	+	1329
ES114	fig 6666666.3235.peg.3361 CDS	contig00121	7527	8846	3	+	1320
ES114	fig 6666666.3235.peg.3362 CDS	contig00121	9230	8895	-2	-	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.3363 CDS	contig00121	9465	10049	3	+	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.3364 CDS	contig00121	10252	10758	1	+	507
ES114	fig 6666666.3235.peg.3365 CDS	contig00121	10981	11652	1	+	672
ES114	fig 6666666.3235.peg.3366 CDS	contig00121	14516	11841	-2	-	2676
ES114	fig 6666666.3235.peg.3367 CDS	contig00121	15099	15959	3	+	861
ES114	fig 6666666.3235.peg.3368 CDS	contig00121	16130	15981	-2	-	150

ES114	fig 6666666.3235.peg.3369 CDS	contig00121	16293	16171	-3	-	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.3370 CDS	contig00121	16561	16277	-1	-	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.3371 CDS	contig00121	16685	17515	2	+	831
ES114	fig 6666666.3235.peg.3372 CDS	contig00121	17994	17587	-3	-	408
ES114	fig 6666666.3235.peg.3373 CDS	contig00121	18331	19326	1	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.3374 CDS	contig00121	19521	20396	3	+	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.3375 CDS	contig00121	21793	20489	-1	-	1305
ES114	fig 6666666.3235.peg.3376 CDS	contig00121	21976	22299	1	+	324
ES114	fig 6666666.3235.peg.3377 CDS	contig00121	22471	22905	1	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.3378 CDS	contig00121	24301	22994	-1	-	1308
ES114	fig 6666666.3235.peg.3379 CDS	contig00121	25769	24423	-2	-	1347
ES114	fig 6666666.3235.peg.3380 CDS	contig00121	26399	25803	-2	-	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.3381 CDS	contig00121	29859	26425	-3	-	3435
ES114	fig 6666666.3235.peg.3382 CDS	contig00121	30573	30082	-3	-	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.3383 CDS	contig00121	30730	31848	1	+	1119
ES114	fig 6666666.3235.peg.3384 CDS	contig00121	31996	32961	1	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.3385 CDS	contig00121	33114	34886	3	+	1773
ES114	fig 6666666.3235.peg.3386 CDS	contig00121	34879	36600	1	+	1722
ES114	fig 6666666.3235.peg.3387 CDS	contig00121	37772	36690	-2	-	1083
ES114	fig 6666666.3235.peg.3388 CDS	contig00122	2362	1778	-1	-	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.3389 CDS	contig00122	2862	2365	-3	-	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.3390 CDS	contig00122	3769	5799	1	+	2031
ES114	fig 6666666.3235.peg.3391 CDS	contig00122	6050	5931	-2	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.3392 CDS	contig00122	6116	7522	2	+	1407
ES114	fig 6666666.3235.peg.3393 CDS	contig00122	7533	7868	3	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.3394 CDS	contig00122	8735	7857	-2	-	879
ES114	fig 6666666.3235.peg.3395 CDS	contig00122	9118	10107	1	+	990
ES114	fig 6666666.3235.peg.3396 CDS	contig00122	10120	10599	1	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.3397 CDS	contig00122	10596	10841	3	+	246
ES114	fig 6666666.3235.peg.3398 CDS	contig00122	10843	11289	1	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.3399 CDS	contig00122	12360	11395	-3	-	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.3400 CDS	contig00122	13872	12364	-3	-	1509
ES114	fig 6666666.3235.peg.3401 CDS	contig00122	14751	13981	-3	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.3402 CDS	contig00122	15805	14831	-1	-	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.3403 CDS	contig00122	16570	15842	-1	-	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.3404 CDS	contig00122	16957	18732	1	+	1776
ES114	fig 6666666.3235.peg.3405 CDS	contig00122	18885	19406	3	+	522
ES114	fig 6666666.3235.peg.3406 CDS	contig00122	19512	20135	3	+	624
ES114	fig 6666666.3235.peg.3407 CDS	contig00122	20163	21176	3	+	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.3408 CDS	contig00122	21555	23144	3	+	1590
ES114	fig 6666666.3235.peg.3409 CDS	contig00122	23162	24298	2	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.3410 CDS	contig00122	24411	24713	3	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.3411 CDS	contig00122	24891	25301	3	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.3412 CDS	contig00122	25291	25977	1	+	687
ES114	fig 6666666.3235.peg.3413 CDS	contig00122	25977	26423	3	+	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.3414 CDS	contig00122	26440	27480	1	+	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.3415 CDS	contig00122	27491	28843	2	+	1353
ES114	fig 6666666.3235.peg.3416 CDS	contig00122	28879	29445	1	+	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.3417 CDS	contig00122	29471	30229	2	+	759

ES114	fig 6666666.3235.peg.3418 CDS	contig00122	30361	31410	1	+	1050
ES114	fig 6666666.3235.peg.3419 CDS	contig00122	32074	31484	-1	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.3420 CDS	contig00122	32385	32837	3	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.3421 CDS	contig00122	33194	33445	2	+	252
ES114	fig 6666666.3235.peg.3422 CDS	contig00122	33760	34815	1	+	1056
ES114	fig 6666666.3235.peg.3423 CDS	contig00122	35270	35656	2	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3424 CDS	contig00122	35691	36398	3	+	708
ES114	fig 6666666.3235.peg.3425 CDS	contig00122	36604	37962	1	+	1359
ES114	fig 6666666.3235.peg.3426 CDS	contig00122	38139	38684	3	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.3427 CDS	contig00122	38841	40439	3	+	1599
ES114	fig 6666666.3235.peg.3428 CDS	contig00122	40480	42243	1	+	1764
ES114	fig 6666666.3235.peg.3429 CDS	contig00122	42236	44053	2	+	1818
ES114	fig 6666666.3235.peg.3430 CDS	contig00122	44078	45538	2	+	1461
ES114	fig 6666666.3235.peg.3431 CDS	contig00122	45968	46390	2	+	423
ES114	fig 6666666.3235.peg.3432 CDS	contig00122	47452	46412	-1	-	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.3433 CDS	contig00122	47841	47524	-3	-	318
ES114	fig 6666666.3235.peg.3434 CDS	contig00122	49065	47905	-3	-	1161
ES114	fig 6666666.3235.peg.3435 CDS	contig00122	49305	49940	3	+	636
ES114	fig 6666666.3235.peg.3436 CDS	contig00122	50847	49990	-3	-	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.3437 CDS	contig00122	51330	50968	-3	-	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.3438 CDS	contig00122	51747	51358	-3	-	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.3439 CDS	contig00123	255	1382	3	+	1128
ES114	fig 6666666.3235.peg.3440 CDS	contig00123	2592	1633	-3	-	960
ES114	fig 6666666.3235.peg.3441 CDS	contig00123	3085	2627	-1	-	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.3442 CDS	contig00123	3180	3653	3	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.3443 CDS	contig00123	3817	5199	1	+	1383
ES114	fig 6666666.3235.peg.3444 CDS	contig00123	7275	5284	-3	-	1992
ES114	fig 6666666.3235.peg.3445 CDS	contig00123	7581	7931	3	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.3446 CDS	contig00123	7999	9396	1	+	1398
ES114	fig 6666666.3235.peg.3447 CDS	contig00123	9396	9785	3	+	390
ES114	fig 6666666.3235.peg.3448 CDS	contig00123	9902	10492	2	+	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.3449 CDS	contig00123	12329	10572	-2	-	1758
ES114	fig 6666666.3235.peg.3450 CDS	contig00123	12838	13179	1	+	342
ES114	fig 6666666.3235.peg.3451 CDS	contig00123	13985	13242	-2	-	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.3452 CDS	contig00123	14268	15104	3	+	837
ES114	fig 6666666.3235.peg.3453 CDS	contig00123	15231	15782	3	+	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.3454 CDS	contig00123	16146	17435	3	+	1290
ES114	fig 6666666.3235.peg.3455 CDS	contig00123	17602	18897	1	+	1296
ES114	fig 6666666.3235.peg.3456 CDS	contig00123	18943	19353	1	+	411
ES114	fig 6666666.3235.peg.3457 CDS	contig00123	19743	22112	3	+	2370
ES114	fig 6666666.3235.peg.3458 CDS	contig00123	23707	22241	-1	-	1467
ES114	fig 6666666.3235.peg.3459 CDS	contig00123	24584	23868	-2	-	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.3460 CDS	contig00123	26259	24577	-3	-	1683
ES114	fig 6666666.3235.peg.3461 CDS	contig00123	26506	27093	1	+	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.3462 CDS	contig00123	27322	27161	-1	-	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.3463 CDS	contig00123	27635	28510	2	+	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.3464 CDS	contig00123	28644	29123	3	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.3465 CDS	contig00123	29708	29196	-2	-	513
ES114	fig 6666666.3235.peg.3466 CDS	contig00123	31105	29822	-1	-	1284



ES114	fig 6666666.3235.peg.3467 CDS	contig00123	31535	32944	2	+	1410
ES114	fig 6666666.3235.peg.3468 CDS	contig00124	1157	777	-2	-	381
ES114	fig 6666666.3235.peg.3469 CDS	contig00124	1352	2017	2	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.3470 CDS	contig00124	2023	3411	1	+	1389
ES114	fig 6666666.3235.peg.3471 CDS	contig00124	3695	4678	2	+	984
ES114	fig 6666666.3235.peg.3472 CDS	contig00124	4688	5230	2	+	543
ES114	fig 6666666.3235.peg.3473 CDS	contig00124	5320	6954	1	+	1635
ES114	fig 6666666.3235.peg.3474 CDS	contig00124	6951	7733	3	+	783
ES114	fig 6666666.3235.peg.3475 CDS	contig00124	7734	8375	3	+	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.3476 CDS	contig00124	10934	8481	-2	-	2454
ES114	fig 6666666.3235.peg.3477 CDS	contig00124	12038	10947	-2	-	1092
ES114	fig 6666666.3235.peg.3478 CDS	contig00124	12405	14507	3	+	2103
ES114	fig 6666666.3235.peg.3479 CDS	contig00124	14618	15385	2	+	768
ES114	fig 6666666.3235.peg.3480 CDS	contig00124	15387	16742	3	+	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.3481 CDS	contig00124	16809	16976	3	+	168
ES114	fig 6666666.3235.peg.3482 CDS	contig00124	17021	17251	2	+	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.3483 CDS	contig00124	17248	17652	1	+	405
ES114	fig 6666666.3235.peg.3484 CDS	contig00124	17652	18272	3	+	621
ES114	fig 6666666.3235.peg.3485 CDS	contig00124	18269	19450	2	+	1182
ES114	fig 6666666.3235.peg.3486 CDS	contig00124	19993	19514	-1	-	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.3487 CDS	contig00124	20925	19993	-3	-	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.3488 CDS	contig00124	21788	20922	-2	-	867
ES114	fig 6666666.3235.peg.3489 CDS	contig00124	22086	23222	3	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.3490 CDS	contig00124	23673	23275	-3	-	399
ES114	fig 6666666.3235.peg.3491 CDS	contig00124	23975	24124	2	+	150
ES114	fig 6666666.3235.peg.3492 CDS	contig00124	24777	24175	-3	-	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.3493 CDS	contig00124	25870	24932	-1	-	939
ES114	fig 6666666.3235.peg.3494 CDS	contig00125	23	1063	2	+	1041
ES114	fig 6666666.3235.peg.3495 CDS	contig00125	1047	1904	3	+	858
ES114	fig 6666666.3235.peg.3496 CDS	contig00125	1931	2674	2	+	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.3497 CDS	contig00125	2799	3833	3	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.3498 CDS	contig00125	4035	5078	3	+	1044
ES114	fig 6666666.3235.peg.3499 CDS	contig00125	5874	5161	-3	-	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.3500 CDS	contig00125	6032	6943	2	+	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.3501 CDS	contig00125	7183	8403	1	+	1221
ES114	fig 6666666.3235.peg.3502 CDS	contig00125	8765	8475	-2	-	291
ES114	fig 6666666.3235.peg.3503 CDS	contig00125	9474	8818	-3	-	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.3504 CDS	contig00125	10077	9703	-3	-	375
ES114	fig 6666666.3235.peg.3505 CDS	contig00125	10801	10202	-1	-	600
ES114	fig 6666666.3235.peg.3506 CDS	contig00125	11260	10835	-1	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.3507 CDS	contig00125	11888	11352	-2	-	537
ES114	fig 6666666.3235.peg.3508 CDS	contig00125	13835	11913	-2	-	1923
ES114	fig 6666666.3235.peg.3509 CDS	contig00125	14116	15447	1	+	1332
ES114	fig 6666666.3235.peg.3510 CDS	contig00125	16042	15497	-1	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.3511 CDS	contig00125	17288	16134	-2	-	1155
ES114	fig 6666666.3235.peg.3512 CDS	contig00125	17476	17318	-1	-	159
ES114	fig 6666666.3235.peg.3513 CDS	contig00125	17583	18539	3	+	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.3514 CDS	contig00126	680	135	-2	-	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.3515 CDS	contig00126	779	1843	2	+	1065

ES114	fig 6666666.3235.peg.3516 CDS	contig00126	1923	2786	3	+	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.3517 CDS	contig00126	2882	3769	2	+	888
ES114	fig 6666666.3235.peg.3518 CDS	contig00126	4780	3806	-1	-	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.3519 CDS	contig00126	5188	6993	1	+	1806
ES114	fig 6666666.3235.peg.3520 CDS	contig00126	6993	7736	3	+	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.3521 CDS	contig00126	7739	8122	2	+	384
ES114	fig 6666666.3235.peg.3522 CDS	contig00126	8134	8496	1	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.3523 CDS	contig00126	9346	8780	-1	-	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.3524 CDS	contig00126	9379	10401	1	+	1023
ES114	fig 6666666.3235.peg.3525 CDS	contig00126	11427	10465	-3	-	963
ES114	fig 6666666.3235.peg.3526 CDS	contig00126	12552	11647	-3	-	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.3527 CDS	contig00126	13202	12711	-2	-	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.3528 CDS	contig00126	13408	14091	1	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.3529 CDS	contig00126	14095	15483	1	+	1389
ES114	fig 6666666.3235.peg.3530 CDS	contig00126	15605	16084	2	+	480
ES114	fig 6666666.3235.peg.3531 CDS	contig00126	17005	16184	-1	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.3532 CDS	contig00126	18046	17024	-1	-	1023
ES114	fig 6666666.3235.peg.3533 CDS	contig00126	18676	18206	-1	-	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.3534 CDS	contig00126	19300	18806	-1	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.3535 CDS	contig00126	19466	20611	2	+	1146
ES114	fig 6666666.3235.peg.3536 CDS	contig00126	21123	20674	-3	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.3537 CDS	contig00126	21640	23091	1	+	1452
ES114	fig 6666666.3235.peg.3538 CDS	contig00126	23256	24557	3	+	1302
ES114	fig 6666666.3235.peg.3539 CDS	contig00126	25046	24621	-2	-	426
ES114	fig 6666666.3235.peg.3540 CDS	contig00126	25261	27108	1	+	1848
ES114	fig 6666666.3235.peg.3541 CDS	contig00126	27217	28017	1	+	801
ES114	fig 6666666.3235.peg.3542 CDS	contig00128	50	1828	2	+	1779
ES114	fig 6666666.3235.peg.3543 CDS	contig00128	2794	1973	-1	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.3544 CDS	contig00128	2942	3400	2	+	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.3545 CDS	contig00128	3381	3899	3	+	519
ES114	fig 6666666.3235.peg.3546 CDS	contig00128	4103	5779	2	+	1677
ES114	fig 6666666.3235.peg.3547 CDS	contig00128	5784	6386	3	+	603
ES114	fig 6666666.3235.peg.3548 CDS	contig00128	6471	6668	3	+	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.3549 CDS	contig00128	6681	9536	3	+	2856
ES114	fig 6666666.3235.peg.3550 CDS	contig00128	9550	10158	1	+	609
ES114	fig 6666666.3235.peg.3551 CDS	contig00128	10175	11197	2	+	1023
ES114	fig 6666666.3235.peg.3552 CDS	contig00128	11782	12291	1	+	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.3553 CDS	contig00128	12328	12477	1	+	150
ES114	fig 6666666.3235.peg.3554 CDS	contig00128	12547	13623	1	+	1077
ES114	fig 6666666.3235.peg.3555 CDS	contig00129	391	26	-1	-	366
ES114	fig 6666666.3235.peg.3556 CDS	contig00129	690	1022	3	+	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.3557 CDS	contig00129	1044	3125	3	+	2082
ES114	fig 6666666.3235.peg.3558 CDS	contig00129	3790	3206	-1	-	585
ES114	fig 6666666.3235.peg.3559 CDS	contig00129	4727	3909	-2	-	819
ES114	fig 6666666.3235.peg.3560 CDS	contig00129	5284	4733	-1	-	552
ES114	fig 6666666.3235.peg.3561 CDS	contig00129	6056	5295	-2	-	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.3562 CDS	contig00129	6544	6053	-1	-	492
ES114	fig 6666666.3235.peg.3563 CDS	contig00129	7773	6544	-3	-	1230
ES114	fig 6666666.3235.peg.3564 CDS	contig00129	8800	7766	-1	-	1035

ES114	fig 6666666.3235.peg.3565 CDS	contig00129	9480	8800	-3	-	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.3566 CDS	contig00129	9844	9467	-1	-	378
ES114	fig 6666666.3235.peg.3567 CDS	contig00129	10430	9834	-2	-	597
ES114	fig 6666666.3235.peg.3568 CDS	contig00129	10905	10453	-3	-	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.3569 CDS	contig00129	12181	10967	-1	-	1215
ES114	fig 6666666.3235.peg.3570 CDS	contig00129	13681	12182	-1	-	1500
ES114	fig 6666666.3235.peg.3571 CDS	contig00129	15714	13681	-3	-	2034
ES114	fig 6666666.3235.peg.3572 CDS	contig00129	16643	15747	-2	-	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.3573 CDS	contig00129	16935	17336	3	+	402
ES114	fig 6666666.3235.peg.3574 CDS	contig00129	17429	18304	2	+	876
ES114	fig 6666666.3235.peg.3575 CDS	contig00129	18641	20263	2	+	1623
ES114	fig 6666666.3235.peg.3576 CDS	contig00129	20446	22404	1	+	1959
ES114	fig 6666666.3235.peg.3577 CDS	contig00129	23581	22466	-1	-	1116
ES114	fig 6666666.3235.peg.3578 CDS	contig00129	23932	24900	1	+	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.3579 CDS	contig00129	25068	25865	3	+	798
ES114	fig 6666666.3235.peg.3580 CDS	contig00129	26897	25986	-2	-	912
ES114	fig 6666666.3235.peg.3581 CDS	contig00129	27594	26890	-3	-	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.3582 CDS	contig00129	28376	27591	-2	-	786
ES114	fig 6666666.3235.peg.3583 CDS	contig00129	29755	28502	-1	-	1254
ES114	fig 6666666.3235.peg.3584 CDS	contig00129	29937	29818	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.3585 CDS	contig00129	30019	30333	1	+	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.3586 CDS	contig00129	32510	30468	-2	-	2043
ES114	fig 6666666.3235.peg.3587 CDS	contig00129	32663	33502	2	+	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.3588 CDS	contig00129	33720	35075	3	+	1356
ES114	fig 6666666.3235.peg.3589 CDS	contig00129	35239	35709	1	+	471
ES114	fig 6666666.3235.peg.3590 CDS	contig00129	35880	37187	3	+	1308
ES114	fig 6666666.3235.peg.3591 CDS	contig00129	38059	37331	-1	-	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.3592 CDS	contig00129	38587	38084	-1	-	504
ES114	fig 6666666.3235.peg.3593 CDS	contig00129	40683	38587	-3	-	2097
ES114	fig 6666666.3235.peg.3594 CDS	contig00129	41072	40740	-2	-	333
ES114	fig 6666666.3235.peg.3595 CDS	contig00129	41798	41208	-2	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.3596 CDS	contig00129	42064	43389	1	+	1326
ES114	fig 6666666.3235.peg.3597 CDS	contig00129	43419	44846	3	+	1428
ES114	fig 6666666.3235.peg.3598 CDS	contig00129	44858	45424	2	+	567
ES114	fig 6666666.3235.peg.3599 CDS	contig00129	45490	46998	1	+	1509
ES114	fig 6666666.3235.peg.3600 CDS	contig00129	47929	47066	-1	-	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.3601 CDS	contig00129	48157	50928	1	+	2772
ES114	fig 6666666.3235.peg.3602 CDS	contig00129	51249	51596	3	+	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.3603 CDS	contig00129	51598	51960	1	+	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.3604 CDS	contig00129	51967	52263	1	+	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.3605 CDS	contig00129	52320	53096	3	+	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.3606 CDS	contig00129	53115	53765	3	+	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.3607 CDS	contig00129	53823	54959	3	+	1137
ES114	fig 6666666.3235.peg.3608 CDS	contig00129	54943	56046	1	+	1104
ES114	fig 6666666.3235.peg.3609 CDS	contig00129	56059	56799	1	+	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.3610 CDS	contig00129	56998	58920	1	+	1923
ES114	fig 6666666.3235.peg.3611 CDS	contig00129	59242	58979	-1	-	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.3612 CDS	contig00129	60122	59226	-2	-	897
ES114	fig 6666666.3235.peg.3613 CDS	contig00129	60298	62178	1	+	1881

ES114	fig 6666666.3235.peg.3614 CDS	contig00129	62188	62904	1	+	717
ES114	fig 6666666.3235.peg.3615 CDS	contig00129	64574	62994	-2	-	1581
ES114	fig 6666666.3235.peg.3616 CDS	contig00129	65754	64813	-3	-	942
ES114	fig 6666666.3235.peg.3617 CDS	contig00129	66689	65757	-2	-	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.3618 CDS	contig00129	68432	66879	-2	-	1554
ES114	fig 6666666.3235.peg.3619 CDS	contig00129	70220	68511	-2	-	1710
ES114	fig 6666666.3235.peg.3620 CDS	contig00130	36	1424	3	+	1389
ES114	fig 6666666.3235.peg.3621 CDS	contig00130	1681	1995	1	+	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.3622 CDS	contig00130	2221	2355	1	+	135
ES114	fig 6666666.3235.peg.3623 CDS	contig00130	2392	2844	1	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.3624 CDS	contig00130	3200	3592	2	+	393
ES114	fig 6666666.3235.peg.3625 CDS	contig00130	4438	3638	-1	-	801
ES114	fig 6666666.3235.peg.3626 CDS	contig00130	5395	4463	-1	-	933
ES114	fig 6666666.3235.peg.3627 CDS	contig00130	6094	7836	1	+	1743
ES114	fig 6666666.3235.peg.3628 CDS	contig00130	8029	9060	1	+	1032
ES114	fig 6666666.3235.peg.3629 CDS	contig00130	9202	9537	1	+	336
ES114	fig 6666666.3235.peg.3630 CDS	contig00130	9569	9700	2	+	132
ES114	fig 6666666.3235.peg.3631 CDS	contig00130	9742	10281	1	+	540
ES114	fig 6666666.3235.peg.3632 CDS	contig00130	10278	10745	3	+	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.3633 CDS	contig00130	10806	11273	3	+	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.3634 CDS	contig00130	11273	11587	2	+	315
ES114	fig 6666666.3235.peg.3635 CDS	contig00130	12356	11595	-2	-	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.3636 CDS	contig00130	12510	12779	3	+	270
ES114	fig 6666666.3235.peg.3637 CDS	contig00130	13287	12829	-3	-	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.3638 CDS	contig00130	13562	14110	2	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.3639 CDS	contig00130	14222	14767	2	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.3640 CDS	contig00130	14913	15581	3	+	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.3641 CDS	contig00130	15569	16201	2	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.3642 CDS	contig00130	16913	16239	-2	-	675
ES114	fig 6666666.3235.peg.3643 CDS	contig00131	74	1324	2	+	1251
ES114	fig 6666666.3235.peg.3644 CDS	contig00131	2301	1351	-3	-	951
ES114	fig 6666666.3235.peg.3645 CDS	contig00131	3549	2383	-3	-	1167
ES114	fig 6666666.3235.peg.3646 CDS	contig00131	3714	5111	3	+	1398
ES114	fig 6666666.3235.peg.3647 CDS	contig00132	277	972	1	+	696
ES114	fig 6666666.3235.peg.3648 CDS	contig00133	960	406	-3	-	555
ES114	fig 6666666.3235.peg.3649 CDS	contig00133	2769	1006	-3	-	1764
ES114	fig 6666666.3235.peg.3650 CDS	contig00133	3476	2832	-2	-	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.3651 CDS	contig00133	6022	3653	-1	-	2370
ES114	fig 6666666.3235.peg.3652 CDS	contig00133	6803	6027	-2	-	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.3653 CDS	contig00133	8498	6912	-2	-	1587
ES114	fig 6666666.3235.peg.3654 CDS	contig00134	1270	65	-1	-	1206
ES114	fig 6666666.3235.peg.3655 CDS	contig00134	1836	1339	-3	-	498
ES114	fig 6666666.3235.peg.3656 CDS	contig00134	2026	1865	-1	-	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.3657 CDS	contig00135	423	2087	3	+	1665
ES114	fig 6666666.3235.peg.3658 CDS	contig00135	2193	3113	3	+	921
ES114	fig 6666666.3235.peg.3659 CDS	contig00135	3128	4030	2	+	903
ES114	fig 6666666.3235.peg.3660 CDS	contig00135	4081	5046	1	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.3661 CDS	contig00135	5046	6041	3	+	996
ES114	fig 6666666.3235.peg.3662 CDS	contig00135	7294	6146	-1	-	1149

ES114	fig 6666666.3235.peg.3663 CDS	contig00135	8097	7360	-3	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.3664 CDS	contig00135	10536	8260	-3	-	2277
ES114	fig 6666666.3235.peg.3665 CDS	contig00135	12331	10823	-1	-	1509
ES114	fig 6666666.3235.peg.3666 CDS	contig00136	87	365	3	+	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.3667 CDS	contig00137	51	176	3	+	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.3668 CDS	contig00139	180	1193	3	+	1014
ES114	fig 6666666.3235.peg.3669 CDS	contig00139	1684	2271	1	+	588
ES114	fig 6666666.3235.peg.3670 CDS	contig00139	3087	2350	-3	-	738
ES114	fig 6666666.3235.peg.3671 CDS	contig00139	3195	3497	3	+	303
ES114	fig 6666666.3235.peg.3672 CDS	contig00139	4021	3566	-1	-	456
ES114	fig 6666666.3235.peg.3673 CDS	contig00139	4302	5165	3	+	864
ES114	fig 6666666.3235.peg.3674 CDS	contig00139	5695	5228	-1	-	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.3675 CDS	contig00139	5815	6879	1	+	1065
ES114	fig 6666666.3235.peg.3676 CDS	contig00139	7009	7692	1	+	684
ES114	fig 6666666.3235.peg.3677 CDS	contig00139	10879	7769	-1	-	3111
ES114	fig 6666666.3235.peg.3678 CDS	contig00139	11928	10882	-3	-	1047
ES114	fig 6666666.3235.peg.3679 CDS	contig00140	344	1267	2	+	924
ES114	fig 6666666.3235.peg.3680 CDS	contig00140	1413	1649	3	+	237
ES114	fig 6666666.3235.peg.3681 CDS	contig00140	1784	2449	2	+	666
ES114	fig 6666666.3235.peg.3682 CDS	contig00140	2824	3483	1	+	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.3683 CDS	contig00141	365	553	2	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.3684 CDS	contig00141	650	1456	2	+	807
ES114	fig 6666666.3235.peg.3685 CDS	contig00141	1531	2181	1	+	651
ES114	fig 6666666.3235.peg.3686 CDS	contig00141	2279	2154	-2	-	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.3687 CDS	contig00141	2364	2242	-3	-	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.3688 CDS	contig00141	3190	2513	-1	-	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.3689 CDS	contig00141	3933	3193	-3	-	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.3690 CDS	contig00141	4836	4060	-3	-	777
ES114	fig 6666666.3235.peg.3691 CDS	contig00141	5680	4910	-1	-	771
ES114	fig 6666666.3235.peg.3692 CDS	contig00141	6143	6003	-2	-	141
ES114	fig 6666666.3235.peg.3693 CDS	contig00142	1123	371	-1	-	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.3694 CDS	contig00142	2114	1272	-2	-	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.3695 CDS	contig00142	2561	4153	2	+	1593
ES114	fig 6666666.3235.peg.3696 CDS	contig00142	4222	4731	1	+	510
ES114	fig 6666666.3235.peg.3697 CDS	contig00142	5417	4803	-2	-	615
ES114	fig 6666666.3235.peg.3698 CDS	contig00142	5519	6076	2	+	558
ES114	fig 6666666.3235.peg.3699 CDS	contig00142	6128	7075	2	+	948
ES114	fig 6666666.3235.peg.3700 CDS	contig00142	8590	7118	-1	-	1473
ES114	fig 6666666.3235.peg.3701 CDS	contig00142	9509	8715	-2	-	795
ES114	fig 6666666.3235.peg.3702 CDS	contig00143	659	3	-2	-	657
ES114	fig 6666666.3235.peg.3703 CDS	contig00143	1084	698	-1	-	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3704 CDS	contig00143	1426	2982	1	+	1557
ES114	fig 6666666.3235.peg.3705 CDS	contig00143	3091	3549	1	+	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.3706 CDS	contig00143	4191	4679	3	+	489
ES114	fig 6666666.3235.peg.3707 CDS	contig00143	4867	5709	1	+	843
ES114	fig 6666666.3235.peg.3708 CDS	contig00143	7446	5755	-3	-	1692
ES114	fig 6666666.3235.peg.3709 CDS	contig00143	7632	8075	3	+	444
ES114	fig 6666666.3235.peg.3710 CDS	contig00143	8095	8877	1	+	783
ES114	fig 6666666.3235.peg.3711 CDS	contig00143	8901	9746	3	+	846

ES114	fig 6666666.3235.peg.3712 CDS	contig00143	9781	9906	1	+	126
ES114	fig 6666666.3235.peg.3713 CDS	contig00143	10000	10434	1	+	435
ES114	fig 6666666.3235.peg.3714 CDS	contig00143	10524	10997	3	+	474
ES114	fig 6666666.3235.peg.3715 CDS	contig00143	11638	10994	-1	-	645
ES114	fig 6666666.3235.peg.3716 CDS	contig00143	11810	14053	2	+	2244
ES114	fig 6666666.3235.peg.3717 CDS	contig00143	14198	14728	2	+	531
ES114	fig 6666666.3235.peg.3718 CDS	contig00143	14791	15141	1	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.3719 CDS	contig00143	15282	16439	3	+	1158
ES114	fig 6666666.3235.peg.3720 CDS	contig00143	16441	18027	1	+	1587
ES114	fig 6666666.3235.peg.3721 CDS	contig00143	18033	19310	3	+	1278
ES114	fig 6666666.3235.peg.3722 CDS	contig00143	20200	19307	-1	-	894
ES114	fig 6666666.3235.peg.3723 CDS	contig00143	20347	21147	1	+	801
ES114	fig 6666666.3235.peg.3724 CDS	contig00143	21196	21939	1	+	744
ES114	fig 6666666.3235.peg.3725 CDS	contig00143	21939	22667	3	+	729
ES114	fig 6666666.3235.peg.3726 CDS	contig00143	22651	23607	1	+	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.3727 CDS	contig00143	23689	24933	1	+	1245
ES114	fig 6666666.3235.peg.3728 CDS	contig00143	25137	25814	3	+	678
ES114	fig 6666666.3235.peg.3729 CDS	contig00143	25824	26729	3	+	906
ES114	fig 6666666.3235.peg.3730 CDS	contig00143	26741	27379	2	+	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.3731 CDS	contig00143	27648	29540	3	+	1893
ES114	fig 6666666.3235.peg.3732 CDS	contig00143	29951	29733	-2	-	219
ES114	fig 6666666.3235.peg.3733 CDS	contig00144	34	747	1	+	714
ES114	fig 6666666.3235.peg.3734 CDS	contig00144	1062	3173	3	+	2112
ES114	fig 6666666.3235.peg.3735 CDS	contig00144	3186	3635	3	+	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.3736 CDS	contig00144	3992	4492	2	+	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.3737 CDS	contig00144	4731	5192	3	+	462
ES114	fig 6666666.3235.peg.3738 CDS	contig00144	6020	5430	-2	-	591
ES114	fig 6666666.3235.peg.3739 CDS	contig00144	6990	6013	-3	-	978
ES114	fig 6666666.3235.peg.3740 CDS	contig00144	8383	6980	-1	-	1404
ES114	fig 6666666.3235.peg.3741 CDS	contig00144	9158	8394	-2	-	765
ES114	fig 6666666.3235.peg.3742 CDS	contig00144	13219	9155	-1	-	4065
ES114	fig 6666666.3235.peg.3743 CDS	contig00144	13340	13224	-2	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.3744 CDS	contig00145	49	342	1	+	294
ES114	fig 6666666.3235.peg.3745 CDS	contig00145	554	1165	2	+	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.3746 CDS	contig00145	1471	1830	1	+	360
ES114	fig 6666666.3235.peg.3747 CDS	contig00145	2166	1894	-3	-	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.3748 CDS	contig00145	2855	2187	-2	-	669
ES114	fig 6666666.3235.peg.3749 CDS	contig00146	165	326	3	+	162
ES114	fig 6666666.3235.peg.3750 CDS	contig00146	1545	352	-3	-	1194
ES114	fig 6666666.3235.peg.3751 CDS	contig00147	1207	1061	-1	-	147
ES114	fig 6666666.3235.peg.3752 CDS	contig00147	1539	1339	-3	-	201
ES114	fig 6666666.3235.peg.3753 CDS	contig00148	36	158	3	+	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.3754 CDS	contig00148	932	321	-2	-	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.3755 CDS	contig00148	1469	975	-2	-	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.3756 CDS	contig00149	1057	158	-1	-	900
ES114	fig 6666666.3235.peg.3757 CDS	contig00149	2013	1477	-3	-	537
ES114	fig 6666666.3235.peg.3758 CDS	contig00149	2131	2003	-1	-	129
ES114	fig 6666666.3235.peg.3759 CDS	contig00149	2252	3169	2	+	918
ES114	fig 6666666.3235.peg.3760 CDS	contig00149	3169	4209	1	+	1041

ES114	fig 6666666.3235.peg.3761 CDS	contig00149	4206	4985	3	+	780
ES114	fig 6666666.3235.peg.3762 CDS	contig00150	731	42	-2	-	690
ES114	fig 6666666.3235.peg.3763 CDS	contig00150	913	3945	1	+	3033
ES114	fig 6666666.3235.peg.3764 CDS	contig00150	4102	5694	1	+	1593
ES114	fig 6666666.3235.peg.3765 CDS	contig00150	5823	6239	3	+	417
ES114	fig 6666666.3235.peg.3766 CDS	contig00150	6386	8701	2	+	2316
ES114	fig 6666666.3235.peg.3767 CDS	contig00150	8932	9690	1	+	759
ES114	fig 6666666.3235.peg.3768 CDS	contig00150	10665	9826	-3	-	840
ES114	fig 6666666.3235.peg.3769 CDS	contig00151	282	524	3	+	243
ES114	fig 6666666.3235.peg.3770 CDS	contig00151	742	1773	1	+	1032
ES114	fig 6666666.3235.peg.3771 CDS	contig00151	1890	2078	3	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.3772 CDS	contig00155	481	365	-1	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.3773 CDS	contig00163	197	460	2	+	264
ES114	fig 6666666.3235.peg.3774 CDS	contig00164	6	392	3	+	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3775 CDS	contig00184	284	403	2	+	120
ES114	fig 6666666.3235.peg.3776 CDS	contig00191	49	279	1	+	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.3777 CDS	contig00192	541	89	-1	-	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.3778 CDS	contig00193	169	921	1	+	753
ES114	fig 6666666.3235.peg.3779 CDS	contig00197	162	40	-3	-	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.3780 CDS	contig00199	177	809	3	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.3781 CDS	contig00199	1101	871	-3	-	231
ES114	fig 6666666.3235.peg.3782 CDS	contig00199	1302	1186	-3	-	117
ES114	fig 6666666.3235.peg.3783 CDS	contig00199	2720	1893	-2	-	828
ES114	fig 6666666.3235.peg.3784 CDS	contig00199	3738	3127	-3	-	612
ES114	fig 6666666.3235.peg.3785 CDS	contig00199	3927	4067	3	+	141
ES114	fig 6666666.3235.peg.3786 CDS	contig00199	4344	4547	3	+	204
ES114	fig 6666666.3235.peg.3787 CDS	contig00199	4825	5325	1	+	501
ES114	fig 6666666.3235.peg.3788 CDS	contig00199	5335	5601	1	+	267
ES114	fig 6666666.3235.peg.3789 CDS	contig00199	5637	5990	3	+	354
ES114	fig 6666666.3235.peg.3790 CDS	contig00199	5990	6721	2	+	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.3791 CDS	contig00199	6721	8160	1	+	1440
ES114	fig 6666666.3235.peg.3792 CDS	contig00199	8169	9293	3	+	1125
ES114	fig 6666666.3235.peg.3793 CDS	contig00199	9283	9921	1	+	639
ES114	fig 6666666.3235.peg.3794 CDS	contig00199	9905	11458	2	+	1554
ES114	fig 6666666.3235.peg.3795 CDS	contig00199	11458	12474	1	+	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.3796 CDS	contig00199	12475	12969	1	+	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.3797 CDS	contig00199	13080	13451	3	+	372
ES114	fig 6666666.3235.peg.3798 CDS	contig00199	13462	14418	1	+	957
ES114	fig 6666666.3235.peg.3799 CDS	contig00199	14432	14854	2	+	423
ES114	fig 6666666.3235.peg.3800 CDS	contig00199	15027	16058	3	+	1032
ES114	fig 6666666.3235.peg.3801 CDS	contig00199	16060	16236	1	+	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.3802 CDS	contig00199	16318	16950	1	+	633
ES114	fig 6666666.3235.peg.3803 CDS	contig00199	17061	17369	3	+	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.3804 CDS	contig00199	17687	20140	2	+	2454
ES114	fig 6666666.3235.peg.3805 CDS	contig00199	20112	20234	3	+	123
ES114	fig 6666666.3235.peg.3806 CDS	contig00199	20224	20904	1	+	681
ES114	fig 6666666.3235.peg.3807 CDS	contig00199	20911	21819	1	+	909
ES114	fig 6666666.3235.peg.3808 CDS	contig00199	21816	23006	3	+	1191
ES114	fig 6666666.3235.peg.3809 CDS	contig00199	23009	24016	2	+	1008

ES114	fig 6666666.3235.peg.3810 CDS	contig00199	24093	25919	3	+	1827
ES114	fig 6666666.3235.peg.3811 CDS	contig00199	25935	26285	3	+	351
ES114	fig 6666666.3235.peg.3812 CDS	contig00199	26341	28335	1	+	1995
ES114	fig 6666666.3235.peg.3813 CDS	contig00199	28381	28929	1	+	549
ES114	fig 6666666.3235.peg.3814 CDS	contig00199	28962	29429	3	+	468
ES114	fig 6666666.3235.peg.3815 CDS	contig00199	29474	29815	2	+	342
ES114	fig 6666666.3235.peg.3816 CDS	contig00199	29805	33140	3	+	3336
ES114	fig 6666666.3235.peg.3817 CDS	contig00199	33373	33888	1	+	516
ES114	fig 6666666.3235.peg.3818 CDS	contig00199	33900	34598	3	+	699
ES114	fig 6666666.3235.peg.3819 CDS	contig00199	34602	35162	3	+	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.3820 CDS	contig00199	35448	36188	3	+	741
ES114	fig 6666666.3235.peg.3821 CDS	contig00199	36191	37225	2	+	1035
ES114	fig 6666666.3235.peg.3822 CDS	contig00199	37547	37251	-2	-	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.3823 CDS	contig00199	38908	37892	-1	-	1017
ES114	fig 6666666.3235.peg.3824 CDS	contig00199	39960	39511	-3	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.3825 CDS	contig00199	40309	39980	-1	-	330
ES114	fig 6666666.3235.peg.3826 CDS	contig00199	40503	40312	-3	-	192
ES114	fig 6666666.3235.peg.3827 CDS	contig00199	40916	40530	-2	-	387
ES114	fig 6666666.3235.peg.3828 CDS	contig00199	41454	41008	-3	-	447
ES114	fig 6666666.3235.peg.3829 CDS	contig00199	41809	41552	-1	-	258
ES114	fig 6666666.3235.peg.3830 CDS	contig00199	42158	41811	-2	-	348
ES114	fig 6666666.3235.peg.3831 CDS	contig00199	43262	42996	-2	-	267
ES114	fig 6666666.3235.peg.3832 CDS	contig00199	43519	43322	-1	-	198
ES114	fig 6666666.3235.peg.3833 CDS	contig00199	44584	43532	-1	-	1053
ES114	fig 6666666.3235.peg.3834 CDS	contig00199	45033	44755	-3	-	279
ES114	fig 6666666.3235.peg.3835 CDS	contig00199	45608	45033	-2	-	576
ES114	fig 6666666.3235.peg.3836 CDS	contig00202	226	603	1	+	378
ES114	fig 6666666.3235.peg.3837 CDS	contig00202	616	1161	1	+	546
ES114	fig 6666666.3235.peg.3838 CDS	contig00202	1282	1710	1	+	429
ES114	fig 6666666.3235.peg.3839 CDS	contig00202	1715	2419	2	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.3840 CDS	contig00202	2665	3159	1	+	495
ES114	fig 6666666.3235.peg.3841 CDS	contig00202	3215	3583	2	+	369
ES114	fig 6666666.3235.peg.3842 CDS	contig00202	3821	7849	2	+	4029
ES114	fig 6666666.3235.peg.3843 CDS	contig00202	7921	12126	1	+	4206
ES114	fig 6666666.3235.peg.3844 CDS	contig00202	13136	12192	-2	-	945
ES114	fig 6666666.3235.peg.3845 CDS	contig00202	13730	13161	-2	-	570
ES114	fig 6666666.3235.peg.3846 CDS	contig00202	13986	14258	3	+	273
ES114	fig 6666666.3235.peg.3847 CDS	contig00202	14258	14629	2	+	372
ES114	fig 6666666.3235.peg.3848 CDS	contig00202	14626	15078	1	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.3849 CDS	contig00202	15112	15489	1	+	378
ES114	fig 6666666.3235.peg.3850 CDS	contig00202	15511	16347	1	+	837
ES114	fig 6666666.3235.peg.3851 CDS	contig00202	16870	16388	-1	-	483
ES114	fig 6666666.3235.peg.3852 CDS	contig00202	17030	17788	2	+	759
ES114	fig 6666666.3235.peg.3853 CDS	contig00202	18030	19097	3	+	1068
ES114	fig 6666666.3235.peg.3854 CDS	contig00202	19213	19665	1	+	453
ES114	fig 6666666.3235.peg.3855 CDS	contig00202	20625	19711	-3	-	915
ES114	fig 6666666.3235.peg.3856 CDS	contig00202	20697	21290	3	+	594
ES114	fig 6666666.3235.peg.3857 CDS	contig00202	22440	21370	-3	-	1071
ES114	fig 6666666.3235.peg.3858 CDS	contig00202	22662	22934	3	+	273



ES114	fig 6666666.3235.peg.3859	CDS	contig00202	22974	23678	3	+	705
ES114	fig 6666666.3235.peg.3860	CDS	contig00202	25035	23743	-3	-	1293
ES114	fig 6666666.3235.peg.3861	CDS	contig00202	26921	25329	-2	-	1593
ES114	fig 6666666.3235.peg.3862	CDS	contig00202	27201	27620	3	+	420
ES114	fig 6666666.3235.peg.3863	CDS	contig00202	27710	28018	2	+	309
ES114	fig 6666666.3235.peg.3864	CDS	contig00202	28496	28200	-2	-	297
ES114	fig 6666666.3235.peg.3865	CDS	contig00202	29487	28519	-3	-	969
ES114	fig 6666666.3235.peg.3866	CDS	contig00202	30557	29673	-2	-	885
ES114	fig 6666666.3235.peg.3867	CDS	contig00202	32017	30674	-1	-	1344
ES114	fig 6666666.3235.peg.3868	CDS	contig00202	32487	32029	-3	-	459
ES114	fig 6666666.3235.peg.3869	CDS	contig00202	32967	32518	-3	-	450
ES114	fig 6666666.3235.peg.3870	CDS	contig00202	35372	33423	-2	-	1950
ES114	fig 6666666.3235.peg.3871	CDS	contig00202	36218	35577	-2	-	642
ES114	fig 6666666.3235.peg.3872	CDS	contig00202	38054	36222	-2	-	1833
ES114	fig 6666666.3235.peg.3873	CDS	contig00202	38053	38166	1	+	114
ES114	fig 6666666.3235.peg.3874	CDS	contig00202	38261	39403	2	+	1143
ES114	fig 6666666.3235.peg.3875	CDS	contig00202	39523	42963	1	+	3441
ES114	fig 6666666.3235.peg.3876	CDS	contig00202	44744	43041	-2	-	1704
ES114	fig 6666666.3235.peg.3877	CDS	contig00202	45022	44756	-1	-	267
ES114	fig 6666666.3235.peg.3878	CDS	contig00202	45568	45206	-1	-	363
ES114	fig 6666666.3235.peg.3879	CDS	contig00202	45830	45549	-2	-	282
ES114	fig 6666666.3235.peg.3880	CDS	contig00202	46584	45955	-3	-	630
ES114	fig 6666666.3235.peg.3881	CDS	contig00202	46811	47572	2	+	762
ES114	fig 6666666.3235.peg.3882	CDS	contig00202	47665	49497	1	+	1833
ES114	fig 6666666.3235.peg.3883	CDS	contig00202	49657	49845	1	+	189
ES114	fig 6666666.3235.peg.3884	CDS	contig00202	51377	50718	-2	-	660
ES114	fig 6666666.3235.peg.3885	CDS	contig00202	52893	51871	-3	-	1023
ES114	fig 6666666.3235.peg.3886	CDS	contig00202	53443	52883	-1	-	561
ES114	fig 6666666.3235.peg.3887	CDS	contig00202	54318	53497	-3	-	822
ES114	fig 6666666.3235.peg.3888	CDS	contig00202	55039	54308	-1	-	732
ES114	fig 6666666.3235.peg.3889	CDS	contig00202	55191	56156	3	+	966
ES114	fig 6666666.3235.peg.3890	CDS	contig00202	57460	56234	-1	-	1227
ES114	fig 6666666.3235.peg.3891	CDS	contig00202	57859	59046	1	+	1188
ES114	fig 6666666.3235.peg.3892	CDS	contig00202	60029	59055	-2	-	975
ES114	fig 6666666.3235.peg.3893	CDS	contig00202	60324	60608	3	+	285
ES114	fig 6666666.3235.peg.3894	CDS	contig00203	289	113	-1	-	177
ES114	fig 6666666.3235.peg.3895	CDS	contig00204	495	2120	3	+	1626
ES114	fig 6666666.3235.peg.3896	CDS	contig00205	614	204	-2	-	411
ES114	fig 6666666.3235.ma.1	RNA	contig00004	4421	4491	2	+	71
ES114	fig 6666666.3235.ma.2	RNA	contig00004	4508	4580	2	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.3	RNA	contig00004	4696	4779	1	+	84
ES114	fig 6666666.3235.ma.4	RNA	contig00005	88	16	-1	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.5	RNA	contig00005	216	144	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.6	RNA	contig00006	465	1	-3	-	465
ES114	fig 6666666.3235.ma.7	RNA	contig00007	31	104	1	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.8	RNA	contig00016	22	94	1	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.9	RNA	contig00016	129	201	3	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.10	RNA	contig00017	72	1	-3	-	72
ES114	fig 6666666.3235.ma.11	RNA	contig00018	19	91	1	+	73

ES114	fig 6666666.3235.ma.12	RNA	contig00018	97	169	1	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.13	RNA	contig00018	234	306	3	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.14	RNA	contig00019	25	2915	1	+	2891
ES114	fig 6666666.3235.ma.15	RNA	contig00020	1	1014	1	+	1014
ES114	fig 6666666.3235.ma.16	RNA	contig00021	120	1	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.ma.17	RNA	contig00023	34	114	1	+	81
ES114	fig 6666666.3235.ma.18	RNA	contig00023	153	224	3	+	72
ES114	fig 6666666.3235.ma.19	RNA	contig00023	240	312	3	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.20	RNA	contig00026	49146	49234	3	+	89
ES114	fig 6666666.3235.ma.21	RNA	contig00036	32317	32390	1	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.22	RNA	contig00036	32471	32544	2	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.23	RNA	contig00039	379	306	-1	-	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.24	RNA	contig00039	508	421	-1	-	88
ES114	fig 6666666.3235.ma.25	RNA	contig00044	80	153	2	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.26	RNA	contig00053	84	165	3	+	82
ES114	fig 6666666.3235.ma.27	RNA	contig00053	194	265	2	+	72
ES114	fig 6666666.3235.ma.28	RNA	contig00054	154	81	-1	-	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.29	RNA	contig00060	26472	26553	3	+	82
ES114	fig 6666666.3235.ma.30	RNA	contig00060	26626	26699	1	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.31	RNA	contig00065	46344	46273	-3	-	72
ES114	fig 6666666.3235.ma.32	RNA	contig00088	1007	926	-2	-	82
ES114	fig 6666666.3235.ma.33	RNA	contig00091	45065	45138	2	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.34	RNA	contig00092	8438	8510	2	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.35	RNA	contig00093	147	75	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.36	RNA	contig00093	259	186	-1	-	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.37	RNA	contig00093	11147	11028	-2	-	120
ES114	fig 6666666.3235.ma.38	RNA	contig00093	11239	11166	-1	-	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.39	RNA	contig00094	29	102	2	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.40	RNA	contig00098	2	74	2	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.41	RNA	contig00098	155	238	2	+	84
ES114	fig 6666666.3235.ma.42	RNA	contig00098	275	347	2	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.43	RNA	contig00099	9879	9952	3	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.44	RNA	contig00100	89	17	-2	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.45	RNA	contig00100	227	140	-2	-	88
ES114	fig 6666666.3235.ma.46	RNA	contig00109	49248	49161	-3	-	88
ES114	fig 6666666.3235.ma.47	RNA	contig00109	49676	49589	-2	-	88
ES114	fig 6666666.3235.ma.48	RNA	contig00109	50843	50770	-2	-	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.49	RNA	contig00109	50972	50885	-2	-	88
ES114	fig 6666666.3235.ma.50	RNA	contig00122	3156	3084	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.51	RNA	contig00122	3291	3219	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.52	RNA	contig00122	33016	33100	1	+	85
ES114	fig 6666666.3235.ma.53	RNA	contig00127	261	189	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.54	RNA	contig00133	91	21	-1	-	71
ES114	fig 6666666.3235.ma.55	RNA	contig00141	78	158	3	+	81
ES114	fig 6666666.3235.ma.56	RNA	contig00185	87	17	-3	-	71
ES114	fig 6666666.3235.ma.57	RNA	contig00186	3	76	3	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.58	RNA	contig00187	174	55	-3	-	120
ES114	fig 6666666.3235.ma.59	RNA	contig00188	147	75	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.60	RNA	contig00190	30	101	3	+	72

ES114	fig 6666666.3235.ma.61	RNA	contig00195	7	80	1	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.62	RNA	contig00206	155	84	-2	-	72
ES114	fig 6666666.3235.ma.63	RNA	contig00207	182	110	-2	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.64	RNA	contig00209	171	99	-3	-	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.65	RNA	contig00210	33	106	3	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.66	RNA	contig00210	147	219	3	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.67	RNA	contig00211	31	103	1	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.68	RNA	contig00212	59	131	2	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.69	RNA	contig00212	137	209	2	+	73
ES114	fig 6666666.3235.ma.70	RNA	contig00213	33	106	3	+	74
ES114	fig 6666666.3235.ma.71	RNA	contig00213	147	218	3	+	72
EM17	fig 6666666.2814.peg.1	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	1283	276	-2	-	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.2	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	1651	1893	1	+	243
EM17	fig 6666666.2814.peg.3	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	2885	2388	-2	-	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.4	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	3918	3010	-3	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.5	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	4870	4001	-1	-	870
EM17	fig 6666666.2814.peg.6	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	5233	4973	-1	-	261
EM17	fig 6666666.2814.peg.7	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	6229	5261	-1	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.8	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	6741	6235	-3	-	507
EM17	fig 6666666.2814.peg.9	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	8656	6725	-1	-	1932
EM17	fig 6666666.2814.peg.10	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	8872	9414	1	+	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.11	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	9414	11204	3	+	1791
EM17	fig 6666666.2814.peg.12	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	11240	11434	2	+	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.13	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	11491	12078	1	+	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.14	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	12487	12263	-1	-	225
EM17	fig 6666666.2814.peg.15	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	13500	12487	-3	-	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.16	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	13724	14518	2	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.17	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	14688	15392	3	+	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.18	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	15389	15781	2	+	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.19	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	15816	16172	3	+	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.20	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	16173	16463	3	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.21	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	16627	17001	1	+	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.22	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	17096	17566	2	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.23	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	17532	17720	3	+	189
EM17	fig 6666666.2814.peg.24	CDS	EM17Vibriofischericontig00003	17698	19794	1	+	2097
EM17	fig 6666666.2814.peg.25	CDS	EM17Vibriofischericontig00004	684	1607	3	+	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.26	CDS	EM17Vibriofischericontig00004	2567	1611	-2	-	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.27	CDS	EM17Vibriofischericontig00004	3600	2551	-3	-	1050
EM17	fig 6666666.2814.peg.28	CDS	EM17Vibriofischericontig00004	3672	4103	3	+	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.29	CDS	EM17Vibriofischericontig00004	4176	5528	3	+	1353
EM17	fig 6666666.2814.peg.30	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	1788	4	-3	-	1785
EM17	fig 6666666.2814.peg.31	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	2879	1887	-2	-	993
EM17	fig 6666666.2814.peg.32	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	3470	3174	-2	-	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.33	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	6447	4060	-3	-	2388
EM17	fig 6666666.2814.peg.34	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	7448	6465	-2	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.35	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	7769	9967	2	+	2199
EM17	fig 6666666.2814.peg.36	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	10756	10040	-1	-	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.37	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	11517	10786	-3	-	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.38	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	12231	11608	-3	-	624

EM17	fig 6666666.2814.peg.39	CDS EM17Vibriofischericontig00005	12992	12261	-2	-	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.40	CDS EM17Vibriofischericontig00005	16239	12979	-3	-	3261
EM17	fig 6666666.2814.peg.41	CDS EM17Vibriofischericontig00005	17090	16236	-2	-	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.42	CDS EM17Vibriofischericontig00005	19147	17090	-1	-	2058
EM17	fig 6666666.2814.peg.43	CDS EM17Vibriofischericontig00005	20062	19535	-1	-	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.44	CDS EM17Vibriofischericontig00005	20606	20115	-2	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.45	CDS EM17Vibriofischericontig00005	22011	20635	-3	-	1377
EM17	fig 6666666.2814.peg.46	CDS EM17Vibriofischericontig00005	22168	22356	1	+	189
EM17	fig 6666666.2814.peg.47	CDS EM17Vibriofischericontig00005	22416	22919	3	+	504
EM17	fig 6666666.2814.peg.48	CDS EM17Vibriofischericontig00005	22980	23624	3	+	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.49	CDS EM17Vibriofischericontig00005	23621	24040	2	+	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.50	CDS EM17Vibriofischericontig00005	24037	24885	1	+	849
EM17	fig 6666666.2814.peg.51	CDS EM17Vibriofischericontig00005	24895	25932	1	+	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.52	CDS EM17Vibriofischericontig00005	25932	26711	3	+	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.53	CDS EM17Vibriofischericontig00005	27204	26782	-3	-	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.54	CDS EM17Vibriofischericontig00005	28100	27162	-2	-	939
EM17	fig 6666666.2814.peg.55	CDS EM17Vibriofischericontig00005	28668	28315	-3	-	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.56	CDS EM17Vibriofischericontig00005	28904	28710	-2	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.57	CDS EM17Vibriofischericontig00005	29482	29012	-1	-	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.58	CDS EM17Vibriofischericontig00005	31495	29567	-1	-	1929
EM17	fig 6666666.2814.peg.59	CDS EM17Vibriofischericontig00005	31759	32040	1	+	282
EM17	fig 6666666.2814.peg.60	CDS EM17Vibriofischericontig00005	32140	32535	1	+	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.61	CDS EM17Vibriofischericontig00005	32557	32847	1	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.62	CDS EM17Vibriofischericontig00005	33672	32926	-3	-	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.63	CDS EM17Vibriofischericontig00005	34804	33722	-1	-	1083
EM17	fig 6666666.2814.peg.64	CDS EM17Vibriofischericontig00005	35140	34823	-1	-	318
EM17	fig 6666666.2814.peg.65	CDS EM17Vibriofischericontig00005	36564	35212	-3	-	1353
EM17	fig 6666666.2814.peg.66	CDS EM17Vibriofischericontig00005	37175	36627	-2	-	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.67	CDS EM17Vibriofischericontig00005	37405	38112	1	+	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.68	CDS EM17Vibriofischericontig00005	38293	38514	1	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.69	CDS EM17Vibriofischericontig00005	41207	38571	-2	-	2637
EM17	fig 6666666.2814.peg.70	CDS EM17Vibriofischericontig00005	41533	42237	1	+	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.71	CDS EM17Vibriofischericontig00005	42732	45008	3	+	2277
EM17	fig 6666666.2814.peg.72	CDS EM17Vibriofischericontig00005	45181	46314	1	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.73	CDS EM17Vibriofischericontig00005	46814	48595	2	+	1782
EM17	fig 6666666.2814.peg.74	CDS EM17Vibriofischericontig00005	48743	48952	2	+	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.75	CDS EM17Vibriofischericontig00005	50245	49016	-1	-	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.76	CDS EM17Vibriofischericontig00005	50499	51671	3	+	1173
EM17	fig 6666666.2814.peg.77	CDS EM17Vibriofischericontig00005	51820	52734	1	+	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.78	CDS EM17Vibriofischericontig00005	53290	52904	-1	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.79	CDS EM17Vibriofischericontig00005	54146	53493	-2	-	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.80	CDS EM17Vibriofischericontig00005	55300	54191	-1	-	1110
EM17	fig 6666666.2814.peg.81	CDS EM17Vibriofischericontig00005	55964	55290	-2	-	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.82	CDS EM17Vibriofischericontig00005	56299	55937	-1	-	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.83	CDS EM17Vibriofischericontig00005	57713	56310	-2	-	1404
EM17	fig 6666666.2814.peg.84	CDS EM17Vibriofischericontig00005	59146	57893	-1	-	1254
EM17	fig 6666666.2814.peg.85	CDS EM17Vibriofischericontig00005	59956	59357	-1	-	600
EM17	fig 6666666.2814.peg.86	CDS EM17Vibriofischericontig00005	61262	60117	-2	-	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.87	CDS EM17Vibriofischericontig00005	61854	61504	-3	-	351

EM17	fig 6666666.2814.peg.88	CDS EM17Vibriofischericontig00005	62000	63190	2	+	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.89	CDS EM17Vibriofischericontig00005	63629	63243	-2	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.90	CDS EM17Vibriofischericontig00005	66831	63754	-3	-	3078
EM17	fig 6666666.2814.peg.91	CDS EM17Vibriofischericontig00005	67910	66828	-2	-	1083
EM17	fig 6666666.2814.peg.92	CDS EM17Vibriofischericontig00005	68947	67913	-1	-	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.93	CDS EM17Vibriofischericontig00005	69407	69051	-2	-	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.94	CDS EM17Vibriofischericontig00005	71066	69537	-2	-	1530
EM17	fig 6666666.2814.peg.95	CDS EM17Vibriofischericontig00005	71231	72601	2	+	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.96	CDS EM17Vibriofischericontig00005	72618	73199	3	+	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.97	CDS EM17Vibriofischericontig00005	73389	74639	3	+	1251
EM17	fig 6666666.2814.peg.98	CDS EM17Vibriofischericontig00005	74735	76096	2	+	1362
EM17	fig 6666666.2814.peg.99	CDS EM17Vibriofischericontig00005	76311	76859	3	+	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.100	CDS EM17Vibriofischericontig00005	77273	76914	-2	-	360
EM17	fig 6666666.2814.peg.101	CDS EM17Vibriofischericontig00005	77660	77304	-2	-	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.102	CDS EM17Vibriofischericontig00005	78898	77732	-1	-	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.103	CDS EM17Vibriofischericontig00005	80164	79010	-1	-	1155
EM17	fig 6666666.2814.peg.104	CDS EM17Vibriofischericontig00005	81091	80660	-1	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.105	CDS EM17Vibriofischericontig00005	81745	81260	-1	-	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.106	CDS EM17Vibriofischericontig00005	85458	81778	-3	-	3681
EM17	fig 6666666.2814.peg.107	CDS EM17Vibriofischericontig00005	86699	85455	-2	-	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.108	CDS EM17Vibriofischericontig00005	86880	87896	3	+	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.109	CDS EM17Vibriofischericontig00005	88650	88288	-3	-	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.110	CDS EM17Vibriofischericontig00005	88917	90317	3	+	1401
EM17	fig 6666666.2814.peg.111	CDS EM17Vibriofischericontig00005	90962	90411	-2	-	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.112	CDS EM17Vibriofischericontig00005	92675	91137	-2	-	1539
EM17	fig 6666666.2814.peg.113	CDS EM17Vibriofischericontig00005	94197	92788	-3	-	1410
EM17	fig 6666666.2814.peg.114	CDS EM17Vibriofischericontig00005	94626	95909	3	+	1284
EM17	fig 6666666.2814.peg.115	CDS EM17Vibriofischericontig00005	96023	96535	2	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.116	CDS EM17Vibriofischericontig00005	97027	96608	-1	-	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.117	CDS EM17Vibriofischericontig00005	98096	97221	-2	-	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.118	CDS EM17Vibriofischericontig00005	98409	98570	3	+	162
EM17	fig 6666666.2814.peg.119	CDS EM17Vibriofischericontig00005	99225	98638	-3	-	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.120	CDS EM17Vibriofischericontig00005	99472	101154	1	+	1683
EM17	fig 6666666.2814.peg.121	CDS EM17Vibriofischericontig00005	101147	101863	2	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.122	CDS EM17Vibriofischericontig00005	102741	101866	-3	-	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.123	CDS EM17Vibriofischericontig00005	102851	103459	2	+	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.124	CDS EM17Vibriofischericontig00005	103654	105120	1	+	1467
EM17	fig 6666666.2814.peg.125	CDS EM17Vibriofischericontig00005	107613	105253	-3	-	2361
EM17	fig 6666666.2814.peg.126	CDS EM17Vibriofischericontig00005	108449	108003	-2	-	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.127	CDS EM17Vibriofischericontig00005	109754	108459	-2	-	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.128	CDS EM17Vibriofischericontig00005	111210	109921	-3	-	1290
EM17	fig 6666666.2814.peg.129	CDS EM17Vibriofischericontig00005	112124	111573	-2	-	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.130	CDS EM17Vibriofischericontig00005	113087	112251	-2	-	837
EM17	fig 6666666.2814.peg.131	CDS EM17Vibriofischericontig00005	113370	114113	3	+	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.132	CDS EM17Vibriofischericontig00005	114514	114176	-1	-	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.133	CDS EM17Vibriofischericontig00005	115024	116781	1	+	1758
EM17	fig 6666666.2814.peg.134	CDS EM17Vibriofischericontig00005	117451	116861	-1	-	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.135	CDS EM17Vibriofischericontig00005	117882	117493	-3	-	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.136	CDS EM17Vibriofischericontig00005	119279	117882	-2	-	1398

EM17	fig 6666666.2814.peg.137	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	119697	119347	-3	-	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.138	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	120003	121994	3	+	1992
EM17	fig 6666666.2814.peg.139	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	123461	122079	-2	-	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.140	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	124098	123625	-3	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.141	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	124193	124651	2	+	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.142	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	124686	125645	3	+	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.143	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	129496	125846	-1	-	3651
EM17	fig 6666666.2814.peg.144	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	129930	129592	-3	-	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.145	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	130543	130289	-1	-	255
EM17	fig 6666666.2814.peg.146	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	132525	130546	-3	-	1980
EM17	fig 6666666.2814.peg.147	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	133447	134934	1	+	1488
EM17	fig 6666666.2814.peg.148	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	137563	135020	-1	-	2544
EM17	fig 6666666.2814.peg.149	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	139926	137890	-3	-	2037
EM17	fig 6666666.2814.peg.150	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	140378	142330	2	+	1953
EM17	fig 6666666.2814.peg.151	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	142985	142419	-2	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.152	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	143817	143104	-3	-	714
EM17	fig 6666666.2814.peg.153	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	144466	143927	-1	-	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.154	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	146092	144638	-1	-	1455
EM17	fig 6666666.2814.peg.155	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	147081	146179	-3	-	903
EM17	fig 6666666.2814.peg.156	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	147118	147297	1	+	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.157	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	147343	148194	1	+	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.158	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	148308	149291	3	+	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.159	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	149461	149348	-1	-	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.160	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	149717	149586	-2	-	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.161	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	149710	149862	1	+	153
EM17	fig 6666666.2814.peg.162	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	150784	149918	-1	-	867
EM17	fig 6666666.2814.peg.163	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	150952	151149	1	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.164	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	152381	151197	-2	-	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.165	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	153325	152420	-1	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.166	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	154131	153448	-3	-	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.167	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	155358	154141	-3	-	1218
EM17	fig 6666666.2814.peg.168	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	156577	155348	-1	-	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.169	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	157369	156593	-1	-	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.170	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	157949	157482	-2	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.171	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	158420	158061	-2	-	360
EM17	fig 6666666.2814.peg.172	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	158667	159011	3	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.173	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	159073	159990	1	+	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.174	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	160041	160892	3	+	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.175	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	160903	161400	1	+	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.176	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	161548	162456	1	+	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.177	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	163760	162555	-2	-	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.178	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	164966	164031	-2	-	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.179	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	165729	165028	-3	-	702
EM17	fig 6666666.2814.peg.180	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	166919	165819	-2	-	1101
EM17	fig 6666666.2814.peg.181	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	167310	169316	3	+	2007
EM17	fig 6666666.2814.peg.182	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	169573	171216	1	+	1644
EM17	fig 6666666.2814.peg.183	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	172963	171290	-1	-	1674
EM17	fig 6666666.2814.peg.184	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	174213	173287	-3	-	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.185	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	175775	174462	-2	-	1314

EM17	fig 6666666.2814.pep.186	CDS EM17Vibriofischericontig00005	176527	176048	-1	-	480
EM17	fig 6666666.2814.pep.187	CDS EM17Vibriofischericontig00005	177375	176518	-3	-	858
EM17	fig 6666666.2814.pep.188	CDS EM17Vibriofischericontig00005	177712	178326	1	+	615
EM17	fig 6666666.2814.pep.189	CDS EM17Vibriofischericontig00005	179727	178402	-3	-	1326
EM17	fig 6666666.2814.pep.190	CDS EM17Vibriofischericontig00005	181021	180161	-1	-	861
EM17	fig 6666666.2814.pep.191	CDS EM17Vibriofischericontig00005	181758	181066	-3	-	693
EM17	fig 6666666.2814.pep.192	CDS EM17Vibriofischericontig00005	181903	182487	1	+	585
EM17	fig 6666666.2814.pep.193	CDS EM17Vibriofischericontig00005	183054	182581	-3	-	474
EM17	fig 6666666.2814.pep.194	CDS EM17Vibriofischericontig00005	183239	183898	2	+	660
EM17	fig 6666666.2814.pep.195	CDS EM17Vibriofischericontig00005	183871	184275	1	+	405
EM17	fig 6666666.2814.pep.196	CDS EM17Vibriofischericontig00005	184281	185030	3	+	750
EM17	fig 6666666.2814.pep.197	CDS EM17Vibriofischericontig00005	185044	185685	1	+	642
EM17	fig 6666666.2814.pep.198	CDS EM17Vibriofischericontig00005	185695	186297	1	+	603
EM17	fig 6666666.2814.pep.199	CDS EM17Vibriofischericontig00005	186564	187121	3	+	558
EM17	fig 6666666.2814.pep.200	CDS EM17Vibriofischericontig00005	187211	188164	2	+	954
EM17	fig 6666666.2814.pep.201	CDS EM17Vibriofischericontig00005	189077	188139	-2	-	939
EM17	fig 6666666.2814.pep.202	CDS EM17Vibriofischericontig00005	189242	190840	2	+	1599
EM17	fig 6666666.2814.pep.203	CDS EM17Vibriofischericontig00005	190865	192343	2	+	1479
EM17	fig 6666666.2814.pep.204	CDS EM17Vibriofischericontig00005	192491	192688	2	+	198
EM17	fig 6666666.2814.pep.205	CDS EM17Vibriofischericontig00005	193585	192719	-1	-	867
EM17	fig 6666666.2814.pep.206	CDS EM17Vibriofischericontig00005	193987	193595	-1	-	393
EM17	fig 6666666.2814.pep.207	CDS EM17Vibriofischericontig00005	194140	195042	1	+	903
EM17	fig 6666666.2814.pep.208	CDS EM17Vibriofischericontig00005	196930	195053	-1	-	1878
EM17	fig 6666666.2814.pep.209	CDS EM17Vibriofischericontig00005	198415	197021	-1	-	1395
EM17	fig 6666666.2814.pep.210	CDS EM17Vibriofischericontig00005	199581	198691	-3	-	891
EM17	fig 6666666.2814.pep.211	CDS EM17Vibriofischericontig00005	199717	200973	1	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.pep.212	CDS EM17Vibriofischericontig00005	202431	201064	-3	-	1368
EM17	fig 6666666.2814.pep.213	CDS EM17Vibriofischericontig00005	203663	202434	-2	-	1230
EM17	fig 6666666.2814.pep.214	CDS EM17Vibriofischericontig00005	205496	203829	-2	-	1668
EM17	fig 6666666.2814.pep.215	CDS EM17Vibriofischericontig00005	205777	206391	1	+	615
EM17	fig 6666666.2814.pep.216	CDS EM17Vibriofischericontig00005	206561	207196	2	+	636
EM17	fig 6666666.2814.pep.217	CDS EM17Vibriofischericontig00005	208951	207242	-1	-	1710
EM17	fig 6666666.2814.pep.218	CDS EM17Vibriofischericontig00005	209199	210194	3	+	996
EM17	fig 6666666.2814.pep.219	CDS EM17Vibriofischericontig00005	210718	210245	-1	-	474
EM17	fig 6666666.2814.pep.220	CDS EM17Vibriofischericontig00005	212045	210705	-2	-	1341
EM17	fig 6666666.2814.pep.221	CDS EM17Vibriofischericontig00005	213467	212049	-2	-	1419
EM17	fig 6666666.2814.pep.222	CDS EM17Vibriofischericontig00005	216287	213657	-2	-	2631
EM17	fig 6666666.2814.pep.223	CDS EM17Vibriofischericontig00005	216722	216967	2	+	246
EM17	fig 6666666.2814.pep.224	CDS EM17Vibriofischericontig00005	218085	217117	-3	-	969
EM17	fig 6666666.2814.pep.225	CDS EM17Vibriofischericontig00005	218406	218128	-3	-	279
EM17	fig 6666666.2814.pep.226	CDS EM17Vibriofischericontig00005	218526	218777	3	+	252
EM17	fig 6666666.2814.pep.227	CDS EM17Vibriofischericontig00005	218798	219058	2	+	261
EM17	fig 6666666.2814.pep.228	CDS EM17Vibriofischericontig00005	219088	219228	1	+	141
EM17	fig 6666666.2814.pep.229	CDS EM17Vibriofischericontig00005	219239	219373	2	+	135
EM17	fig 6666666.2814.pep.230	CDS EM17Vibriofischericontig00005	219378	219659	3	+	282
EM17	fig 6666666.2814.pep.231	CDS EM17Vibriofischericontig00005	219681	220652	3	+	972
EM17	fig 6666666.2814.pep.232	CDS EM17Vibriofischericontig00005	221858	222889	2	+	1032
EM17	fig 6666666.2814.pep.233	CDS EM17Vibriofischericontig00005	222868	223053	1	+	186
EM17	fig 6666666.2814.pep.234	CDS EM17Vibriofischericontig00005	223050	223988	3	+	939

EM17	fig 6666666.2814.peg.235	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	223985	224506	2	+	522
EM17	fig 6666666.2814.peg.236	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	224506	224703	1	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.237	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	224700	225086	3	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.238	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	225083	226135	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.239	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	226117	226584	1	+	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.240	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	226581	227705	3	+	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.241	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	227705	228415	2	+	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.242	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	228531	228764	3	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.243	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	228766	229155	1	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.244	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	229159	229503	1	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.245	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	230133	229537	-3	-	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.246	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	231044	230241	-2	-	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.247	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	231811	231224	-1	-	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.248	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	232983	231808	-3	-	1176
EM17	fig 6666666.2814.peg.249	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	233118	233948	3	+	831
EM17	fig 6666666.2814.peg.250	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	233998	235050	1	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.251	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	235151	235606	2	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.252	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	235607	236083	2	+	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.253	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	236070	236636	3	+	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.254	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	236637	236807	3	+	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.255	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	236804	237937	2	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.256	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	237959	238324	2	+	366
EM17	fig 6666666.2814.peg.257	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	238347	239081	3	+	735
EM17	fig 6666666.2814.peg.258	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	239074	239343	1	+	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.259	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	239524	241404	1	+	1881
EM17	fig 6666666.2814.peg.260	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	241547	241783	2	+	237
EM17	fig 6666666.2814.peg.261	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	241785	241976	3	+	192
EM17	fig 6666666.2814.peg.262	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	242142	243200	3	+	1059
EM17	fig 6666666.2814.peg.263	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	243535	243266	-1	-	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.264	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	244760	243873	-2	-	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.265	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	245264	244884	-2	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.266	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	247267	245540	-1	-	1728
EM17	fig 6666666.2814.peg.267	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	248070	247450	-3	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.268	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	248559	249938	3	+	1380
EM17	fig 6666666.2814.peg.269	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	250341	250216	-3	-	126
EM17	fig 6666666.2814.peg.270	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	250397	250573	2	+	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.271	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	250564	250872	1	+	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.272	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	251528	251037	-2	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.273	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	252455	251703	-2	-	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.274	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	254466	253405	-3	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.275	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	254630	255370	2	+	741
EM17	fig 6666666.2814.peg.276	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	256519	255455	-1	-	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.277	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	256855	258039	1	+	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.278	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	258054	259058	3	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.279	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	259088	260515	2	+	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.280	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	261194	260574	-2	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.281	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	262107	261268	-3	-	840
EM17	fig 6666666.2814.peg.282	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	262532	264121	2	+	1590
EM17	fig 6666666.2814.peg.283	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	264121	264723	1	+	603



EM17	fig 6666666.2814.peg.284	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	264734	265741	2	+	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.285	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	265746	267158	3	+	1413
EM17	fig 6666666.2814.peg.286	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	267169	268359	1	+	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.287	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	268359	269165	3	+	807
EM17	fig 6666666.2814.peg.288	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	269447	270703	2	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.289	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	270871	271416	1	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.290	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	271511	271921	2	+	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.291	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	272026	272328	1	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.292	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	272354	272752	2	+	399
EM17	fig 6666666.2814.peg.293	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	273776	272826	-2	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.294	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	274459	273776	-1	-	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.295	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	275188	274568	-1	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.296	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	275958	275185	-3	-	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.297	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	276677	275940	-2	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.298	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	277406	276792	-2	-	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.299	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	278488	277415	-1	-	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.300	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	279603	278563	-3	-	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.301	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	280932	279613	-3	-	1320
EM17	fig 6666666.2814.peg.302	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	281834	280938	-2	-	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.303	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	283303	282299	-1	-	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.304	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	284950	283940	-1	-	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.305	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	285474	287558	3	+	2085
EM17	fig 6666666.2814.peg.306	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	287627	288397	2	+	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.307	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	288408	288959	3	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.308	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	288952	289158	1	+	207
EM17	fig 6666666.2814.peg.309	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	289381	289932	1	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.310	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	290195	290929	2	+	735
EM17	fig 6666666.2814.peg.311	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	290945	291445	2	+	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.312	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	291449	292924	2	+	1476
EM17	fig 6666666.2814.peg.313	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	293014	293439	1	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.314	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	293436	295187	3	+	1752
EM17	fig 6666666.2814.peg.315	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	295151	296191	2	+	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.316	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	296188	298770	1	+	2583
EM17	fig 6666666.2814.peg.317	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	298776	300344	3	+	1569
EM17	fig 6666666.2814.peg.318	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	300347	300475	2	+	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.319	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	300479	301789	2	+	1311
EM17	fig 6666666.2814.peg.320	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	301826	302317	2	+	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.321	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	302329	303651	1	+	1323
EM17	fig 6666666.2814.peg.322	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	303653	304486	2	+	834
EM17	fig 6666666.2814.peg.323	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	304497	308018	3	+	3522
EM17	fig 6666666.2814.peg.324	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	308015	308686	2	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.325	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	308683	309642	1	+	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.326	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	311538	309643	-3	-	1896
EM17	fig 6666666.2814.peg.327	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	312474	311725	-3	-	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.328	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	312787	312912	1	+	126
EM17	fig 6666666.2814.peg.329	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	314764	312953	-1	-	1812
EM17	fig 6666666.2814.peg.330	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	315434	318598	2	+	3165
EM17	fig 6666666.2814.peg.331	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	320037	318682	-3	-	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.332	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	321119	320139	-2	-	981

EM17	fig 6666666.2814.peg.333	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	321464	321853	2	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.334	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	321881	322243	2	+	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.335	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	322365	323222	3	+	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.336	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	323908	323273	-1	-	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.337	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	324148	325308	1	+	1161
EM17	fig 6666666.2814.peg.338	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	325372	325689	1	+	318
EM17	fig 6666666.2814.peg.339	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	325821	326801	3	+	981
EM17	fig 6666666.2814.peg.340	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	327050	327244	2	+	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.341	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	328641	327220	-3	-	1422
EM17	fig 6666666.2814.peg.342	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	329666	328638	-2	-	1029
EM17	fig 6666666.2814.peg.343	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	329815	330498	1	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.344	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	330491	331747	2	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.345	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	332210	331788	-2	-	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.346	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	332510	332277	-2	-	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.347	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	334100	332640	-2	-	1461
EM17	fig 6666666.2814.peg.348	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	335942	334125	-2	-	1818
EM17	fig 6666666.2814.peg.349	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	337698	335935	-3	-	1764
EM17	fig 6666666.2814.peg.350	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	339337	337739	-1	-	1599
EM17	fig 6666666.2814.peg.351	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	340046	339501	-2	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.352	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	341580	340222	-3	-	1359
EM17	fig 6666666.2814.peg.353	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	342494	341787	-2	-	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.354	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	342915	342529	-3	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.355	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	344071	343274	-1	-	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.356	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	346595	344058	-2	-	2538
EM17	fig 6666666.2814.peg.357	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	349868	346638	-2	-	3231
EM17	fig 6666666.2814.peg.358	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	351169	349868	-1	-	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.359	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	352143	351169	-3	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.360	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	353150	352245	-2	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.361	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	353458	353282	-1	-	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.362	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	357080	353718	-2	-	3363
EM17	fig 6666666.2814.peg.363	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	357389	357213	-2	-	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.364	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	358530	358078	-3	-	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.365	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	358841	359431	2	+	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.366	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	359856	360395	3	+	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.367	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	361104	360451	-3	-	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.368	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	362168	361107	-2	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.369	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	363213	362194	-3	-	1020
EM17	fig 6666666.2814.peg.370	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	364330	363203	-1	-	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.371	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	364597	365604	1	+	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.372	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	366881	365622	-2	-	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.373	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	368276	367005	-2	-	1272
EM17	fig 6666666.2814.peg.374	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	368935	368294	-1	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.375	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	370370	368994	-2	-	1377
EM17	fig 6666666.2814.peg.376	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	371473	370547	-1	-	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.377	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	371675	371559	-2	-	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.378	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	372652	371957	-1	-	696
EM17	fig 6666666.2814.peg.379	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	372869	373321	2	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.380	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	374425	373376	-1	-	1050
EM17	fig 6666666.2814.peg.381	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	375330	374557	-3	-	774

EM17	fig 6666666.2814.peg.382	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	375922	375356	-1	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.383	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	377310	375958	-3	-	1353
EM17	fig 6666666.2814.peg.384	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	378361	377321	-1	-	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.385	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	378824	378378	-2	-	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.386	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	379510	378824	-1	-	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.387	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	379910	379500	-2	-	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.388	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	380390	380088	-2	-	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.389	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	381639	380503	-3	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.390	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	383246	381657	-2	-	1590
EM17	fig 6666666.2814.peg.391	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	384638	383625	-2	-	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.392	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	385289	384666	-2	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.393	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	385916	385395	-2	-	522
EM17	fig 6666666.2814.peg.394	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	387843	386068	-3	-	1776
EM17	fig 6666666.2814.peg.395	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	388230	388958	3	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.396	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	388995	389969	3	+	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.397	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	390049	390819	1	+	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.398	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	390928	392436	1	+	1509
EM17	fig 6666666.2814.peg.399	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	392440	393405	1	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.400	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	393957	393511	-3	-	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.401	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	394204	393959	-1	-	246
EM17	fig 6666666.2814.peg.402	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	394680	394201	-3	-	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.403	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	395682	394693	-3	-	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.404	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	396065	396943	2	+	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.405	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	397267	396932	-1	-	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.406	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	398708	397278	-2	-	1431
EM17	fig 6666666.2814.peg.407	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	398751	398870	3	+	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.408	CDS	EM17Vibriofischericontig00005	401032	399002	-1	-	2031
EM17	fig 6666666.2814.peg.409	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	1487	93	-2	-	1395
EM17	fig 6666666.2814.peg.410	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	1936	1505	-1	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.411	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	3902	2217	-2	-	1686
EM17	fig 6666666.2814.peg.412	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	5017	4121	-1	-	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.413	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	6407	5091	-2	-	1317
EM17	fig 6666666.2814.peg.414	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	7118	6771	-2	-	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.415	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	7591	7199	-1	-	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.416	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	9179	7671	-2	-	1509
EM17	fig 6666666.2814.peg.417	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	9770	9438	-2	-	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.418	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	9901	10899	1	+	999
EM17	fig 6666666.2814.peg.419	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	13523	10929	-2	-	2595
EM17	fig 6666666.2814.peg.420	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	14282	13671	-2	-	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.421	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	14524	15564	1	+	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.422	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	15568	18618	1	+	3051
EM17	fig 6666666.2814.peg.423	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	19741	18680	-1	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.424	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	20905	19751	-1	-	1155
EM17	fig 6666666.2814.peg.425	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	22107	21058	-3	-	1050
EM17	fig 6666666.2814.peg.426	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	23224	22214	-1	-	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.427	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	23510	25141	2	+	1632
EM17	fig 6666666.2814.peg.428	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	25282	27141	1	+	1860
EM17	fig 6666666.2814.peg.429	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	27145	27924	1	+	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.430	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	28026	29021	3	+	996

EM17	fig 6666666.2814.peg.431	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	29372	32473	2	+	3102
EM17	fig 6666666.2814.peg.432	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	32473	32925	1	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.433	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	33099	34529	3	+	1431
EM17	fig 6666666.2814.peg.434	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	34754	37528	2	+	2775
EM17	fig 6666666.2814.peg.435	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	39030	37600	-3	-	1431
EM17	fig 6666666.2814.peg.436	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	40124	39036	-2	-	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.437	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	41685	40354	-3	-	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.438	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	42599	44023	2	+	1425
EM17	fig 6666666.2814.peg.439	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	44340	44203	-3	-	138
EM17	fig 6666666.2814.peg.440	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	44387	45382	2	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.441	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	45513	47891	3	+	2379
EM17	fig 6666666.2814.peg.442	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	48367	47972	-1	-	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.443	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	48808	48386	-1	-	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.444	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	48960	49427	3	+	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.445	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	49668	51671	3	+	2004
EM17	fig 6666666.2814.peg.446	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	51688	53019	1	+	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.447	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	53187	53822	3	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.448	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	53832	56111	3	+	2280
EM17	fig 6666666.2814.peg.449	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	56140	57642	1	+	1503
EM17	fig 6666666.2814.peg.450	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	57645	58205	3	+	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.451	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	58356	59024	3	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.452	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	59309	59190	-2	-	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.453	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	59417	60115	2	+	699
EM17	fig 6666666.2814.peg.454	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	61858	60173	-1	-	1686
EM17	fig 6666666.2814.peg.455	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	62482	63822	1	+	1341
EM17	fig 6666666.2814.peg.456	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	64041	63910	-3	-	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.457	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	64016	64822	2	+	807
EM17	fig 6666666.2814.peg.458	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	65466	64828	-3	-	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.459	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	66280	65477	-1	-	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.460	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	66975	66313	-3	-	663
EM17	fig 6666666.2814.peg.461	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	67941	66994	-3	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.462	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	68259	67969	-3	-	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.463	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	68786	68268	-2	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.464	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	69441	68779	-3	-	663
EM17	fig 6666666.2814.peg.465	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	70396	69518	-1	-	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.466	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	71682	70657	-3	-	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.467	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	73076	71679	-2	-	1398
EM17	fig 6666666.2814.peg.468	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	73558	73172	-1	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.469	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	73782	73558	-3	-	225
EM17	fig 6666666.2814.peg.470	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	74511	73846	-3	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.471	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	74687	75706	2	+	1020
EM17	fig 6666666.2814.peg.472	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	75784	77409	1	+	1626
EM17	fig 6666666.2814.peg.473	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	77409	78371	3	+	963
EM17	fig 6666666.2814.peg.474	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	78358	79245	1	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.475	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	79245	80258	3	+	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.476	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	80242	81066	1	+	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.477	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	81076	82203	1	+	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.478	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	82398	82252	-3	-	147
EM17	fig 6666666.2814.peg.479	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	84274	82388	-1	-	1887

EM17	fig 6666666.2814.peg.480	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	86326	84587	-1	-	1740
EM17	fig 6666666.2814.peg.481	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	86655	86539	-3	-	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.482	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	88709	86724	-2	-	1986
EM17	fig 6666666.2814.peg.483	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	91409	88947	-2	-	2463
EM17	fig 6666666.2814.peg.484	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	92611	91433	-1	-	1179
EM17	fig 6666666.2814.peg.485	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	92845	92669	-1	-	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.486	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	93484	93176	-1	-	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.487	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	93568	94086	1	+	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.488	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	94091	94267	2	+	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.489	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	95027	94347	-2	-	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.490	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	96131	95178	-2	-	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.491	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	96824	96135	-2	-	690
EM17	fig 6666666.2814.peg.492	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	97558	96821	-1	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.493	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	99057	97570	-3	-	1488
EM17	fig 6666666.2814.peg.494	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	99248	99628	2	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.495	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	99712	100251	1	+	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.496	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	100662	101948	3	+	1287
EM17	fig 6666666.2814.peg.497	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	102039	103457	3	+	1419
EM17	fig 6666666.2814.peg.498	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	104175	103534	-3	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.499	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	105427	104240	-1	-	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.500	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	105988	105518	-1	-	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.501	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	108018	105988	-3	-	2031
EM17	fig 6666666.2814.peg.502	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	108271	108783	1	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.503	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	108801	109241	3	+	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.504	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	110471	109302	-2	-	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.505	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	110860	111816	1	+	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.506	CDS	EM17Vibriofischericontig00006	111960	112457	3	+	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.507	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	453	91	-3	-	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.508	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	2327	855	-2	-	1473
EM17	fig 6666666.2814.peg.509	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	6874	2327	-1	-	4548
EM17	fig 6666666.2814.peg.510	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	7440	8381	3	+	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.511	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	8436	10802	3	+	2367
EM17	fig 6666666.2814.peg.512	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	10811	11257	2	+	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.513	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	12053	11334	-2	-	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.514	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	12501	12977	3	+	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.515	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	13377	15836	3	+	2460
EM17	fig 6666666.2814.peg.516	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	15838	16794	1	+	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.517	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	16791	18074	3	+	1284
EM17	fig 6666666.2814.peg.518	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	18643	18266	-1	-	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.519	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	19006	19854	1	+	849
EM17	fig 6666666.2814.peg.520	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	19914	20528	3	+	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.521	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	20618	21145	2	+	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.522	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	21373	21194	-1	-	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.523	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	21804	21941	3	+	138
EM17	fig 6666666.2814.peg.524	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	22093	23526	1	+	1434
EM17	fig 6666666.2814.peg.525	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	23641	24420	1	+	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.526	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	24661	25521	1	+	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.527	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	25652	26344	2	+	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.528	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	27635	26406	-2	-	1230

EM17	fig 6666666.2814.peg.529	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	28486	27830	-1	-	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.530	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	29208	28627	-3	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.531	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	29748	29422	-3	-	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.532	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	30002	30571	2	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.533	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	30583	31770	1	+	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.534	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	31773	32981	3	+	1209
EM17	fig 6666666.2814.peg.535	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	33230	33027	-2	-	204
EM17	fig 6666666.2814.peg.536	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	34107	33637	-3	-	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.537	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	35065	34109	-1	-	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.538	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	35249	35509	2	+	261
EM17	fig 6666666.2814.peg.539	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	35481	35870	3	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.540	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	37520	35901	-2	-	1620
EM17	fig 6666666.2814.peg.541	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	37833	38411	3	+	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.542	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	38441	39058	2	+	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.543	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	39059	40036	2	+	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.544	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	40042	40527	1	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.545	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	40617	42410	3	+	1794
EM17	fig 6666666.2814.peg.546	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	42482	43435	2	+	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.547	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	43446	44117	3	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.548	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	44117	45082	2	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.549	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	45246	45962	3	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.550	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	45959	46690	2	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.551	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	46690	47070	1	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.552	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	49924	47129	-1	-	2796
EM17	fig 6666666.2814.peg.553	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	50088	51404	3	+	1317
EM17	fig 6666666.2814.peg.554	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	51471	53708	3	+	2238
EM17	fig 6666666.2814.peg.555	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	53902	55035	1	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.556	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	55129	55950	1	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.557	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	56082	57722	3	+	1641
EM17	fig 6666666.2814.peg.558	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	57801	59099	3	+	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.559	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	59271	59555	3	+	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.560	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	59559	60275	3	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.561	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	60275	60751	2	+	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.562	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	60763	61818	1	+	1056
EM17	fig 6666666.2814.peg.563	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	61838	62599	2	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.564	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	62599	63225	1	+	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.565	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	63239	64228	2	+	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.566	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	64283	65248	2	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.567	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	65952	65389	-3	-	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.568	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	66340	67299	1	+	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.569	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	67277	67555	2	+	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.570	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	68956	67628	-1	-	1329
EM17	fig 6666666.2814.peg.571	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	70162	69221	-1	-	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.572	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	70366	70779	1	+	414
EM17	fig 6666666.2814.peg.573	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	70791	71216	3	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.574	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	71741	73366	2	+	1626
EM17	fig 6666666.2814.peg.575	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	74928	73459	-3	-	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.576	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	75587	76921	2	+	1335
EM17	fig 6666666.2814.peg.577	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	77042	79180	2	+	2139

EM17	fig 6666666.2814.peg.578	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	79257	80126	3	+	870
EM17	fig 6666666.2814.peg.579	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	80444	81829	2	+	1386
EM17	fig 6666666.2814.peg.580	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	82949	81876	-2	-	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.581	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	83998	82949	-1	-	1050
EM17	fig 6666666.2814.peg.582	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	84367	84993	1	+	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.583	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	85973	85038	-2	-	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.584	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	87800	86043	-2	-	1758
EM17	fig 6666666.2814.peg.585	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	89875	87908	-1	-	1968
EM17	fig 6666666.2814.peg.586	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	90588	89965	-3	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.587	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	91816	90680	-1	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.588	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	92730	91816	-3	-	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.589	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	94028	92730	-2	-	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.590	CDS	EM17Vibriofischericontig00007	95274	94141	-3	-	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.591	CDS	EM17Vibriofischericontig00008	1698	70	-3	-	1629
EM17	fig 6666666.2814.peg.592	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	1258	335	-1	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.593	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	1257	1370	3	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.594	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	2822	1371	-2	-	1452
EM17	fig 6666666.2814.peg.595	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	3700	3002	-1	-	699
EM17	fig 6666666.2814.peg.596	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	3938	4585	2	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.597	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	4866	5879	3	+	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.598	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	6369	6956	3	+	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.599	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	7772	7035	-2	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.600	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	7880	8182	2	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.601	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	8707	8252	-1	-	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.602	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	8988	9851	3	+	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.603	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	10381	9914	-1	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.604	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	10501	11565	1	+	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.605	CDS	EM17Vibriofischericontig00009	11695	12378	1	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.606	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	1192	185	-1	-	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.607	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	2605	1652	-1	-	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.608	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	3981	2815	-3	-	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.609	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	6095	4167	-2	-	1929
EM17	fig 6666666.2814.peg.610	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	6658	6110	-1	-	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.611	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	7569	6655	-3	-	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.612	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	8322	7573	-3	-	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.613	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	9521	8343	-2	-	1179
EM17	fig 6666666.2814.peg.614	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	10874	9606	-2	-	1269
EM17	fig 6666666.2814.peg.615	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	11369	10884	-2	-	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.616	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	12518	11469	-2	-	1050
EM17	fig 6666666.2814.peg.617	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	13164	12511	-3	-	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.618	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	14206	13142	-1	-	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.619	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	14898	14203	-3	-	696
EM17	fig 6666666.2814.peg.620	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	16062	14902	-3	-	1161
EM17	fig 6666666.2814.peg.621	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	17090	16077	-2	-	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.622	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	18877	17171	-1	-	1707
EM17	fig 6666666.2814.peg.623	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	20340	19045	-3	-	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.624	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	22774	20522	-1	-	2253
EM17	fig 6666666.2814.peg.625	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	23469	22780	-3	-	690
EM17	fig 6666666.2814.peg.626	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	24928	23501	-1	-	1428

EM17	fig 6666666.2814.peg.627	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	26365	24938	-1	-	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.628	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	27274	26396	-1	-	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.629	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	29032	27941	-1	-	1092
EM17	fig 6666666.2814.peg.630	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	30441	29275	-3	-	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.631	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	31931	30507	-2	-	1425
EM17	fig 6666666.2814.peg.632	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	33340	31934	-1	-	1407
EM17	fig 6666666.2814.peg.633	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	34551	33352	-3	-	1200
EM17	fig 6666666.2814.peg.634	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	35323	34535	-1	-	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.635	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	36147	35623	-3	-	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.636	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	36374	36505	2	+	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.637	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	37601	36597	-2	-	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.638	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	39223	38120	-1	-	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.639	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	40304	39213	-2	-	1092
EM17	fig 6666666.2814.peg.640	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	41317	40307	-1	-	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.641	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	43519	41357	-1	-	2163
EM17	fig 6666666.2814.peg.642	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	44394	43954	-3	-	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.643	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	46340	45189	-2	-	1152
EM17	fig 6666666.2814.peg.644	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	46814	47059	2	+	246
EM17	fig 6666666.2814.peg.645	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	47183	47857	2	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.646	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	47898	48659	3	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.647	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	48663	50921	3	+	2259
EM17	fig 6666666.2814.peg.648	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	51780	51136	-3	-	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.649	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	52246	51899	-1	-	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.650	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	53753	52320	-2	-	1434
EM17	fig 6666666.2814.peg.651	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	54133	55074	1	+	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.652	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	55221	55940	3	+	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.653	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	55940	56965	2	+	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.654	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	56917	58245	1	+	1329
EM17	fig 6666666.2814.peg.655	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	58238	58924	2	+	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.656	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	58924	60177	1	+	1254
EM17	fig 6666666.2814.peg.657	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	60793	60212	-1	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.658	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	61279	62334	1	+	1056
EM17	fig 6666666.2814.peg.659	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	62355	63125	3	+	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.660	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	63122	63919	2	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.661	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	63912	64394	3	+	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.662	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	64391	65344	2	+	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.663	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	66144	65323	-3	-	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.664	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	66232	66609	1	+	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.665	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	66609	68213	3	+	1605
EM17	fig 6666666.2814.peg.666	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	68965	68510	-1	-	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.667	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	70458	69094	-3	-	1365
EM17	fig 6666666.2814.peg.668	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	70885	70718	-1	-	168
EM17	fig 6666666.2814.peg.669	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	71136	70900	-3	-	237
EM17	fig 6666666.2814.peg.670	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	72005	71331	-2	-	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.671	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	72227	73456	2	+	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.672	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	73739	74329	2	+	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.673	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	74354	75292	2	+	939
EM17	fig 6666666.2814.peg.674	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	75311	75778	2	+	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.675	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	76016	78331	2	+	2316



EM17	fig 6666666.2814.peg.676	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	78999	78520	-3	-	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.677	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	79799	79026	-2	-	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.678	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	79828	80547	1	+	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.679	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	80892	80764	-3	-	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.680	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	80873	82264	2	+	1392
EM17	fig 6666666.2814.peg.681	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	83888	82731	-2	-	1158
EM17	fig 6666666.2814.peg.682	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	84971	84252	-2	-	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.683	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	85177	85905	1	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.684	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	86586	85945	-3	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.685	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	87532	86816	-1	-	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.686	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	87693	88556	3	+	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.687	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	89570	88638	-2	-	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.688	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	90181	89801	-1	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.689	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	90803	90378	-2	-	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.690	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	91032	91655	3	+	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.691	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	91764	92036	3	+	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.692	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	92087	94210	2	+	2124
EM17	fig 6666666.2814.peg.693	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	94463	95152	2	+	690
EM17	fig 6666666.2814.peg.694	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	96298	95399	-1	-	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.695	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	97193	96759	-2	-	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.696	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	98115	97165	-3	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.697	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	100098	98230	-3	-	1869
EM17	fig 6666666.2814.peg.698	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	100600	102009	1	+	1410
EM17	fig 6666666.2814.peg.699	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	102259	102795	1	+	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.700	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	102875	103930	2	+	1056
EM17	fig 6666666.2814.peg.701	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	103969	104469	1	+	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.702	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	104562	105371	3	+	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.703	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	105486	108044	3	+	2559
EM17	fig 6666666.2814.peg.704	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	108209	109210	2	+	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.705	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	109619	112111	2	+	2493
EM17	fig 6666666.2814.peg.706	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	112762	112127	-1	-	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.707	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	112919	113929	2	+	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.708	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	113941	114528	1	+	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.709	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	117013	114518	-1	-	2496
EM17	fig 6666666.2814.peg.710	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	118314	117130	-3	-	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.711	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	118701	118363	-3	-	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.712	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	119324	118797	-2	-	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.713	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	119507	119932	2	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.714	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	120708	119929	-3	-	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.715	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	120849	121310	3	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.716	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	123012	121639	-3	-	1374
EM17	fig 6666666.2814.peg.717	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	123621	123130	-3	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.718	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	124169	123624	-2	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.719	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	124810	124169	-1	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.720	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	125582	124965	-2	-	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.721	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	125871	126518	3	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.722	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	130043	127245	-2	-	2799
EM17	fig 6666666.2814.peg.723	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	130708	130517	-1	-	192
EM17	fig 6666666.2814.peg.724	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	131414	130743	-2	-	672

EM17	fig 6666666.2814.peg.725	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	131758	133122	1	+	1365
EM17	fig 6666666.2814.peg.726	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	133467	133177	-3	-	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.727	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	135306	133471	-3	-	1836
EM17	fig 6666666.2814.peg.728	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	135534	136439	3	+	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.729	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	139058	136857	-2	-	2202
EM17	fig 6666666.2814.peg.730	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	141668	139143	-2	-	2526
EM17	fig 6666666.2814.peg.731	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	141926	142861	2	+	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.732	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	142864	143625	1	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.733	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	143622	144815	3	+	1194
EM17	fig 6666666.2814.peg.734	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	144812	145996	2	+	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.735	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	146784	146074	-3	-	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.736	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	147144	146881	-3	-	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.737	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	149152	147308	-1	-	1845
EM17	fig 6666666.2814.peg.738	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	150289	149294	-1	-	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.739	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	151706	150447	-2	-	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.740	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	152272	151946	-1	-	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.741	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	152385	153683	3	+	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.742	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	153717	155210	3	+	1494
EM17	fig 6666666.2814.peg.743	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	156549	155533	-3	-	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.744	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	156700	157461	1	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.745	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	159350	158595	-2	-	756
EM17	fig 6666666.2814.peg.746	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	159733	159353	-1	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.747	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	159985	159737	-1	-	249
EM17	fig 6666666.2814.peg.748	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	161671	160037	-1	-	1635
EM17	fig 6666666.2814.peg.749	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	162291	161668	-3	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.750	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	163067	162303	-2	-	765
EM17	fig 6666666.2814.peg.751	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	164645	163125	-2	-	1521
EM17	fig 6666666.2814.peg.752	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	164773	165675	1	+	903
EM17	fig 6666666.2814.peg.753	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	166088	165798	-2	-	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.754	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	167439	166210	-3	-	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.755	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	167537	168502	2	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.756	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	168603	170396	3	+	1794
EM17	fig 6666666.2814.peg.757	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	171608	170496	-2	-	1113
EM17	fig 6666666.2814.peg.758	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	172389	171619	-3	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.759	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	172603	172391	-1	-	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.760	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	173429	172596	-2	-	834
EM17	fig 6666666.2814.peg.761	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	174081	173422	-3	-	660
EM17	fig 6666666.2814.peg.762	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	176086	174152	-1	-	1935
EM17	fig 6666666.2814.peg.763	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	178186	176807	-1	-	1380
EM17	fig 6666666.2814.peg.764	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	178679	178485	-2	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.765	CDS	EM17Vibriofischericontig00010	181514	178761	-2	-	2754
EM17	fig 6666666.2814.peg.766	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	1399	17	-1	-	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.767	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	1658	2266	2	+	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.768	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	2476	2273	-1	-	204
EM17	fig 6666666.2814.peg.769	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	3578	2712	-2	-	867
EM17	fig 6666666.2814.peg.770	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	3835	4170	1	+	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.771	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	4718	4239	-2	-	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.772	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	5077	6669	1	+	1593
EM17	fig 6666666.2814.peg.773	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	7546	6743	-1	-	804

EM17	fig 6666666.2814.peg.774	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	7638	8381	3	+	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.775	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	8508	9419	3	+	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.776	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	9884	9552	-2	-	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.777	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	10173	10691	3	+	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.778	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	10823	13087	2	+	2265
EM17	fig 6666666.2814.peg.779	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	13069	13662	1	+	594
EM17	fig 6666666.2814.peg.780	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	13677	16124	3	+	2448
EM17	fig 6666666.2814.peg.781	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	17294	16215	-2	-	1080
EM17	fig 6666666.2814.peg.782	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	19293	17512	-3	-	1782
EM17	fig 6666666.2814.peg.783	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	19874	19290	-2	-	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.784	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	20559	19852	-3	-	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.785	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	21271	20573	-1	-	699
EM17	fig 6666666.2814.peg.786	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	22096	21275	-1	-	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.787	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	22378	23805	1	+	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.788	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	23802	25844	3	+	2043
EM17	fig 6666666.2814.peg.789	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	26272	26090	-1	-	183
EM17	fig 6666666.2814.peg.790	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	26503	27234	1	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.791	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	27255	27914	3	+	660
EM17	fig 6666666.2814.peg.792	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	27938	28531	2	+	594
EM17	fig 6666666.2814.peg.793	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	29909	28545	-2	-	1365
EM17	fig 6666666.2814.peg.794	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	30584	29928	-2	-	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.795	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	31006	30623	-1	-	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.796	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	31347	32903	3	+	1557
EM17	fig 6666666.2814.peg.797	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	33003	33461	3	+	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.798	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	34103	34591	2	+	489
EM17	fig 6666666.2814.peg.799	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	34779	35621	3	+	843
EM17	fig 6666666.2814.peg.800	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	37358	35667	-2	-	1692
EM17	fig 6666666.2814.peg.801	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	37544	37987	2	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.802	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	38007	38789	3	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.803	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	38813	39658	2	+	846
EM17	fig 6666666.2814.peg.804	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	39693	39911	3	+	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.805	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	39913	40347	1	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.806	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	40437	40910	3	+	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.807	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	41551	40907	-1	-	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.808	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	41723	43966	2	+	2244
EM17	fig 6666666.2814.peg.809	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	44111	44641	2	+	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.810	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	44704	45054	1	+	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.811	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	45195	46352	3	+	1158
EM17	fig 6666666.2814.peg.812	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	46354	49221	1	+	2868
EM17	fig 6666666.2814.peg.813	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	50111	49218	-2	-	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.814	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	50256	51056	3	+	801
EM17	fig 6666666.2814.peg.815	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	51105	51836	3	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.816	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	51848	52576	2	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.817	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	52560	53516	3	+	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.818	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	53598	54842	3	+	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.819	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	55045	55722	1	+	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.820	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	55732	56637	1	+	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.821	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	56649	57287	3	+	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.822	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	57555	59447	3	+	1893

EM17	fig 6666666.2814.peg.823	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	59688	60851	3	+	1164
EM17	fig 6666666.2814.peg.824	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	60991	61365	1	+	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.825	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	61659	63083	3	+	1425
EM17	fig 6666666.2814.peg.826	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	64019	63198	-2	-	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.827	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	64167	64625	3	+	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.828	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	64606	65124	1	+	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.829	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	65328	67004	3	+	1677
EM17	fig 6666666.2814.peg.830	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	67009	67611	1	+	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.831	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	67696	67893	1	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.832	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	67906	70761	1	+	2856
EM17	fig 6666666.2814.peg.833	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	70775	71383	2	+	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.834	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	71400	72422	3	+	1023
EM17	fig 6666666.2814.peg.835	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	72649	72945	1	+	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.836	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	73157	74131	2	+	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.837	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	74264	75046	2	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.838	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	75049	75984	1	+	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.839	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	76130	76696	2	+	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.840	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	76856	78178	2	+	1323
EM17	fig 6666666.2814.peg.841	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	78352	78939	1	+	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.842	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	79194	79361	3	+	168
EM17	fig 6666666.2814.peg.843	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	79364	79816	2	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.844	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	80170	80562	1	+	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.845	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	82653	80608	-3	-	2046
EM17	fig 6666666.2814.peg.846	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	82951	83982	1	+	1032
EM17	fig 6666666.2814.peg.847	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	84124	84459	1	+	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.848	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	84498	84665	3	+	168
EM17	fig 6666666.2814.peg.849	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	84672	85211	3	+	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.850	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	85208	85675	2	+	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.851	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	85736	86197	2	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.852	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	86415	86534	3	+	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.853	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	86552	86908	2	+	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.854	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	86925	87239	3	+	315
EM17	fig 6666666.2814.peg.855	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	88007	87246	-2	-	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.856	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	88197	88430	3	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.857	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	88938	88480	-3	-	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.858	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	89131	89760	1	+	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.859	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	89872	90417	1	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.860	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	90563	91231	2	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.861	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	91219	91851	1	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.862	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	92819	91866	-2	-	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.863	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	92926	94269	1	+	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.864	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	94361	94906	2	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.865	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	96287	94956	-2	-	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.866	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	96568	98490	1	+	1923
EM17	fig 6666666.2814.peg.867	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	98515	99051	1	+	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.868	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	99143	99571	2	+	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.869	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	99739	100200	1	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.870	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	100325	100699	2	+	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.871	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	100928	101584	2	+	657

EM17	fig 6666666.2814.peg.872	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	101637	101927	3	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.873	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	103219	101999	-1	-	1221
EM17	fig 6666666.2814.peg.874	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	104370	103459	-3	-	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.875	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	104529	105242	3	+	714
EM17	fig 6666666.2814.peg.876	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	106363	105320	-1	-	1044
EM17	fig 6666666.2814.peg.877	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	107599	106565	-1	-	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.878	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	108494	107724	-2	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.879	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	109267	108494	-1	-	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.880	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	110453	109335	-2	-	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.881	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	110767	111582	1	+	816
EM17	fig 6666666.2814.peg.882	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	111591	112325	3	+	735
EM17	fig 6666666.2814.peg.883	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	112327	112974	1	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.884	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	113968	113045	-1	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.885	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	115053	114103	-3	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.886	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	115954	115205	-1	-	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.887	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	116727	116053	-3	-	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.888	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	116893	116717	-1	-	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.889	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	119264	116886	-2	-	2379
EM17	fig 6666666.2814.peg.890	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	119762	119283	-2	-	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.891	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	120816	119845	-3	-	972
EM17	fig 6666666.2814.peg.892	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	120998	120813	-2	-	186
EM17	fig 6666666.2814.peg.893	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	121620	121009	-3	-	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.894	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	123063	121633	-3	-	1431
EM17	fig 6666666.2814.peg.895	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	123335	123790	2	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.896	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	124095	125072	3	+	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.897	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	125082	127160	3	+	2079
EM17	fig 6666666.2814.peg.898	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	127704	127336	-3	-	369
EM17	fig 6666666.2814.peg.899	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	127934	128236	2	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.900	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	128239	128580	1	+	342
EM17	fig 6666666.2814.peg.901	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	128583	128852	3	+	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.902	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	128855	129274	2	+	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.903	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	129267	131192	3	+	1926
EM17	fig 6666666.2814.peg.904	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	131258	131569	2	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.905	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	131678	131791	2	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.906	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	131806	132036	1	+	231
EM17	fig 6666666.2814.peg.907	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	132112	133785	1	+	1674
EM17	fig 6666666.2814.peg.908	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	133788	134153	3	+	366
EM17	fig 6666666.2814.peg.909	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	134153	135223	2	+	1071
EM17	fig 6666666.2814.peg.910	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	135201	136415	3	+	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.911	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	136718	136921	2	+	204
EM17	fig 6666666.2814.peg.912	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	136977	138101	3	+	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.913	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	138191	138370	2	+	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.914	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	138377	138643	2	+	267
EM17	fig 6666666.2814.peg.915	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	138855	138697	-3	-	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.916	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	139451	140005	2	+	555
EM17	fig 6666666.2814.peg.917	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	140503	140057	-1	-	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.918	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	140684	142354	2	+	1671
EM17	fig 6666666.2814.peg.919	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	142420	142938	1	+	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.920	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	143319	143146	-3	-	174

EM17	fig 6666666.2814.peg.921	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	145184	143520	-2	-	1665
EM17	fig 6666666.2814.peg.922	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	147106	145193	-1	-	1914
EM17	fig 6666666.2814.peg.923	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	147251	147087	-2	-	165
EM17	fig 6666666.2814.peg.924	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	149453	147336	-2	-	2118
EM17	fig 6666666.2814.peg.925	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	150617	150075	-2	-	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.926	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	151844	150834	-2	-	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.927	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	156952	152114	-1	-	4839
EM17	fig 6666666.2814.peg.928	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	157311	157111	-3	-	201
EM17	fig 6666666.2814.peg.929	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	157429	157313	-1	-	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.930	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	160050	157447	-3	-	2604
EM17	fig 6666666.2814.peg.931	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	160853	160188	-2	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.932	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	163004	160983	-2	-	2022
EM17	fig 6666666.2814.peg.933	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	163648	163022	-1	-	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.934	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	164206	163754	-1	-	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.935	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	164303	166096	2	+	1794
EM17	fig 6666666.2814.peg.936	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	166114	167340	1	+	1227
EM17	fig 6666666.2814.peg.937	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	167318	169954	2	+	2637
EM17	fig 6666666.2814.peg.938	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	170116	171537	1	+	1422
EM17	fig 6666666.2814.peg.939	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	171751	172803	1	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.940	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	173468	172902	-2	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.941	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	174375	173554	-3	-	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.942	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	174724	175488	1	+	765
EM17	fig 6666666.2814.peg.943	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	175581	175988	3	+	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.944	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	175988	177244	2	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.945	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	177419	178762	2	+	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.946	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	179155	178820	-1	-	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.947	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	180716	179280	-2	-	1437
EM17	fig 6666666.2814.peg.948	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	181551	180865	-3	-	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.949	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	182128	181553	-1	-	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.950	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	182685	182305	-3	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.951	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	183279	182719	-3	-	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.952	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	183405	183857	3	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.953	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	184401	183991	-3	-	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.954	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	184752	186674	3	+	1923
EM17	fig 6666666.2814.peg.955	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	187733	186741	-2	-	993
EM17	fig 6666666.2814.peg.956	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	188289	188957	3	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.957	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	189094	190551	1	+	1458
EM17	fig 6666666.2814.peg.958	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	190561	191733	1	+	1173
EM17	fig 6666666.2814.peg.959	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	192808	191861	-1	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.960	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	193822	192818	-1	-	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.961	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	195120	193831	-3	-	1290
EM17	fig 6666666.2814.peg.962	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	196034	195120	-2	-	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.963	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	196273	196443	1	+	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.964	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	196619	196732	2	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.965	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	197194	196802	-1	-	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.966	CDS	EM17Vibriofischericontig00011	197709	198569	3	+	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.967	CDS	EM17Vibriofischericontig00012	24	437	3	+	414
EM17	fig 6666666.2814.peg.968	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	43	372	1	+	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.969	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	350	2338	2	+	1989

EM17	fig 6666666.2814.peg.970	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	2441	2620	2	+	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.971	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	2683	3018	1	+	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.972	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	3031	3333	1	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.973	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	3335	3862	2	+	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.974	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	3990	4280	3	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.975	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	4287	5621	3	+	1335
EM17	fig 6666666.2814.peg.976	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	5732	5950	2	+	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.977	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	5947	6324	1	+	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.978	CDS	EM17Vibriofischericontig00013	6333	6923	3	+	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.979	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	726	16	-3	-	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.980	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	1797	736	-3	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.981	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	2924	1944	-2	-	981
EM17	fig 6666666.2814.peg.982	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	3957	2953	-3	-	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.983	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	4963	4040	-1	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.984	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	6418	4979	-1	-	1440
EM17	fig 6666666.2814.peg.985	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	7028	6456	-2	-	573
EM17	fig 6666666.2814.peg.986	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	7244	7555	2	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.987	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	7651	7821	1	+	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.988	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	8842	8042	-1	-	801
EM17	fig 6666666.2814.peg.989	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	9218	9024	-2	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.990	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	9525	10262	3	+	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.991	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	10262	10729	2	+	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.992	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	10739	11863	2	+	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.993	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	12739	11954	-1	-	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.994	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	13281	12763	-3	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.995	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	13874	13419	-2	-	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.996	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	14110	14499	1	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.997	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	14496	15377	3	+	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.998	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	15393	16223	3	+	831
EM17	fig 6666666.2814.peg.999	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	16932	16279	-3	-	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.1000	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	17699	17085	-2	-	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.1001	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	17798	18301	2	+	504
EM17	fig 6666666.2814.peg.1002	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	20110	18377	-1	-	1734
EM17	fig 6666666.2814.peg.1003	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	21121	20141	-1	-	981
EM17	fig 6666666.2814.peg.1004	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	22261	21125	-1	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.1005	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	22547	23524	2	+	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.1006	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	24195	23569	-3	-	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.1007	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	24620	24201	-2	-	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.1008	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	25184	25026	-2	-	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.1009	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	26572	25364	-1	-	1209
EM17	fig 6666666.2814.peg.1010	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	27420	26572	-3	-	849
EM17	fig 6666666.2814.peg.1011	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	29495	27399	-2	-	2097
EM17	fig 6666666.2814.peg.1012	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	30156	29638	-3	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.1013	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	31045	30395	-1	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.1014	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	31134	31955	3	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.1015	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	33344	32046	-2	-	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.1016	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	34129	33386	-1	-	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.1017	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	36480	34510	-3	-	1971
EM17	fig 6666666.2814.peg.1018	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	37640	36477	-2	-	1164

EM17	fig 6666666.2814.peg.1019	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	37898	38302	2	+	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.1020	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	38317	39423	1	+	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.1021	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	39432	40343	3	+	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.1022	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	41419	40487	-1	-	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.1023	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	41950	41702	-1	-	249
EM17	fig 6666666.2814.peg.1024	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	41964	42287	3	+	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.1025	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	44013	42361	-3	-	1653
EM17	fig 6666666.2814.peg.1026	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	43994	44257	2	+	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.1027	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	44522	45892	2	+	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.1028	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	46124	47344	2	+	1221
EM17	fig 6666666.2814.peg.1029	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	47367	48086	3	+	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.1030	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	48144	49490	3	+	1347
EM17	fig 6666666.2814.peg.1031	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	49628	50266	2	+	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.1032	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	51058	50279	-1	-	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.1033	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	52095	51055	-3	-	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.1034	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	53012	52095	-2	-	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.1035	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	53251	53787	1	+	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.1036	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	54021	55613	3	+	1593
EM17	fig 6666666.2814.peg.1037	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	56832	55639	-3	-	1194
EM17	fig 6666666.2814.peg.1038	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	56934	57803	3	+	870
EM17	fig 6666666.2814.peg.1039	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	58006	58617	1	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.1040	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	60019	58700	-1	-	1320
EM17	fig 6666666.2814.peg.1041	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	62265	60073	-3	-	2193
EM17	fig 6666666.2814.peg.1042	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	62662	63114	1	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.1043	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	63982	63401	-1	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.1044	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	64622	63972	-2	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.1045	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	65574	64612	-3	-	963
EM17	fig 6666666.2814.peg.1046	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	66526	65672	-1	-	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.1047	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	69431	66783	-2	-	2649
EM17	fig 6666666.2814.peg.1048	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	70038	69643	-3	-	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.1049	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	71159	70179	-2	-	981
EM17	fig 6666666.2814.peg.1050	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	72844	71231	-1	-	1614
EM17	fig 6666666.2814.peg.1051	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	74117	72885	-2	-	1233
EM17	fig 6666666.2814.peg.1052	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	74338	76746	1	+	2409
EM17	fig 6666666.2814.peg.1053	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	78823	77774	-1	-	1050
EM17	fig 6666666.2814.peg.1054	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	79604	78849	-2	-	756
EM17	fig 6666666.2814.peg.1055	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	80504	79674	-2	-	831
EM17	fig 6666666.2814.peg.1056	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	81748	80606	-1	-	1143
EM17	fig 6666666.2814.peg.1057	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	82187	81750	-2	-	438
EM17	fig 6666666.2814.peg.1058	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	83193	82276	-3	-	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.1059	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	83953	83183	-1	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.1060	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	84464	83964	-2	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.1061	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	85648	84479	-1	-	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.1062	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	86946	85645	-3	-	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.1063	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	87770	86994	-2	-	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.1064	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	88181	89737	2	+	1557
EM17	fig 6666666.2814.peg.1065	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	89817	90545	3	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.1066	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	93310	90665	-1	-	2646
EM17	fig 6666666.2814.peg.1067	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	93829	94308	1	+	480



EM17	fig 6666666.2814.peg.1068	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	95826	94927	-3	-	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.1069	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	95993	96322	2	+	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.1070	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	97973	96393	-2	-	1581
EM17	fig 6666666.2814.peg.1071	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	98904	98020	-3	-	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.1072	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	99354	99506	3	+	153
EM17	fig 6666666.2814.peg.1073	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	99551	100102	2	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.1074	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	100252	101946	1	+	1695
EM17	fig 6666666.2814.peg.1075	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	101956	103674	1	+	1719
EM17	fig 6666666.2814.peg.1076	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	104183	103731	-2	-	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.1077	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	106311	104197	-3	-	2115
EM17	fig 6666666.2814.peg.1078	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	106726	107043	1	+	318
EM17	fig 6666666.2814.peg.1079	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	107092	107916	1	+	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.1080	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	107921	110032	2	+	2112
EM17	fig 6666666.2814.peg.1081	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	110053	110739	1	+	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.1082	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	110742	112259	3	+	1518
EM17	fig 6666666.2814.peg.1083	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	112282	113727	1	+	1446
EM17	fig 6666666.2814.peg.1084	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	113934	114581	3	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.1085	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	114615	116126	3	+	1512
EM17	fig 6666666.2814.peg.1086	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	116110	117126	1	+	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.1087	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	117286	118560	1	+	1275
EM17	fig 6666666.2814.peg.1088	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	118553	119716	2	+	1164
EM17	fig 6666666.2814.peg.1089	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	119713	121155	1	+	1443
EM17	fig 6666666.2814.peg.1090	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	121596	122537	3	+	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.1091	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	122683	123438	1	+	756
EM17	fig 6666666.2814.peg.1092	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	123428	124564	2	+	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.1093	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	124561	126060	1	+	1500
EM17	fig 6666666.2814.peg.1094	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	126216	127304	3	+	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.1095	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	127301	128488	2	+	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.1096	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	128503	129147	1	+	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.1097	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	129368	131260	2	+	1893
EM17	fig 6666666.2814.peg.1098	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	131348	131896	2	+	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.1099	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	131937	132164	3	+	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.1100	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	133420	132983	-1	-	438
EM17	fig 6666666.2814.peg.1101	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	133889	133518	-2	-	372
EM17	fig 6666666.2814.peg.1102	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	136696	134237	-1	-	2460
EM17	fig 6666666.2814.peg.1103	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	137375	136698	-2	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.1104	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	137534	138148	2	+	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.1105	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	138545	138207	-2	-	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.1106	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	138676	139536	1	+	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.1107	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	139691	141040	2	+	1350
EM17	fig 6666666.2814.peg.1108	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	142027	141098	-1	-	930
EM17	fig 6666666.2814.peg.1109	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	142172	143278	2	+	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.1110	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	143384	143905	2	+	522
EM17	fig 6666666.2814.peg.1111	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	144844	143969	-1	-	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.1112	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	145088	145477	2	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.1113	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	147424	145562	-1	-	1863
EM17	fig 6666666.2814.peg.1114	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	149408	148134	-2	-	1275
EM17	fig 6666666.2814.peg.1115	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	149675	150148	2	+	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1116	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	150949	150398	-1	-	552

EM17	fig 6666666.2814.peg.1117	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	152340	151150	-3	-	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.1118	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	153131	154087	2	+	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.1119	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	155227	154259	-1	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.1120	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	156365	155466	-2	-	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.1121	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	156495	157169	3	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.1122	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	157178	158248	2	+	1071
EM17	fig 6666666.2814.peg.1123	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	159037	158300	-1	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.1124	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	159347	160204	2	+	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.1125	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	160880	160236	-2	-	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.1126	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	162088	161000	-1	-	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.1127	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	163062	162175	-3	-	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.1128	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	163278	165164	3	+	1887
EM17	fig 6666666.2814.peg.1129	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	165364	165194	-1	-	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.1130	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	165498	166388	3	+	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.1131	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	167762	166731	-2	-	1032
EM17	fig 6666666.2814.peg.1132	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	168103	169155	1	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.1133	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	169165	169980	1	+	816
EM17	fig 6666666.2814.peg.1134	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	169977	170864	3	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.1135	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	170851	171636	1	+	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.1136	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	171636	172655	3	+	1020
EM17	fig 6666666.2814.peg.1137	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	172658	173323	2	+	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.1138	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	173567	173358	-2	-	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.1139	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	174054	173845	-3	-	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.1140	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	175311	174403	-3	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.1141	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	177561	175339	-3	-	2223
EM17	fig 6666666.2814.peg.1142	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	179396	177573	-2	-	1824
EM17	fig 6666666.2814.peg.1143	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	180665	179463	-2	-	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.1144	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	182682	180805	-3	-	1878
EM17	fig 6666666.2814.peg.1145	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	183658	182684	-1	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.1146	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	184079	183792	-2	-	288
EM17	fig 6666666.2814.peg.1147	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	184410	184523	3	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.1148	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	185323	184520	-1	-	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.1149	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	185772	186599	3	+	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.1150	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	186596	188065	2	+	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.1151	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	188235	189113	3	+	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.1152	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	189267	189482	3	+	216
EM17	fig 6666666.2814.peg.1153	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	191138	189534	-2	-	1605
EM17	fig 6666666.2814.peg.1154	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	191896	191375	-1	-	522
EM17	fig 6666666.2814.peg.1155	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	192073	192975	1	+	903
EM17	fig 6666666.2814.peg.1156	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	193858	193019	-1	-	840
EM17	fig 6666666.2814.peg.1157	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	194537	193950	-2	-	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.1158	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	194646	195089	3	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.1159	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	195769	195086	-1	-	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.1160	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	195908	196792	2	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.1161	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	196899	197516	3	+	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.1162	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	198584	197610	-2	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.1163	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	199291	198599	-1	-	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.1164	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	200093	199662	-2	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.1165	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	200228	200866	2	+	639

EM17	fig 6666666.2814.peg.1166	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	200872	201297	1	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.1167	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	201573	202118	3	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.1168	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	202139	203404	2	+	1266
EM17	fig 6666666.2814.peg.1169	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	203419	203805	1	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.1170	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	203895	205322	3	+	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.1171	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	206261	205374	-2	-	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.1172	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	206398	206841	1	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.1173	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	207211	206939	-1	-	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.1174	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	208493	207390	-2	-	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.1175	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	209709	208501	-3	-	1209
EM17	fig 6666666.2814.peg.1176	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	209923	212769	1	+	2847
EM17	fig 6666666.2814.peg.1177	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	212863	215739	1	+	2877
EM17	fig 6666666.2814.peg.1178	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	216203	215736	-2	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.1179	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	216653	217621	2	+	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.1180	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	217799	218482	2	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.1181	CDS	EM17Vibriofischericontig00014	218482	219927	1	+	1446
EM17	fig 6666666.2814.peg.1182	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	644	2353	2	+	1710
EM17	fig 6666666.2814.peg.1183	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	2432	3985	2	+	1554
EM17	fig 6666666.2814.peg.1184	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	4175	5107	2	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.1185	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	5110	6051	1	+	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.1186	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	6290	7870	2	+	1581
EM17	fig 6666666.2814.peg.1187	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	8676	7960	-3	-	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.1188	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	10566	8686	-3	-	1881
EM17	fig 6666666.2814.peg.1189	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	10742	11638	2	+	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.1190	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	11622	11885	3	+	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.1191	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	13866	11944	-3	-	1923
EM17	fig 6666666.2814.peg.1192	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	14805	14065	-3	-	741
EM17	fig 6666666.2814.peg.1193	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	15921	14818	-3	-	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.1194	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	17041	15905	-1	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.1195	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	17749	17099	-1	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.1196	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	18544	17768	-1	-	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.1197	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	18897	18601	-3	-	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.1198	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	19266	18904	-3	-	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.1199	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	19615	19268	-1	-	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.1200	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	22715	19944	-2	-	2772
EM17	fig 6666666.2814.peg.1201	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	22942	23805	1	+	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.1202	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	25443	23875	-3	-	1569
EM17	fig 6666666.2814.peg.1203	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	26016	25450	-3	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.1204	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	27455	26028	-2	-	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.1205	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	28810	27485	-1	-	1326
EM17	fig 6666666.2814.peg.1206	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	29076	29663	3	+	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.1207	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	29798	30130	2	+	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.1208	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	30186	32282	3	+	2097
EM17	fig 6666666.2814.peg.1209	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	32282	32785	2	+	504
EM17	fig 6666666.2814.peg.1210	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	32809	33537	1	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.1211	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	35010	33640	-3	-	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.1212	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	36045	35206	-3	-	840
EM17	fig 6666666.2814.peg.1213	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	36198	38240	3	+	2043
EM17	fig 6666666.2814.peg.1214	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	38709	38395	-3	-	315

EM17	fig 6666666.2814.peg.1215	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	38791	38910	1	+	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.1216	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	38973	40226	3	+	1254
EM17	fig 6666666.2814.peg.1217	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	40353	41138	3	+	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.1218	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	41135	41839	2	+	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.1219	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	41832	42743	3	+	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.1220	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	43662	42865	-3	-	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.1221	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	44798	43830	-2	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.1222	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	45149	46264	2	+	1116
EM17	fig 6666666.2814.peg.1223	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	48285	46327	-3	-	1959
EM17	fig 6666666.2814.peg.1224	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	50088	48466	-3	-	1623
EM17	fig 6666666.2814.peg.1225	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	51300	50425	-3	-	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.1226	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	51794	51393	-2	-	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.1227	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	52086	52982	3	+	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.1228	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	53015	55048	2	+	2034
EM17	fig 6666666.2814.peg.1229	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	55048	56547	1	+	1500
EM17	fig 6666666.2814.peg.1230	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	56548	57762	1	+	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.1231	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	57825	58277	3	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.1232	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	58300	58896	1	+	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.1233	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	58886	59263	2	+	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.1234	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	59250	59930	3	+	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.1235	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	59930	60964	2	+	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.1236	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	60957	62186	3	+	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.1237	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	62186	62677	2	+	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.1238	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	62674	63435	1	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.1239	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	63446	63997	2	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.1240	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	64003	64821	1	+	819
EM17	fig 6666666.2814.peg.1241	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	64940	65524	2	+	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.1242	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	67686	65605	-3	-	2082
EM17	fig 6666666.2814.peg.1243	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	68040	67708	-3	-	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.1244	CDS	EM17Vibriofischericontig00015	68339	68704	2	+	366
EM17	fig 6666666.2814.peg.1245	CDS	EM17Vibriofischericontig00017	1499	1185	-2	-	315
EM17	fig 6666666.2814.peg.1246	CDS	EM17Vibriofischericontig00017	2553	1576	-3	-	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.1247	CDS	EM17Vibriofischericontig00017	2747	2544	-2	-	204
EM17	fig 6666666.2814.peg.1248	CDS	EM17Vibriofischericontig00017	3109	2744	-1	-	366
EM17	fig 6666666.2814.peg.1249	CDS	EM17Vibriofischericontig00017	3710	3120	-2	-	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.1250	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	853	50	-1	-	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.1251	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	1061	1786	2	+	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.1252	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	1894	2400	1	+	507
EM17	fig 6666666.2814.peg.1253	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	2387	3646	2	+	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.1254	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	3681	4064	3	+	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.1255	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	4189	4512	1	+	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.1256	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	4528	5043	1	+	516
EM17	fig 6666666.2814.peg.1257	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	5082	6932	3	+	1851
EM17	fig 6666666.2814.peg.1258	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	6935	7273	2	+	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.1259	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	7396	7596	1	+	201
EM17	fig 6666666.2814.peg.1260	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	7827	9113	3	+	1287
EM17	fig 6666666.2814.peg.1261	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	9402	9836	3	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.1262	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	10076	11194	2	+	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.1263	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	11225	11995	2	+	771

EM17	fig 6666666.2814.peg.1264	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	11976	12890	3	+	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.1265	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	12903	14021	3	+	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.1266	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	14060	15328	2	+	1269
EM17	fig 6666666.2814.peg.1267	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	15340	15951	1	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.1268	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	15962	17119	2	+	1158
EM17	fig 6666666.2814.peg.1269	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	17301	18803	3	+	1503
EM17	fig 6666666.2814.peg.1270	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	18883	19758	1	+	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.1271	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	20076	20309	3	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.1272	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	21651	20302	-3	-	1350
EM17	fig 6666666.2814.peg.1273	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	21860	23323	2	+	1464
EM17	fig 6666666.2814.peg.1274	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	23543	25096	2	+	1554
EM17	fig 6666666.2814.peg.1275	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	25372	26931	1	+	1560
EM17	fig 6666666.2814.peg.1276	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	27640	27005	-1	-	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.1277	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	28977	27700	-3	-	1278
EM17	fig 6666666.2814.peg.1278	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	29383	29003	-1	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.1279	CDS	EM17Vibriofischericontig00018	29680	30984	1	+	1305
EM17	fig 6666666.2814.peg.1280	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	362	1069	2	+	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.1281	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	2322	4013	3	+	1692
EM17	fig 6666666.2814.peg.1282	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	4900	4085	-1	-	816
EM17	fig 6666666.2814.peg.1283	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	5481	4981	-3	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.1284	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	5800	8154	1	+	2355
EM17	fig 6666666.2814.peg.1285	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	8156	9037	2	+	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.1286	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	9938	9099	-2	-	840
EM17	fig 6666666.2814.peg.1287	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	10142	10834	2	+	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.1288	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	11122	10823	-1	-	300
EM17	fig 6666666.2814.peg.1289	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	11547	11122	-3	-	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.1290	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	11684	11935	2	+	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.1291	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	12187	11957	-1	-	231
EM17	fig 6666666.2814.peg.1292	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	13227	12334	-3	-	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.1293	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	13450	14049	1	+	600
EM17	fig 6666666.2814.peg.1294	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	14079	15011	3	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.1295	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	15218	15946	2	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.1296	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	17326	15926	-1	-	1401
EM17	fig 6666666.2814.peg.1297	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	18288	17314	-3	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.1298	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	19229	18363	-2	-	867
EM17	fig 6666666.2814.peg.1299	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	19999	19235	-1	-	765
EM17	fig 6666666.2814.peg.1300	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	21746	20013	-2	-	1734
EM17	fig 6666666.2814.peg.1301	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	22888	21743	-1	-	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.1302	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	23448	24662	3	+	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.1303	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	26461	24719	-1	-	1743
EM17	fig 6666666.2814.peg.1304	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	26642	26824	2	+	183
EM17	fig 6666666.2814.peg.1305	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	27377	26844	-2	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.1306	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	27488	28051	2	+	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.1307	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	28932	28048	-3	-	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.1308	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	29125	30273	1	+	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.1309	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	31637	30333	-2	-	1305
EM17	fig 6666666.2814.peg.1310	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	32688	31816	-3	-	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.1311	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	34180	32783	-1	-	1398
EM17	fig 6666666.2814.peg.1312	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	34417	35763	1	+	1347

EM17	fig 6666666.2814.peg.1313	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	36447	35824	-3	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.1314	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	36461	36715	2	+	255
EM17	fig 6666666.2814.peg.1315	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	37597	36995	-1	-	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.1316	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	38034	37699	-3	-	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.1317	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	40265	38139	-2	-	2127
EM17	fig 6666666.2814.peg.1318	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	40914	40369	-3	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.1319	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	42580	41474	-1	-	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.1320	CDS	EM17Vibriofischericontig00019	42823	43698	1	+	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.1321	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	961	182	-1	-	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.1322	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	2413	1055	-1	-	1359
EM17	fig 6666666.2814.peg.1323	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	4127	2565	-2	-	1563
EM17	fig 6666666.2814.peg.1324	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	6522	4303	-3	-	2220
EM17	fig 6666666.2814.peg.1325	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	7466	6621	-2	-	846
EM17	fig 6666666.2814.peg.1326	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	7571	8122	2	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.1327	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	8204	8977	2	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.1328	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	9468	9019	-3	-	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.1329	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	9737	9468	-2	-	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.1330	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	10722	12077	3	+	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.1331	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	12110	12415	2	+	306
EM17	fig 6666666.2814.peg.1332	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	12455	13864	2	+	1410
EM17	fig 6666666.2814.peg.1333	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	13891	14826	1	+	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.1334	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	14838	15161	3	+	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.1335	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	15231	16235	3	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.1336	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	16495	17772	1	+	1278
EM17	fig 6666666.2814.peg.1337	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	18147	17839	-3	-	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.1338	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	19188	18151	-3	-	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.1339	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	19273	19605	1	+	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.1340	CDS	EM17Vibriofischericontig00020	19607	20386	2	+	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.1341	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	127	2457	1	+	2331
EM17	fig 6666666.2814.peg.1342	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	2652	3881	3	+	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.1343	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	4293	3952	-3	-	342
EM17	fig 6666666.2814.peg.1344	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	5406	4375	-3	-	1032
EM17	fig 6666666.2814.peg.1345	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	6602	5406	-2	-	1197
EM17	fig 6666666.2814.peg.1346	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	6725	7657	2	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.1347	CDS	EM17Vibriofischericontig00021	7654	8031	1	+	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.1348	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	1328	24	-2	-	1305
EM17	fig 6666666.2814.peg.1349	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	1789	2832	1	+	1044
EM17	fig 6666666.2814.peg.1350	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	4024	2993	-1	-	1032
EM17	fig 6666666.2814.peg.1351	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	5104	4121	-1	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.1352	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	5229	6749	3	+	1521
EM17	fig 6666666.2814.peg.1353	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	7554	6784	-3	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.1354	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	8658	7561	-3	-	1098
EM17	fig 6666666.2814.peg.1355	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	9355	8720	-1	-	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.1356	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	9440	9652	2	+	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.1357	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	9774	10295	3	+	522
EM17	fig 6666666.2814.peg.1358	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	10306	10626	1	+	321
EM17	fig 6666666.2814.peg.1359	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	10906	11028	1	+	123
EM17	fig 6666666.2814.peg.1360	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	11025	11153	3	+	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.1361	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	11156	11386	2	+	231

EM17	fig 6666666.2814.peg.1362	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	11383	11685	1	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.1363	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	11682	12194	3	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.1364	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	12194	14695	2	+	2502
EM17	fig 6666666.2814.peg.1365	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	14794	15009	1	+	216
EM17	fig 6666666.2814.peg.1366	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	15413	15285	-2	-	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.1367	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	15745	16032	1	+	288
EM17	fig 6666666.2814.peg.1368	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	16075	16320	1	+	246
EM17	fig 6666666.2814.peg.1369	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	17747	16734	-2	-	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.1370	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	19525	17744	-1	-	1782
EM17	fig 6666666.2814.peg.1371	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	19693	20604	1	+	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.1372	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	20604	21620	3	+	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.1373	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	21623	22336	2	+	714
EM17	fig 6666666.2814.peg.1374	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	22452	22916	3	+	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.1375	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	22913	23392	2	+	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.1376	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	23385	24044	3	+	660
EM17	fig 6666666.2814.peg.1377	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	24047	25180	2	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.1378	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	25183	25632	1	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.1379	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	25633	25848	1	+	216
EM17	fig 6666666.2814.peg.1380	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	25845	26267	3	+	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.1381	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	26270	26506	2	+	237
EM17	fig 6666666.2814.peg.1382	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	26509	26748	1	+	240
EM17	fig 6666666.2814.peg.1383	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	26745	27017	3	+	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.1384	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	27220	29016	1	+	1797
EM17	fig 6666666.2814.peg.1385	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	28997	29353	2	+	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.1386	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	29350	30555	1	+	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.1387	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	30548	31129	2	+	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.1388	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	31132	32673	1	+	1542
EM17	fig 6666666.2814.peg.1389	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	32673	33440	3	+	768
EM17	fig 6666666.2814.peg.1390	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	33437	34327	2	+	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.1391	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	34338	34811	3	+	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1392	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	34808	36442	2	+	1635
EM17	fig 6666666.2814.peg.1393	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	36444	36641	3	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.1394	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	37193	36684	-2	-	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.1395	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	37314	37186	-3	-	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.1396	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	37683	37985	3	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.1397	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	37979	38200	2	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.1398	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	38236	38373	1	+	138
EM17	fig 6666666.2814.peg.1399	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	38692	38931	1	+	240
EM17	fig 6666666.2814.peg.1400	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	39555	39007	-3	-	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.1401	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	40107	39910	-3	-	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.1402	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	40429	41742	1	+	1314
EM17	fig 6666666.2814.peg.1403	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	41832	42488	3	+	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.1404	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	46640	42549	-2	-	4092
EM17	fig 6666666.2814.peg.1405	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	47533	46673	-1	-	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.1406	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	47782	48564	1	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.1407	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	48773	49720	2	+	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.1408	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	51797	49806	-2	-	1992
EM17	fig 6666666.2814.peg.1409	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	52921	51971	-1	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.1410	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	54945	53284	-3	-	1662

EM17	fig 6666666.2814.peg.1411	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	56780	54951	-2	-	1830
EM17	fig 6666666.2814.peg.1412	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	57765	56800	-3	-	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.1413	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	58291	57758	-1	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.1414	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	59250	58291	-3	-	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.1415	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	60255	59299	-3	-	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.1416	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	60448	62361	1	+	1914
EM17	fig 6666666.2814.peg.1417	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	62441	62641	2	+	201
EM17	fig 6666666.2814.peg.1418	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	63448	62744	-1	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.1419	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	63593	64018	2	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.1420	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	64041	64865	3	+	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.1421	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	64883	65041	2	+	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.1422	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	66031	65048	-1	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.1423	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	66353	66802	2	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.1424	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	67035	67343	3	+	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.1425	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	67589	67996	2	+	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.1426	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	67950	68261	3	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.1427	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	68691	68473	-3	-	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.1428	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	68942	69586	2	+	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.1429	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	69714	71141	3	+	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.1430	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	71285	71917	2	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.1431	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	72065	72553	2	+	489
EM17	fig 6666666.2814.peg.1432	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	72956	73138	2	+	183
EM17	fig 6666666.2814.peg.1433	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	73111	73266	1	+	156
EM17	fig 6666666.2814.peg.1434	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	73307	73750	2	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.1435	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	74272	75396	1	+	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.1436	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	75565	76194	1	+	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.1437	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	76347	77132	3	+	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.1438	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	77745	77287	-3	-	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.1439	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	77989	78486	1	+	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.1440	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	78693	79322	3	+	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.1441	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	79584	79817	3	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.1442	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	79997	80770	2	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.1443	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	80915	81460	2	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.1444	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	82075	82992	1	+	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.1445	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	83143	83838	1	+	696
EM17	fig 6666666.2814.peg.1446	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	84552	85088	3	+	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.1447	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	85369	85581	1	+	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.1448	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	85727	86071	2	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.1449	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	86274	86417	3	+	144
EM17	fig 6666666.2814.peg.1450	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	86514	86948	3	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.1451	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	87173	87018	-2	-	156
EM17	fig 6666666.2814.peg.1452	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	87295	87459	1	+	165
EM17	fig 6666666.2814.peg.1453	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	87583	88287	1	+	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.1454	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	89410	89985	1	+	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.1455	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	90181	90711	1	+	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.1456	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	91010	90783	-2	-	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.1457	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	91213	91461	1	+	249
EM17	fig 6666666.2814.peg.1458	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	91654	91824	1	+	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.1459	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	93136	91859	-1	-	1278



EM17	fig 6666666.2814.peg.1460	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	95146	93500	-1	-	1647
EM17	fig 6666666.2814.peg.1461	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	95424	95543	3	+	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.1462	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	95722	97125	1	+	1404
EM17	fig 6666666.2814.peg.1463	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	97402	97692	1	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.1464	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	98321	97698	-2	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.1465	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	100746	98392	-3	-	2355
EM17	fig 6666666.2814.peg.1466	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	102093	100855	-3	-	1239
EM17	fig 6666666.2814.peg.1467	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	102410	102961	2	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.1468	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	103287	103673	3	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.1469	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	103789	104793	1	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.1470	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	104793	105236	3	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.1471	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	105608	105300	-2	-	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.1472	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	106127	105708	-2	-	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.1473	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	106279	106932	1	+	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.1474	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	107031	107216	3	+	186
EM17	fig 6666666.2814.peg.1475	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	108050	107220	-2	-	831
EM17	fig 6666666.2814.peg.1476	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	108205	108717	1	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.1477	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	108724	109233	1	+	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.1478	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	109933	109271	-1	-	663
EM17	fig 6666666.2814.peg.1479	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	110072	111199	2	+	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.1480	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	112124	111201	-2	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.1481	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	112778	112164	-2	-	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.1482	CDS	EM17Vibriofischericontig00022	112976	113182	2	+	207
EM17	fig 6666666.2814.peg.1483	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	469	1140	1	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.1484	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	1227	2015	3	+	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.1485	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	2008	2181	1	+	174
EM17	fig 6666666.2814.peg.1486	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	2168	3052	2	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.1487	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	3153	4433	3	+	1281
EM17	fig 6666666.2814.peg.1488	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	4443	5000	3	+	558
EM17	fig 6666666.2814.peg.1489	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	5062	5553	1	+	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.1490	CDS	EM17Vibriofischericontig00023	5588	7102	2	+	1515
EM17	fig 6666666.2814.peg.1491	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	1318	1100	-1	-	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.1492	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	3402	1315	-3	-	2088
EM17	fig 6666666.2814.peg.1493	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	3853	3377	-1	-	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.1494	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	4060	3860	-1	-	201
EM17	fig 6666666.2814.peg.1495	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	4421	4053	-2	-	369
EM17	fig 6666666.2814.peg.1496	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	4950	4423	-3	-	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.1497	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	5143	4931	-1	-	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.1498	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	5418	7046	3	+	1629
EM17	fig 6666666.2814.peg.1499	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	7039	7158	1	+	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.1500	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	7155	8075	3	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.1501	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	8715	8152	-3	-	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.1502	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	8906	8712	-2	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.1503	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	9631	8903	-1	-	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.1504	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	10348	9641	-1	-	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.1505	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	10476	10345	-3	-	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.1506	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	11034	10489	-3	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.1507	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	11301	11077	-3	-	225
EM17	fig 6666666.2814.peg.1508	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	11442	12080	3	+	639

EM17	fig 6666666.2814.peg.1509	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	12214	12795	1	+	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.1510	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	12792	13637	3	+	846
EM17	fig 6666666.2814.peg.1511	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	13768	14025	1	+	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.1512	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	14197	14436	1	+	240
EM17	fig 6666666.2814.peg.1513	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	14433	15104	3	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.1514	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	15092	15475	2	+	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.1515	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	15552	15836	3	+	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.1516	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	16101	17456	3	+	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.1517	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	18700	17546	-1	-	1155
EM17	fig 6666666.2814.peg.1518	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	18868	18710	-1	-	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.1519	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	19007	19429	2	+	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.1520	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	19596	21020	3	+	1425
EM17	fig 6666666.2814.peg.1521	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	21059	21367	2	+	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.1522	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	21367	22041	1	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.1523	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	22193	23086	2	+	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.1524	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	24336	23173	-3	-	1164
EM17	fig 6666666.2814.peg.1525	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	24553	25728	1	+	1176
EM17	fig 6666666.2814.peg.1526	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	25917	27107	3	+	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.1527	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	28365	27172	-3	-	1194
EM17	fig 6666666.2814.peg.1528	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	29372	28398	-2	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.1529	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	29640	30419	3	+	780
EM17	fig 6666666.2814.peg.1530	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	31241	30483	-2	-	759
EM17	fig 6666666.2814.peg.1531	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	31465	31848	1	+	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.1532	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	32265	31879	-3	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.1533	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	34200	32518	-3	-	1683
EM17	fig 6666666.2814.peg.1534	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	34553	34266	-2	-	288
EM17	fig 6666666.2814.peg.1535	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	35339	34593	-2	-	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.1536	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	35516	36619	2	+	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.1537	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	37209	36736	-3	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1538	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	41215	37319	-1	-	3897
EM17	fig 6666666.2814.peg.1539	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	41397	41723	3	+	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.1540	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	42028	41756	-1	-	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.1541	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	42115	43518	1	+	1404
EM17	fig 6666666.2814.peg.1542	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	43814	45775	2	+	1962
EM17	fig 6666666.2814.peg.1543	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	45939	47129	3	+	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.1544	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	59139	47230	-3	-	11910
EM17	fig 6666666.2814.peg.1545	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	59361	59711	3	+	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.1546	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	61682	59778	-2	-	1905
EM17	fig 6666666.2814.peg.1547	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	62517	61876	-3	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.1548	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	62762	64132	2	+	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.1549	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	65034	64504	-3	-	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.1550	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	66642	65125	-3	-	1518
EM17	fig 6666666.2814.peg.1551	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	66889	67521	1	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.1552	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	67521	69341	3	+	1821
EM17	fig 6666666.2814.peg.1553	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	69530	72346	2	+	2817
EM17	fig 6666666.2814.peg.1554	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	72507	72809	3	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.1555	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	73505	73032	-2	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1556	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	73722	74873	3	+	1152
EM17	fig 6666666.2814.peg.1557	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	75767	75009	-2	-	759

EM17	fig 6666666.2814.peg.1558	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	78313	75998	-1	-	2316
EM17	fig 6666666.2814.peg.1559	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	78876	78460	-3	-	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.1560	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	80549	79005	-2	-	1545
EM17	fig 6666666.2814.peg.1561	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	83786	80754	-2	-	3033
EM17	fig 6666666.2814.peg.1562	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	83968	84657	1	+	690
EM17	fig 6666666.2814.peg.1563	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	85829	84768	-2	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.1564	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	86168	86857	2	+	690
EM17	fig 6666666.2814.peg.1565	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	86971	87153	1	+	183
EM17	fig 6666666.2814.peg.1566	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	87832	87137	-1	-	696
EM17	fig 6666666.2814.peg.1567	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	88767	87841	-3	-	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.1568	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	89172	90200	3	+	1029
EM17	fig 6666666.2814.peg.1569	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	90490	91458	1	+	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.1570	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	91461	92558	3	+	1098
EM17	fig 6666666.2814.peg.1571	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	92586	93335	3	+	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.1572	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	93554	94216	2	+	663
EM17	fig 6666666.2814.peg.1573	CDS	EM17Vibriofischericontig00024	95304	94312	-3	-	993
EM17	fig 6666666.2814.peg.1574	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	624	151	-3	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1575	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	728	1228	2	+	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.1576	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	1209	1808	3	+	600
EM17	fig 6666666.2814.peg.1577	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	1805	3019	2	+	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.1578	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	3009	3437	3	+	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.1579	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	4598	3474	-2	-	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.1580	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	4795	5667	1	+	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.1581	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	5874	5686	-3	-	189
EM17	fig 6666666.2814.peg.1582	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	7022	5991	-2	-	1032
EM17	fig 6666666.2814.peg.1583	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	7530	7240	-3	-	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.1584	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	7721	8356	2	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.1585	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	9263	8385	-2	-	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.1586	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	9399	10388	3	+	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.1587	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	10470	13889	3	+	3420
EM17	fig 6666666.2814.peg.1588	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	14181	17810	3	+	3630
EM17	fig 6666666.2814.peg.1589	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	17803	19821	1	+	2019
EM17	fig 6666666.2814.peg.1590	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	20032	20385	1	+	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.1591	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	21822	20482	-3	-	1341
EM17	fig 6666666.2814.peg.1592	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	21975	22358	3	+	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.1593	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	22549	23649	1	+	1101
EM17	fig 6666666.2814.peg.1594	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	23743	24558	1	+	816
EM17	fig 6666666.2814.peg.1595	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	25079	24642	-2	-	438
EM17	fig 6666666.2814.peg.1596	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	26320	25103	-1	-	1218
EM17	fig 6666666.2814.peg.1597	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	26689	27597	1	+	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.1598	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	27587	27976	2	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.1599	CDS	EM17Vibriofischericontig00025	27985	29064	1	+	1080
EM17	fig 6666666.2814.peg.1600	CDS	EM17Vibriofischericontig00026	347	844	2	+	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.1601	CDS	EM17Vibriofischericontig00026	847	1431	1	+	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.1602	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	208	510	1	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.1603	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	1253	531	-2	-	723
EM17	fig 6666666.2814.peg.1604	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	1379	1612	2	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.1605	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	3347	1827	-2	-	1521
EM17	fig 6666666.2814.peg.1606	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	3972	3445	-3	-	528

EM17	fig 6666666.2814.peg.1607	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	6384	4474	-3	-	1911
EM17	fig 6666666.2814.peg.1608	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	6765	7337	3	+	573
EM17	fig 6666666.2814.peg.1609	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	7631	8317	2	+	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.1610	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	8552	8382	-2	-	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.1611	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	9675	8689	-3	-	987
EM17	fig 6666666.2814.peg.1612	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	11520	9835	-3	-	1686
EM17	fig 6666666.2814.peg.1613	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	11651	12550	2	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.1614	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	13052	12501	-2	-	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.1615	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	13723	15297	1	+	1575
EM17	fig 6666666.2814.peg.1616	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	15545	15925	2	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.1617	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	16632	17426	3	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.1618	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	17410	17631	1	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.1619	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	17811	17602	-3	-	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.1620	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	17825	19225	2	+	1401
EM17	fig 6666666.2814.peg.1621	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	19589	20434	2	+	846
EM17	fig 6666666.2814.peg.1622	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	20816	20439	-2	-	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.1623	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	21949	20819	-1	-	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.1624	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	23636	22152	-2	-	1485
EM17	fig 6666666.2814.peg.1625	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	23932	23801	-1	-	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.1626	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	24281	24934	2	+	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.1627	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	25024	25647	1	+	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.1628	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	27414	25729	-3	-	1686
EM17	fig 6666666.2814.peg.1629	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	29161	27779	-1	-	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.1630	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	29899	30645	1	+	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.1631	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	30797	32266	2	+	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.1632	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	34976	32322	-2	-	2655
EM17	fig 6666666.2814.peg.1633	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	35303	36160	2	+	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.1634	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	37255	36248	-1	-	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.1635	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	38238	37321	-3	-	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.1636	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	39307	38429	-1	-	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.1637	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	40425	39439	-3	-	987
EM17	fig 6666666.2814.peg.1638	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	41936	40422	-2	-	1515
EM17	fig 6666666.2814.peg.1639	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	42368	41949	-2	-	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.1640	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	44594	42684	-2	-	1911
EM17	fig 6666666.2814.peg.1641	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	45028	45606	1	+	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.1642	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	45639	46058	3	+	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.1643	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	46198	47463	1	+	1266
EM17	fig 6666666.2814.peg.1644	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	47560	48012	1	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.1645	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	48695	48090	-2	-	606
EM17	fig 6666666.2814.peg.1646	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	48860	49021	2	+	162
EM17	fig 6666666.2814.peg.1647	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	49077	49529	3	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.1648	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	49639	49983	1	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.1649	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	50228	50031	-2	-	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.1650	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	50665	50225	-1	-	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.1651	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	50949	50665	-3	-	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.1652	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	51168	51512	3	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.1653	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	51520	51795	1	+	276
EM17	fig 6666666.2814.peg.1654	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	52244	51858	-2	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.1655	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	53428	52265	-1	-	1164

EM17	fig 6666666.2814.peg.1656	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	54514	53609	-1	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.1657	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	56133	54583	-3	-	1551
EM17	fig 6666666.2814.peg.1658	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	56358	57905	3	+	1548
EM17	fig 6666666.2814.peg.1659	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	58107	60383	3	+	2277
EM17	fig 6666666.2814.peg.1660	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	60464	61477	2	+	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.1661	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	61486	62424	1	+	939
EM17	fig 6666666.2814.peg.1662	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	62421	62960	3	+	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.1663	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	62950	64020	1	+	1071
EM17	fig 6666666.2814.peg.1664	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	64013	65710	2	+	1698
EM17	fig 6666666.2814.peg.1665	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	65710	67020	1	+	1311
EM17	fig 6666666.2814.peg.1666	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	67192	68013	1	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.1667	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	68881	68087	-1	-	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.1668	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	69083	70399	2	+	1317
EM17	fig 6666666.2814.peg.1669	CDS	EM17Vibriofischericontig00027	70453	71457	1	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.1670	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	359	1594	2	+	1236
EM17	fig 6666666.2814.peg.1671	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	1840	1604	-1	-	237
EM17	fig 6666666.2814.peg.1672	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	1973	3100	2	+	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.1673	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	4119	3160	-3	-	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.1674	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	4362	5372	3	+	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.1675	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	6054	5383	-3	-	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.1676	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	6287	6141	-2	-	147
EM17	fig 6666666.2814.peg.1677	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	6765	6926	3	+	162
EM17	fig 6666666.2814.peg.1678	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	7837	6929	-1	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.1679	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	8883	7981	-3	-	903
EM17	fig 6666666.2814.peg.1680	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	8965	9630	1	+	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.1681	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	9695	10861	2	+	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.1682	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	10935	12083	3	+	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.1683	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	12216	12623	3	+	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.1684	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	12779	13108	2	+	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.1685	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	13224	13841	3	+	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.1686	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	13849	15765	1	+	1917
EM17	fig 6666666.2814.peg.1687	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	16191	17291	3	+	1101
EM17	fig 6666666.2814.peg.1688	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	18746	17325	-2	-	1422
EM17	fig 6666666.2814.peg.1689	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	18990	19550	3	+	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.1690	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	19510	19656	1	+	147
EM17	fig 6666666.2814.peg.1691	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	20020	19646	-1	-	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.1692	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	20057	20278	2	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.1693	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	21071	20283	-2	-	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.1694	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	21614	21994	2	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.1695	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	22129	23358	1	+	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.1696	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	27767	23604	-2	-	4164
EM17	fig 6666666.2814.peg.1697	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	28063	29715	1	+	1653
EM17	fig 6666666.2814.peg.1698	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	29712	30152	3	+	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.1699	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	30143	31078	2	+	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.1700	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	31075	32346	1	+	1272
EM17	fig 6666666.2814.peg.1701	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	32740	33786	1	+	1047
EM17	fig 6666666.2814.peg.1702	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	35790	33829	-3	-	1962
EM17	fig 6666666.2814.peg.1703	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	35968	35822	-1	-	147
EM17	fig 6666666.2814.peg.1704	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	36319	38019	1	+	1701

EM17	fig 6666666.2814.peg.1705	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	39129	38041	-3	-	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.1706	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	39637	40758	1	+	1122
EM17	fig 6666666.2814.peg.1707	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	42335	40788	-2	-	1548
EM17	fig 6666666.2814.peg.1708	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	43280	42513	-2	-	768
EM17	fig 6666666.2814.peg.1709	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	43862	46255	2	+	2394
EM17	fig 6666666.2814.peg.1710	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	46530	46643	3	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.1711	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	48227	46713	-2	-	1515
EM17	fig 6666666.2814.peg.1712	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	49142	48291	-2	-	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.1713	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	49529	49924	2	+	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.1714	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	49943	52153	2	+	2211
EM17	fig 6666666.2814.peg.1715	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	52554	52156	-3	-	399
EM17	fig 6666666.2814.peg.1716	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	53152	52571	-1	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.1717	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	54052	53327	-1	-	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.1718	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	55363	54092	-1	-	1272
EM17	fig 6666666.2814.peg.1719	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	55904	55365	-2	-	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.1720	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	56352	55888	-3	-	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.1721	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	57125	56382	-2	-	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.1722	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	57996	57115	-3	-	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.1723	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	58919	57996	-2	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.1724	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	60202	58916	-1	-	1287
EM17	fig 6666666.2814.peg.1725	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	61422	60205	-3	-	1218
EM17	fig 6666666.2814.peg.1726	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	61816	61424	-1	-	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.1727	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	61961	61785	-2	-	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.1728	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	63052	61958	-1	-	1095
EM17	fig 6666666.2814.peg.1729	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	63279	63067	-3	-	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.1730	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	64075	63290	-1	-	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.1731	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	64738	64526	-1	-	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.1732	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	65408	65088	-2	-	321
EM17	fig 6666666.2814.peg.1733	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	66345	65377	-3	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.1734	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	67405	66515	-1	-	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.1735	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	67947	68789	3	+	843
EM17	fig 6666666.2814.peg.1736	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	68902	70338	1	+	1437
EM17	fig 6666666.2814.peg.1737	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	70380	71918	3	+	1539
EM17	fig 6666666.2814.peg.1738	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	73412	71988	-2	-	1425
EM17	fig 6666666.2814.peg.1739	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	74086	73400	-1	-	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.1740	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	75805	74186	-1	-	1620
EM17	fig 6666666.2814.peg.1741	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	77341	75944	-1	-	1398
EM17	fig 6666666.2814.peg.1742	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	77504	78670	2	+	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.1743	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	78752	79720	2	+	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.1744	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	79996	80934	1	+	939
EM17	fig 6666666.2814.peg.1745	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	81089	81691	2	+	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.1746	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	81892	81743	-1	-	150
EM17	fig 6666666.2814.peg.1747	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	82204	82593	1	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.1748	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	83776	82646	-1	-	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.1749	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	84026	84505	2	+	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.1750	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	85750	84569	-1	-	1182
EM17	fig 6666666.2814.peg.1751	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	86367	85747	-3	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.1752	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	86771	86367	-2	-	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.1753	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	87277	86768	-1	-	510

EM17	fig 6666666.2814.peg.1754	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	88632	87277	-3	-	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.1755	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	89401	88634	-1	-	768
EM17	fig 6666666.2814.peg.1756	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	91614	89512	-3	-	2103
EM17	fig 6666666.2814.peg.1757	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	91784	91635	-2	-	150
EM17	fig 6666666.2814.peg.1758	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	91974	93065	3	+	1092
EM17	fig 6666666.2814.peg.1759	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	93078	95531	3	+	2454
EM17	fig 6666666.2814.peg.1760	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	96277	95636	-1	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.1761	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	97060	96278	-1	-	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.1762	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	98775	97057	-3	-	1719
EM17	fig 6666666.2814.peg.1763	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	99320	98778	-2	-	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.1764	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	100313	99330	-2	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.1765	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	101979	100597	-3	-	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.1766	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	102656	101991	-2	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.1767	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	102851	103231	2	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.1768	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	103335	104015	3	+	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.1769	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	104020	105360	1	+	1341
EM17	fig 6666666.2814.peg.1770	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	105851	105378	-2	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1771	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	106185	105874	-3	-	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.1772	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	106293	107213	3	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.1773	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	107430	107762	3	+	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.1774	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	107826	107954	3	+	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.1775	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	108105	108983	3	+	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.1776	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	110733	109108	-3	-	1626
EM17	fig 6666666.2814.peg.1777	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	112821	111196	-3	-	1626
EM17	fig 6666666.2814.peg.1778	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	114383	113133	-2	-	1251
EM17	fig 6666666.2814.peg.1779	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	115072	114620	-1	-	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.1780	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	116005	115082	-1	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.1781	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	118362	116188	-3	-	2175
EM17	fig 6666666.2814.peg.1782	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	119764	118466	-1	-	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.1783	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	121553	119793	-2	-	1761
EM17	fig 6666666.2814.peg.1784	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	122464	121553	-1	-	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.1785	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	124232	122457	-2	-	1776
EM17	fig 6666666.2814.peg.1786	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	126385	124382	-1	-	2004
EM17	fig 6666666.2814.peg.1787	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	126966	126397	-3	-	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.1788	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	127966	127328	-1	-	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.1789	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	128230	129441	1	+	1212
EM17	fig 6666666.2814.peg.1790	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	130188	129451	-3	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.1791	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	131715	130273	-3	-	1443
EM17	fig 6666666.2814.peg.1792	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	132018	133406	3	+	1389
EM17	fig 6666666.2814.peg.1793	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	134709	133507	-3	-	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.1794	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	135763	134960	-1	-	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.1795	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	136410	135847	-3	-	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.1796	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	138158	136647	-2	-	1512
EM17	fig 6666666.2814.peg.1797	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	139035	138313	-3	-	723
EM17	fig 6666666.2814.peg.1798	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	139708	140094	1	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.1799	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	140355	140161	-3	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.1800	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	140751	140972	3	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.1801	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	141503	141003	-2	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.1802	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	141817	142755	1	+	939

EM17	fig 6666666.2814.peg.1803	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	144353	142872	-2	-	1482
EM17	fig 6666666.2814.peg.1804	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	144881	147178	2	+	2298
EM17	fig 6666666.2814.peg.1805	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	147535	148923	1	+	1389
EM17	fig 6666666.2814.peg.1806	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	149956	149009	-1	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.1807	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	150512	151543	2	+	1032
EM17	fig 6666666.2814.peg.1808	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	151631	153670	2	+	2040
EM17	fig 6666666.2814.peg.1809	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	153878	154957	2	+	1080
EM17	fig 6666666.2814.peg.1810	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	154954	156588	1	+	1635
EM17	fig 6666666.2814.peg.1811	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	156597	158609	3	+	2013
EM17	fig 6666666.2814.peg.1812	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	158609	158956	2	+	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.1813	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	160189	159041	-1	-	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.1814	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	160839	160189	-3	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.1815	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	165333	160975	-3	-	4359
EM17	fig 6666666.2814.peg.1816	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	166058	165330	-2	-	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.1817	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	167388	166039	-3	-	1350
EM17	fig 6666666.2814.peg.1818	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	168988	167390	-1	-	1599
EM17	fig 6666666.2814.peg.1819	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	169383	169802	3	+	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.1820	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	170099	169863	-2	-	237
EM17	fig 6666666.2814.peg.1821	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	171091	170264	-1	-	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.1822	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	171699	171250	-3	-	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.1823	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	172952	171696	-2	-	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.1824	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	173237	172968	-2	-	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.1825	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	173905	173528	-1	-	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.1826	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	174199	174906	1	+	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.1827	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	176323	175466	-1	-	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.1828	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	177772	177521	-1	-	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.1829	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	178066	177872	-1	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.1830	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	178179	178063	-3	-	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.1831	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	178981	178433	-1	-	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.1832	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	181347	178978	-3	-	2370
EM17	fig 6666666.2814.peg.1833	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	181882	181532	-1	-	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.1834	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	183551	182067	-2	-	1485
EM17	fig 6666666.2814.peg.1835	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	185352	183886	-3	-	1467
EM17	fig 6666666.2814.peg.1836	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	185684	186796	2	+	1113
EM17	fig 6666666.2814.peg.1837	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	187326	186853	-3	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.1838	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	189482	187338	-2	-	2145
EM17	fig 6666666.2814.peg.1839	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	189877	190182	1	+	306
EM17	fig 6666666.2814.peg.1840	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	190195	191298	1	+	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.1841	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	191362	192261	1	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.1842	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	193194	192265	-3	-	930
EM17	fig 6666666.2814.peg.1843	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	193926	193390	-3	-	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.1844	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	195171	194002	-3	-	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.1845	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	195390	196049	3	+	660
EM17	fig 6666666.2814.peg.1846	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	196247	196125	-2	-	123
EM17	fig 6666666.2814.peg.1847	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	197797	196697	-1	-	1101
EM17	fig 6666666.2814.peg.1848	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	198720	197794	-3	-	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.1849	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	199675	198725	-1	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.1850	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	199867	200352	1	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.1851	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	200772	200344	-3	-	429



EM17	fig 6666666.2814.peg.1852	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	201091	200807	-1	-	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.1853	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	201799	202194	1	+	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.1854	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	202282	202398	1	+	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.1855	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	204408	202525	-3	-	1884
EM17	fig 6666666.2814.peg.1856	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	204855	207263	3	+	2409
EM17	fig 6666666.2814.peg.1857	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	208263	207331	-3	-	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.1858	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	209019	208345	-3	-	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.1859	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	209730	209113	-3	-	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.1860	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	211436	209739	-2	-	1698
EM17	fig 6666666.2814.peg.1861	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	211849	212832	1	+	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.1862	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	212925	214658	3	+	1734
EM17	fig 6666666.2814.peg.1863	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	214655	215428	2	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.1864	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	215444	216121	2	+	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.1865	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	216362	217507	2	+	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.1866	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	217600	219186	1	+	1587
EM17	fig 6666666.2814.peg.1867	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	219200	219847	2	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.1868	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	219840	220448	3	+	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.1869	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	221897	220527	-2	-	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.1870	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	222374	223930	2	+	1557
EM17	fig 6666666.2814.peg.1871	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	224091	225938	3	+	1848
EM17	fig 6666666.2814.peg.1872	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	226973	225984	-2	-	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.1873	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	227710	227096	-1	-	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.1874	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	227945	229012	2	+	1068
EM17	fig 6666666.2814.peg.1875	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	229174	230928	1	+	1755
EM17	fig 6666666.2814.peg.1876	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	231096	232190	3	+	1095
EM17	fig 6666666.2814.peg.1877	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	232562	233086	2	+	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.1878	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	233076	233612	3	+	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.1879	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	233612	234406	2	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.1880	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	234546	234812	3	+	267
EM17	fig 6666666.2814.peg.1881	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	234805	239199	1	+	4395
EM17	fig 6666666.2814.peg.1882	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	239222	240142	2	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.1883	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	240407	241882	2	+	1476
EM17	fig 6666666.2814.peg.1884	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	243668	241941	-2	-	1728
EM17	fig 6666666.2814.peg.1885	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	244220	243687	-2	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.1886	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	244508	244969	2	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.1887	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	245792	245019	-2	-	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.1888	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	246175	246357	1	+	183
EM17	fig 6666666.2814.peg.1889	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	246367	247575	1	+	1209
EM17	fig 6666666.2814.peg.1890	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	248413	247667	-1	-	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.1891	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	249157	248423	-1	-	735
EM17	fig 6666666.2814.peg.1892	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	249685	249167	-1	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.1893	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	251015	249744	-2	-	1272
EM17	fig 6666666.2814.peg.1894	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	252463	251066	-1	-	1398
EM17	fig 6666666.2814.peg.1895	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	252920	252477	-2	-	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.1896	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	253479	255662	3	+	2184
EM17	fig 6666666.2814.peg.1897	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	255665	256246	2	+	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.1898	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	256243	258234	1	+	1992
EM17	fig 6666666.2814.peg.1899	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	259516	258215	-1	-	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.1900	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	259757	260287	2	+	531

EM17	fig 6666666.2814.peg.1901	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	260344	260511	1	+	168
EM17	fig 6666666.2814.peg.1902	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	261477	260575	-3	-	903
EM17	fig 6666666.2814.peg.1903	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	261640	262359	1	+	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.1904	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	262833	264458	3	+	1626
EM17	fig 6666666.2814.peg.1905	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	264971	264555	-2	-	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.1906	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	268222	265160	-1	-	3063
EM17	fig 6666666.2814.peg.1907	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	269283	268222	-3	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.1908	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	270356	269283	-2	-	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.1909	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	270600	271343	3	+	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.1910	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	271617	273011	3	+	1395
EM17	fig 6666666.2814.peg.1911	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	273159	273767	3	+	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.1912	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	273806	275263	2	+	1458
EM17	fig 6666666.2814.peg.1913	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	275272	276612	1	+	1341
EM17	fig 6666666.2814.peg.1914	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	277725	276886	-3	-	840
EM17	fig 6666666.2814.peg.1915	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	280941	278134	-3	-	2808
EM17	fig 6666666.2814.peg.1916	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	283325	281304	-2	-	2022
EM17	fig 6666666.2814.peg.1917	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	283443	284336	3	+	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.1918	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	285748	284393	-1	-	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.1919	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	288620	286383	-2	-	2238
EM17	fig 6666666.2814.peg.1920	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	289092	288661	-3	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.1921	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	289602	289474	-3	-	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.1922	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	289873	290244	1	+	372
EM17	fig 6666666.2814.peg.1923	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	290867	290334	-2	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.1924	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	291031	291915	1	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.1925	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	292826	291999	-2	-	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.1926	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	293859	292972	-3	-	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.1927	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	294051	295250	3	+	1200
EM17	fig 6666666.2814.peg.1928	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	295390	296634	1	+	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.1929	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	297003	296692	-3	-	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.1930	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	297124	297549	1	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.1931	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	298526	297576	-2	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.1932	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	298706	299518	2	+	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.1933	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	299596	299742	1	+	147
EM17	fig 6666666.2814.peg.1934	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	301648	300134	-1	-	1515
EM17	fig 6666666.2814.peg.1935	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	302167	301982	-1	-	186
EM17	fig 6666666.2814.peg.1936	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	302484	302714	3	+	231
EM17	fig 6666666.2814.peg.1937	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	302860	303012	1	+	153
EM17	fig 6666666.2814.peg.1938	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	303320	303069	-2	-	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.1939	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	303954	303412	-3	-	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.1940	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	304453	304037	-1	-	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.1941	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	305702	304641	-2	-	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.1942	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	306239	307690	2	+	1452
EM17	fig 6666666.2814.peg.1943	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	308374	307736	-1	-	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.1944	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	310071	308461	-3	-	1611
EM17	fig 6666666.2814.peg.1945	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	310837	310298	-1	-	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.1946	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	312225	311047	-3	-	1179
EM17	fig 6666666.2814.peg.1947	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	313033	312494	-1	-	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.1948	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	314703	313255	-3	-	1449
EM17	fig 6666666.2814.peg.1949	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	315630	314758	-3	-	873

EM17	fig 6666666.2814.peg.1950	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	315980	316591	2	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.1951	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	316966	316682	-1	-	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.1952	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	318239	317103	-2	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.1953	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	318465	319571	3	+	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.1954	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	321469	319928	-1	-	1542
EM17	fig 6666666.2814.peg.1955	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	322125	321778	-3	-	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.1956	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	324460	322475	-1	-	1986
EM17	fig 6666666.2814.peg.1957	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	325553	326776	2	+	1224
EM17	fig 6666666.2814.peg.1958	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	326780	327754	2	+	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.1959	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	328401	327829	-3	-	573
EM17	fig 6666666.2814.peg.1960	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	328552	328926	1	+	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.1961	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	328944	330668	3	+	1725
EM17	fig 6666666.2814.peg.1962	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	330874	332265	1	+	1392
EM17	fig 6666666.2814.peg.1963	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	332289	332957	3	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.1964	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	332964	334889	3	+	1926
EM17	fig 6666666.2814.peg.1965	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	334891	337005	1	+	2115
EM17	fig 6666666.2814.peg.1966	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	337685	337077	-2	-	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.1967	CDS	EM17Vibriofischericontig00028	339004	337688	-1	-	1317
EM17	fig 6666666.2814.peg.1968	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	445	2	-1	-	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.1969	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	650	2020	2	+	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.1970	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	2128	2679	1	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.1971	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	2871	4166	3	+	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.1972	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	5090	4218	-2	-	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.1973	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	5806	5090	-1	-	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.1974	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	7214	6309	-2	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.1975	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	7328	7885	2	+	558
EM17	fig 6666666.2814.peg.1976	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	8034	8831	3	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.1977	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	9643	8888	-1	-	756
EM17	fig 6666666.2814.peg.1978	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	12855	9742	-3	-	3114
EM17	fig 6666666.2814.peg.1979	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	14031	12877	-3	-	1155
EM17	fig 6666666.2814.peg.1980	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	15495	14254	-3	-	1242
EM17	fig 6666666.2814.peg.1981	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	17270	15495	-2	-	1776
EM17	fig 6666666.2814.peg.1982	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	18315	17263	-3	-	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.1983	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	18838	18308	-1	-	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.1984	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	19803	18841	-3	-	963
EM17	fig 6666666.2814.peg.1985	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	20793	19810	-3	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.1986	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	22118	20823	-2	-	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.1987	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	23704	22184	-1	-	1521
EM17	fig 6666666.2814.peg.1988	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	24516	23755	-3	-	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.1989	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	24701	25564	2	+	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.1990	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	26838	25615	-3	-	1224
EM17	fig 6666666.2814.peg.1991	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	27193	26831	-1	-	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.1992	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	28919	27408	-2	-	1512
EM17	fig 6666666.2814.peg.1993	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	31065	29569	-3	-	1497
EM17	fig 6666666.2814.peg.1994	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	32184	31174	-3	-	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.1995	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	32297	32767	2	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.1996	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	34471	32843	-1	-	1629
EM17	fig 6666666.2814.peg.1997	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	34674	34471	-3	-	204
EM17	fig 6666666.2814.peg.1998	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	36223	34679	-1	-	1545

EM17	fig 6666666.2814.peg.1999	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	36714	37484	3	+	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.2000	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	37488	40091	3	+	2604
EM17	fig 6666666.2814.peg.2001	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	40302	42398	3	+	2097
EM17	fig 6666666.2814.peg.2002	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	42398	43576	2	+	1179
EM17	fig 6666666.2814.peg.2003	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	43567	44736	1	+	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.2004	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	44733	47303	3	+	2571
EM17	fig 6666666.2814.peg.2005	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	48436	47411	-1	-	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.2006	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	50192	48531	-2	-	1662
EM17	fig 6666666.2814.peg.2007	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	51969	50434	-3	-	1536
EM17	fig 6666666.2814.peg.2008	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	52325	52206	-2	-	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.2009	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	53000	52518	-2	-	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.2010	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	53296	53427	1	+	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.2011	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	53504	55378	2	+	1875
EM17	fig 6666666.2814.peg.2012	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	56433	55450	-3	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.2013	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	56922	56581	-3	-	342
EM17	fig 6666666.2814.peg.2014	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	57128	57487	2	+	360
EM17	fig 6666666.2814.peg.2015	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	57559	58218	1	+	660
EM17	fig 6666666.2814.peg.2016	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	58771	59772	1	+	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.2017	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	59784	60410	3	+	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.2018	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	61592	60468	-2	-	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.2019	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	62783	61629	-2	-	1155
EM17	fig 6666666.2814.peg.2020	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	62971	63765	1	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.2021	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	64603	63752	-1	-	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.2022	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	64758	65618	3	+	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.2023	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	66914	65727	-2	-	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.2024	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	67239	68573	3	+	1335
EM17	fig 6666666.2814.peg.2025	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	69885	68695	-3	-	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.2026	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	70106	70912	2	+	807
EM17	fig 6666666.2814.peg.2027	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	72121	70970	-1	-	1152
EM17	fig 6666666.2814.peg.2028	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	72153	72272	3	+	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.2029	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	72357	72887	3	+	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.2030	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	74227	72968	-1	-	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.2031	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	74528	76420	2	+	1893
EM17	fig 6666666.2814.peg.2032	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	76420	77346	1	+	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.2033	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	78322	77417	-1	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.2034	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	78645	81698	3	+	3054
EM17	fig 6666666.2814.peg.2035	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	82835	81783	-2	-	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2036	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	83659	82871	-1	-	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.2037	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	85673	83826	-2	-	1848
EM17	fig 6666666.2814.peg.2038	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	86137	86586	1	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2039	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	86592	86915	3	+	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.2040	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	87102	90251	3	+	3150
EM17	fig 6666666.2814.peg.2041	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	90266	90973	2	+	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.2042	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	91083	92579	3	+	1497
EM17	fig 6666666.2814.peg.2043	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	92765	93127	2	+	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.2044	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	93860	94744	2	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.2045	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	94818	95753	3	+	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.2046	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	95746	96696	1	+	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.2047	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	96705	97466	3	+	762

EM17	fig 6666666.2814.peg.2048	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	97478	98272	2	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.2049	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	98375	98632	2	+	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.2050	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	98769	99479	3	+	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.2051	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	99590	100135	2	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.2052	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	101105	100209	-2	-	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.2053	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	101641	101207	-1	-	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.2054	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	102238	101678	-1	-	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.2055	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	102675	102235	-3	-	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.2056	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	102793	103362	1	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.2057	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	103413	103598	3	+	186
EM17	fig 6666666.2814.peg.2058	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	103767	104615	3	+	849
EM17	fig 6666666.2814.peg.2059	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	105631	104705	-1	-	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.2060	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	108428	105723	-2	-	2706
EM17	fig 6666666.2814.peg.2061	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	108824	111277	2	+	2454
EM17	fig 6666666.2814.peg.2062	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	111330	113510	3	+	2181
EM17	fig 6666666.2814.peg.2063	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	113525	115711	2	+	2187
EM17	fig 6666666.2814.peg.2064	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	116080	115808	-1	-	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.2065	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	116460	116095	-3	-	366
EM17	fig 6666666.2814.peg.2066	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	116754	117971	3	+	1218
EM17	fig 6666666.2814.peg.2067	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	117961	119424	1	+	1464
EM17	fig 6666666.2814.peg.2068	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	119552	120214	2	+	663
EM17	fig 6666666.2814.peg.2069	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	121527	120286	-3	-	1242
EM17	fig 6666666.2814.peg.2070	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	121729	122661	1	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.2071	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	124976	123021	-2	-	1956
EM17	fig 6666666.2814.peg.2072	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	126198	125089	-3	-	1110
EM17	fig 6666666.2814.peg.2073	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	126606	127790	3	+	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.2074	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	127936	129480	1	+	1545
EM17	fig 6666666.2814.peg.2075	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	129548	130438	2	+	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.2076	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	131615	130653	-2	-	963
EM17	fig 6666666.2814.peg.2077	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	132610	131615	-1	-	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.2078	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	132917	134113	2	+	1197
EM17	fig 6666666.2814.peg.2079	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	135280	134372	-1	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.2080	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	135370	136026	1	+	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.2081	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	136193	136678	2	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2082	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	136908	137312	3	+	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.2083	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	138455	137379	-2	-	1077
EM17	fig 6666666.2814.peg.2084	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	138596	139378	2	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.2085	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	139500	141071	3	+	1572
EM17	fig 6666666.2814.peg.2086	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	141365	142975	2	+	1611
EM17	fig 6666666.2814.peg.2087	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	143115	144014	3	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.2088	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	144159	146309	3	+	2151
EM17	fig 6666666.2814.peg.2089	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	146423	147190	2	+	768
EM17	fig 6666666.2814.peg.2090	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	147184	148128	1	+	945
EM17	fig 6666666.2814.peg.2091	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	148131	150146	3	+	2016
EM17	fig 6666666.2814.peg.2092	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	150219	150980	3	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.2093	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	150982	152334	1	+	1353
EM17	fig 6666666.2814.peg.2094	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	152334	152867	3	+	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.2095	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	152864	153268	2	+	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.2096	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	153268	153888	1	+	621

EM17	fig 6666666.2814.peg.2097	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	153885	155057	3	+	1173
EM17	fig 6666666.2814.peg.2098	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	155861	155115	-2	-	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.2099	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	156005	156184	2	+	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.2100	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	156768	156217	-3	-	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.2101	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	157804	156932	-1	-	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.2102	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	157883	159085	2	+	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.2103	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	159315	159971	3	+	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.2104	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	159955	161187	1	+	1233
EM17	fig 6666666.2814.peg.2105	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	161480	161154	-2	-	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.2106	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	161703	162314	3	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.2107	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	162307	162990	1	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.2108	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	163093	163533	1	+	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.2109	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	163530	164270	3	+	741
EM17	fig 6666666.2814.peg.2110	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	164267	165526	2	+	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.2111	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	165523	166275	1	+	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.2112	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	166233	167540	3	+	1308
EM17	fig 6666666.2814.peg.2113	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	167626	168195	1	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.2114	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	168161	168646	2	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2115	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	168646	169164	1	+	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.2116	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	170182	169235	-1	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.2117	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	170375	170512	2	+	138
EM17	fig 6666666.2814.peg.2118	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	172391	170538	-2	-	1854
EM17	fig 6666666.2814.peg.2119	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	173881	172442	-1	-	1440
EM17	fig 6666666.2814.peg.2120	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	174641	173871	-2	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.2121	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	174592	174705	1	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2122	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	174956	176503	2	+	1548
EM17	fig 6666666.2814.peg.2123	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	176515	177072	1	+	558
EM17	fig 6666666.2814.peg.2124	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	177216	177425	3	+	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.2125	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	178781	177501	-2	-	1281
EM17	fig 6666666.2814.peg.2126	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	178910	179962	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2127	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	179946	181097	3	+	1152
EM17	fig 6666666.2814.peg.2128	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	181104	181925	3	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.2129	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	181918	182598	1	+	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.2130	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	183816	182929	-3	-	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.2131	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	183931	184998	1	+	1068
EM17	fig 6666666.2814.peg.2132	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	185011	186036	1	+	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.2133	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	186159	187163	3	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.2134	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	187347	187616	3	+	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.2135	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	188187	187693	-3	-	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.2136	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	188373	189014	3	+	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.2137	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	189024	189707	3	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.2138	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	189695	190963	2	+	1269
EM17	fig 6666666.2814.peg.2139	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	190956	191753	3	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.2140	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	191756	193012	2	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.2141	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	193012	194064	1	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2142	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	194061	194864	3	+	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.2143	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	196566	194935	-3	-	1632
EM17	fig 6666666.2814.peg.2144	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	196710	197597	3	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.2145	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	197682	198860	3	+	1179

EM17	fig 6666666.2814.peg.2146	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	198907	199179	1	+	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.2147	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	199259	199603	2	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.2148	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	199635	200612	3	+	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.2149	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	201729	200689	-3	-	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.2150	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	201843	202751	3	+	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.2151	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	203045	202752	-2	-	294
EM17	fig 6666666.2814.peg.2152	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	203555	205096	2	+	1542
EM17	fig 6666666.2814.peg.2153	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	205347	207071	3	+	1725
EM17	fig 6666666.2814.peg.2154	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	207079	208308	1	+	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.2155	CDS	EM17Vibriofischericontig00029	208308	213053	3	+	4746
EM17	fig 6666666.2814.peg.2156	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	3074	1266	-2	-	1809
EM17	fig 6666666.2814.peg.2157	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	3321	3094	-3	-	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.2158	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	3360	4418	3	+	1059
EM17	fig 6666666.2814.peg.2159	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	4559	5749	2	+	1191
EM17	fig 6666666.2814.peg.2160	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	7291	5855	-1	-	1437
EM17	fig 6666666.2814.peg.2161	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	7916	9031	2	+	1116
EM17	fig 6666666.2814.peg.2162	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	10125	9112	-3	-	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.2163	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	12074	10218	-2	-	1857
EM17	fig 6666666.2814.peg.2164	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	12293	14296	2	+	2004
EM17	fig 6666666.2814.peg.2165	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	14350	16320	1	+	1971
EM17	fig 6666666.2814.peg.2166	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	16400	17221	2	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.2167	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	17346	18818	3	+	1473
EM17	fig 6666666.2814.peg.2168	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	19808	18861	-2	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.2169	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	20417	19860	-2	-	558
EM17	fig 6666666.2814.peg.2170	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	20519	21133	2	+	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.2171	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	21714	21205	-3	-	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.2172	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	23375	21783	-2	-	1593
EM17	fig 6666666.2814.peg.2173	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	23822	24664	2	+	843
EM17	fig 6666666.2814.peg.2174	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	24814	25566	1	+	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.2175	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	26246	25842	-2	-	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.2176	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	26755	28341	1	+	1587
EM17	fig 6666666.2814.peg.2177	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	28450	28785	1	+	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.2178	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	28799	29227	2	+	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.2179	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	29232	29666	3	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.2180	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	29702	31600	2	+	1899
EM17	fig 6666666.2814.peg.2181	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	31777	32421	1	+	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.2182	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	32484	34247	3	+	1764
EM17	fig 6666666.2814.peg.2183	CDS	EM17Vibriofischericontig00030	34293	34847	3	+	555
EM17	fig 6666666.2814.peg.2184	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	2548	8	-1	-	2541
EM17	fig 6666666.2814.peg.2185	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	2801	3286	2	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2186	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	4414	3347	-1	-	1068
EM17	fig 6666666.2814.peg.2187	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	5306	4401	-2	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.2188	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	5746	5306	-1	-	441
EM17	fig 6666666.2814.peg.2189	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	6283	7584	1	+	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.2190	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	7872	7684	-3	-	189
EM17	fig 6666666.2814.peg.2191	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	8078	7872	-2	-	207
EM17	fig 6666666.2814.peg.2192	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	9098	8205	-2	-	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.2193	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	9391	10269	1	+	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.2194	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	11488	10328	-1	-	1161

EM17	fig 6666666.2814.peg.2195	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	11716	12453	1	+	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.2196	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	12450	13325	3	+	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.2197	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	13386	14903	3	+	1518
EM17	fig 6666666.2814.peg.2198	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	14958	15428	3	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.2199	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	16166	15546	-2	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2200	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	16842	16177	-3	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.2201	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	17345	16854	-2	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.2202	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	19110	17407	-3	-	1704
EM17	fig 6666666.2814.peg.2203	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	19466	19110	-2	-	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.2204	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	19779	19477	-3	-	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.2205	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	20659	19796	-1	-	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.2206	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	21616	21029	-1	-	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.2207	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	22370	21618	-2	-	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.2208	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	23124	22360	-3	-	765
EM17	fig 6666666.2814.peg.2209	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	24126	23143	-3	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.2210	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	25787	24117	-2	-	1671
EM17	fig 6666666.2814.peg.2211	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	27880	26165	-1	-	1716
EM17	fig 6666666.2814.peg.2212	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	28742	28029	-2	-	714
EM17	fig 6666666.2814.peg.2213	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	29631	28822	-3	-	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.2214	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	30347	29670	-2	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.2215	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	31371	30337	-3	-	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.2216	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	31594	32145	1	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.2217	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	32361	32528	3	+	168
EM17	fig 6666666.2814.peg.2218	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	32822	33850	2	+	1029
EM17	fig 6666666.2814.peg.2219	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	33853	34905	1	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2220	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	35106	36944	3	+	1839
EM17	fig 6666666.2814.peg.2221	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	37032	38036	3	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.2222	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	38033	39001	2	+	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.2223	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	39079	39408	1	+	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.2224	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	40110	39502	-3	-	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.2225	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	40510	41760	1	+	1251
EM17	fig 6666666.2814.peg.2226	CDS	EM17Vibriofischericontig00031	42064	46512	1	+	4449
EM17	fig 6666666.2814.peg.2227	CDS	EM17Vibriofischericontig00032	908	18	-2	-	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.2228	CDS	EM17Vibriofischericontig00032	1118	2170	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2229	CDS	EM17Vibriofischericontig00032	2187	2669	3	+	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.2230	CDS	EM17Vibriofischericontig00034	377	60	-2	-	318
EM17	fig 6666666.2814.peg.2231	CDS	EM17Vibriofischericontig00034	1055	546	-2	-	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.2232	CDS	EM17Vibriofischericontig00034	5207	1296	-2	-	3912
EM17	fig 6666666.2814.peg.2233	CDS	EM17Vibriofischericontig00034	5571	7058	3	+	1488
EM17	fig 6666666.2814.peg.2234	CDS	EM17Vibriofischericontig00034	7205	7363	2	+	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.2235	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	1427	270	-2	-	1158
EM17	fig 6666666.2814.peg.2236	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	1681	3066	1	+	1386
EM17	fig 6666666.2814.peg.2237	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	3213	4286	3	+	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.2238	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	4303	4764	1	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.2239	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	4832	5710	2	+	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.2240	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	5806	5973	1	+	168
EM17	fig 6666666.2814.peg.2241	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	6009	7319	3	+	1311
EM17	fig 6666666.2814.peg.2242	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	7860	7378	-3	-	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.2243	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	8027	10603	2	+	2577



EM17	fig 6666666.2814.peg.2244	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	10771	11388	1	+	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.2245	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	11391	12425	3	+	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.2246	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	12479	12796	2	+	318
EM17	fig 6666666.2814.peg.2247	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	12801	13271	3	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.2248	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	13275	15155	3	+	1881
EM17	fig 6666666.2814.peg.2249	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	15155	16276	2	+	1122
EM17	fig 6666666.2814.peg.2250	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	16276	17085	1	+	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.2251	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	17366	18541	2	+	1176
EM17	fig 6666666.2814.peg.2252	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	18677	18946	2	+	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.2253	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	19144	19758	1	+	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.2254	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	19751	20716	2	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.2255	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	22052	20796	-2	-	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.2256	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	23092	22067	-1	-	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.2257	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	24583	23345	-1	-	1239
EM17	fig 6666666.2814.peg.2258	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	25185	24727	-3	-	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.2259	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	26515	25223	-1	-	1293
EM17	fig 6666666.2814.peg.2260	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	27346	28800	1	+	1455
EM17	fig 6666666.2814.peg.2261	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	30125	28914	-2	-	1212
EM17	fig 6666666.2814.peg.2262	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	31412	30315	-2	-	1098
EM17	fig 6666666.2814.peg.2263	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	31758	31525	-3	-	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.2264	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	32804	31770	-2	-	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.2265	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	34188	32962	-3	-	1227
EM17	fig 6666666.2814.peg.2266	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	34814	34218	-2	-	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.2267	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	35454	34822	-3	-	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.2268	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	36221	35454	-2	-	768
EM17	fig 6666666.2814.peg.2269	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	37455	36211	-3	-	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.2270	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	38799	37459	-3	-	1341
EM17	fig 6666666.2814.peg.2271	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	39507	39193	-3	-	315
EM17	fig 6666666.2814.peg.2272	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	39603	40751	3	+	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.2273	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	40766	41335	2	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.2274	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	41335	41895	1	+	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.2275	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	41982	43325	3	+	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.2276	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	43607	44323	2	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.2277	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	44431	45324	1	+	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.2278	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	45321	45911	3	+	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.2279	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	47595	46147	-3	-	1449
EM17	fig 6666666.2814.peg.2280	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	48684	47755	-3	-	930
EM17	fig 6666666.2814.peg.2281	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	49464	48700	-3	-	765
EM17	fig 6666666.2814.peg.2282	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	49743	49985	3	+	243
EM17	fig 6666666.2814.peg.2283	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	49978	50874	1	+	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.2284	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	50896	52779	1	+	1884
EM17	fig 6666666.2814.peg.2285	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	53192	52842	-2	-	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.2286	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	53265	53543	3	+	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.2287	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	55778	53544	-2	-	2235
EM17	fig 6666666.2814.peg.2288	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	56899	55781	-1	-	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.2289	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	57306	56899	-3	-	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.2290	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	58395	57547	-3	-	849
EM17	fig 6666666.2814.peg.2291	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	58947	58480	-3	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.2292	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	59417	58947	-2	-	471

EM17	fig 6666666.2814.peg.2293	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	60680	59571	-2	-	1110
EM17	fig 6666666.2814.peg.2294	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	61377	60721	-3	-	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.2295	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	62502	61381	-3	-	1122
EM17	fig 6666666.2814.peg.2296	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	62953	62504	-1	-	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2297	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	63122	65110	2	+	1989
EM17	fig 6666666.2814.peg.2298	CDS	EM17Vibriofischericontig00035	65195	65521	2	+	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.2299	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	577	1497	1	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.2300	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	1712	1560	-2	-	153
EM17	fig 6666666.2814.peg.2301	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	2492	1968	-2	-	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.2302	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	2499	3626	3	+	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.2303	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	3665	4801	2	+	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.2304	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	4836	6584	3	+	1749
EM17	fig 6666666.2814.peg.2305	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	6584	7570	2	+	987
EM17	fig 6666666.2814.peg.2306	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	7572	7769	3	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.2307	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	7751	8500	2	+	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.2308	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	9432	8569	-3	-	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.2309	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	9670	10347	1	+	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.2310	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	10373	11710	2	+	1338
EM17	fig 6666666.2814.peg.2311	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	11691	12428	3	+	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.2312	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	12431	16897	2	+	4467
EM17	fig 6666666.2814.peg.2313	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	17011	17628	1	+	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.2314	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	18984	17635	-3	-	1350
EM17	fig 6666666.2814.peg.2315	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	19642	18965	-1	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.2316	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	19883	20284	2	+	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.2317	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	21816	20359	-3	-	1458
EM17	fig 6666666.2814.peg.2318	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	23156	21972	-2	-	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.2319	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	23356	24210	1	+	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.2320	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	25329	24304	-3	-	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.2321	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	25552	25938	1	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.2322	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	26113	27447	1	+	1335
EM17	fig 6666666.2814.peg.2323	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	27458	28927	2	+	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.2324	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	28924	32043	1	+	3120
EM17	fig 6666666.2814.peg.2325	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	32141	32647	2	+	507
EM17	fig 6666666.2814.peg.2326	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	34354	32726	-1	-	1629
EM17	fig 6666666.2814.peg.2327	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	36201	34573	-3	-	1629
EM17	fig 6666666.2814.peg.2328	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	36630	36385	-3	-	246
EM17	fig 6666666.2814.peg.2329	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	38273	36741	-2	-	1533
EM17	fig 6666666.2814.peg.2330	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	40009	38315	-1	-	1695
EM17	fig 6666666.2814.peg.2331	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	41065	40028	-1	-	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.2332	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	42281	41055	-2	-	1227
EM17	fig 6666666.2814.peg.2333	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	43166	42465	-2	-	702
EM17	fig 6666666.2814.peg.2334	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	43327	43947	1	+	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2335	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	44488	44015	-1	-	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.2336	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	45136	44513	-1	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.2337	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	46145	45255	-2	-	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.2338	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	49690	46235	-1	-	3456
EM17	fig 6666666.2814.peg.2339	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	50275	49706	-1	-	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.2340	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	50443	51651	1	+	1209
EM17	fig 6666666.2814.peg.2341	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	51644	52360	2	+	717

EM17	fig 6666666.2814.peg.2342	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	52360	53604	1	+	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.2343	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	53769	55118	3	+	1350
EM17	fig 6666666.2814.peg.2344	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	55118	56431	2	+	1314
EM17	fig 6666666.2814.peg.2345	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	56437	57483	1	+	1047
EM17	fig 6666666.2814.peg.2346	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	57622	59124	1	+	1503
EM17	fig 6666666.2814.peg.2347	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	59121	59843	3	+	723
EM17	fig 6666666.2814.peg.2348	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	59880	61328	3	+	1449
EM17	fig 6666666.2814.peg.2349	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	62067	61402	-3	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.2350	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	62690	63313	2	+	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.2351	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	63624	64235	3	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.2352	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	64674	66365	3	+	1692
EM17	fig 6666666.2814.peg.2353	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	66733	67236	1	+	504
EM17	fig 6666666.2814.peg.2354	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	67327	67707	1	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.2355	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	67828	69180	1	+	1353
EM17	fig 6666666.2814.peg.2356	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	69180	70493	3	+	1314
EM17	fig 6666666.2814.peg.2357	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	70735	71493	1	+	759
EM17	fig 6666666.2814.peg.2358	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	71609	71848	2	+	240
EM17	fig 6666666.2814.peg.2359	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	71923	73551	1	+	1629
EM17	fig 6666666.2814.peg.2360	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	74833	73610	-1	-	1224
EM17	fig 6666666.2814.peg.2361	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	76086	74989	-3	-	1098
EM17	fig 6666666.2814.peg.2362	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	77979	76273	-3	-	1707
EM17	fig 6666666.2814.peg.2363	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	78643	77984	-1	-	660
EM17	fig 6666666.2814.peg.2364	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	79683	79018	-3	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.2365	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	80053	79817	-1	-	237
EM17	fig 6666666.2814.peg.2366	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	81122	80199	-2	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.2367	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	82162	81296	-1	-	867
EM17	fig 6666666.2814.peg.2368	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	83300	82197	-2	-	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.2369	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	83473	84468	1	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.2370	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	85993	84548	-1	-	1446
EM17	fig 6666666.2814.peg.2371	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	86775	86095	-3	-	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.2372	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	86959	88173	1	+	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.2373	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	89255	88251	-2	-	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.2374	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	89537	91186	2	+	1650
EM17	fig 6666666.2814.peg.2375	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	91205	92653	2	+	1449
EM17	fig 6666666.2814.peg.2376	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	92896	92654	-1	-	243
EM17	fig 6666666.2814.peg.2377	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	93377	92940	-2	-	438
EM17	fig 6666666.2814.peg.2378	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	93586	94212	1	+	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.2379	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	94736	94266	-2	-	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.2380	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	94943	95056	2	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2381	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	95152	95574	1	+	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.2382	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	95616	96101	3	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2383	CDS	EM17Vibriofischericontig00040	96124	97869	1	+	1746
EM17	fig 6666666.2814.peg.2384	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	469	2094	1	+	1626
EM17	fig 6666666.2814.peg.2385	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	5149	2777	-1	-	2373
EM17	fig 6666666.2814.peg.2386	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	7639	5174	-1	-	2466
EM17	fig 6666666.2814.peg.2387	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	7699	8406	1	+	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.2388	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	8572	9021	1	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2389	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	9086	9979	2	+	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.2390	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	10000	11427	1	+	1428

EM17	fig 6666666.2814.peg.2391	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	11424	11909	3	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2392	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	11932	12726	1	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.2393	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	12736	13611	1	+	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.2394	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	14465	13695	-2	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.2395	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	15382	14465	-1	-	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.2396	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	17189	15534	-2	-	1656
EM17	fig 6666666.2814.peg.2397	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	17482	18138	1	+	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.2398	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	18510	18259	-3	-	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.2399	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	19574	19044	-2	-	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.2400	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	19948	20553	1	+	606
EM17	fig 6666666.2814.peg.2401	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	22062	20635	-3	-	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.2402	CDS	EM17Vibriofischericontig00048	23408	22338	-2	-	1071
EM17	fig 6666666.2814.peg.2403	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	659	99	-2	-	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.2404	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	928	2187	1	+	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.2405	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	2342	3616	2	+	1275
EM17	fig 6666666.2814.peg.2406	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	3868	3981	1	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2407	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	3978	5024	3	+	1047
EM17	fig 6666666.2814.peg.2408	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	5197	6453	1	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.2409	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	6728	7606	2	+	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.2410	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	7610	8734	2	+	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.2411	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	8745	9797	3	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2412	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	11477	9876	-2	-	1602
EM17	fig 6666666.2814.peg.2413	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	12798	11668	-3	-	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.2414	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	13178	12798	-2	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.2415	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	14382	13345	-3	-	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.2416	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	14722	15081	1	+	360
EM17	fig 6666666.2814.peg.2417	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	17197	15155	-1	-	2043
EM17	fig 6666666.2814.peg.2418	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	17520	19424	3	+	1905
EM17	fig 6666666.2814.peg.2419	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	19719	20243	3	+	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.2420	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	21768	20305	-3	-	1464
EM17	fig 6666666.2814.peg.2421	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	21960	22865	3	+	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.2422	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	22961	23641	2	+	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.2423	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	23823	25688	3	+	1866
EM17	fig 6666666.2814.peg.2424	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	26620	25760	-1	-	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.2425	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	27433	26624	-1	-	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.2426	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	28242	27448	-3	-	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.2427	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	28990	28244	-1	-	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.2428	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	29239	30291	1	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.2429	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	30698	30342	-2	-	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.2430	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	31974	30679	-3	-	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.2431	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	32201	33940	2	+	1740
EM17	fig 6666666.2814.peg.2432	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	34364	34591	2	+	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.2433	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	36242	34659	-2	-	1584
EM17	fig 6666666.2814.peg.2434	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	37713	36244	-3	-	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.2435	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	38815	37835	-1	-	981
EM17	fig 6666666.2814.peg.2436	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	40293	38824	-3	-	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.2437	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	41061	40351	-3	-	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.2438	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	41395	42057	1	+	663
EM17	fig 6666666.2814.peg.2439	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	42054	43418	3	+	1365

EM17	fig 6666666.2814.peg.2440	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	44611	43538	-1	-	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.2441	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	45280	44630	-1	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.2442	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	45751	45296	-1	-	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.2443	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	45947	46474	2	+	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.2444	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	46464	46685	3	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.2445	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	47099	46773	-2	-	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.2446	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	47351	48259	2	+	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.2447	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	49371	48343	-3	-	1029
EM17	fig 6666666.2814.peg.2448	CDS	EM17Vibriofischericontig00050	49655	49852	2	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.2449	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	1720	188	-1	-	1533
EM17	fig 6666666.2814.peg.2450	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	3578	2214	-2	-	1365
EM17	fig 6666666.2814.peg.2451	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	3887	4177	2	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.2452	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	4255	5901	1	+	1647
EM17	fig 6666666.2814.peg.2453	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	6965	6195	-2	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.2454	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	7234	7578	1	+	345
EM17	fig 6666666.2814.peg.2455	CDS	EM17Vibriofischericontig00051	7946	7593	-2	-	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.2456	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	897	19	-3	-	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.2457	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	1908	907	-3	-	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.2458	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	4153	2126	-1	-	2028
EM17	fig 6666666.2814.peg.2459	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	4361	4879	2	+	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.2460	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	4869	5372	3	+	504
EM17	fig 6666666.2814.peg.2461	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	5895	5428	-3	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.2462	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	6105	6506	3	+	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.2463	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	6496	6942	1	+	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.2464	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	7039	8619	1	+	1581
EM17	fig 6666666.2814.peg.2465	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	8764	8877	1	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2466	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	8877	9653	3	+	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.2467	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	9852	11108	3	+	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.2468	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	11394	11564	3	+	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.2469	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	11841	12617	3	+	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.2470	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	12733	14064	1	+	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.2471	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	14075	15295	2	+	1221
EM17	fig 6666666.2814.peg.2472	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	15366	16082	3	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.2473	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	16742	16146	-2	-	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.2474	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	16877	17845	2	+	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.2475	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	18104	18325	2	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.2476	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	18442	18771	1	+	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.2477	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	18779	19591	2	+	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.2478	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	19596	20906	3	+	1311
EM17	fig 6666666.2814.peg.2479	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	20903	21373	2	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.2480	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	21423	22661	3	+	1239
EM17	fig 6666666.2814.peg.2481	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	22668	23957	3	+	1290
EM17	fig 6666666.2814.peg.2482	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	23957	24874	2	+	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.2483	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	24874	25746	1	+	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.2484	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	25739	26479	2	+	741
EM17	fig 6666666.2814.peg.2485	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	26488	26973	1	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2486	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	26948	27496	2	+	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.2487	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	27480	28889	3	+	1410
EM17	fig 6666666.2814.peg.2488	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	28905	29564	3	+	660

EM17	fig 6666666.2814.peg.2489	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	30476	29619	-2	-	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.2490	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	31931	30588	-2	-	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.2491	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	32470	31934	-1	-	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.2492	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	32613	32467	-3	-	147
EM17	fig 6666666.2814.peg.2493	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	35072	32727	-2	-	2346
EM17	fig 6666666.2814.peg.2494	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	35194	36576	1	+	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.2495	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	36772	38859	1	+	2088
EM17	fig 6666666.2814.peg.2496	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	39156	38926	-3	-	231
EM17	fig 6666666.2814.peg.2497	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	40539	39262	-3	-	1278
EM17	fig 6666666.2814.peg.2498	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	41792	40551	-2	-	1242
EM17	fig 6666666.2814.peg.2499	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	43909	42233	-1	-	1677
EM17	fig 6666666.2814.peg.2500	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	46681	44117	-1	-	2565
EM17	fig 6666666.2814.peg.2501	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	46789	47286	1	+	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.2502	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	47426	48472	2	+	1047
EM17	fig 6666666.2814.peg.2503	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	48715	51294	1	+	2580
EM17	fig 6666666.2814.peg.2504	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	51307	52476	1	+	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.2505	CDS	EM17Vibriofischericontig00054	52558	52755	1	+	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.2506	CDS	EM17Vibriofischericontig00055	390	752	3	+	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.2507	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	3003	340	-3	-	2664
EM17	fig 6666666.2814.peg.2508	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	3829	3059	-1	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.2509	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	4667	4116	-2	-	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.2510	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	4781	5668	2	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.2511	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	6011	6406	2	+	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.2512	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	6412	8100	1	+	1689
EM17	fig 6666666.2814.peg.2513	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	8120	9358	2	+	1239
EM17	fig 6666666.2814.peg.2514	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	9463	10350	1	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.2515	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	10347	10970	3	+	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.2516	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	10991	11722	2	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.2517	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	11730	11939	3	+	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.2518	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	12410	12009	-2	-	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.2519	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	15225	12502	-3	-	2724
EM17	fig 6666666.2814.peg.2520	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	15561	16028	3	+	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.2521	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	16979	16098	-2	-	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.2522	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	18371	17121	-2	-	1251
EM17	fig 6666666.2814.peg.2523	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	19666	18404	-1	-	1263
EM17	fig 6666666.2814.peg.2524	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	20420	19668	-2	-	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.2525	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	22108	20645	-1	-	1464
EM17	fig 6666666.2814.peg.2526	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	23188	22124	-1	-	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.2527	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	24374	23172	-2	-	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.2528	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	25699	24377	-1	-	1323
EM17	fig 6666666.2814.peg.2529	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	26783	25701	-2	-	1083
EM17	fig 6666666.2814.peg.2530	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	28132	26783	-1	-	1350
EM17	fig 6666666.2814.peg.2531	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	29619	28138	-3	-	1482
EM17	fig 6666666.2814.peg.2532	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	31189	29627	-1	-	1563
EM17	fig 6666666.2814.peg.2533	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	31688	31362	-2	-	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.2534	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	32635	31685	-1	-	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.2535	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	34129	33266	-1	-	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.2536	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	34308	36119	3	+	1812
EM17	fig 6666666.2814.peg.2537	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	36148	36471	1	+	324

EM17	fig 6666666.2814.peg.2538	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	36475	37065	1	+	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.2539	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	37070	37657	2	+	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.2540	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	38192	37728	-2	-	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.2541	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	38827	38192	-1	-	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.2542	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	38769	38903	3	+	135
EM17	fig 6666666.2814.peg.2543	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	39707	38970	-2	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.2544	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	40972	39704	-1	-	1269
EM17	fig 6666666.2814.peg.2545	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	41613	40972	-3	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.2546	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	42352	41960	-1	-	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.2547	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	42796	42368	-1	-	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.2548	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	44221	43076	-1	-	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.2549	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	44332	44787	1	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.2550	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	44867	45871	2	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.2551	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	45886	46233	1	+	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.2552	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	46348	47412	1	+	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.2553	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	49751	47475	-2	-	2277
EM17	fig 6666666.2814.peg.2554	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	51634	49754	-1	-	1881
EM17	fig 6666666.2814.peg.2555	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	52362	51778	-3	-	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.2556	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	53186	52362	-2	-	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.2557	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	53633	53202	-2	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.2558	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	54273	53635	-3	-	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.2559	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	54506	55831	2	+	1326
EM17	fig 6666666.2814.peg.2560	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	57357	55927	-3	-	1431
EM17	fig 6666666.2814.peg.2561	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	60351	57493	-3	-	2859
EM17	fig 6666666.2814.peg.2562	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	62090	60558	-2	-	1533
EM17	fig 6666666.2814.peg.2563	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	62266	63030	1	+	765
EM17	fig 6666666.2814.peg.2564	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	64628	63111	-2	-	1518
EM17	fig 6666666.2814.peg.2565	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	64814	65494	2	+	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.2566	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	65522	66802	2	+	1281
EM17	fig 6666666.2814.peg.2567	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	66971	67582	2	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.2568	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	68323	67646	-1	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.2569	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	69881	68325	-2	-	1557
EM17	fig 6666666.2814.peg.2570	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	70020	71243	3	+	1224
EM17	fig 6666666.2814.peg.2571	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	72256	71453	-1	-	804
EM17	fig 6666666.2814.peg.2572	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	72753	72595	-3	-	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.2573	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	73103	72750	-2	-	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.2574	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	73447	73845	1	+	399
EM17	fig 6666666.2814.peg.2575	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	74913	73897	-3	-	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.2576	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	75141	75356	3	+	216
EM17	fig 6666666.2814.peg.2577	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	75386	75829	2	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.2578	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	75904	77667	1	+	1764
EM17	fig 6666666.2814.peg.2579	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	77767	79611	1	+	1845
EM17	fig 6666666.2814.peg.2580	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	80038	79889	-1	-	150
EM17	fig 6666666.2814.peg.2581	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	80223	80843	3	+	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2582	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	80989	82533	1	+	1545
EM17	fig 6666666.2814.peg.2583	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	82616	83017	2	+	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.2584	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	83403	84815	3	+	1413
EM17	fig 6666666.2814.peg.2585	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	84992	85618	2	+	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.2586	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	85793	85662	-2	-	132

EM17	fig 6666666.2814.peg.2587	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	87814	85919	-1	-	1896
EM17	fig 6666666.2814.peg.2588	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	88441	87947	-1	-	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.2589	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	90162	88441	-3	-	1722
EM17	fig 6666666.2814.peg.2590	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	92274	90436	-3	-	1839
EM17	fig 6666666.2814.peg.2591	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	93491	92520	-2	-	972
EM17	fig 6666666.2814.peg.2592	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	96234	93817	-3	-	2418
EM17	fig 6666666.2814.peg.2593	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	97400	96234	-2	-	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.2594	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	97748	98068	2	+	321
EM17	fig 6666666.2814.peg.2595	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	98188	100209	1	+	2022
EM17	fig 6666666.2814.peg.2596	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	100620	101963	3	+	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.2597	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	102037	102864	1	+	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.2598	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	104185	102938	-1	-	1248
EM17	fig 6666666.2814.peg.2599	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	104669	104451	-2	-	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.2600	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	104900	107110	2	+	2211
EM17	fig 6666666.2814.peg.2601	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	107302	108309	1	+	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.2602	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	108481	109056	1	+	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.2603	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	109236	109760	3	+	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.2604	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	109780	111114	1	+	1335
EM17	fig 6666666.2814.peg.2605	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	111595	111191	-1	-	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.2606	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	111841	112473	1	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.2607	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	113341	112547	-1	-	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.2608	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	114810	113353	-3	-	1458
EM17	fig 6666666.2814.peg.2609	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	115839	114823	-3	-	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.2610	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	117121	115907	-1	-	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.2611	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	118004	117426	-2	-	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.2612	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	119109	118093	-3	-	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.2613	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	119912	119229	-2	-	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.2614	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	120595	119918	-1	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.2615	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	121593	120763	-3	-	831
EM17	fig 6666666.2814.peg.2616	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	123199	121676	-1	-	1524
EM17	fig 6666666.2814.peg.2617	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	124296	123208	-3	-	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.2618	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	124851	124333	-3	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.2619	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	126763	125075	-1	-	1689
EM17	fig 6666666.2814.peg.2620	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	127251	126850	-3	-	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.2621	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	127939	127361	-1	-	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.2622	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	128505	127939	-3	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.2623	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	129491	128490	-2	-	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.2624	CDS	EM17Vibriofischericontig00056	129714	132128	3	+	2415
EM17	fig 6666666.2814.peg.2625	CDS	EM17Vibriofischericontig00058	806	30	-2	-	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.2626	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	312	34	-3	-	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.2627	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	452	1348	2	+	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.2628	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	2134	1451	-1	-	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.2629	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	3666	2548	-3	-	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.2630	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	4361	3732	-2	-	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.2631	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	4656	5036	3	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.2632	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	5060	7927	2	+	2868
EM17	fig 6666666.2814.peg.2633	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	8282	10372	2	+	2091
EM17	fig 6666666.2814.peg.2634	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	11333	10461	-2	-	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.2635	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	12272	11415	-2	-	858



EM17	fig 6666666.2814.peg.2636	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	12573	14474	3	+	1902
EM17	fig 6666666.2814.peg.2637	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	14546	15742	2	+	1197
EM17	fig 6666666.2814.peg.2638	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	16693	15908	-1	-	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.2639	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	16992	16693	-3	-	300
EM17	fig 6666666.2814.peg.2640	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	17197	19092	1	+	1896
EM17	fig 6666666.2814.peg.2641	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	21451	19160	-1	-	2292
EM17	fig 6666666.2814.peg.2642	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	21728	22330	2	+	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.2643	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	22340	23800	2	+	1461
EM17	fig 6666666.2814.peg.2644	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	23802	24302	3	+	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.2645	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	24314	25639	2	+	1326
EM17	fig 6666666.2814.peg.2646	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	25705	26427	1	+	723
EM17	fig 6666666.2814.peg.2647	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	26468	29242	2	+	2775
EM17	fig 6666666.2814.peg.2648	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	29252	29869	2	+	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.2649	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	29871	30491	3	+	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2650	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	30738	30944	3	+	207
EM17	fig 6666666.2814.peg.2651	CDS	EM17Vibriofischericontig00059	30928	31227	1	+	300
EM17	fig 6666666.2814.peg.2652	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	680	135	-2	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.2653	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	779	1843	2	+	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.2654	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	1923	2786	3	+	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.2655	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	2879	3769	2	+	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.2656	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	4762	3806	-1	-	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.2657	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	5188	6993	1	+	1806
EM17	fig 6666666.2814.peg.2658	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	6993	7736	3	+	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.2659	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	7739	8122	2	+	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.2660	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	8134	8496	1	+	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.2661	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	9289	8723	-1	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.2662	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	9322	10344	1	+	1023
EM17	fig 6666666.2814.peg.2663	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	11370	10408	-3	-	963
EM17	fig 6666666.2814.peg.2664	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	12496	11591	-1	-	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.2665	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	13145	12654	-2	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.2666	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	13351	14034	1	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.2667	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	14038	15426	1	+	1389
EM17	fig 6666666.2814.peg.2668	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	15548	16027	2	+	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.2669	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	16948	16127	-1	-	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.2670	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	17989	16967	-1	-	1023
EM17	fig 6666666.2814.peg.2671	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	18619	18149	-1	-	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.2672	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	19243	18749	-1	-	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.2673	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	19529	20554	2	+	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.2674	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	21066	20617	-3	-	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2675	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	21583	23034	1	+	1452
EM17	fig 6666666.2814.peg.2676	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	23200	24501	1	+	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.2677	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	24990	24565	-3	-	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.2678	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	25205	27052	2	+	1848
EM17	fig 6666666.2814.peg.2679	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	27161	27961	2	+	801
EM17	fig 6666666.2814.peg.2680	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	29271	28066	-3	-	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.2681	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	29837	29340	-2	-	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.2682	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	30869	29868	-2	-	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.2683	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	31215	30886	-3	-	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.2684	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	31346	32254	2	+	909

EM17	fig 6666666.2814.peg.2685	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	33837	32320	-3	-	1518
EM17	fig 6666666.2814.peg.2686	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	35142	33955	-3	-	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.2687	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	35541	36767	3	+	1227
EM17	fig 6666666.2814.peg.2688	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	37809	36844	-3	-	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.2689	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	37961	38692	2	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.2690	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	38682	39503	3	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.2691	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	39557	40117	2	+	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.2692	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	40107	41129	3	+	1023
EM17	fig 6666666.2814.peg.2693	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	43073	41241	-2	-	1833
EM17	fig 6666666.2814.peg.2694	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	43927	43166	-1	-	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.2695	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	44154	44783	3	+	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.2696	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	44908	45531	1	+	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.2697	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	45715	45981	1	+	267
EM17	fig 6666666.2814.peg.2698	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	45993	47696	3	+	1704
EM17	fig 6666666.2814.peg.2699	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	51213	47773	-3	-	3441
EM17	fig 6666666.2814.peg.2700	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	52475	51333	-2	-	1143
EM17	fig 6666666.2814.peg.2701	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	52682	52569	-2	-	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2702	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	52681	54513	1	+	1833
EM17	fig 6666666.2814.peg.2703	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	54517	55158	1	+	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.2704	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	55363	57312	1	+	1950
EM17	fig 6666666.2814.peg.2705	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	57768	58217	3	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2706	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	58248	58703	3	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.2707	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	58715	60058	2	+	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.2708	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	60175	61059	1	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.2709	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	61199	62212	2	+	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.2710	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	62235	62531	3	+	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.2711	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	63022	62714	-1	-	309
EM17	fig 6666666.2814.peg.2712	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	63531	63112	-3	-	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.2713	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	63812	65404	2	+	1593
EM17	fig 6666666.2814.peg.2714	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	65628	66920	3	+	1293
EM17	fig 6666666.2814.peg.2715	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	67692	66988	-3	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.2716	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	68004	67732	-3	-	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.2717	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	68225	69298	2	+	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.2718	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	69970	69377	-1	-	594
EM17	fig 6666666.2814.peg.2719	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	70042	70956	1	+	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.2720	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	71454	71002	-3	-	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.2721	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	72637	71570	-1	-	1068
EM17	fig 6666666.2814.peg.2722	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	73637	72840	-2	-	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.2723	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	73797	74279	3	+	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.2724	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	75157	74321	-1	-	837
EM17	fig 6666666.2814.peg.2725	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	75556	75179	-1	-	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.2726	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	76042	75590	-1	-	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.2727	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	76683	76039	-3	-	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.2728	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	76939	77508	1	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.2729	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	77533	78477	1	+	945
EM17	fig 6666666.2814.peg.2730	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	82748	78543	-2	-	4206
EM17	fig 6666666.2814.peg.2731	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	86848	82820	-1	-	4029
EM17	fig 6666666.2814.peg.2732	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	87454	87086	-1	-	369
EM17	fig 6666666.2814.peg.2733	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	88004	87510	-2	-	495

EM17	fig 6666666.2814.peg.2734	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	88954	88250	-1	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.2735	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	89387	88959	-2	-	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.2736	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	90053	89508	-2	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.2737	CDS	EM17Vibriofischericontig00060	90443	90066	-2	-	378
EM17	fig 6666666.2814.peg.2738	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	4210	428	-1	-	3783
EM17	fig 6666666.2814.peg.2739	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	5943	4222	-3	-	1722
EM17	fig 6666666.2814.peg.2740	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	6058	6636	1	+	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.2741	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	6905	6690	-2	-	216
EM17	fig 6666666.2814.peg.2742	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	7113	7664	3	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.2743	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	8070	8738	3	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.2744	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	8775	9461	3	+	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.2745	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	9458	10717	2	+	1260
EM17	fig 6666666.2814.peg.2746	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	10729	11214	1	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.2747	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	11522	12421	2	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.2748	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	13120	12506	-1	-	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.2749	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	14862	13135	-3	-	1728
EM17	fig 6666666.2814.peg.2750	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	16310	14874	-2	-	1437
EM17	fig 6666666.2814.peg.2751	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	17248	16340	-1	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.2752	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	17657	19639	2	+	1983
EM17	fig 6666666.2814.peg.2753	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	19755	20324	3	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.2754	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	20390	20842	2	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.2755	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	20859	21710	3	+	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.2756	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	22373	21723	-2	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.2757	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	22513	23133	1	+	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2758	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	23257	23721	1	+	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.2759	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	24570	23809	-3	-	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.2760	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	26293	24563	-1	-	1731
EM17	fig 6666666.2814.peg.2761	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	28107	26293	-3	-	1815
EM17	fig 6666666.2814.peg.2762	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	28473	28243	-3	-	231
EM17	fig 6666666.2814.peg.2763	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	28592	28470	-2	-	123
EM17	fig 6666666.2814.peg.2764	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	29346	28645	-3	-	702
EM17	fig 6666666.2814.peg.2765	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	30451	29465	-1	-	987
EM17	fig 6666666.2814.peg.2766	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	30631	31080	1	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2767	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	31108	31569	1	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.2768	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	33355	31703	-1	-	1653
EM17	fig 6666666.2814.peg.2769	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	33452	33565	2	+	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2770	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	34607	33570	-2	-	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.2771	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	35869	34787	-1	-	1083
EM17	fig 6666666.2814.peg.2772	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	37279	35882	-1	-	1398
EM17	fig 6666666.2814.peg.2773	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	37461	38462	3	+	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.2774	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	41578	38474	-1	-	3105
EM17	fig 6666666.2814.peg.2775	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	42426	41575	-3	-	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.2776	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	42893	42483	-2	-	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.2777	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	43524	42880	-3	-	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.2778	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	44008	45555	1	+	1548
EM17	fig 6666666.2814.peg.2779	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	45637	46728	1	+	1092
EM17	fig 6666666.2814.peg.2780	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	46744	48159	1	+	1416
EM17	fig 6666666.2814.peg.2781	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	48172	48774	1	+	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.2782	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	48960	49739	3	+	780

EM17	fig 6666666.2814.peg.2783	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	50657	49806	-2	-	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.2784	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	50864	53221	2	+	2358
EM17	fig 6666666.2814.peg.2785	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	53289	54602	3	+	1314
EM17	fig 6666666.2814.peg.2786	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	54595	55584	1	+	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.2787	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	55581	56399	3	+	819
EM17	fig 6666666.2814.peg.2788	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	56472	57287	3	+	816
EM17	fig 6666666.2814.peg.2789	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	58035	57556	-3	-	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.2790	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	58549	58058	-1	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.2791	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	59312	58542	-2	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.2792	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	60617	59445	-2	-	1173
EM17	fig 6666666.2814.peg.2793	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	61111	60854	-1	-	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.2794	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	61440	61129	-3	-	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.2795	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	61717	62688	1	+	972
EM17	fig 6666666.2814.peg.2796	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	63712	62777	-1	-	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.2797	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	63986	64456	2	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.2798	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	64787	65761	2	+	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.2799	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	66055	68634	1	+	2580
EM17	fig 6666666.2814.peg.2800	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	68686	69123	1	+	438
EM17	fig 6666666.2814.peg.2801	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	69912	69175	-3	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.2802	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	72884	69975	-2	-	2910
EM17	fig 6666666.2814.peg.2803	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	73782	73078	-3	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.2804	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	75386	73782	-2	-	1605
EM17	fig 6666666.2814.peg.2805	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	76444	75428	-1	-	1017
EM17	fig 6666666.2814.peg.2806	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	77276	76659	-2	-	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.2807	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	78621	77278	-3	-	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.2808	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	78842	79852	2	+	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.2809	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	80320	79940	-1	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.2810	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	81346	80357	-1	-	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.2811	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	81990	81370	-3	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2812	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	82411	82022	-1	-	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.2813	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	82789	82433	-1	-	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.2814	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	83052	82939	-3	-	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.2815	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	84414	83083	-3	-	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.2816	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	84869	84435	-2	-	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.2817	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	85054	84875	-1	-	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.2818	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	85560	85060	-3	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.2819	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	85928	85575	-2	-	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.2820	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	86471	85938	-2	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.2821	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	86876	86484	-2	-	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.2822	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	87211	86906	-1	-	306
EM17	fig 6666666.2814.peg.2823	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	87768	87229	-3	-	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.2824	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	88097	87783	-2	-	315
EM17	fig 6666666.2814.peg.2825	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	88482	88111	-3	-	372
EM17	fig 6666666.2814.peg.2826	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	88901	88647	-2	-	255
EM17	fig 6666666.2814.peg.2827	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	89092	88901	-1	-	192
EM17	fig 6666666.2814.peg.2828	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	89502	89092	-3	-	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.2829	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	90212	89514	-2	-	699
EM17	fig 6666666.2814.peg.2830	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	90564	90232	-3	-	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.2831	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	90853	90575	-1	-	279

EM17	fig 6666666.2814.peg.2832	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	91697	90873	-2	-	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.2833	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	92015	91713	-2	-	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.2834	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	92614	92012	-1	-	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.2835	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	93261	92632	-3	-	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.2836	CDS	EM17Vibriofischericontig00061	93585	93274	-3	-	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.2837	CDS	EM17Vibriofischericontig00062	2079	1507	-3	-	573
EM17	fig 6666666.2814.peg.2838	CDS	EM17Vibriofischericontig00062	2631	2140	-3	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.2839	CDS	EM17Vibriofischericontig00062	3799	2624	-1	-	1176
EM17	fig 6666666.2814.peg.2840	CDS	EM17Vibriofischericontig00062	3987	3799	-3	-	189
EM17	fig 6666666.2814.peg.2841	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	86	1081	2	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.2842	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	1086	1718	3	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.2843	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	1718	2401	2	+	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.2844	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	2460	3095	3	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.2845	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	3120	3536	3	+	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.2846	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	3678	4112	3	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.2847	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	5043	4165	-3	-	879
EM17	fig 6666666.2814.peg.2848	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	5230	5898	1	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.2849	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	5945	7273	2	+	1329
EM17	fig 6666666.2814.peg.2850	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	7443	8762	3	+	1320
EM17	fig 6666666.2814.peg.2851	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	9158	8823	-2	-	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.2852	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	9393	9977	3	+	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.2853	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	10180	10686	1	+	507
EM17	fig 6666666.2814.peg.2854	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	10909	11580	1	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.2855	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	14444	11769	-2	-	2676
EM17	fig 6666666.2814.peg.2856	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	15027	15887	3	+	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.2857	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	16058	15909	-2	-	150
EM17	fig 6666666.2814.peg.2858	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	16488	16204	-3	-	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.2859	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	16612	17454	1	+	843
EM17	fig 6666666.2814.peg.2860	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	17923	17516	-1	-	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.2861	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	18260	19255	2	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.2862	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	19450	20325	1	+	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.2863	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	21720	20416	-3	-	1305
EM17	fig 6666666.2814.peg.2864	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	21903	22226	3	+	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.2865	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	22398	22832	3	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.2866	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	24229	22922	-1	-	1308
EM17	fig 6666666.2814.peg.2867	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	25697	24351	-2	-	1347
EM17	fig 6666666.2814.peg.2868	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	26327	25731	-2	-	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.2869	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	29793	26353	-3	-	3441
EM17	fig 6666666.2814.peg.2870	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	30507	30016	-3	-	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.2871	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	30664	31782	1	+	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.2872	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	31930	32895	1	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.2873	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	33049	34821	1	+	1773
EM17	fig 6666666.2814.peg.2874	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	34814	36535	2	+	1722
EM17	fig 6666666.2814.peg.2875	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	37707	36625	-3	-	1083
EM17	fig 6666666.2814.peg.2876	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	39206	37905	-2	-	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.2877	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	39480	40028	3	+	549
EM17	fig 6666666.2814.peg.2878	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	40703	40119	-2	-	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.2879	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	41122	42045	1	+	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.2880	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	42136	43035	1	+	900

EM17	fig 6666666.2814.peg.2881	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	43172	43684	2	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.2882	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	43859	45502	2	+	1644
EM17	fig 6666666.2814.peg.2883	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	45824	46681	2	+	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.2884	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	46793	47056	2	+	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.2885	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	47203	48885	1	+	1683
EM17	fig 6666666.2814.peg.2886	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	50190	48988	-3	-	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.2887	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	51893	50745	-2	-	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.2888	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	53179	52058	-1	-	1122
EM17	fig 6666666.2814.peg.2889	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	55632	53179	-3	-	2454
EM17	fig 6666666.2814.peg.2890	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	56284	55613	-1	-	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.2891	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	56591	58033	2	+	1443
EM17	fig 6666666.2814.peg.2892	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	58613	58131	-2	-	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.2893	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	60016	58811	-1	-	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.2894	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	60888	60184	-3	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.2895	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	62562	60961	-3	-	1602
EM17	fig 6666666.2814.peg.2896	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	63605	62565	-2	-	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.2897	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	63739	64644	1	+	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.2898	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	65046	65267	3	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.2899	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	65377	67200	1	+	1824
EM17	fig 6666666.2814.peg.2900	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	67204	68103	1	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.2901	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	69829	68672	-1	-	1158
EM17	fig 6666666.2814.peg.2902	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	71295	69832	-3	-	1464
EM17	fig 6666666.2814.peg.2903	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	71488	71288	-1	-	201
EM17	fig 6666666.2814.peg.2904	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	71934	71524	-3	-	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.2905	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	73201	74289	1	+	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.2906	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	75472	74579	-1	-	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.2907	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	75826	76305	1	+	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.2908	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	76881	76378	-3	-	504
EM17	fig 6666666.2814.peg.2909	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	77331	77957	3	+	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.2910	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	78008	78682	2	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.2911	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	80311	78764	-1	-	1548
EM17	fig 6666666.2814.peg.2912	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	81580	80354	-1	-	1227
EM17	fig 6666666.2814.peg.2913	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	81690	83414	3	+	1725
EM17	fig 6666666.2814.peg.2914	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	83857	83432	-1	-	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.2915	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	84056	84334	2	+	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.2916	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	84651	85094	3	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.2917	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	86409	85174	-3	-	1236
EM17	fig 6666666.2814.peg.2918	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	87131	86406	-2	-	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.2919	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	87612	87151	-3	-	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.2920	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	88799	87612	-2	-	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.2921	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	89371	88805	-1	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.2922	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	91793	89421	-2	-	2373
EM17	fig 6666666.2814.peg.2923	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	92397	91777	-3	-	621
EM17	fig 6666666.2814.peg.2924	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	92836	92390	-1	-	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.2925	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	94383	92848	-3	-	1536
EM17	fig 6666666.2814.peg.2926	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	96064	94373	-1	-	1692
EM17	fig 6666666.2814.peg.2927	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	96441	96067	-3	-	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.2928	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	97843	96455	-1	-	1389
EM17	fig 6666666.2814.peg.2929	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	98379	97819	-3	-	561

EM17	fig 6666666.2814.peg.2930	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	98636	98379	-2	-	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.2931	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	98905	98648	-1	-	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.2932	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	99710	98913	-2	-	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.2933	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	100434	99715	-3	-	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.2934	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	100573	101148	1	+	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.2935	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	101252	102319	2	+	1068
EM17	fig 6666666.2814.peg.2936	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	102419	103651	2	+	1233
EM17	fig 6666666.2814.peg.2937	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	104321	103725	-2	-	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.2938	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	104529	106262	3	+	1734
EM17	fig 6666666.2814.peg.2939	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	106821	106372	-3	-	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.2940	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	107139	108335	3	+	1197
EM17	fig 6666666.2814.peg.2941	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	108435	110600	3	+	2166
EM17	fig 6666666.2814.peg.2942	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	111167	110925	-2	-	243
EM17	fig 6666666.2814.peg.2943	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	113440	111164	-1	-	2277
EM17	fig 6666666.2814.peg.2944	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	113669	113442	-2	-	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.2945	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	117703	114296	-1	-	3408
EM17	fig 6666666.2814.peg.2946	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	119192	117852	-2	-	1341
EM17	fig 6666666.2814.peg.2947	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	120016	119189	-1	-	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.2948	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	120171	120452	3	+	282
EM17	fig 6666666.2814.peg.2949	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	120553	120939	1	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.2950	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	120936	121721	3	+	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.2951	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	123462	121816	-3	-	1647
EM17	fig 6666666.2814.peg.2952	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	124531	123659	-1	-	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.2953	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	125697	124531	-3	-	1167
EM17	fig 6666666.2814.peg.2954	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	127061	125850	-2	-	1212
EM17	fig 6666666.2814.peg.2955	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	129897	127081	-3	-	2817
EM17	fig 6666666.2814.peg.2956	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	130708	129995	-1	-	714
EM17	fig 6666666.2814.peg.2957	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	132490	130721	-1	-	1770
EM17	fig 6666666.2814.peg.2958	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	132837	132490	-3	-	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.2959	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	133124	132831	-2	-	294
EM17	fig 6666666.2814.peg.2960	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	133620	134909	3	+	1290
EM17	fig 6666666.2814.peg.2961	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	135756	135001	-3	-	756
EM17	fig 6666666.2814.peg.2962	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	137467	135821	-1	-	1647
EM17	fig 6666666.2814.peg.2963	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	138058	137516	-1	-	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.2964	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	138157	138930	1	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.2965	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	139018	139239	1	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.2966	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	139299	139826	3	+	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.2967	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	140344	139880	-1	-	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.2968	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	140525	140968	2	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.2969	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	142705	141047	-1	-	1659
EM17	fig 6666666.2814.peg.2970	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	144374	142881	-2	-	1494
EM17	fig 6666666.2814.peg.2971	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	144776	145912	2	+	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.2972	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	145914	147128	3	+	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.2973	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	147213	148817	3	+	1605
EM17	fig 6666666.2814.peg.2974	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	149264	150931	2	+	1668
EM17	fig 6666666.2814.peg.2975	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	151484	150990	-2	-	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.2976	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	151867	153222	1	+	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.2977	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	153651	153349	-3	-	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.2978	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	153680	153799	2	+	120

EM17	fig 6666666.2814.peg.2979	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	155695	153839	-1	-	1857
EM17	fig 6666666.2814.peg.2980	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	156172	155900	-1	-	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.2981	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	158627	156345	-2	-	2283
EM17	fig 6666666.2814.peg.2982	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	160117	158831	-1	-	1287
EM17	fig 6666666.2814.peg.2983	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	160827	160204	-3	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.2984	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	162231	160933	-3	-	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.2985	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	163541	162573	-2	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.2986	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	164271	163627	-3	-	645
EM17	fig 6666666.2814.peg.2987	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	166428	164533	-3	-	1896
EM17	fig 6666666.2814.peg.2988	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	166659	167540	3	+	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.2989	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	167531	168076	2	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.2990	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	168695	168144	-2	-	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.2991	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	168823	169728	1	+	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.2992	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	170118	171305	3	+	1188
EM17	fig 6666666.2814.peg.2993	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	171309	172391	3	+	1083
EM17	fig 6666666.2814.peg.2994	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	172394	173401	2	+	1008
EM17	fig 6666666.2814.peg.2995	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	173586	174413	3	+	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.2996	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	174742	175596	1	+	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.2997	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	176033	175632	-2	-	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.2998	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	176119	178797	1	+	2679
EM17	fig 6666666.2814.peg.2999	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	178939	179340	1	+	402
EM17	fig 6666666.2814.peg.3000	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	179775	180359	3	+	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.3001	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	182071	180410	-1	-	1662
EM17	fig 6666666.2814.peg.3002	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	182497	184371	1	+	1875
EM17	fig 6666666.2814.peg.3003	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	184668	187244	3	+	2577
EM17	fig 6666666.2814.peg.3004	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	187247	187576	2	+	330
EM17	fig 6666666.2814.peg.3005	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	187686	188495	3	+	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.3006	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	188624	189400	2	+	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.3007	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	190332	189478	-3	-	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.3008	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	191156	190344	-2	-	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.3009	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	191542	191159	-1	-	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.3010	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	192412	191558	-1	-	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.3011	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	193500	192412	-3	-	1089
EM17	fig 6666666.2814.peg.3012	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	194796	193540	-3	-	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.3013	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	194981	195592	2	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.3014	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	195589	196455	1	+	867
EM17	fig 6666666.2814.peg.3015	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	196443	197441	3	+	999
EM17	fig 6666666.2814.peg.3016	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	197623	198213	1	+	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.3017	CDS	EM17Vibriofischericontig00064	198233	199324	2	+	1092
EM17	fig 6666666.2814.peg.3018	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	2837	285	-2	-	2553
EM17	fig 6666666.2814.peg.3019	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	3710	2976	-2	-	735
EM17	fig 6666666.2814.peg.3020	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	4687	3713	-1	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.3021	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	4849	5574	1	+	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.3022	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	6014	6367	2	+	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.3023	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	6483	7661	3	+	1179
EM17	fig 6666666.2814.peg.3024	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	7684	8196	1	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.3025	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	8491	8165	-1	-	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.3026	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	10537	8588	-1	-	1950
EM17	fig 6666666.2814.peg.3027	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	10710	12377	3	+	1668



EM17	fig 6666666.2814.peg.3028	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	12492	12854	3	+	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.3029	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	12879	13892	3	+	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.3030	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	15099	13966	-3	-	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.3031	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	16179	15106	-3	-	1074
EM17	fig 6666666.2814.peg.3032	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	16748	16395	-2	-	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.3033	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	17539	16790	-1	-	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.3034	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	18089	17562	-2	-	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.3035	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	18365	18117	-2	-	249
EM17	fig 6666666.2814.peg.3036	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	20002	18623	-1	-	1380
EM17	fig 6666666.2814.peg.3037	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	20154	20948	3	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.3038	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	21082	22356	1	+	1275
EM17	fig 6666666.2814.peg.3039	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	22968	22450	-3	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.3040	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	23599	23000	-1	-	600
EM17	fig 6666666.2814.peg.3041	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	25231	23666	-1	-	1566
EM17	fig 6666666.2814.peg.3042	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	28215	25363	-3	-	2853
EM17	fig 6666666.2814.peg.3043	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	28656	28225	-3	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.3044	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	29883	28753	-3	-	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.3045	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	31686	29899	-3	-	1788
EM17	fig 6666666.2814.peg.3046	CDS	EM17Vibriofischericontig00066	31974	31723	-3	-	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.3047	CDS	EM17Vibriofischericontig00071	173	1723	2	+	1551
EM17	fig 6666666.2814.peg.3048	CDS	EM17Vibriofischericontig00071	2721	1885	-3	-	837
EM17	fig 6666666.2814.peg.3049	CDS	EM17Vibriofischericontig00071	2811	4166	3	+	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.3050	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	1163	18	-2	-	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.3051	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	1579	2469	1	+	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.3052	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	2533	2829	1	+	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.3053	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	3218	2958	-2	-	261
EM17	fig 6666666.2814.peg.3054	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	3442	5001	1	+	1560
EM17	fig 6666666.2814.peg.3055	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	5092	6024	1	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.3056	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	6061	8919	1	+	2859
EM17	fig 6666666.2814.peg.3057	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	8919	9191	3	+	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.3058	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	9200	9433	2	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.3059	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	9505	9933	1	+	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.3060	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	9958	10902	1	+	945
EM17	fig 6666666.2814.peg.3061	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	10975	11784	1	+	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.3062	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	12379	13518	1	+	1140
EM17	fig 6666666.2814.peg.3063	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	13536	16766	3	+	3231
EM17	fig 6666666.2814.peg.3064	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	18391	16898	-1	-	1494
EM17	fig 6666666.2814.peg.3065	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	19412	18447	-2	-	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.3066	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	20000	20473	2	+	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.3067	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	20869	20573	-1	-	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.3068	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	20988	21617	3	+	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.3069	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	21703	23682	1	+	1980
EM17	fig 6666666.2814.peg.3070	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	23751	24587	3	+	837
EM17	fig 6666666.2814.peg.3071	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	24635	25972	2	+	1338
EM17	fig 6666666.2814.peg.3072	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	26124	26456	3	+	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.3073	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	26861	27316	2	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.3074	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	27334	28821	1	+	1488
EM17	fig 6666666.2814.peg.3075	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	28846	31527	1	+	2682
EM17	fig 6666666.2814.peg.3076	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	31639	32046	1	+	408

EM17	fig 6666666.2814.peg.3077	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	32046	32996	3	+	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.3078	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	33160	33429	1	+	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.3079	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	33768	35897	3	+	2130
EM17	fig 6666666.2814.peg.3080	CDS	EM17Vibriofischericontig00072	36018	37001	3	+	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.3081	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	8765	27	-2	-	8739
EM17	fig 6666666.2814.peg.3082	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	9013	9942	1	+	930
EM17	fig 6666666.2814.peg.3083	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	10178	11485	2	+	1308
EM17	fig 6666666.2814.peg.3084	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	11520	14918	3	+	3399
EM17	fig 6666666.2814.peg.3085	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	14954	15403	2	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.3086	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	16473	15475	-3	-	999
EM17	fig 6666666.2814.peg.3087	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	18218	16470	-2	-	1749
EM17	fig 6666666.2814.peg.3088	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	18641	18231	-2	-	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.3089	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	20179	18701	-1	-	1479
EM17	fig 6666666.2814.peg.3090	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	20697	20188	-3	-	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.3091	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	22315	20756	-1	-	1560
EM17	fig 6666666.2814.peg.3092	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	24215	22317	-2	-	1899
EM17	fig 6666666.2814.peg.3093	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	25396	24455	-1	-	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.3094	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	26373	25396	-3	-	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.3095	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	27610	26354	-1	-	1257
EM17	fig 6666666.2814.peg.3096	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	28181	27687	-2	-	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.3097	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	30246	28168	-3	-	2079
EM17	fig 6666666.2814.peg.3098	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	30834	30316	-3	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.3099	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	31300	33966	1	+	2667
EM17	fig 6666666.2814.peg.3100	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	33953	35557	2	+	1605
EM17	fig 6666666.2814.peg.3101	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	35558	36058	2	+	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.3102	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	36497	36135	-2	-	363
EM17	fig 6666666.2814.peg.3103	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	37288	36497	-1	-	792
EM17	fig 6666666.2814.peg.3104	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	40889	37320	-2	-	3570
EM17	fig 6666666.2814.peg.3105	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	42093	40879	-3	-	1215
EM17	fig 6666666.2814.peg.3106	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	43884	42193	-3	-	1692
EM17	fig 6666666.2814.peg.3107	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	45327	44098	-3	-	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.3108	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	45542	45378	-2	-	165
EM17	fig 6666666.2814.peg.3109	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	45617	46264	2	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.3110	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	46257	47357	3	+	1101
EM17	fig 6666666.2814.peg.3111	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	47357	49015	2	+	1659
EM17	fig 6666666.2814.peg.3112	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	49016	49300	2	+	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.3113	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	49631	49491	-2	-	141
EM17	fig 6666666.2814.peg.3114	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	50828	50241	-2	-	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.3115	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	51518	50838	-2	-	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.3116	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	52591	51548	-1	-	1044
EM17	fig 6666666.2814.peg.3117	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	53216	52641	-2	-	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.3118	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	54020	53337	-2	-	684
EM17	fig 6666666.2814.peg.3119	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	54418	54020	-1	-	399
EM17	fig 6666666.2814.peg.3120	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	55652	54483	-2	-	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.3121	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	56462	55653	-2	-	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.3122	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	56888	56472	-2	-	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.3123	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	57413	61957	2	+	4545
EM17	fig 6666666.2814.peg.3124	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	61968	64190	3	+	2223
EM17	fig 6666666.2814.peg.3125	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	64420	64205	-1	-	216

EM17	fig 6666666.2814.peg.3126	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	65511	64420	-3	-	1092
EM17	fig 6666666.2814.peg.3127	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	65902	65624	-1	-	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.3128	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	67005	65902	-3	-	1104
EM17	fig 6666666.2814.peg.3129	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	68054	67008	-2	-	1047
EM17	fig 6666666.2814.peg.3130	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	68663	68100	-2	-	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.3131	CDS	EM17Vibriofischericontig00074	69674	73033	2	+	3360
EM17	fig 6666666.2814.peg.3132	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	556	2724	1	+	2169
EM17	fig 6666666.2814.peg.3133	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	2881	3432	1	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.3134	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	3436	5145	1	+	1710
EM17	fig 6666666.2814.peg.3135	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	5135	5977	2	+	843
EM17	fig 6666666.2814.peg.3136	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	6376	6008	-1	-	369
EM17	fig 6666666.2814.peg.3137	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	6516	7316	3	+	801
EM17	fig 6666666.2814.peg.3138	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	7313	7855	2	+	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.3139	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	8153	9484	2	+	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.3140	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	10169	9540	-2	-	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.3141	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	10576	10244	-1	-	333
EM17	fig 6666666.2814.peg.3142	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	12374	10686	-2	-	1689
EM17	fig 6666666.2814.peg.3143	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	12529	14871	1	+	2343
EM17	fig 6666666.2814.peg.3144	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	14967	15740	3	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.3145	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	15902	16537	2	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.3146	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	18067	16631	-1	-	1437
EM17	fig 6666666.2814.peg.3147	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	18537	19130	3	+	594
EM17	fig 6666666.2814.peg.3148	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	19132	19818	1	+	687
EM17	fig 6666666.2814.peg.3149	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	19820	20776	2	+	957
EM17	fig 6666666.2814.peg.3150	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	20851	22737	1	+	1887
EM17	fig 6666666.2814.peg.3151	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	22734	23261	3	+	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.3152	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	23261	23710	2	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.3153	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	24417	23707	-3	-	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.3154	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	25703	24459	-2	-	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.3155	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	26090	26971	2	+	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.3156	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	27642	26968	-3	-	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.3157	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	28043	29368	2	+	1326
EM17	fig 6666666.2814.peg.3158	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	29484	29960	3	+	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.3159	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	29968	31440	1	+	1473
EM17	fig 6666666.2814.peg.3160	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	32202	31507	-3	-	696
EM17	fig 6666666.2814.peg.3161	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	33216	32341	-3	-	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.3162	CDS	EM17Vibriofischericontig00075	35533	33218	-1	-	2316
EM17	fig 6666666.2814.peg.3163	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	1921	806	-1	-	1116
EM17	fig 6666666.2814.peg.3164	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	2134	2598	1	+	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.3165	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	2592	4322	3	+	1731
EM17	fig 6666666.2814.peg.3166	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	4334	6316	2	+	1983
EM17	fig 6666666.2814.peg.3167	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	6309	7241	3	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.3168	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	7346	7612	2	+	267
EM17	fig 6666666.2814.peg.3169	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	7652	8953	2	+	1302
EM17	fig 6666666.2814.peg.3170	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	8990	10195	2	+	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.3171	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	10198	11082	1	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.3172	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	11175	11360	3	+	186
EM17	fig 6666666.2814.peg.3173	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	11538	12854	3	+	1317
EM17	fig 6666666.2814.peg.3174	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	13112	13744	2	+	633

EM17	fig 6666666.2814.peg.3175	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	15031	13847	-1	-	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.3176	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	15137	15562	2	+	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.3177	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	15656	18163	2	+	2508
EM17	fig 6666666.2814.peg.3178	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	18230	18973	2	+	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.3179	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	19226	19606	2	+	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.3180	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	19615	19917	1	+	303
EM17	fig 6666666.2814.peg.3181	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	19933	20160	1	+	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.3182	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	20201	20650	2	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.3183	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	20917	21804	1	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.3184	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	24583	21953	-1	-	2631
EM17	fig 6666666.2814.peg.3185	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	25899	24763	-3	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.3186	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	26108	27112	2	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.3187	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	27128	27910	2	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.3188	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	27967	29178	1	+	1212
EM17	fig 6666666.2814.peg.3189	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	29476	31350	1	+	1875
EM17	fig 6666666.2814.peg.3190	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	31643	31518	-2	-	126
EM17	fig 6666666.2814.peg.3191	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	33336	31870	-3	-	1467
EM17	fig 6666666.2814.peg.3192	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	34147	33419	-1	-	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.3193	CDS	EM17Vibriofischericontig00077	34327	35226	1	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.3194	CDS	EM17Vibriofischericontig00078	111	437	3	+	327
EM17	fig 6666666.2814.peg.3195	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	764	240	-2	-	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.3196	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	2254	797	-1	-	1458
EM17	fig 6666666.2814.peg.3197	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	2892	2311	-3	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.3198	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	3171	5348	3	+	2178
EM17	fig 6666666.2814.peg.3199	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	5362	6525	1	+	1164
EM17	fig 6666666.2814.peg.3200	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	7283	8263	2	+	981
EM17	fig 6666666.2814.peg.3201	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	9285	8344	-3	-	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.3202	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	9623	9432	-2	-	192
EM17	fig 6666666.2814.peg.3203	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	9809	10060	2	+	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.3204	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	10357	10106	-1	-	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.3205	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	12132	10492	-3	-	1641
EM17	fig 6666666.2814.peg.3206	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	14344	12278	-1	-	2067
EM17	fig 6666666.2814.peg.3207	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	15171	14347	-3	-	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.3208	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	15496	15801	1	+	306
EM17	fig 6666666.2814.peg.3209	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	15771	16742	3	+	972
EM17	fig 6666666.2814.peg.3210	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	18458	16800	-2	-	1659
EM17	fig 6666666.2814.peg.3211	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	19129	18695	-1	-	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.3212	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	21969	19552	-3	-	2418
EM17	fig 6666666.2814.peg.3213	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	23066	21987	-2	-	1080
EM17	fig 6666666.2814.peg.3214	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	24180	23080	-3	-	1101
EM17	fig 6666666.2814.peg.3215	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	25622	24213	-2	-	1410
EM17	fig 6666666.2814.peg.3216	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	25919	26671	2	+	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.3217	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	26796	27467	3	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.3218	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	27464	28201	2	+	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.3219	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	28387	28521	1	+	135
EM17	fig 6666666.2814.peg.3220	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	28567	28890	1	+	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.3221	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	29359	30741	1	+	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.3222	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	30839	32206	2	+	1368
EM17	fig 6666666.2814.peg.3223	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	32268	32702	3	+	435

EM17	fig 6666666.2814.peg.3224	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	33126	35015	3	+	1890
EM17	fig 6666666.2814.peg.3225	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	35017	35649	1	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.3226	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	35665	36462	1	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3227	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	36455	37339	2	+	885
EM17	fig 6666666.2814.peg.3228	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	37606	37917	1	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.3229	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	37926	38738	3	+	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.3230	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	38797	39054	1	+	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.3231	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	39116	39580	2	+	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.3232	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	39598	40131	1	+	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.3233	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	40145	41686	2	+	1542
EM17	fig 6666666.2814.peg.3234	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	41732	42598	2	+	867
EM17	fig 6666666.2814.peg.3235	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	42632	44035	2	+	1404
EM17	fig 6666666.2814.peg.3236	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	44054	44476	2	+	423
EM17	fig 6666666.2814.peg.3237	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	44695	46053	1	+	1359
EM17	fig 6666666.2814.peg.3238	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	46401	46192	-3	-	210
EM17	fig 6666666.2814.peg.3239	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	48210	46678	-3	-	1533
EM17	fig 6666666.2814.peg.3240	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	50056	48215	-1	-	1842
EM17	fig 6666666.2814.peg.3241	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	51021	50074	-3	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.3242	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	51279	51034	-3	-	246
EM17	fig 6666666.2814.peg.3243	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	52925	51279	-2	-	1647
EM17	fig 6666666.2814.peg.3244	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	53333	54859	2	+	1527
EM17	fig 6666666.2814.peg.3245	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	54959	55822	2	+	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.3246	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	56469	55867	-3	-	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.3247	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	57493	56510	-1	-	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.3248	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	58968	57550	-3	-	1419
EM17	fig 6666666.2814.peg.3249	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	59443	59180	-1	-	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.3250	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	59713	59594	-1	-	120
EM17	fig 6666666.2814.peg.3251	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	60003	60791	3	+	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.3252	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	60891	61538	3	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.3253	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	63058	61613	-1	-	1446
EM17	fig 6666666.2814.peg.3254	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	64437	63061	-3	-	1377
EM17	fig 6666666.2814.peg.3255	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	65817	64462	-3	-	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.3256	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	66794	65847	-2	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.3257	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	67324	66812	-1	-	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.3258	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	67522	68511	1	+	990
EM17	fig 6666666.2814.peg.3259	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	68592	69629	3	+	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.3260	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	69632	70105	2	+	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.3261	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	70116	70685	3	+	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.3262	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	71835	70723	-3	-	1113
EM17	fig 6666666.2814.peg.3263	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	72323	71838	-2	-	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.3264	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	72523	73080	1	+	558
EM17	fig 6666666.2814.peg.3265	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	73153	73974	1	+	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.3266	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	73974	74237	3	+	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.3267	CDS	EM17Vibriofischericontig00079	74775	74230	-3	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.3268	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	1966	689	-1	-	1278
EM17	fig 6666666.2814.peg.3269	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	2149	5829	1	+	3681
EM17	fig 6666666.2814.peg.3270	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	7248	5896	-3	-	1353
EM17	fig 6666666.2814.peg.3271	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	7732	8811	1	+	1080
EM17	fig 6666666.2814.peg.3272	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	10623	8863	-3	-	1761

EM17	fig 6666666.2814.peg.3273	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	13545	10720	-3	-	2826
EM17	fig 6666666.2814.peg.3274	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	14582	13701	-2	-	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.3275	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	15167	14763	-2	-	405
EM17	fig 6666666.2814.peg.3276	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	16287	15154	-3	-	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.3277	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	17497	16292	-1	-	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.3278	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	18492	17494	-3	-	999
EM17	fig 6666666.2814.peg.3279	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	19864	18485	-1	-	1380
EM17	fig 6666666.2814.peg.3280	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	21072	19867	-3	-	1206
EM17	fig 6666666.2814.peg.3281	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	23257	21077	-1	-	2181
EM17	fig 6666666.2814.peg.3282	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	23848	23261	-1	-	588
EM17	fig 6666666.2814.peg.3283	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	24934	23849	-1	-	1086
EM17	fig 6666666.2814.peg.3284	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	26561	25149	-2	-	1413
EM17	fig 6666666.2814.peg.3285	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	26874	27407	3	+	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.3286	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	28182	27493	-3	-	690
EM17	fig 6666666.2814.peg.3287	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	28389	30368	3	+	1980
EM17	fig 6666666.2814.peg.3288	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	30425	31951	2	+	1527
EM17	fig 6666666.2814.peg.3289	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	31944	32582	3	+	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.3290	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	32584	32925	1	+	342
EM17	fig 6666666.2814.peg.3291	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	32937	34577	3	+	1641
EM17	fig 6666666.2814.peg.3292	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	34590	35438	3	+	849
EM17	fig 6666666.2814.peg.3293	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	35435	36568	2	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.3294	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	36568	38292	1	+	1725
EM17	fig 6666666.2814.peg.3295	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	38302	39528	1	+	1227
EM17	fig 6666666.2814.peg.3296	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	39531	39986	3	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.3297	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	40073	40636	2	+	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.3298	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	40801	41256	1	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.3299	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	41383	41979	1	+	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.3300	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	41976	42557	3	+	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.3301	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	42557	43282	2	+	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.3302	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	43272	43706	3	+	435
EM17	fig 6666666.2814.peg.3303	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	43706	46813	2	+	3108
EM17	fig 6666666.2814.peg.3304	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	46936	47979	1	+	1044
EM17	fig 6666666.2814.peg.3305	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	48078	48854	3	+	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.3306	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	48844	49335	1	+	492
EM17	fig 6666666.2814.peg.3307	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	49346	49921	2	+	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.3308	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	49940	51409	2	+	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.3309	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	51421	55290	1	+	3870
EM17	fig 6666666.2814.peg.3310	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	55305	56123	3	+	819
EM17	fig 6666666.2814.peg.3311	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	56217	57662	3	+	1446
EM17	fig 6666666.2814.peg.3312	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	58285	57755	-1	-	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.3313	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	58404	59747	3	+	1344
EM17	fig 6666666.2814.peg.3314	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	61188	59833	-3	-	1356
EM17	fig 6666666.2814.peg.3315	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	61617	61339	-3	-	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.3316	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	62481	61636	-3	-	846
EM17	fig 6666666.2814.peg.3317	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	62957	62514	-2	-	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.3318	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	63246	62959	-3	-	288
EM17	fig 6666666.2814.peg.3319	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	64735	63266	-1	-	1470
EM17	fig 6666666.2814.peg.3320	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	65484	64759	-3	-	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.3321	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	65984	65487	-2	-	498

EM17	fig 6666666.2814.peg.3322	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	66528	65965	-3	-	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.3323	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	67085	66525	-2	-	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.3324	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	68059	67085	-1	-	975
EM17	fig 6666666.2814.peg.3325	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	69216	68245	-3	-	972
EM17	fig 6666666.2814.peg.3326	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	69418	70224	1	+	807
EM17	fig 6666666.2814.peg.3327	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	70217	71011	2	+	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.3328	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	71015	71509	2	+	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.3329	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	71509	72150	1	+	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.3330	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	72470	72727	2	+	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.3331	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	72739	74007	1	+	1269
EM17	fig 6666666.2814.peg.3332	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	74155	74883	1	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.3333	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	74955	75500	3	+	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.3334	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	75963	75574	-3	-	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.3335	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	76566	76102	-3	-	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.3336	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	77509	76580	-1	-	930
EM17	fig 6666666.2814.peg.3337	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	78758	77754	-2	-	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.3338	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	80091	78871	-3	-	1221
EM17	fig 6666666.2814.peg.3339	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	80245	80661	1	+	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.3340	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	80732	81574	2	+	843
EM17	fig 6666666.2814.peg.3341	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	84664	81791	-1	-	2874
EM17	fig 6666666.2814.peg.3342	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	85218	84775	-3	-	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.3343	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	86806	85298	-1	-	1509
EM17	fig 6666666.2814.peg.3344	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	87074	88108	2	+	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.3345	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	88101	89177	3	+	1077
EM17	fig 6666666.2814.peg.3346	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	89715	89251	-3	-	465
EM17	fig 6666666.2814.peg.3347	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	90365	90108	-2	-	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.3348	CDS	EM17Vibriofischericontig00080	90785	90399	-2	-	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.3349	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	453	935	3	+	483
EM17	fig 6666666.2814.peg.3350	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	1686	898	-3	-	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.3351	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	2423	1752	-2	-	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.3352	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	4319	2472	-2	-	1848
EM17	fig 6666666.2814.peg.3353	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	4738	5844	1	+	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.3354	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	6273	5899	-3	-	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.3355	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	7001	6324	-2	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.3356	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	7279	7082	-1	-	198
EM17	fig 6666666.2814.peg.3357	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	7236	8651	3	+	1416
EM17	fig 6666666.2814.peg.3358	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	10050	8719	-3	-	1332
EM17	fig 6666666.2814.peg.3359	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	10970	10176	-2	-	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.3360	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	11722	11096	-1	-	627
EM17	fig 6666666.2814.peg.3361	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	11964	14387	3	+	2424
EM17	fig 6666666.2814.peg.3362	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	15484	14621	-1	-	864
EM17	fig 6666666.2814.peg.3363	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	16023	15481	-3	-	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.3364	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	16146	16556	3	+	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.3365	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	17476	16652	-1	-	825
EM17	fig 6666666.2814.peg.3366	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	17806	17483	-1	-	324
EM17	fig 6666666.2814.peg.3367	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	19147	18287	-1	-	861
EM17	fig 6666666.2814.peg.3368	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	20316	19363	-3	-	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.3369	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	20977	20309	-1	-	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.3370	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	22219	20981	-1	-	1239

EM17	fig 6666666.2814.peg.3371	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	22290	22892	3	+	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.3372	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	22893	23159	3	+	267
EM17	fig 6666666.2814.peg.3373	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	23449	23895	1	+	447
EM17	fig 6666666.2814.peg.3374	CDS	EM17Vibriofischericontig00083	24202	23960	-1	-	243
EM17	fig 6666666.2814.peg.3375	CDS	EM17Vibriofischericontig00084	324	73	-3	-	252
EM17	fig 6666666.2814.peg.3376	CDS	EM17Vibriofischericontig00084	3505	434	-1	-	3072
EM17	fig 6666666.2814.peg.3377	CDS	EM17Vibriofischericontig00084	4623	3517	-3	-	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.3378	CDS	EM17Vibriofischericontig00084	5208	4642	-3	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.3379	CDS	EM17Vibriofischericontig00084	5396	7411	2	+	2016
EM17	fig 6666666.2814.peg.3380	CDS	EM17Vibriofischericontig00084	7887	7480	-3	-	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.3381	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	815	318	-2	-	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.3382	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	3129	1078	-3	-	2052
EM17	fig 6666666.2814.peg.3383	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	3322	5385	1	+	2064
EM17	fig 6666666.2814.peg.3384	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	5892	5437	-3	-	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.3385	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	6986	5985	-2	-	1002
EM17	fig 6666666.2814.peg.3386	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	7060	9936	1	+	2877
EM17	fig 6666666.2814.peg.3387	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	10069	11709	1	+	1641
EM17	fig 6666666.2814.peg.3388	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	12317	11757	-2	-	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.3389	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	12971	12342	-2	-	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.3390	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	13653	13063	-3	-	591
EM17	fig 6666666.2814.peg.3391	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	13924	14751	1	+	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.3392	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	15625	14876	-1	-	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.3393	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	16547	15690	-2	-	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.3394	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	17478	16552	-3	-	927
EM17	fig 6666666.2814.peg.3395	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	18375	17554	-3	-	822
EM17	fig 6666666.2814.peg.3396	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	19381	18632	-1	-	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.3397	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	20636	19392	-2	-	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.3398	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	20791	21444	1	+	654
EM17	fig 6666666.2814.peg.3399	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	22991	21537	-2	-	1455
EM17	fig 6666666.2814.peg.3400	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	23351	24721	2	+	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.3401	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	25182	24784	-3	-	399
EM17	fig 6666666.2814.peg.3402	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	26397	25195	-3	-	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.3403	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	27236	26511	-2	-	726
EM17	fig 6666666.2814.peg.3404	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	27794	27297	-2	-	498
EM17	fig 6666666.2814.peg.3405	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	27946	29328	1	+	1383
EM17	fig 6666666.2814.peg.3406	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	29410	29988	1	+	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.3407	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	32612	30075	-2	-	2538
EM17	fig 6666666.2814.peg.3408	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	33227	34891	2	+	1665
EM17	fig 6666666.2814.peg.3409	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	34996	35916	1	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.3410	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	35931	36833	3	+	903
EM17	fig 6666666.2814.peg.3411	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	36884	37849	2	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.3412	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	37849	38844	1	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.3413	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	40097	38949	-2	-	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.3414	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	40900	40163	-1	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.3415	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	43336	41060	-1	-	2277
EM17	fig 6666666.2814.peg.3416	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	45133	43625	-1	-	1509
EM17	fig 6666666.2814.peg.3417	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	45748	46518	1	+	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.3418	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	46592	47368	2	+	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.3419	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	47493	48233	3	+	741



EM17	fig 6666666.2814.peg.3420	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	48236	48913	2	+	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.3421	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	49833	49183	-3	-	651
EM17	fig 6666666.2814.peg.3422	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	50720	49914	-2	-	807
EM17	fig 6666666.2814.peg.3423	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	51005	50817	-2	-	189
EM17	fig 6666666.2814.peg.3424	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	51761	52807	2	+	1047
EM17	fig 6666666.2814.peg.3425	CDS	EM17Vibriofischericontig00087	52810	55920	1	+	3111
EM17	fig 6666666.2814.peg.3426	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	1394	258	-2	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.3427	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	1775	1503	-2	-	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.3428	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	2830	1778	-1	-	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.3429	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	3075	3791	3	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.3430	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	3875	4795	2	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.3431	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	6059	4899	-2	-	1161
EM17	fig 6666666.2814.peg.3432	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	6659	6063	-2	-	597
EM17	fig 6666666.2814.peg.3433	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	7101	6670	-3	-	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.3434	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	7458	7171	-3	-	288
EM17	fig 6666666.2814.peg.3435	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	8020	7466	-1	-	555
EM17	fig 6666666.2814.peg.3436	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	8887	8069	-1	-	819
EM17	fig 6666666.2814.peg.3437	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	9681	8971	-3	-	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.3438	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	9705	10742	3	+	1038
EM17	fig 6666666.2814.peg.3439	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	10745	11851	2	+	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.3440	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	12393	11986	-3	-	408
EM17	fig 6666666.2814.peg.3441	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	12971	12408	-2	-	564
EM17	fig 6666666.2814.peg.3442	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	14031	13084	-3	-	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.3443	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	14776	14045	-1	-	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.3444	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	15554	14850	-2	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.3445	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	16146	15646	-3	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.3446	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	17466	16312	-3	-	1155
EM17	fig 6666666.2814.peg.3447	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	17831	19825	2	+	1995
EM17	fig 6666666.2814.peg.3448	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	19970	20989	2	+	1020
EM17	fig 6666666.2814.peg.3449	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	21156	22319	3	+	1164
EM17	fig 6666666.2814.peg.3450	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	22475	23551	2	+	1077
EM17	fig 6666666.2814.peg.3451	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	25016	23775	-2	-	1242
EM17	fig 6666666.2814.peg.3452	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	25809	25105	-3	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.3453	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	26098	27411	1	+	1314
EM17	fig 6666666.2814.peg.3454	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	28044	27526	-3	-	519
EM17	fig 6666666.2814.peg.3455	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	28190	29086	2	+	897
EM17	fig 6666666.2814.peg.3456	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	29161	29937	1	+	777
EM17	fig 6666666.2814.peg.3457	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	30008	31747	2	+	1740
EM17	fig 6666666.2814.peg.3458	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	32369	33115	2	+	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.3459	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	33129	34634	3	+	1506
EM17	fig 6666666.2814.peg.3460	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	35021	36358	2	+	1338
EM17	fig 6666666.2814.peg.3461	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	37079	36411	-2	-	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.3462	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	37677	38189	3	+	513
EM17	fig 6666666.2814.peg.3463	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	38228	40489	2	+	2262
EM17	fig 6666666.2814.peg.3464	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	40495	41292	1	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3465	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	41304	42137	3	+	834
EM17	fig 6666666.2814.peg.3466	CDS	EM17Vibriofischericontig00090	42209	43066	2	+	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.3467	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	942	238	-3	-	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.3468	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	1162	2643	1	+	1482

EM17	fig 6666666.2814.peg.3469	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	2943	3581	3	+	639
EM17	fig 6666666.2814.peg.3470	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	3761	4705	2	+	945
EM17	fig 6666666.2814.peg.3471	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	4885	7248	1	+	2364
EM17	fig 6666666.2814.peg.3472	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	7327	7866	1	+	540
EM17	fig 6666666.2814.peg.3473	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	8299	7946	-1	-	354
EM17	fig 6666666.2814.peg.3474	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	9030	8296	-3	-	735
EM17	fig 6666666.2814.peg.3475	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	9218	9048	-2	-	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.3476	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	10263	9346	-3	-	918
EM17	fig 6666666.2814.peg.3477	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	10781	10314	-2	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.3478	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	11289	10846	-3	-	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.3479	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	11756	11289	-2	-	468
EM17	fig 6666666.2814.peg.3480	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	11926	12117	1	+	192
EM17	fig 6666666.2814.peg.3481	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	12210	12665	3	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.3482	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	12869	14467	2	+	1599
EM17	fig 6666666.2814.peg.3483	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	14464	15573	1	+	1110
EM17	fig 6666666.2814.peg.3484	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	15570	15722	3	+	153
EM17	fig 6666666.2814.peg.3485	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	15791	18691	2	+	2901
EM17	fig 6666666.2814.peg.3486	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	18834	20045	3	+	1212
EM17	fig 6666666.2814.peg.3487	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	20214	21308	3	+	1095
EM17	fig 6666666.2814.peg.3488	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	22689	21448	-3	-	1242
EM17	fig 6666666.2814.peg.3489	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	23804	23319	-2	-	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.3490	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	23904	24341	3	+	438
EM17	fig 6666666.2814.peg.3491	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	24328	24639	1	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.3492	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	25092	24736	-3	-	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.3493	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	26975	25308	-2	-	1668
EM17	fig 6666666.2814.peg.3494	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	27983	27093	-2	-	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.3495	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	28155	28739	3	+	585
EM17	fig 6666666.2814.peg.3496	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	28980	29927	3	+	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.3497	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	30146	32050	2	+	1905
EM17	fig 6666666.2814.peg.3498	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	32386	33570	1	+	1185
EM17	fig 6666666.2814.peg.3499	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	33782	34843	2	+	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.3500	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	35181	34927	-3	-	255
EM17	fig 6666666.2814.peg.3501	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	36573	35185	-3	-	1389
EM17	fig 6666666.2814.peg.3502	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	37731	36817	-3	-	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.3503	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	37943	38635	2	+	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.3504	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	38661	39956	3	+	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.3505	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	40022	40960	2	+	939
EM17	fig 6666666.2814.peg.3506	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	41070	43277	3	+	2208
EM17	fig 6666666.2814.peg.3507	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	43288	44823	1	+	1536
EM17	fig 6666666.2814.peg.3508	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	44828	45646	2	+	819
EM17	fig 6666666.2814.peg.3509	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	45686	46384	2	+	699
EM17	fig 6666666.2814.peg.3510	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	46546	47106	1	+	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.3511	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	47846	47352	-2	-	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.3512	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	48718	48077	-1	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.3513	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	49939	48800	-1	-	1140
EM17	fig 6666666.2814.peg.3514	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	51048	50125	-3	-	924
EM17	fig 6666666.2814.peg.3515	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	52270	51341	-1	-	930
EM17	fig 6666666.2814.peg.3516	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	52578	53213	3	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.3517	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	53270	53632	2	+	363

EM17	fig 6666666.2814.peg.3518	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	54432	53689	-3	-	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.3519	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	55322	54714	-2	-	609
EM17	fig 6666666.2814.peg.3520	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	55468	56367	1	+	900
EM17	fig 6666666.2814.peg.3521	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	56942	58546	2	+	1605
EM17	fig 6666666.2814.peg.3522	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	58561	59889	1	+	1329
EM17	fig 6666666.2814.peg.3523	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	60411	59968	-3	-	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.3524	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	60644	61696	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.3525	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	61911	63038	3	+	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.3526	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	63133	63468	1	+	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.3527	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	63555	65378	3	+	1824
EM17	fig 6666666.2814.peg.3528	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	65391	66341	3	+	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.3529	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	66792	66412	-3	-	381
EM17	fig 6666666.2814.peg.3530	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	69553	66932	-1	-	2622
EM17	fig 6666666.2814.peg.3531	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	70439	69612	-2	-	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.3532	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	70799	71527	2	+	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.3533	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	71661	72506	3	+	846
EM17	fig 6666666.2814.peg.3534	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	72659	73390	2	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.3535	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	73426	73983	1	+	558
EM17	fig 6666666.2814.peg.3536	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	74105	74878	2	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.3537	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	74882	75721	2	+	840
EM17	fig 6666666.2814.peg.3538	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	75828	77030	3	+	1203
EM17	fig 6666666.2814.peg.3539	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	77033	78391	2	+	1359
EM17	fig 6666666.2814.peg.3540	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	78421	80850	1	+	2430
EM17	fig 6666666.2814.peg.3541	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	80931	81440	3	+	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.3542	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	81449	82468	2	+	1020
EM17	fig 6666666.2814.peg.3543	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	82596	83048	3	+	453
EM17	fig 6666666.2814.peg.3544	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	83051	83839	2	+	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.3545	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	83908	85059	1	+	1152
EM17	fig 6666666.2814.peg.3546	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	85064	85687	2	+	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.3547	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	85687	89166	1	+	3480
EM17	fig 6666666.2814.peg.3548	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	89218	90177	1	+	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.3549	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	90248	91618	2	+	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.3550	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	91670	91981	2	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.3551	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	92124	92462	3	+	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.3552	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	92574	93446	3	+	873
EM17	fig 6666666.2814.peg.3553	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	94119	93427	-3	-	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.3554	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	95669	94116	-2	-	1554
EM17	fig 6666666.2814.peg.3555	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	96519	95761	-3	-	759
EM17	fig 6666666.2814.peg.3556	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	96567	97310	3	+	744
EM17	fig 6666666.2814.peg.3557	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	97765	97307	-1	-	459
EM17	fig 6666666.2814.peg.3558	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	97878	98549	3	+	672
EM17	fig 6666666.2814.peg.3559	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	98560	99822	1	+	1263
EM17	fig 6666666.2814.peg.3560	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	99995	100171	2	+	177
EM17	fig 6666666.2814.peg.3561	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	102687	100240	-3	-	2448
EM17	fig 6666666.2814.peg.3562	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	103030	103611	1	+	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.3563	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	103684	104517	1	+	834
EM17	fig 6666666.2814.peg.3564	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	105217	104576	-1	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.3565	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	106381	105341	-1	-	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.3566	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	106607	107233	2	+	627

EM17	fig 6666666.2814.peg.3567	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	108580	107360	-1	-	1221
EM17	fig 6666666.2814.peg.3568	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	108817	109992	1	+	1176
EM17	fig 6666666.2814.peg.3569	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	110496	110068	-3	-	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.3570	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	110906	110556	-2	-	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.3571	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	111659	110922	-2	-	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.3572	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	112375	111695	-1	-	681
EM17	fig 6666666.2814.peg.3573	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	112576	112755	1	+	180
EM17	fig 6666666.2814.peg.3574	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	112764	113828	3	+	1065
EM17	fig 6666666.2814.peg.3575	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	114356	113886	-2	-	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.3576	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	114982	114455	-1	-	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.3577	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	115254	116135	3	+	882
EM17	fig 6666666.2814.peg.3578	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	116147	117199	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.3579	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	117436	117161	-1	-	276
EM17	fig 6666666.2814.peg.3580	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	118107	117439	-3	-	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.3581	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	119299	118166	-1	-	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.3582	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	119680	119333	-1	-	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.3583	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	119879	120163	2	+	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.3584	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	120330	120611	3	+	282
EM17	fig 6666666.2814.peg.3585	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	120992	120732	-2	-	261
EM17	fig 6666666.2814.peg.3586	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	121674	121063	-3	-	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.3587	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	123386	121695	-2	-	1692
EM17	fig 6666666.2814.peg.3588	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	123574	124098	1	+	525
EM17	fig 6666666.2814.peg.3589	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	124092	124376	3	+	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.3590	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	124373	126862	2	+	2490
EM17	fig 6666666.2814.peg.3591	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	126938	127411	2	+	474
EM17	fig 6666666.2814.peg.3592	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	127444	128019	1	+	576
EM17	fig 6666666.2814.peg.3593	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	128029	128160	1	+	132
EM17	fig 6666666.2814.peg.3594	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	128603	128376	-2	-	228
EM17	fig 6666666.2814.peg.3595	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	128808	129257	3	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.3596	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	129274	129666	1	+	393
EM17	fig 6666666.2814.peg.3597	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	129749	130654	2	+	906
EM17	fig 6666666.2814.peg.3598	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	131304	130795	-3	-	510
EM17	fig 6666666.2814.peg.3599	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	133104	131380	-3	-	1725
EM17	fig 6666666.2814.peg.3600	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	133417	133160	-1	-	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.3601	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	134706	133738	-3	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.3602	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	135589	134837	-1	-	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.3603	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	135874	136869	1	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.3604	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	136961	138967	2	+	2007
EM17	fig 6666666.2814.peg.3605	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	139493	140545	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.3606	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	141284	142324	2	+	1041
EM17	fig 6666666.2814.peg.3607	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	142413	143210	3	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3608	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	143380	144804	1	+	1425
EM17	fig 6666666.2814.peg.3609	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	145088	144915	-2	-	174
EM17	fig 6666666.2814.peg.3610	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	146547	145171	-3	-	1377
EM17	fig 6666666.2814.peg.3611	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	147901	146765	-1	-	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.3612	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	148073	148708	2	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.3613	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	148720	149151	1	+	432
EM17	fig 6666666.2814.peg.3614	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	150018	149590	-3	-	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.3615	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	150376	150065	-1	-	312

EM17	fig 6666666.2814.peg.3616	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	151339	150593	-1	-	747
EM17	fig 6666666.2814.peg.3617	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	151417	152337	1	+	921
EM17	fig 6666666.2814.peg.3618	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	152421	153248	3	+	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.3619	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	153444	153839	3	+	396
EM17	fig 6666666.2814.peg.3620	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	153842	154258	2	+	417
EM17	fig 6666666.2814.peg.3621	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	154274	154984	2	+	711
EM17	fig 6666666.2814.peg.3622	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	155145	156443	3	+	1299
EM17	fig 6666666.2814.peg.3623	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	156658	157407	1	+	750
EM17	fig 6666666.2814.peg.3624	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	157462	158250	1	+	789
EM17	fig 6666666.2814.peg.3625	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	158263	159054	1	+	792
EM17	fig 6666666.2814.peg.3626	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	159081	160178	3	+	1098
EM17	fig 6666666.2814.peg.3627	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	160287	161291	3	+	1005
EM17	fig 6666666.2814.peg.3628	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	161561	163441	2	+	1881
EM17	fig 6666666.2814.peg.3629	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	163459	164652	1	+	1194
EM17	fig 6666666.2814.peg.3630	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	165273	166412	3	+	1140
EM17	fig 6666666.2814.peg.3631	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	166731	167864	3	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.3632	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	167972	167847	-2	-	126
EM17	fig 6666666.2814.peg.3633	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	168263	169396	2	+	1134
EM17	fig 6666666.2814.peg.3634	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	169791	170918	3	+	1128
EM17	fig 6666666.2814.peg.3635	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	171164	172300	2	+	1137
EM17	fig 6666666.2814.peg.3636	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	172424	172843	2	+	420
EM17	fig 6666666.2814.peg.3637	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	172868	174838	2	+	1971
EM17	fig 6666666.2814.peg.3638	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	174870	175160	3	+	291
EM17	fig 6666666.2814.peg.3639	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	175176	175586	3	+	411
EM17	fig 6666666.2814.peg.3640	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	175775	177256	2	+	1482
EM17	fig 6666666.2814.peg.3641	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	177415	178476	1	+	1062
EM17	fig 6666666.2814.peg.3642	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	178480	179913	1	+	1434
EM17	fig 6666666.2814.peg.3643	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	180014	180325	2	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.3644	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	180343	182076	1	+	1734
EM17	fig 6666666.2814.peg.3645	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	182069	183121	2	+	1053
EM17	fig 6666666.2814.peg.3646	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	183226	184023	1	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3647	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	184023	185342	3	+	1320
EM17	fig 6666666.2814.peg.3648	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	185353	185796	1	+	444
EM17	fig 6666666.2814.peg.3649	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	185968	186315	1	+	348
EM17	fig 6666666.2814.peg.3650	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	186369	187220	3	+	852
EM17	fig 6666666.2814.peg.3651	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	187284	187769	3	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.3652	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	187777	188811	1	+	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.3653	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	188834	189223	2	+	390
EM17	fig 6666666.2814.peg.3654	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	189247	189633	1	+	387
EM17	fig 6666666.2814.peg.3655	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	189620	190489	2	+	870
EM17	fig 6666666.2814.peg.3656	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	190499	190768	2	+	270
EM17	fig 6666666.2814.peg.3657	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	190806	191588	3	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.3658	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	191634	192764	3	+	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.3659	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	193455	192778	-3	-	678
EM17	fig 6666666.2814.peg.3660	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	193718	195811	2	+	2094
EM17	fig 6666666.2814.peg.3661	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	195845	197323	2	+	1479
EM17	fig 6666666.2814.peg.3662	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	197320	198210	1	+	891
EM17	fig 6666666.2814.peg.3663	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	198203	198934	2	+	732
EM17	fig 6666666.2814.peg.3664	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	198971	199351	2	+	381

EM17	fig 6666666.2814.peg.3665	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	199383	200099	3	+	717
EM17	fig 6666666.2814.peg.3666	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	200109	202316	3	+	2208
EM17	fig 6666666.2814.peg.3667	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	202332	203462	3	+	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.3668	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	203471	204238	2	+	768
EM17	fig 6666666.2814.peg.3669	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	204238	205296	1	+	1059
EM17	fig 6666666.2814.peg.3670	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	205325	205819	2	+	495
EM17	fig 6666666.2814.peg.3671	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	205819	206280	1	+	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.3672	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	206562	207176	3	+	615
EM17	fig 6666666.2814.peg.3673	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	207177	207845	3	+	669
EM17	fig 6666666.2814.peg.3674	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	207889	208641	1	+	753
EM17	fig 6666666.2814.peg.3675	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	208665	208871	3	+	207
EM17	fig 6666666.2814.peg.3676	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	208868	209353	2	+	486
EM17	fig 6666666.2814.peg.3677	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	209350	211308	1	+	1959
EM17	fig 6666666.2814.peg.3678	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	211312	211863	1	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.3679	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	211863	212378	3	+	516
EM17	fig 6666666.2814.peg.3680	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	212375	213592	2	+	1218
EM17	fig 6666666.2814.peg.3681	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	213752	214534	2	+	783
EM17	fig 6666666.2814.peg.3682	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	215222	214617	-2	-	606
EM17	fig 6666666.2814.peg.3683	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	216709	215384	-1	-	1326
EM17	fig 6666666.2814.peg.3684	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	218467	217220	-1	-	1248
EM17	fig 6666666.2814.peg.3685	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	219348	220676	3	+	1329
EM17	fig 6666666.2814.peg.3686	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	220676	222775	2	+	2100
EM17	fig 6666666.2814.peg.3687	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	225619	222821	-1	-	2799
EM17	fig 6666666.2814.peg.3688	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	225879	226334	3	+	456
EM17	fig 6666666.2814.peg.3689	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	226931	226398	-2	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.3690	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	226984	227916	1	+	933
EM17	fig 6666666.2814.peg.3691	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	228076	227963	-1	-	114
EM17	fig 6666666.2814.peg.3692	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	228475	229560	1	+	1086
EM17	fig 6666666.2814.peg.3693	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	230361	229720	-3	-	642
EM17	fig 6666666.2814.peg.3694	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	231000	230467	-3	-	534
EM17	fig 6666666.2814.peg.3695	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	231191	231721	2	+	531
EM17	fig 6666666.2814.peg.3696	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	231729	231989	3	+	261
EM17	fig 6666666.2814.peg.3697	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	232488	232063	-3	-	426
EM17	fig 6666666.2814.peg.3698	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	232567	233508	1	+	942
EM17	fig 6666666.2814.peg.3699	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	233819	235186	2	+	1368
EM17	fig 6666666.2814.peg.3700	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	235771	235169	-1	-	603
EM17	fig 6666666.2814.peg.3701	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	236841	236032	-3	-	810
EM17	fig 6666666.2814.peg.3702	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	237353	238027	2	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.3703	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	238717	238217	-1	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.3704	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	240569	238821	-2	-	1749
EM17	fig 6666666.2814.peg.3705	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	240789	242387	3	+	1599
EM17	fig 6666666.2814.peg.3706	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	242417	243091	2	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.3707	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	243115	243585	1	+	471
EM17	fig 6666666.2814.peg.3708	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	243612	244499	3	+	888
EM17	fig 6666666.2814.peg.3709	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	245815	244619	-1	-	1197
EM17	fig 6666666.2814.peg.3710	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	247470	245944	-3	-	1527
EM17	fig 6666666.2814.peg.3711	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	247965	247489	-3	-	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.3712	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	249080	248103	-2	-	978
EM17	fig 6666666.2814.peg.3713	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	251432	249339	-2	-	2094

EM17	fig 6666666.2814.peg.3714	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	251673	252101	3	+	429
EM17	fig 6666666.2814.peg.3715	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	252361	252167	-1	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.3716	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	252528	253382	3	+	855
EM17	fig 6666666.2814.peg.3717	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	254820	253450	-3	-	1371
EM17	fig 6666666.2814.peg.3718	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	255507	254890	-3	-	618
EM17	fig 6666666.2814.peg.3719	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	256643	255519	-2	-	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.3720	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	258298	256760	-1	-	1539
EM17	fig 6666666.2814.peg.3721	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	258486	259976	3	+	1491
EM17	fig 6666666.2814.peg.3722	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	259991	261136	2	+	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.3723	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	261150	261923	3	+	774
EM17	fig 6666666.2814.peg.3724	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	261969	262304	3	+	336
EM17	fig 6666666.2814.peg.3725	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	263999	262380	-2	-	1620
EM17	fig 6666666.2814.peg.3726	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	264288	264560	3	+	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.3727	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	264819	264646	-3	-	174
EM17	fig 6666666.2814.peg.3728	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	265422	264922	-3	-	501
EM17	fig 6666666.2814.peg.3729	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	265747	267975	1	+	2229
EM17	fig 6666666.2814.peg.3730	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	269573	268056	-2	-	1518
EM17	fig 6666666.2814.peg.3731	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	270855	269584	-3	-	1272
EM17	fig 6666666.2814.peg.3732	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	272920	270986	-1	-	1935
EM17	fig 6666666.2814.peg.3733	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	273963	273106	-3	-	858
EM17	fig 6666666.2814.peg.3734	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	274418	275875	2	+	1458
EM17	fig 6666666.2814.peg.3735	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	276470	275928	-2	-	543
EM17	fig 6666666.2814.peg.3736	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	276800	276579	-2	-	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.3737	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	277199	277519	2	+	321
EM17	fig 6666666.2814.peg.3738	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	277562	279814	2	+	2253
EM17	fig 6666666.2814.peg.3739	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	280155	279937	-3	-	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.3740	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	280937	280245	-2	-	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.3741	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	281653	280934	-1	-	720
EM17	fig 6666666.2814.peg.3742	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	281839	283119	1	+	1281
EM17	fig 6666666.2814.peg.3743	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	283278	283952	3	+	675
EM17	fig 6666666.2814.peg.3744	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	284048	285721	2	+	1674
EM17	fig 6666666.2814.peg.3745	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	285782	286063	2	+	282
EM17	fig 6666666.2814.peg.3746	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	286198	286482	1	+	285
EM17	fig 6666666.2814.peg.3747	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	286490	287659	2	+	1170
EM17	fig 6666666.2814.peg.3748	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	287771	288475	2	+	705
EM17	fig 6666666.2814.peg.3749	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	290660	288600	-2	-	2061
EM17	fig 6666666.2814.peg.3750	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	290793	291860	3	+	1068
EM17	fig 6666666.2814.peg.3751	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	291965	292612	2	+	648
EM17	fig 6666666.2814.peg.3752	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	292787	294922	2	+	2136
EM17	fig 6666666.2814.peg.3753	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	295599	294994	-3	-	606
EM17	fig 6666666.2814.peg.3754	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	297247	295700	-1	-	1548
EM17	fig 6666666.2814.peg.3755	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	300408	297424	-3	-	2985
EM17	fig 6666666.2814.peg.3756	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	300852	301799	3	+	948
EM17	fig 6666666.2814.peg.3757	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	302459	301878	-2	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.3758	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	302757	303278	3	+	522
EM17	fig 6666666.2814.peg.3759	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	303295	303465	1	+	171
EM17	fig 6666666.2814.peg.3760	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	303740	304501	2	+	762
EM17	fig 6666666.2814.peg.3761	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	304507	305460	1	+	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.3762	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	305527	306450	1	+	924

EM17	fig 6666666.2814.peg.3763	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	306467	307204	2	+	738
EM17	fig 6666666.2814.peg.3764	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	307374	307607	3	+	234
EM17	fig 6666666.2814.peg.3765	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	307699	308943	1	+	1245
EM17	fig 6666666.2814.peg.3766	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	309056	309862	2	+	807
EM17	fig 6666666.2814.peg.3767	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	309856	310866	1	+	1011
EM17	fig 6666666.2814.peg.3768	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	310869	311501	3	+	633
EM17	fig 6666666.2814.peg.3769	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	311524	312474	1	+	951
EM17	fig 6666666.2814.peg.3770	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	312464	313234	2	+	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.3771	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	313683	315110	3	+	1428
EM17	fig 6666666.2814.peg.3772	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	315786	315157	-3	-	630
EM17	fig 6666666.2814.peg.3773	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	316019	315882	-2	-	138
EM17	fig 6666666.2814.peg.3774	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	317445	315979	-3	-	1467
EM17	fig 6666666.2814.peg.3775	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	318399	317818	-3	-	582
EM17	fig 6666666.2814.peg.3776	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	319521	318751	-3	-	771
EM17	fig 6666666.2814.peg.3777	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	319799	321079	2	+	1281
EM17	fig 6666666.2814.peg.3778	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	323569	321233	-1	-	2337
EM17	fig 6666666.2814.peg.3779	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	324527	323961	-2	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.3780	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	325489	324677	-1	-	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.3781	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	327051	325684	-3	-	1368
EM17	fig 6666666.2814.peg.3782	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	327382	328089	1	+	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.3783	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	328157	328351	2	+	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.3784	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	329249	328338	-2	-	912
EM17	fig 6666666.2814.peg.3785	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	329470	331794	1	+	2325
EM17	fig 6666666.2814.peg.3786	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	332016	331858	-3	-	159
EM17	fig 6666666.2814.peg.3787	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	333158	332136	-2	-	1023
EM17	fig 6666666.2814.peg.3788	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	333407	334984	2	+	1578
EM17	fig 6666666.2814.peg.3789	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	335107	336279	1	+	1173
EM17	fig 6666666.2814.peg.3790	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	337236	336343	-3	-	894
EM17	fig 6666666.2814.peg.3791	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	337325	338110	2	+	786
EM17	fig 6666666.2814.peg.3792	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	338276	339073	2	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3793	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	339964	339131	-1	-	834
EM17	fig 6666666.2814.peg.3794	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	340200	342158	3	+	1959
EM17	fig 6666666.2814.peg.3795	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	342166	342867	1	+	702
EM17	fig 6666666.2814.peg.3796	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	342927	343226	3	+	300
EM17	fig 6666666.2814.peg.3797	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	343298	343849	2	+	552
EM17	fig 6666666.2814.peg.3798	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	343856	344725	2	+	870
EM17	fig 6666666.2814.peg.3799	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	344911	346593	1	+	1683
EM17	fig 6666666.2814.peg.3800	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	346733	347854	2	+	1122
EM17	fig 6666666.2814.peg.3801	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	348187	347924	-1	-	264
EM17	fig 6666666.2814.peg.3802	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	349002	348190	-3	-	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.3803	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	349693	349028	-1	-	666
EM17	fig 6666666.2814.peg.3804	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	349878	350159	3	+	282
EM17	fig 6666666.2814.peg.3805	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	350164	351135	1	+	972
EM17	fig 6666666.2814.peg.3806	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	353303	351261	-2	-	2043
EM17	fig 6666666.2814.peg.3807	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	353424	354635	3	+	1212
EM17	fig 6666666.2814.peg.3808	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	354796	355926	1	+	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.3809	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	355926	356939	3	+	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.3810	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	358253	358125	-2	-	129
EM17	fig 6666666.2814.peg.3811	CDS	EM17Vibriofischericontig00097	359393	358731	-2	-	663



EM17	fig 6666666.2814.peg.3812	CDS	EM17Vibriofischericontig00098	39	260	3	+	222
EM17	fig 6666666.2814.peg.3813	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	1318	1100	-1	-	219
EM17	fig 6666666.2814.peg.3814	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	3402	1315	-3	-	2088
EM17	fig 6666666.2814.peg.3815	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	3853	3377	-1	-	477
EM17	fig 6666666.2814.peg.3816	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	4060	3860	-1	-	201
EM17	fig 6666666.2814.peg.3817	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	4421	4053	-2	-	369
EM17	fig 6666666.2814.peg.3818	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	4950	4423	-3	-	528
EM17	fig 6666666.2814.peg.3819	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	5143	4931	-1	-	213
EM17	fig 6666666.2814.peg.3820	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	5347	6990	1	+	1644
EM17	fig 6666666.2814.peg.3821	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	7644	7075	-3	-	570
EM17	fig 6666666.2814.peg.3822	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	7835	7641	-2	-	195
EM17	fig 6666666.2814.peg.3823	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	8560	7832	-1	-	729
EM17	fig 6666666.2814.peg.3824	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	9262	8570	-1	-	693
EM17	fig 6666666.2814.peg.3825	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	9404	9231	-2	-	174
EM17	fig 6666666.2814.peg.3826	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	9962	9417	-2	-	546
EM17	fig 6666666.2814.peg.3827	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	10252	10028	-1	-	225
EM17	fig 6666666.2814.peg.3828	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	10347	11003	3	+	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.3829	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	11165	11422	2	+	258
EM17	fig 6666666.2814.peg.3830	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	11594	11833	2	+	240
EM17	fig 6666666.2814.peg.3831	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	11830	12213	1	+	384
EM17	fig 6666666.2814.peg.3832	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	12250	12366	1	+	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.3833	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	12386	12568	2	+	183
EM17	fig 6666666.2814.peg.3834	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	12550	13767	1	+	1218
EM17	fig 6666666.2814.peg.3835	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	14279	13800	-2	-	480
EM17	fig 6666666.2814.peg.3836	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	14979	14272	-3	-	708
EM17	fig 6666666.2814.peg.3837	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	15098	14964	-2	-	135
EM17	fig 6666666.2814.peg.3838	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	15427	15699	1	+	273
EM17	fig 6666666.2814.peg.3839	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	16353	15775	-3	-	579
EM17	fig 6666666.2814.peg.3840	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	17942	16566	-2	-	1377
EM17	fig 6666666.2814.peg.3841	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	19510	17954	-1	-	1557
EM17	fig 6666666.2814.peg.3842	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	20044	19769	-1	-	276
EM17	fig 6666666.2814.peg.3843	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	20678	20124	-2	-	555
EM17	fig 6666666.2814.peg.3844	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	21912	20788	-3	-	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.3845	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	23040	21916	-3	-	1125
EM17	fig 6666666.2814.peg.3846	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	23854	23060	-1	-	795
EM17	fig 6666666.2814.peg.3847	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	25405	24047	-1	-	1359
EM17	fig 6666666.2814.peg.3848	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	25964	25503	-2	-	462
EM17	fig 6666666.2814.peg.3849	CDS	EM17Vibriofischericontig00106	26423	26719	2	+	297
EM17	fig 6666666.2814.peg.3850	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	86	5260	2	+	5175
EM17	fig 6666666.2814.peg.3851	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	5380	6015	1	+	636
EM17	fig 6666666.2814.peg.3852	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	6995	6087	-2	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.3853	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	7126	8319	1	+	1194
EM17	fig 6666666.2814.peg.3854	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	10038	8398	-3	-	1641
EM17	fig 6666666.2814.peg.3855	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	12064	10148	-1	-	1917
EM17	fig 6666666.2814.peg.3856	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	12477	12064	-3	-	414
EM17	fig 6666666.2814.peg.3857	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	12564	12920	3	+	357
EM17	fig 6666666.2814.peg.3858	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	13033	13992	1	+	960
EM17	fig 6666666.2814.peg.3859	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	14170	15288	1	+	1119
EM17	fig 6666666.2814.peg.3860	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	15290	18442	2	+	3153

EM17	fig 6666666.2814.peg.3861	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	18635	19597	2	+	963
EM17	fig 6666666.2814.peg.3862	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	19694	20491	2	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3863	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	20834	20595	-2	-	240
EM17	fig 6666666.2814.peg.3864	CDS	EM17Vibriofischericontig00109	22137	21031	-3	-	1107
EM17	fig 6666666.2814.peg.3865	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	277	972	1	+	696
EM17	fig 6666666.2814.peg.3866	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	1039	1992	1	+	954
EM17	fig 6666666.2814.peg.3867	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	2035	2646	1	+	612
EM17	fig 6666666.2814.peg.3868	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	2831	4144	2	+	1314
EM17	fig 6666666.2814.peg.3869	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	7283	4185	-2	-	3099
EM17	fig 6666666.2814.peg.3870	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	8405	7293	-2	-	1113
EM17	fig 6666666.2814.peg.3871	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	8880	8539	-3	-	342
EM17	fig 6666666.2814.peg.3872	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	9108	10403	3	+	1296
EM17	fig 6666666.2814.peg.3873	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	10711	11796	1	+	1086
EM17	fig 6666666.2814.peg.3874	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	11914	12933	1	+	1020
EM17	fig 6666666.2814.peg.3875	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	13099	16479	1	+	3381
EM17	fig 6666666.2814.peg.3876	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	17099	18772	2	+	1674
EM17	fig 6666666.2814.peg.3877	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	18921	19907	3	+	987
EM17	fig 6666666.2814.peg.3878	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	19910	20935	2	+	1026
EM17	fig 6666666.2814.peg.3879	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	20937	21920	3	+	984
EM17	fig 6666666.2814.peg.3880	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	21943	22938	1	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.3881	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	22987	24705	1	+	1719
EM17	fig 6666666.2814.peg.3882	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	24708	25583	3	+	876
EM17	fig 6666666.2814.peg.3883	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	25604	27508	2	+	1905
EM17	fig 6666666.2814.peg.3884	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	27547	29952	1	+	2406
EM17	fig 6666666.2814.peg.3885	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	30033	31445	3	+	1413
EM17	fig 6666666.2814.peg.3886	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	32569	31535	-1	-	1035
EM17	fig 6666666.2814.peg.3887	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	34200	32569	-3	-	1632
EM17	fig 6666666.2814.peg.3888	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	35281	34268	-1	-	1014
EM17	fig 6666666.2814.peg.3889	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	36678	35449	-3	-	1230
EM17	fig 6666666.2814.peg.3890	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	37034	36696	-2	-	339
EM17	fig 6666666.2814.peg.3891	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	37565	37197	-2	-	369
EM17	fig 6666666.2814.peg.3892	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	37707	38852	3	+	1146
EM17	fig 6666666.2814.peg.3893	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	38980	40245	1	+	1266
EM17	fig 6666666.2814.peg.3894	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	40258	41388	1	+	1131
EM17	fig 6666666.2814.peg.3895	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	44044	41456	-1	-	2589
EM17	fig 6666666.2814.peg.3896	CDS	EM17Vibriofischericontig00113	46534	44264	-1	-	2271
EM17	fig 6666666.2814.peg.3897	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	208	519	1	+	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.3898	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	1256	534	-2	-	723
EM17	fig 6666666.2814.peg.3899	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	1375	2319	1	+	945
EM17	fig 6666666.2814.peg.3900	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	4937	2688	-2	-	2250
EM17	fig 6666666.2814.peg.3901	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	5861	5295	-2	-	567
EM17	fig 6666666.2814.peg.3902	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	5897	6019	2	+	123
EM17	fig 6666666.2814.peg.3903	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	6153	6302	3	+	150
EM17	fig 6666666.2814.peg.3904	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	6633	6355	-3	-	279
EM17	fig 6666666.2814.peg.3905	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	6767	6651	-2	-	117
EM17	fig 6666666.2814.peg.3906	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	7333	7022	-1	-	312
EM17	fig 6666666.2814.peg.3907	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	7723	7373	-1	-	351
EM17	fig 6666666.2814.peg.3908	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	7866	8780	3	+	915
EM17	fig 6666666.2814.peg.3909	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	9803	8811	-2	-	993

EM17	fig 6666666.2814.peg.3910	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	10415	9855	-2	-	561
EM17	fig 6666666.2814.peg.3911	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	10640	13318	2	+	2679
EM17	fig 6666666.2814.peg.3912	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	15572	13608	-2	-	1965
EM17	fig 6666666.2814.peg.3913	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	15889	16113	1	+	225
EM17	fig 6666666.2814.peg.3914	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	16681	16145	-1	-	537
EM17	fig 6666666.2814.peg.3915	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	17956	16760	-1	-	1197
EM17	fig 6666666.2814.peg.3916	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	18285	18124	-3	-	162
EM17	fig 6666666.2814.peg.3917	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	19193	18285	-2	-	909
EM17	fig 6666666.2814.peg.3918	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	19854	19198	-3	-	657
EM17	fig 6666666.2814.peg.3919	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	21274	19829	-1	-	1446
EM17	fig 6666666.2814.peg.3920	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	21760	22725	1	+	966
EM17	fig 6666666.2814.peg.3921	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	24485	22773	-2	-	1713
EM17	fig 6666666.2814.peg.3922	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	24615	25412	3	+	798
EM17	fig 6666666.2814.peg.3923	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	25475	26287	2	+	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.3924	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	26349	26630	3	+	282
EM17	fig 6666666.2814.peg.3925	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	28112	26775	-2	-	1338
EM17	fig 6666666.2814.peg.3926	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	28303	29130	1	+	828
EM17	fig 6666666.2814.peg.3927	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	29281	30081	1	+	801
EM17	fig 6666666.2814.peg.3928	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	30499	32610	1	+	2112
EM17	fig 6666666.2814.peg.3929	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	32623	33072	1	+	450
EM17	fig 6666666.2814.peg.3930	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	33216	34151	3	+	936
EM17	fig 6666666.2814.peg.3931	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	35187	34219	-3	-	969
EM17	fig 6666666.2814.peg.3932	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	35378	37204	2	+	1827
EM17	fig 6666666.2814.peg.3933	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	37381	38376	1	+	996
EM17	fig 6666666.2814.peg.3934	CDS	EM17Vibriofischericontig00115	38597	39820	2	+	1224
EM17	fig 6666666.2814.peg.3935	CDS	EM17Vibriofischericontig00124	1726	242	-1	-	1485
EM17	fig 6666666.2814.peg.3936	CDS	EM17Vibriofischericontig00124	1925	2737	2	+	813
EM17	fig 6666666.2814.peg.3937	CDS	EM17Vibriofischericontig00129	172	29	-1	-	144
EM17	fig 6666666.2814.peg.3938	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	573	58	-3	-	516
EM17	fig 6666666.2814.peg.3939	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	717	574	-3	-	144
EM17	fig 6666666.2814.peg.3940	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	1445	822	-2	-	624
EM17	fig 6666666.2814.peg.3941	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	1621	2769	1	+	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.3942	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	2954	4231	2	+	1278
EM17	fig 6666666.2814.peg.3943	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	4901	4302	-2	-	600
EM17	fig 6666666.2814.peg.3944	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	5336	4962	-2	-	375
EM17	fig 6666666.2814.peg.3945	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	5614	6762	1	+	1149
EM17	fig 6666666.2814.peg.3946	CDS	EM17Vibriofischericontig00133	6976	7818	1	+	843
EM17	fig 6666666.2814.ma.1	RNA	EM17Vibriofischericontig00004	175	103	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.2	RNA	EM17Vibriofischericontig00004	262	191	-1	-	72
EM17	fig 6666666.2814.ma.3	RNA	EM17Vibriofischericontig00004	381	301	-3	-	81
EM17	fig 6666666.2814.ma.4	RNA	EM17Vibriofischericontig00004	490	418	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.5	RNA	EM17Vibriofischericontig00004	6098	6025	-2	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.6	RNA	EM17Vibriofischericontig00005	357899	357815	-2	-	85
EM17	fig 6666666.2814.ma.7	RNA	EM17Vibriofischericontig00005	401511	401583	3	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.8	RNA	EM17Vibriofischericontig00006	112540	112627	1	+	88
EM17	fig 6666666.2814.ma.9	RNA	EM17Vibriofischericontig00006	112670	112743	2	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.10	RNA	EM17Vibriofischericontig00009	100	28	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.11	RNA	EM17Vibriofischericontig00009	187	117	-1	-	71
EM17	fig 6666666.2814.ma.12	RNA	EM17Vibriofischericontig00014	94526	94454	-2	-	73

EM17	fig 6666666.2814.ma.13	RNA EM17Vibriofischericontig00014	94630	94558	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.14	RNA EM17Vibriofischericontig00014	94768	94681	-1	-	88
EM17	fig 6666666.2814.ma.15	RNA EM17Vibriofischericontig00015	8	81	2	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.16	RNA EM17Vibriofischericontig00019	1181	1268	2	+	88
EM17	fig 6666666.2814.ma.17	RNA EM17Vibriofischericontig00019	1567	1654	1	+	88
EM17	fig 6666666.2814.ma.18	RNA EM17Vibriofischericontig00021	8482	8550	1	+	69
EM17	fig 6666666.2814.ma.19	RNA EM17Vibriofischericontig00026	54	126	3	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.20	RNA EM17Vibriofischericontig00030	407	334	-2	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.21	RNA EM17Vibriofischericontig00030	536	449	-2	-	88
EM17	fig 6666666.2814.ma.22	RNA EM17Vibriofischericontig00030	933	860	-3	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.23	RNA EM17Vibriofischericontig00030	1062	975	-3	-	88
EM17	fig 6666666.2814.ma.24	RNA EM17Vibriofischericontig00030	35162	35232	2	+	71
EM17	fig 6666666.2814.ma.25	RNA EM17Vibriofischericontig00030	35254	35326	1	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.26	RNA EM17Vibriofischericontig00035	19	90	1	+	72
EM17	fig 6666666.2814.ma.27	RNA EM17Vibriofischericontig00040	112	231	1	+	120
EM17	fig 6666666.2814.ma.28	RNA EM17Vibriofischericontig00040	292	365	1	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.29	RNA EM17Vibriofischericontig00041	72	1	-3	-	72
EM17	fig 6666666.2814.ma.30	RNA EM17Vibriofischericontig00041	150	78	-3	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.31	RNA EM17Vibriofischericontig00042	2899	1	-1	-	2899
EM17	fig 6666666.2814.ma.32	RNA EM17Vibriofischericontig00043	1521	45	-3	-	1477
EM17	fig 6666666.2814.ma.33	RNA EM17Vibriofischericontig00046	100	173	1	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.34	RNA EM17Vibriofischericontig00046	213	286	3	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.35	RNA EM17Vibriofischericontig00048	2308	2236	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.36	RNA EM17Vibriofischericontig00048	2413	2341	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.37	RNA EM17Vibriofischericontig00048	2541	2469	-3	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.38	RNA EM17Vibriofischericontig00054	52971	53059	3	+	89
EM17	fig 6666666.2814.ma.39	RNA EM17Vibriofischericontig00056	79765	79837	1	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.40	RNA EM17Vibriofischericontig00064	179564	179491	-2	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.41	RNA EM17Vibriofischericontig00069	107	36	-2	-	72
EM17	fig 6666666.2814.ma.42	RNA EM17Vibriofischericontig00072	26466	26547	3	+	82
EM17	fig 6666666.2814.ma.43	RNA EM17Vibriofischericontig00072	26620	26693	1	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.44	RNA EM17Vibriofischericontig00074	73342	73271	-1	-	72
EM17	fig 6666666.2814.ma.45	RNA EM17Vibriofischericontig00075	180	263	3	+	84
EM17	fig 6666666.2814.ma.46	RNA EM17Vibriofischericontig00076	116	33	-2	-	84
EM17	fig 6666666.2814.ma.47	RNA EM17Vibriofischericontig00077	63	136	3	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.48	RNA EM17Vibriofischericontig00077	172	244	1	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.49	RNA EM17Vibriofischericontig00079	121	48	-1	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.50	RNA EM17Vibriofischericontig00080	29	102	2	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.51	RNA EM17Vibriofischericontig00080	89895	89976	3	+	82
EM17	fig 6666666.2814.ma.52	RNA EM17Vibriofischericontig00080	90971	90899	-2	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.53	RNA EM17Vibriofischericontig00080	91053	90981	-3	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.54	RNA EM17Vibriofischericontig00080	91136	91064	-2	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.55	RNA EM17Vibriofischericontig00084	8166	8239	3	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.56	RNA EM17Vibriofischericontig00087	5	77	2	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.57	RNA EM17Vibriofischericontig00087	51291	51211	-3	-	81
EM17	fig 6666666.2814.ma.58	RNA EM17Vibriofischericontig00087	51456	51376	-3	-	81
EM17	fig 6666666.2814.ma.59	RNA EM17Vibriofischericontig00090	149	77	-2	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.60	RNA EM17Vibriofischericontig00097	274230	274303	3	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.61	RNA EM17Vibriofischericontig00100	69	1	-3	-	69

EM17	fig 6666666.2814.ma.62	RNA	EM17Vibriofischericontig00101	635	563	-2	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.63	RNA	EM17Vibriofischericontig00101	772	700	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.64	RNA	EM17Vibriofischericontig00101	850	778	-1	-	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.65	RNA	EM17Vibriofischericontig00104	11	84	2	+	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.66	RNA	EM17Vibriofischericontig00111	8	80	2	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.67	RNA	EM17Vibriofischericontig00113	46837	46764	-1	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.68	RNA	EM17Vibriofischericontig00113	46986	46867	-3	-	120
EM17	fig 6666666.2814.ma.69	RNA	EM17Vibriofischericontig00114	117	36	-3	-	82
EM17	fig 6666666.2814.ma.70	RNA	EM17Vibriofischericontig00120	86	1	-2	-	86
EM17	fig 6666666.2814.ma.71	RNA	EM17Vibriofischericontig00124	2902	2783	-1	-	120
EM17	fig 6666666.2814.ma.72	RNA	EM17Vibriofischericontig00124	2994	2921	-3	-	74
EM17	fig 6666666.2814.ma.73	RNA	EM17Vibriofischericontig00130	92	11	-2	-	82
EM17	fig 6666666.2814.ma.74	RNA	EM17Vibriofischericontig00131	92	11	-2	-	82
EM17	fig 6666666.2814.ma.75	RNA	EM17Vibriofischericontig00132	36	108	3	+	73
EM17	fig 6666666.2814.ma.76	RNA	EM17Vibriofischericontig00136	92	20	-2	-	73
CB37	fig 6666666.3233.peg.1	CDS	contig00009	715	2109	1	+	1395
CB37	fig 6666666.3233.peg.2	CDS	contig00009	2251	2616	1	+	366
CB37	fig 6666666.3233.peg.3	CDS	contig00009	2942	4882	2	+	1941
CB37	fig 6666666.3233.peg.4	CDS	contig00009	4882	6297	1	+	1416
CB37	fig 6666666.3233.peg.5	CDS	contig00009	6284	7057	2	+	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.6	CDS	contig00009	7096	7350	1	+	255
CB37	fig 6666666.3233.peg.7	CDS	contig00009	7356	8123	3	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.8	CDS	contig00009	8158	9270	1	+	1113
CB37	fig 6666666.3233.peg.9	CDS	contig00009	11196	9406	-3	-	1791
CB37	fig 6666666.3233.peg.10	CDS	contig00009	12371	11400	-2	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.11	CDS	contig00009	12449	13642	2	+	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.12	CDS	contig00009	13734	14015	3	+	282
CB37	fig 6666666.3233.peg.13	CDS	contig00010	21	953	3	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.14	CDS	contig00011	1268	1423	2	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.15	CDS	contig00011	2419	1715	-1	-	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.16	CDS	contig00011	3638	2565	-2	-	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.17	CDS	contig00011	4532	3882	-2	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.18	CDS	contig00011	5830	5444	-1	-	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.19	CDS	contig00011	7212	6760	-3	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.20	CDS	contig00012	2052	1177	-3	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.21	CDS	contig00012	2977	2207	-1	-	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.22	CDS	contig00012	4858	3938	-1	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.23	CDS	contig00012	5804	5580	-2	-	225
CB37	fig 6666666.3233.peg.24	CDS	contig00012	6422	6294	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.25	CDS	contig00013	188	850	2	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.26	CDS	contig00013	1443	2573	3	+	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.27	CDS	contig00013	2653	3081	1	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.28	CDS	contig00013	3102	5114	3	+	2013
CB37	fig 6666666.3233.peg.29	CDS	contig00013	5115	5420	3	+	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.30	CDS	contig00013	5433	5843	3	+	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.31	CDS	contig00013	6130	7596	1	+	1467
CB37	fig 6666666.3233.peg.32	CDS	contig00013	7789	8826	1	+	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.33	CDS	contig00013	8826	10235	3	+	1410
CB37	fig 6666666.3233.peg.34	CDS	contig00013	10362	10673	3	+	312

CB37	fig 6666666.3233.peg.35	CDS	contig00013	10688	12430	2	+	1743
CB37	fig 6666666.3233.peg.36	CDS	contig00013	12423	13478	3	+	1056
CB37	fig 6666666.3233.peg.37	CDS	contig00013	13595	14395	2	+	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.38	CDS	contig00013	14399	15718	2	+	1320
CB37	fig 6666666.3233.peg.39	CDS	contig00013	15725	16168	2	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.40	CDS	contig00013	16511	16197	-2	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.41	CDS	contig00013	16774	18888	1	+	2115
CB37	fig 6666666.3233.peg.42	CDS	contig00013	18999	19427	3	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.43	CDS	contig00013	19435	20481	1	+	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.44	CDS	contig00013	20580	20990	3	+	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.45	CDS	contig00013	20992	21405	1	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.46	CDS	contig00013	21419	22261	2	+	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.47	CDS	contig00013	22289	22558	2	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.48	CDS	contig00013	22639	23349	1	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.49	CDS	contig00013	23359	24489	1	+	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.50	CDS	contig00013	24716	26815	2	+	2100
CB37	fig 6666666.3233.peg.51	CDS	contig00013	26845	28356	1	+	1512
CB37	fig 6666666.3233.peg.52	CDS	contig00013	28431	29258	3	+	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.53	CDS	contig00013	29251	29985	1	+	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.54	CDS	contig00013	30019	30399	1	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.55	CDS	contig00013	30519	31259	3	+	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.56	CDS	contig00013	31269	33509	3	+	2241
CB37	fig 6666666.3233.peg.57	CDS	contig00013	33539	34654	2	+	1116
CB37	fig 6666666.3233.peg.58	CDS	contig00013	34663	35442	1	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.59	CDS	contig00013	35432	36619	2	+	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.60	CDS	contig00013	36656	37150	2	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.61	CDS	contig00013	37165	37656	1	+	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.62	CDS	contig00013	37856	38473	2	+	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.63	CDS	contig00013	38475	39143	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.64	CDS	contig00013	39253	39996	1	+	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.65	CDS	contig00013	40008	40214	3	+	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.66	CDS	contig00013	40211	40696	2	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.67	CDS	contig00013	40693	42678	1	+	1986
CB37	fig 6666666.3233.peg.68	CDS	contig00013	42679	43233	1	+	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.69	CDS	contig00013	43230	43715	3	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.70	CDS	contig00013	43715	44932	2	+	1218
CB37	fig 6666666.3233.peg.71	CDS	contig00013	45131	45910	2	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.72	CDS	contig00013	47308	46001	-1	-	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.73	CDS	contig00013	48868	47618	-1	-	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.74	CDS	contig00013	49898	49167	-2	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.75	CDS	contig00013	50397	49891	-3	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.76	CDS	contig00013	51097	52404	1	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.77	CDS	contig00013	52404	54518	3	+	2115
CB37	fig 6666666.3233.peg.78	CDS	contig00013	57366	54589	-3	-	2778
CB37	fig 6666666.3233.peg.79	CDS	contig00013	57744	58208	3	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.80	CDS	contig00013	58841	58311	-2	-	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.81	CDS	contig00013	58903	59835	1	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.82	CDS	contig00013	59988	61142	3	+	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.83	CDS	contig00013	61849	61226	-1	-	624

CB37	fig 6666666.3233.peg.84	CDS	contig00013	62174	62707	2	+	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.85	CDS	contig00013	62723	62986	2	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.86	CDS	contig00013	63164	63688	2	+	525
CB37	fig 6666666.3233.peg.87	CDS	contig00013	65983	63965	-1	-	2019
CB37	fig 6666666.3233.peg.88	CDS	contig00013	66112	67323	1	+	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.89	CDS	contig00013	67710	68861	3	+	1152
CB37	fig 6666666.3233.peg.90	CDS	contig00013	68858	69871	2	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.91	CDS	contig00013	70071	71417	3	+	1347
CB37	fig 6666666.3233.peg.92	CDS	contig00013	71372	74032	2	+	2661
CB37	fig 6666666.3233.peg.93	CDS	contig00013	74120	74914	2	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.94	CDS	contig00013	75111	76037	3	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.95	CDS	contig00013	76084	77346	1	+	1263
CB37	fig 6666666.3233.peg.96	CDS	contig00013	77361	77957	3	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.97	CDS	contig00013	78019	78510	1	+	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.98	CDS	contig00013	78547	80061	1	+	1515
CB37	fig 6666666.3233.peg.99	CDS	contig00013	81012	80137	-3	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.100	CDS	contig00013	81297	82403	3	+	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.101	CDS	contig00013	82631	82762	2	+	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.102	CDS	contig00013	82835	83182	2	+	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.103	CDS	contig00013	83349	83894	3	+	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.104	CDS	contig00013	83903	86077	2	+	2175
CB37	fig 6666666.3233.peg.105	CDS	contig00013	86160	86489	3	+	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.106	CDS	contig00013	86601	87119	3	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.107	CDS	contig00013	87871	87173	-1	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.108	CDS	contig00013	89334	88075	-3	-	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.109	CDS	contig00013	89650	90030	1	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.110	CDS	contig00013	90045	91322	3	+	1278
CB37	fig 6666666.3233.peg.111	CDS	contig00013	91352	92008	2	+	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.112	CDS	contig00013	92187	92005	-3	-	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.113	CDS	contig00013	92272	92400	1	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.114	CDS	contig00013	92475	92912	3	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.115	CDS	contig00013	93227	92976	-2	-	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.116	CDS	contig00013	93553	95244	1	+	1692
CB37	fig 6666666.3233.peg.117	CDS	contig00013	95591	95307	-2	-	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.118	CDS	contig00013	96012	95617	-3	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.119	CDS	contig00013	96347	96096	-2	-	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.120	CDS	contig00013	98109	96532	-3	-	1578
CB37	fig 6666666.3233.peg.121	CDS	contig00013	100182	98284	-3	-	1899
CB37	fig 6666666.3233.peg.122	CDS	contig00013	100663	100304	-1	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.123	CDS	contig00013	101806	100859	-1	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.124	CDS	contig00013	102732	101890	-3	-	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.125	CDS	contig00013	104879	102843	-2	-	2037
CB37	fig 6666666.3233.peg.126	CDS	contig00013	105219	106187	3	+	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.127	CDS	contig00013	107432	106548	-2	-	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.128	CDS	contig00013	108582	107587	-3	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.129	CDS	contig00013	108917	109330	2	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.130	CDS	contig00014	171	10	-3	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.131	CDS	contig00015	626	315	-2	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.132	CDS	contig00015	1014	631	-3	-	384

CB37	fig 6666666.3233.peg.133	CDS	contig00015	2132	1143	-2	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.134	CDS	contig00015	2851	2282	-1	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.135	CDS	contig00015	3088	5727	1	+	2640
CB37	fig 6666666.3233.peg.136	CDS	contig00015	6165	8246	3	+	2082
CB37	fig 6666666.3233.peg.137	CDS	contig00015	9187	8300	-1	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.138	CDS	contig00015	9424	11595	1	+	2172
CB37	fig 6666666.3233.peg.139	CDS	contig00015	11815	11940	1	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.140	CDS	contig00015	13090	12074	-1	-	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.141	CDS	contig00015	15103	13145	-1	-	1959
CB37	fig 6666666.3233.peg.142	CDS	contig00015	15394	16149	1	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.143	CDS	contig00015	16149	16832	3	+	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.144	CDS	contig00015	16829	17764	2	+	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.145	CDS	contig00015	19231	17798	-1	-	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.146	CDS	contig00015	22042	19586	-1	-	2457
CB37	fig 6666666.3233.peg.147	CDS	contig00015	22734	22033	-3	-	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.148	CDS	contig00015	22733	23335	2	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.149	CDS	contig00015	23419	24618	1	+	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.150	CDS	contig00015	24837	26747	3	+	1911
CB37	fig 6666666.3233.peg.151	CDS	contig00015	26820	28475	3	+	1656
CB37	fig 6666666.3233.peg.152	CDS	contig00015	29199	28579	-3	-	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.153	CDS	contig00015	30152	29313	-2	-	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.154	CDS	contig00015	30375	30971	3	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.155	CDS	contig00015	31265	30933	-2	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.156	CDS	contig00015	31526	31275	-2	-	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.157	CDS	contig00015	33216	31510	-3	-	1707
CB37	fig 6666666.3233.peg.158	CDS	contig00015	33529	33296	-1	-	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.159	CDS	contig00015	33980	33546	-2	-	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.160	CDS	contig00015	34238	34993	2	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.161	CDS	contig00015	36155	35127	-2	-	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.162	CDS	contig00015	36568	37818	1	+	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.163	CDS	contig00015	37841	40285	2	+	2445
CB37	fig 6666666.3233.peg.164	CDS	contig00015	40421	40630	2	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.165	CDS	contig00015	40899	41456	3	+	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.166	CDS	contig00015	41639	42556	2	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.167	CDS	contig00015	43260	42562	-3	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.168	CDS	contig00015	43589	43398	-2	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.169	CDS	contig00015	44825	43869	-2	-	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.170	CDS	contig00015	45374	45261	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.171	CDS	contig00015	47160	45418	-3	-	1743
CB37	fig 6666666.3233.peg.172	CDS	contig00015	47698	49332	1	+	1635
CB37	fig 6666666.3233.peg.173	CDS	contig00015	49939	49460	-1	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.174	CDS	contig00015	51142	50237	-1	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.175	CDS	contig00015	51429	52880	3	+	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.176	CDS	contig00015	53547	52978	-3	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.177	CDS	contig00015	54179	53634	-2	-	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.178	CDS	contig00015	54596	54354	-2	-	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.179	CDS	contig00015	54727	55359	1	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.180	CDS	contig00015	55557	56345	3	+	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.181	CDS	contig00015	57632	56376	-2	-	1257



CB37	fig 6666666.3233.peg.182	CDS	contig00015	58304	57708	-2	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.183	CDS	contig00015	58550	58389	-2	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.184	CDS	contig00015	58914	60344	3	+	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.185	CDS	contig00015	61497	60877	-3	-	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.186	CDS	contig00016	357	908	3	+	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.187	CDS	contig00016	954	1220	3	+	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.188	CDS	contig00016	2276	1374	-2	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.189	CDS	contig00016	4117	2279	-1	-	1839
CB37	fig 6666666.3233.peg.190	CDS	contig00016	4763	4284	-2	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.191	CDS	contig00016	5576	4908	-2	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.192	CDS	contig00016	5693	6235	2	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.193	CDS	contig00016	7304	6699	-2	-	606
CB37	fig 6666666.3233.peg.194	CDS	contig00016	7949	7467	-2	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.195	CDS	contig00016	8072	8998	2	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.196	CDS	contig00016	9092	9754	2	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.197	CDS	contig00016	12401	9822	-2	-	2580
CB37	fig 6666666.3233.peg.198	CDS	contig00016	13528	12401	-1	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.199	CDS	contig00016	14090	13848	-2	-	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.200	CDS	contig00016	14824	14171	-1	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.201	CDS	contig00016	15121	14918	-1	-	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.202	CDS	contig00016	15360	15674	3	+	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.203	CDS	contig00016	15798	17135	3	+	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.204	CDS	contig00016	18266	17277	-2	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.205	CDS	contig00016	20962	18326	-1	-	2637
CB37	fig 6666666.3233.peg.206	CDS	contig00016	21594	23027	3	+	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.207	CDS	contig00016	23463	23684	3	+	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.208	CDS	contig00016	24457	23843	-1	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.209	CDS	contig00016	25417	24566	-1	-	852
CB37	fig 6666666.3233.peg.210	CDS	contig00016	25847	25470	-2	-	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.211	CDS	contig00016	26299	25844	-1	-	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.212	CDS	contig00016	26475	27743	3	+	1269
CB37	fig 6666666.3233.peg.213	CDS	contig00016	29182	27749	-1	-	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.214	CDS	contig00016	29283	29939	3	+	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.215	CDS	contig00016	31242	29920	-3	-	1323
CB37	fig 6666666.3233.peg.216	CDS	contig00016	31938	31246	-3	-	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.217	CDS	contig00016	32308	33837	1	+	1530
CB37	fig 6666666.3233.peg.218	CDS	contig00016	33838	34539	1	+	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.219	CDS	contig00016	35617	34616	-1	-	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.220	CDS	contig00016	35725	36051	1	+	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.221	CDS	contig00016	36051	37274	3	+	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.222	CDS	contig00016	37376	38698	2	+	1323
CB37	fig 6666666.3233.peg.223	CDS	contig00016	38773	40119	1	+	1347
CB37	fig 6666666.3233.peg.224	CDS	contig00016	40933	42171	1	+	1239
CB37	fig 6666666.3233.peg.225	CDS	contig00016	42181	43458	1	+	1278
CB37	fig 6666666.3233.peg.226	CDS	contig00016	43691	43509	-2	-	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.227	CDS	contig00016	44234	45004	2	+	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.228	CDS	contig00016	45111	45764	3	+	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.229	CDS	contig00016	45766	46503	1	+	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.230	CDS	contig00016	46514	46873	2	+	360

CB37	fig 6666666.3233.peg.231	CDS	contig00016	47057	47290	2	+	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.232	CDS	contig00016	47272	48912	1	+	1641
CB37	fig 6666666.3233.peg.233	CDS	contig00016	48972	49589	3	+	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.234	CDS	contig00016	50026	50682	1	+	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.235	CDS	contig00016	50792	51337	2	+	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.236	CDS	contig00016	51349	51795	1	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.237	CDS	contig00016	51949	52194	1	+	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.238	CDS	contig00016	52849	52250	-1	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.239	CDS	contig00016	53314	52937	-1	-	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.240	CDS	contig00016	53508	53813	3	+	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.241	CDS	contig00016	54044	54763	2	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.242	CDS	contig00016	55279	54848	-1	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.243	CDS	contig00016	55399	55515	1	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.244	CDS	contig00016	56127	55474	-3	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.245	CDS	contig00016	56276	57631	2	+	1356
CB37	fig 6666666.3233.peg.246	CDS	contig00016	57642	58766	3	+	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.247	CDS	contig00016	58955	60559	2	+	1605
CB37	fig 6666666.3233.peg.248	CDS	contig00016	60729	61442	3	+	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.249	CDS	contig00016	61442	62728	2	+	1287
CB37	fig 6666666.3233.peg.250	CDS	contig00016	62862	63254	3	+	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.251	CDS	contig00016	63462	63785	3	+	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.252	CDS	contig00016	63807	65459	3	+	1653
CB37	fig 6666666.3233.peg.253	CDS	contig00016	65582	66514	2	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.254	CDS	contig00016	67357	66515	-1	-	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.255	CDS	contig00016	67559	68077	2	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.256	CDS	contig00016	68234	68383	2	+	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.257	CDS	contig00016	68486	69610	2	+	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.258	CDS	contig00016	69798	70229	3	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.259	CDS	contig00016	70924	70340	-1	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.260	CDS	contig00016	72033	71077	-3	-	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.261	CDS	contig00016	73229	72213	-2	-	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.262	CDS	contig00016	74081	73620	-2	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.263	CDS	contig00016	74609	74908	2	+	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.264	CDS	contig00016	75253	74981	-1	-	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.265	CDS	contig00016	75401	76000	2	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.266	CDS	contig00016	77232	76126	-3	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.267	CDS	contig00016	77425	78033	1	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.268	CDS	contig00016	78550	78101	-1	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.269	CDS	contig00016	79131	78610	-3	-	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.270	CDS	contig00016	79342	80172	1	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.271	CDS	contig00016	82106	80289	-2	-	1818
CB37	fig 6666666.3233.peg.272	CDS	contig00016	82378	82542	1	+	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.273	CDS	contig00016	82697	83725	2	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.274	CDS	contig00016	84767	83862	-2	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.275	CDS	contig00016	84942	85859	3	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.276	CDS	contig00016	86576	85854	-2	-	723
CB37	fig 6666666.3233.peg.277	CDS	contig00016	86741	87649	2	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.278	CDS	contig00016	88284	87703	-3	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.279	CDS	contig00016	89610	88297	-3	-	1314

CB37	fig 6666666.3233.peg.280	CDS	contig00016	90380	89637	-2	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.281	CDS	contig00016	91692	90391	-3	-	1302
CB37	fig 6666666.3233.peg.282	CDS	contig00016	93108	91711	-3	-	1398
CB37	fig 6666666.3233.peg.283	CDS	contig00016	94268	93090	-2	-	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.284	CDS	contig00016	94996	94268	-1	-	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.285	CDS	contig00016	95916	95008	-3	-	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.286	CDS	contig00016	96355	96840	1	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.287	CDS	contig00016	97081	97248	1	+	168
CB37	fig 6666666.3233.peg.288	CDS	contig00016	98508	97618	-3	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.289	CDS	contig00016	100095	98521	-3	-	1575
CB37	fig 6666666.3233.peg.290	CDS	contig00016	101354	100176	-2	-	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.291	CDS	contig00016	102023	103141	2	+	1119
CB37	fig 6666666.3233.peg.292	CDS	contig00016	103555	104955	1	+	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.293	CDS	contig00016	104945	106171	2	+	1227
CB37	fig 6666666.3233.peg.294	CDS	contig00016	106184	106717	2	+	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.295	CDS	contig00016	106732	108912	1	+	2181
CB37	fig 6666666.3233.peg.296	CDS	contig00016	108890	109699	2	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.297	CDS	contig00016	109702	110754	1	+	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.298	CDS	contig00016	110720	111970	2	+	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.299	CDS	contig00016	112043	112873	2	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.300	CDS	contig00016	112873	113904	1	+	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.301	CDS	contig00016	113913	115220	3	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.302	CDS	contig00016	115223	115612	2	+	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.303	CDS	contig00016	115764	116084	3	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.304	CDS	contig00016	116135	116722	2	+	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.305	CDS	contig00016	116825	117856	2	+	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.306	CDS	contig00016	117872	118489	2	+	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.307	CDS	contig00016	118790	120226	2	+	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.308	CDS	contig00016	121300	120422	-1	-	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.309	CDS	contig00016	121785	121417	-3	-	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.310	CDS	contig00016	121887	122774	3	+	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.311	CDS	contig00016	124708	122837	-1	-	1872
CB37	fig 6666666.3233.peg.312	CDS	contig00016	124942	125241	1	+	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.313	CDS	contig00016	125254	126030	1	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.314	CDS	contig00016	126923	126054	-2	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.315	CDS	contig00016	127279	129186	1	+	1908
CB37	fig 6666666.3233.peg.316	CDS	contig00016	129264	130496	3	+	1233
CB37	fig 6666666.3233.peg.317	CDS	contig00016	130698	131633	3	+	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.318	CDS	contig00016	131778	132683	3	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.319	CDS	contig00016	133606	132749	-1	-	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.320	CDS	contig00016	134067	133744	-3	-	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.321	CDS	contig00016	135351	134494	-3	-	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.322	CDS	contig00016	136020	135682	-3	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.323	CDS	contig00016	137211	136063	-3	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.324	CDS	contig00016	138723	137221	-3	-	1503
CB37	fig 6666666.3233.peg.325	CDS	contig00016	138914	140446	2	+	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.326	CDS	contig00016	140607	141191	3	+	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.327	CDS	contig00016	141348	141881	3	+	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.328	CDS	contig00016	142868	141954	-2	-	915

CB37	fig 6666666.3233.peg.329	CDS	contig00016	143830	142961	-1	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.330	CDS	contig00016	143954	145102	2	+	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.331	CDS	contig00016	145284	145553	3	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.332	CDS	contig00016	145594	146595	1	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.333	CDS	contig00016	146976	146650	-3	-	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.334	CDS	contig00016	147520	147056	-1	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.335	CDS	contig00016	147760	148467	1	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.336	CDS	contig00016	149573	148536	-2	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.337	CDS	contig00016	150891	149575	-3	-	1317
CB37	fig 6666666.3233.peg.338	CDS	contig00016	152233	150878	-1	-	1356
CB37	fig 6666666.3233.peg.339	CDS	contig00016	153136	154716	1	+	1581
CB37	fig 6666666.3233.peg.340	CDS	contig00016	155651	154782	-2	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.341	CDS	contig00016	155812	156705	1	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.342	CDS	contig00016	156791	157168	2	+	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.343	CDS	contig00016	157177	157716	1	+	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.344	CDS	contig00016	158030	158335	2	+	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.345	CDS	contig00016	159362	158445	-2	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.346	CDS	contig00016	159484	160152	1	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.347	CDS	contig00016	160254	161441	3	+	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.348	CDS	contig00016	161521	162150	1	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.349	CDS	contig00016	162161	163252	2	+	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.350	CDS	contig00016	163572	163303	-3	-	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.351	CDS	contig00016	165507	164065	-3	-	1443
CB37	fig 6666666.3233.peg.352	CDS	contig00016	165813	166334	3	+	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.353	CDS	contig00016	166887	166438	-3	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.354	CDS	contig00016	167362	166970	-1	-	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.355	CDS	contig00016	168033	169178	3	+	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.356	CDS	contig00016	170052	169186	-3	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.357	CDS	contig00016	170160	171416	3	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.358	CDS	contig00016	171999	173576	3	+	1578
CB37	fig 6666666.3233.peg.359	CDS	contig00016	173915	174979	2	+	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.360	CDS	contig00016	175892	175056	-2	-	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.361	CDS	contig00016	176277	178610	3	+	2334
CB37	fig 6666666.3233.peg.362	CDS	contig00016	178796	179575	2	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.363	CDS	contig00016	179771	180514	2	+	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.364	CDS	contig00016	180596	181852	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.365	CDS	contig00016	181967	182299	2	+	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.366	CDS	contig00016	182655	182296	-3	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.367	CDS	contig00016	182785	183666	1	+	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.368	CDS	contig00016	183769	184851	1	+	1083
CB37	fig 6666666.3233.peg.369	CDS	contig00016	184861	187917	1	+	3057
CB37	fig 6666666.3233.peg.370	CDS	contig00016	187920	189413	3	+	1494
CB37	fig 6666666.3233.peg.371	CDS	contig00016	189566	189721	2	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.372	CDS	contig00016	189733	190272	1	+	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.373	CDS	contig00016	190493	191719	2	+	1227
CB37	fig 6666666.3233.peg.374	CDS	contig00016	191972	192121	2	+	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.375	CDS	contig00016	192494	193510	2	+	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.376	CDS	contig00016	193575	194390	3	+	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.377	CDS	contig00016	194390	195043	2	+	654

CB37	fig 6666666.3233.peg.378	CDS	contig00016	197528	195111	-2	-	2418
CB37	fig 6666666.3233.peg.379	CDS	contig00016	197830	199404	1	+	1575
CB37	fig 6666666.3233.peg.380	CDS	contig00016	201108	199507	-3	-	1602
CB37	fig 6666666.3233.peg.381	CDS	contig00016	201413	202072	2	+	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.382	CDS	contig00016	202925	202131	-2	-	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.383	CDS	contig00016	203815	202925	-1	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.384	CDS	contig00016	204725	203889	-2	-	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.385	CDS	contig00016	205615	204782	-1	-	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.386	CDS	contig00016	206187	206843	3	+	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.387	CDS	contig00016	206830	208158	1	+	1329
CB37	fig 6666666.3233.peg.388	CDS	contig00016	208155	211256	3	+	3102
CB37	fig 6666666.3233.peg.389	CDS	contig00016	212227	211961	-1	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.390	CDS	contig00016	215667	212509	-3	-	3159
CB37	fig 6666666.3233.peg.391	CDS	contig00016	216838	215681	-1	-	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.392	CDS	contig00016	217421	218938	2	+	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.393	CDS	contig00016	219421	219296	-1	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.394	CDS	contig00016	219808	219930	1	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.395	CDS	contig00016	219945	220508	3	+	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.396	CDS	contig00016	220701	221561	3	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.397	CDS	contig00016	221554	221949	1	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.398	CDS	contig00016	222414	221983	-3	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.399	CDS	contig00016	223428	222709	-3	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.400	CDS	contig00016	224034	223747	-3	-	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.401	CDS	contig00016	224585	224205	-2	-	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.402	CDS	contig00016	224725	225267	1	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.403	CDS	contig00016	227166	225664	-3	-	1503
CB37	fig 6666666.3233.peg.404	CDS	contig00016	229516	227237	-1	-	2280
CB37	fig 6666666.3233.peg.405	CDS	contig00016	230898	230761	-3	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.406	CDS	contig00016	237729	233113	-3	-	4617
CB37	fig 6666666.3233.peg.407	CDS	contig00016	237934	237740	-1	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.408	CDS	contig00017	5	1612	2	+	1608
CB37	fig 6666666.3233.peg.409	CDS	contig00017	1811	3553	2	+	1743
CB37	fig 6666666.3233.peg.410	CDS	contig00017	3702	4610	3	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.411	CDS	contig00017	4610	5464	2	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.412	CDS	contig00017	5478	6386	3	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.413	CDS	contig00017	6379	7233	1	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.414	CDS	contig00017	7791	8696	3	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.415	CDS	contig00017	8772	9161	3	+	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.416	CDS	contig00017	10047	9265	-3	-	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.417	CDS	contig00017	11039	10044	-2	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.418	CDS	contig00017	11926	11039	-1	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.419	CDS	contig00017	12875	11913	-2	-	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.420	CDS	contig00017	14494	12875	-1	-	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.421	CDS	contig00017	15982	14972	-1	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.422	CDS	contig00017	16216	16887	1	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.423	CDS	contig00017	16902	17135	3	+	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.424	CDS	contig00017	17098	17517	1	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.425	CDS	contig00017	17674	18705	1	+	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.426	CDS	contig00017	18707	19792	2	+	1086

CB37	fig 6666666.3233.peg.427	CDS	contig00017	19789	22896	1	+	3108
CB37	fig 6666666.3233.peg.428	CDS	contig00017	22966	23526	1	+	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.429	CDS	contig00017	24383	23523	-2	-	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.430	CDS	contig00017	25299	24397	-3	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.431	CDS	contig00017	26785	25580	-1	-	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.432	CDS	contig00017	28700	27243	-2	-	1458
CB37	fig 6666666.3233.peg.433	CDS	contig00017	29130	30500	3	+	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.434	CDS	contig00017	30768	32375	3	+	1608
CB37	fig 6666666.3233.peg.435	CDS	contig00017	32425	33117	1	+	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.436	CDS	contig00017	33149	34081	2	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.437	CDS	contig00017	35265	34222	-3	-	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.438	CDS	contig00017	37003	35342	-1	-	1662
CB37	fig 6666666.3233.peg.439	CDS	contig00017	37454	37576	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.440	CDS	contig00017	39095	37566	-2	-	1530
CB37	fig 6666666.3233.peg.441	CDS	contig00017	40196	39588	-2	-	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.442	CDS	contig00017	40836	40189	-3	-	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.443	CDS	contig00017	42442	40802	-1	-	1641
CB37	fig 6666666.3233.peg.444	CDS	contig00017	43678	42521	-1	-	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.445	CDS	contig00017	44691	44014	-3	-	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.446	CDS	contig00017	45484	44747	-1	-	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.447	CDS	contig00017	47310	45514	-3	-	1797
CB37	fig 6666666.3233.peg.448	CDS	contig00017	48315	47332	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.449	CDS	contig00017	48617	50422	2	+	1806
CB37	fig 6666666.3233.peg.450	CDS	contig00017	50412	51008	3	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.451	CDS	contig00017	51166	51834	1	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.452	CDS	contig00017	52157	53647	2	+	1491
CB37	fig 6666666.3233.peg.453	CDS	contig00017	54168	53725	-3	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.454	CDS	contig00017	54473	54637	2	+	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.455	CDS	contig00017	54976	54755	-1	-	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.456	CDS	contig00017	55172	55035	-2	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.457	CDS	contig00017	57137	55422	-2	-	1716
CB37	fig 6666666.3233.peg.458	CDS	contig00017	57487	58191	1	+	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.459	CDS	contig00017	58207	58722	1	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.460	CDS	contig00017	59225	58947	-2	-	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.461	CDS	contig00017	59418	59591	3	+	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.462	CDS	contig00017	59636	60382	2	+	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.463	CDS	contig00017	60397	61692	1	+	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.464	CDS	contig00017	63127	61802	-1	-	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.465	CDS	contig00017	63800	63141	-2	-	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.466	CDS	contig00017	64251	63832	-3	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.467	CDS	contig00017	66080	64329	-2	-	1752
CB37	fig 6666666.3233.peg.468	CDS	contig00017	66155	66856	2	+	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.469	CDS	contig00017	67324	68526	1	+	1203
CB37	fig 6666666.3233.peg.470	CDS	contig00017	68526	69188	3	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.471	CDS	contig00017	70979	69258	-2	-	1722
CB37	fig 6666666.3233.peg.472	CDS	contig00017	73176	71113	-3	-	2064
CB37	fig 6666666.3233.peg.473	CDS	contig00017	73448	74509	2	+	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.474	CDS	contig00017	75966	74506	-3	-	1461
CB37	fig 6666666.3233.peg.475	CDS	contig00017	76062	77438	3	+	1377

CB37	fig 6666666.3233.peg.476	CDS	contig00017	77568	78239	3	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.477	CDS	contig00017	78220	80673	1	+	2454
CB37	fig 6666666.3233.peg.478	CDS	contig00017	80682	81797	3	+	1116
CB37	fig 6666666.3233.peg.479	CDS	contig00017	82129	83304	1	+	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.480	CDS	contig00017	83763	84389	3	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.481	CDS	contig00017	84458	86743	2	+	2286
CB37	fig 6666666.3233.peg.482	CDS	contig00017	86921	88123	2	+	1203
CB37	fig 6666666.3233.peg.483	CDS	contig00017	89772	88237	-3	-	1536
CB37	fig 6666666.3233.peg.484	CDS	contig00017	90367	90101	-1	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.485	CDS	contig00017	90728	91966	2	+	1239
CB37	fig 6666666.3233.peg.486	CDS	contig00017	92900	92046	-2	-	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.487	CDS	contig00017	94858	93212	-1	-	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.488	CDS	contig00017	95492	94980	-2	-	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.489	CDS	contig00017	96609	95704	-3	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.490	CDS	contig00017	97636	96716	-1	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.491	CDS	contig00017	98013	98594	3	+	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.492	CDS	contig00017	99353	98805	-2	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.493	CDS	contig00017	100058	99561	-2	-	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.494	CDS	contig00017	101995	100055	-1	-	1941
CB37	fig 6666666.3233.peg.495	CDS	contig00017	102181	103443	1	+	1263
CB37	fig 6666666.3233.peg.496	CDS	contig00017	103575	104669	3	+	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.497	CDS	contig00017	104837	106009	2	+	1173
CB37	fig 6666666.3233.peg.498	CDS	contig00017	106006	107940	1	+	1935
CB37	fig 6666666.3233.peg.499	CDS	contig00017	108405	108019	-3	-	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.500	CDS	contig00017	108569	108456	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.501	CDS	contig00017	109484	108639	-2	-	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.502	CDS	contig00017	111152	110202	-2	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.503	CDS	contig00017	112282	111335	-1	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.504	CDS	contig00017	112539	113828	3	+	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.505	CDS	contig00017	113844	115175	3	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.506	CDS	contig00017	117157	115436	-1	-	1722
CB37	fig 6666666.3233.peg.507	CDS	contig00017	118937	117150	-2	-	1788
CB37	fig 6666666.3233.peg.508	CDS	contig00017	120000	119041	-3	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.509	CDS	contig00017	120637	121293	1	+	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.510	CDS	contig00017	121277	122512	2	+	1236
CB37	fig 6666666.3233.peg.511	CDS	contig00017	123416	122592	-2	-	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.512	CDS	contig00017	123757	124911	1	+	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.513	CDS	contig00017	124967	125095	2	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.514	CDS	contig00017	126662	125292	-2	-	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.515	CDS	contig00017	127582	126908	-1	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.516	CDS	contig00017	129497	127809	-2	-	1689
CB37	fig 6666666.3233.peg.517	CDS	contig00017	129725	132079	2	+	2355
CB37	fig 6666666.3233.peg.518	CDS	contig00017	132482	132859	2	+	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.519	CDS	contig00017	133151	134827	2	+	1677
CB37	fig 6666666.3233.peg.520	CDS	contig00017	135100	135402	1	+	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.521	CDS	contig00017	135691	135461	-1	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.522	CDS	contig00017	136533	136069	-3	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.523	CDS	contig00017	136662	137138	3	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.524	CDS	contig00017	137135	137602	2	+	468

CB37	fig 6666666.3233.peg.525	CDS	contig00017	137824	139242	1	+	1419
CB37	fig 6666666.3233.peg.526	CDS	contig00017	139246	140583	1	+	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.527	CDS	contig00017	140570	141043	2	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.528	CDS	contig00017	142835	141129	-2	-	1707
CB37	fig 6666666.3233.peg.529	CDS	contig00017	143147	143010	-2	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.530	CDS	contig00017	143296	144507	1	+	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.531	CDS	contig00017	144831	145457	3	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.532	CDS	contig00017	145665	147209	3	+	1545
CB37	fig 6666666.3233.peg.533	CDS	contig00017	147402	148112	3	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.534	CDS	contig00017	149031	148129	-3	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.535	CDS	contig00017	149690	150457	2	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.536	CDS	contig00017	150626	151228	2	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.537	CDS	contig00017	152581	151322	-1	-	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.538	CDS	contig00017	152874	153506	3	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.539	CDS	contig00017	154971	153544	-3	-	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.540	CDS	contig00017	155640	156833	3	+	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.541	CDS	contig00017	157008	158213	3	+	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.542	CDS	contig00017	158385	158516	3	+	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.543	CDS	contig00017	158572	159597	1	+	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.544	CDS	contig00017	159697	159912	1	+	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.545	CDS	contig00017	160287	161051	3	+	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.546	CDS	contig00017	161211	161080	-3	-	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.547	CDS	contig00017	161202	161948	3	+	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.548	CDS	contig00017	162149	163924	2	+	1776
CB37	fig 6666666.3233.peg.549	CDS	contig00017	164141	166363	2	+	2223
CB37	fig 6666666.3233.peg.550	CDS	contig00017	166956	166408	-3	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.551	CDS	contig00017	169180	167453	-1	-	1728
CB37	fig 6666666.3233.peg.552	CDS	contig00017	171536	169758	-2	-	1779
CB37	fig 6666666.3233.peg.553	CDS	contig00017	173278	171536	-1	-	1743
CB37	fig 6666666.3233.peg.554	CDS	contig00017	174041	173550	-2	-	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.555	CDS	contig00017	175614	174271	-3	-	1344
CB37	fig 6666666.3233.peg.556	CDS	contig00017	176902	176042	-1	-	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.557	CDS	contig00017	177024	177311	3	+	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.558	CDS	contig00017	177323	178300	2	+	978
CB37	fig 6666666.3233.peg.559	CDS	contig00017	179071	178385	-1	-	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.560	CDS	contig00017	179158	179352	1	+	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.561	CDS	contig00017	182263	179438	-1	-	2826
CB37	fig 6666666.3233.peg.562	CDS	contig00017	184284	182320	-3	-	1965
CB37	fig 6666666.3233.peg.563	CDS	contig00017	184916	184284	-2	-	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.564	CDS	contig00017	185204	186745	2	+	1542
CB37	fig 6666666.3233.peg.565	CDS	contig00017	186828	187358	3	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.566	CDS	contig00017	188002	187562	-1	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.567	CDS	contig00017	190086	188146	-3	-	1941
CB37	fig 6666666.3233.peg.568	CDS	contig00017	190459	190109	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.569	CDS	contig00017	190750	192063	1	+	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.570	CDS	contig00017	192586	195033	1	+	2448
CB37	fig 6666666.3233.peg.571	CDS	contig00017	195033	195662	3	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.572	CDS	contig00017	195662	196513	2	+	852
CB37	fig 6666666.3233.peg.573	CDS	contig00017	196625	197236	2	+	612



CB37	fig 6666666.3233.peg.574	CDS	contig00017	197223	197720	3	+	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.575	CDS	contig00017	198360	197776	-3	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.576	CDS	contig00017	198557	202573	2	+	4017
CB37	fig 6666666.3233.peg.577	CDS	contig00017	202625	202777	2	+	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.578	CDS	contig00017	202784	203266	2	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.579	CDS	contig00017	203462	203977	2	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.580	CDS	contig00017	204476	204069	-2	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.581	CDS	contig00017	206037	204460	-3	-	1578
CB37	fig 6666666.3233.peg.582	CDS	contig00017	207071	206343	-2	-	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.583	CDS	contig00017	208161	207220	-3	-	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.584	CDS	contig00017	208237	208353	1	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.585	CDS	contig00017	208463	208350	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.586	CDS	contig00017	208740	209141	3	+	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.587	CDS	contig00017	209517	210128	3	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.588	CDS	contig00017	210261	210614	3	+	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.589	CDS	contig00017	212136	210709	-3	-	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.590	CDS	contig00017	212490	212603	3	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.591	CDS	contig00017	213379	212750	-1	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.592	CDS	contig00019	93	1382	3	+	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.593	CDS	contig00019	1626	3056	3	+	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.594	CDS	contig00019	3992	3378	-2	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.595	CDS	contig00019	4314	4844	3	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.596	CDS	contig00019	5601	4933	-3	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.597	CDS	contig00019	5884	7554	1	+	1671
CB37	fig 6666666.3233.peg.598	CDS	contig00019	7659	8705	3	+	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.599	CDS	contig00019	8705	9475	2	+	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.600	CDS	contig00019	9617	10546	2	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.601	CDS	contig00019	11512	10610	-1	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.602	CDS	contig00019	12318	11524	-3	-	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.603	CDS	contig00019	12828	12343	-3	-	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.604	CDS	contig00019	14150	12825	-2	-	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.605	CDS	contig00019	15158	14274	-2	-	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.606	CDS	contig00019	15718	15272	-1	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.607	CDS	contig00019	16571	15855	-2	-	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.608	CDS	contig00019	16638	19106	3	+	2469
CB37	fig 6666666.3233.peg.609	CDS	contig00019	19099	21486	1	+	2388
CB37	fig 6666666.3233.peg.610	CDS	contig00019	21574	23439	1	+	1866
CB37	fig 6666666.3233.peg.611	CDS	contig00019	23414	23893	2	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.612	CDS	contig00019	24164	26752	2	+	2589
CB37	fig 6666666.3233.peg.613	CDS	contig00019	27034	27402	1	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.614	CDS	contig00019	27591	27929	3	+	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.615	CDS	contig00019	27955	29184	1	+	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.616	CDS	contig00019	29337	30350	3	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.617	CDS	contig00019	30489	32075	3	+	1587
CB37	fig 6666666.3233.peg.618	CDS	contig00019	32075	33106	2	+	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.619	CDS	contig00019	34622	33210	-2	-	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.620	CDS	contig00019	37156	34748	-1	-	2409
CB37	fig 6666666.3233.peg.621	CDS	contig00019	39162	37243	-3	-	1920
CB37	fig 6666666.3233.peg.622	CDS	contig00019	40061	39171	-2	-	891

CB37	fig 6666666.3233.peg.623	CDS	contig00019	41803	40064	-1	-	1740
CB37	fig 6666666.3233.peg.624	CDS	contig00019	42870	41875	-3	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.625	CDS	contig00019	43902	42919	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.626	CDS	contig00019	44930	43905	-2	-	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.627	CDS	contig00019	45919	44933	-1	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.628	CDS	contig00019	47772	46090	-3	-	1683
CB37	fig 6666666.3233.peg.629	CDS	contig00019	51979	48593	-1	-	3387
CB37	fig 6666666.3233.peg.630	CDS	contig00019	53232	52207	-3	-	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.631	CDS	contig00019	54394	53309	-1	-	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.632	CDS	contig00019	54544	54666	1	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.633	CDS	contig00019	56051	54756	-2	-	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.634	CDS	contig00019	56298	56639	3	+	342
CB37	fig 6666666.3233.peg.635	CDS	contig00019	56753	57868	2	+	1116
CB37	fig 6666666.3233.peg.636	CDS	contig00019	57878	61012	2	+	3135
CB37	fig 6666666.3233.peg.637	CDS	contig00019	62308	61049	-1	-	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.638	CDS	contig00019	62469	63656	3	+	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.639	CDS	contig00019	64081	64926	1	+	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.640	CDS	contig00019	66329	64905	-2	-	1425
CB37	fig 6666666.3233.peg.641	CDS	contig00019	67474	66446	-1	-	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.642	CDS	contig00019	68012	68485	2	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.643	CDS	contig00019	68873	68577	-2	-	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.644	CDS	contig00019	69012	69641	3	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.645	CDS	contig00019	69750	71729	3	+	1980
CB37	fig 6666666.3233.peg.646	CDS	contig00019	71798	72628	2	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.647	CDS	contig00019	72647	73987	2	+	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.648	CDS	contig00019	74213	74551	2	+	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.649	CDS	contig00019	75018	75473	3	+	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.650	CDS	contig00019	75510	76997	3	+	1488
CB37	fig 6666666.3233.peg.651	CDS	contig00019	77019	79706	3	+	2688
CB37	fig 6666666.3233.peg.652	CDS	contig00019	79816	80223	1	+	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.653	CDS	contig00019	80223	81167	3	+	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.654	CDS	contig00019	81317	81586	2	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.655	CDS	contig00019	81900	84032	3	+	2133
CB37	fig 6666666.3233.peg.656	CDS	contig00019	84216	85139	3	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.657	CDS	contig00019	85237	85650	1	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.658	CDS	contig00019	85708	87054	1	+	1347
CB37	fig 6666666.3233.peg.659	CDS	contig00019	88015	87125	-1	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.660	CDS	contig00019	89037	88024	-3	-	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.661	CDS	contig00019	91247	89187	-2	-	2061
CB37	fig 6666666.3233.peg.662	CDS	contig00019	91493	92020	2	+	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.663	CDS	contig00019	92004	92507	3	+	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.664	CDS	contig00019	93044	92592	-2	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.665	CDS	contig00019	93108	93506	3	+	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.666	CDS	contig00019	93519	93977	3	+	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.667	CDS	contig00019	94186	95253	1	+	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.668	CDS	contig00019	95386	96975	1	+	1590
CB37	fig 6666666.3233.peg.669	CDS	contig00019	97098	97265	3	+	168
CB37	fig 6666666.3233.peg.670	CDS	contig00019	97252	98025	1	+	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.671	CDS	contig00019	98230	99513	1	+	1284

CB37	fig 6666666.3233.peg.672	CDS	contig00019	100093	100869	1	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.673	CDS	contig00019	100968	102296	3	+	1329
CB37	fig 6666666.3233.peg.674	CDS	contig00019	102365	103585	2	+	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.675	CDS	contig00019	103732	104451	1	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.676	CDS	contig00019	105241	104543	-1	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.677	CDS	contig00019	105240	106220	3	+	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.678	CDS	contig00019	108329	106278	-2	-	2052
CB37	fig 6666666.3233.peg.679	CDS	contig00019	108481	108356	-1	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.680	CDS	contig00019	108777	110156	3	+	1380
CB37	fig 6666666.3233.peg.681	CDS	contig00019	110373	112463	3	+	2091
CB37	fig 6666666.3233.peg.682	CDS	contig00019	113513	112584	-2	-	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.683	CDS	contig00019	113613	113822	3	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.684	CDS	contig00019	115588	113897	-1	-	1692
CB37	fig 6666666.3233.peg.685	CDS	contig00019	116467	115742	-1	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.686	CDS	contig00019	116782	116970	1	+	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.687	CDS	contig00019	117334	117717	1	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.688	CDS	contig00019	117761	119086	2	+	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.689	CDS	contig00019	119117	119848	2	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.690	CDS	contig00019	120000	121310	3	+	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.691	CDS	contig00019	121450	121569	1	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.692	CDS	contig00019	121684	122883	1	+	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.693	CDS	contig00019	122902	124347	1	+	1446
CB37	fig 6666666.3233.peg.694	CDS	contig00019	124360	125322	1	+	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.695	CDS	contig00019	125359	126300	1	+	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.696	CDS	contig00019	126297	127310	3	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.697	CDS	contig00019	128880	127492	-3	-	1389
CB37	fig 6666666.3233.peg.698	CDS	contig00019	129381	129512	3	+	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.699	CDS	contig00019	129815	129486	-2	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.700	CDS	contig00019	131067	130183	-3	-	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.701	CDS	contig00019	132622	131483	-1	-	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.702	CDS	contig00019	132735	133661	3	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.703	CDS	contig00019	135195	133762	-3	-	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.704	CDS	contig00019	135734	135285	-2	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.705	CDS	contig00019	138836	135738	-2	-	3099
CB37	fig 6666666.3233.peg.706	CDS	contig00019	140166	139180	-3	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.707	CDS	contig00019	142218	140401	-3	-	1818
CB37	fig 6666666.3233.peg.708	CDS	contig00019	142430	142311	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.709	CDS	contig00019	144520	142664	-1	-	1857
CB37	fig 6666666.3233.peg.710	CDS	contig00019	144998	146044	2	+	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.711	CDS	contig00019	146195	147247	2	+	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.712	CDS	contig00019	147511	148671	1	+	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.713	CDS	contig00019	148701	149759	3	+	1059
CB37	fig 6666666.3233.peg.714	CDS	contig00019	150902	149904	-2	-	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.715	CDS	contig00019	151079	151411	2	+	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.716	CDS	contig00019	151555	152169	1	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.717	CDS	contig00019	152759	152208	-2	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.718	CDS	contig00019	153009	154193	3	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.719	CDS	contig00019	155624	154512	-2	-	1113
CB37	fig 6666666.3233.peg.720	CDS	contig00019	157360	155801	-1	-	1560

CB37	fig 6666666.3233.peg.721	CDS	contig00019	158331	157540	-3	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.722	CDS	contig00019	160039	158522	-1	-	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.723	CDS	contig00019	160913	160098	-2	-	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.724	CDS	contig00019	161096	160965	-2	-	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.725	CDS	contig00019	161825	163192	2	+	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.726	CDS	contig00019	163246	164301	1	+	1056
CB37	fig 6666666.3233.peg.727	CDS	contig00019	165740	164709	-2	-	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.728	CDS	contig00019	167047	166064	-1	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.729	CDS	contig00019	167763	167071	-3	-	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.730	CDS	contig00019	168555	168256	-3	-	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.731	CDS	contig00019	169638	168721	-3	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.732	CDS	contig00019	169751	170725	2	+	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.733	CDS	contig00019	172732	170909	-1	-	1824
CB37	fig 6666666.3233.peg.734	CDS	contig00019	173071	176568	1	+	3498
CB37	fig 6666666.3233.peg.735	CDS	contig00019	177181	180819	1	+	3639
CB37	fig 6666666.3233.peg.736	CDS	contig00019	180819	182996	3	+	2178
CB37	fig 6666666.3233.peg.737	CDS	contig00019	183173	183030	-2	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.738	CDS	contig00019	184810	183473	-1	-	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.739	CDS	contig00019	184975	185430	1	+	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.740	CDS	contig00019	185572	185703	1	+	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.741	CDS	contig00019	185696	186802	2	+	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.742	CDS	contig00019	186905	187714	2	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.743	CDS	contig00019	187735	188163	1	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.744	CDS	contig00019	189476	188265	-2	-	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.745	CDS	contig00019	190075	189476	-1	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.746	CDS	contig00019	190962	190072	-3	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.747	CDS	contig00019	191852	191070	-2	-	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.748	CDS	contig00019	192176	192772	2	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.749	CDS	contig00019	192769	194106	1	+	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.750	CDS	contig00019	194152	194736	1	+	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.751	CDS	contig00019	194733	195395	3	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.752	CDS	contig00019	196806	195454	-3	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.753	CDS	contig00019	197423	196878	-2	-	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.754	CDS	contig00019	197992	197423	-1	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.755	CDS	contig00019	199189	198032	-1	-	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.756	CDS	contig00019	199395	199703	3	+	309
CB37	fig 6666666.3233.peg.757	CDS	contig00019	200229	201515	3	+	1287
CB37	fig 6666666.3233.peg.758	CDS	contig00019	201519	202760	3	+	1242
CB37	fig 6666666.3233.peg.759	CDS	contig00019	202750	203535	1	+	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.760	CDS	contig00019	203535	204167	3	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.761	CDS	contig00019	204175	204771	1	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.762	CDS	contig00019	204805	206028	1	+	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.763	CDS	contig00019	206184	207188	3	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.764	CDS	contig00019	207211	207444	1	+	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.765	CDS	contig00019	208764	207550	-3	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.766	CDS	contig00019	208942	210006	1	+	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.767	CDS	contig00019	211928	210003	-2	-	1926
CB37	fig 6666666.3233.peg.768	CDS	contig00019	212005	212484	1	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.769	CDS	contig00019	212527	213288	1	+	762

CB37	fig 6666666.3233.peg.770	CDS	contig00019	215906	213366	-2	-	2541
CB37	fig 6666666.3233.peg.771	CDS	contig00019	216277	217641	1	+	1365
CB37	fig 6666666.3233.peg.772	CDS	contig00019	217926	217735	-3	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.773	CDS	contig00019	218132	217926	-2	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.774	CDS	contig00019	218914	218246	-1	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.775	CDS	contig00019	220801	219086	-1	-	1716
CB37	fig 6666666.3233.peg.776	CDS	contig00019	221608	220913	-1	-	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.777	CDS	contig00019	221731	221991	1	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.778	CDS	contig00019	221995	222120	1	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.779	CDS	contig00019	222349	223935	1	+	1587
CB37	fig 6666666.3233.peg.780	CDS	contig00019	224717	223992	-2	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.781	CDS	contig00019	226025	224913	-2	-	1113
CB37	fig 6666666.3233.peg.782	CDS	contig00019	227272	226013	-1	-	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.783	CDS	contig00019	228132	227269	-3	-	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.784	CDS	contig00019	229057	228101	-1	-	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.785	CDS	contig00019	229914	229084	-3	-	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.786	CDS	contig00019	230719	230270	-1	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.787	CDS	contig00019	231009	230716	-3	-	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.788	CDS	contig00019	231961	232401	1	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.789	CDS	contig00019	232660	232361	-1	-	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.790	CDS	contig00019	233711	232674	-2	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.791	CDS	contig00019	233788	234102	1	+	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.792	CDS	contig00019	234108	234875	3	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.793	CDS	contig00020	108	380	3	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.794	CDS	contig00020	596	2455	2	+	1860
CB37	fig 6666666.3233.peg.795	CDS	contig00020	2601	2900	3	+	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.796	CDS	contig00020	3604	3053	-1	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.797	CDS	contig00020	3608	4234	2	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.798	CDS	contig00020	5849	4527	-2	-	1323
CB37	fig 6666666.3233.peg.799	CDS	contig00020	6449	5865	-2	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.800	CDS	contig00020	7747	6533	-1	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.801	CDS	contig00020	7965	9272	3	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.802	CDS	contig00020	9269	10987	2	+	1719
CB37	fig 6666666.3233.peg.803	CDS	contig00020	10974	11768	3	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.804	CDS	contig00020	11795	12661	2	+	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.805	CDS	contig00020	12790	13779	1	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.806	CDS	contig00020	13764	15197	3	+	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.807	CDS	contig00020	16684	15248	-1	-	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.808	CDS	contig00020	16859	17743	2	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.809	CDS	contig00020	18099	18299	3	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.810	CDS	contig00020	19190	18285	-2	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.811	CDS	contig00020	21225	19351	-3	-	1875
CB37	fig 6666666.3233.peg.812	CDS	contig00020	21829	21239	-1	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.813	CDS	contig00020	22086	22958	3	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.814	CDS	contig00020	23926	25017	1	+	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.815	CDS	contig00020	25017	28130	3	+	3114
CB37	fig 6666666.3233.peg.816	CDS	contig00020	28358	28555	2	+	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.817	CDS	contig00020	29248	28658	-1	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.818	CDS	contig00020	29451	29768	3	+	318

CB37	fig 6666666.3233.peg.819	CDS	contig00020	30936	29842	-3	-	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.820	CDS	contig00020	31082	31549	2	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.821	CDS	contig00020	31880	34927	2	+	3048
CB37	fig 6666666.3233.peg.822	CDS	contig00020	35845	34985	-1	-	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.823	CDS	contig00020	36013	36447	1	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.824	CDS	contig00020	36784	36482	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.825	CDS	contig00020	37058	37801	2	+	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.826	CDS	contig00020	37976	39973	2	+	1998
CB37	fig 6666666.3233.peg.827	CDS	contig00020	41074	43827	1	+	2754
CB37	fig 6666666.3233.peg.828	CDS	contig00020	44012	44746	2	+	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.829	CDS	contig00020	45160	44837	-1	-	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.830	CDS	contig00020	45393	47012	3	+	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.831	CDS	contig00020	47357	47776	2	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.832	CDS	contig00020	47840	49291	2	+	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.833	CDS	contig00020	49391	51697	2	+	2307
CB37	fig 6666666.3233.peg.834	CDS	contig00020	52003	52761	1	+	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.835	CDS	contig00020	54085	52925	-1	-	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.836	CDS	contig00020	56242	54251	-1	-	1992
CB37	fig 6666666.3233.peg.837	CDS	contig00020	56478	56828	3	+	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.838	CDS	contig00020	56957	58354	2	+	1398
CB37	fig 6666666.3233.peg.839	CDS	contig00020	58354	58746	1	+	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.840	CDS	contig00020	58834	59424	1	+	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.841	CDS	contig00020	59468	60349	2	+	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.842	CDS	contig00020	60425	60964	2	+	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.843	CDS	contig00020	61122	60985	-3	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.844	CDS	contig00020	61491	62780	3	+	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.845	CDS	contig00020	63415	62867	-1	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.846	CDS	contig00020	64257	63487	-3	-	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.847	CDS	contig00020	67726	64265	-1	-	3462
CB37	fig 6666666.3233.peg.848	CDS	contig00020	68322	67732	-3	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.849	CDS	contig00020	68650	69774	1	+	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.850	CDS	contig00020	69767	70474	2	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.851	CDS	contig00020	70477	71721	1	+	1245
CB37	fig 6666666.3233.peg.852	CDS	contig00020	72428	71919	-2	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.853	CDS	contig00020	72437	74695	2	+	2259
CB37	fig 6666666.3233.peg.854	CDS	contig00020	74727	76475	3	+	1749
CB37	fig 6666666.3233.peg.855	CDS	contig00020	76481	77488	2	+	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.856	CDS	contig00020	77469	77648	3	+	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.857	CDS	contig00020	77648	78406	2	+	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.858	CDS	contig00020	80048	78489	-2	-	1560
CB37	fig 6666666.3233.peg.859	CDS	contig00020	81331	80060	-1	-	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.860	CDS	contig00020	83311	81377	-1	-	1935
CB37	fig 6666666.3233.peg.861	CDS	contig00020	84295	83801	-1	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.862	CDS	contig00020	85125	84460	-3	-	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.863	CDS	contig00020	86045	85305	-2	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.864	CDS	contig00020	87167	86190	-2	-	978
CB37	fig 6666666.3233.peg.865	CDS	contig00020	89596	87320	-1	-	2277
CB37	fig 6666666.3233.peg.866	CDS	contig00020	91450	89903	-1	-	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.867	CDS	contig00020	91908	93374	3	+	1467

CB37	fig 6666666.3233.peg.868	CDS	contig00020	93614	94384	2	+	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.869	CDS	contig00020	94464	95234	3	+	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.870	CDS	contig00020	95316	96056	3	+	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.871	CDS	contig00020	96060	96737	3	+	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.872	CDS	contig00020	97644	96838	-3	-	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.873	CDS	contig00020	97822	99939	1	+	2118
CB37	fig 6666666.3233.peg.874	CDS	contig00020	100167	100003	-3	-	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.875	CDS	contig00020	100712	100170	-2	-	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.876	CDS	contig00020	101494	100709	-1	-	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.877	CDS	contig00020	103584	101509	-3	-	2076
CB37	fig 6666666.3233.peg.878	CDS	contig00020	104099	105094	2	+	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.879	CDS	contig00020	105356	106021	2	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.880	CDS	contig00020	106822	106118	-1	-	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.881	CDS	contig00020	107194	109419	1	+	2226
CB37	fig 6666666.3233.peg.882	CDS	contig00020	109767	109549	-3	-	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.883	CDS	contig00020	110614	110799	1	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.884	CDS	contig00020	110848	113118	1	+	2271
CB37	fig 6666666.3233.peg.885	CDS	contig00021	29	11170	2	+	11142
CB37	fig 6666666.3233.peg.886	CDS	contig00021	11560	11297	-1	-	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.887	CDS	contig00021	11836	11675	-1	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.888	CDS	contig00021	14220	12067	-3	-	2154
CB37	fig 6666666.3233.peg.889	CDS	contig00021	14513	16582	2	+	2070
CB37	fig 6666666.3233.peg.890	CDS	contig00021	17139	16684	-3	-	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.891	CDS	contig00021	18208	17204	-1	-	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.892	CDS	contig00021	18300	21260	3	+	2961
CB37	fig 6666666.3233.peg.893	CDS	contig00021	21550	21359	-1	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.894	CDS	contig00021	23926	21569	-1	-	2358
CB37	fig 6666666.3233.peg.895	CDS	contig00021	25983	24058	-3	-	1926
CB37	fig 6666666.3233.peg.896	CDS	contig00021	27432	26092	-3	-	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.897	CDS	contig00021	28187	27429	-2	-	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.898	CDS	contig00021	30019	28454	-1	-	1566
CB37	fig 6666666.3233.peg.899	CDS	contig00021	30366	31913	3	+	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.900	CDS	contig00021	32064	34370	3	+	2307
CB37	fig 6666666.3233.peg.901	CDS	contig00021	34496	35479	2	+	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.902	CDS	contig00021	35492	36454	2	+	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.903	CDS	contig00021	36455	37006	2	+	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.904	CDS	contig00021	36999	38090	3	+	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.905	CDS	contig00021	38083	39831	1	+	1749
CB37	fig 6666666.3233.peg.906	CDS	contig00021	39828	41135	3	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.907	CDS	contig00021	41735	42133	2	+	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.908	CDS	contig00021	42134	42901	2	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.909	CDS	contig00021	42951	43187	3	+	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.910	CDS	contig00021	43231	43701	1	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.911	CDS	contig00021	43710	44252	3	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.912	CDS	contig00021	44265	45803	3	+	1539
CB37	fig 6666666.3233.peg.913	CDS	contig00021	45825	46685	3	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.914	CDS	contig00021	46709	48094	2	+	1386
CB37	fig 6666666.3233.peg.915	CDS	contig00021	48110	48547	2	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.916	CDS	contig00021	48703	49182	1	+	480

CB37	fig 6666666.3233.peg.917	CDS	contig00021	49358	50227	2	+	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.918	CDS	contig00021	50237	51139	2	+	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.919	CDS	contig00021	51548	51213	-2	-	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.920	CDS	contig00021	52213	51566	-1	-	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.921	CDS	contig00021	53332	52352	-1	-	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.922	CDS	contig00021	54287	53499	-2	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.923	CDS	contig00021	54464	55402	2	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.924	CDS	contig00021	55386	55787	3	+	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.925	CDS	contig00021	55798	56871	1	+	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.926	CDS	contig00021	58336	57125	-1	-	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.927	CDS	contig00021	59622	58672	-3	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.928	CDS	contig00021	59803	60060	1	+	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.929	CDS	contig00021	60435	62057	3	+	1623
CB37	fig 6666666.3233.peg.930	CDS	contig00021	62082	63026	3	+	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.931	CDS	contig00021	63038	63190	2	+	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.932	CDS	contig00021	63199	63612	1	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.933	CDS	contig00021	63609	63803	3	+	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.934	CDS	contig00021	63791	64000	2	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.935	CDS	contig00021	63997	64398	1	+	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.936	CDS	contig00021	64392	64685	3	+	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.937	CDS	contig00021	64669	64872	1	+	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.938	CDS	contig00021	64876	65502	1	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.939	CDS	contig00021	66028	66513	1	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.940	CDS	contig00021	66524	66727	2	+	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.941	CDS	contig00021	66814	67044	1	+	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.942	CDS	contig00021	67054	67281	1	+	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.943	CDS	contig00021	67282	67800	1	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.944	CDS	contig00021	67793	68041	2	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.945	CDS	contig00021	68110	68490	1	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.946	CDS	contig00021	68566	69132	1	+	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.947	CDS	contig00021	69132	69404	3	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.948	CDS	contig00021	69389	69988	2	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.949	CDS	contig00021	69985	70242	1	+	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.950	CDS	contig00021	70229	70597	2	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.951	CDS	contig00021	70599	70829	3	+	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.952	CDS	contig00021	70839	71408	3	+	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.953	CDS	contig00021	71408	73057	2	+	1650
CB37	fig 6666666.3233.peg.954	CDS	contig00021	73061	74635	2	+	1575
CB37	fig 6666666.3233.peg.955	CDS	contig00021	74646	76055	3	+	1410
CB37	fig 6666666.3233.peg.956	CDS	contig00021	76052	76255	2	+	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.957	CDS	contig00021	76255	76728	1	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.958	CDS	contig00021	76963	78102	1	+	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.959	CDS	contig00021	78118	78507	1	+	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.960	CDS	contig00021	78549	79442	3	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.961	CDS	contig00021	79507	79914	1	+	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.962	CDS	contig00021	79938	80345	3	+	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.963	CDS	contig00021	80342	80779	2	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.964	CDS	contig00021	80769	81698	3	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.965	CDS	contig00021	81724	82056	1	+	333



CB37	fig 6666666.3233.peg.966	CDS	contig00021	82071	82391	3	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.967	CDS	contig00021	82375	85131	1	+	2757
CB37	fig 6666666.3233.peg.968	CDS	contig00021	85138	86151	1	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.969	CDS	contig00021	86151	87023	3	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.970	CDS	contig00021	87026	88594	2	+	1569
CB37	fig 6666666.3233.peg.971	CDS	contig00021	88599	89348	3	+	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.972	CDS	contig00021	89361	89594	3	+	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.973	CDS	contig00021	89665	89793	1	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.974	CDS	contig00021	89808	91931	3	+	2124
CB37	fig 6666666.3233.peg.975	CDS	contig00021	92390	91995	-2	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.976	CDS	contig00021	93718	92486	-1	-	1233
CB37	fig 6666666.3233.peg.977	CDS	contig00021	94295	94651	2	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.978	CDS	contig00021	96585	94717	-3	-	1869
CB37	fig 6666666.3233.peg.979	CDS	contig00021	97175	96585	-2	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.980	CDS	contig00021	98769	97402	-3	-	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.981	CDS	contig00021	100231	99146	-1	-	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.982	CDS	contig00021	100564	101112	1	+	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.983	CDS	contig00021	101804	101187	-2	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.984	CDS	contig00021	102091	104136	1	+	2046
CB37	fig 6666666.3233.peg.985	CDS	contig00021	105451	104270	-1	-	1182
CB37	fig 6666666.3233.peg.986	CDS	contig00021	106929	105985	-3	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.987	CDS	contig00021	108237	107251	-3	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.988	CDS	contig00022	151	1182	1	+	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.989	CDS	contig00022	1413	2360	3	+	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.990	CDS	contig00022	3355	2486	-1	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.991	CDS	contig00022	3465	4358	3	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.992	CDS	contig00022	4648	4427	-1	-	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.993	CDS	contig00022	5319	4837	-3	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.994	CDS	contig00022	5495	6109	2	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.995	CDS	contig00022	6424	6194	-1	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.996	CDS	contig00022	6914	6576	-2	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.997	CDS	contig00022	7102	7542	1	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.998	CDS	contig00022	7874	7545	-2	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.999	CDS	contig00022	8258	10018	2	+	1761
CB37	fig 6666666.3233.peg.1000	CDS	contig00022	11871	10459	-3	-	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.1001	CDS	contig00022	12410	12000	-2	-	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.1002	CDS	contig00022	12968	12414	-2	-	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.1003	CDS	contig00022	13434	12982	-3	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.1004	CDS	contig00022	13585	14484	1	+	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.1005	CDS	contig00022	14884	14570	-1	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.1006	CDS	contig00022	15513	16877	3	+	1365
CB37	fig 6666666.3233.peg.1007	CDS	contig00022	17487	16948	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.1008	CDS	contig00022	18764	17670	-2	-	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.1009	CDS	contig00022	19900	19028	-1	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.1010	CDS	contig00022	20220	19909	-3	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.1011	CDS	contig00022	20819	20220	-2	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.1012	CDS	contig00022	22845	20809	-3	-	2037
CB37	fig 6666666.3233.peg.1013	CDS	contig00022	23672	22851	-2	-	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.1014	CDS	contig00022	25120	24362	-1	-	759

CB37	fig 6666666.3233.peg.1015 CDS	contig00022	26208	25303	-3	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.1016 CDS	contig00022	27344	26220	-2	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.1017 CDS	contig00022	28141	27353	-1	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.1018 CDS	contig00022	29364	28210	-3	-	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.1019 CDS	contig00022	30875	29382	-2	-	1494
CB37	fig 6666666.3233.peg.1020 CDS	contig00022	32123	30912	-2	-	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.1021 CDS	contig00022	32414	32797	2	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.1022 CDS	contig00022	32902	34071	1	+	1170
CB37	fig 6666666.3233.peg.1023 CDS	contig00022	34093	35697	1	+	1605
CB37	fig 6666666.3233.peg.1024 CDS	contig00022	35723	36568	2	+	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.1025 CDS	contig00022	36565	37461	1	+	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.1026 CDS	contig00022	38159	37542	-2	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.1027 CDS	contig00022	38465	39292	2	+	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.1028 CDS	contig00022	39280	39759	1	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.1029 CDS	contig00022	40858	40400	-1	-	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.1030 CDS	contig00022	41890	41000	-1	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.1031 CDS	contig00022	42234	42404	3	+	171
CB37	fig 6666666.3233.peg.1032 CDS	contig00022	42874	43242	1	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.1033 CDS	contig00022	43258	44667	1	+	1410
CB37	fig 6666666.3233.peg.1034 CDS	contig00022	44669	45280	2	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.1035 CDS	contig00022	45277	47433	1	+	2157
CB37	fig 6666666.3233.peg.1036 CDS	contig00022	48275	47742	-2	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.1037 CDS	contig00022	48655	48269	-1	-	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.1038 CDS	contig00022	49759	48854	-1	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.1039 CDS	contig00022	50564	49842	-2	-	723
CB37	fig 6666666.3233.peg.1040 CDS	contig00022	50920	51465	1	+	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.1041 CDS	contig00022	52493	51513	-2	-	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.1042 CDS	contig00022	53329	52766	-1	-	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.1043 CDS	contig00022	53333	53455	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.1044 CDS	contig00022	55509	53590	-3	-	1920
CB37	fig 6666666.3233.peg.1045 CDS	contig00022	55875	56483	3	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.1046 CDS	contig00022	57367	56480	-1	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.1047 CDS	contig00022	58945	57584	-1	-	1362
CB37	fig 6666666.3233.peg.1048 CDS	contig00022	59556	58957	-3	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.1049 CDS	contig00022	60715	59561	-1	-	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.1050 CDS	contig00022	64364	60708	-2	-	3657
CB37	fig 6666666.3233.peg.1051 CDS	contig00022	66570	64645	-3	-	1926
CB37	fig 6666666.3233.peg.1052 CDS	contig00022	67106	66567	-2	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.1053 CDS	contig00022	69256	67100	-1	-	2157
CB37	fig 6666666.3233.peg.1054 CDS	contig00022	69907	69494	-1	-	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.1055 CDS	contig00022	71232	70261	-3	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.1056 CDS	contig00022	72266	71232	-2	-	1035
CB37	fig 6666666.3233.peg.1057 CDS	contig00022	73186	72263	-1	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.1058 CDS	contig00022	75393	73273	-3	-	2121
CB37	fig 6666666.3233.peg.1059 CDS	contig00022	77551	75515	-1	-	2037
CB37	fig 6666666.3233.peg.1060 CDS	contig00022	77793	79007	3	+	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.1061 CDS	contig00022	79004	80815	2	+	1812
CB37	fig 6666666.3233.peg.1062 CDS	contig00022	80918	82021	2	+	1104
CB37	fig 6666666.3233.peg.1063 CDS	contig00022	81993	83819	3	+	1827

CB37	fig 6666666.3233.peg.1064 CDS	contig00022	83812	85014	1	+	1203
CB37	fig 6666666.3233.peg.1065 CDS	contig00022	85990	85118	-1	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.1066 CDS	contig00022	86141	87361	2	+	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.1067 CDS	contig00022	88880	87453	-2	-	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.1068 CDS	contig00022	92281	88967	-1	-	3315
CB37	fig 6666666.3233.peg.1069 CDS	contig00022	92972	92481	-2	-	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.1070 CDS	contig00022	95413	94622	-1	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1071 CDS	contig00022	96885	95398	-3	-	1488
CB37	fig 6666666.3233.peg.1072 CDS	contig00022	97826	97035	-2	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1073 CDS	contig00022	99148	97823	-1	-	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.1074 CDS	contig00022	99531	99160	-3	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.1075 CDS	contig00022	101167	99653	-1	-	1515
CB37	fig 6666666.3233.peg.1076 CDS	contig00022	101776	101177	-1	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.1077 CDS	contig00022	102400	103704	1	+	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.1078 CDS	contig00022	103732	107121	1	+	3390
CB37	fig 6666666.3233.peg.1079 CDS	contig00022	107154	107606	3	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.1080 CDS	contig00022	108702	107704	-3	-	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.1081 CDS	contig00022	110447	108699	-2	-	1749
CB37	fig 6666666.3233.peg.1082 CDS	contig00022	110868	110458	-3	-	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.1083 CDS	contig00022	112405	110930	-1	-	1476
CB37	fig 6666666.3233.peg.1084 CDS	contig00022	112920	112414	-3	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.1085 CDS	contig00022	114524	112947	-2	-	1578
CB37	fig 6666666.3233.peg.1086 CDS	contig00022	116524	114524	-1	-	2001
CB37	fig 6666666.3233.peg.1087 CDS	contig00022	117692	116748	-2	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.1088 CDS	contig00022	118677	117685	-3	-	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.1089 CDS	contig00022	119977	118658	-1	-	1320
CB37	fig 6666666.3233.peg.1090 CDS	contig00022	120566	120081	-2	-	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.1091 CDS	contig00022	122644	120566	-1	-	2079
CB37	fig 6666666.3233.peg.1092 CDS	contig00022	123235	122717	-1	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.1093 CDS	contig00022	123690	126368	3	+	2679
CB37	fig 6666666.3233.peg.1094 CDS	contig00022	126355	127992	1	+	1638
CB37	fig 6666666.3233.peg.1095 CDS	contig00022	132837	128062	-3	-	4776
CB37	fig 6666666.3233.peg.1096 CDS	contig00022	132983	132834	-2	-	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.1097 CDS	contig00022	133951	133031	-1	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.1098 CDS	contig00022	134782	133955	-1	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.1099 CDS	contig00022	135648	134758	-3	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.1100 CDS	contig00022	136881	136411	-3	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.1101 CDS	contig00023	1022	2098	2	+	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.1102 CDS	contig00023	2120	5290	2	+	3171
CB37	fig 6666666.3233.peg.1103 CDS	contig00023	5426	6067	2	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.1104 CDS	contig00023	6162	6025	-3	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1105 CDS	contig00023	6429	7640	3	+	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.1106 CDS	contig00023	7749	8768	3	+	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.1107 CDS	contig00023	8797	10254	1	+	1458
CB37	fig 6666666.3233.peg.1108 CDS	contig00023	10519	11310	1	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1109 CDS	contig00023	12132	11500	-3	-	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.1110 CDS	contig00023	13241	12372	-2	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.1111 CDS	contig00023	13578	13366	-3	-	213
CB37	fig 6666666.3233.peg.1112 CDS	contig00023	14656	13649	-1	-	1008

CB37	fig 6666666.3233.peg.1113 CDS	contig00023	15236	14757	-2	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.1114 CDS	contig00023	17152	15233	-1	-	1920
CB37	fig 6666666.3233.peg.1115 CDS	contig00023	17330	17917	2	+	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.1116 CDS	contig00023	17901	19697	3	+	1797
CB37	fig 6666666.3233.peg.1117 CDS	contig00023	19733	19933	2	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.1118 CDS	contig00023	20022	20597	3	+	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.1119 CDS	contig00023	20716	21669	1	+	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.1120 CDS	contig00023	21991	21764	-1	-	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.1121 CDS	contig00023	22974	21988	-3	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.1122 CDS	contig00023	23103	23885	3	+	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.1123 CDS	contig00023	24072	24746	3	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.1124 CDS	contig00023	24749	25144	2	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.1125 CDS	contig00023	25141	25497	1	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.1126 CDS	contig00023	25505	25780	2	+	276
CB37	fig 6666666.3233.peg.1127 CDS	contig00023	25959	26333	3	+	375
CB37	fig 6666666.3233.peg.1128 CDS	contig00023	26434	26904	1	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.1129 CDS	contig00023	27043	29142	1	+	2100
CB37	fig 6666666.3233.peg.1130 CDS	contig00023	29298	30482	3	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.1131 CDS	contig00023	30820	31008	1	+	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.1132 CDS	contig00023	31083	31559	3	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.1133 CDS	contig00023	31769	33046	2	+	1278
CB37	fig 6666666.3233.peg.1134 CDS	contig00023	33477	33157	-3	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.1135 CDS	contig00023	33707	34867	2	+	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.1136 CDS	contig00023	34885	37293	1	+	2409
CB37	fig 6666666.3233.peg.1137 CDS	contig00023	37566	38468	3	+	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.1138 CDS	contig00023	39078	38539	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.1139 CDS	contig00023	42150	39517	-3	-	2634
CB37	fig 6666666.3233.peg.1140 CDS	contig00023	43565	42429	-2	-	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.1141 CDS	contig00023	43710	44714	3	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.1142 CDS	contig00023	44736	45527	3	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1143 CDS	contig00023	45618	46832	3	+	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.1144 CDS	contig00023	47083	48957	1	+	1875
CB37	fig 6666666.3233.peg.1145 CDS	contig00023	49330	49112	-1	-	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.1146 CDS	contig00023	51252	49780	-3	-	1473
CB37	fig 6666666.3233.peg.1147 CDS	contig00023	52197	51469	-3	-	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.1148 CDS	contig00023	52372	53280	1	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.1149 CDS	contig00023	55832	53346	-2	-	2487
CB37	fig 6666666.3233.peg.1150 CDS	contig00023	56095	57111	1	+	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.1151 CDS	contig00023	57095	57670	2	+	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.1152 CDS	contig00023	57663	58256	3	+	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.1153 CDS	contig00023	58246	58761	1	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.1154 CDS	contig00023	58796	60547	2	+	1752
CB37	fig 6666666.3233.peg.1155 CDS	contig00023	60737	61255	2	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.1156 CDS	contig00023	61287	62387	3	+	1101
CB37	fig 6666666.3233.peg.1157 CDS	contig00023	62441	63943	2	+	1503
CB37	fig 6666666.3233.peg.1158 CDS	contig00023	64013	64852	2	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.1159 CDS	contig00023	64952	65623	2	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.1160 CDS	contig00023	65881	66261	1	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.1161 CDS	contig00023	66550	66777	1	+	228

CB37	fig 6666666.3233.peg.1162 CDS	contig00023	66810	67262	3	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.1163 CDS	contig00023	68105	67341	-2	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.1164 CDS	contig00023	68426	69826	2	+	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.1165 CDS	contig00023	69831	70916	3	+	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.1166 CDS	contig00023	71037	72116	3	+	1080
CB37	fig 6666666.3233.peg.1167 CDS	contig00023	72587	72168	-2	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.1168 CDS	contig00023	72894	74546	3	+	1653
CB37	fig 6666666.3233.peg.1169 CDS	contig00023	75108	74647	-3	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1170 CDS	contig00023	75612	75127	-3	-	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.1171 CDS	contig00023	76107	77021	3	+	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.1172 CDS	contig00023	77123	77257	2	+	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.1173 CDS	contig00023	77499	77260	-3	-	240
CB37	fig 6666666.3233.peg.1174 CDS	contig00023	78986	80746	2	+	1761
CB37	fig 6666666.3233.peg.1175 CDS	contig00023	81826	81119	-1	-	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.1176 CDS	contig00023	81936	82937	3	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.1177 CDS	contig00023	83101	83316	1	+	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.1178 CDS	contig00023	83417	84082	2	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.1179 CDS	contig00023	84233	84463	2	+	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.1180 CDS	contig00023	84581	86455	2	+	1875
CB37	fig 6666666.3233.peg.1181 CDS	contig00023	86455	88191	1	+	1737
CB37	fig 6666666.3233.peg.1182 CDS	contig00023	88184	88963	2	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.1183 CDS	contig00024	768	43	-3	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.1184 CDS	contig00024	2181	916	-3	-	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.1185 CDS	contig00024	2445	2191	-3	-	255
CB37	fig 6666666.3233.peg.1186 CDS	contig00024	2769	2449	-3	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.1187 CDS	contig00024	3407	2769	-2	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.1188 CDS	contig00024	3908	3411	-2	-	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.1189 CDS	contig00024	4702	3911	-1	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1190 CDS	contig00024	5495	4692	-2	-	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.1191 CDS	contig00024	5895	6860	3	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.1192 CDS	contig00024	6896	7867	2	+	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.1193 CDS	contig00024	7958	8521	2	+	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.1194 CDS	contig00024	8502	8996	3	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.1195 CDS	contig00024	8998	9723	1	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.1196 CDS	contig00024	9774	11240	3	+	1467
CB37	fig 6666666.3233.peg.1197 CDS	contig00024	11265	11552	3	+	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.1198 CDS	contig00024	11633	12001	2	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.1199 CDS	contig00024	12016	12879	1	+	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.1200 CDS	contig00024	12882	13157	3	+	276
CB37	fig 6666666.3233.peg.1201 CDS	contig00024	13324	14679	1	+	1356
CB37	fig 6666666.3233.peg.1202 CDS	contig00024	16106	14763	-2	-	1344
CB37	fig 6666666.3233.peg.1203 CDS	contig00024	16217	16741	2	+	525
CB37	fig 6666666.3233.peg.1204 CDS	contig00024	17769	16807	-3	-	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.1205 CDS	contig00024	18554	17802	-2	-	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.1206 CDS	contig00024	18793	20058	1	+	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.1207 CDS	contig00024	23068	20159	-1	-	2910
CB37	fig 6666666.3233.peg.1208 CDS	contig00024	23605	24981	1	+	1377
CB37	fig 6666666.3233.peg.1209 CDS	contig00024	26496	25051	-3	-	1446
CB37	fig 6666666.3233.peg.1210 CDS	contig00024	27329	26508	-2	-	822

CB37	fig 6666666.3233.peg.1211 CDS	contig00024	31247	27369	-2	-	3879
CB37	fig 6666666.3233.peg.1212 CDS	contig00024	32728	31259	-1	-	1470
CB37	fig 6666666.3233.peg.1213 CDS	contig00024	33316	32747	-1	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.1214 CDS	contig00024	33782	33321	-2	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1215 CDS	contig00024	34689	33799	-3	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.1216 CDS	contig00024	35880	34837	-3	-	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.1217 CDS	contig00024	40367	36033	-2	-	4335
CB37	fig 6666666.3233.peg.1218 CDS	contig00024	40819	40376	-1	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.1219 CDS	contig00024	41522	40809	-2	-	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.1220 CDS	contig00024	42103	41522	-1	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.1221 CDS	contig00024	42998	42768	-2	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.1222 CDS	contig00024	43570	43067	-1	-	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.1223 CDS	contig00024	44322	43861	-3	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1224 CDS	contig00024	45550	44327	-1	-	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.1225 CDS	contig00024	47283	45559	-3	-	1725
CB37	fig 6666666.3233.peg.1226 CDS	contig00024	48365	47280	-2	-	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.1227 CDS	contig00024	49102	48362	-1	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.1228 CDS	contig00024	50845	49253	-1	-	1593
CB37	fig 6666666.3233.peg.1229 CDS	contig00024	51245	50805	-2	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.1230 CDS	contig00024	51888	51238	-3	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.1231 CDS	contig00024	53333	51885	-2	-	1449
CB37	fig 6666666.3233.peg.1232 CDS	contig00024	55354	53345	-1	-	2010
CB37	fig 6666666.3233.peg.1233 CDS	contig00024	56145	55606	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.1234 CDS	contig00024	56440	57084	1	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.1235 CDS	contig00024	57246	58118	3	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.1236 CDS	contig00024	58256	61078	2	+	2823
CB37	fig 6666666.3233.peg.1237 CDS	contig00024	61146	62930	3	+	1785
CB37	fig 6666666.3233.peg.1238 CDS	contig00024	64108	62987	-1	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1239 CDS	contig00024	64634	65986	2	+	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.1240 CDS	contig00024	69734	66054	-2	-	3681
CB37	fig 6666666.3233.peg.1241 CDS	contig00024	69924	71249	3	+	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.1242 CDS	contig00025	169	1572	1	+	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.1243 CDS	contig00025	1759	1604	-1	-	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.1244 CDS	contig00025	3053	1824	-2	-	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.1245 CDS	contig00025	3523	3837	1	+	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.1246 CDS	contig00025	5024	4869	-2	-	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.1247 CDS	contig00025	6194	5067	-2	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.1248 CDS	contig00025	7135	6254	-1	-	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.1249 CDS	contig00025	7713	7144	-3	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.1250 CDS	contig00025	9046	7781	-1	-	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.1251 CDS	contig00025	10785	9391	-3	-	1395
CB37	fig 6666666.3233.peg.1252 CDS	contig00025	12354	10798	-3	-	1557
CB37	fig 6666666.3233.peg.1253 CDS	contig00025	13071	12790	-3	-	282
CB37	fig 6666666.3233.peg.1254 CDS	contig00025	13499	13131	-2	-	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.1255 CDS	contig00025	13754	14998	2	+	1245
CB37	fig 6666666.3233.peg.1256 CDS	contig00025	15998	15024	-2	-	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.1257 CDS	contig00025	17501	16539	-2	-	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.1258 CDS	contig00025	18490	17531	-1	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.1259 CDS	contig00025	18735	19172	3	+	438

CB37	fig 6666666.3233.peg.1260 CDS	contig00025	20342	19236	-2	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.1261 CDS	contig00025	20953	20339	-1	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.1262 CDS	contig00025	21793	21041	-1	-	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.1263 CDS	contig00025	23203	21884	-1	-	1320
CB37	fig 6666666.3233.peg.1264 CDS	contig00025	23500	23871	1	+	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.1265 CDS	contig00025	24034	24570	1	+	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.1266 CDS	contig00025	25355	24678	-2	-	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.1267 CDS	contig00025	26555	25368	-2	-	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.1268 CDS	contig00025	27568	26711	-1	-	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.1269 CDS	contig00025	27724	29109	1	+	1386
CB37	fig 6666666.3233.peg.1270 CDS	contig00025	29726	29256	-2	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.1271 CDS	contig00025	31932	29812	-3	-	2121
CB37	fig 6666666.3233.peg.1272 CDS	contig00025	32045	32194	2	+	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.1273 CDS	contig00025	32355	33104	3	+	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.1274 CDS	contig00025	33581	33141	-2	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.1275 CDS	contig00025	33997	33596	-1	-	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.1276 CDS	contig00025	34317	34024	-3	-	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.1277 CDS	contig00025	34469	36172	2	+	1704
CB37	fig 6666666.3233.peg.1278 CDS	contig00025	36439	36221	-1	-	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.1279 CDS	contig00025	37765	36539	-1	-	1227
CB37	fig 6666666.3233.peg.1280 CDS	contig00025	38509	37877	-1	-	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.1281 CDS	contig00025	39919	38588	-1	-	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.1282 CDS	contig00025	41458	40460	-1	-	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.1283 CDS	contig00025	41867	43264	2	+	1398
CB37	fig 6666666.3233.peg.1284 CDS	contig00025	43448	44056	2	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.1285 CDS	contig00025	44056	45555	1	+	1500
CB37	fig 6666666.3233.peg.1286 CDS	contig00025	45561	46901	3	+	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.1287 CDS	contig00025	47059	48243	1	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.1288 CDS	contig00025	48970	48314	-1	-	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.1289 CDS	contig00025	50088	48967	-3	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1290 CDS	contig00025	51131	50118	-2	-	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.1291 CDS	contig00025	52242	51121	-3	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1292 CDS	contig00025	52403	53416	2	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.1293 CDS	contig00025	53544	53428	-3	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.1294 CDS	contig00025	53958	55220	3	+	1263
CB37	fig 6666666.3233.peg.1295 CDS	contig00025	56006	57568	2	+	1563
CB37	fig 6666666.3233.peg.1296 CDS	contig00025	57578	58903	2	+	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.1297 CDS	contig00025	60070	58973	-1	-	1098
CB37	fig 6666666.3233.peg.1298 CDS	contig00025	60236	60670	2	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.1299 CDS	contig00025	60847	62007	1	+	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.1300 CDS	contig00025	63011	62085	-2	-	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.1301 CDS	contig00025	63064	64449	1	+	1386
CB37	fig 6666666.3233.peg.1302 CDS	contig00025	64594	64457	-1	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1303 CDS	contig00025	65619	65110	-3	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.1304 CDS	contig00025	65692	65880	1	+	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.1305 CDS	contig00025	68123	65952	-2	-	2172
CB37	fig 6666666.3233.peg.1306 CDS	contig00025	68952	68212	-3	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.1307 CDS	contig00025	69343	70674	1	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.1308 CDS	contig00025	71262	70774	-3	-	489

CB37	fig 6666666.3233.peg.1309 CDS	contig00025	71390	71830	2	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.1310 CDS	contig00025	72610	71852	-1	-	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.1311 CDS	contig00025	73756	72908	-1	-	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.1312 CDS	contig00025	74263	73940	-1	-	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.1313 CDS	contig00025	76841	74277	-2	-	2565
CB37	fig 6666666.3233.peg.1314 CDS	contig00025	78546	77194	-3	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.1315 CDS	contig00025	79158	78673	-3	-	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.1316 CDS	contig00025	80588	81634	2	+	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.1317 CDS	contig00025	81721	82782	1	+	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.1318 CDS	contig00025	82930	83742	1	+	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.1319 CDS	contig00025	84070	83825	-1	-	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.1320 CDS	contig00025	85731	84208	-3	-	1524
CB37	fig 6666666.3233.peg.1321 CDS	contig00026	24	713	3	+	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.1322 CDS	contig00027	171	986	3	+	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.1323 CDS	contig00028	161	45	-2	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.1324 CDS	contig00028	1485	835	-3	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.1325 CDS	contig00028	1848	1714	-3	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.1326 CDS	contig00028	3156	2173	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.1327 CDS	contig00028	4002	3298	-3	-	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.1328 CDS	contig00028	4340	4026	-2	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.1329 CDS	contig00028	4777	4490	-1	-	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.1330 CDS	contig00028	5055	4774	-3	-	282
CB37	fig 6666666.3233.peg.1331 CDS	contig00028	5501	5235	-2	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.1332 CDS	contig00028	6385	5789	-1	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.1333 CDS	contig00028	7162	8088	1	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.1334 CDS	contig00028	8622	8149	-3	-	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.1335 CDS	contig00028	9223	8636	-1	-	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.1336 CDS	contig00028	9808	9224	-1	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.1337 CDS	contig00028	11417	9873	-2	-	1545
CB37	fig 6666666.3233.peg.1338 CDS	contig00028	12558	11518	-3	-	1041
CB37	fig 6666666.3233.peg.1339 CDS	contig00028	13931	12555	-2	-	1377
CB37	fig 6666666.3233.peg.1340 CDS	contig00028	14274	14089	-3	-	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.1341 CDS	contig00028	16015	14498	-1	-	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.1342 CDS	contig00028	16288	17688	1	+	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.1343 CDS	contig00028	19468	17768	-1	-	1701
CB37	fig 6666666.3233.peg.1344 CDS	contig00028	20014	19475	-1	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.1345 CDS	contig00028	20128	20727	1	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.1346 CDS	contig00028	21074	22327	2	+	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.1347 CDS	contig00028	22425	23786	3	+	1362
CB37	fig 6666666.3233.peg.1348 CDS	contig00028	24005	25720	2	+	1716
CB37	fig 6666666.3233.peg.1349 CDS	contig00028	25828	26295	1	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.1350 CDS	contig00028	26493	26356	-3	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1351 CDS	contig00028	26751	27539	3	+	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.1352 CDS	contig00028	27979	27617	-1	-	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.1353 CDS	contig00028	28409	29968	2	+	1560
CB37	fig 6666666.3233.peg.1354 CDS	contig00028	30137	31555	2	+	1419
CB37	fig 6666666.3233.peg.1355 CDS	contig00028	32001	31642	-3	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.1356 CDS	contig00028	32254	32033	-1	-	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.1357 CDS	contig00028	33745	32354	-1	-	1392



CB37	fig 6666666.3233.peg.1358 CDS	contig00028	33929	34153	2	+	225
CB37	fig 6666666.3233.peg.1359 CDS	contig00028	34509	34808	3	+	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.1360 CDS	contig00028	35342	36808	2	+	1467
CB37	fig 6666666.3233.peg.1361 CDS	contig00028	36990	38180	3	+	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.1362 CDS	contig00028	38927	38286	-2	-	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.1363 CDS	contig00028	39148	41037	1	+	1890
CB37	fig 6666666.3233.peg.1364 CDS	contig00028	41046	41765	3	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.1365 CDS	contig00028	43720	41837	-1	-	1884
CB37	fig 6666666.3233.peg.1366 CDS	contig00029	1933	2409	1	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.1367 CDS	contig00029	3096	2458	-3	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.1368 CDS	contig00029	4444	3089	-1	-	1356
CB37	fig 6666666.3233.peg.1369 CDS	contig00029	5889	4603	-3	-	1287
CB37	fig 6666666.3233.peg.1370 CDS	contig00029	6441	5902	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.1371 CDS	contig00029	7668	6574	-3	-	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.1372 CDS	contig00029	8488	8084	-1	-	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.1373 CDS	contig00029	8885	9427	2	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.1374 CDS	contig00029	10095	9439	-3	-	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.1375 CDS	contig00029	10735	10226	-1	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.1376 CDS	contig00029	12495	10948	-3	-	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.1377 CDS	contig00029	13718	12645	-2	-	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.1378 CDS	contig00029	14745	13708	-3	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.1379 CDS	contig00029	16138	14756	-1	-	1383
CB37	fig 6666666.3233.peg.1380 CDS	contig00029	17493	16231	-3	-	1263
CB37	fig 6666666.3233.peg.1381 CDS	contig00029	18316	17669	-1	-	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.1382 CDS	contig00029	18721	18545	-1	-	177
CB37	fig 6666666.3233.peg.1383 CDS	contig00029	19199	18867	-2	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.1384 CDS	contig00029	19797	19264	-3	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.1385 CDS	contig00029	21682	19775	-1	-	1908
CB37	fig 6666666.3233.peg.1386 CDS	contig00029	22664	21693	-2	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.1387 CDS	contig00029	23347	22661	-1	-	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.1388 CDS	contig00029	23951	23349	-2	-	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.1389 CDS	contig00029	24402	25829	3	+	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.1390 CDS	contig00029	26480	25926	-2	-	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.1391 CDS	contig00029	27108	26695	-3	-	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.1392 CDS	contig00029	27107	27232	2	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.1393 CDS	contig00029	27310	27191	-1	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.1394 CDS	contig00029	30079	27440	-1	-	2640
CB37	fig 6666666.3233.peg.1395 CDS	contig00029	30389	31096	2	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.1396 CDS	contig00029	31586	33868	2	+	2283
CB37	fig 6666666.3233.peg.1397 CDS	contig00029	33950	35083	2	+	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.1398 CDS	contig00029	35083	35361	1	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.1399 CDS	contig00029	36695	35463	-2	-	1233
CB37	fig 6666666.3233.peg.1400 CDS	contig00029	36880	37797	1	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.1401 CDS	contig00029	38039	38551	2	+	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.1402 CDS	contig00029	39781	38648	-1	-	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.1403 CDS	contig00029	41239	39986	-1	-	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.1404 CDS	contig00029	44149	41258	-1	-	2892
CB37	fig 6666666.3233.peg.1405 CDS	contig00030	3221	558	-2	-	2664
CB37	fig 6666666.3233.peg.1406 CDS	contig00030	4044	3277	-3	-	768

CB37	fig 6666666.3233.peg.1407 CDS	contig00030	5000	4449	-2	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.1408 CDS	contig00030	5093	5980	2	+	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.1409 CDS	contig00030	6245	6709	2	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.1410 CDS	contig00030	6713	8398	2	+	1686
CB37	fig 6666666.3233.peg.1411 CDS	contig00030	8432	8611	2	+	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.1412 CDS	contig00030	8641	9654	1	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.1413 CDS	contig00030	9727	10596	1	+	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.1414 CDS	contig00030	10597	11211	1	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.1415 CDS	contig00030	11239	11979	1	+	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.1416 CDS	contig00030	12042	12236	3	+	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.1417 CDS	contig00030	13156	12803	-1	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.1418 CDS	contig00030	13941	13198	-3	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.1419 CDS	contig00030	14517	13969	-3	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.1420 CDS	contig00030	14794	14546	-1	-	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.1421 CDS	contig00030	16387	15005	-1	-	1383
CB37	fig 6666666.3233.peg.1422 CDS	contig00030	16601	17395	2	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.1423 CDS	contig00030	17550	18824	3	+	1275
CB37	fig 6666666.3233.peg.1424 CDS	contig00030	19434	18916	-3	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.1425 CDS	contig00030	20084	19521	-2	-	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.1426 CDS	contig00030	21714	20146	-3	-	1569
CB37	fig 6666666.3233.peg.1427 CDS	contig00030	24715	21878	-1	-	2838
CB37	fig 6666666.3233.peg.1428 CDS	contig00030	25192	24731	-1	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1429 CDS	contig00030	26136	25186	-3	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.1430 CDS	contig00030	27415	26285	-1	-	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.1431 CDS	contig00030	29218	27425	-1	-	1794
CB37	fig 6666666.3233.peg.1432 CDS	contig00030	29404	29252	-1	-	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.1433 CDS	contig00031	716	63	-2	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.1434 CDS	contig00031	1228	869	-1	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.1435 CDS	contig00031	2388	1492	-3	-	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.1436 CDS	contig00031	2582	3466	2	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.1437 CDS	contig00031	5162	3570	-2	-	1593
CB37	fig 6666666.3233.peg.1438 CDS	contig00031	5796	6782	3	+	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.1439 CDS	contig00031	9024	7600	-3	-	1425
CB37	fig 6666666.3233.peg.1440 CDS	contig00031	9416	9105	-2	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.1441 CDS	contig00031	10771	9506	-1	-	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.1442 CDS	contig00031	11338	10805	-1	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.1443 CDS	contig00031	13346	11682	-2	-	1665
CB37	fig 6666666.3233.peg.1444 CDS	contig00031	14321	13572	-2	-	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.1445 CDS	contig00031	16198	14318	-1	-	1881
CB37	fig 6666666.3233.peg.1446 CDS	contig00031	16571	17974	2	+	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.1447 CDS	contig00031	19920	18016	-3	-	1905
CB37	fig 6666666.3233.peg.1448 CDS	contig00031	20999	19917	-2	-	1083
CB37	fig 6666666.3233.peg.1449 CDS	contig00031	21429	23366	3	+	1938
CB37	fig 6666666.3233.peg.1450 CDS	contig00031	25133	23466	-2	-	1668
CB37	fig 6666666.3233.peg.1451 CDS	contig00031	25836	25381	-3	-	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.1452 CDS	contig00031	26418	25867	-3	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.1453 CDS	contig00031	26667	27443	3	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.1454 CDS	contig00031	27690	28073	3	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.1455 CDS	contig00031	28921	28187	-1	-	735

CB37	fig 6666666.3233.peg.1456 CDS	contig00031	29111	28953	-2	-	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.1457 CDS	contig00031	29864	31240	2	+	1377
CB37	fig 6666666.3233.peg.1458 CDS	contig00031	32840	31503	-2	-	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.1459 CDS	contig00031	33272	35035	2	+	1764
CB37	fig 6666666.3233.peg.1460 CDS	contig00031	35236	35099	-1	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1461 CDS	contig00031	35580	36491	3	+	912
CB37	fig 6666666.3233.peg.1462 CDS	contig00031	38143	36623	-1	-	1521
CB37	fig 6666666.3233.peg.1463 CDS	contig00031	38416	38622	1	+	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.1464 CDS	contig00031	40410	38899	-3	-	1512
CB37	fig 6666666.3233.peg.1465 CDS	contig00031	41716	40889	-1	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.1466 CDS	contig00031	42694	41735	-1	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.1467 CDS	contig00031	43211	42675	-2	-	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.1468 CDS	contig00031	44725	43208	-1	-	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.1469 CDS	contig00031	45610	44735	-1	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.1470 CDS	contig00031	45855	45607	-3	-	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.1471 CDS	contig00031	46997	45945	-2	-	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.1472 CDS	contig00031	47265	48611	3	+	1347
CB37	fig 6666666.3233.peg.1473 CDS	contig00031	48680	48931	2	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.1474 CDS	contig00031	48943	50754	1	+	1812
CB37	fig 6666666.3233.peg.1475 CDS	contig00031	50770	52071	1	+	1302
CB37	fig 6666666.3233.peg.1476 CDS	contig00031	52184	53839	2	+	1656
CB37	fig 6666666.3233.peg.1477 CDS	contig00031	53826	54506	3	+	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.1478 CDS	contig00031	54857	54588	-2	-	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.1479 CDS	contig00031	55182	55069	-3	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.1480 CDS	contig00031	56621	55908	-2	-	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.1481 CDS	contig00031	57237	58034	3	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.1482 CDS	contig00031	59818	58139	-1	-	1680
CB37	fig 6666666.3233.peg.1483 CDS	contig00031	60176	61285	2	+	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.1484 CDS	contig00031	61398	61763	3	+	366
CB37	fig 6666666.3233.peg.1485 CDS	contig00031	62317	61889	-1	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.1486 CDS	contig00031	62682	62413	-3	-	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.1487 CDS	contig00031	63249	63410	3	+	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.1488 CDS	contig00031	63518	64240	2	+	723
CB37	fig 6666666.3233.peg.1489 CDS	contig00031	64542	64351	-3	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.1490 CDS	contig00031	64652	64795	2	+	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.1491 CDS	contig00031	65009	65170	2	+	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.1492 CDS	contig00031	66373	66035	-1	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.1493 CDS	contig00031	67189	66527	-1	-	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.1494 CDS	contig00031	68054	67386	-2	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.1495 CDS	contig00031	69112	68075	-1	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.1496 CDS	contig00031	70252	69122	-1	-	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.1497 CDS	contig00031	71318	70245	-2	-	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.1498 CDS	contig00031	71707	72171	1	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.1499 CDS	contig00031	73198	72506	-1	-	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.1500 CDS	contig00031	73733	74419	2	+	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.1501 CDS	contig00031	74677	74880	1	+	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.1502 CDS	contig00031	75051	76670	3	+	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.1503 CDS	contig00031	76739	78403	2	+	1665
CB37	fig 6666666.3233.peg.1504 CDS	contig00031	78799	78629	-1	-	171

CB37	fig 6666666.3233.peg.1505 CDS	contig00031	80704	78968	-1	-	1737
CB37	fig 6666666.3233.peg.1506 CDS	contig00031	81489	82595	3	+	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.1507 CDS	contig00031	82913	84523	2	+	1611
CB37	fig 6666666.3233.peg.1508 CDS	contig00031	84688	85608	1	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.1509 CDS	contig00031	85618	86550	1	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.1510 CDS	contig00031	86560	87543	1	+	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.1511 CDS	contig00031	87652	88548	1	+	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.1512 CDS	contig00031	88545	90341	3	+	1797
CB37	fig 6666666.3233.peg.1513 CDS	contig00031	90704	94447	2	+	3744
CB37	fig 6666666.3233.peg.1514 CDS	contig00031	97006	94562	-1	-	2445
CB37	fig 6666666.3233.peg.1515 CDS	contig00031	97502	97996	2	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.1516 CDS	contig00031	99195	98071	-3	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.1517 CDS	contig00031	100016	99327	-2	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.1518 CDS	contig00031	100552	100070	-1	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.1519 CDS	contig00031	103857	100768	-3	-	3090
CB37	fig 6666666.3233.peg.1520 CDS	contig00031	105002	103863	-2	-	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.1521 CDS	contig00031	105227	105655	2	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.1522 CDS	contig00031	105665	106339	2	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.1523 CDS	contig00031	107574	106408	-3	-	1167
CB37	fig 6666666.3233.peg.1524 CDS	contig00031	108368	107661	-2	-	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.1525 CDS	contig00031	109441	108593	-1	-	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.1526 CDS	contig00031	110571	109444	-3	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.1527 CDS	contig00031	110723	110544	-2	-	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.1528 CDS	contig00031	111859	110720	-1	-	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.1529 CDS	contig00031	112848	111934	-3	-	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.1530 CDS	contig00031	113876	112905	-2	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.1531 CDS	contig00031	115055	113982	-2	-	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.1532 CDS	contig00031	116433	115177	-3	-	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.1533 CDS	contig00031	116544	117545	3	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.1534 CDS	contig00031	117564	119096	3	+	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.1535 CDS	contig00031	119237	119911	2	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.1536 CDS	contig00031	119939	120706	2	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.1537 CDS	contig00031	121939	120818	-1	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1538 CDS	contig00031	122353	122135	-1	-	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.1539 CDS	contig00031	123309	122437	-3	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.1540 CDS	contig00031	123811	123296	-1	-	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.1541 CDS	contig00031	123951	124178	3	+	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.1542 CDS	contig00031	124419	125570	3	+	1152
CB37	fig 6666666.3233.peg.1543 CDS	contig00031	125560	126561	1	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.1544 CDS	contig00031	126584	127714	2	+	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.1545 CDS	contig00031	128648	127779	-2	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.1546 CDS	contig00031	128761	129972	1	+	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.1547 CDS	contig00031	130055	130636	2	+	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.1548 CDS	contig00031	130745	131320	2	+	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.1549 CDS	contig00031	132184	131411	-1	-	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.1550 CDS	contig00031	132723	132217	-3	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.1551 CDS	contig00031	132853	132740	-1	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.1552 CDS	contig00031	133732	133271	-1	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1553 CDS	contig00031	134539	133775	-1	-	765

CB37	fig 6666666.3233.peg.1554 CDS	contig00031	135524	134529	-2	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.1555 CDS	contig00031	136655	135627	-2	-	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.1556 CDS	contig00031	138693	136894	-3	-	1800
CB37	fig 6666666.3233.peg.1557 CDS	contig00031	139390	138776	-1	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.1558 CDS	contig00031	139935	139387	-3	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.1559 CDS	contig00031	140606	139932	-2	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.1560 CDS	contig00031	141781	140738	-1	-	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.1561 CDS	contig00031	142412	141801	-2	-	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.1562 CDS	contig00031	143148	143843	3	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.1563 CDS	contig00031	144038	145411	2	+	1374
CB37	fig 6666666.3233.peg.1564 CDS	contig00031	145723	146313	1	+	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.1565 CDS	contig00031	146475	147896	3	+	1422
CB37	fig 6666666.3233.peg.1566 CDS	contig00031	148084	148329	1	+	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.1567 CDS	contig00031	148331	149008	2	+	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.1568 CDS	contig00031	149264	150151	2	+	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.1569 CDS	contig00031	150300	151475	3	+	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.1570 CDS	contig00031	152202	151552	-3	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.1571 CDS	contig00031	152539	153312	1	+	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.1572 CDS	contig00031	153752	153456	-2	-	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.1573 CDS	contig00031	154279	155157	1	+	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.1574 CDS	contig00031	155340	155579	3	+	240
CB37	fig 6666666.3233.peg.1575 CDS	contig00031	156176	156436	2	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.1576 CDS	contig00031	157352	158077	2	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.1577 CDS	contig00031	160554	158167	-3	-	2388
CB37	fig 6666666.3233.peg.1578 CDS	contig00031	161556	160573	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.1579 CDS	contig00031	162962	161838	-2	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.1580 CDS	contig00031	164279	163140	-2	-	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.1581 CDS	contig00031	165122	164331	-2	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1582 CDS	contig00031	167539	165164	-1	-	2376
CB37	fig 6666666.3233.peg.1583 CDS	contig00031	168529	167741	-1	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.1584 CDS	contig00031	169509	168700	-3	-	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.1585 CDS	contig00031	170765	170451	-2	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.1586 CDS	contig00031	171156	170767	-3	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.1587 CDS	contig00031	171549	171169	-3	-	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.1588 CDS	contig00031	172248	171895	-3	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.1589 CDS	contig00031	172483	172289	-1	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.1590 CDS	contig00031	173107	172607	-1	-	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.1591 CDS	contig00031	175090	173162	-1	-	1929
CB37	fig 6666666.3233.peg.1592 CDS	contig00031	175386	176375	3	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.1593 CDS	contig00031	177123	176380	-3	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.1594 CDS	contig00031	177317	178024	2	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.1595 CDS	contig00031	178146	179396	3	+	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.1596 CDS	contig00031	179398	180411	1	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.1597 CDS	contig00031	180525	182222	3	+	1698
CB37	fig 6666666.3233.peg.1598 CDS	contig00031	182234	183769	2	+	1536
CB37	fig 6666666.3233.peg.1599 CDS	contig00031	184346	185071	2	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.1600 CDS	contig00031	185615	185154	-2	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1601 CDS	contig00031	188743	185708	-1	-	3036
CB37	fig 6666666.3233.peg.1602 CDS	contig00031	189003	189686	3	+	684

CB37	fig 6666666.3233.peg.1603 CDS	contig00031	189832	190527	1	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.1604 CDS	contig00031	190684	191352	1	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.1605 CDS	contig00031	191465	192406	2	+	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.1606 CDS	contig00031	192588	192773	3	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.1607 CDS	contig00031	193135	193527	1	+	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.1608 CDS	contig00031	193731	194834	3	+	1104
CB37	fig 6666666.3233.peg.1609 CDS	contig00031	195629	195510	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.1610 CDS	contig00031	196112	195666	-2	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.1611 CDS	contig00031	196382	196173	-2	-	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.1612 CDS	contig00031	196967	196761	-2	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.1613 CDS	contig00031	199600	199169	-1	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.1614 CDS	contig00031	200002	199808	-1	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.1615 CDS	contig00031	200666	200394	-2	-	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.1616 CDS	contig00031	201493	201191	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.1617 CDS	contig00031	201738	201481	-3	-	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.1618 CDS	contig00031	202458	202345	-3	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.1619 CDS	contig00031	203203	203048	-1	-	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.1620 CDS	contig00031	203379	203200	-3	-	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.1621 CDS	contig00031	203614	203498	-1	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.1622 CDS	contig00031	204403	203936	-1	-	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.1623 CDS	contig00031	204828	204409	-3	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.1624 CDS	contig00031	205146	205006	-3	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.1625 CDS	contig00031	205955	205824	-2	-	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.1626 CDS	contig00031	206700	206182	-3	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.1627 CDS	contig00031	207489	206959	-3	-	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.1628 CDS	contig00031	208355	207645	-2	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.1629 CDS	contig00031	208826	208500	-2	-	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.1630 CDS	contig00031	209123	208986	-2	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1631 CDS	contig00031	210459	209773	-3	-	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.1632 CDS	contig00031	211780	211163	-1	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.1633 CDS	contig00031	212267	211917	-2	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.1634 CDS	contig00031	213572	212424	-2	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.1635 CDS	contig00031	214465	213710	-1	-	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.1636 CDS	contig00031	215500	214607	-1	-	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.1637 CDS	contig00031	216239	215577	-2	-	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.1638 CDS	contig00031	216999	216784	-3	-	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.1639 CDS	contig00031	217877	217257	-2	-	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.1640 CDS	contig00031	218154	218023	-3	-	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.1641 CDS	contig00031	219827	219045	-2	-	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.1642 CDS	contig00031	221764	220610	-1	-	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.1643 CDS	contig00031	222033	222281	3	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.1644 CDS	contig00031	222271	222561	1	+	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.1645 CDS	contig00031	223630	222695	-1	-	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.1646 CDS	contig00031	224314	223814	-1	-	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.1647 CDS	contig00031	224788	224663	-1	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.1648 CDS	contig00031	227516	225876	-2	-	1641
CB37	fig 6666666.3233.peg.1649 CDS	contig00031	228044	227901	-2	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.1650 CDS	contig00031	229227	228406	-3	-	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.1651 CDS	contig00031	229564	229379	-1	-	186

CB37	fig 6666666.3233.peg.1652 CDS	contig00032	678	70	-3	-	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.1653 CDS	contig00032	840	2198	3	+	1359
CB37	fig 6666666.3233.peg.1654 CDS	contig00032	2326	2841	1	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.1655 CDS	contig00032	3143	2928	-2	-	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.1656 CDS	contig00032	3352	3194	-1	-	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.1657 CDS	contig00032	4380	3814	-3	-	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.1658 CDS	contig00032	5831	4458	-2	-	1374
CB37	fig 6666666.3233.peg.1659 CDS	contig00032	6104	7108	2	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.1660 CDS	contig00032	7105	7722	1	+	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.1661 CDS	contig00032	8139	9647	3	+	1509
CB37	fig 6666666.3233.peg.1662 CDS	contig00032	10051	13305	1	+	3255
CB37	fig 6666666.3233.peg.1663 CDS	contig00032	13298	13459	2	+	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.1664 CDS	contig00032	13570	13752	1	+	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.1665 CDS	contig00032	13745	14917	2	+	1173
CB37	fig 6666666.3233.peg.1666 CDS	contig00032	16392	15241	-3	-	1152
CB37	fig 6666666.3233.peg.1667 CDS	contig00032	17495	16389	-2	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.1668 CDS	contig00032	18575	17595	-2	-	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.1669 CDS	contig00032	19994	18579	-2	-	1416
CB37	fig 6666666.3233.peg.1670 CDS	contig00032	20954	22573	2	+	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.1671 CDS	contig00032	22570	23256	1	+	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.1672 CDS	contig00032	25567	23417	-1	-	2151
CB37	fig 6666666.3233.peg.1673 CDS	contig00032	26613	25675	-3	-	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.1674 CDS	contig00032	27159	28661	3	+	1503
CB37	fig 6666666.3233.peg.1675 CDS	contig00032	28658	29374	2	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.1676 CDS	contig00032	29415	30863	3	+	1449
CB37	fig 6666666.3233.peg.1677 CDS	contig00032	31979	31041	-2	-	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.1678 CDS	contig00032	32027	32191	2	+	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.1679 CDS	contig00032	32919	32209	-3	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.1680 CDS	contig00032	35402	33093	-2	-	2310
CB37	fig 6666666.3233.peg.1681 CDS	contig00032	35704	35997	1	+	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.1682 CDS	contig00032	36093	38702	3	+	2610
CB37	fig 6666666.3233.peg.1683 CDS	contig00032	38758	39729	1	+	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.1684 CDS	contig00033	2043	337	-3	-	1707
CB37	fig 6666666.3233.peg.1685 CDS	contig00033	3393	2491	-3	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.1686 CDS	contig00033	3606	3463	-3	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.1687 CDS	contig00033	5374	3920	-1	-	1455
CB37	fig 6666666.3233.peg.1688 CDS	contig00033	7045	5384	-1	-	1662
CB37	fig 6666666.3233.peg.1689 CDS	contig00033	7317	7832	3	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.1690 CDS	contig00033	7857	8861	3	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.1691 CDS	contig00033	8940	9266	3	+	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.1692 CDS	contig00033	9485	11017	2	+	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.1693 CDS	contig00033	11163	12158	3	+	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.1694 CDS	contig00033	12316	12200	-1	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.1695 CDS	contig00033	13392	12271	-3	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1696 CDS	contig00033	13428	14300	3	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.1697 CDS	contig00033	14839	14318	-1	-	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.1698 CDS	contig00033	15422	14895	-2	-	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.1699 CDS	contig00033	15878	15450	-2	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.1700 CDS	contig00033	16452	15865	-3	-	588

CB37	fig 6666666.3233.peg.1701 CDS	contig00033	16834	16589	-1	-	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.1702 CDS	contig00033	17547	17005	-3	-	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.1703 CDS	contig00033	19417	17732	-1	-	1686
CB37	fig 6666666.3233.peg.1704 CDS	contig00033	19793	20173	2	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.1705 CDS	contig00033	23317	20261	-1	-	3057
CB37	fig 6666666.3233.peg.1706 CDS	contig00033	24466	23327	-1	-	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.1707 CDS	contig00033	24852	24604	-3	-	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.1708 CDS	contig00033	26063	25413	-2	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.1709 CDS	contig00033	30947	26709	-2	-	4239
CB37	fig 6666666.3233.peg.1710 CDS	contig00033	31772	30957	-2	-	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.1711 CDS	contig00033	31985	31782	-2	-	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.1712 CDS	contig00033	33919	32084	-1	-	1836
CB37	fig 6666666.3233.peg.1713 CDS	contig00033	34449	33970	-3	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.1714 CDS	contig00033	37212	34657	-3	-	2556
CB37	fig 6666666.3233.peg.1715 CDS	contig00033	38188	37223	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.1716 CDS	contig00033	40008	38185	-3	-	1824
CB37	fig 6666666.3233.peg.1717 CDS	contig00033	41275	40478	-1	-	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.1718 CDS	contig00033	42796	41285	-1	-	1512
CB37	fig 6666666.3233.peg.1719 CDS	contig00033	44347	42854	-1	-	1494
CB37	fig 6666666.3233.peg.1720 CDS	contig00033	44877	44350	-3	-	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.1721 CDS	contig00033	46014	44893	-3	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1722 CDS	contig00033	46723	46007	-1	-	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.1723 CDS	contig00033	47507	46812	-2	-	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.1724 CDS	contig00033	51007	47489	-1	-	3519
CB37	fig 6666666.3233.peg.1725 CDS	contig00033	52314	51022	-3	-	1293
CB37	fig 6666666.3233.peg.1726 CDS	contig00033	53618	52329	-2	-	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.1727 CDS	contig00033	54130	53675	-1	-	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.1728 CDS	contig00033	55312	54140	-1	-	1173
CB37	fig 6666666.3233.peg.1729 CDS	contig00033	55631	57775	2	+	2145
CB37	fig 6666666.3233.peg.1730 CDS	contig00033	57898	59442	1	+	1545
CB37	fig 6666666.3233.peg.1731 CDS	contig00033	59446	59784	1	+	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.1732 CDS	contig00033	59825	60004	2	+	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.1733 CDS	contig00033	60522	60145	-3	-	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.1734 CDS	contig00033	60813	61199	3	+	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.1735 CDS	contig00033	61211	62311	2	+	1101
CB37	fig 6666666.3233.peg.1736 CDS	contig00033	62738	62463	-2	-	276
CB37	fig 6666666.3233.peg.1737 CDS	contig00033	62994	64841	3	+	1848
CB37	fig 6666666.3233.peg.1738 CDS	contig00033	65359	64889	-1	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.1739 CDS	contig00033	65813	65361	-2	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.1740 CDS	contig00033	67468	65927	-1	-	1542
CB37	fig 6666666.3233.peg.1741 CDS	contig00033	67598	68077	2	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.1742 CDS	contig00033	69142	68174	-1	-	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.1743 CDS	contig00033	69611	70897	2	+	1287
CB37	fig 6666666.3233.peg.1744 CDS	contig00033	70943	73660	2	+	2718
CB37	fig 6666666.3233.peg.1745 CDS	contig00033	74528	74070	-2	-	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.1746 CDS	contig00033	74830	74639	-1	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.1747 CDS	contig00033	75020	74901	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.1748 CDS	contig00033	75317	75709	2	+	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.1749 CDS	contig00033	76002	75706	-3	-	297



CB37	fig 6666666.3233.peg.1750 CDS	contig00033	76694	75999	-2	-	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.1751 CDS	contig00033	76944	77735	3	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.1752 CDS	contig00033	77850	79181	3	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.1753 CDS	contig00033	80562	79273	-3	-	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.1754 CDS	contig00033	80844	81176	3	+	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.1755 CDS	contig00033	81791	81315	-2	-	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.1756 CDS	contig00033	82311	82730	3	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.1757 CDS	contig00033	83375	83043	-2	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.1758 CDS	contig00033	83847	83734	-3	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.1759 CDS	contig00033	84271	83921	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.1760 CDS	contig00033	85738	84413	-1	-	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.1761 CDS	contig00033	87026	86181	-2	-	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.1762 CDS	contig00033	88462	87317	-1	-	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.1763 CDS	contig00033	89002	89328	1	+	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.1764 CDS	contig00033	89603	89367	-2	-	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.1765 CDS	contig00033	89770	90951	1	+	1182
CB37	fig 6666666.3233.peg.1766 CDS	contig00033	92581	91022	-1	-	1560
CB37	fig 6666666.3233.peg.1767 CDS	contig00033	93010	93582	1	+	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.1768 CDS	contig00033	94265	93666	-2	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.1769 CDS	contig00033	97181	94401	-2	-	2781
CB37	fig 6666666.3233.peg.1770 CDS	contig00033	99374	98055	-2	-	1320
CB37	fig 6666666.3233.peg.1771 CDS	contig00033	100419	99673	-3	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.1772 CDS	contig00033	100680	101105	3	+	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.1773 CDS	contig00033	101387	101181	-2	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.1774 CDS	contig00033	103448	101766	-2	-	1683
CB37	fig 6666666.3233.peg.1775 CDS	contig00033	103730	103470	-2	-	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.1776 CDS	contig00033	104600	103986	-2	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.1777 CDS	contig00033	104885	105460	2	+	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.1778 CDS	contig00033	105462	105866	3	+	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.1779 CDS	contig00033	106300	105965	-1	-	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.1780 CDS	contig00033	108820	106301	-1	-	2520
CB37	fig 6666666.3233.peg.1781 CDS	contig00033	109667	108831	-2	-	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.1782 CDS	contig00033	110644	109679	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.1783 CDS	contig00033	112076	110844	-2	-	1233
CB37	fig 6666666.3233.peg.1784 CDS	contig00033	112938	112357	-3	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.1785 CDS	contig00033	113930	113013	-2	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.1786 CDS	contig00033	115142	114189	-2	-	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.1787 CDS	contig00033	116044	115139	-1	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.1788 CDS	contig00033	118515	116065	-3	-	2451
CB37	fig 6666666.3233.peg.1789 CDS	contig00033	119453	119019	-2	-	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.1790 CDS	contig00033	119908	122124	1	+	2217
CB37	fig 6666666.3233.peg.1791 CDS	contig00033	122345	123601	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.1792 CDS	contig00033	123847	123707	-1	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.1793 CDS	contig00033	124368	126143	3	+	1776
CB37	fig 6666666.3233.peg.1794 CDS	contig00033	126153	126488	3	+	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.1795 CDS	contig00033	126744	128522	3	+	1779
CB37	fig 6666666.3233.peg.1796 CDS	contig00033	128535	128981	3	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.1797 CDS	contig00033	130413	129124	-3	-	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.1798 CDS	contig00033	131503	130574	-1	-	930

CB37	fig 6666666.3233.peg.1799 CDS	contig00033	132906	131665	-3	-	1242
CB37	fig 6666666.3233.peg.1800 CDS	contig00033	133636	132878	-1	-	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.1801 CDS	contig00033	133635	134882	3	+	1248
CB37	fig 6666666.3233.peg.1802 CDS	contig00033	135007	135342	1	+	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.1803 CDS	contig00033	135459	135755	3	+	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.1804 CDS	contig00033	136912	135872	-1	-	1041
CB37	fig 6666666.3233.peg.1805 CDS	contig00033	137368	137781	1	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.1806 CDS	contig00033	137874	138350	3	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.1807 CDS	contig00033	139961	138609	-2	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.1808 CDS	contig00033	140675	140049	-2	-	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.1809 CDS	contig00033	141262	140912	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.1810 CDS	contig00033	141758	141645	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.1811 CDS	contig00033	141826	142920	1	+	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.1812 CDS	contig00033	142913	143896	2	+	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.1813 CDS	contig00033	143893	145035	1	+	1143
CB37	fig 6666666.3233.peg.1814 CDS	contig00034	296	1195	2	+	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.1815 CDS	contig00034	1234	1605	1	+	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.1816 CDS	contig00034	1927	2289	1	+	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.1817 CDS	contig00034	3022	3267	1	+	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.1818 CDS	contig00034	3419	4084	2	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.1819 CDS	contig00034	4087	5436	1	+	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.1820 CDS	contig00034	5436	5885	3	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.1821 CDS	contig00034	5889	7088	3	+	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.1822 CDS	contig00034	7085	8350	2	+	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.1823 CDS	contig00034	8347	9261	1	+	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.1824 CDS	contig00034	9261	10127	3	+	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.1825 CDS	contig00034	10270	11214	1	+	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.1826 CDS	contig00034	11211	11753	3	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.1827 CDS	contig00034	11823	12320	3	+	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.1828 CDS	contig00034	12322	13704	1	+	1383
CB37	fig 6666666.3233.peg.1829 CDS	contig00034	13949	14269	2	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.1830 CDS	contig00034	14846	14995	2	+	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.1831 CDS	contig00034	15267	16334	3	+	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.1832 CDS	contig00034	16762	16950	1	+	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.1833 CDS	contig00034	18254	16971	-2	-	1284
CB37	fig 6666666.3233.peg.1834 CDS	contig00034	18441	18310	-3	-	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.1835 CDS	contig00034	18547	19107	1	+	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.1836 CDS	contig00034	20189	19284	-2	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.1837 CDS	contig00034	20311	20793	1	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.1838 CDS	contig00034	21200	21634	2	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.1839 CDS	contig00034	21738	22286	3	+	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.1840 CDS	contig00034	22439	22759	2	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.1841 CDS	contig00034	23101	23715	1	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.1842 CDS	contig00034	24890	23787	-2	-	1104
CB37	fig 6666666.3233.peg.1843 CDS	contig00034	25371	24892	-3	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.1844 CDS	contig00034	28543	25499	-1	-	3045
CB37	fig 6666666.3233.peg.1845 CDS	contig00034	29037	30524	3	+	1488
CB37	fig 6666666.3233.peg.1846 CDS	contig00034	31244	30618	-2	-	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.1847 CDS	contig00034	32562	31246	-3	-	1317

CB37	fig 6666666.3233.peg.1848 CDS	contig00035	2012	885	-2	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.1849 CDS	contig00035	2310	2774	3	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.1850 CDS	contig00035	2987	4498	2	+	1512
CB37	fig 6666666.3233.peg.1851 CDS	contig00035	4517	6580	2	+	2064
CB37	fig 6666666.3233.peg.1852 CDS	contig00035	6577	7509	1	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.1853 CDS	contig00035	7704	7967	3	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.1854 CDS	contig00035	8006	9295	2	+	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.1855 CDS	contig00035	9341	10543	2	+	1203
CB37	fig 6666666.3233.peg.1856 CDS	contig00035	10546	11526	1	+	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.1857 CDS	contig00035	11819	11634	-2	-	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.1858 CDS	contig00035	11993	13309	2	+	1317
CB37	fig 6666666.3233.peg.1859 CDS	contig00035	13540	14175	1	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.1860 CDS	contig00035	15466	14282	-1	-	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.1861 CDS	contig00035	15578	16003	2	+	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.1862 CDS	contig00035	16121	18607	2	+	2487
CB37	fig 6666666.3233.peg.1863 CDS	contig00035	18684	19427	3	+	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.1864 CDS	contig00035	19553	20239	2	+	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.1865 CDS	contig00035	20356	21393	1	+	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.1866 CDS	contig00037	1640	390	-2	-	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.1867 CDS	contig00037	2784	1786	-3	-	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.1868 CDS	contig00037	3642	2887	-3	-	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.1869 CDS	contig00037	4898	3660	-2	-	1239
CB37	fig 6666666.3233.peg.1870 CDS	contig00037	5305	4994	-1	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.1871 CDS	contig00037	6687	5353	-3	-	1335
CB37	fig 6666666.3233.peg.1872 CDS	contig00037	7036	6776	-1	-	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.1873 CDS	contig00037	7966	9636	1	+	1671
CB37	fig 6666666.3233.peg.1874 CDS	contig00037	10868	10203	-2	-	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.1875 CDS	contig00037	11027	10905	-2	-	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.1876 CDS	contig00037	11114	11593	2	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.1877 CDS	contig00037	12738	11668	-3	-	1071
CB37	fig 6666666.3233.peg.1878 CDS	contig00037	13842	12742	-3	-	1101
CB37	fig 6666666.3233.peg.1879 CDS	contig00037	14043	15551	3	+	1509
CB37	fig 6666666.3233.peg.1880 CDS	contig00037	15667	16116	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.1881 CDS	contig00037	16211	19069	2	+	2859
CB37	fig 6666666.3233.peg.1882 CDS	contig00037	19296	19694	3	+	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.1883 CDS	contig00037	19810	20715	1	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.1884 CDS	contig00037	21532	20732	-1	-	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.1885 CDS	contig00037	22628	22272	-2	-	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.1886 CDS	contig00037	22987	22784	-1	-	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.1887 CDS	contig00037	24356	23049	-2	-	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.1888 CDS	contig00037	25004	25213	2	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.1889 CDS	contig00037	25661	26878	2	+	1218
CB37	fig 6666666.3233.peg.1890 CDS	contig00037	27309	29144	3	+	1836
CB37	fig 6666666.3233.peg.1891 CDS	contig00037	30242	29352	-2	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.1892 CDS	contig00037	31814	30507	-2	-	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.1893 CDS	contig00037	32215	32039	-1	-	177
CB37	fig 6666666.3233.peg.1894 CDS	contig00037	32947	32453	-1	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.1895 CDS	contig00037	33699	32965	-3	-	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.1896 CDS	contig00037	34982	33846	-2	-	1137

CB37	fig 6666666.3233.peg.1897 CDS	contig00037	36823	34979	-1	-	1845
CB37	fig 6666666.3233.peg.1898 CDS	contig00037	38448	36820	-3	-	1629
CB37	fig 6666666.3233.peg.1899 CDS	contig00037	39011	38589	-2	-	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.1900 CDS	contig00037	39596	40816	2	+	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.1901 CDS	contig00037	40974	41978	3	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.1902 CDS	contig00037	42048	42173	3	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.1903 CDS	contig00037	42264	43193	3	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.1904 CDS	contig00037	43211	43672	2	+	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.1905 CDS	contig00037	43838	44227	2	+	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.1906 CDS	contig00038	48	554	3	+	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.1907 CDS	contig00038	1422	583	-3	-	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.1908 CDS	contig00038	1847	3094	2	+	1248
CB37	fig 6666666.3233.peg.1909 CDS	contig00038	3227	4618	2	+	1392
CB37	fig 6666666.3233.peg.1910 CDS	contig00038	4641	5342	3	+	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.1911 CDS	contig00038	6216	5407	-3	-	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.1912 CDS	contig00038	7212	6325	-3	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.1913 CDS	contig00038	9502	7322	-1	-	2181
CB37	fig 6666666.3233.peg.1914 CDS	contig00038	10059	10196	3	+	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1915 CDS	contig00038	10300	11322	1	+	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.1916 CDS	contig00038	11517	12071	3	+	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.1917 CDS	contig00038	13216	12257	-1	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.1918 CDS	contig00038	14517	13213	-3	-	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.1919 CDS	contig00038	15050	16690	2	+	1641
CB37	fig 6666666.3233.peg.1920 CDS	contig00038	16948	19332	1	+	2385
CB37	fig 6666666.3233.peg.1921 CDS	contig00038	19783	20034	1	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.1922 CDS	contig00038	20479	21507	1	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.1923 CDS	contig00038	22500	21721	-3	-	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.1924 CDS	contig00038	23391	22627	-3	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.1925 CDS	contig00038	23731	24705	1	+	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.1926 CDS	contig00038	24759	25955	3	+	1197
CB37	fig 6666666.3233.peg.1927 CDS	contig00038	27173	26049	-2	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.1928 CDS	contig00038	27330	27824	3	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.1929 CDS	contig00038	27977	31252	2	+	3276
CB37	fig 6666666.3233.peg.1930 CDS	contig00038	31314	31940	3	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.1931 CDS	contig00038	31947	33296	3	+	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.1932 CDS	contig00038	33389	34696	2	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.1933 CDS	contig00038	34902	35633	3	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.1934 CDS	contig00038	35672	36067	2	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.1935 CDS	contig00038	36206	36472	2	+	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.1936 CDS	contig00038	37848	36571	-3	-	1278
CB37	fig 6666666.3233.peg.1937 CDS	contig00038	37979	39031	2	+	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.1938 CDS	contig00038	39018	40169	3	+	1152
CB37	fig 6666666.3233.peg.1939 CDS	contig00038	40169	40990	2	+	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.1940 CDS	contig00038	40987	41670	1	+	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.1941 CDS	contig00038	41932	41765	-1	-	168
CB37	fig 6666666.3233.peg.1942 CDS	contig00038	42570	43439	3	+	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.1943 CDS	contig00038	43668	44087	3	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.1944 CDS	contig00038	44084	44809	2	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.1945 CDS	contig00038	44822	46132	2	+	1311

CB37	fig 6666666.3233.peg.1946 CDS	contig00038	46134	46955	3	+	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.1947 CDS	contig00038	46949	48205	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.1948 CDS	contig00038	48461	48724	2	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.1949 CDS	contig00038	48762	49277	3	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.1950 CDS	contig00038	49274	49810	2	+	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.1951 CDS	contig00038	51339	49969	-3	-	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.1952 CDS	contig00038	52110	51493	-3	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.1953 CDS	contig00038	53263	52121	-1	-	1143
CB37	fig 6666666.3233.peg.1954 CDS	contig00038	53454	53723	3	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.1955 CDS	contig00038	53841	55145	3	+	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.1956 CDS	contig00038	55688	55281	-2	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.1957 CDS	contig00038	56580	58181	3	+	1602
CB37	fig 6666666.3233.peg.1958 CDS	contig00038	58552	59448	1	+	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.1959 CDS	contig00038	59454	60746	3	+	1293
CB37	fig 6666666.3233.peg.1960 CDS	contig00038	60759	61799	3	+	1041
CB37	fig 6666666.3233.peg.1961 CDS	contig00038	61871	62944	2	+	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.1962 CDS	contig00038	62971	63585	1	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.1963 CDS	contig00038	63598	64335	1	+	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.1964 CDS	contig00038	64317	65090	3	+	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.1965 CDS	contig00038	65087	65722	2	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.1966 CDS	contig00038	66518	66003	-2	-	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.1967 CDS	contig00038	67870	66656	-1	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.1968 CDS	contig00038	68632	67970	-1	-	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.1969 CDS	contig00038	69262	68768	-1	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.1970 CDS	contig00038	69539	70849	2	+	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.1971 CDS	contig00038	70934	71512	2	+	579
CB37	fig 6666666.3233.peg.1972 CDS	contig00038	72236	71598	-2	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.1973 CDS	contig00038	73060	72233	-1	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.1974 CDS	contig00038	73962	73090	-3	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.1975 CDS	contig00038	74052	74474	3	+	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.1976 CDS	contig00038	74798	74562	-2	-	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.1977 CDS	contig00038	75098	75958	2	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.1978 CDS	contig00038	76159	76022	-1	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.1979 CDS	contig00038	77209	76409	-1	-	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.1980 CDS	contig00038	77674	77853	1	+	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.1981 CDS	contig00038	77904	79088	3	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.1982 CDS	contig00039	619	23	-1	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.1983 CDS	contig00039	1013	1873	2	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.1984 CDS	contig00039	2070	3395	3	+	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.1985 CDS	contig00039	3677	4798	2	+	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.1986 CDS	contig00039	6105	4906	-3	-	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.1987 CDS	contig00039	7286	6342	-2	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.1988 CDS	contig00039	8329	7358	-1	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.1989 CDS	contig00039	8566	8378	-1	-	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.1990 CDS	contig00039	8857	9519	1	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.1991 CDS	contig00039	9537	10349	3	+	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.1992 CDS	contig00039	10352	10615	2	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.1993 CDS	contig00039	12112	10964	-1	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.1994 CDS	contig00039	13861	12170	-1	-	1692

CB37	fig 6666666.3233.peg.1995 CDS	contig00039	14822	13968	-2	-	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.1996 CDS	contig00039	15386	14829	-2	-	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.1997 CDS	contig00039	15717	15412	-3	-	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.1998 CDS	contig00039	16479	15778	-3	-	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.1999 CDS	contig00039	18459	16525	-3	-	1935
CB37	fig 6666666.3233.peg.2000 CDS	contig00039	18668	19501	2	+	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.2001 CDS	contig00039	20175	19576	-3	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.2002 CDS	contig00039	20396	22129	2	+	1734
CB37	fig 6666666.3233.peg.2003 CDS	contig00039	22234	22662	1	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.2004 CDS	contig00039	22813	23334	1	+	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.2005 CDS	contig00039	23674	23444	-1	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.2006 CDS	contig00039	25947	23671	-3	-	2277
CB37	fig 6666666.3233.peg.2007 CDS	contig00039	26090	25947	-2	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.2008 CDS	contig00039	30320	26943	-2	-	3378
CB37	fig 6666666.3233.peg.2009 CDS	contig00039	31414	30533	-1	-	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.2010 CDS	contig00039	31493	32281	2	+	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.2011 CDS	contig00039	32274	33059	3	+	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.2012 CDS	contig00039	34002	33130	-3	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.2013 CDS	contig00039	35168	34002	-2	-	1167
CB37	fig 6666666.3233.peg.2014 CDS	contig00039	36580	35372	-1	-	1209
CB37	fig 6666666.3233.peg.2015 CDS	contig00039	39434	36609	-2	-	2826
CB37	fig 6666666.3233.peg.2016 CDS	contig00039	40237	39527	-1	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.2017 CDS	contig00039	42019	40253	-1	-	1767
CB37	fig 6666666.3233.peg.2018 CDS	contig00039	42364	42020	-1	-	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.2019 CDS	contig00039	42750	42358	-3	-	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.2020 CDS	contig00039	43146	44435	3	+	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.2021 CDS	contig00039	45498	44740	-3	-	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.2022 CDS	contig00039	45631	46383	1	+	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.2023 CDS	contig00039	48334	46688	-1	-	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.2024 CDS	contig00039	48969	48427	-3	-	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.2025 CDS	contig00039	49062	49829	3	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.2026 CDS	contig00039	49942	50163	1	+	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.2027 CDS	contig00039	50212	50745	1	+	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.2028 CDS	contig00039	51304	50801	-1	-	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.2029 CDS	contig00039	51504	51953	3	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.2030 CDS	contig00039	52026	52613	3	+	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.2031 CDS	contig00039	54337	52667	-1	-	1671
CB37	fig 6666666.3233.peg.2032 CDS	contig00039	56146	54572	-1	-	1575
CB37	fig 6666666.3233.peg.2033 CDS	contig00039	56636	57772	2	+	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.2034 CDS	contig00039	57775	58989	1	+	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.2035 CDS	contig00039	59071	60660	1	+	1590
CB37	fig 6666666.3233.peg.2036 CDS	contig00039	60891	62555	3	+	1665
CB37	fig 6666666.3233.peg.2037 CDS	contig00039	63167	62667	-2	-	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.2038 CDS	contig00039	63502	64890	1	+	1389
CB37	fig 6666666.3233.peg.2039 CDS	contig00039	65945	65157	-2	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.2040 CDS	contig00039	66730	66086	-1	-	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.2041 CDS	contig00039	68952	67048	-3	-	1905
CB37	fig 6666666.3233.peg.2042 CDS	contig00039	69226	70101	1	+	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.2043 CDS	contig00039	70113	70628	3	+	516

CB37	fig 6666666.3233.peg.2044 CDS	contig00039	70675	71430	1	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.2045 CDS	contig00039	71465	71743	2	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.2046 CDS	contig00039	72332	71787	-2	-	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.2047 CDS	contig00039	72613	72404	-1	-	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.2048 CDS	contig00039	73181	72774	-2	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.2049 CDS	contig00039	73528	73178	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.2050 CDS	contig00039	74309	73518	-2	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.2051 CDS	contig00039	75040	74306	-1	-	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.2052 CDS	contig00039	75301	76218	1	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2053 CDS	contig00039	76409	77083	2	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.2054 CDS	contig00039	77158	77340	1	+	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.2055 CDS	contig00039	77540	78394	2	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.2056 CDS	contig00039	78552	79466	3	+	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.2057 CDS	contig00039	79476	79937	3	+	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.2058 CDS	contig00039	80569	80751	1	+	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.2059 CDS	contig00039	82198	80792	-1	-	1407
CB37	fig 6666666.3233.peg.2060 CDS	contig00039	84722	82710	-2	-	2013
CB37	fig 6666666.3233.peg.2061 CDS	contig00039	85779	84811	-3	-	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.2062 CDS	contig00039	85944	85789	-3	-	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.2063 CDS	contig00039	86029	86772	1	+	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.2064 CDS	contig00039	86939	87907	2	+	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.2065 CDS	contig00039	88206	88463	3	+	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.2066 CDS	contig00039	88603	90327	1	+	1725
CB37	fig 6666666.3233.peg.2067 CDS	contig00039	90433	90942	1	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.2068 CDS	contig00039	92165	91041	-2	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.2069 CDS	contig00039	92942	92280	-2	-	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.2070 CDS	contig00040	1364	2674	2	+	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.2071 CDS	contig00040	2677	3297	1	+	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.2072 CDS	contig00040	3404	3757	2	+	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.2073 CDS	contig00040	3949	5916	1	+	1968
CB37	fig 6666666.3233.peg.2074 CDS	contig00040	6571	5873	-1	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.2075 CDS	contig00040	7236	6586	-3	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.2076 CDS	contig00040	7401	8210	3	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.2077 CDS	contig00040	9698	8265	-2	-	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.2078 CDS	contig00040	11538	9994	-3	-	1545
CB37	fig 6666666.3233.peg.2079 CDS	contig00040	12221	11739	-2	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.2080 CDS	contig00040	14262	12382	-3	-	1881
CB37	fig 6666666.3233.peg.2081 CDS	contig00040	15690	14503	-3	-	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.2082 CDS	contig00040	18323	15714	-2	-	2610
CB37	fig 6666666.3233.peg.2083 CDS	contig00040	19598	18456	-2	-	1143
CB37	fig 6666666.3233.peg.2084 CDS	contig00040	20627	19731	-2	-	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.2085 CDS	contig00040	21359	20640	-2	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.2086 CDS	contig00040	22526	21636	-2	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.2087 CDS	contig00040	22661	24643	2	+	1983
CB37	fig 6666666.3233.peg.2088 CDS	contig00040	24643	25251	1	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.2089 CDS	contig00040	25752	27203	3	+	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.2090 CDS	contig00040	27237	27758	3	+	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.2091 CDS	contig00040	27779	28282	2	+	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.2092 CDS	contig00040	28282	29760	1	+	1479

CB37	fig 6666666.3233.peg.2093 CDS	contig00040	30005	31399	2	+	1395
CB37	fig 6666666.3233.peg.2094 CDS	contig00040	31399	31821	1	+	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.2095 CDS	contig00040	31814	33565	2	+	1752
CB37	fig 6666666.3233.peg.2096 CDS	contig00040	33578	34516	2	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.2097 CDS	contig00040	34574	37180	2	+	2607
CB37	fig 6666666.3233.peg.2098 CDS	contig00040	37223	37996	2	+	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.2099 CDS	contig00040	38000	38938	2	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.2100 CDS	contig00040	38938	39420	1	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.2101 CDS	contig00040	39447	40778	3	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.2102 CDS	contig00040	40785	42038	3	+	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.2103 CDS	contig00040	42035	45424	2	+	3390
CB37	fig 6666666.3233.peg.2104 CDS	contig00040	45427	46143	1	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.2105 CDS	contig00040	49316	46170	-2	-	3147
CB37	fig 6666666.3233.peg.2106 CDS	contig00040	49598	50083	2	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.2107 CDS	contig00040	50176	50625	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.2108 CDS	contig00040	51182	50784	-2	-	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.2109 CDS	contig00040	51467	52441	2	+	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.2110 CDS	contig00040	52672	53166	1	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.2111 CDS	contig00040	53187	54713	3	+	1527
CB37	fig 6666666.3233.peg.2112 CDS	contig00040	54868	55638	1	+	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.2113 CDS	contig00040	56708	55737	-2	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.2114 CDS	contig00040	59968	56921	-1	-	3048
CB37	fig 6666666.3233.peg.2115 CDS	contig00040	60735	59965	-3	-	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.2116 CDS	contig00040	61993	61427	-1	-	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.2117 CDS	contig00040	62628	61993	-3	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.2118 CDS	contig00040	63284	63535	2	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.2119 CDS	contig00040	63624	64118	3	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.2120 CDS	contig00040	64195	64899	1	+	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.2121 CDS	contig00040	64901	65587	2	+	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.2122 CDS	contig00040	65571	68054	3	+	2484
CB37	fig 6666666.3233.peg.2123 CDS	contig00040	68044	68916	1	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.2124 CDS	contig00040	69024	69692	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.2125 CDS	contig00040	69879	69718	-3	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.2126 CDS	contig00040	69929	71407	2	+	1479
CB37	fig 6666666.3233.peg.2127 CDS	contig00040	71841	71539	-3	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.2128 CDS	contig00040	72045	72482	3	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.2129 CDS	contig00040	73146	72574	-3	-	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.2130 CDS	contig00040	73726	73196	-1	-	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.2131 CDS	contig00040	74778	73831	-3	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.2132 CDS	contig00040	75959	75021	-2	-	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.2133 CDS	contig00041	459	665	3	+	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.2134 CDS	contig00041	667	1377	1	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.2135 CDS	contig00041	1392	1868	3	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.2136 CDS	contig00041	1914	2957	3	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.2137 CDS	contig00041	2957	3733	2	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.2138 CDS	contig00041	3733	4359	1	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.2139 CDS	contig00041	4374	5297	3	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.2140 CDS	contig00041	5378	6361	2	+	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.2141 CDS	contig00041	9016	6455	-1	-	2562



CB37	fig 6666666.3233.peg.2142 CDS	contig00041	9102	9584	3	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.2143 CDS	contig00041	9786	10829	3	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.2144 CDS	contig00041	11036	11503	2	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.2145 CDS	contig00041	11646	14228	3	+	2583
CB37	fig 6666666.3233.peg.2146 CDS	contig00041	14431	15618	1	+	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.2147 CDS	contig00041	15711	15908	3	+	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.2148 CDS	contig00042	809	285	-2	-	525
CB37	fig 6666666.3233.peg.2149 CDS	contig00042	968	1567	2	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.2150 CDS	contig00042	2977	1634	-1	-	1344
CB37	fig 6666666.3233.peg.2151 CDS	contig00042	4362	2977	-3	-	1386
CB37	fig 6666666.3233.peg.2152 CDS	contig00042	5064	5936	3	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.2153 CDS	contig00042	5926	6681	1	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.2154 CDS	contig00042	6674	7474	2	+	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.2155 CDS	contig00042	7522	8472	1	+	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.2156 CDS	contig00042	8527	9195	1	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.2157 CDS	contig00042	9208	9999	1	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.2158 CDS	contig00042	10064	10678	2	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.2159 CDS	contig00042	10867	11592	1	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.2160 CDS	contig00042	14118	11671	-3	-	2448
CB37	fig 6666666.3233.peg.2161 CDS	contig00042	15236	14142	-2	-	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.2162 CDS	contig00042	15501	16019	3	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.2163 CDS	contig00042	16047	16778	3	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.2164 CDS	contig00042	16788	17252	3	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.2165 CDS	contig00042	17683	18153	1	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.2166 CDS	contig00042	18220	18750	1	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.2167 CDS	contig00042	18834	19283	3	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.2168 CDS	contig00042	19974	19300	-3	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.2169 CDS	contig00042	20468	20025	-2	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.2170 CDS	contig00042	20602	21243	1	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.2171 CDS	contig00042	21254	21682	2	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.2172 CDS	contig00042	22328	21777	-2	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.2173 CDS	contig00042	23007	22636	-3	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.2174 CDS	contig00042	23366	23079	-2	-	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.2175 CDS	contig00042	24345	23428	-3	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2176 CDS	contig00042	24456	25892	3	+	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.2177 CDS	contig00042	27560	25941	-2	-	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.2178 CDS	contig00042	29747	28125	-2	-	1623
CB37	fig 6666666.3233.peg.2179 CDS	contig00042	30340	29834	-1	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.2180 CDS	contig00042	31478	30669	-2	-	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.2181 CDS	contig00042	32856	31579	-3	-	1278
CB37	fig 6666666.3233.peg.2182 CDS	contig00042	33303	35270	3	+	1968
CB37	fig 6666666.3233.peg.2183 CDS	contig00042	35523	37244	3	+	1722
CB37	fig 6666666.3233.peg.2184 CDS	contig00042	37498	37653	1	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.2185 CDS	contig00042	37653	38444	3	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.2186 CDS	contig00042	38470	39498	1	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.2187 CDS	contig00042	39498	40298	3	+	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.2188 CDS	contig00042	40311	41312	3	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.2189 CDS	contig00042	41320	42465	1	+	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.2190 CDS	contig00042	42650	43009	2	+	360

CB37	fig 6666666.3233.peg.2191 CDS	contig00042	43198	43827	1	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.2192 CDS	contig00042	43824	45008	3	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.2193 CDS	contig00042	45824	45081	-2	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.2194 CDS	contig00042	46814	45873	-2	-	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.2195 CDS	contig00042	47757	47356	-3	-	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.2196 CDS	contig00042	49909	47879	-1	-	2031
CB37	fig 6666666.3233.peg.2197 CDS	contig00042	50986	50045	-1	-	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.2198 CDS	contig00042	51190	52110	1	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.2199 CDS	contig00042	52486	53424	1	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.2200 CDS	contig00042	53417	54367	2	+	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.2201 CDS	contig00042	54379	55140	1	+	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.2202 CDS	contig00042	55284	55886	3	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.2203 CDS	contig00042	57529	55997	-1	-	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.2204 CDS	contig00042	58548	57535	-3	-	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.2205 CDS	contig00042	60529	58796	-1	-	1734
CB37	fig 6666666.3233.peg.2206 CDS	contig00042	60987	61940	3	+	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.2207 CDS	contig00042	62000	62284	2	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.2208 CDS	contig00042	62532	62918	3	+	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.2209 CDS	contig00042	63445	63017	-1	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.2210 CDS	contig00042	63803	64129	2	+	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.2211 CDS	contig00042	66937	64187	-1	-	2751
CB37	fig 6666666.3233.peg.2212 CDS	contig00042	67258	69144	1	+	1887
CB37	fig 6666666.3233.peg.2213 CDS	contig00042	69370	70326	1	+	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.2214 CDS	contig00042	70529	71626	2	+	1098
CB37	fig 6666666.3233.peg.2215 CDS	contig00042	72127	71705	-1	-	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.2216 CDS	contig00042	72265	72723	1	+	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.2217 CDS	contig00042	72858	72995	3	+	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.2218 CDS	contig00042	73298	73855	2	+	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.2219 CDS	contig00042	74028	75596	3	+	1569
CB37	fig 6666666.3233.peg.2220 CDS	contig00043	111	1097	3	+	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.2221 CDS	contig00043	1105	1743	1	+	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.2222 CDS	contig00043	1736	2428	2	+	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.2223 CDS	contig00043	2508	3149	3	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.2224 CDS	contig00043	3182	3598	2	+	417
CB37	fig 6666666.3233.peg.2225 CDS	contig00043	3735	4169	3	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.2226 CDS	contig00043	5160	4279	-3	-	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.2227 CDS	contig00043	5517	6161	3	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.2228 CDS	contig00043	6190	7515	1	+	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.2229 CDS	contig00043	8234	7605	-2	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.2230 CDS	contig00043	8660	8310	-2	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.2231 CDS	contig00043	8888	9472	2	+	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.2232 CDS	contig00043	9630	10133	3	+	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.2233 CDS	contig00043	10328	11011	2	+	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.2234 CDS	contig00043	13862	11160	-2	-	2703
CB37	fig 6666666.3233.peg.2235 CDS	contig00043	14514	15152	3	+	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.2236 CDS	contig00043	15215	16063	2	+	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.2237 CDS	contig00043	17501	16386	-2	-	1116
CB37	fig 6666666.3233.peg.2238 CDS	contig00043	17939	19375	2	+	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.2239 CDS	contig00043	20527	19460	-1	-	1068

CB37	fig 6666666.3233.peg.2240 CDS	contig00043	22084	20735	-1	-	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.2241 CDS	contig00043	23191	22193	-1	-	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.2242 CDS	contig00043	23277	23504	3	+	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.2243 CDS	contig00043	23527	25335	1	+	1809
CB37	fig 6666666.3233.peg.2244 CDS	contig00043	26276	26118	-2	-	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.2245 CDS	contig00043	27309	26386	-3	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.2246 CDS	contig00043	27417	27536	3	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.2247 CDS	contig00043	27591	28280	3	+	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.2248 CDS	contig00043	28432	28638	1	+	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.2249 CDS	contig00043	28652	28777	2	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.2250 CDS	contig00043	30956	28992	-2	-	1965
CB37	fig 6666666.3233.peg.2251 CDS	contig00043	31608	31060	-3	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.2252 CDS	contig00043	33784	31772	-1	-	2013
CB37	fig 6666666.3233.peg.2253 CDS	contig00043	34011	35861	3	+	1851
CB37	fig 6666666.3233.peg.2254 CDS	contig00043	35974	36987	1	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.2255 CDS	contig00043	37344	37060	-3	-	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.2256 CDS	contig00043	37572	38267	3	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.2257 CDS	contig00044	1640	750	-2	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.2258 CDS	contig00044	1783	3267	1	+	1485
CB37	fig 6666666.3233.peg.2259 CDS	contig00044	3911	3660	-2	-	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.2260 CDS	contig00044	7165	4043	-1	-	3123
CB37	fig 6666666.3233.peg.2261 CDS	contig00044	8283	7177	-3	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.2262 CDS	contig00044	8883	8302	-3	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.2263 CDS	contig00044	9054	11069	3	+	2016
CB37	fig 6666666.3233.peg.2264 CDS	contig00044	11537	11142	-2	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.2265 CDS	contig00045	262	426	1	+	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.2266 CDS	contig00045	431	2077	2	+	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.2267 CDS	contig00045	4211	2145	-2	-	2067
CB37	fig 6666666.3233.peg.2268 CDS	contig00045	5333	4584	-2	-	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.2269 CDS	contig00045	6257	5394	-2	-	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.2270 CDS	contig00045	7212	6280	-3	-	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.2271 CDS	contig00045	8132	7311	-2	-	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.2272 CDS	contig00045	8466	10109	3	+	1644
CB37	fig 6666666.3233.peg.2273 CDS	contig00045	10774	10202	-1	-	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.2274 CDS	contig00045	12209	10776	-2	-	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.2275 CDS	contig00045	14496	12244	-3	-	2253
CB37	fig 6666666.3233.peg.2276 CDS	contig00045	16662	14506	-3	-	2157
CB37	fig 6666666.3233.peg.2277 CDS	contig00045	18675	16663	-3	-	2013
CB37	fig 6666666.3233.peg.2278 CDS	contig00045	19060	18947	-1	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.2279 CDS	contig00045	19241	19050	-2	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.2280 CDS	contig00045	21026	19695	-2	-	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.2281 CDS	contig00045	21462	21710	3	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.2282 CDS	contig00045	22663	21737	-1	-	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.2283 CDS	contig00045	24085	22670	-1	-	1416
CB37	fig 6666666.3233.peg.2284 CDS	contig00045	24912	24109	-3	-	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.2285 CDS	contig00045	25852	24902	-1	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.2286 CDS	contig00045	26250	26960	3	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.2287 CDS	contig00045	27029	28498	2	+	1470
CB37	fig 6666666.3233.peg.2288 CDS	contig00045	28668	30152	3	+	1485

CB37	fig 6666666.3233.peg.2289 CDS	contig00045	30172	31719	1	+	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.2290 CDS	contig00045	32659	31769	-1	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.2291 CDS	contig00045	32806	33192	1	+	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.2292 CDS	contig00045	33192	34322	3	+	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.2293 CDS	contig00045	34436	34606	2	+	171
CB37	fig 6666666.3233.peg.2294 CDS	contig00045	34633	35181	1	+	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.2295 CDS	contig00045	35188	36945	1	+	1758
CB37	fig 6666666.3233.peg.2296 CDS	contig00045	36942	37781	3	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.2297 CDS	contig00045	39050	37869	-2	-	1182
CB37	fig 6666666.3233.peg.2298 CDS	contig00045	39476	40141	2	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.2299 CDS	contig00045	41047	40193	-1	-	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.2300 CDS	contig00045	41817	41047	-3	-	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.2301 CDS	contig00045	42501	43001	3	+	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.2302 CDS	contig00045	44082	43093	-3	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.2303 CDS	contig00045	44357	44082	-2	-	276
CB37	fig 6666666.3233.peg.2304 CDS	contig00045	44500	45246	1	+	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.2305 CDS	contig00045	46905	45310	-3	-	1596
CB37	fig 6666666.3233.peg.2306 CDS	contig00045	48774	47146	-3	-	1629
CB37	fig 6666666.3233.peg.2307 CDS	contig00045	51362	49002	-2	-	2361
CB37	fig 6666666.3233.peg.2308 CDS	contig00045	51560	52057	2	+	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.2309 CDS	contig00045	52159	53790	1	+	1632
CB37	fig 6666666.3233.peg.2310 CDS	contig00045	56111	54072	-2	-	2040
CB37	fig 6666666.3233.peg.2311 CDS	contig00045	57148	56249	-1	-	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.2312 CDS	contig00045	57305	58996	2	+	1692
CB37	fig 6666666.3233.peg.2313 CDS	contig00045	59288	60427	2	+	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.2314 CDS	contig00045	60841	60494	-1	-	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.2315 CDS	contig00045	61191	62294	3	+	1104
CB37	fig 6666666.3233.peg.2316 CDS	contig00045	62466	63350	3	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.2317 CDS	contig00045	63530	64534	2	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.2318 CDS	contig00045	64561	65547	1	+	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.2319 CDS	contig00045	65857	67881	1	+	2025
CB37	fig 6666666.3233.peg.2320 CDS	contig00045	68147	67953	-2	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.2321 CDS	contig00045	68455	68249	-1	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.2322 CDS	contig00045	68952	68455	-3	-	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.2323 CDS	contig00045	69137	68949	-2	-	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.2324 CDS	contig00045	69494	69366	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.2325 CDS	contig00045	69581	70573	2	+	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.2326 CDS	contig00045	70662	71561	3	+	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.2327 CDS	contig00045	71554	72018	1	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.2328 CDS	contig00045	72000	72794	3	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.2329 CDS	contig00045	73278	73787	3	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.2330 CDS	contig00045	73981	74793	1	+	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.2331 CDS	contig00045	75248	74862	-2	-	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.2332 CDS	contig00045	76209	75325	-3	-	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.2333 CDS	contig00045	76304	77209	2	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.2334 CDS	contig00045	77990	77331	-2	-	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.2335 CDS	contig00045	78229	79377	1	+	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.2336 CDS	contig00045	79977	79459	-3	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.2337 CDS	contig00045	79976	80095	2	+	120

CB37	fig 6666666.3233.peg.2338 CDS	contig00045	80545	80198	-1	-	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.2339 CDS	contig00045	80923	80564	-1	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.2340 CDS	contig00045	81151	81333	1	+	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.2341 CDS	contig00045	82709	81399	-2	-	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.2342 CDS	contig00045	83100	83825	3	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.2343 CDS	contig00045	83857	84510	1	+	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.2344 CDS	contig00045	85122	84610	-3	-	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.2345 CDS	contig00045	85614	85150	-3	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.2346 CDS	contig00045	87229	85715	-1	-	1515
CB37	fig 6666666.3233.peg.2347 CDS	contig00045	87489	87845	3	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.2348 CDS	contig00045	88034	88837	2	+	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.2349 CDS	contig00045	88972	89865	1	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.2350 CDS	contig00045	91154	89967	-2	-	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.2351 CDS	contig00045	92354	91176	-2	-	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.2352 CDS	contig00045	94017	92446	-3	-	1572
CB37	fig 6666666.3233.peg.2353 CDS	contig00045	94255	95277	1	+	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.2354 CDS	contig00045	96014	95274	-2	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.2355 CDS	contig00045	96495	96106	-3	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.2356 CDS	contig00045	96655	97134	1	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.2357 CDS	contig00045	97585	98025	1	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.2358 CDS	contig00045	98037	99437	3	+	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.2359 CDS	contig00045	99559	102390	1	+	2832
CB37	fig 6666666.3233.peg.2360 CDS	contig00045	102523	104943	1	+	2421
CB37	fig 6666666.3233.peg.2361 CDS	contig00045	104991	107696	3	+	2706
CB37	fig 6666666.3233.peg.2362 CDS	contig00045	107769	110225	3	+	2457
CB37	fig 6666666.3233.peg.2363 CDS	contig00045	110315	112795	2	+	2481
CB37	fig 6666666.3233.peg.2364 CDS	contig00045	113225	112860	-2	-	366
CB37	fig 6666666.3233.peg.2365 CDS	contig00045	114173	113307	-2	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.2366 CDS	contig00045	114277	114888	1	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.2367 CDS	contig00045	114997	115347	1	+	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.2368 CDS	contig00045	116510	115428	-2	-	1083
CB37	fig 6666666.3233.peg.2369 CDS	contig00045	117508	116639	-1	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.2370 CDS	contig00045	117696	118241	3	+	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.2371 CDS	contig00045	118733	118317	-2	-	417
CB37	fig 6666666.3233.peg.2372 CDS	contig00045	118696	118872	1	+	177
CB37	fig 6666666.3233.peg.2373 CDS	contig00045	119228	119659	2	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.2374 CDS	contig00045	120000	121736	3	+	1737
CB37	fig 6666666.3233.peg.2375 CDS	contig00045	122666	121782	-2	-	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.2376 CDS	contig00045	123022	122729	-1	-	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.2377 CDS	contig00045	123267	123070	-3	-	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.2378 CDS	contig00045	123417	124367	3	+	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.2379 CDS	contig00045	124931	124485	-2	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.2380 CDS	contig00045	126662	125082	-2	-	1581
CB37	fig 6666666.3233.peg.2381 CDS	contig00045	127351	126893	-1	-	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.2382 CDS	contig00045	129038	127365	-2	-	1674
CB37	fig 6666666.3233.peg.2383 CDS	contig00045	129685	129266	-1	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.2384 CDS	contig00045	130490	129690	-2	-	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.2385 CDS	contig00045	130837	131793	1	+	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.2386 CDS	contig00045	131783	132097	2	+	315

CB37	fig 6666666.3233.peg.2387 CDS	contig00045	132085	132951	1	+	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.2388 CDS	contig00045	132944	133675	2	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.2389 CDS	contig00045	133672	134271	1	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.2390 CDS	contig00045	134359	135954	1	+	1596
CB37	fig 6666666.3233.peg.2391 CDS	contig00045	135964	137100	1	+	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.2392 CDS	contig00045	137788	137294	-1	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.2393 CDS	contig00045	138350	137883	-2	-	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.2394 CDS	contig00045	138959	138495	-2	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.2395 CDS	contig00045	139319	138990	-2	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.2396 CDS	contig00045	140009	139461	-2	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.2397 CDS	contig00045	140995	140021	-1	-	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.2398 CDS	contig00045	141186	142091	3	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.2399 CDS	contig00045	144641	142218	-2	-	2424
CB37	fig 6666666.3233.peg.2400 CDS	contig00045	145585	144644	-1	-	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.2401 CDS	contig00045	145840	146514	1	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.2402 CDS	contig00045	146755	146621	-1	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.2403 CDS	contig00045	147180	146752	-3	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.2404 CDS	contig00045	148507	147167	-1	-	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.2405 CDS	contig00045	150025	148583	-1	-	1443
CB37	fig 6666666.3233.peg.2406 CDS	contig00045	150735	150025	-3	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.2407 CDS	contig00045	150997	151509	1	+	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.2408 CDS	contig00045	151994	151536	-2	-	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.2409 CDS	contig00045	152556	152086	-3	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.2410 CDS	contig00045	152689	153879	1	+	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.2411 CDS	contig00045	153854	154822	2	+	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.2412 CDS	contig00045	155682	154870	-3	-	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.2413 CDS	contig00045	155909	156826	2	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2414 CDS	contig00045	157710	156835	-3	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.2415 CDS	contig00045	158650	157772	-1	-	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.2416 CDS	contig00045	158853	159722	3	+	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.2417 CDS	contig00045	160115	162289	2	+	2175
CB37	fig 6666666.3233.peg.2418 CDS	contig00045	162300	163985	3	+	1686
CB37	fig 6666666.3233.peg.2419 CDS	contig00045	164142	164014	-3	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.2420 CDS	contig00045	164201	165088	2	+	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.2421 CDS	contig00045	165108	165794	3	+	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.2422 CDS	contig00045	165787	166932	1	+	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.2423 CDS	contig00045	166935	167102	3	+	168
CB37	fig 6666666.3233.peg.2424 CDS	contig00045	167126	167797	2	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.2425 CDS	contig00045	168697	167861	-1	-	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.2426 CDS	contig00045	169267	168824	-1	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.2427 CDS	contig00045	170150	169386	-2	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.2428 CDS	contig00045	170360	170812	2	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.2429 CDS	contig00045	171411	171193	-3	-	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.2430 CDS	contig00045	171544	172473	1	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.2431 CDS	contig00045	172760	172470	-2	-	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.2432 CDS	contig00045	173419	172766	-1	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.2433 CDS	contig00045	173615	175051	2	+	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.2434 CDS	contig00045	175181	177838	2	+	2658
CB37	fig 6666666.3233.peg.2435 CDS	contig00045	179061	177961	-3	-	1101

CB37	fig 6666666.3233.peg.2436 CDS	contig00045	179381	180676	2	+	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.2437 CDS	contig00045	180865	181080	1	+	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.2438 CDS	contig00045	182267	181779	-2	-	489
CB37	fig 6666666.3233.peg.2439 CDS	contig00045	182687	182499	-2	-	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.2440 CDS	contig00045	183699	182767	-3	-	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.2441 CDS	contig00045	186010	183752	-1	-	2259
CB37	fig 6666666.3233.peg.2442 CDS	contig00045	186220	186107	-1	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.2443 CDS	contig00045	186476	187456	2	+	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.2444 CDS	contig00045	187819	187514	-1	-	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.2445 CDS	contig00045	187929	189410	3	+	1482
CB37	fig 6666666.3233.peg.2446 CDS	contig00045	189490	189990	1	+	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.2447 CDS	contig00045	190074	190724	3	+	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.2448 CDS	contig00045	191616	190744	-3	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.2449 CDS	contig00045	192951	191803	-3	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.2450 CDS	contig00045	193612	192965	-1	-	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.2451 CDS	contig00045	194069	193638	-2	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.2452 CDS	contig00045	195513	194062	-3	-	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.2453 CDS	contig00045	197303	195555	-2	-	1749
CB37	fig 6666666.3233.peg.2454 CDS	contig00045	198646	197336	-1	-	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.2455 CDS	contig00045	199435	198725	-1	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.2456 CDS	contig00045	200265	199660	-3	-	606
CB37	fig 6666666.3233.peg.2457 CDS	contig00045	200515	201237	1	+	723
CB37	fig 6666666.3233.peg.2458 CDS	contig00045	201772	202893	1	+	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.2459 CDS	contig00045	202965	203405	3	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.2460 CDS	contig00045	203435	205585	2	+	2151
CB37	fig 6666666.3233.peg.2461 CDS	contig00045	206070	205699	-3	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.2462 CDS	contig00045	206383	206075	-1	-	309
CB37	fig 6666666.3233.peg.2463 CDS	contig00045	206493	207386	3	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.2464 CDS	contig00045	207713	208984	2	+	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.2465 CDS	contig00045	209630	209034	-2	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.2466 CDS	contig00045	209915	210754	2	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.2467 CDS	contig00045	210767	211891	2	+	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.2468 CDS	contig00045	211901	212965	2	+	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.2469 CDS	contig00045	213286	214590	1	+	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.2470 CDS	contig00045	215980	215591	-1	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.2471 CDS	contig00045	216585	216211	-3	-	375
CB37	fig 6666666.3233.peg.2472 CDS	contig00045	217932	216808	-3	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.2473 CDS	contig00045	218409	217942	-3	-	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.2474 CDS	contig00045	219149	218409	-2	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.2475 CDS	contig00045	219572	219895	2	+	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.2476 CDS	contig00045	219987	220703	3	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.2477 CDS	contig00045	222874	220814	-1	-	2061
CB37	fig 6666666.3233.peg.2478 CDS	contig00045	223743	223066	-3	-	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.2479 CDS	contig00045	226149	223921	-3	-	2229
CB37	fig 6666666.3233.peg.2480 CDS	contig00045	228556	226376	-1	-	2181
CB37	fig 6666666.3233.peg.2481 CDS	contig00045	231127	228674	-1	-	2454
CB37	fig 6666666.3233.peg.2482 CDS	contig00045	231695	234403	2	+	2709
CB37	fig 6666666.3233.peg.2483 CDS	contig00045	235317	236198	3	+	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.2484 CDS	contig00045	236539	236808	1	+	270

CB37	fig 6666666.3233.peg.2485 CDS	contig00045	236818	237429	1	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.2486 CDS	contig00045	237419	237886	2	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.2487 CDS	contig00045	238064	238366	2	+	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.2488 CDS	contig00045	238623	239699	3	+	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.2489 CDS	contig00045	240057	241280	3	+	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.2490 CDS	contig00045	242346	241360	-3	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.2491 CDS	contig00045	243195	242368	-3	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.2492 CDS	contig00045	244214	243381	-2	-	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.2493 CDS	contig00045	245114	244287	-2	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.2494 CDS	contig00045	245994	245125	-3	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.2495 CDS	contig00045	247161	246175	-3	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.2496 CDS	contig00045	248349	247174	-3	-	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.2497 CDS	contig00045	250319	248448	-2	-	1872
CB37	fig 6666666.3233.peg.2498 CDS	contig00045	251306	250413	-2	-	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.2499 CDS	contig00045	251845	253287	1	+	1443
CB37	fig 6666666.3233.peg.2500 CDS	contig00045	253358	254248	2	+	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.2501 CDS	contig00045	255010	254261	-1	-	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.2502 CDS	contig00045	255929	255042	-2	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.2503 CDS	contig00045	256110	257315	3	+	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.2504 CDS	contig00045	257328	257996	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.2505 CDS	contig00045	257996	258673	2	+	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.2506 CDS	contig00045	258843	259337	3	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.2507 CDS	contig00045	260254	259391	-1	-	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.2508 CDS	contig00045	260544	260362	-3	-	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.2509 CDS	contig00045	262001	260691	-2	-	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.2510 CDS	contig00045	264247	262067	-1	-	2181
CB37	fig 6666666.3233.peg.2511 CDS	contig00045	265404	264958	-3	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.2512 CDS	contig00045	267097	265901	-1	-	1197
CB37	fig 6666666.3233.peg.2513 CDS	contig00045	267620	271609	2	+	3990
CB37	fig 6666666.3233.peg.2514 CDS	contig00045	272867	271734	-2	-	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.2515 CDS	contig00045	274153	273017	-1	-	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.2516 CDS	contig00045	274688	274861	2	+	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.2517 CDS	contig00045	276588	274900	-3	-	1689
CB37	fig 6666666.3233.peg.2518 CDS	contig00045	277030	276668	-1	-	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.2519 CDS	contig00045	277291	279138	1	+	1848
CB37	fig 6666666.3233.peg.2520 CDS	contig00045	279493	280029	1	+	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.2521 CDS	contig00045	280173	280358	3	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.2522 CDS	contig00045	280447	280764	1	+	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.2523 CDS	contig00045	282566	281511	-2	-	1056
CB37	fig 6666666.3233.peg.2524 CDS	contig00045	282737	282591	-2	-	147
CB37	fig 6666666.3233.peg.2525 CDS	contig00045	283712	284821	2	+	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.2526 CDS	contig00047	354	229	-3	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.2527 CDS	contig00047	855	610	-3	-	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.2528 CDS	contig00047	2497	1148	-1	-	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.2529 CDS	contig00047	2519	2635	2	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.2530 CDS	contig00047	4408	3494	-1	-	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.2531 CDS	contig00047	5142	5426	3	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.2532 CDS	contig00047	5423	5701	2	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.2533 CDS	contig00047	6148	5849	-1	-	300



CB37	fig 6666666.3233.peg.2534 CDS	contig00047	6596	6285	-2	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.2535 CDS	contig00047	7361	6933	-2	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.2536 CDS	contig00047	7961	7503	-2	-	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.2537 CDS	contig00047	9192	8104	-3	-	1089
CB37	fig 6666666.3233.peg.2538 CDS	contig00047	10019	9333	-2	-	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.2539 CDS	contig00047	10667	10146	-2	-	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.2540 CDS	contig00047	11602	11300	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.2541 CDS	contig00047	12158	11991	-2	-	168
CB37	fig 6666666.3233.peg.2542 CDS	contig00047	12501	12361	-3	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.2543 CDS	contig00047	13822	13211	-1	-	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.2544 CDS	contig00047	14624	13956	-2	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.2545 CDS	contig00047	16471	15827	-1	-	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.2546 CDS	contig00049	280	834	1	+	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.2547 CDS	contig00049	1118	855	-2	-	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.2548 CDS	contig00049	1955	1122	-2	-	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.2549 CDS	contig00049	2975	2058	-2	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2550 CDS	contig00049	3567	3010	-3	-	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.2551 CDS	contig00049	3767	4252	2	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.2552 CDS	contig00049	4257	5390	3	+	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.2553 CDS	contig00049	6023	5454	-2	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.2554 CDS	contig00049	6508	6047	-1	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.2555 CDS	contig00049	7638	6529	-3	-	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.2556 CDS	contig00049	8716	7622	-1	-	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.2557 CDS	contig00049	8855	9373	2	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.2558 CDS	contig00049	9407	10354	2	+	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.2559 CDS	contig00049	10436	11719	2	+	1284
CB37	fig 6666666.3233.peg.2560 CDS	contig00049	11784	13160	3	+	1377
CB37	fig 6666666.3233.peg.2561 CDS	contig00049	13451	13332	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.2562 CDS	contig00049	13482	14615	3	+	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.2563 CDS	contig00049	14641	15270	1	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.2564 CDS	contig00049	15962	15309	-2	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.2565 CDS	contig00049	16841	16035	-2	-	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.2566 CDS	contig00049	17001	17129	3	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.2567 CDS	contig00049	17183	17305	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.2568 CDS	contig00049	17428	17694	1	+	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.2569 CDS	contig00049	18007	19428	1	+	1422
CB37	fig 6666666.3233.peg.2570 CDS	contig00049	19441	20463	1	+	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.2571 CDS	contig00049	20498	21100	2	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.2572 CDS	contig00049	21936	21157	-3	-	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.2573 CDS	contig00049	21914	22051	2	+	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.2574 CDS	contig00049	22200	23156	3	+	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.2575 CDS	contig00049	23306	24139	2	+	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.2576 CDS	contig00049	25665	24142	-3	-	1524
CB37	fig 6666666.3233.peg.2577 CDS	contig00049	26129	27775	2	+	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.2578 CDS	contig00049	27787	28071	1	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.2579 CDS	contig00049	28084	29022	1	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.2580 CDS	contig00049	29036	30877	2	+	1842
CB37	fig 6666666.3233.peg.2581 CDS	contig00049	30882	31286	3	+	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.2582 CDS	contig00049	31270	32430	1	+	1161

CB37	fig 6666666.3233.peg.2583 CDS	contig00049	33370	32468	-1	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.2584 CDS	contig00049	33524	34729	2	+	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.2585 CDS	contig00049	35588	34812	-2	-	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.2586 CDS	contig00049	35711	36451	2	+	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.2587 CDS	contig00049	37898	36537	-2	-	1362
CB37	fig 6666666.3233.peg.2588 CDS	contig00049	38470	38048	-1	-	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.2589 CDS	contig00049	39892	38489	-1	-	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.2590 CDS	contig00049	40794	39928	-3	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.2591 CDS	contig00049	42380	40839	-2	-	1542
CB37	fig 6666666.3233.peg.2592 CDS	contig00049	42927	42394	-3	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.2593 CDS	contig00049	43412	42942	-2	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.2594 CDS	contig00049	43738	43484	-1	-	255
CB37	fig 6666666.3233.peg.2595 CDS	contig00049	44606	43794	-2	-	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.2596 CDS	contig00049	44953	44615	-1	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.2597 CDS	contig00049	46075	45194	-1	-	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.2598 CDS	contig00049	46872	46099	-3	-	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.2599 CDS	contig00049	47518	46883	-1	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.2600 CDS	contig00049	49413	47518	-3	-	1896
CB37	fig 6666666.3233.peg.2601 CDS	contig00049	50324	49884	-2	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.2602 CDS	contig00049	51785	50424	-2	-	1362
CB37	fig 6666666.3233.peg.2603 CDS	contig00049	53543	51921	-2	-	1623
CB37	fig 6666666.3233.peg.2604 CDS	contig00049	54093	53770	-3	-	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.2605 CDS	contig00049	54274	54140	-1	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.2606 CDS	contig00049	55254	54517	-3	-	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.2607 CDS	contig00049	55922	55251	-2	-	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.2608 CDS	contig00049	56774	56028	-2	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.2609 CDS	contig00049	57037	57159	1	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.2610 CDS	contig00049	57232	58611	1	+	1380
CB37	fig 6666666.3233.peg.2611 CDS	contig00049	58675	59775	1	+	1101
CB37	fig 6666666.3233.peg.2612 CDS	contig00049	59785	60858	1	+	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.2613 CDS	contig00049	60878	63295	2	+	2418
CB37	fig 6666666.3233.peg.2614 CDS	contig00049	63953	64390	2	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.2615 CDS	contig00049	65796	64543	-3	-	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.2616 CDS	contig00049	68110	66026	-1	-	2085
CB37	fig 6666666.3233.peg.2617 CDS	contig00049	70394	68328	-2	-	2067
CB37	fig 6666666.3233.peg.2618 CDS	contig00049	71325	70408	-3	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2619 CDS	contig00049	71809	72363	1	+	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.2620 CDS	contig00049	72524	72784	2	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.2621 CDS	contig00049	73077	72829	-3	-	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.2622 CDS	contig00049	73210	73392	1	+	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.2623 CDS	contig00049	73560	74501	3	+	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.2624 CDS	contig00049	75555	74575	-3	-	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.2625 CDS	contig00049	76997	75822	-2	-	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.2626 CDS	contig00049	79183	77012	-1	-	2172
CB37	fig 6666666.3233.peg.2627 CDS	contig00049	79452	80075	3	+	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.2628 CDS	contig00049	80182	81579	1	+	1398
CB37	fig 6666666.3233.peg.2629 CDS	contig00049	81589	82116	1	+	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.2630 CDS	contig00057	460	5	-1	-	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.2631 CDS	contig00057	1229	471	-2	-	759

CB37	fig 6666666.3233.peg.2632 CDS	contig00057	2098	1226	-1	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.2633 CDS	contig00057	2445	2185	-3	-	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.2634 CDS	contig00057	2729	4900	2	+	2172
CB37	fig 6666666.3233.peg.2635 CDS	contig00057	5263	5081	-1	-	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.2636 CDS	contig00057	7648	5882	-1	-	1767
CB37	fig 6666666.3233.peg.2637 CDS	contig00057	8419	7760	-1	-	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.2638 CDS	contig00057	9308	8511	-2	-	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.2639 CDS	contig00057	10295	9381	-2	-	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.2640 CDS	contig00057	10472	12307	2	+	1836
CB37	fig 6666666.3233.peg.2641 CDS	contig00057	12317	12622	2	+	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.2642 CDS	contig00057	12857	13531	2	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.2643 CDS	contig00057	15167	13737	-2	-	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.2644 CDS	contig00057	16563	15250	-3	-	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.2645 CDS	contig00057	16675	17001	1	+	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.2646 CDS	contig00057	17198	18457	2	+	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.2647 CDS	contig00057	18564	19556	3	+	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.2648 CDS	contig00057	19694	21547	2	+	1854
CB37	fig 6666666.3233.peg.2649 CDS	contig00057	21544	21813	1	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.2650 CDS	contig00057	21828	22541	3	+	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.2651 CDS	contig00061	1288	563	-1	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.2652 CDS	contig00061	1975	3690	1	+	1716
CB37	fig 6666666.3233.peg.2653 CDS	contig00061	3796	5349	1	+	1554
CB37	fig 6666666.3233.peg.2654 CDS	contig00061	5539	6471	1	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.2655 CDS	contig00061	6474	7430	3	+	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.2656 CDS	contig00061	7592	8578	2	+	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.2657 CDS	contig00061	11283	8638	-3	-	2646
CB37	fig 6666666.3233.peg.2658 CDS	contig00061	13073	11532	-2	-	1542
CB37	fig 6666666.3233.peg.2659 CDS	contig00061	13650	13078	-3	-	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.2660 CDS	contig00061	15128	13653	-2	-	1476
CB37	fig 6666666.3233.peg.2661 CDS	contig00061	16512	15160	-3	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.2662 CDS	contig00061	16744	17751	1	+	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.2663 CDS	contig00061	17806	18732	1	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.2664 CDS	contig00061	18936	19313	3	+	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.2665 CDS	contig00061	19316	19645	2	+	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.2666 CDS	contig00061	21680	19884	-2	-	1797
CB37	fig 6666666.3233.peg.2667 CDS	contig00061	22198	21677	-1	-	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.2668 CDS	contig00061	22351	23727	1	+	1377
CB37	fig 6666666.3233.peg.2669 CDS	contig00061	23737	24348	1	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.2670 CDS	contig00061	26050	24809	-1	-	1242
CB37	fig 6666666.3233.peg.2671 CDS	contig00061	26192	26064	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.2672 CDS	contig00061	27312	27902	3	+	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.2673 CDS	contig00061	28011	28145	3	+	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.2674 CDS	contig00061	28496	28173	-2	-	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.2675 CDS	contig00061	28598	29122	2	+	525
CB37	fig 6666666.3233.peg.2676 CDS	contig00061	29116	30495	1	+	1380
CB37	fig 6666666.3233.peg.2677 CDS	contig00061	30626	31711	2	+	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.2678 CDS	contig00061	31930	32298	1	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.2679 CDS	contig00061	32846	33094	2	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.2680 CDS	contig00061	33105	33524	3	+	420

CB37	fig 6666666.3233.peg.2681 CDS	contig00061	33711	34778	3	+	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.2682 CDS	contig00061	34798	36096	1	+	1299
CB37	fig 6666666.3233.peg.2683 CDS	contig00061	36099	37853	3	+	1755
CB37	fig 6666666.3233.peg.2684 CDS	contig00061	38755	38324	-1	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.2685 CDS	contig00061	40841	38727	-2	-	2115
CB37	fig 6666666.3233.peg.2686 CDS	contig00061	42541	40853	-1	-	1689
CB37	fig 6666666.3233.peg.2687 CDS	contig00061	43740	42538	-3	-	1203
CB37	fig 6666666.3233.peg.2688 CDS	contig00061	45181	43829	-1	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.2689 CDS	contig00061	46121	45423	-2	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.2690 CDS	contig00061	47114	46275	-2	-	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.2691 CDS	contig00061	47539	49581	1	+	2043
CB37	fig 6666666.3233.peg.2692 CDS	contig00061	50131	49667	-1	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.2693 CDS	contig00061	50247	53372	3	+	3126
CB37	fig 6666666.3233.peg.2694 CDS	contig00061	53476	54255	1	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.2695 CDS	contig00061	54381	54268	-3	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.2696 CDS	contig00061	54725	55324	2	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.2697 CDS	contig00061	56263	55385	-1	-	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.2698 CDS	contig00061	56759	56334	-2	-	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.2699 CDS	contig00061	57181	57708	1	+	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.2700 CDS	contig00061	57853	58122	1	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.2701 CDS	contig00061	58218	58099	-3	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.2702 CDS	contig00061	58539	59732	3	+	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.2703 CDS	contig00061	59945	59784	-2	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.2704 CDS	contig00061	62812	60365	-1	-	2448
CB37	fig 6666666.3233.peg.2705 CDS	contig00061	63916	63008	-1	-	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.2706 CDS	contig00061	64086	65618	3	+	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.2707 CDS	contig00061	65697	66476	3	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.2708 CDS	contig00061	66488	67123	2	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.2709 CDS	contig00061	67120	68754	1	+	1635
CB37	fig 6666666.3233.peg.2710 CDS	contig00061	68803	69051	1	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.2711 CDS	contig00061	69055	69453	1	+	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.2712 CDS	contig00061	69522	70268	3	+	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.2713 CDS	contig00061	70310	70432	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.2714 CDS	contig00061	71716	70952	-1	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.2715 CDS	contig00061	71927	71799	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.2716 CDS	contig00061	71903	72964	2	+	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.2717 CDS	contig00061	73090	73524	1	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.2718 CDS	contig00061	74131	76923	1	+	2793
CB37	fig 6666666.3233.peg.2719 CDS	contig00061	78340	77681	-1	-	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.2720 CDS	contig00061	78500	79117	2	+	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.2721 CDS	contig00061	79687	79526	-1	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.2722 CDS	contig00061	80016	79876	-3	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.2723 CDS	contig00061	80053	80499	1	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.2724 CDS	contig00061	80499	81044	3	+	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.2725 CDS	contig00061	81052	81540	1	+	489
CB37	fig 6666666.3233.peg.2726 CDS	contig00061	81726	83117	3	+	1392
CB37	fig 6666666.3233.peg.2727 CDS	contig00061	84192	83188	-3	-	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.2728 CDS	contig00061	86887	84341	-1	-	2547
CB37	fig 6666666.3233.peg.2729 CDS	contig00061	88403	87000	-2	-	1404

CB37	fig 6666666.3233.peg.2730 CDS	contig00061	89510	88464	-2	-	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.2731 CDS	contig00061	90222	89641	-3	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.2732 CDS	contig00061	91828	90419	-1	-	1410
CB37	fig 6666666.3233.peg.2733 CDS	contig00061	92359	94188	1	+	1830
CB37	fig 6666666.3233.peg.2734 CDS	contig00061	94264	94812	1	+	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.2735 CDS	contig00061	95479	94910	-1	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.2736 CDS	contig00061	95674	96531	1	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.2737 CDS	contig00061	96503	96937	2	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.2738 CDS	contig00061	97046	97963	2	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2739 CDS	contig00061	100168	97949	-1	-	2220
CB37	fig 6666666.3233.peg.2740 CDS	contig00061	101961	100333	-3	-	1629
CB37	fig 6666666.3233.peg.2741 CDS	contig00061	103174	102299	-1	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.2742 CDS	contig00061	103508	103206	-2	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.2743 CDS	contig00061	103849	104772	1	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.2744 CDS	contig00061	104809	106842	1	+	2034
CB37	fig 6666666.3233.peg.2745 CDS	contig00061	106844	108337	2	+	1494
CB37	fig 6666666.3233.peg.2746 CDS	contig00061	108337	109557	1	+	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.2747 CDS	contig00061	109618	110061	1	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.2748 CDS	contig00061	110093	110698	2	+	606
CB37	fig 6666666.3233.peg.2749 CDS	contig00061	110739	111074	3	+	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.2750 CDS	contig00061	111061	111780	1	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.2751 CDS	contig00061	111773	112783	2	+	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.2752 CDS	contig00061	112809	113954	3	+	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.2753 CDS	contig00061	113959	114453	1	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.2754 CDS	contig00061	114455	115216	2	+	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.2755 CDS	contig00061	116333	115506	-2	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.2756 CDS	contig00061	116947	116381	-1	-	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.2757 CDS	contig00061	117707	117123	-2	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.2758 CDS	contig00061	118530	117805	-3	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.2759 CDS	contig00061	118615	119379	1	+	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.2760 CDS	contig00061	119516	119980	2	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.2761 CDS	contig00061	122406	120085	-3	-	2322
CB37	fig 6666666.3233.peg.2762 CDS	contig00061	122616	124499	3	+	1884
CB37	fig 6666666.3233.peg.2763 CDS	contig00061	124838	124572	-2	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.2764 CDS	contig00061	125077	125262	1	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.2765 CDS	contig00061	125259	126554	3	+	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.2766 CDS	contig00061	126554	129661	2	+	3108
CB37	fig 6666666.3233.peg.2767 CDS	contig00061	129663	130286	3	+	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.2768 CDS	contig00061	130305	130784	3	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.2769 CDS	contig00061	131095	130781	-1	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.2770 CDS	contig00061	131224	131724	1	+	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.2771 CDS	contig00061	131718	133100	3	+	1383
CB37	fig 6666666.3233.peg.2772 CDS	contig00061	133499	134758	2	+	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.2773 CDS	contig00061	134797	137034	1	+	2238
CB37	fig 6666666.3233.peg.2774 CDS	contig00061	137035	137667	1	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.2775 CDS	contig00061	138896	138726	-2	-	171
CB37	fig 6666666.3233.peg.2776 CDS	contig00061	139376	140095	2	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.2777 CDS	contig00061	140221	141513	1	+	1293
CB37	fig 6666666.3233.peg.2778 CDS	contig00061	142983	141592	-3	-	1392

CB37	fig 6666666.3233.peg.2779 CDS	contig00061	145197	143236	-3	-	1962
CB37	fig 6666666.3233.peg.2780 CDS	contig00061	147484	145403	-1	-	2082
CB37	fig 6666666.3233.peg.2781 CDS	contig00061	148299	147616	-3	-	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.2782 CDS	contig00061	149735	148353	-2	-	1383
CB37	fig 6666666.3233.peg.2783 CDS	contig00061	150472	149732	-1	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.2784 CDS	contig00061	150784	150512	-1	-	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.2785 CDS	contig00061	151571	150948	-2	-	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.2786 CDS	contig00061	151596	151793	3	+	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.2787 CDS	contig00061	153150	151936	-3	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.2788 CDS	contig00061	153731	153162	-2	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.2789 CDS	contig00061	154203	153796	-3	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.2790 CDS	contig00061	154756	154229	-1	-	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.2791 CDS	contig00061	156127	154766	-1	-	1362
CB37	fig 6666666.3233.peg.2792 CDS	contig00061	156895	156131	-1	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.2793 CDS	contig00061	159448	156965	-1	-	2484
CB37	fig 6666666.3233.peg.2794 CDS	contig00061	160270	161295	1	+	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.2795 CDS	contig00061	161297	162340	2	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.2796 CDS	contig00061	162379	164205	1	+	1827
CB37	fig 6666666.3233.peg.2797 CDS	contig00061	164215	165072	1	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.2798 CDS	contig00061	165109	165948	1	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.2799 CDS	contig00061	166110	166535	3	+	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.2800 CDS	contig00061	166572	166697	3	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.2801 CDS	contig00061	166710	167081	3	+	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.2802 CDS	contig00061	167280	168233	3	+	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.2803 CDS	contig00061	168764	168288	-2	-	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.2804 CDS	contig00061	168785	168907	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.2805 CDS	contig00061	170369	168951	-2	-	1419
CB37	fig 6666666.3233.peg.2806 CDS	contig00061	171943	170633	-1	-	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.2807 CDS	contig00061	172197	171943	-3	-	255
CB37	fig 6666666.3233.peg.2808 CDS	contig00061	173205	172300	-3	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.2809 CDS	contig00061	173633	174268	2	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.2810 CDS	contig00061	174329	174445	2	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.2811 CDS	contig00061	174499	175095	1	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.2812 CDS	contig00061	175160	175360	2	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.2813 CDS	contig00061	175430	175876	2	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.2814 CDS	contig00061	176073	176954	3	+	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.2815 CDS	contig00061	178123	177662	-1	-	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.2816 CDS	contig00061	178335	178478	3	+	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.2817 CDS	contig00061	178912	179622	1	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.2818 CDS	contig00061	179646	180566	3	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.2819 CDS	contig00061	180635	181261	2	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.2820 CDS	contig00061	181350	182015	3	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.2821 CDS	contig00061	182182	182793	1	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.2822 CDS	contig00061	182948	183070	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.2823 CDS	contig00061	183532	183792	1	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.2824 CDS	contig00061	183960	184739	3	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.2825 CDS	contig00061	185889	184993	-3	-	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.2826 CDS	contig00061	186284	186057	-2	-	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.2827 CDS	contig00061	186700	186332	-1	-	369

CB37	fig 6666666.3233.peg.2828 CDS	contig00061	187465	186731	-1	-	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.2829 CDS	contig00061	187781	187605	-2	-	177
CB37	fig 6666666.3233.peg.2830 CDS	contig00061	188228	187785	-2	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.2831 CDS	contig00061	188716	188279	-1	-	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.2832 CDS	contig00061	189186	188713	-3	-	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.2833 CDS	contig00061	189426	190709	3	+	1284
CB37	fig 6666666.3233.peg.2834 CDS	contig00061	190723	192342	1	+	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.2835 CDS	contig00061	192339	193472	3	+	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.2836 CDS	contig00061	193478	194443	2	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.2837 CDS	contig00061	195713	194493	-2	-	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.2838 CDS	contig00061	196815	195949	-3	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.2839 CDS	contig00061	196990	197706	1	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.2840 CDS	contig00061	197898	198572	3	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.2841 CDS	contig00061	199711	198761	-1	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.2842 CDS	contig00061	200307	199717	-3	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.2843 CDS	contig00061	201666	200464	-3	-	1203
CB37	fig 6666666.3233.peg.2844 CDS	contig00061	201874	203547	1	+	1674
CB37	fig 6666666.3233.peg.2845 CDS	contig00061	203660	204334	2	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.2846 CDS	contig00061	204638	204874	2	+	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.2847 CDS	contig00061	204888	205058	3	+	171
CB37	fig 6666666.3233.peg.2848 CDS	contig00061	205146	206678	3	+	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.2849 CDS	contig00061	206748	207224	3	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.2850 CDS	contig00061	207328	208137	1	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.2851 CDS	contig00061	208234	208716	1	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.2852 CDS	contig00061	208703	209638	2	+	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.2853 CDS	contig00061	210475	209687	-1	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.2854 CDS	contig00061	211239	210472	-3	-	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.2855 CDS	contig00061	212330	211278	-2	-	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.2856 CDS	contig00061	212468	212872	2	+	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.2857 CDS	contig00061	212927	213607	2	+	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.2858 CDS	contig00061	213754	214818	1	+	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.2859 CDS	contig00061	214818	215702	3	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.2860 CDS	contig00061	215692	216771	1	+	1080
CB37	fig 6666666.3233.peg.2861 CDS	contig00061	216830	217888	2	+	1059
CB37	fig 6666666.3233.peg.2862 CDS	contig00061	218024	218953	2	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.2863 CDS	contig00061	218971	220113	1	+	1143
CB37	fig 6666666.3233.peg.2864 CDS	contig00061	220185	222566	3	+	2382
CB37	fig 6666666.3233.peg.2865 CDS	contig00061	222662	223192	2	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.2866 CDS	contig00061	223315	223527	1	+	213
CB37	fig 6666666.3233.peg.2867 CDS	contig00064	1517	1744	2	+	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.2868 CDS	contig00064	2259	2378	3	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.2869 CDS	contig00064	2823	3008	3	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.2870 CDS	contig00064	3302	3162	-2	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.2871 CDS	contig00064	5461	6366	1	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.2872 CDS	contig00064	9257	7038	-2	-	2220
CB37	fig 6666666.3233.peg.2873 CDS	contig00064	13951	9329	-1	-	4623
CB37	fig 6666666.3233.peg.2874 CDS	contig00064	14160	15074	3	+	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.2875 CDS	contig00064	15360	15217	-3	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.2876 CDS	contig00064	19054	16190	-1	-	2865

CB37	fig 6666666.3233.peg.2877 CDS	contig00064	19564	19184	-1	-	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.2878 CDS	contig00064	20911	19616	-1	-	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.2879 CDS	contig00064	21291	21914	3	+	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.2880 CDS	contig00064	22175	23293	2	+	1119
CB37	fig 6666666.3233.peg.2881 CDS	contig00064	24213	23488	-3	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.2882 CDS	contig00064	24377	25450	2	+	1074
CB37	fig 6666666.3233.peg.2883 CDS	contig00064	25450	26511	1	+	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.2884 CDS	contig00064	26511	29570	3	+	3060
CB37	fig 6666666.3233.peg.2885 CDS	contig00064	29810	30526	2	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.2886 CDS	contig00064	31214	30651	-2	-	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.2887 CDS	contig00064	31521	32348	3	+	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.2888 CDS	contig00064	32339	32833	2	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.2889 CDS	contig00064	34742	33009	-2	-	1734
CB37	fig 6666666.3233.peg.2890 CDS	contig00064	35751	34762	-3	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.2891 CDS	contig00064	36896	35763	-2	-	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.2892 CDS	contig00064	37316	38311	2	+	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.2893 CDS	contig00064	39254	38301	-2	-	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.2894 CDS	contig00064	39381	39917	3	+	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.2895 CDS	contig00064	40851	40033	-3	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.2896 CDS	contig00064	41865	40945	-3	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.2897 CDS	contig00064	42762	41944	-3	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.2898 CDS	contig00064	43569	42772	-3	-	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.2899 CDS	contig00064	44316	43573	-3	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.2900 CDS	contig00064	45081	44443	-3	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.2901 CDS	contig00064	44960	45100	2	+	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.2902 CDS	contig00064	46495	45347	-1	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.2903 CDS	contig00064	46677	47558	3	+	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.2904 CDS	contig00064	47836	51000	1	+	3165
CB37	fig 6666666.3233.peg.2905 CDS	contig00064	52317	51103	-3	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.2906 CDS	contig00064	54453	52705	-3	-	1749
CB37	fig 6666666.3233.peg.2907 CDS	contig00064	55995	54691	-3	-	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.2908 CDS	contig00064	56599	56126	-1	-	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.2909 CDS	contig00064	56813	57322	2	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.2910 CDS	contig00064	57395	59149	2	+	1755
CB37	fig 6666666.3233.peg.2911 CDS	contig00066	2981	408	-2	-	2574
CB37	fig 6666666.3233.peg.2912 CDS	contig00066	3856	3128	-1	-	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.2913 CDS	contig00066	4835	3858	-2	-	978
CB37	fig 6666666.3233.peg.2914 CDS	contig00066	4972	5700	1	+	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.2915 CDS	contig00066	5822	7306	2	+	1485
CB37	fig 6666666.3233.peg.2916 CDS	contig00066	7667	7993	2	+	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.2917 CDS	contig00066	8237	9415	2	+	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.2918 CDS	contig00066	9440	9973	2	+	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.2919 CDS	contig00066	10369	10067	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.2920 CDS	contig00066	12320	10383	-2	-	1938
CB37	fig 6666666.3233.peg.2921 CDS	contig00066	12705	14372	3	+	1668
CB37	fig 6666666.3233.peg.2922 CDS	contig00066	14630	14998	2	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.2923 CDS	contig00066	15028	16029	1	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.2924 CDS	contig00066	17236	16109	-1	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.2925 CDS	contig00066	18334	17261	-1	-	1074



CB37	fig 6666666.3233.peg.2926 CDS	contig00066	19557	18574	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.2927 CDS	contig00066	19703	20770	2	+	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.2928 CDS	contig00066	20835	21761	3	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.2929 CDS	contig00066	22177	21848	-1	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.2930 CDS	contig00066	22629	22288	-3	-	342
CB37	fig 6666666.3233.peg.2931 CDS	contig00066	22949	24433	2	+	1485
CB37	fig 6666666.3233.peg.2932 CDS	contig00066	24562	26232	1	+	1671
CB37	fig 6666666.3233.peg.2933 CDS	contig00066	26265	26993	3	+	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.2934 CDS	contig00066	28085	27120	-2	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.2935 CDS	contig00066	28541	28110	-2	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.2936 CDS	contig00066	29208	28702	-3	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.2937 CDS	contig00066	32110	29282	-1	-	2829
CB37	fig 6666666.3233.peg.2938 CDS	contig00066	33110	32175	-2	-	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.2939 CDS	contig00066	34716	33181	-3	-	1536
CB37	fig 6666666.3233.peg.2940 CDS	contig00066	35038	35298	1	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.2941 CDS	contig00066	35735	35430	-2	-	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.2942 CDS	contig00066	36753	35863	-3	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.2943 CDS	contig00066	37137	38285	3	+	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.2944 CDS	contig00066	38986	38708	-1	-	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.2945 CDS	contig00066	39767	41008	2	+	1242
CB37	fig 6666666.3233.peg.2946 CDS	contig00066	41474	44128	2	+	2655
CB37	fig 6666666.3233.peg.2947 CDS	contig00066	44118	44771	3	+	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.2948 CDS	contig00066	45751	46668	1	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.2949 CDS	contig00066	47152	46895	-1	-	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.2950 CDS	contig00066	50669	47502	-2	-	3168
CB37	fig 6666666.3233.peg.2951 CDS	contig00066	51923	50673	-2	-	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.2952 CDS	contig00066	53499	51907	-3	-	1593
CB37	fig 6666666.3233.peg.2953 CDS	contig00066	54456	53800	-3	-	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.2954 CDS	contig00066	54604	54738	1	+	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.2955 CDS	contig00066	55700	54876	-2	-	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.2956 CDS	contig00066	56203	55697	-1	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.2957 CDS	contig00066	58254	56200	-3	-	2055
CB37	fig 6666666.3233.peg.2958 CDS	contig00066	60580	58256	-1	-	2325
CB37	fig 6666666.3233.peg.2959 CDS	contig00066	61806	60577	-3	-	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.2960 CDS	contig00066	62501	61938	-2	-	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.2961 CDS	contig00066	63332	62511	-2	-	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.2962 CDS	contig00066	64112	63372	-2	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.2963 CDS	contig00066	66279	64171	-3	-	2109
CB37	fig 6666666.3233.peg.2964 CDS	contig00066	66945	66427	-3	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.2965 CDS	contig00066	67564	68244	1	+	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.2966 CDS	contig00066	68695	68384	-1	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.2967 CDS	contig00066	68850	69884	3	+	1035
CB37	fig 6666666.3233.peg.2968 CDS	contig00066	70278	70027	-3	-	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.2969 CDS	contig00066	72122	70806	-2	-	1317
CB37	fig 6666666.3233.peg.2970 CDS	contig00066	73904	72387	-2	-	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.2971 CDS	contig00066	74721	73939	-3	-	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.2972 CDS	contig00066	76950	75211	-3	-	1740
CB37	fig 6666666.3233.peg.2973 CDS	contig00066	77785	76997	-1	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.2974 CDS	contig00066	78764	77847	-2	-	918

CB37	fig 6666666.3233.peg.2975 CDS	contig00066	78923	79441	2	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.2976 CDS	contig00066	80889	79534	-3	-	1356
CB37	fig 6666666.3233.peg.2977 CDS	contig00066	81178	81897	1	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.2978 CDS	contig00066	82005	83228	3	+	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.2979 CDS	contig00066	83924	83289	-2	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.2980 CDS	contig00066	84903	84127	-3	-	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.2981 CDS	contig00066	86505	85021	-3	-	1485
CB37	fig 6666666.3233.peg.2982 CDS	contig00066	87180	87365	3	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.2983 CDS	contig00066	88146	87595	-3	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.2984 CDS	contig00066	88969	88289	-1	-	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.2985 CDS	contig00066	89048	89236	2	+	189
CB37	fig 6666666.3233.peg.2986 CDS	contig00066	90262	89375	-1	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.2987 CDS	contig00066	90589	90966	1	+	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.2988 CDS	contig00066	91737	91078	-3	-	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.2989 CDS	contig00066	93158	91878	-2	-	1281
CB37	fig 6666666.3233.peg.2990 CDS	contig00066	94126	93155	-1	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.2991 CDS	contig00066	96591	94132	-3	-	2460
CB37	fig 6666666.3233.peg.2992 CDS	contig00066	97203	97673	3	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.2993 CDS	contig00066	98152	97670	-1	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.2994 CDS	contig00066	98413	98207	-1	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.2995 CDS	contig00066	98976	99692	3	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.2996 CDS	contig00066	100246	99797	-1	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.2997 CDS	contig00066	102608	100248	-2	-	2361
CB37	fig 6666666.3233.peg.2998 CDS	contig00066	102607	102801	1	+	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.2999 CDS	contig00066	104586	102841	-3	-	1746
CB37	fig 6666666.3233.peg.3000 CDS	contig00066	105581	104637	-2	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.3001 CDS	contig00066	106136	110686	2	+	4551
CB37	fig 6666666.3233.peg.3002 CDS	contig00066	110686	112155	1	+	1470
CB37	fig 6666666.3233.peg.3003 CDS	contig00066	112608	117071	3	+	4464
CB37	fig 6666666.3233.peg.3004 CDS	contig00066	117092	118504	2	+	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.3005 CDS	contig00066	118596	119024	3	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.3006 CDS	contig00066	119090	119785	2	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.3007 CDS	contig00066	119848	120753	1	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.3008 CDS	contig00066	120753	121577	3	+	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.3009 CDS	contig00066	121655	122275	2	+	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.3010 CDS	contig00066	123973	123194	-1	-	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.3011 CDS	contig00066	124225	125136	1	+	912
CB37	fig 6666666.3233.peg.3012 CDS	contig00066	125641	126195	1	+	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.3013 CDS	contig00066	129528	126295	-3	-	3234
CB37	fig 6666666.3233.peg.3014 CDS	contig00066	130699	129545	-1	-	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.3015 CDS	contig00066	131990	131181	-2	-	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.3016 CDS	contig00066	132502	132104	-1	-	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.3017 CDS	contig00066	135570	132841	-3	-	2730
CB37	fig 6666666.3233.peg.3018 CDS	contig00066	137269	136352	-1	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.3019 CDS	contig00066	138615	137371	-3	-	1245
CB37	fig 6666666.3233.peg.3020 CDS	contig00066	139908	138646	-3	-	1263
CB37	fig 6666666.3233.peg.3021 CDS	contig00066	140686	139901	-1	-	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.3022 CDS	contig00066	142335	140878	-3	-	1458
CB37	fig 6666666.3233.peg.3023 CDS	contig00066	143404	142358	-1	-	1047

CB37	fig 6666666.3233.peg.3024 CDS	contig00066	144608	143412	-2	-	1197
CB37	fig 6666666.3233.peg.3025 CDS	contig00066	145940	144627	-2	-	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.3026 CDS	contig00066	147062	145980	-2	-	1083
CB37	fig 6666666.3233.peg.3027 CDS	contig00066	148426	147062	-1	-	1365
CB37	fig 6666666.3233.peg.3028 CDS	contig00066	149904	148429	-3	-	1476
CB37	fig 6666666.3233.peg.3029 CDS	contig00066	151770	149965	-3	-	1806
CB37	fig 6666666.3233.peg.3030 CDS	contig00066	152084	151767	-2	-	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.3031 CDS	contig00066	153040	152090	-1	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.3032 CDS	contig00066	154865	154002	-2	-	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.3033 CDS	contig00066	154934	156745	2	+	1812
CB37	fig 6666666.3233.peg.3034 CDS	contig00066	156792	157100	3	+	309
CB37	fig 6666666.3233.peg.3035 CDS	contig00066	157104	157694	3	+	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.3036 CDS	contig00066	157717	158358	1	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.3037 CDS	contig00066	158901	158422	-3	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.3038 CDS	contig00066	159556	158921	-1	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.3039 CDS	contig00066	160390	159653	-1	-	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.3040 CDS	contig00066	161652	160387	-3	-	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.3041 CDS	contig00066	162242	161652	-2	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.3042 CDS	contig00066	163182	162790	-3	-	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.3043 CDS	contig00066	163626	163198	-3	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.3044 CDS	contig00066	164984	163881	-2	-	1104
CB37	fig 6666666.3233.peg.3045 CDS	contig00066	165181	165624	1	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.3046 CDS	contig00066	165843	167210	3	+	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.3047 CDS	contig00066	167417	168484	2	+	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.3048 CDS	contig00066	170811	168523	-3	-	2289
CB37	fig 6666666.3233.peg.3049 CDS	contig00066	172695	170815	-3	-	1881
CB37	fig 6666666.3233.peg.3050 CDS	contig00066	173534	172950	-2	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.3051 CDS	contig00066	174395	173589	-2	-	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.3052 CDS	contig00066	174900	174457	-3	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.3053 CDS	contig00066	175550	174900	-2	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.3054 CDS	contig00066	175780	177102	1	+	1323
CB37	fig 6666666.3233.peg.3055 CDS	contig00066	178739	177309	-2	-	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.3056 CDS	contig00066	181660	178817	-1	-	2844
CB37	fig 6666666.3233.peg.3057 CDS	contig00066	183037	181781	-1	-	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.3058 CDS	contig00066	183086	183904	2	+	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.3059 CDS	contig00066	185462	183930	-2	-	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.3060 CDS	contig00066	185668	186348	1	+	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.3061 CDS	contig00066	186479	187738	2	+	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.3062 CDS	contig00066	187933	188544	1	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.3063 CDS	contig00066	189377	188652	-2	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.3064 CDS	contig00066	191005	189377	-1	-	1629
CB37	fig 6666666.3233.peg.3065 CDS	contig00066	191154	192374	3	+	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.3066 CDS	contig00066	193256	192453	-2	-	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.3067 CDS	contig00066	193754	193272	-2	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.3068 CDS	contig00066	194110	193751	-1	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.3069 CDS	contig00066	194376	194987	3	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.3070 CDS	contig00066	195845	195027	-2	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.3071 CDS	contig00066	197094	196033	-3	-	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.3072 CDS	contig00066	197280	197495	3	+	216

CB37	fig 6666666.3233.peg.3073 CDS	contig00066	197524	197967	1	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.3074 CDS	contig00066	198116	199876	2	+	1761
CB37	fig 6666666.3233.peg.3075 CDS	contig00066	199976	201838	2	+	1863
CB37	fig 6666666.3233.peg.3076 CDS	contig00066	202445	202173	-2	-	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.3077 CDS	contig00066	203394	202675	-3	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.3078 CDS	contig00066	203630	203851	2	+	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.3079 CDS	contig00066	203995	205743	1	+	1749
CB37	fig 6666666.3233.peg.3080 CDS	contig00066	206344	208296	1	+	1953
CB37	fig 6666666.3233.peg.3081 CDS	contig00066	208411	209559	1	+	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.3082 CDS	contig00066	209646	210176	3	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.3083 CDS	contig00066	210279	210923	3	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.3084 CDS	contig00066	212271	210877	-3	-	1395
CB37	fig 6666666.3233.peg.3085 CDS	contig00066	212953	212264	-1	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.3086 CDS	contig00066	213467	213027	-2	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.3087 CDS	contig00066	214648	213536	-1	-	1113
CB37	fig 6666666.3233.peg.3088 CDS	contig00066	216703	214871	-1	-	1833
CB37	fig 6666666.3233.peg.3089 CDS	contig00066	217580	216819	-2	-	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.3090 CDS	contig00066	218012	219424	2	+	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.3091 CDS	contig00066	219624	220253	3	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3092 CDS	contig00066	222199	220346	-1	-	1854
CB37	fig 6666666.3233.peg.3093 CDS	contig00066	222833	222339	-2	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.3094 CDS	contig00066	224559	222835	-3	-	1725
CB37	fig 6666666.3233.peg.3095 CDS	contig00066	226817	225009	-2	-	1809
CB37	fig 6666666.3233.peg.3096 CDS	contig00066	228076	227117	-1	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.3097 CDS	contig00066	229655	228609	-2	-	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.3098 CDS	contig00066	230207	229659	-2	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.3099 CDS	contig00066	231212	230424	-2	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.3100 CDS	contig00066	231747	233351	3	+	1605
CB37	fig 6666666.3233.peg.3101 CDS	contig00066	233384	234475	2	+	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.3102 CDS	contig00066	234587	236005	2	+	1419
CB37	fig 6666666.3233.peg.3103 CDS	contig00066	236016	236618	3	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.3104 CDS	contig00066	236752	237534	1	+	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.3105 CDS	contig00066	238531	237671	-1	-	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.3106 CDS	contig00066	238801	241146	1	+	2346
CB37	fig 6666666.3233.peg.3107 CDS	contig00066	241208	242491	2	+	1284
CB37	fig 6666666.3233.peg.3108 CDS	contig00066	242481	243479	3	+	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.3109 CDS	contig00066	243476	244285	2	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.3110 CDS	contig00066	244361	244741	2	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.3111 CDS	contig00066	244754	245560	2	+	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.3112 CDS	contig00066	246107	245628	-2	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.3113 CDS	contig00066	246590	246117	-2	-	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.3114 CDS	contig00066	247261	246590	-1	-	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.3115 CDS	contig00066	248863	247694	-1	-	1170
CB37	fig 6666666.3233.peg.3116 CDS	contig00066	249332	249075	-2	-	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.3117 CDS	contig00066	249664	249353	-1	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.3118 CDS	contig00066	249922	250893	1	+	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.3119 CDS	contig00066	251160	250969	-3	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.3120 CDS	contig00066	252229	251294	-1	-	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.3121 CDS	contig00066	252588	253058	3	+	471

CB37	fig 6666666.3233.peg.3122 CDS	contig00066	253443	254411	3	+	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.3123 CDS	contig00066	254718	257297	3	+	2580
CB37	fig 6666666.3233.peg.3124 CDS	contig00066	257342	257779	2	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.3125 CDS	contig00066	258555	257851	-3	-	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.3126 CDS	contig00066	260105	258555	-2	-	1551
CB37	fig 6666666.3233.peg.3127 CDS	contig00066	261178	260156	-1	-	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.3128 CDS	contig00066	262029	261400	-3	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3129 CDS	contig00066	263396	262038	-2	-	1359
CB37	fig 6666666.3233.peg.3130 CDS	contig00066	263711	264727	2	+	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.3131 CDS	contig00066	264853	265383	1	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.3132 CDS	contig00066	265806	265447	-3	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.3133 CDS	contig00066	266277	265930	-3	-	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.3134 CDS	contig00066	270220	266306	-1	-	3915
CB37	fig 6666666.3233.peg.3135 CDS	contig00066	271929	270217	-3	-	1713
CB37	fig 6666666.3233.peg.3136 CDS	contig00066	272096	272734	2	+	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.3137 CDS	contig00066	272983	272783	-1	-	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.3138 CDS	contig00066	273199	273750	1	+	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.3139 CDS	contig00066	273956	274255	2	+	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.3140 CDS	contig00066	274350	275057	3	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.3141 CDS	contig00066	275110	275838	1	+	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.3142 CDS	contig00066	275835	277094	3	+	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.3143 CDS	contig00066	277100	277594	2	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.3144 CDS	contig00066	277915	278820	1	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.3145 CDS	contig00066	279528	278911	-3	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.3146 CDS	contig00066	281277	279553	-3	-	1725
CB37	fig 6666666.3233.peg.3147 CDS	contig00066	282918	281488	-3	-	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.3148 CDS	contig00066	283845	282937	-3	-	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.3149 CDS	contig00066	284794	283904	-1	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.3150 CDS	contig00066	285055	287016	1	+	1962
CB37	fig 6666666.3233.peg.3151 CDS	contig00066	287164	287736	1	+	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.3152 CDS	contig00066	289182	287803	-3	-	1380
CB37	fig 6666666.3233.peg.3153 CDS	contig00066	289329	289781	3	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.3154 CDS	contig00066	289782	290642	3	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.3155 CDS	contig00066	291315	290719	-3	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.3156 CDS	contig00066	291547	292167	1	+	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.3157 CDS	contig00066	292319	292798	2	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.3158 CDS	contig00066	293335	292955	-1	-	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.3159 CDS	contig00066	294354	293362	-3	-	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.3160 CDS	contig00066	294999	294379	-3	-	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.3161 CDS	contig00066	295416	295027	-3	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.3162 CDS	contig00066	295791	295435	-3	-	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.3163 CDS	contig00066	296054	295941	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3164 CDS	contig00066	297427	296093	-1	-	1335
CB37	fig 6666666.3233.peg.3165 CDS	contig00066	297882	297448	-3	-	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.3166 CDS	contig00066	298064	297888	-2	-	177
CB37	fig 6666666.3233.peg.3167 CDS	contig00066	298575	298072	-3	-	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.3168 CDS	contig00066	298943	298590	-2	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.3169 CDS	contig00066	299486	298953	-2	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.3170 CDS	contig00066	299891	299499	-2	-	393

CB37	fig 6666666.3233.peg.3171 CDS	contig00066	300226	299921	-1	-	306
CB37	fig 6666666.3233.peg.3172 CDS	contig00066	300783	300244	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.3173 CDS	contig00066	301124	300807	-2	-	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.3174 CDS	contig00066	301509	301138	-3	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.3175 CDS	contig00066	301929	301675	-3	-	255
CB37	fig 6666666.3233.peg.3176 CDS	contig00066	302120	301929	-2	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.3177 CDS	contig00066	302530	302120	-1	-	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.3178 CDS	contig00066	303240	302542	-3	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.3179 CDS	contig00066	303591	303259	-3	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.3180 CDS	contig00066	303880	303602	-1	-	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.3181 CDS	contig00066	304726	303902	-1	-	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.3182 CDS	contig00066	305044	304742	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.3183 CDS	contig00066	305643	305041	-3	-	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.3184 CDS	contig00066	306290	305661	-2	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3185 CDS	contig00066	306616	306305	-1	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.3186 CDS	contig00066	307294	307073	-1	-	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.3187 CDS	contig00066	307738	309792	1	+	2055
CB37	fig 6666666.3233.peg.3188 CDS	contig00066	309999	311006	3	+	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.3189 CDS	contig00066	311282	311716	2	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.3190 CDS	contig00066	312382	312852	1	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.3191 CDS	contig00066	312906	314237	3	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.3192 CDS	contig00066	314333	314217	-2	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3193 CDS	contig00066	314546	315463	2	+	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.3194 CDS	contig00066	315539	316066	2	+	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.3195 CDS	contig00066	316406	316164	-2	-	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.3196 CDS	contig00066	316754	317761	2	+	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.3197 CDS	contig00066	318218	318832	2	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.3198 CDS	contig00066	318970	319314	1	+	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.3199 CDS	contig00066	319424	319311	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3200 CDS	contig00066	320473	320051	-1	-	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.3201 CDS	contig00066	321002	320655	-2	-	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.3202 CDS	contig00066	321274	322044	1	+	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.3203 CDS	contig00066	322528	323877	1	+	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.3204 CDS	contig00066	324843	324031	-3	-	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.3205 CDS	contig00066	326146	324980	-1	-	1167
CB37	fig 6666666.3233.peg.3206 CDS	contig00066	326366	327403	2	+	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.3207 CDS	contig00066	328396	327473	-1	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.3208 CDS	contig00066	329146	328400	-1	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.3209 CDS	contig00066	330011	329214	-2	-	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.3210 CDS	contig00066	331037	330012	-2	-	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.3211 CDS	contig00066	331960	331097	-1	-	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.3212 CDS	contig00066	333281	332025	-2	-	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.3213 CDS	contig00066	334077	333235	-3	-	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.3214 CDS	contig00066	335104	334028	-1	-	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.3215 CDS	contig00066	336281	335097	-2	-	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.3216 CDS	contig00066	337057	336293	-1	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.3217 CDS	contig00066	338050	337079	-1	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.3218 CDS	contig00066	340987	338315	-1	-	2673
CB37	fig 6666666.3233.peg.3219 CDS	contig00066	341569	341054	-1	-	516

CB37	fig 6666666.3233.peg.3220 CDS	contig00066	342202	342420	1	+	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.3221 CDS	contig00066	342491	343168	2	+	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.3222 CDS	contig00066	343165	343926	1	+	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.3223 CDS	contig00066	343929	346127	3	+	2199
CB37	fig 6666666.3233.peg.3224 CDS	contig00066	346263	347204	3	+	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.3225 CDS	contig00066	347320	348306	1	+	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.3226 CDS	contig00066	348303	349025	3	+	723
CB37	fig 6666666.3233.peg.3227 CDS	contig00066	349022	350077	2	+	1056
CB37	fig 6666666.3233.peg.3228 CDS	contig00067	16	279	1	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.3229 CDS	contig00067	548	399	-2	-	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.3230 CDS	contig00067	1314	820	-3	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.3231 CDS	contig00067	1815	1555	-3	-	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.3232 CDS	contig00068	158	658	2	+	501
CB37	fig 6666666.3233.peg.3233 CDS	contig00068	822	1250	3	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.3234 CDS	contig00068	1397	2020	2	+	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.3235 CDS	contig00068	3016	3159	1	+	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.3236 CDS	contig00068	3320	3961	2	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.3237 CDS	contig00068	4358	4215	-2	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.3238 CDS	contig00069	1312	347	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.3239 CDS	contig00069	2073	1324	-3	-	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.3240 CDS	contig00069	2367	4013	3	+	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.3241 CDS	contig00069	4165	4326	1	+	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.3242 CDS	contig00069	5350	4379	-1	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.3243 CDS	contig00069	8460	5446	-3	-	3015
CB37	fig 6666666.3233.peg.3244 CDS	contig00069	8758	8922	1	+	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.3245 CDS	contig00069	8962	10368	1	+	1407
CB37	fig 6666666.3233.peg.3246 CDS	contig00069	10346	10996	2	+	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.3247 CDS	contig00069	10993	11817	1	+	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.3248 CDS	contig00069	11891	14161	2	+	2271
CB37	fig 6666666.3233.peg.3249 CDS	contig00069	14897	14250	-2	-	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.3250 CDS	contig00069	15016	15846	1	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.3251 CDS	contig00069	16491	15856	-3	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.3252 CDS	contig00069	17235	16567	-3	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.3253 CDS	contig00069	17921	17232	-2	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.3254 CDS	contig00069	18654	17923	-3	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.3255 CDS	contig00069	19486	18743	-1	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.3256 CDS	contig00069	21629	19737	-2	-	1893
CB37	fig 6666666.3233.peg.3257 CDS	contig00069	22258	24492	1	+	2235
CB37	fig 6666666.3233.peg.3258 CDS	contig00069	24685	25482	1	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.3259 CDS	contig00069	25933	25541	-1	-	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.3260 CDS	contig00069	27078	26347	-3	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.3261 CDS	contig00069	28814	27075	-2	-	1740
CB37	fig 6666666.3233.peg.3262 CDS	contig00069	30531	28927	-3	-	1605
CB37	fig 6666666.3233.peg.3263 CDS	contig00069	31632	30646	-3	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.3264 CDS	contig00069	33160	31700	-1	-	1461
CB37	fig 6666666.3233.peg.3265 CDS	contig00069	33653	33255	-2	-	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.3266 CDS	contig00069	33845	34699	2	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.3267 CDS	contig00069	35990	34797	-2	-	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.3268 CDS	contig00069	38284	36353	-1	-	1932

CB37	fig 6666666.3233.peg.3269 CDS	contig00069	38664	40667	3	+	2004
CB37	fig 6666666.3233.peg.3270 CDS	contig00069	40739	41533	2	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.3271 CDS	contig00069	41928	41572	-3	-	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.3272 CDS	contig00069	42228	43055	3	+	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.3273 CDS	contig00069	43800	43120	-3	-	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.3274 CDS	contig00069	44306	45562	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.3275 CDS	contig00069	45863	46267	2	+	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.3276 CDS	contig00069	47920	46736	-1	-	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.3277 CDS	contig00069	48030	47917	-3	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3278 CDS	contig00069	48612	48109	-3	-	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.3279 CDS	contig00069	48611	48760	2	+	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.3280 CDS	contig00069	49640	49032	-2	-	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.3281 CDS	contig00069	50139	49642	-3	-	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.3282 CDS	contig00069	50949	50251	-3	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.3283 CDS	contig00069	51529	52977	1	+	1449
CB37	fig 6666666.3233.peg.3284 CDS	contig00069	54452	52983	-2	-	1470
CB37	fig 6666666.3233.peg.3285 CDS	contig00069	54902	55636	2	+	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.3286 CDS	contig00069	55643	56482	2	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.3287 CDS	contig00069	56806	59922	1	+	3117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3288 CDS	contig00069	61320	60028	-3	-	1293
CB37	fig 6666666.3233.peg.3289 CDS	contig00069	63105	61486	-3	-	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.3290 CDS	contig00069	64256	63270	-2	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.3291 CDS	contig00069	64583	64320	-2	-	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.3292 CDS	contig00069	65388	64750	-3	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.3293 CDS	contig00069	65696	65944	2	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.3294 CDS	contig00069	66585	66304	-3	-	282
CB37	fig 6666666.3233.peg.3295 CDS	contig00069	68998	66992	-1	-	2007
CB37	fig 6666666.3233.peg.3296 CDS	contig00069	69115	70086	1	+	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.3297 CDS	contig00069	70182	70568	3	+	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.3298 CDS	contig00069	71411	70656	-2	-	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3299 CDS	contig00069	72364	71414	-1	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.3300 CDS	contig00069	73292	72357	-2	-	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.3301 CDS	contig00069	74223	73315	-3	-	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.3302 CDS	contig00069	74526	74681	3	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.3303 CDS	contig00069	75446	74766	-2	-	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.3304 CDS	contig00069	76300	75569	-1	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.3305 CDS	contig00069	77042	76305	-2	-	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.3306 CDS	contig00069	77341	77201	-1	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.3307 CDS	contig00069	78653	77646	-2	-	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.3308 CDS	contig00069	79586	78669	-2	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.3309 CDS	contig00069	80669	79791	-2	-	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.3310 CDS	contig00069	81745	80762	-1	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.3311 CDS	contig00069	83247	81742	-3	-	1506
CB37	fig 6666666.3233.peg.3312 CDS	contig00069	83691	83272	-3	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.3313 CDS	contig00069	84233	86569	2	+	2337
CB37	fig 6666666.3233.peg.3314 CDS	contig00069	87419	86664	-2	-	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3315 CDS	contig00069	87563	87444	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.3316 CDS	contig00069	87729	87556	-3	-	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.3317 CDS	contig00069	88476	87778	-3	-	699



CB37	fig 6666666.3233.peg.3318 CDS	contig00069	89380	88943	-1	-	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.3319 CDS	contig00069	89843	89724	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.3320 CDS	contig00069	89925	90596	3	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.3321 CDS	contig00069	90831	90682	-3	-	150
CB37	fig 6666666.3233.peg.3322 CDS	contig00069	91309	91626	1	+	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.3323 CDS	contig00069	92389	91712	-1	-	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.3324 CDS	contig00069	92847	92440	-3	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.3325 CDS	contig00069	93503	92985	-2	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.3326 CDS	contig00069	93680	93811	2	+	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.3327 CDS	contig00069	94492	94085	-1	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.3328 CDS	contig00069	95453	94596	-2	-	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.3329 CDS	contig00069	96473	95463	-2	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.3330 CDS	contig00069	97436	96969	-2	-	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.3331 CDS	contig00069	99917	97557	-2	-	2361
CB37	fig 6666666.3233.peg.3332 CDS	contig00069	100845	99910	-3	-	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.3333 CDS	contig00069	101147	103882	2	+	2736
CB37	fig 6666666.3233.peg.3334 CDS	contig00069	103969	104748	1	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.3335 CDS	contig00069	104749	105891	1	+	1143
CB37	fig 6666666.3233.peg.3336 CDS	contig00069	105950	107617	2	+	1668
CB37	fig 6666666.3233.peg.3337 CDS	contig00069	107772	107656	-3	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3338 CDS	contig00070	2418	67	-3	-	2352
CB37	fig 6666666.3233.peg.3339 CDS	contig00070	3829	2549	-1	-	1281
CB37	fig 6666666.3233.peg.3340 CDS	contig00070	4503	3901	-3	-	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.3341 CDS	contig00070	5937	4633	-3	-	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.3342 CDS	contig00070	6465	8258	3	+	1794
CB37	fig 6666666.3233.peg.3343 CDS	contig00070	8274	9611	3	+	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.3344 CDS	contig00070	11291	9930	-2	-	1362
CB37	fig 6666666.3233.peg.3345 CDS	contig00070	11966	11295	-2	-	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.3346 CDS	contig00070	13089	12094	-3	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.3347 CDS	contig00070	14773	13304	-1	-	1470
CB37	fig 6666666.3233.peg.3348 CDS	contig00070	18016	14990	-1	-	3027
CB37	fig 6666666.3233.peg.3349 CDS	contig00070	19582	18215	-1	-	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.3350 CDS	contig00070	20241	19579	-3	-	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.3351 CDS	contig00070	21814	20579	-1	-	1236
CB37	fig 6666666.3233.peg.3352 CDS	contig00070	22045	23334	1	+	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.3353 CDS	contig00070	25328	23397	-2	-	1932
CB37	fig 6666666.3233.peg.3354 CDS	contig00070	25333	26205	1	+	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.3355 CDS	contig00070	27162	26221	-3	-	942
CB37	fig 6666666.3233.peg.3356 CDS	contig00070	31102	27155	-1	-	3948
CB37	fig 6666666.3233.peg.3357 CDS	contig00070	32026	31136	-1	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.3358 CDS	contig00070	33712	32093	-1	-	1620
CB37	fig 6666666.3233.peg.3359 CDS	contig00070	34893	33709	-3	-	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.3360 CDS	contig00070	35276	35157	-2	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.3361 CDS	contig00070	36390	35284	-3	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.3362 CDS	contig00070	36483	37274	3	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.3363 CDS	contig00070	38018	37299	-2	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.3364 CDS	contig00070	39289	38162	-1	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.3365 CDS	contig00070	39894	39304	-3	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.3366 CDS	contig00070	41283	40039	-3	-	1245

CB37	fig 6666666.3233.peg.3367 CDS	contig00070	42359	41292	-2	-	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.3368 CDS	contig00070	42785	42390	-2	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.3369 CDS	contig00070	42861	43586	3	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.3370 CDS	contig00070	43583	44347	2	+	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.3371 CDS	contig00070	44364	44636	3	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.3372 CDS	contig00070	44652	44909	3	+	258
CB37	fig 6666666.3233.peg.3373 CDS	contig00070	44909	45469	2	+	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.3374 CDS	contig00070	45475	46845	1	+	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.3375 CDS	contig00070	46857	47216	3	+	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.3376 CDS	contig00070	47218	48960	1	+	1743
CB37	fig 6666666.3233.peg.3377 CDS	contig00070	48944	50497	2	+	1554
CB37	fig 6666666.3233.peg.3378 CDS	contig00070	50497	50943	1	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.3379 CDS	contig00070	50943	51572	3	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3380 CDS	contig00070	51544	53886	1	+	2343
CB37	fig 6666666.3233.peg.3381 CDS	contig00070	53883	54494	3	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.3382 CDS	contig00070	54516	55703	3	+	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.3383 CDS	contig00070	55744	56160	1	+	417
CB37	fig 6666666.3233.peg.3384 CDS	contig00070	56157	56882	3	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.3385 CDS	contig00070	56879	58102	2	+	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.3386 CDS	contig00070	59300	58164	-2	-	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.3387 CDS	contig00070	60005	59436	-2	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.3388 CDS	contig00070	61555	60008	-1	-	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.3389 CDS	contig00071	973	29	-1	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.3390 CDS	contig00071	2136	1702	-3	-	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.3391 CDS	contig00071	2708	2340	-2	-	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.3392 CDS	contig00071	4261	3509	-1	-	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.3393 CDS	contig00071	4734	4552	-3	-	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.3394 CDS	contig00087	286	411	1	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.3395 CDS	contig00087	1968	787	-3	-	1182
CB37	fig 6666666.3233.peg.3396 CDS	contig00087	3179	1968	-2	-	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.3397 CDS	contig00087	3889	3197	-1	-	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.3398 CDS	contig00087	4866	3928	-3	-	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.3399 CDS	contig00087	5215	7743	1	+	2529
CB37	fig 6666666.3233.peg.3400 CDS	contig00087	8133	7819	-3	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.3401 CDS	contig00087	8208	8324	3	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3402 CDS	contig00087	8386	9639	1	+	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.3403 CDS	contig00087	9650	10480	2	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.3404 CDS	contig00087	10474	11205	1	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.3405 CDS	contig00087	11303	12112	2	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.3406 CDS	contig00087	12125	12841	2	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.3407 CDS	contig00087	12980	15466	2	+	2487
CB37	fig 6666666.3233.peg.3408 CDS	contig00087	16173	15577	-3	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.3409 CDS	contig00087	17723	16173	-2	-	1551
CB37	fig 6666666.3233.peg.3410 CDS	contig00087	17873	18235	2	+	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.3411 CDS	contig00087	19129	18305	-1	-	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.3412 CDS	contig00087	20290	19301	-1	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.3413 CDS	contig00087	20356	20970	1	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.3414 CDS	contig00087	20999	22222	2	+	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.3415 CDS	contig00087	22325	22660	2	+	336

CB37	fig 6666666.3233.peg.3416 CDS	contig00087	22688	23689	2	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.3417 CDS	contig00087	23701	24195	1	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.3418 CDS	contig00087	24490	25671	1	+	1182
CB37	fig 6666666.3233.peg.3419 CDS	contig00087	26141	25761	-2	-	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.3420 CDS	contig00087	26392	27405	1	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.3421 CDS	contig00087	27736	27407	-1	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.3422 CDS	contig00087	27978	28343	3	+	366
CB37	fig 6666666.3233.peg.3423 CDS	contig00087	28563	28408	-3	-	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.3424 CDS	contig00087	29235	29098	-3	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.3425 CDS	contig00087	29364	29984	3	+	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.3426 CDS	contig00087	30054	30275	3	+	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.3427 CDS	contig00087	30388	30972	1	+	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.3428 CDS	contig00087	31304	31038	-2	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.3429 CDS	contig00087	31929	31330	-3	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.3430 CDS	contig00087	32153	33373	2	+	1221
CB37	fig 6666666.3233.peg.3431 CDS	contig00087	33396	34070	3	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.3432 CDS	contig00087	34060	35028	1	+	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.3433 CDS	contig00087	35204	36061	2	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.3434 CDS	contig00087	36474	36794	3	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.3435 CDS	contig00087	36794	37636	2	+	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.3436 CDS	contig00087	38150	37740	-2	-	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.3437 CDS	contig00087	38304	38843	3	+	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.3438 CDS	contig00087	38844	39698	3	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.3439 CDS	contig00087	42209	39783	-2	-	2427
CB37	fig 6666666.3233.peg.3440 CDS	contig00087	42578	43198	2	+	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.3441 CDS	contig00087	43433	44227	2	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.3442 CDS	contig00087	44283	45626	3	+	1344
CB37	fig 6666666.3233.peg.3443 CDS	contig00087	47095	45695	-1	-	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.3444 CDS	contig00087	47387	48028	2	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.3445 CDS	contig00087	48028	48393	1	+	366
CB37	fig 6666666.3233.peg.3446 CDS	contig00087	48689	49942	2	+	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.3447 CDS	contig00087	50372	50133	-2	-	240
CB37	fig 6666666.3233.peg.3448 CDS	contig00087	54327	51205	-3	-	3123
CB37	fig 6666666.3233.peg.3449 CDS	contig00087	55363	54332	-1	-	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.3450 CDS	contig00087	56489	55356	-2	-	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.3451 CDS	contig00087	57327	56491	-3	-	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.3452 CDS	contig00087	59276	57717	-2	-	1560
CB37	fig 6666666.3233.peg.3453 CDS	contig00087	60343	59477	-1	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.3454 CDS	contig00087	63036	60340	-3	-	2697
CB37	fig 6666666.3233.peg.3455 CDS	contig00087	63273	63740	3	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.3456 CDS	contig00087	63737	64186	2	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.3457 CDS	contig00087	64225	64656	1	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.3458 CDS	contig00087	65002	64664	-1	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.3459 CDS	contig00087	65142	65393	3	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.3460 CDS	contig00087	65550	66542	3	+	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.3461 CDS	contig00087	66760	66539	-1	-	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.3462 CDS	contig00087	66838	67827	1	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.3463 CDS	contig00087	67791	68384	3	+	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.3464 CDS	contig00087	69069	68425	-3	-	645

CB37	fig 6666666.3233.peg.3465 CDS	contig00087	69516	70451	3	+	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.3466 CDS	contig00087	71771	70662	-2	-	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.3467 CDS	contig00087	72215	74068	2	+	1854
CB37	fig 6666666.3233.peg.3468 CDS	contig00087	74151	74834	3	+	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.3469 CDS	contig00087	74905	75681	1	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.3470 CDS	contig00087	76099	75644	-1	-	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.3471 CDS	contig00088	690	307	-3	-	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.3472 CDS	contig00088	3471	847	-3	-	2625
CB37	fig 6666666.3233.peg.3473 CDS	contig00088	4449	3571	-3	-	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.3474 CDS	contig00088	4847	5575	2	+	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.3475 CDS	contig00088	5707	6552	1	+	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.3476 CDS	contig00088	6707	7438	2	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.3477 CDS	contig00088	7534	8091	1	+	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.3478 CDS	contig00088	8188	8943	1	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3479 CDS	contig00088	8956	9798	1	+	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.3480 CDS	contig00088	9850	11055	1	+	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.3481 CDS	contig00088	11055	12413	3	+	1359
CB37	fig 6666666.3233.peg.3482 CDS	contig00088	12458	14872	2	+	2415
CB37	fig 6666666.3233.peg.3483 CDS	contig00088	14886	15395	3	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.3484 CDS	contig00088	15402	16433	3	+	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.3485 CDS	contig00088	16607	17059	2	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.3486 CDS	contig00088	17061	17849	3	+	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.3487 CDS	contig00088	17958	17839	-3	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.3488 CDS	contig00088	17987	19126	2	+	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.3489 CDS	contig00088	19136	19774	2	+	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.3490 CDS	contig00088	19867	23346	1	+	3480
CB37	fig 6666666.3233.peg.3491 CDS	contig00088	23394	24353	3	+	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.3492 CDS	contig00088	24441	25772	3	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.3493 CDS	contig00088	25834	26148	1	+	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.3494 CDS	contig00088	26362	26706	1	+	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.3495 CDS	contig00088	26937	27788	3	+	852
CB37	fig 6666666.3233.peg.3496 CDS	contig00088	28498	27812	-1	-	687
CB37	fig 6666666.3233.peg.3497 CDS	contig00088	30081	28495	-3	-	1587
CB37	fig 6666666.3233.peg.3498 CDS	contig00088	31092	30334	-3	-	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.3499 CDS	contig00088	31132	31887	1	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3500 CDS	contig00088	32348	31884	-2	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.3501 CDS	contig00088	32497	33126	1	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3502 CDS	contig00088	33138	34388	3	+	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.3503 CDS	contig00088	34863	35369	3	+	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.3504 CDS	contig00088	38510	36066	-2	-	2445
CB37	fig 6666666.3233.peg.3505 CDS	contig00088	38870	39445	2	+	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.3506 CDS	contig00088	39507	40352	3	+	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.3507 CDS	contig00088	40352	40465	2	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3508 CDS	contig00088	41389	40751	-1	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.3509 CDS	contig00088	42834	41794	-3	-	1041
CB37	fig 6666666.3233.peg.3510 CDS	contig00088	43014	43640	3	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.3511 CDS	contig00088	45032	43779	-2	-	1254
CB37	fig 6666666.3233.peg.3512 CDS	contig00088	45269	46564	2	+	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.3513 CDS	contig00088	47125	46685	-1	-	441

CB37	fig 6666666.3233.peg.3514 CDS	contig00088	47718	47146	-3	-	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.3515 CDS	contig00088	48081	47719	-3	-	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.3516 CDS	contig00088	49540	48086	-1	-	1455
CB37	fig 6666666.3233.peg.3517 CDS	contig00088	49492	49635	1	+	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.3518 CDS	contig00088	49832	50044	2	+	213
CB37	fig 6666666.3233.peg.3519 CDS	contig00088	50037	51107	3	+	1071
CB37	fig 6666666.3233.peg.3520 CDS	contig00088	51643	51173	-1	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.3521 CDS	contig00088	52201	51659	-1	-	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.3522 CDS	contig00088	52598	53476	2	+	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.3523 CDS	contig00088	53529	54548	3	+	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.3524 CDS	contig00088	54817	54656	-1	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.3525 CDS	contig00088	55554	54856	-3	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.3526 CDS	contig00088	56728	55592	-1	-	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.3527 CDS	contig00088	57097	56747	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.3528 CDS	contig00088	57436	57687	1	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.3529 CDS	contig00088	58058	57726	-2	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.3530 CDS	contig00088	58413	58060	-3	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.3531 CDS	contig00088	58747	59043	1	+	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.3532 CDS	contig00088	59087	59989	2	+	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.3533 CDS	contig00088	61080	60070	-3	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.3534 CDS	contig00088	61409	62761	2	+	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.3535 CDS	contig00088	62850	64277	3	+	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.3536 CDS	contig00088	64431	65564	3	+	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.3537 CDS	contig00093	240	22	-3	-	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.3538 CDS	contig00093	1022	321	-2	-	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.3539 CDS	contig00093	1729	1019	-1	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.3540 CDS	contig00093	1822	2247	1	+	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.3541 CDS	contig00093	2297	2416	2	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.3542 CDS	contig00093	2587	3867	1	+	1281
CB37	fig 6666666.3233.peg.3543 CDS	contig00093	4181	3933	-2	-	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.3544 CDS	contig00093	4661	7291	2	+	2631
CB37	fig 6666666.3233.peg.3545 CDS	contig00093	7731	7844	3	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3546 CDS	contig00093	7823	9040	2	+	1218
CB37	fig 6666666.3233.peg.3547 CDS	contig00093	9045	10487	3	+	1443
CB37	fig 6666666.3233.peg.3548 CDS	contig00093	10676	11413	2	+	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.3549 CDS	contig00093	11763	11446	-3	-	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.3550 CDS	contig00093	12452	11763	-2	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.3551 CDS	contig00093	13162	12572	-1	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.3552 CDS	contig00093	14651	13647	-2	-	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.3553 CDS	contig00093	15745	15098	-1	-	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.3554 CDS	contig00093	15979	16692	1	+	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.3555 CDS	contig00093	17564	16773	-2	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.3556 CDS	contig00093	17679	18470	3	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.3557 CDS	contig00093	18473	19810	2	+	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.3558 CDS	contig00093	19791	20516	3	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.3559 CDS	contig00093	20513	24982	2	+	4470
CB37	fig 6666666.3233.peg.3560 CDS	contig00093	25262	25110	-2	-	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.3561 CDS	contig00093	26430	25462	-3	-	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.3562 CDS	contig00093	27939	26434	-3	-	1506

CB37	fig 6666666.3233.peg.3563 CDS	contig00093	28697	27951	-2	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.3564 CDS	contig00093	29890	28919	-1	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.3565 CDS	contig00093	30813	30076	-3	-	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.3566 CDS	contig00093	31751	30918	-2	-	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.3567 CDS	contig00093	32057	33835	2	+	1779
CB37	fig 6666666.3233.peg.3568 CDS	contig00093	33936	34457	3	+	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.3569 CDS	contig00093	34580	36031	2	+	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.3570 CDS	contig00093	36053	36724	2	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.3571 CDS	contig00093	36746	37750	2	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.3572 CDS	contig00093	38212	39798	1	+	1587
CB37	fig 6666666.3233.peg.3573 CDS	contig00093	39816	40952	3	+	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.3574 CDS	contig00093	41170	41367	1	+	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.3575 CDS	contig00093	41539	41958	1	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.3576 CDS	contig00093	42011	42646	2	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.3577 CDS	contig00093	42650	43093	2	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.3578 CDS	contig00093	43107	44171	3	+	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.3579 CDS	contig00093	44188	45540	1	+	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.3580 CDS	contig00093	45573	46094	3	+	522
CB37	fig 6666666.3233.peg.3581 CDS	contig00093	46110	46865	3	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3582 CDS	contig00093	47086	48147	1	+	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.3583 CDS	contig00093	48280	49323	1	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.3584 CDS	contig00093	49329	49739	3	+	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.3585 CDS	contig00093	49748	50317	2	+	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.3586 CDS	contig00093	50323	51489	1	+	1167
CB37	fig 6666666.3233.peg.3587 CDS	contig00093	52125	51556	-3	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.3588 CDS	contig00093	52220	54640	2	+	2421
CB37	fig 6666666.3233.peg.3589 CDS	contig00093	55213	55662	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.3590 CDS	contig00093	56268	57302	3	+	1035
CB37	fig 6666666.3233.peg.3591 CDS	contig00093	57515	60367	2	+	2853
CB37	fig 6666666.3233.peg.3592 CDS	contig00093	60472	62115	1	+	1644
CB37	fig 6666666.3233.peg.3593 CDS	contig00093	62214	64253	3	+	2040
CB37	fig 6666666.3233.peg.3594 CDS	contig00093	64246	65559	1	+	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.3595 CDS	contig00093	75426	65674	-3	-	9753
CB37	fig 6666666.3233.peg.3596 CDS	contig00096	68	3964	2	+	3897
CB37	fig 6666666.3233.peg.3597 CDS	contig00096	5208	4015	-3	-	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.3598 CDS	contig00096	6798	5395	-3	-	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.3599 CDS	contig00096	6889	7161	1	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.3600 CDS	contig00096	7564	7235	-1	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.3601 CDS	contig00096	8580	7918	-3	-	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.3602 CDS	contig00096	9684	8935	-3	-	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.3603 CDS	contig00096	10805	9708	-2	-	1098
CB37	fig 6666666.3233.peg.3604 CDS	contig00096	12012	10807	-3	-	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.3605 CDS	contig00096	13121	12093	-2	-	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.3606 CDS	contig00096	13583	14503	2	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.3607 CDS	contig00096	15143	14661	-2	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.3608 CDS	contig00096	16228	15176	-1	-	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.3609 CDS	contig00096	16625	17116	2	+	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.3610 CDS	contig00096	18494	17142	-2	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.3611 CDS	contig00096	18678	19514	3	+	837

CB37	fig 6666666.3233.peg.3612 CDS	contig00096	21567	20131	-3	-	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.3613 CDS	contig00096	24263	21702	-2	-	2562
CB37	fig 6666666.3233.peg.3614 CDS	contig00096	25533	24349	-3	-	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.3615 CDS	contig00096	27417	25621	-3	-	1797
CB37	fig 6666666.3233.peg.3616 CDS	contig00096	27509	27982	2	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.3617 CDS	contig00096	28081	28707	1	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.3618 CDS	contig00096	28725	30719	3	+	1995
CB37	fig 6666666.3233.peg.3619 CDS	contig00096	30929	31594	2	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.3620 CDS	contig00096	31827	34433	3	+	2607
CB37	fig 6666666.3233.peg.3621 CDS	contig00096	34918	39759	1	+	4842
CB37	fig 6666666.3233.peg.3622 CDS	contig00096	40064	41074	2	+	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.3623 CDS	contig00096	41243	41785	2	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.3624 CDS	contig00096	42297	44420	3	+	2124
CB37	fig 6666666.3233.peg.3625 CDS	contig00096	44490	44690	3	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.3626 CDS	contig00096	44668	46587	1	+	1920
CB37	fig 6666666.3233.peg.3627 CDS	contig00096	46595	48367	2	+	1773
CB37	fig 6666666.3233.peg.3628 CDS	contig00096	48539	48712	2	+	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.3629 CDS	contig00096	49402	48884	-1	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.3630 CDS	contig00096	51113	49473	-2	-	1641
CB37	fig 6666666.3233.peg.3631 CDS	contig00096	51325	51774	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.3632 CDS	contig00096	51785	52096	2	+	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.3633 CDS	contig00096	52212	52535	3	+	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.3634 CDS	contig00096	52667	53881	2	+	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.3635 CDS	contig00096	54443	54315	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.3636 CDS	contig00096	54868	55023	1	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.3637 CDS	contig00096	56020	55061	-1	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.3638 CDS	contig00100	389	808	2	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.3639 CDS	contig00100	1507	890	-1	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.3640 CDS	contig00100	2242	1703	-1	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.3641 CDS	contig00100	2839	2387	-1	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.3642 CDS	contig00100	3815	2895	-2	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.3643 CDS	contig00100	3934	5568	1	+	1635
CB37	fig 6666666.3233.peg.3644 CDS	contig00100	5610	7415	3	+	1806
CB37	fig 6666666.3233.peg.3645 CDS	contig00100	7671	8849	3	+	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.3646 CDS	contig00100	8913	11687	3	+	2775
CB37	fig 6666666.3233.peg.3647 CDS	contig00100	12661	11750	-1	-	912
CB37	fig 6666666.3233.peg.3648 CDS	contig00100	14145	12757	-3	-	1389
CB37	fig 6666666.3233.peg.3649 CDS	contig00100	14619	15314	3	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.3650 CDS	contig00100	17443	15410	-1	-	2034
CB37	fig 6666666.3233.peg.3651 CDS	contig00100	17827	18123	1	+	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.3652 CDS	contig00100	18310	18573	1	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.3653 CDS	contig00100	18764	19849	2	+	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.3654 CDS	contig00100	20965	19955	-1	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.3655 CDS	contig00100	21660	21061	-3	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.3656 CDS	contig00100	21782	22264	2	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.3657 CDS	contig00100	23121	22306	-3	-	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.3658 CDS	contig00100	23206	23448	1	+	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.3659 CDS	contig00100	23503	24195	1	+	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.3660 CDS	contig00100	24396	24902	3	+	507

CB37	fig 6666666.3233.peg.3661 CDS	contig00100	25065	25229	3	+	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.3662 CDS	contig00100	25430	26206	2	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.3663 CDS	contig00100	27523	26285	-1	-	1239
CB37	fig 6666666.3233.peg.3664 CDS	contig00100	28221	27679	-3	-	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.3665 CDS	contig00100	29017	28451	-1	-	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.3666 CDS	contig00100	30360	29185	-3	-	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.3667 CDS	contig00100	30864	30520	-3	-	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.3668 CDS	contig00100	31088	31555	2	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.3669 CDS	contig00100	31567	31782	1	+	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.3670 CDS	contig00100	33079	31892	-1	-	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.3671 CDS	contig00100	34000	33209	-1	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.3672 CDS	contig00100	35091	34108	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.3673 CDS	contig00100	35413	35928	1	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.3674 CDS	contig00100	35940	37241	3	+	1302
CB37	fig 6666666.3233.peg.3675 CDS	contig00100	37337	38800	2	+	1464
CB37	fig 6666666.3233.peg.3676 CDS	contig00100	38813	40225	2	+	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.3677 CDS	contig00100	40229	41206	2	+	978
CB37	fig 6666666.3233.peg.3678 CDS	contig00100	41216	41845	2	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3679 CDS	contig00100	42174	42698	3	+	525
CB37	fig 6666666.3233.peg.3680 CDS	contig00100	43435	42806	-1	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3681 CDS	contig00100	43970	43857	-2	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3682 CDS	contig00100	44402	44085	-2	-	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.3683 CDS	contig00100	44502	44386	-3	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3684 CDS	contig00100	46069	44798	-1	-	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.3685 CDS	contig00100	46119	46256	3	+	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.3686 CDS	contig00100	46506	47345	3	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.3687 CDS	contig00100	47974	47393	-1	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.3688 CDS	contig00100	48615	47974	-3	-	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.3689 CDS	contig00100	49525	48608	-1	-	918
CB37	fig 6666666.3233.peg.3690 CDS	contig00100	50406	49654	-3	-	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.3691 CDS	contig00100	51249	50416	-3	-	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.3692 CDS	contig00100	53021	51264	-2	-	1758
CB37	fig 6666666.3233.peg.3693 CDS	contig00100	54193	53033	-1	-	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.3694 CDS	contig00100	54522	55769	3	+	1248
CB37	fig 6666666.3233.peg.3695 CDS	contig00100	55845	56996	3	+	1152
CB37	fig 6666666.3233.peg.3696 CDS	contig00100	57012	58757	3	+	1746
CB37	fig 6666666.3233.peg.3697 CDS	contig00100	58854	60725	3	+	1872
CB37	fig 6666666.3233.peg.3698 CDS	contig00100	60729	61436	3	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.3699 CDS	contig00100	62513	61512	-2	-	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.3700 CDS	contig00100	62921	64759	2	+	1839
CB37	fig 6666666.3233.peg.3701 CDS	contig00100	65082	65198	3	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3702 CDS	contig00100	65400	66107	3	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.3703 CDS	contig00100	66684	66208	-3	-	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.3704 CDS	contig00100	67007	67174	2	+	168
CB37	fig 6666666.3233.peg.3705 CDS	contig00100	67376	67182	-2	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.3706 CDS	contig00100	67965	68327	3	+	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.3707 CDS	contig00100	68314	68763	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.3708 CDS	contig00100	68976	69326	3	+	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.3709 CDS	contig00100	69584	69345	-2	-	240



CB37	fig 6666666.3233.peg.3710 CDS	contig00100	69999	70529	3	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.3711 CDS	contig00100	71134	70625	-1	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.3712 CDS	contig00100	72808	71315	-1	-	1494
CB37	fig 6666666.3233.peg.3713 CDS	contig00100	73653	72946	-3	-	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.3714 CDS	contig00100	76796	73665	-2	-	3132
CB37	fig 6666666.3233.peg.3715 CDS	contig00100	78009	77197	-3	-	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.3716 CDS	contig00100	78784	79503	1	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.3717 CDS	contig00100	80207	79572	-2	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.3718 CDS	contig00100	80351	82294	2	+	1944
CB37	fig 6666666.3233.peg.3719 CDS	contig00100	82287	83516	3	+	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.3720 CDS	contig00100	83626	85017	1	+	1392
CB37	fig 6666666.3233.peg.3721 CDS	contig00100	85268	85816	2	+	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.3722 CDS	contig00100	85876	87735	1	+	1860
CB37	fig 6666666.3233.peg.3723 CDS	contig00100	87752	89866	2	+	2115
CB37	fig 6666666.3233.peg.3724 CDS	contig00100	90034	89921	-1	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3725 CDS	contig00100	90259	90846	1	+	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.3726 CDS	contig00100	90922	91566	1	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.3727 CDS	contig00100	93254	91629	-2	-	1626
CB37	fig 6666666.3233.peg.3728 CDS	contig00100	93492	94136	3	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.3729 CDS	contig00100	94760	94221	-2	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.3730 CDS	contig00100	95815	94916	-1	-	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.3731 CDS	contig00100	95908	96561	1	+	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.3732 CDS	contig00100	98316	96637	-3	-	1680
CB37	fig 6666666.3233.peg.3733 CDS	contig00100	98847	99365	3	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.3734 CDS	contig00100	99367	100305	1	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.3735 CDS	contig00100	100411	103503	1	+	3093
CB37	fig 6666666.3233.peg.3736 CDS	contig00100	103683	104999	3	+	1317
CB37	fig 6666666.3233.peg.3737 CDS	contig00100	105150	106562	3	+	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.3738 CDS	contig00100	106769	107494	2	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.3739 CDS	contig00100	107559	109037	3	+	1479
CB37	fig 6666666.3233.peg.3740 CDS	contig00100	109357	110052	1	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.3741 CDS	contig00100	110056	110487	1	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.3742 CDS	contig00100	110484	111302	3	+	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.3743 CDS	contig00100	113429	111408	-2	-	2022
CB37	fig 6666666.3233.peg.3744 CDS	contig00100	114519	113545	-3	-	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.3745 CDS	contig00100	115744	114527	-1	-	1218
CB37	fig 6666666.3233.peg.3746 CDS	contig00100	115825	115938	1	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.3747 CDS	contig00100	116984	118954	2	+	1971
CB37	fig 6666666.3233.peg.3748 CDS	contig00100	119745	119278	-3	-	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.3749 CDS	contig00100	120677	119745	-2	-	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.3750 CDS	contig00100	121462	120674	-1	-	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.3751 CDS	contig00100	121890	122087	3	+	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.3752 CDS	contig00100	122254	123312	1	+	1059
CB37	fig 6666666.3233.peg.3753 CDS	contig00100	124127	123408	-2	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.3754 CDS	contig00100	124232	126157	2	+	1926
CB37	fig 6666666.3233.peg.3755 CDS	contig00100	126252	126461	3	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.3756 CDS	contig00100	126597	127313	3	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.3757 CDS	contig00100	128479	127397	-1	-	1083
CB37	fig 6666666.3233.peg.3758 CDS	contig00100	129794	128784	-2	-	1011

CB37	fig 6666666.3233.peg.3759 CDS	contig00100	130854	129805	-3	-	1050
CB37	fig 6666666.3233.peg.3760 CDS	contig00100	130974	131894	3	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.3761 CDS	contig00100	131979	132647	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.3762 CDS	contig00100	132657	133355	3	+	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.3763 CDS	contig00100	133343	134611	2	+	1269
CB37	fig 6666666.3233.peg.3764 CDS	contig00100	134604	135389	3	+	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.3765 CDS	contig00100	135435	136763	3	+	1329
CB37	fig 6666666.3233.peg.3766 CDS	contig00100	136764	137786	3	+	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.3767 CDS	contig00100	137802	138593	3	+	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.3768 CDS	contig00100	139227	138733	-3	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.3769 CDS	contig00100	140942	139350	-2	-	1593
CB37	fig 6666666.3233.peg.3770 CDS	contig00100	141585	141187	-3	-	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.3771 CDS	contig00100	142388	141615	-2	-	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.3772 CDS	contig00100	142587	143219	3	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.3773 CDS	contig00100	143963	145015	2	+	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.3774 CDS	contig00100	145624	145106	-1	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.3775 CDS	contig00100	146658	145828	-3	-	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.3776 CDS	contig00100	147515	146658	-2	-	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.3777 CDS	contig00100	147883	147512	-1	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.3778 CDS	contig00100	148331	149557	2	+	1227
CB37	fig 6666666.3233.peg.3779 CDS	contig00100	149802	150557	3	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3780 CDS	contig00100	151385	150609	-2	-	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.3781 CDS	contig00100	151928	152737	2	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.3782 CDS	contig00100	153403	154785	1	+	1383
CB37	fig 6666666.3233.peg.3783 CDS	contig00100	154840	155949	1	+	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.3784 CDS	contig00100	156120	156953	3	+	834
CB37	fig 6666666.3233.peg.3785 CDS	contig00100	157414	158322	1	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.3786 CDS	contig00100	158400	158702	3	+	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.3787 CDS	contig00100	158713	159033	1	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.3788 CDS	contig00100	159045	160748	3	+	1704
CB37	fig 6666666.3233.peg.3789 CDS	contig00100	160768	161277	1	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.3790 CDS	contig00100	161267	161974	2	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.3791 CDS	contig00100	162005	162619	2	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.3792 CDS	contig00100	162863	163870	2	+	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.3793 CDS	contig00100	164886	163984	-3	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.3794 CDS	contig00100	165034	165795	1	+	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.3795 CDS	contig00100	165805	166794	1	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.3796 CDS	contig00100	166787	167791	2	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.3797 CDS	contig00100	168147	167920	-3	-	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.3798 CDS	contig00100	169612	170877	1	+	1266
CB37	fig 6666666.3233.peg.3799 CDS	contig00100	171338	170946	-2	-	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.3800 CDS	contig00100	172398	171553	-3	-	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.3801 CDS	contig00100	173177	173800	2	+	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.3802 CDS	contig00100	174314	174108	-2	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.3803 CDS	contig00100	174675	175379	3	+	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.3804 CDS	contig00100	177013	175946	-1	-	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.3805 CDS	contig00100	177893	177138	-2	-	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.3806 CDS	contig00100	178280	180040	2	+	1761
CB37	fig 6666666.3233.peg.3807 CDS	contig00100	180164	180640	2	+	477

CB37	fig 6666666.3233.peg.3808 CDS	contig00100	180650	181342	2	+	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.3809 CDS	contig00100	181347	182168	3	+	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.3810 CDS	contig00100	182174	182821	2	+	648
CB37	fig 6666666.3233.peg.3811 CDS	contig00100	182830	183711	1	+	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.3812 CDS	contig00100	183952	184323	1	+	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.3813 CDS	contig00100	184475	185341	2	+	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.3814 CDS	contig00100	186268	185468	-1	-	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.3815 CDS	contig00100	186644	186895	2	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.3816 CDS	contig00100	187395	187042	-3	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.3817 CDS	contig00100	187544	188437	2	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.3818 CDS	contig00100	189040	188597	-1	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.3819 CDS	contig00100	189593	189390	-2	-	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.3820 CDS	contig00100	189797	191164	2	+	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.3821 CDS	contig00100	191161	191643	1	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.3822 CDS	contig00100	191752	192573	1	+	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.3823 CDS	contig00100	193029	192763	-3	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.3824 CDS	contig00100	194448	193096	-3	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.3825 CDS	contig00100	195377	194535	-2	-	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.3826 CDS	contig00100	196506	195469	-3	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.3827 CDS	contig00100	199127	196602	-2	-	2526
CB37	fig 6666666.3233.peg.3828 CDS	contig00100	199824	199114	-3	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.3829 CDS	contig00100	200295	200050	-3	-	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.3830 CDS	contig00100	200600	201301	2	+	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.3831 CDS	contig00100	201282	201437	3	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.3832 CDS	contig00100	201735	202511	3	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.3833 CDS	contig00100	202520	203830	2	+	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.3834 CDS	contig00100	203827	204984	1	+	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.3835 CDS	contig00100	205007	205480	2	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.3836 CDS	contig00100	205497	206273	3	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.3837 CDS	contig00100	206263	207147	1	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.3838 CDS	contig00100	207207	207647	3	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.3839 CDS	contig00100	207637	208842	1	+	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.3840 CDS	contig00100	208833	209687	3	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.3841 CDS	contig00100	210206	209811	-2	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.3842 CDS	contig00100	212230	210239	-1	-	1992
CB37	fig 6666666.3233.peg.3843 CDS	contig00100	212443	212892	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.3844 CDS	contig00100	213652	213044	-1	-	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.3845 CDS	contig00100	213846	213965	3	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.3846 CDS	contig00100	214194	214658	3	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.3847 CDS	contig00100	214668	216401	3	+	1734
CB37	fig 6666666.3233.peg.3848 CDS	contig00100	216767	216645	-2	-	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.3849 CDS	contig00100	216967	217362	1	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.3850 CDS	contig00100	218819	217389	-2	-	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.3851 CDS	contig00100	219045	218929	-3	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.3852 CDS	contig00100	220265	219240	-2	-	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.3853 CDS	contig00100	220519	221109	1	+	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.3854 CDS	contig00100	221232	222086	3	+	855
CB37	fig 6666666.3233.peg.3855 CDS	contig00100	224746	222206	-1	-	2541
CB37	fig 6666666.3233.peg.3856 CDS	contig00100	225597	225094	-3	-	504

CB37	fig 6666666.3233.peg.3857 CDS	contig00100	225818	226102	2	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.3858 CDS	contig00100	226264	226106	-1	-	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.3859 CDS	contig00100	226244	226525	2	+	282
CB37	fig 6666666.3233.peg.3860 CDS	contig00100	227323	226577	-1	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.3861 CDS	contig00100	227766	227356	-3	-	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.3862 CDS	contig00100	228213	229538	3	+	1326
CB37	fig 6666666.3233.peg.3863 CDS	contig00100	230020	231024	1	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.3864 CDS	contig00100	231047	232294	2	+	1248
CB37	fig 6666666.3233.peg.3865 CDS	contig00100	232355	233344	2	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.3866 CDS	contig00100	233346	234230	3	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.3867 CDS	contig00100	234254	235603	2	+	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.3868 CDS	contig00100	235603	236697	1	+	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.3869 CDS	contig00100	236832	237854	3	+	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.3870 CDS	contig00100	238065	239405	3	+	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.3871 CDS	contig00100	241297	239618	-1	-	1680
CB37	fig 6666666.3233.peg.3872 CDS	contig00100	242191	243156	1	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.3873 CDS	contig00100	243307	244104	1	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.3874 CDS	contig00100	244581	244192	-3	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.3875 CDS	contig00100	245698	244607	-1	-	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.3876 CDS	contig00100	246042	245701	-3	-	342
CB37	fig 6666666.3233.peg.3877 CDS	contig00100	246440	246808	2	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.3878 CDS	contig00100	248048	246858	-2	-	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.3879 CDS	contig00100	249088	248249	-1	-	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.3880 CDS	contig00100	250425	249277	-3	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.3881 CDS	contig00100	250690	250568	-1	-	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.3882 CDS	contig00100	250717	251514	1	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.3883 CDS	contig00100	251703	252215	3	+	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.3884 CDS	contig00100	252284	253153	2	+	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.3885 CDS	contig00100	253996	253223	-1	-	774
CB37	fig 6666666.3233.peg.3886 CDS	contig00100	256151	254229	-2	-	1923
CB37	fig 6666666.3233.peg.3887 CDS	contig00100	256151	256273	2	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.3888 CDS	contig00100	256986	256402	-3	-	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.3889 CDS	contig00100	257290	257574	1	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.3890 CDS	contig00100	257790	258968	3	+	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.3891 CDS	contig00100	259654	259025	-1	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.3892 CDS	contig00100	260000	259671	-2	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.3893 CDS	contig00100	260188	260934	1	+	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.3894 CDS	contig00100	261993	261175	-3	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.3895 CDS	contig00100	262795	262010	-1	-	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.3896 CDS	contig00100	263438	263127	-2	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.3897 CDS	contig00100	264097	263447	-1	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.3898 CDS	contig00100	264604	265248	1	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.3899 CDS	contig00100	265704	266675	3	+	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.3900 CDS	contig00100	266786	269353	2	+	2568
CB37	fig 6666666.3233.peg.3901 CDS	contig00100	269612	270637	2	+	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.3902 CDS	contig00100	270634	272121	1	+	1488
CB37	fig 6666666.3233.peg.3903 CDS	contig00100	272462	272217	-2	-	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.3904 CDS	contig00100	272620	273744	1	+	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.3905 CDS	contig00100	274209	274976	3	+	768

CB37	fig 6666666.3233.peg.3906 CDS	contig00100	275013	275144	3	+	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.3907 CDS	contig00100	275502	278192	3	+	2691
CB37	fig 6666666.3233.peg.3908 CDS	contig00100	278710	279435	1	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.3909 CDS	contig00100	279716	279465	-2	-	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.3910 CDS	contig00100	280239	279820	-3	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.3911 CDS	contig00100	280875	280279	-3	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.3912 CDS	contig00100	281086	281547	1	+	462
CB37	fig 6666666.3233.peg.3913 CDS	contig00100	281544	281852	3	+	309
CB37	fig 6666666.3233.peg.3914 CDS	contig00100	283798	282203	-1	-	1596
CB37	fig 6666666.3233.peg.3915 CDS	contig00100	284456	283965	-2	-	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.3916 CDS	contig00100	284820	285266	3	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.3917 CDS	contig00100	286240	285302	-1	-	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.3918 CDS	contig00105	72	1436	3	+	1365
CB37	fig 6666666.3233.peg.3919 CDS	contig00105	1855	1496	-1	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.3920 CDS	contig00105	2046	2615	3	+	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.3921 CDS	contig00105	2673	2945	3	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.3922 CDS	contig00105	2948	3076	2	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.3923 CDS	contig00105	3147	4292	3	+	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.3924 CDS	contig00105	4296	4652	3	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.3925 CDS	contig00105	4656	4883	3	+	228
CB37	fig 6666666.3233.peg.3926 CDS	contig00105	4889	5131	2	+	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.3927 CDS	contig00105	5300	6790	2	+	1491
CB37	fig 6666666.3233.peg.3928 CDS	contig00105	6792	7136	3	+	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.3929 CDS	contig00105	7141	8526	1	+	1386
CB37	fig 6666666.3233.peg.3930 CDS	contig00105	8526	8684	3	+	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.3931 CDS	contig00107	2371	1340	-1	-	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.3932 CDS	contig00107	3706	2513	-1	-	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.3933 CDS	contig00107	6246	3919	-3	-	2328
CB37	fig 6666666.3233.peg.3934 CDS	contig00107	7175	6243	-2	-	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.3935 CDS	contig00107	8636	7236	-2	-	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.3936 CDS	contig00107	10556	9183	-2	-	1374
CB37	fig 6666666.3233.peg.3937 CDS	contig00107	11328	10597	-3	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.3938 CDS	contig00107	12170	11475	-2	-	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.3939 CDS	contig00107	12863	12180	-2	-	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.3940 CDS	contig00107	13150	13623	1	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.3941 CDS	contig00107	13701	14630	3	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.3942 CDS	contig00107	14642	15025	2	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.3943 CDS	contig00107	16513	15074	-1	-	1440
CB37	fig 6666666.3233.peg.3944 CDS	contig00107	16953	16666	-3	-	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.3945 CDS	contig00107	17588	17199	-2	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.3946 CDS	contig00107	18441	17689	-3	-	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.3947 CDS	contig00107	18969	18529	-3	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.3948 CDS	contig00107	20001	19078	-3	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.3949 CDS	contig00107	20133	21023	3	+	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.3950 CDS	contig00107	21546	22574	3	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.3951 CDS	contig00107	22698	24923	3	+	2226
CB37	fig 6666666.3233.peg.3952 CDS	contig00107	25358	24918	-2	-	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.3953 CDS	contig00107	26720	25368	-2	-	1353
CB37	fig 6666666.3233.peg.3954 CDS	contig00107	27468	26713	-3	-	756

CB37	fig 6666666.3233.peg.3955 CDS	contig00107	28492	27473	-1	-	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.3956 CDS	contig00107	30206	28455	-2	-	1752
CB37	fig 6666666.3233.peg.3957 CDS	contig00107	30566	30210	-2	-	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.3958 CDS	contig00107	31916	30582	-2	-	1335
CB37	fig 6666666.3233.peg.3959 CDS	contig00107	32704	31913	-1	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.3960 CDS	contig00107	33314	34132	2	+	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.3961 CDS	contig00107	34129	34497	1	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.3962 CDS	contig00107	34504	35283	1	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.3963 CDS	contig00107	35296	35565	1	+	270
CB37	fig 6666666.3233.peg.3964 CDS	contig00107	35592	36341	3	+	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.3965 CDS	contig00107	36338	37465	2	+	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.3966 CDS	contig00107	37497	39587	3	+	2091
CB37	fig 6666666.3233.peg.3967 CDS	contig00107	39580	40377	1	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.3968 CDS	contig00107	40710	41561	3	+	852
CB37	fig 6666666.3233.peg.3969 CDS	contig00107	42285	41998	-3	-	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.3970 CDS	contig00107	43023	44360	3	+	1338
CB37	fig 6666666.3233.peg.3971 CDS	contig00107	44380	44766	1	+	387
CB37	fig 6666666.3233.peg.3972 CDS	contig00107	44768	45070	2	+	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.3973 CDS	contig00107	45067	46131	1	+	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.3974 CDS	contig00107	46154	46663	2	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.3975 CDS	contig00107	46676	47404	2	+	729
CB37	fig 6666666.3233.peg.3976 CDS	contig00107	47415	48272	3	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.3977 CDS	contig00107	48272	49264	2	+	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.3978 CDS	contig00107	50292	49702	-3	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.3979 CDS	contig00107	51884	50445	-2	-	1440
CB37	fig 6666666.3233.peg.3980 CDS	contig00107	53017	52016	-1	-	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.3981 CDS	contig00107	53589	53212	-3	-	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.3982 CDS	contig00107	53946	53710	-3	-	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.3983 CDS	contig00107	54204	54872	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.3984 CDS	contig00107	55612	55382	-1	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.3985 CDS	contig00107	56410	55667	-1	-	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.3986 CDS	contig00107	56824	56420	-1	-	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.3987 CDS	contig00107	57382	56900	-1	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.3988 CDS	contig00107	58046	57372	-2	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.3989 CDS	contig00107	59185	58049	-1	-	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.3990 CDS	contig00107	60458	59172	-2	-	1287
CB37	fig 6666666.3233.peg.3991 CDS	contig00107	61864	60461	-1	-	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.3992 CDS	contig00107	62502	61969	-3	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.3993 CDS	contig00107	64500	62548	-3	-	1953
CB37	fig 6666666.3233.peg.3994 CDS	contig00107	65346	64945	-3	-	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.3995 CDS	contig00107	66001	65549	-1	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.3996 CDS	contig00107	66387	66142	-3	-	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.3997 CDS	contig00107	67399	66686	-1	-	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.3998 CDS	contig00107	67952	67551	-2	-	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.3999 CDS	contig00107	68384	68121	-2	-	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.4000 CDS	contig00107	69565	68546	-1	-	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.4001 CDS	contig00107	71608	69815	-1	-	1794
CB37	fig 6666666.3233.peg.4002 CDS	contig00107	72097	74814	1	+	2718
CB37	fig 6666666.3233.peg.4003 CDS	contig00107	76105	75065	-1	-	1041

CB37	fig 6666666.3233.peg.4004 CDS	contig00107	77016	76117	-3	-	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.4005 CDS	contig00107	78402	77029	-3	-	1374
CB37	fig 6666666.3233.peg.4006 CDS	contig00107	78951	78403	-3	-	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.4007 CDS	contig00107	80083	78962	-1	-	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.4008 CDS	contig00107	80772	80083	-3	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.4009 CDS	contig00107	81572	80787	-2	-	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.4010 CDS	contig00107	82364	81633	-2	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.4011 CDS	contig00107	83576	82377	-2	-	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.4012 CDS	contig00107	84286	83603	-1	-	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.4013 CDS	contig00107	84720	84286	-3	-	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.4014 CDS	contig00107	85085	84723	-2	-	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.4015 CDS	contig00107	85248	85961	3	+	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.4016 CDS	contig00107	86100	86381	3	+	282
CB37	fig 6666666.3233.peg.4017 CDS	contig00107	86404	86841	1	+	438
CB37	fig 6666666.3233.peg.4018 CDS	contig00107	86891	87562	2	+	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.4019 CDS	contig00107	88484	87966	-2	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.4020 CDS	contig00107	88745	89005	2	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.4021 CDS	contig00107	89265	89939	3	+	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.4022 CDS	contig00107	90791	89949	-2	-	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.4023 CDS	contig00107	90936	92306	3	+	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.4024 CDS	contig00107	92681	94165	2	+	1485
CB37	fig 6666666.3233.peg.4025 CDS	contig00107	95523	94252	-3	-	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.4026 CDS	contig00107	95974	95738	-1	-	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.4027 CDS	contig00107	96185	97075	2	+	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.4028 CDS	contig00107	97857	97072	-3	-	786
CB37	fig 6666666.3233.peg.4029 CDS	contig00107	98919	98044	-3	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.4030 CDS	contig00107	99999	99034	-3	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4031 CDS	contig00107	101742	100618	-3	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.4032 CDS	contig00107	103256	101856	-2	-	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.4033 CDS	contig00107	103849	103490	-1	-	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.4034 CDS	contig00107	104082	104237	3	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.4035 CDS	contig00107	104438	105349	2	+	912
CB37	fig 6666666.3233.peg.4036 CDS	contig00107	105377	105928	2	+	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.4037 CDS	contig00107	106949	106044	-2	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.4038 CDS	contig00107	107720	107016	-2	-	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.4039 CDS	contig00107	109454	107730	-2	-	1725
CB37	fig 6666666.3233.peg.4040 CDS	contig00107	110569	109463	-1	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.4041 CDS	contig00107	111901	110894	-1	-	1008
CB37	fig 6666666.3233.peg.4042 CDS	contig00107	112171	113274	1	+	1104
CB37	fig 6666666.3233.peg.4043 CDS	contig00107	113301	114680	3	+	1380
CB37	fig 6666666.3233.peg.4044 CDS	contig00107	115038	115853	3	+	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.4045 CDS	contig00107	116962	115934	-1	-	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.4046 CDS	contig00107	117211	117654	1	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.4047 CDS	contig00107	117713	118000	2	+	288
CB37	fig 6666666.3233.peg.4048 CDS	contig00107	118010	119266	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.4049 CDS	contig00107	119817	119455	-3	-	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.4050 CDS	contig00107	122202	119827	-3	-	2376
CB37	fig 6666666.3233.peg.4051 CDS	contig00107	122640	123896	3	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.4052 CDS	contig00107	124024	124863	1	+	840

CB37	fig 6666666.3233.peg.4053 CDS	contig00107	125375	124872	-2	-	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.4054 CDS	contig00107	125593	125913	1	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.4055 CDS	contig00107	125948	126376	2	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.4056 CDS	contig00107	127031	126492	-2	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.4057 CDS	contig00107	127291	127782	1	+	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.4058 CDS	contig00107	127796	127909	2	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.4059 CDS	contig00107	128548	127874	-1	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.4060 CDS	contig00107	128698	129606	1	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.4061 CDS	contig00107	129967	129650	-1	-	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.4062 CDS	contig00107	130608	129991	-3	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.4063 CDS	contig00107	130795	130977	1	+	183
CB37	fig 6666666.3233.peg.4064 CDS	contig00107	135168	131047	-3	-	4122
CB37	fig 6666666.3233.peg.4065 CDS	contig00107	136066	135200	-1	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.4066 CDS	contig00107	137337	137104	-3	-	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.4067 CDS	contig00107	138195	137377	-3	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.4068 CDS	contig00107	138871	138317	-1	-	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.4069 CDS	contig00107	139383	138985	-3	-	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.4070 CDS	contig00107	139551	140711	3	+	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.4071 CDS	contig00107	141656	140949	-2	-	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.4072 CDS	contig00107	143203	141656	-1	-	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.4073 CDS	contig00107	144588	143200	-3	-	1389
CB37	fig 6666666.3233.peg.4074 CDS	contig00107	144851	145864	2	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.4075 CDS	contig00107	146567	145989	-2	-	579
CB37	fig 6666666.3233.peg.4076 CDS	contig00107	146742	148298	3	+	1557
CB37	fig 6666666.3233.peg.4077 CDS	contig00107	150035	148677	-2	-	1359
CB37	fig 6666666.3233.peg.4078 CDS	contig00107	150175	150783	1	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.4079 CDS	contig00107	150853	151938	1	+	1086
CB37	fig 6666666.3233.peg.4080 CDS	contig00107	152775	151978	-3	-	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.4081 CDS	contig00107	154151	152877	-2	-	1275
CB37	fig 6666666.3233.peg.4082 CDS	contig00107	155568	154360	-3	-	1209
CB37	fig 6666666.3233.peg.4083 CDS	contig00107	155694	155578	-3	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.4084 CDS	contig00107	156243	156854	3	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.4085 CDS	contig00107	158352	156952	-3	-	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.4086 CDS	contig00107	159893	158649	-2	-	1245
CB37	fig 6666666.3233.peg.4087 CDS	contig00107	160063	160470	1	+	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.4088 CDS	contig00107	161744	160518	-2	-	1227
CB37	fig 6666666.3233.peg.4089 CDS	contig00107	163876	161753	-1	-	2124
CB37	fig 6666666.3233.peg.4090 CDS	contig00107	164975	163965	-2	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.4091 CDS	contig00107	165152	165286	2	+	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.4092 CDS	contig00107	165813	167123	3	+	1311
CB37	fig 6666666.3233.peg.4093 CDS	contig00107	168521	167172	-2	-	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.4094 CDS	contig00107	168660	168773	3	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.4095 CDS	contig00107	168808	170760	1	+	1953
CB37	fig 6666666.3233.peg.4096 CDS	contig00107	170907	172298	3	+	1392
CB37	fig 6666666.3233.peg.4097 CDS	contig00107	174450	172414	-3	-	2037
CB37	fig 6666666.3233.peg.4098 CDS	contig00107	174706	175044	1	+	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.4099 CDS	contig00107	176617	175751	-1	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.4100 CDS	contig00107	176784	177029	3	+	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.4101 CDS	contig00107	177573	177812	3	+	240



CB37	fig 6666666.3233.peg.4102 CDS	contig00107	177881	178474	2	+	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.4103 CDS	contig00107	178789	178439	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.4104 CDS	contig00107	179896	178883	-1	-	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.4105 CDS	contig00107	180052	180666	1	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.4106 CDS	contig00107	180933	180703	-3	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.4107 CDS	contig00107	180990	181895	3	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.4108 CDS	contig00107	181959	182387	3	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.4109 CDS	contig00107	183205	182447	-1	-	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.4110 CDS	contig00107	183542	185452	2	+	1911
CB37	fig 6666666.3233.peg.4111 CDS	contig00107	185454	186374	3	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.4112 CDS	contig00107	186637	187842	1	+	1206
CB37	fig 6666666.3233.peg.4113 CDS	contig00107	188171	190261	2	+	2091
CB37	fig 6666666.3233.peg.4114 CDS	contig00107	191450	190440	-2	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.4115 CDS	contig00107	192533	191664	-2	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.4116 CDS	contig00107	193425	192550	-3	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.4117 CDS	contig00107	194150	193425	-2	-	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.4118 CDS	contig00107	195073	194150	-1	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.4119 CDS	contig00107	195649	195098	-1	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.4120 CDS	contig00107	195966	195646	-3	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.4121 CDS	contig00107	196841	196011	-2	-	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.4122 CDS	contig00107	197397	196858	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.4123 CDS	contig00107	198052	197423	-1	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.4124 CDS	contig00107	199034	198189	-2	-	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.4125 CDS	contig00107	200419	199247	-1	-	1173
CB37	fig 6666666.3233.peg.4126 CDS	contig00107	201036	200416	-3	-	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.4127 CDS	contig00107	201440	201036	-2	-	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.4128 CDS	contig00107	201991	201437	-1	-	555
CB37	fig 6666666.3233.peg.4129 CDS	contig00107	203358	201991	-3	-	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.4130 CDS	contig00107	204126	203359	-3	-	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.4131 CDS	contig00107	206286	204202	-3	-	2085
CB37	fig 6666666.3233.peg.4132 CDS	contig00107	207787	206483	-1	-	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.4133 CDS	contig00107	208521	207856	-3	-	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.4134 CDS	contig00107	209636	208683	-2	-	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.4135 CDS	contig00107	209907	210623	3	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.4136 CDS	contig00107	211150	210644	-1	-	507
CB37	fig 6666666.3233.peg.4137 CDS	contig00107	211303	212298	1	+	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.4138 CDS	contig00107	212383	212739	1	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.4139 CDS	contig00109	497	1534	2	+	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.4140 CDS	contig00109	1688	2848	2	+	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.4141 CDS	contig00109	3004	4080	1	+	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.4142 CDS	contig00109	4537	5403	1	+	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.4143 CDS	contig00109	5948	5466	-2	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.4144 CDS	contig00109	6603	5974	-3	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.4145 CDS	contig00109	6745	7641	1	+	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.4146 CDS	contig00109	7896	8591	3	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.4147 CDS	contig00109	9894	8665	-3	-	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.4148 CDS	contig00109	10810	10154	-1	-	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.4149 CDS	contig00109	11462	10869	-2	-	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.4150 CDS	contig00109	11969	11667	-2	-	303

CB37	fig 6666666.3233.peg.4151 CDS	contig00109	12220	12798	1	+	579
CB37	fig 6666666.3233.peg.4152 CDS	contig00109	12839	14017	2	+	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.4153 CDS	contig00109	14045	15253	2	+	1209
CB37	fig 6666666.3233.peg.4154 CDS	contig00109	15538	15332	-1	-	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.4155 CDS	contig00109	16637	16191	-2	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.4156 CDS	contig00109	17625	16657	-3	-	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.4157 CDS	contig00109	17863	18123	1	+	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.4158 CDS	contig00109	18260	18511	2	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.4159 CDS	contig00109	20153	18546	-2	-	1608
CB37	fig 6666666.3233.peg.4160 CDS	contig00109	20712	21290	3	+	579
CB37	fig 6666666.3233.peg.4161 CDS	contig00109	21317	21943	2	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.4162 CDS	contig00109	21940	22905	1	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4163 CDS	contig00109	22902	23372	3	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.4164 CDS	contig00109	23500	25293	1	+	1794
CB37	fig 6666666.3233.peg.4165 CDS	contig00109	25398	26297	3	+	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.4166 CDS	contig00109	26318	26995	2	+	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.4167 CDS	contig00109	26988	27950	3	+	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.4168 CDS	contig00109	28079	28810	2	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.4169 CDS	contig00109	28807	29538	1	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.4170 CDS	contig00109	29551	29931	1	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.4171 CDS	contig00109	32819	30021	-2	-	2799
CB37	fig 6666666.3233.peg.4172 CDS	contig00109	33012	34331	3	+	1320
CB37	fig 6666666.3233.peg.4173 CDS	contig00109	34459	36678	1	+	2220
CB37	fig 6666666.3233.peg.4174 CDS	contig00109	36883	37680	1	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.4175 CDS	contig00109	37832	39472	2	+	1641
CB37	fig 6666666.3233.peg.4176 CDS	contig00109	39550	40851	1	+	1302
CB37	fig 6666666.3233.peg.4177 CDS	contig00112	1888	3042	1	+	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.4178 CDS	contig00112	3326	4123	2	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.4179 CDS	contig00112	4191	4688	3	+	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.4180 CDS	contig00112	4840	5535	1	+	696
CB37	fig 6666666.3233.peg.4181 CDS	contig00112	5682	6413	3	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.4182 CDS	contig00112	6428	7378	2	+	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.4183 CDS	contig00112	7508	8071	2	+	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.4184 CDS	contig00112	8121	8546	3	+	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.4185 CDS	contig00112	9712	8606	-1	-	1107
CB37	fig 6666666.3233.peg.4186 CDS	contig00112	10784	9744	-2	-	1041
CB37	fig 6666666.3233.peg.4187 CDS	contig00112	10813	11523	1	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.4188 CDS	contig00112	11655	12473	3	+	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.4189 CDS	contig00112	12527	13084	2	+	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.4190 CDS	contig00112	13084	13374	1	+	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.4191 CDS	contig00112	13548	13799	3	+	252
CB37	fig 6666666.3233.peg.4192 CDS	contig00112	14174	13848	-2	-	327
CB37	fig 6666666.3233.peg.4193 CDS	contig00112	14399	14244	-2	-	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.4194 CDS	contig00112	14592	14392	-3	-	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.4195 CDS	contig00112	15172	14690	-1	-	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.4196 CDS	contig00112	15883	15185	-1	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.4197 CDS	contig00112	16461	15886	-3	-	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.4198 CDS	contig00112	16889	16458	-2	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.4199 CDS	contig00112	17267	16893	-2	-	375

CB37	fig 6666666.3233.peg.4200 CDS	contig00112	17455	17264	-1	-	192
CB37	fig 6666666.3233.peg.4201 CDS	contig00112	17604	17467	-3	-	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.4202 CDS	contig00112	17917	17582	-1	-	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.4203 CDS	contig00112	18759	17929	-3	-	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.4204 CDS	contig00112	18890	18762	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.4205 CDS	contig00112	19551	19036	-3	-	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.4206 CDS	contig00112	20242	19769	-1	-	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.4207 CDS	contig00112	20759	20229	-2	-	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.4208 CDS	contig00112	21069	20752	-3	-	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.4209 CDS	contig00112	23072	21138	-2	-	1935
CB37	fig 6666666.3233.peg.4210 CDS	contig00112	23406	23206	-3	-	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.4211 CDS	contig00112	23846	23493	-2	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.4212 CDS	contig00112	24123	23851	-3	-	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.4213 CDS	contig00112	24709	24449	-1	-	261
CB37	fig 6666666.3233.peg.4214 CDS	contig00112	24951	24721	-3	-	231
CB37	fig 6666666.3233.peg.4215 CDS	contig00112	25056	25712	3	+	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.4216 CDS	contig00112	25709	26692	2	+	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.4217 CDS	contig00112	26858	27289	2	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.4218 CDS	contig00112	27395	27997	2	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.4219 CDS	contig00112	28016	29188	2	+	1173
CB37	fig 6666666.3233.peg.4220 CDS	contig00112	30312	29392	-3	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.4221 CDS	contig00112	31443	30415	-3	-	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.4222 CDS	contig00112	32174	31455	-2	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.4223 CDS	contig00112	32378	33454	2	+	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.4224 CDS	contig00112	33474	33746	3	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.4225 CDS	contig00112	33829	34968	1	+	1140
CB37	fig 6666666.3233.peg.4226 CDS	contig00112	35767	37392	1	+	1626
CB37	fig 6666666.3233.peg.4227 CDS	contig00112	39523	38087	-1	-	1437
CB37	fig 6666666.3233.peg.4228 CDS	contig00112	39610	39729	1	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.4229 CDS	contig00113	2503	1538	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4230 CDS	contig00113	3011	2535	-2	-	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.4231 CDS	contig00113	3978	3052	-3	-	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.4232 CDS	contig00113	4949	3993	-2	-	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.4233 CDS	contig00113	5267	7183	2	+	1917
CB37	fig 6666666.3233.peg.4234 CDS	contig00113	7242	7442	3	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.4235 CDS	contig00113	7620	8288	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.4236 CDS	contig00113	8531	9175	2	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.4237 CDS	contig00113	9382	9963	1	+	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.4238 CDS	contig00113	10023	11741	3	+	1719
CB37	fig 6666666.3233.peg.4239 CDS	contig00113	11716	13056	1	+	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.4240 CDS	contig00113	13178	13735	2	+	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.4241 CDS	contig00113	14482	13853	-1	-	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.4242 CDS	contig00113	15876	14479	-3	-	1398
CB37	fig 6666666.3233.peg.4243 CDS	contig00113	16243	17286	1	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.4244 CDS	contig00113	17341	18270	1	+	930
CB37	fig 6666666.3233.peg.4245 CDS	contig00113	18267	19103	3	+	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.4246 CDS	contig00113	19151	19957	2	+	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.4247 CDS	contig00113	20097	20822	3	+	726
CB37	fig 6666666.3233.peg.4248 CDS	contig00113	21248	21739	2	+	492

CB37	fig 6666666.3233.peg.4249 CDS	contig00113	22111	33192	1	+	11082
CB37	fig 6666666.3233.peg.4250 CDS	contig00113	33261	36776	3	+	3516
CB37	fig 6666666.3233.peg.4251 CDS	contig00113	36786	37691	3	+	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.4252 CDS	contig00113	37794	38642	3	+	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.4253 CDS	contig00113	38967	41057	3	+	2091
CB37	fig 6666666.3233.peg.4254 CDS	contig00113	41526	41383	-3	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.4255 CDS	contig00113	41396	43462	2	+	2067
CB37	fig 6666666.3233.peg.4256 CDS	contig00113	43876	43574	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.4257 CDS	contig00113	44015	43881	-2	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.4258 CDS	contig00113	44627	48250	2	+	3624
CB37	fig 6666666.3233.peg.4259 CDS	contig00113	48482	49732	2	+	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.4260 CDS	contig00113	49848	49729	-3	-	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.4261 CDS	contig00113	49816	51120	1	+	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.4262 CDS	contig00113	52106	51234	-2	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.4263 CDS	contig00113	53172	52369	-3	-	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.4264 CDS	contig00113	53406	53645	3	+	240
CB37	fig 6666666.3233.peg.4265 CDS	contig00113	54380	53727	-2	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.4266 CDS	contig00113	54684	55832	3	+	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.4267 CDS	contig00113	55822	56748	1	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.4268 CDS	contig00113	56752	57558	1	+	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.4269 CDS	contig00113	59016	57670	-3	-	1347
CB37	fig 6666666.3233.peg.4270 CDS	contig00113	60506	59022	-2	-	1485
CB37	fig 6666666.3233.peg.4271 CDS	contig00113	60937	61656	1	+	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.4272 CDS	contig00113	62671	61997	-1	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.4273 CDS	contig00113	63711	63037	-3	-	675
CB37	fig 6666666.3233.peg.4274 CDS	contig00113	64137	64727	3	+	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.4275 CDS	contig00113	64833	65186	3	+	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.4276 CDS	contig00113	65503	67020	1	+	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.4277 CDS	contig00113	67545	68999	3	+	1455
CB37	fig 6666666.3233.peg.4278 CDS	contig00113	69468	71747	3	+	2280
CB37	fig 6666666.3233.peg.4279 CDS	contig00113	72155	74374	2	+	2220
CB37	fig 6666666.3233.peg.4280 CDS	contig00113	75064	74531	-1	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.4281 CDS	contig00113	75164	75730	2	+	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.4282 CDS	contig00113	75946	76806	1	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.4283 CDS	contig00113	77761	76862	-1	-	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.4284 CDS	contig00113	77893	78855	1	+	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.4285 CDS	contig00113	80592	78985	-3	-	1608
CB37	fig 6666666.3233.peg.4286 CDS	contig00113	81176	82219	2	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.4287 CDS	contig00113	82507	84444	1	+	1938
CB37	fig 6666666.3233.peg.4288 CDS	contig00113	84599	85006	2	+	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.4289 CDS	contig00113	85205	85909	2	+	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.4290 CDS	contig00113	86453	85980	-2	-	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.4291 CDS	contig00113	87579	86590	-3	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.4292 CDS	contig00113	88077	87583	-3	-	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.4293 CDS	contig00113	88246	89169	1	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.4294 CDS	contig00113	89324	90961	2	+	1638
CB37	fig 6666666.3233.peg.4295 CDS	contig00113	92047	91043	-1	-	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.4296 CDS	contig00113	92717	92577	-2	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.4297 CDS	contig00113	93546	93334	-3	-	213

CB37	fig 6666666.3233.peg.4298 CDS	contig00113	93870	94718	3	+	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.4299 CDS	contig00113	95778	94930	-3	-	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.4300 CDS	contig00113	95957	96415	2	+	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.4301 CDS	contig00113	96517	97851	1	+	1335
CB37	fig 6666666.3233.peg.4302 CDS	contig00113	98000	98560	2	+	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.4303 CDS	contig00113	98550	99551	3	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.4304 CDS	contig00113	99698	100261	2	+	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.4305 CDS	contig00113	100484	101398	2	+	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.4306 CDS	contig00113	101398	101814	1	+	417
CB37	fig 6666666.3233.peg.4307 CDS	contig00113	102020	101892	-2	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.4308 CDS	contig00113	102148	102020	-1	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.4309 CDS	contig00113	102572	102237	-2	-	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.4310 CDS	contig00113	103857	103048	-3	-	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.4311 CDS	contig00113	105007	103850	-1	-	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.4312 CDS	contig00113	105856	105008	-1	-	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.4313 CDS	contig00113	106737	105856	-3	-	882
CB37	fig 6666666.3233.peg.4314 CDS	contig00113	108172	106865	-1	-	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.4315 CDS	contig00113	108403	109155	1	+	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.4316 CDS	contig00113	109148	109900	2	+	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.4317 CDS	contig00113	110020	110238	1	+	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.4318 CDS	contig00113	110728	110303	-1	-	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.4319 CDS	contig00113	111729	110827	-3	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.4320 CDS	contig00113	111838	112701	1	+	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.4321 CDS	contig00113	112715	113422	2	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.4322 CDS	contig00113	113427	114623	3	+	1197
CB37	fig 6666666.3233.peg.4323 CDS	contig00113	115544	114951	-2	-	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.4324 CDS	contig00113	115659	116549	3	+	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.4325 CDS	contig00113	116558	116953	2	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.4326 CDS	contig00113	117296	118867	2	+	1572
CB37	fig 6666666.3233.peg.4327 CDS	contig00113	119030	121186	2	+	2157
CB37	fig 6666666.3233.peg.4328 CDS	contig00113	121513	122631	1	+	1119
CB37	fig 6666666.3233.peg.4329 CDS	contig00113	123212	122682	-2	-	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.4330 CDS	contig00113	123484	123636	1	+	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.4331 CDS	contig00113	124248	125654	3	+	1407
CB37	fig 6666666.3233.peg.4332 CDS	contig00113	125844	126359	3	+	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.4333 CDS	contig00113	126379	126786	1	+	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.4334 CDS	contig00113	127056	127202	3	+	147
CB37	fig 6666666.3233.peg.4335 CDS	contig00113	127912	127259	-1	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.4336 CDS	contig00113	128107	129270	1	+	1164
CB37	fig 6666666.3233.peg.4337 CDS	contig00113	129278	129850	2	+	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.4338 CDS	contig00113	130760	129909	-2	-	852
CB37	fig 6666666.3233.peg.4339 CDS	contig00113	130973	132304	2	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.4340 CDS	contig00113	132903	132367	-3	-	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.4341 CDS	contig00113	136190	132981	-2	-	3210
CB37	fig 6666666.3233.peg.4342 CDS	contig00113	137911	136187	-1	-	1725
CB37	fig 6666666.3233.peg.4343 CDS	contig00113	139425	138013	-3	-	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.4344 CDS	contig00113	139976	139563	-2	-	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.4345 CDS	contig00113	140291	144529	2	+	4239
CB37	fig 6666666.3233.peg.4346 CDS	contig00113	144622	145548	1	+	927

CB37	fig 6666666.3233.peg.4347 CDS	contig00113	145838	146170	2	+	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.4348 CDS	contig00113	147189	146326	-3	-	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.4349 CDS	contig00113	148550	147279	-2	-	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.4350 CDS	contig00113	148730	150175	2	+	1446
CB37	fig 6666666.3233.peg.4351 CDS	contig00113	150223	150615	1	+	393
CB37	fig 6666666.3233.peg.4352 CDS	contig00113	150851	152374	2	+	1524
CB37	fig 6666666.3233.peg.4353 CDS	contig00113	152478	153422	3	+	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.4354 CDS	contig00113	153439	154068	1	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.4355 CDS	contig00113	154451	156904	2	+	2454
CB37	fig 6666666.3233.peg.4356 CDS	contig00113	156985	158031	1	+	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.4357 CDS	contig00113	158046	158408	3	+	363
CB37	fig 6666666.3233.peg.4358 CDS	contig00113	159880	158780	-1	-	1101
CB37	fig 6666666.3233.peg.4359 CDS	contig00113	160803	159877	-3	-	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.4360 CDS	contig00113	161757	160807	-3	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.4361 CDS	contig00113	164022	162391	-3	-	1632
CB37	fig 6666666.3233.peg.4362 CDS	contig00113	165211	164429	-1	-	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.4363 CDS	contig00113	166248	165211	-3	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.4364 CDS	contig00113	167127	166258	-3	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.4365 CDS	contig00113	167567	167154	-2	-	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.4366 CDS	contig00113	168262	167564	-1	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.4367 CDS	contig00113	168930	168262	-3	-	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.4368 CDS	contig00113	169185	170555	3	+	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.4369 CDS	contig00113	170573	171076	2	+	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.4370 CDS	contig00113	171211	171741	1	+	531
CB37	fig 6666666.3233.peg.4371 CDS	contig00113	171968	172381	2	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.4372 CDS	contig00113	173314	172400	-1	-	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.4373 CDS	contig00113	173583	173861	3	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.4374 CDS	contig00113	174069	174671	3	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.4375 CDS	contig00113	175840	174794	-1	-	1047
CB37	fig 6666666.3233.peg.4376 CDS	contig00113	176432	177781	2	+	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.4377 CDS	contig00113	178841	177852	-2	-	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.4378 CDS	contig00113	179167	179946	1	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.4379 CDS	contig00113	179956	180954	1	+	999
CB37	fig 6666666.3233.peg.4380 CDS	contig00113	182175	181060	-3	-	1116
CB37	fig 6666666.3233.peg.4381 CDS	contig00113	182261	183154	2	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.4382 CDS	contig00113	183722	183162	-2	-	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.4383 CDS	contig00113	184002	183709	-3	-	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.4384 CDS	contig00113	184254	185348	3	+	1095
CB37	fig 6666666.3233.peg.4385 CDS	contig00113	185769	185533	-3	-	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.4386 CDS	contig00113	186290	185919	-2	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.4387 CDS	contig00113	186408	187274	3	+	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.4388 CDS	contig00113	187427	187720	2	+	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.4389 CDS	contig00113	189730	187772	-1	-	1959
CB37	fig 6666666.3233.peg.4390 CDS	contig00113	190344	189727	-3	-	618
CB37	fig 6666666.3233.peg.4391 CDS	contig00113	191333	190542	-2	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.4392 CDS	contig00113	191526	192059	3	+	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.4393 CDS	contig00113	192091	192873	1	+	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.4394 CDS	contig00113	193106	192894	-2	-	213
CB37	fig 6666666.3233.peg.4395 CDS	contig00113	194313	193258	-3	-	1056

CB37	fig 6666666.3233.peg.4396 CDS	contig00113	194740	194399	-1	-	342
CB37	fig 6666666.3233.peg.4397 CDS	contig00113	195010	195594	1	+	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.4398 CDS	contig00113	195767	196117	2	+	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.4399 CDS	contig00113	196783	196223	-1	-	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.4400 CDS	contig00113	197140	197000	-1	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.4401 CDS	contig00113	197368	199140	1	+	1773
CB37	fig 6666666.3233.peg.4402 CDS	contig00113	199159	199275	1	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.4403 CDS	contig00113	200580	199387	-3	-	1194
CB37	fig 6666666.3233.peg.4404 CDS	contig00113	203334	200695	-3	-	2640
CB37	fig 6666666.3233.peg.4405 CDS	contig00113	203631	203518	-3	-	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.4406 CDS	contig00113	203630	203749	2	+	120
CB37	fig 6666666.3233.peg.4407 CDS	contig00113	205690	203756	-1	-	1935
CB37	fig 6666666.3233.peg.4408 CDS	contig00113	206019	206723	3	+	705
CB37	fig 6666666.3233.peg.4409 CDS	contig00113	207202	207645	1	+	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.4410 CDS	contig00113	207659	209071	2	+	1413
CB37	fig 6666666.3233.peg.4411 CDS	contig00113	209118	210389	3	+	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.4412 CDS	contig00113	210449	210967	2	+	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.4413 CDS	contig00113	210977	211711	2	+	735
CB37	fig 6666666.3233.peg.4414 CDS	contig00113	211738	212484	1	+	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.4415 CDS	contig00113	213302	212571	-2	-	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.4416 CDS	contig00113	213726	213391	-3	-	336
CB37	fig 6666666.3233.peg.4417 CDS	contig00113	214023	214178	3	+	156
CB37	fig 6666666.3233.peg.4418 CDS	contig00113	214929	216086	3	+	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.4419 CDS	contig00113	216497	216375	-2	-	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.4420 CDS	contig00113	216474	216626	3	+	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.4421 CDS	contig00113	218558	216687	-2	-	1872
CB37	fig 6666666.3233.peg.4422 CDS	contig00113	220391	219027	-2	-	1365
CB37	fig 6666666.3233.peg.4423 CDS	contig00113	221472	220801	-3	-	672
CB37	fig 6666666.3233.peg.4424 CDS	contig00113	221782	221630	-1	-	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.4425 CDS	contig00113	222181	222810	1	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.4426 CDS	contig00113	222934	224220	1	+	1287
CB37	fig 6666666.3233.peg.4427 CDS	contig00113	226076	224256	-2	-	1821
CB37	fig 6666666.3233.peg.4428 CDS	contig00113	227221	226334	-1	-	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.4429 CDS	contig00113	227333	228523	2	+	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.4430 CDS	contig00113	228644	228991	2	+	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.4431 CDS	contig00113	229126	229260	1	+	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.4432 CDS	contig00113	229942	229328	-1	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.4433 CDS	contig00113	230844	230005	-3	-	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.4434 CDS	contig00113	232248	231280	-3	-	969
CB37	fig 6666666.3233.peg.4435 CDS	contig00113	232813	233841	1	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.4436 CDS	contig00113	234045	234659	3	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.4437 CDS	contig00113	234979	234668	-1	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.4438 CDS	contig00113	235653	234976	-3	-	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.4439 CDS	contig00113	236618	235791	-2	-	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.4440 CDS	contig00113	236869	237501	1	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.4441 CDS	contig00113	237591	238010	3	+	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.4442 CDS	contig00113	239792	238098	-2	-	1695
CB37	fig 6666666.3233.peg.4443 CDS	contig00113	240123	241286	3	+	1164
CB37	fig 6666666.3233.peg.4444 CDS	contig00113	241283	242923	2	+	1641

CB37	fig 6666666.3233.peg.4445 CDS	contig00113	242945	243550	2	+	606
CB37	fig 6666666.3233.peg.4446 CDS	contig00113	243562	244446	1	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.4447 CDS	contig00113	244646	244449	-2	-	198
CB37	fig 6666666.3233.peg.4448 CDS	contig00113	244633	245451	1	+	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.4449 CDS	contig00113	245448	245984	3	+	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.4450 CDS	contig00113	245997	247016	3	+	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.4451 CDS	contig00113	247009	247917	1	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.4452 CDS	contig00113	249411	248428	-3	-	984
CB37	fig 6666666.3233.peg.4453 CDS	contig00113	249888	250940	3	+	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.4454 CDS	contig00113	251358	252281	3	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.4455 CDS	contig00113	252503	254065	2	+	1563
CB37	fig 6666666.3233.peg.4456 CDS	contig00116	1660	485	-1	-	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.4457 CDS	contig00116	1919	3343	2	+	1425
CB37	fig 6666666.3233.peg.4458 CDS	contig00116	3417	4514	3	+	1098
CB37	fig 6666666.3233.peg.4459 CDS	contig00116	4517	4981	2	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.4460 CDS	contig00116	5088	5987	3	+	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.4461 CDS	contig00116	6064	7545	1	+	1482
CB37	fig 6666666.3233.peg.4462 CDS	contig00116	8067	7597	-3	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.4463 CDS	contig00116	8223	10796	3	+	2574
CB37	fig 6666666.3233.peg.4464 CDS	contig00116	10968	11525	3	+	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.4465 CDS	contig00116	11531	12550	2	+	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.4466 CDS	contig00116	12641	12958	2	+	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.4467 CDS	contig00116	12963	13433	3	+	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.4468 CDS	contig00116	13463	15388	2	+	1926
CB37	fig 6666666.3233.peg.4469 CDS	contig00116	15388	16509	1	+	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.4470 CDS	contig00116	16513	17316	1	+	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.4471 CDS	contig00116	17409	18587	3	+	1179
CB37	fig 6666666.3233.peg.4472 CDS	contig00116	18714	18992	3	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.4473 CDS	contig00116	19169	19831	2	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.4474 CDS	contig00116	19828	20793	1	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4475 CDS	contig00116	22578	21328	-3	-	1251
CB37	fig 6666666.3233.peg.4476 CDS	contig00116	22925	23527	2	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.4477 CDS	contig00116	23618	25144	2	+	1527
CB37	fig 6666666.3233.peg.4478 CDS	contig00116	25276	26175	1	+	900
CB37	fig 6666666.3233.peg.4479 CDS	contig00116	27959	26274	-2	-	1686
CB37	fig 6666666.3233.peg.4480 CDS	contig00116	29477	28053	-2	-	1425
CB37	fig 6666666.3233.peg.4481 CDS	contig00116	30600	29653	-3	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.4482 CDS	contig00116	31226	30675	-2	-	552
CB37	fig 6666666.3233.peg.4483 CDS	contig00116	31570	32604	1	+	1035
CB37	fig 6666666.3233.peg.4484 CDS	contig00116	32594	33271	2	+	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.4485 CDS	contig00116	33304	34113	1	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.4486 CDS	contig00116	35415	34201	-3	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.4487 CDS	contig00116	37677	35482	-3	-	2196
CB37	fig 6666666.3233.peg.4488 CDS	contig00116	38772	37996	-3	-	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.4489 CDS	contig00116	39320	38775	-2	-	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.4490 CDS	contig00116	39428	40273	2	+	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.4491 CDS	contig00116	40422	42704	3	+	2283
CB37	fig 6666666.3233.peg.4492 CDS	contig00116	42803	44368	2	+	1566
CB37	fig 6666666.3233.peg.4493 CDS	contig00116	44586	45962	3	+	1377



CB37	fig 6666666.3233.peg.4494 CDS	contig00116	46021	46803	1	+	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.4495 CDS	contig00116	46997	47749	2	+	753
CB37	fig 6666666.3233.peg.4496 CDS	contig00116	48916	47837	-1	-	1080
CB37	fig 6666666.3233.peg.4497 CDS	contig00116	49323	48925	-3	-	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.4498 CDS	contig00116	49936	49313	-1	-	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.4499 CDS	contig00116	50837	49917	-2	-	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.4500 CDS	contig00116	52756	51359	-1	-	1398
CB37	fig 6666666.3233.peg.4501 CDS	contig00116	53878	53006	-1	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.4502 CDS	contig00116	54727	53966	-1	-	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.4503 CDS	contig00116	54993	55235	3	+	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.4504 CDS	contig00116	55257	56141	3	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.4505 CDS	contig00116	56161	58026	1	+	1866
CB37	fig 6666666.3233.peg.4506 CDS	contig00116	58619	58116	-2	-	504
CB37	fig 6666666.3233.peg.4507 CDS	contig00116	59642	58677	-2	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4508 CDS	contig00116	60188	59721	-2	-	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.4509 CDS	contig00116	60658	60188	-1	-	471
CB37	fig 6666666.3233.peg.4510 CDS	contig00116	61937	60828	-2	-	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.4511 CDS	contig00116	62743	62090	-1	-	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.4512 CDS	contig00116	63879	62755	-3	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.4513 CDS	contig00116	64336	63887	-1	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.4514 CDS	contig00116	65699	64464	-2	-	1236
CB37	fig 6666666.3233.peg.4515 CDS	contig00116	66922	65732	-1	-	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.4516 CDS	contig00116	67383	66994	-3	-	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.4517 CDS	contig00116	68752	67505	-1	-	1248
CB37	fig 6666666.3233.peg.4518 CDS	contig00116	69307	68843	-1	-	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.4519 CDS	contig00116	70939	69650	-1	-	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.4520 CDS	contig00116	71972	73444	2	+	1473
CB37	fig 6666666.3233.peg.4521 CDS	contig00116	74081	73542	-2	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.4522 CDS	contig00116	74412	75482	3	+	1071
CB37	fig 6666666.3233.peg.4523 CDS	contig00116	75723	77909	3	+	2187
CB37	fig 6666666.3233.peg.4524 CDS	contig00116	78089	78511	2	+	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.4525 CDS	contig00116	78903	78601	-3	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.4526 CDS	contig00116	83047	79136	-1	-	3912
CB37	fig 6666666.3233.peg.4527 CDS	contig00116	83371	84975	1	+	1605
CB37	fig 6666666.3233.peg.4528 CDS	contig00116	85260	85394	3	+	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.4529 CDS	contig00116	86013	85480	-3	-	534
CB37	fig 6666666.3233.peg.4530 CDS	contig00116	87952	86393	-1	-	1560
CB37	fig 6666666.3233.peg.4531 CDS	contig00116	88652	88242	-2	-	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.4532 CDS	contig00116	89949	88642	-3	-	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.4533 CDS	contig00116	90575	89949	-2	-	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.4534 CDS	contig00116	91100	90585	-2	-	516
CB37	fig 6666666.3233.peg.4535 CDS	contig00116	91204	91638	1	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.4536 CDS	contig00116	92919	91771	-3	-	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.4537 CDS	contig00116	95038	93122	-1	-	1917
CB37	fig 6666666.3233.peg.4538 CDS	contig00116	96613	95339	-1	-	1275
CB37	fig 6666666.3233.peg.4539 CDS	contig00116	97631	97035	-2	-	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.4540 CDS	contig00116	97777	98661	1	+	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.4541 CDS	contig00116	99063	100091	3	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.4542 CDS	contig00116	100260	101924	3	+	1665

CB37	fig 6666666.3233.peg.4543 CDS	contig00116	102174	102533	3	+	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.4544 CDS	contig00116	103026	102670	-3	-	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.4545 CDS	contig00116	103459	103016	-1	-	444
CB37	fig 6666666.3233.peg.4546 CDS	contig00116	103578	104063	3	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.4547 CDS	contig00116	104595	106025	3	+	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.4548 CDS	contig00116	108057	106519	-3	-	1539
CB37	fig 6666666.3233.peg.4549 CDS	contig00116	108514	108164	-1	-	351
CB37	fig 6666666.3233.peg.4550 CDS	contig00116	108697	109533	1	+	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.4551 CDS	contig00116	112109	109584	-2	-	2526
CB37	fig 6666666.3233.peg.4552 CDS	contig00116	112635	113528	3	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.4553 CDS	contig00116	113628	115670	3	+	2043
CB37	fig 6666666.3233.peg.4554 CDS	contig00116	115792	116391	1	+	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.4555 CDS	contig00116	116571	117938	3	+	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.4556 CDS	contig00116	118961	118116	-2	-	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.4557 CDS	contig00116	120283	118955	-1	-	1329
CB37	fig 6666666.3233.peg.4558 CDS	contig00116	120703	120873	1	+	171
CB37	fig 6666666.3233.peg.4559 CDS	contig00116	121300	120893	-1	-	408
CB37	fig 6666666.3233.peg.4560 CDS	contig00116	122537	121314	-2	-	1224
CB37	fig 6666666.3233.peg.4561 CDS	contig00116	123814	122534	-1	-	1281
CB37	fig 6666666.3233.peg.4562 CDS	contig00116	124535	123789	-2	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.4563 CDS	contig00116	126017	124542	-2	-	1476
CB37	fig 6666666.3233.peg.4564 CDS	contig00116	126437	126066	-2	-	372
CB37	fig 6666666.3233.peg.4565 CDS	contig00116	127934	126666	-2	-	1269
CB37	fig 6666666.3233.peg.4566 CDS	contig00116	128136	129785	3	+	1650
CB37	fig 6666666.3233.peg.4567 CDS	contig00116	130811	129915	-2	-	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.4568 CDS	contig00116	130916	132172	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.4569 CDS	contig00116	132480	134027	3	+	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.4570 CDS	contig00116	134746	134153	-1	-	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.4571 CDS	contig00116	136623	134929	-3	-	1695
CB37	fig 6666666.3233.peg.4572 CDS	contig00116	138348	136825	-3	-	1524
CB37	fig 6666666.3233.peg.4573 CDS	contig00116	140204	138651	-2	-	1554
CB37	fig 6666666.3233.peg.4574 CDS	contig00116	141794	140331	-2	-	1464
CB37	fig 6666666.3233.peg.4575 CDS	contig00116	142025	143356	2	+	1332
CB37	fig 6666666.3233.peg.4576 CDS	contig00116	143577	143353	-3	-	225
CB37	fig 6666666.3233.peg.4577 CDS	contig00116	144654	143650	-3	-	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.4578 CDS	contig00116	145818	144949	-3	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.4579 CDS	contig00116	147408	145912	-3	-	1497
CB37	fig 6666666.3233.peg.4580 CDS	contig00116	148750	147590	-1	-	1161
CB37	fig 6666666.3233.peg.4581 CDS	contig00116	149377	148763	-1	-	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.4582 CDS	contig00116	150772	149504	-1	-	1269
CB37	fig 6666666.3233.peg.4583 CDS	contig00116	151946	150828	-2	-	1119
CB37	fig 6666666.3233.peg.4584 CDS	contig00116	152917	151952	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4585 CDS	contig00116	154464	153337	-3	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.4586 CDS	contig00116	155100	154675	-3	-	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.4587 CDS	contig00116	156499	155201	-1	-	1299
CB37	fig 6666666.3233.peg.4588 CDS	contig00116	156866	156672	-2	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.4589 CDS	contig00116	157249	156911	-1	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.4590 CDS	contig00116	159116	157263	-2	-	1854
CB37	fig 6666666.3233.peg.4591 CDS	contig00116	159653	159138	-2	-	516

CB37	fig 6666666.3233.peg.4592 CDS	contig00116	160032	159709	-3	-	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.4593 CDS	contig00116	160489	160106	-1	-	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.4594 CDS	contig00116	161741	160527	-2	-	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.4595 CDS	contig00116	162246	161770	-3	-	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.4596 CDS	contig00116	163121	162402	-2	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.4597 CDS	contig00116	163353	164156	3	+	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.4598 CDS	contig00116	164539	164228	-1	-	312
CB37	fig 6666666.3233.peg.4599 CDS	contig00116	165993	165046	-3	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.4600 CDS	contig00116	167831	166008	-2	-	1824
CB37	fig 6666666.3233.peg.4601 CDS	contig00116	168215	167886	-2	-	330
CB37	fig 6666666.3233.peg.4602 CDS	contig00116	169529	168393	-2	-	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.4603 CDS	contig00116	170789	169737	-2	-	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.4604 CDS	contig00116	172194	171025	-3	-	1170
CB37	fig 6666666.3233.peg.4605 CDS	contig00116	172455	172676	3	+	222
CB37	fig 6666666.3233.peg.4606 CDS	contig00116	172911	173357	3	+	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.4607 CDS	contig00116	174772	173459	-1	-	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.4608 CDS	contig00116	176568	174940	-3	-	1629
CB37	fig 6666666.3233.peg.4609 CDS	contig00116	178081	177176	-1	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.4610 CDS	contig00116	178283	178891	2	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.4611 CDS	contig00116	179167	179910	1	+	744
CB37	fig 6666666.3233.peg.4612 CDS	contig00116	179977	180753	1	+	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.4613 CDS	contig00116	180763	181695	1	+	933
CB37	fig 6666666.3233.peg.4614 CDS	contig00116	181834	182472	1	+	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.4615 CDS	contig00116	182526	183005	3	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.4616 CDS	contig00116	183707	183009	-2	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.4617 CDS	contig00116	184558	183740	-1	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.4618 CDS	contig00116	186234	184561	-3	-	1674
CB37	fig 6666666.3233.peg.4619 CDS	contig00116	188466	186262	-3	-	2205
CB37	fig 6666666.3233.peg.4620 CDS	contig00116	188678	190768	2	+	2091
CB37	fig 6666666.3233.peg.4621 CDS	contig00116	190752	192257	3	+	1506
CB37	fig 6666666.3233.peg.4622 CDS	contig00116	193273	192308	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4623 CDS	contig00116	194481	193273	-3	-	1209
CB37	fig 6666666.3233.peg.4624 CDS	contig00116	195301	194612	-1	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.4625 CDS	contig00116	195526	196440	1	+	915
CB37	fig 6666666.3233.peg.4626 CDS	contig00116	196607	198007	2	+	1401
CB37	fig 6666666.3233.peg.4627 CDS	contig00116	198010	198264	1	+	255
CB37	fig 6666666.3233.peg.4628 CDS	contig00116	199790	198951	-2	-	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.4629 CDS	contig00116	200135	199803	-2	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.4630 CDS	contig00122	568	690	1	+	123
CB37	fig 6666666.3233.peg.4631 CDS	contig00122	1273	2133	1	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.4632 CDS	contig00122	2277	3257	3	+	981
CB37	fig 6666666.3233.peg.4633 CDS	contig00122	3270	3698	3	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.4634 CDS	contig00122	3698	5569	2	+	1872
CB37	fig 6666666.3233.peg.4635 CDS	contig00122	5575	6876	1	+	1302
CB37	fig 6666666.3233.peg.4636 CDS	contig00122	6863	7069	2	+	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.4637 CDS	contig00122	7085	7333	2	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.4638 CDS	contig00122	7337	7693	2	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.4639 CDS	contig00122	7693	8325	1	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.4640 CDS	contig00122	8334	8678	3	+	345

CB37	fig 6666666.3233.peg.4641 CDS	contig00122	8708	9424	2	+	717
CB37	fig 6666666.3233.peg.4642 CDS	contig00122	9417	10082	3	+	666
CB37	fig 6666666.3233.peg.4643 CDS	contig00122	10061	10696	2	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.4644 CDS	contig00122	11031	11234	3	+	204
CB37	fig 6666666.3233.peg.4645 CDS	contig00122	12037	12825	1	+	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.4646 CDS	contig00122	13499	14512	2	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.4647 CDS	contig00122	14678	14526	-2	-	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.4648 CDS	contig00122	15127	14825	-1	-	303
CB37	fig 6666666.3233.peg.4649 CDS	contig00122	15809	17314	2	+	1506
CB37	fig 6666666.3233.peg.4650 CDS	contig00122	17642	18205	2	+	564
CB37	fig 6666666.3233.peg.4651 CDS	contig00122	18328	18606	1	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.4652 CDS	contig00122	18833	18958	2	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.4653 CDS	contig00122	19116	19511	3	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.4654 CDS	contig00122	19515	22406	3	+	2892
CB37	fig 6666666.3233.peg.4655 CDS	contig00122	22844	23284	2	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.4656 CDS	contig00122	23297	24274	2	+	978
CB37	fig 6666666.3233.peg.4657 CDS	contig00122	24495	24953	3	+	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.4658 CDS	contig00122	24965	26704	2	+	1740
CB37	fig 6666666.3233.peg.4659 CDS	contig00122	27921	26869	-3	-	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.4660 CDS	contig00122	28826	28044	-2	-	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.4661 CDS	contig00122	29089	28823	-1	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.4662 CDS	contig00122	29753	29103	-2	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.4663 CDS	contig00122	30715	29750	-1	-	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4664 CDS	contig00122	32187	30712	-3	-	1476
CB37	fig 6666666.3233.peg.4665 CDS	contig00122	32656	32366	-1	-	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.4666 CDS	contig00122	33975	32653	-3	-	1323
CB37	fig 6666666.3233.peg.4667 CDS	contig00122	34163	35056	2	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.4668 CDS	contig00122	35037	35321	3	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.4669 CDS	contig00122	35308	35682	1	+	375
CB37	fig 6666666.3233.peg.4670 CDS	contig00122	35679	36056	3	+	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.4671 CDS	contig00122	36062	36400	2	+	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.4672 CDS	contig00122	36393	38510	3	+	2118
CB37	fig 6666666.3233.peg.4673 CDS	contig00122	38510	38941	2	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.4674 CDS	contig00122	38982	39272	3	+	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.4675 CDS	contig00122	39282	41204	3	+	1923
CB37	fig 6666666.3233.peg.4676 CDS	contig00122	41217	41708	3	+	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.4677 CDS	contig00122	41712	42911	3	+	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.4678 CDS	contig00122	42921	43925	3	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.4679 CDS	contig00122	44189	44013	-2	-	177
CB37	fig 6666666.3233.peg.4680 CDS	contig00122	44613	44858	3	+	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.4681 CDS	contig00122	44917	45300	1	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.4682 CDS	contig00122	45473	46786	2	+	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.4683 CDS	contig00122	47187	48566	3	+	1380
CB37	fig 6666666.3233.peg.4684 CDS	contig00122	49616	48630	-2	-	987
CB37	fig 6666666.3233.peg.4685 CDS	contig00122	49852	50031	1	+	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.4686 CDS	contig00122	50080	51291	1	+	1212
CB37	fig 6666666.3233.peg.4687 CDS	contig00122	51367	52380	1	+	1014
CB37	fig 6666666.3233.peg.4688 CDS	contig00122	52412	53866	2	+	1455
CB37	fig 6666666.3233.peg.4689 CDS	contig00122	54020	54355	2	+	336

CB37	fig 6666666.3233.peg.4690 CDS	contig00122	55273	54437	-1	-	837
CB37	fig 6666666.3233.peg.4691 CDS	contig00122	57622	55367	-1	-	2256
CB37	fig 6666666.3233.peg.4692 CDS	contig00122	58504	57824	-1	-	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.4693 CDS	contig00122	58717	59523	1	+	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.4694 CDS	contig00122	59527	59850	1	+	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.4695 CDS	contig00122	60799	59930	-1	-	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.4696 CDS	contig00122	61356	60799	-3	-	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.4697 CDS	contig00122	61772	63076	2	+	1305
CB37	fig 6666666.3233.peg.4698 CDS	contig00122	63249	64010	3	+	762
CB37	fig 6666666.3233.peg.4699 CDS	contig00122	64031	64879	2	+	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.4700 CDS	contig00122	64869	66383	3	+	1515
CB37	fig 6666666.3233.peg.4701 CDS	contig00122	66388	68139	1	+	1752
CB37	fig 6666666.3233.peg.4702 CDS	contig00122	68303	68770	2	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.4703 CDS	contig00122	68963	70600	2	+	1638
CB37	fig 6666666.3233.peg.4704 CDS	contig00122	71919	71380	-3	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.4705 CDS	contig00122	72492	73628	3	+	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.4706 CDS	contig00122	73631	76792	2	+	3162
CB37	fig 6666666.3233.peg.4707 CDS	contig00130	2842	2249	-1	-	594
CB37	fig 6666666.3233.peg.4708 CDS	contig00130	3424	2846	-1	-	579
CB37	fig 6666666.3233.peg.4709 CDS	contig00130	6033	3736	-3	-	2298
CB37	fig 6666666.3233.peg.4710 CDS	contig00130	7058	9088	2	+	2031
CB37	fig 6666666.3233.peg.4711 CDS	contig00130	9679	11082	1	+	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.4712 CDS	contig00130	11079	11423	3	+	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.4713 CDS	contig00130	12431	11538	-2	-	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.4714 CDS	contig00130	12729	13718	3	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.4715 CDS	contig00130	13820	14332	2	+	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.4716 CDS	contig00130	14359	14835	1	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.4717 CDS	contig00130	14835	15101	3	+	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.4718 CDS	contig00130	15103	15558	1	+	456
CB37	fig 6666666.3233.peg.4719 CDS	contig00130	16120	17751	1	+	1632
CB37	fig 6666666.3233.peg.4720 CDS	contig00130	17859	18779	3	+	921
CB37	fig 6666666.3233.peg.4721 CDS	contig00130	18866	19696	2	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.4722 CDS	contig00130	19727	20698	2	+	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.4723 CDS	contig00130	20695	21687	1	+	993
CB37	fig 6666666.3233.peg.4724 CDS	contig00130	21872	22816	2	+	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.4725 CDS	contig00130	22952	24226	2	+	1275
CB37	fig 6666666.3233.peg.4726 CDS	contig00130	26463	24298	-3	-	2166
CB37	fig 6666666.3233.peg.4727 CDS	contig00130	27798	26602	-3	-	1197
CB37	fig 6666666.3233.peg.4728 CDS	contig00130	28144	28596	1	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.4729 CDS	contig00130	28727	28593	-2	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.4730 CDS	contig00130	28912	29877	1	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4731 CDS	contig00130	29933	30868	2	+	936
CB37	fig 6666666.3233.peg.4732 CDS	contig00130	30865	31659	1	+	795
CB37	fig 6666666.3233.peg.4733 CDS	contig00130	31800	33626	3	+	1827
CB37	fig 6666666.3233.peg.4734 CDS	contig00130	33740	35200	2	+	1461
CB37	fig 6666666.3233.peg.4735 CDS	contig00130	36225	35266	-3	-	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.4736 CDS	contig00130	36413	37021	2	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.4737 CDS	contig00130	37507	37103	-1	-	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.4738 CDS	contig00130	39311	37725	-2	-	1587

CB37	fig 6666666.3233.peg.4739 CDS	contig00130	39950	40789	2	+	840
CB37	fig 6666666.3233.peg.4740 CDS	contig00130	41703	40897	-3	-	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.4741 CDS	contig00130	43977	41917	-3	-	2061
CB37	fig 6666666.3233.peg.4742 CDS	contig00130	44135	45211	2	+	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.4743 CDS	contig00130	45393	46034	3	+	642
CB37	fig 6666666.3233.peg.4744 CDS	contig00130	46224	48314	3	+	2091
CB37	fig 6666666.3233.peg.4745 CDS	contig00130	49019	48414	-2	-	606
CB37	fig 6666666.3233.peg.4746 CDS	contig00130	49137	49586	3	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.4747 CDS	contig00130	51251	49650	-2	-	1602
CB37	fig 6666666.3233.peg.4748 CDS	contig00130	51279	51422	3	+	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.4749 CDS	contig00130	54614	51537	-2	-	3078
CB37	fig 6666666.3233.peg.4750 CDS	contig00130	54936	55109	3	+	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.4751 CDS	contig00130	55261	56211	1	+	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.4752 CDS	contig00130	57141	56560	-3	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.4753 CDS	contig00130	57291	57815	3	+	525
CB37	fig 6666666.3233.peg.4754 CDS	contig00130	57875	58045	2	+	171
CB37	fig 6666666.3233.peg.4755 CDS	contig00130	58056	59081	3	+	1026
CB37	fig 6666666.3233.peg.4756 CDS	contig00130	59087	60037	2	+	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.4757 CDS	contig00130	60113	61036	2	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.4758 CDS	contig00130	61068	61805	3	+	738
CB37	fig 6666666.3233.peg.4759 CDS	contig00130	62051	62284	2	+	234
CB37	fig 6666666.3233.peg.4760 CDS	contig00130	62378	63625	2	+	1248
CB37	fig 6666666.3233.peg.4761 CDS	contig00130	63733	64548	1	+	816
CB37	fig 6666666.3233.peg.4762 CDS	contig00130	64545	65561	3	+	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.4763 CDS	contig00130	65558	66190	2	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.4764 CDS	contig00130	66215	67177	2	+	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.4765 CDS	contig00130	67168	67935	1	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.4766 CDS	contig00130	68381	69811	2	+	1431
CB37	fig 6666666.3233.peg.4767 CDS	contig00130	70045	70446	1	+	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.4768 CDS	contig00130	72067	70607	-1	-	1461
CB37	fig 6666666.3233.peg.4769 CDS	contig00130	73139	72549	-2	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.4770 CDS	contig00130	73243	73359	1	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.4771 CDS	contig00130	73378	74523	1	+	1146
CB37	fig 6666666.3233.peg.4772 CDS	contig00130	76015	74573	-1	-	1443
CB37	fig 6666666.3233.peg.4773 CDS	contig00130	76335	77552	3	+	1218
CB37	fig 6666666.3233.peg.4774 CDS	contig00130	77785	78732	1	+	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.4775 CDS	contig00130	82151	79077	-2	-	3075
CB37	fig 6666666.3233.peg.4776 CDS	contig00130	83582	82179	-2	-	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.4777 CDS	contig00130	84279	83587	-3	-	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.4778 CDS	contig00130	85157	84411	-2	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.4779 CDS	contig00130	85311	85424	3	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.4780 CDS	contig00130	85436	86497	2	+	1062
CB37	fig 6666666.3233.peg.4781 CDS	contig00130	86710	87390	1	+	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.4782 CDS	contig00130	87501	89171	3	+	1671
CB37	fig 6666666.3233.peg.4783 CDS	contig00130	89385	89669	3	+	285
CB37	fig 6666666.3233.peg.4784 CDS	contig00130	89810	90103	2	+	294
CB37	fig 6666666.3233.peg.4785 CDS	contig00130	90122	91297	2	+	1176
CB37	fig 6666666.3233.peg.4786 CDS	contig00130	91381	92082	1	+	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.4787 CDS	contig00130	92506	94353	1	+	1848

CB37	fig 6666666.3233.peg.4788 CDS	contig00130	96504	94444	-3	-	2061
CB37	fig 6666666.3233.peg.4789 CDS	contig00130	96821	96501	-2	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.4790 CDS	contig00130	97074	96811	-3	-	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.4791 CDS	contig00130	97876	97109	-1	-	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.4792 CDS	contig00130	98205	97873	-3	-	333
CB37	fig 6666666.3233.peg.4793 CDS	contig00130	98430	98708	3	+	279
CB37	fig 6666666.3233.peg.4794 CDS	contig00130	99249	98797	-3	-	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.4795 CDS	contig00130	99596	99357	-2	-	240
CB37	fig 6666666.3233.peg.4796 CDS	contig00130	100241	99756	-2	-	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.4797 CDS	contig00130	101114	100323	-2	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.4798 CDS	contig00130	101893	101324	-1	-	570
CB37	fig 6666666.3233.peg.4799 CDS	contig00130	103539	101893	-3	-	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.4800 CDS	contig00130	104812	103532	-1	-	1281
CB37	fig 6666666.3233.peg.4801 CDS	contig00130	105945	105040	-3	-	906
CB37	fig 6666666.3233.peg.4802 CDS	contig00130	106145	106498	2	+	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.4803 CDS	contig00130	106565	107224	2	+	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.4804 CDS	contig00130	107234	108676	2	+	1443
CB37	fig 6666666.3233.peg.4805 CDS	contig00130	108673	109185	1	+	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.4806 CDS	contig00130	109293	109922	3	+	630
CB37	fig 6666666.3233.peg.4807 CDS	contig00130	109948	110703	1	+	756
CB37	fig 6666666.3233.peg.4808 CDS	contig00130	110721	111155	3	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.4809 CDS	contig00130	111152	111679	2	+	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.4810 CDS	contig00130	111682	112092	1	+	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.4811 CDS	contig00130	112285	112653	1	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.4812 CDS	contig00130	112658	112981	2	+	324
CB37	fig 6666666.3233.peg.4813 CDS	contig00130	113551	113042	-1	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.4814 CDS	contig00130	114200	113661	-2	-	540
CB37	fig 6666666.3233.peg.4815 CDS	contig00130	114383	114577	2	+	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.4816 CDS	contig00130	114747	115883	3	+	1137
CB37	fig 6666666.3233.peg.4817 CDS	contig00130	115876	117147	1	+	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.4818 CDS	contig00130	117144	118358	3	+	1215
CB37	fig 6666666.3233.peg.4819 CDS	contig00130	118361	119644	2	+	1284
CB37	fig 6666666.3233.peg.4820 CDS	contig00130	119664	120356	3	+	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.4821 CDS	contig00130	120609	122375	3	+	1767
CB37	fig 6666666.3233.peg.4822 CDS	contig00130	123007	123876	1	+	870
CB37	fig 6666666.3233.peg.4823 CDS	contig00130	125515	124028	-1	-	1488
CB37	fig 6666666.3233.peg.4824 CDS	contig00130	126007	125558	-1	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.4825 CDS	contig00130	126386	127360	2	+	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.4826 CDS	contig00130	127389	128417	3	+	1029
CB37	fig 6666666.3233.peg.4827 CDS	contig00130	129397	128504	-1	-	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.4828 CDS	contig00130	129581	129766	2	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.4829 CDS	contig00130	129808	130281	1	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.4830 CDS	contig00130	131396	130377	-2	-	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.4831 CDS	contig00130	132470	131406	-2	-	1065
CB37	fig 6666666.3233.peg.4832 CDS	contig00130	132585	133445	3	+	861
CB37	fig 6666666.3233.peg.4833 CDS	contig00130	133657	134199	1	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.4834 CDS	contig00130	135107	134211	-2	-	897
CB37	fig 6666666.3233.peg.4835 CDS	contig00130	135425	136594	2	+	1170
CB37	fig 6666666.3233.peg.4836 CDS	contig00130	137980	136694	-1	-	1287

CB37	fig 6666666.3233.peg.4837 CDS	contig00130	138654	137977	-3	-	678
CB37	fig 6666666.3233.peg.4838 CDS	contig00130	138807	139847	3	+	1041
CB37	fig 6666666.3233.peg.4839 CDS	contig00130	139850	141319	2	+	1470
CB37	fig 6666666.3233.peg.4840 CDS	contig00130	141404	141517	2	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.4841 CDS	contig00130	141569	141949	2	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.4842 CDS	contig00130	142379	144427	2	+	2049
CB37	fig 6666666.3233.peg.4843 CDS	contig00130	145008	145676	3	+	669
CB37	fig 6666666.3233.peg.4844 CDS	contig00130	145701	146084	3	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.4845 CDS	contig00130	146125	147531	1	+	1407
CB37	fig 6666666.3233.peg.4846 CDS	contig00130	147608	148930	2	+	1323
CB37	fig 6666666.3233.peg.4847 CDS	contig00130	149958	149005	-3	-	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.4848 CDS	contig00130	150912	149962	-3	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.4849 CDS	contig00130	151860	150916	-3	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.4850 CDS	contig00130	152811	151864	-3	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.4851 CDS	contig00130	153765	152815	-3	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.4852 CDS	contig00130	157246	153770	-1	-	3477
CB37	fig 6666666.3233.peg.4853 CDS	contig00130	159934	157550	-1	-	2385
CB37	fig 6666666.3233.peg.4854 CDS	contig00130	160343	162799	2	+	2457
CB37	fig 6666666.3233.peg.4855 CDS	contig00130	162886	163596	1	+	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.4856 CDS	contig00130	163782	163982	3	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.4857 CDS	contig00130	164916	164005	-3	-	912
CB37	fig 6666666.3233.peg.4858 CDS	contig00130	165179	167461	2	+	2283
CB37	fig 6666666.3233.peg.4859 CDS	contig00130	167952	167551	-3	-	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.4860 CDS	contig00130	168252	167956	-3	-	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.4861 CDS	contig00130	168768	168373	-3	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.4862 CDS	contig00130	169451	168879	-2	-	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.4863 CDS	contig00130	170087	169845	-2	-	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.4864 CDS	contig00130	172731	170182	-3	-	2550
CB37	fig 6666666.3233.peg.4865 CDS	contig00130	173923	172724	-1	-	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.4866 CDS	contig00130	173922	174035	3	+	114
CB37	fig 6666666.3233.peg.4867 CDS	contig00130	175345	174086	-1	-	1260
CB37	fig 6666666.3233.peg.4868 CDS	contig00130	176489	175683	-2	-	807
CB37	fig 6666666.3233.peg.4869 CDS	contig00130	177679	176489	-1	-	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.4870 CDS	contig00130	179182	177743	-1	-	1440
CB37	fig 6666666.3233.peg.4871 CDS	contig00130	180206	179196	-2	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.4872 CDS	contig00130	180853	180245	-1	-	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.4873 CDS	contig00130	182435	180870	-2	-	1566
CB37	fig 6666666.3233.peg.4874 CDS	contig00130	182737	182612	-1	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.4875 CDS	contig00130	182833	183690	1	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.4876 CDS	contig00130	183752	184372	2	+	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.4877 CDS	contig00130	185169	184459	-3	-	711
CB37	fig 6666666.3233.peg.4878 CDS	contig00130	185514	186452	3	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.4879 CDS	contig00130	186937	186617	-1	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.4880 CDS	contig00130	187506	186940	-3	-	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.4881 CDS	contig00130	187693	188460	1	+	768
CB37	fig 6666666.3233.peg.4882 CDS	contig00130	190863	188500	-3	-	2364
CB37	fig 6666666.3233.peg.4883 CDS	contig00130	191373	191939	3	+	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.4884 CDS	contig00130	192007	193773	1	+	1767
CB37	fig 6666666.3233.peg.4885 CDS	contig00130	193820	194377	2	+	558



CB37	fig 6666666.3233.peg.4886 CDS	contig00134	2224	884	-1	-	1341
CB37	fig 6666666.3233.peg.4887 CDS	contig00134	2727	2296	-3	-	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.4888 CDS	contig00134	2829	3872	3	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.4889 CDS	contig00134	3869	4834	2	+	966
CB37	fig 6666666.3233.peg.4890 CDS	contig00134	5783	4860	-2	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.4891 CDS	contig00134	6503	7687	2	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.4892 CDS	contig00134	7955	8335	2	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.4893 CDS	contig00134	8349	8897	3	+	549
CB37	fig 6666666.3233.peg.4894 CDS	contig00134	9041	9469	2	+	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.4895 CDS	contig00134	9474	10175	3	+	702
CB37	fig 6666666.3233.peg.4896 CDS	contig00134	10469	10963	2	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.4897 CDS	contig00134	11021	11389	2	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.4898 CDS	contig00134	11640	15668	3	+	4029
CB37	fig 6666666.3233.peg.4899 CDS	contig00134	15774	19976	3	+	4203
CB37	fig 6666666.3233.peg.4900 CDS	contig00134	20197	20382	1	+	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.4901 CDS	contig00134	20825	20340	-2	-	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.4902 CDS	contig00134	21010	21792	1	+	783
CB37	fig 6666666.3233.peg.4903 CDS	contig00134	21914	22405	2	+	492
CB37	fig 6666666.3233.peg.4904 CDS	contig00134	22410	23150	3	+	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.4905 CDS	contig00134	23455	24522	1	+	1068
CB37	fig 6666666.3233.peg.4906 CDS	contig00134	25315	24743	-1	-	573
CB37	fig 6666666.3233.peg.4907 CDS	contig00134	26246	25323	-2	-	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.4908 CDS	contig00134	26313	26900	3	+	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.4909 CDS	contig00134	28113	26980	-3	-	1134
CB37	fig 6666666.3233.peg.4910 CDS	contig00134	28367	28639	2	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.4911 CDS	contig00134	28679	29377	2	+	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.4912 CDS	contig00134	30757	29468	-1	-	1290
CB37	fig 6666666.3233.peg.4913 CDS	contig00134	32498	30891	-2	-	1608
CB37	fig 6666666.3233.peg.4914 CDS	contig00134	32765	33163	2	+	399
CB37	fig 6666666.3233.peg.4915 CDS	contig00134	33320	34891	2	+	1572
CB37	fig 6666666.3233.peg.4916 CDS	contig00134	35644	36987	1	+	1344
CB37	fig 6666666.3233.peg.4917 CDS	contig00134	37104	39239	3	+	2136
CB37	fig 6666666.3233.peg.4918 CDS	contig00134	40531	39515	-1	-	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.4919 CDS	contig00135	2714	2550	-2	-	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.4920 CDS	contig00135	3136	3384	1	+	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.4921 CDS	contig00135	3754	3512	-1	-	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.4922 CDS	contig00135	4011	3796	-3	-	216
CB37	fig 6666666.3233.peg.4923 CDS	contig00135	4713	4015	-3	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.4924 CDS	contig00135	4941	5183	3	+	243
CB37	fig 6666666.3233.peg.4925 CDS	contig00135	5588	5244	-2	-	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.4926 CDS	contig00135	6087	7856	3	+	1770
CB37	fig 6666666.3233.peg.4927 CDS	contig00135	8506	8168	-1	-	339
CB37	fig 6666666.3233.peg.4928 CDS	contig00135	9194	8496	-2	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.4929 CDS	contig00135	9512	11482	2	+	1971
CB37	fig 6666666.3233.peg.4930 CDS	contig00135	12121	11546	-1	-	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.4931 CDS	contig00135	12294	13172	3	+	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.4932 CDS	contig00135	13347	14240	3	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.4933 CDS	contig00135	15264	14362	-3	-	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.4934 CDS	contig00135	15394	15540	1	+	147

CB37	fig 6666666.3233.peg.4935 CDS	contig00135	15553	16203	1	+	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.4936 CDS	contig00135	16538	17686	2	+	1149
CB37	fig 6666666.3233.peg.4937 CDS	contig00135	17836	18912	1	+	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.4938 CDS	contig00135	19935	18940	-3	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.4939 CDS	contig00135	20060	20674	2	+	615
CB37	fig 6666666.3233.peg.4940 CDS	contig00135	21260	20781	-2	-	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.4941 CDS	contig00135	23561	21561	-2	-	2001
CB37	fig 6666666.3233.peg.4942 CDS	contig00135	24036	23683	-3	-	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.4943 CDS	contig00135	42029	24483	-2	-	17547
CB37	fig 6666666.3233.peg.4944 CDS	contig00135	42230	42583	2	+	354
CB37	fig 6666666.3233.peg.4945 CDS	contig00135	42596	43945	2	+	1350
CB37	fig 6666666.3233.peg.4946 CDS	contig00135	43949	46180	2	+	2232
CB37	fig 6666666.3233.peg.4947 CDS	contig00135	46155	47579	3	+	1425
CB37	fig 6666666.3233.peg.4948 CDS	contig00135	47569	49155	1	+	1587
CB37	fig 6666666.3233.peg.4949 CDS	contig00135	49152	51290	3	+	2139
CB37	fig 6666666.3233.peg.4950 CDS	contig00135	51399	51767	3	+	369
CB37	fig 6666666.3233.peg.4951 CDS	contig00135	52839	51994	-3	-	846
CB37	fig 6666666.3233.peg.4952 CDS	contig00135	54347	53175	-2	-	1173
CB37	fig 6666666.3233.peg.4953 CDS	contig00135	55140	54427	-3	-	714
CB37	fig 6666666.3233.peg.4954 CDS	contig00135	56375	55140	-2	-	1236
CB37	fig 6666666.3233.peg.4955 CDS	contig00135	57594	56365	-3	-	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.4956 CDS	contig00135	58407	57661	-3	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.4957 CDS	contig00135	59958	58525	-3	-	1434
CB37	fig 6666666.3233.peg.4958 CDS	contig00135	60332	61495	2	+	1164
CB37	fig 6666666.3233.peg.4959 CDS	contig00135	61758	61492	-3	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.4960 CDS	contig00135	62127	62336	3	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.4961 CDS	contig00135	62410	62955	1	+	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.4962 CDS	contig00135	62942	63484	2	+	543
CB37	fig 6666666.3233.peg.4963 CDS	contig00135	65668	65030	-1	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.4964 CDS	contig00135	67805	65652	-2	-	2154
CB37	fig 6666666.3233.peg.4965 CDS	contig00135	69077	67809	-2	-	1269
CB37	fig 6666666.3233.peg.4966 CDS	contig00135	70090	69089	-1	-	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.4967 CDS	contig00135	70811	70515	-2	-	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.4968 CDS	contig00135	72042	70879	-3	-	1164
CB37	fig 6666666.3233.peg.4969 CDS	contig00135	73441	72053	-1	-	1389
CB37	fig 6666666.3233.peg.4970 CDS	contig00135	74842	75003	1	+	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.4971 CDS	contig00135	75009	75188	3	+	180
CB37	fig 6666666.3233.peg.4972 CDS	contig00135	75456	75584	3	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.4973 CDS	contig00135	75574	76176	1	+	603
CB37	fig 6666666.3233.peg.4974 CDS	contig00135	76191	76490	3	+	300
CB37	fig 6666666.3233.peg.4975 CDS	contig00135	77400	76552	-3	-	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.4976 CDS	contig00135	77494	78252	1	+	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.4977 CDS	contig00135	78877	78734	-1	-	144
CB37	fig 6666666.3233.peg.4978 CDS	contig00135	80096	79086	-2	-	1011
CB37	fig 6666666.3233.peg.4979 CDS	contig00135	82330	81329	-1	-	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.4980 CDS	contig00135	82501	82367	-1	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.4981 CDS	contig00135	83839	82817	-1	-	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.4982 CDS	contig00135	84210	84326	3	+	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.4983 CDS	contig00135	85721	84738	-2	-	984

CB37	fig 6666666.3233.peg.4984 CDS	contig00135	86713	85718	-1	-	996
CB37	fig 6666666.3233.peg.4985 CDS	contig00135	87600	86716	-3	-	885
CB37	fig 6666666.3233.peg.4986 CDS	contig00135	88564	87611	-1	-	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.4987 CDS	contig00135	90340	88583	-1	-	1758
CB37	fig 6666666.3233.peg.4988 CDS	contig00135	91165	90539	-1	-	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.4989 CDS	contig00135	94424	91341	-2	-	3084
CB37	fig 6666666.3233.peg.4990 CDS	contig00135	95584	94565	-1	-	1020
CB37	fig 6666666.3233.peg.4991 CDS	contig00135	95796	95644	-3	-	153
CB37	fig 6666666.3233.peg.4992 CDS	contig00135	97858	97673	-1	-	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.4993 CDS	contig00135	99024	98596	-3	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.4994 CDS	contig00135	99291	99160	-3	-	132
CB37	fig 6666666.3233.peg.4995 CDS	contig00135	99854	100099	2	+	246
CB37	fig 6666666.3233.peg.4996 CDS	contig00135	100099	100416	1	+	318
CB37	fig 6666666.3233.peg.4997 CDS	contig00135	100893	100492	-3	-	402
CB37	fig 6666666.3233.peg.4998 CDS	contig00135	101617	101057	-1	-	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.4999 CDS	contig00135	102369	101770	-3	-	600
CB37	fig 6666666.3233.peg.5000 CDS	contig00135	102911	102516	-2	-	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.5001 CDS	contig00135	103505	103047	-2	-	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.5002 CDS	contig00135	104400	104080	-3	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.5003 CDS	contig00135	104866	104994	1	+	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.5004 CDS	contig00135	105799	105140	-1	-	660
CB37	fig 6666666.3233.peg.5005 CDS	contig00135	106678	106815	1	+	138
CB37	fig 6666666.3233.peg.5006 CDS	contig00135	107136	107495	3	+	360
CB37	fig 6666666.3233.peg.5007 CDS	contig00135	108139	107579	-1	-	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.5008 CDS	contig00135	108576	109208	3	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.5009 CDS	contig00135	109223	109696	2	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.5010 CDS	contig00135	110654	109764	-2	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.5011 CDS	contig00135	112960	110693	-1	-	2268
CB37	fig 6666666.3233.peg.5012 CDS	contig00135	113762	113139	-2	-	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.5013 CDS	contig00135	114364	113852	-1	-	513
CB37	fig 6666666.3233.peg.5014 CDS	contig00135	115170	114535	-3	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.5015 CDS	contig00135	115936	115379	-1	-	558
CB37	fig 6666666.3233.peg.5016 CDS	contig00135	116262	116471	3	+	210
CB37	fig 6666666.3233.peg.5017 CDS	contig00135	116543	118312	2	+	1770
CB37	fig 6666666.3233.peg.5018 CDS	contig00135	121557	118405	-3	-	3153
CB37	fig 6666666.3233.peg.5019 CDS	contig00135	122693	121566	-2	-	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.5020 CDS	contig00135	123044	123502	2	+	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.5021 CDS	contig00135	124852	123623	-1	-	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.5022 CDS	contig00135	125230	125045	-1	-	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.5023 CDS	contig00135	125906	125262	-2	-	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.5024 CDS	contig00135	126171	126344	3	+	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.5025 CDS	contig00135	127039	126407	-1	-	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.5026 CDS	contig00135	128762	127026	-2	-	1737
CB37	fig 6666666.3233.peg.5027 CDS	contig00135	129009	129494	3	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.5028 CDS	contig00135	129538	129846	1	+	309
CB37	fig 6666666.3233.peg.5029 CDS	contig00135	129843	132332	3	+	2490
CB37	fig 6666666.3233.peg.5030 CDS	contig00135	132406	132864	1	+	459
CB37	fig 6666666.3233.peg.5031 CDS	contig00135	132893	133471	2	+	579
CB37	fig 6666666.3233.peg.5032 CDS	contig00135	133487	133621	2	+	135

CB37	fig 6666666.3233.peg.5033 CDS	contig00135	133824	133699	-3	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.5034 CDS	contig00135	135522	133861	-3	-	1662
CB37	fig 6666666.3233.peg.5035 CDS	contig00135	136048	135701	-1	-	348
CB37	fig 6666666.3233.peg.5036 CDS	contig00135	137301	136093	-3	-	1209
CB37	fig 6666666.3233.peg.5037 CDS	contig00135	138053	137313	-2	-	741
CB37	fig 6666666.3233.peg.5038 CDS	contig00136	73	4245	1	+	4173
CB37	fig 6666666.3233.peg.5039 CDS	contig00136	4737	4309	-3	-	429
CB37	fig 6666666.3233.peg.5040 CDS	contig00136	9344	4944	-2	-	4401
CB37	fig 6666666.3233.peg.5041 CDS	contig00136	9660	10049	3	+	390
CB37	fig 6666666.3233.peg.5042 CDS	contig00136	10717	10079	-1	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.5043 CDS	contig00136	11927	10728	-2	-	1200
CB37	fig 6666666.3233.peg.5044 CDS	contig00136	13036	11924	-1	-	1113
CB37	fig 6666666.3233.peg.5045 CDS	contig00136	14723	13296	-2	-	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.5046 CDS	contig00136	15844	14720	-1	-	1125
CB37	fig 6666666.3233.peg.5047 CDS	contig00136	17326	15953	-1	-	1374
CB37	fig 6666666.3233.peg.5048 CDS	contig00136	18744	17323	-3	-	1422
CB37	fig 6666666.3233.peg.5049 CDS	contig00136	19894	18737	-1	-	1158
CB37	fig 6666666.3233.peg.5050 CDS	contig00136	21104	19920	-2	-	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.5051 CDS	contig00136	22333	21257	-1	-	1077
CB37	fig 6666666.3233.peg.5052 CDS	contig00136	23837	22308	-2	-	1530
CB37	fig 6666666.3233.peg.5053 CDS	contig00136	24446	24063	-2	-	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.5054 CDS	contig00136	25148	24459	-2	-	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.5055 CDS	contig00136	27247	25148	-1	-	2100
CB37	fig 6666666.3233.peg.5056 CDS	contig00136	28092	27244	-3	-	849
CB37	fig 6666666.3233.peg.5057 CDS	contig00136	28442	28122	-2	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.5058 CDS	contig00136	28758	28642	-3	-	117
CB37	fig 6666666.3233.peg.5059 CDS	contig00136	28759	29601	1	+	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.5060 CDS	contig00136	30625	29609	-1	-	1017
CB37	fig 6666666.3233.peg.5061 CDS	contig00136	32102	30732	-2	-	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.5062 CDS	contig00136	32384	32995	2	+	612
CB37	fig 6666666.3233.peg.5063 CDS	contig00136	33304	33110	-1	-	195
CB37	fig 6666666.3233.peg.5064 CDS	contig00136	34423	33557	-1	-	867
CB37	fig 6666666.3233.peg.5065 CDS	contig00136	34723	35616	1	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.5066 CDS	contig00136	35616	36578	3	+	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.5067 CDS	contig00136	36678	36803	3	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.5068 CDS	contig00136	36888	37232	3	+	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.5069 CDS	contig00136	37754	37266	-2	-	489
CB37	fig 6666666.3233.peg.5070 CDS	contig00136	37890	39914	3	+	2025
CB37	fig 6666666.3233.peg.5071 CDS	contig00136	40123	40536	1	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.5072 CDS	contig00136	40526	40960	2	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.5073 CDS	contig00136	40911	41231	3	+	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.5074 CDS	contig00136	41283	41663	3	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.5075 CDS	contig00136	41701	41919	1	+	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.5076 CDS	contig00136	42150	41926	-3	-	225
CB37	fig 6666666.3233.peg.5077 CDS	contig00136	42965	42147	-2	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.5078 CDS	contig00136	43146	43895	3	+	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.5079 CDS	contig00136	44068	44976	1	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.5080 CDS	contig00136	45409	45143	-1	-	267
CB37	fig 6666666.3233.peg.5081 CDS	contig00136	47262	45484	-3	-	1779

CB37	fig 6666666.3233.peg.5082 CDS	contig00136	47846	47259	-2	-	588
CB37	fig 6666666.3233.peg.5083 CDS	contig00136	48543	47824	-3	-	720
CB37	fig 6666666.3233.peg.5084 CDS	contig00136	49285	48587	-1	-	699
CB37	fig 6666666.3233.peg.5085 CDS	contig00136	50110	49292	-1	-	819
CB37	fig 6666666.3233.peg.5086 CDS	contig00136	50454	51905	3	+	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.5087 CDS	contig00136	51958	53937	1	+	1980
CB37	fig 6666666.3233.peg.5088 CDS	contig00136	54916	54038	-1	-	879
CB37	fig 6666666.3233.peg.5089 CDS	contig00136	57264	54919	-3	-	2346
CB37	fig 6666666.3233.peg.5090 CDS	contig00136	57665	59257	2	+	1593
CB37	fig 6666666.3233.peg.5091 CDS	contig00136	60366	59542	-3	-	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.5092 CDS	contig00136	60694	61146	1	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.5093 CDS	contig00136	61136	61759	2	+	624
CB37	fig 6666666.3233.peg.5094 CDS	contig00136	62070	63731	3	+	1662
CB37	fig 6666666.3233.peg.5095 CDS	contig00136	63741	64373	3	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.5096 CDS	contig00136	64447	64647	1	+	201
CB37	fig 6666666.3233.peg.5097 CDS	contig00136	64658	67513	2	+	2856
CB37	fig 6666666.3233.peg.5098 CDS	contig00136	67525	68133	1	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.5099 CDS	contig00136	68147	69199	2	+	1053
CB37	fig 6666666.3233.peg.5100 CDS	contig00136	69183	69599	3	+	417
CB37	fig 6666666.3233.peg.5101 CDS	contig00136	69791	70522	2	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.5102 CDS	contig00142	2576	1626	-2	-	951
CB37	fig 6666666.3233.peg.5103 CDS	contig00142	3042	4043	3	+	1002
CB37	fig 6666666.3233.peg.5104 CDS	contig00142	4170	5465	3	+	1296
CB37	fig 6666666.3233.peg.5105 CDS	contig00142	7798	5507	-1	-	2292
CB37	fig 6666666.3233.peg.5106 CDS	contig00142	8650	7820	-1	-	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.5107 CDS	contig00142	9575	9129	-2	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.5108 CDS	contig00142	11660	9588	-2	-	2073
CB37	fig 6666666.3233.peg.5109 CDS	contig00142	12616	11867	-1	-	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.5110 CDS	contig00142	13861	12626	-1	-	1236
CB37	fig 6666666.3233.peg.5111 CDS	contig00142	14342	14995	2	+	654
CB37	fig 6666666.3233.peg.5112 CDS	contig00142	15271	16512	1	+	1242
CB37	fig 6666666.3233.peg.5113 CDS	contig00142	17509	16562	-1	-	948
CB37	fig 6666666.3233.peg.5114 CDS	contig00142	19166	17760	-2	-	1407
CB37	fig 6666666.3233.peg.5115 CDS	contig00142	19824	20384	3	+	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.5116 CDS	contig00142	20815	20396	-1	-	420
CB37	fig 6666666.3233.peg.5117 CDS	contig00142	20912	21820	2	+	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.5118 CDS	contig00142	22182	23186	3	+	1005
CB37	fig 6666666.3233.peg.5119 CDS	contig00142	23186	23626	2	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.5120 CDS	contig00142	23717	25252	2	+	1536
CB37	fig 6666666.3233.peg.5121 CDS	contig00142	25715	26758	2	+	1044
CB37	fig 6666666.3233.peg.5122 CDS	contig00142	27443	26877	-2	-	567
CB37	fig 6666666.3233.peg.5123 CDS	contig00142	27764	27579	-2	-	186
CB37	fig 6666666.3233.peg.5124 CDS	contig00142	27836	28759	2	+	924
CB37	fig 6666666.3233.peg.5125 CDS	contig00142	28813	31194	1	+	2382
CB37	fig 6666666.3233.peg.5126 CDS	contig00142	31199	32506	2	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.5127 CDS	contig00142	32507	33925	2	+	1419
CB37	fig 6666666.3233.peg.5128 CDS	contig00142	33918	35909	3	+	1992
CB37	fig 6666666.3233.peg.5129 CDS	contig00142	35946	39017	3	+	3072
CB37	fig 6666666.3233.peg.5130 CDS	contig00142	39098	42643	2	+	3546

CB37	fig 6666666.3233.peg.5131 CDS	contig00142	42636	46214	3	+	3579
CB37	fig 6666666.3233.peg.5132 CDS	contig00142	46366	48015	1	+	1650
CB37	fig 6666666.3233.peg.5133 CDS	contig00142	48015	49142	3	+	1128
CB37	fig 6666666.3233.peg.5134 CDS	contig00142	50238	51755	3	+	1518
CB37	fig 6666666.3233.peg.5135 CDS	contig00142	51748	53295	1	+	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.5136 CDS	contig00142	53457	53993	3	+	537
CB37	fig 6666666.3233.peg.5137 CDS	contig00142	54979	55215	1	+	237
CB37	fig 6666666.3233.peg.5138 CDS	contig00142	55550	56599	2	+	1050
CB37	fig 6666666.3233.peg.5139 CDS	contig00142	57680	56790	-2	-	891
CB37	fig 6666666.3233.peg.5140 CDS	contig00142	58159	58365	1	+	207
CB37	fig 6666666.3233.peg.5141 CDS	contig00142	58976	59800	2	+	825
CB37	fig 6666666.3233.peg.5142 CDS	contig00142	59800	61170	1	+	1371
CB37	fig 6666666.3233.peg.5143 CDS	contig00142	61167	61643	3	+	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.5144 CDS	contig00142	61646	62887	2	+	1242
CB37	fig 6666666.3233.peg.5145 CDS	contig00142	62884	64155	1	+	1272
CB37	fig 6666666.3233.peg.5146 CDS	contig00142	64157	65059	2	+	903
CB37	fig 6666666.3233.peg.5147 CDS	contig00142	65056	65898	1	+	843
CB37	fig 6666666.3233.peg.5148 CDS	contig00142	65910	66632	3	+	723
CB37	fig 6666666.3233.peg.5149 CDS	contig00142	66635	67117	2	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.5150 CDS	contig00142	67104	67664	3	+	561
CB37	fig 6666666.3233.peg.5151 CDS	contig00142	67669	69216	1	+	1548
CB37	fig 6666666.3233.peg.5152 CDS	contig00142	69225	69905	3	+	681
CB37	fig 6666666.3233.peg.5153 CDS	contig00142	69973	71418	1	+	1446
CB37	fig 6666666.3233.peg.5154 CDS	contig00142	71957	72562	2	+	606
CB37	fig 6666666.3233.peg.5155 CDS	contig00142	72540	73670	3	+	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.5156 CDS	contig00142	73934	74374	2	+	441
CB37	fig 6666666.3233.peg.5157 CDS	contig00142	74404	74856	1	+	453
CB37	fig 6666666.3233.peg.5158 CDS	contig00142	74858	76621	2	+	1764
CB37	fig 6666666.3233.peg.5159 CDS	contig00142	76646	77113	2	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.5160 CDS	contig00142	77332	78594	1	+	1263
CB37	fig 6666666.3233.peg.5161 CDS	contig00142	79265	79104	-2	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.5162 CDS	contig00142	79822	79502	-1	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.5163 CDS	contig00142	80149	81102	1	+	954
CB37	fig 6666666.3233.peg.5164 CDS	contig00142	82397	81171	-2	-	1227
CB37	fig 6666666.3233.peg.5165 CDS	contig00142	83119	83703	1	+	585
CB37	fig 6666666.3233.peg.5166 CDS	contig00142	83720	85180	2	+	1461
CB37	fig 6666666.3233.peg.5167 CDS	contig00142	85200	86900	3	+	1701
CB37	fig 6666666.3233.peg.5168 CDS	contig00142	86927	87865	2	+	939
CB37	fig 6666666.3233.peg.5169 CDS	contig00142	87970	88770	1	+	801
CB37	fig 6666666.3233.peg.5170 CDS	contig00142	88772	89956	2	+	1185
CB37	fig 6666666.3233.peg.5171 CDS	contig00142	90774	90118	-3	-	657
CB37	fig 6666666.3233.peg.5172 CDS	contig00142	91062	91466	3	+	405
CB37	fig 6666666.3233.peg.5173 CDS	contig00142	92346	91555	-3	-	792
CB37	fig 6666666.3233.peg.5174 CDS	contig00142	93723	92356	-3	-	1368
CB37	fig 6666666.3233.peg.5175 CDS	contig00153	1288	251	-1	-	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.5176 CDS	contig00153	1455	1327	-3	-	129
CB37	fig 6666666.3233.peg.5177 CDS	contig00153	2571	1540	-3	-	1032
CB37	fig 6666666.3233.peg.5178 CDS	contig00153	3448	2678	-1	-	771
CB37	fig 6666666.3233.peg.5179 CDS	contig00153	4308	3448	-3	-	861

CB37	fig 6666666.3233.peg.5180 CDS	contig00153	5404	4289	-1	-	1116
CB37	fig 6666666.3233.peg.5181 CDS	contig00153	5806	6603	1	+	798
CB37	fig 6666666.3233.peg.5182 CDS	contig00153	6629	7432	2	+	804
CB37	fig 6666666.3233.peg.5183 CDS	contig00153	7450	8112	1	+	663
CB37	fig 6666666.3233.peg.5184 CDS	contig00153	8311	9204	1	+	894
CB37	fig 6666666.3233.peg.5185 CDS	contig00153	10080	9316	-3	-	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.5186 CDS	contig00153	10238	10113	-2	-	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.5187 CDS	contig00153	11191	10445	-1	-	747
CB37	fig 6666666.3233.peg.5188 CDS	contig00153	11932	11282	-1	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.5189 CDS	contig00153	12133	11969	-1	-	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.5190 CDS	contig00153	14511	12148	-3	-	2364
CB37	fig 6666666.3233.peg.5191 CDS	contig00153	14992	14516	-1	-	477
CB37	fig 6666666.3233.peg.5192 CDS	contig00153	16056	15082	-3	-	975
CB37	fig 6666666.3233.peg.5193 CDS	contig00153	16229	16056	-2	-	174
CB37	fig 6666666.3233.peg.5194 CDS	contig00153	16859	16239	-2	-	621
CB37	fig 6666666.3233.peg.5195 CDS	contig00153	18299	16872	-2	-	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.5196 CDS	contig00153	18556	18912	1	+	357
CB37	fig 6666666.3233.peg.5197 CDS	contig00153	19026	20213	3	+	1188
CB37	fig 6666666.3233.peg.5198 CDS	contig00153	20203	21933	1	+	1731
CB37	fig 6666666.3233.peg.5199 CDS	contig00153	22130	23359	2	+	1230
CB37	fig 6666666.3233.peg.5200 CDS	contig00153	23360	25465	2	+	2106
CB37	fig 6666666.3233.peg.5201 CDS	contig00153	25554	27332	3	+	1779
CB37	fig 6666666.3233.peg.5202 CDS	contig00153	27364	27774	1	+	411
CB37	fig 6666666.3233.peg.5203 CDS	contig00153	27775	29133	1	+	1359
CB37	fig 6666666.3233.peg.5204 CDS	contig00153	29247	29465	3	+	219
CB37	fig 6666666.3233.peg.5205 CDS	contig00153	29521	29865	1	+	345
CB37	fig 6666666.3233.peg.5206 CDS	contig00159	776	231	-2	-	546
CB37	fig 6666666.3233.peg.5207 CDS	contig00159	852	1970	3	+	1119
CB37	fig 6666666.3233.peg.5208 CDS	contig00159	2087	2944	2	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.5209 CDS	contig00159	3188	4534	2	+	1347
CB37	fig 6666666.3233.peg.5210 CDS	contig00159	4813	6693	1	+	1881
CB37	fig 6666666.3233.peg.5211 CDS	contig00159	6817	7704	1	+	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.5212 CDS	contig00159	9356	7824	-2	-	1533
CB37	fig 6666666.3233.peg.5213 CDS	contig00159	9843	10277	3	+	435
CB37	fig 6666666.3233.peg.5214 CDS	contig00159	10479	10943	3	+	465
CB37	fig 6666666.3233.peg.5215 CDS	contig00159	11148	12185	3	+	1038
CB37	fig 6666666.3233.peg.5216 CDS	contig00159	12264	13085	3	+	822
CB37	fig 6666666.3233.peg.5217 CDS	contig00159	13130	14260	2	+	1131
CB37	fig 6666666.3233.peg.5218 CDS	contig00159	15312	14356	-3	-	957
CB37	fig 6666666.3233.peg.5219 CDS	contig00159	16134	15499	-3	-	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.5220 CDS	contig00159	16530	16156	-3	-	375
CB37	fig 6666666.3233.peg.5221 CDS	contig00159	17511	16540	-3	-	972
CB37	fig 6666666.3233.peg.5222 CDS	contig00159	17961	19781	3	+	1821
CB37	fig 6666666.3233.peg.5223 CDS	contig00159	19781	20539	2	+	759
CB37	fig 6666666.3233.peg.5224 CDS	contig00159	20542	20925	1	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.5225 CDS	contig00159	20938	21315	1	+	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.5226 CDS	contig00159	22090	21407	-1	-	684
CB37	fig 6666666.3233.peg.5227 CDS	contig00159	23737	22334	-1	-	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.5228 CDS	contig00159	24532	24011	-1	-	522

CB37	fig 6666666.3233.peg.5229 CDS	contig00159	24610	25632	1	+	1023
CB37	fig 6666666.3233.peg.5230 CDS	contig00159	25727	26224	2	+	498
CB37	fig 6666666.3233.peg.5231 CDS	contig00159	26877	26302	-3	-	576
CB37	fig 6666666.3233.peg.5232 CDS	contig00159	28985	27339	-2	-	1647
CB37	fig 6666666.3233.peg.5233 CDS	contig00159	29350	29060	-1	-	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.5234 CDS	contig00159	29571	30959	3	+	1389
CB37	fig 6666666.3233.peg.5235 CDS	contig00159	32035	31073	-1	-	963
CB37	fig 6666666.3233.peg.5236 CDS	contig00159	33228	32320	-3	-	909
CB37	fig 6666666.3233.peg.5237 CDS	contig00159	33861	33352	-3	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.5238 CDS	contig00159	34053	34742	3	+	690
CB37	fig 6666666.3233.peg.5239 CDS	contig00159	34742	36145	2	+	1404
CB37	fig 6666666.3233.peg.5240 CDS	contig00159	36218	36826	2	+	609
CB37	fig 6666666.3233.peg.5241 CDS	contig00159	36957	37436	3	+	480
CB37	fig 6666666.3233.peg.5242 CDS	contig00159	38025	37507	-3	-	519
CB37	fig 6666666.3233.peg.5243 CDS	contig00159	38450	39901	2	+	1452
CB37	fig 6666666.3233.peg.5244 CDS	contig00159	40080	41387	3	+	1308
CB37	fig 6666666.3233.peg.5245 CDS	contig00159	41549	43384	2	+	1836
CB37	fig 6666666.3233.peg.5246 CDS	contig00159	43580	44215	2	+	636
CB37	fig 6666666.3233.peg.5247 CDS	contig00159	44507	45133	2	+	627
CB37	fig 6666666.3233.peg.5248 CDS	contig00159	45334	45597	1	+	264
CB37	fig 6666666.3233.peg.5249 CDS	contig00159	45610	47337	1	+	1728
CB37	fig 6666666.3233.peg.5250 CDS	contig00159	47432	47917	2	+	486
CB37	fig 6666666.3233.peg.5251 CDS	contig00159	48133	48513	1	+	381
CB37	fig 6666666.3233.peg.5252 CDS	contig00159	48530	49915	2	+	1386
CB37	fig 6666666.3233.peg.5253 CDS	contig00159	53404	49973	-1	-	3432
CB37	fig 6666666.3233.peg.5254 CDS	contig00159	54738	53548	-3	-	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.5255 CDS	contig00159	54980	56806	2	+	1827
CB37	fig 6666666.3233.peg.5256 CDS	contig00159	56842	57474	1	+	633
CB37	fig 6666666.3233.peg.5257 CDS	contig00159	57693	59645	3	+	1953
CB37	fig 6666666.3233.peg.5258 CDS	contig00159	59953	60402	1	+	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.5259 CDS	contig00159	60463	60930	1	+	468
CB37	fig 6666666.3233.peg.5260 CDS	contig00159	60945	62288	3	+	1344
CB37	fig 6666666.3233.peg.5261 CDS	contig00159	62419	63306	1	+	888
CB37	fig 6666666.3233.peg.5262 CDS	contig00159	63551	64414	2	+	864
CB37	fig 6666666.3233.peg.5263 CDS	contig00159	64438	64734	1	+	297
CB37	fig 6666666.3233.peg.5264 CDS	contig00159	64962	65951	3	+	990
CB37	fig 6666666.3233.peg.5265 CDS	contig00162	2481	2104	-3	-	378
CB37	fig 6666666.3233.peg.5266 CDS	contig00162	3336	2524	-3	-	813
CB37	fig 6666666.3233.peg.5267 CDS	contig00162	3360	4010	3	+	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.5268 CDS	contig00162	4871	4581	-2	-	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.5269 CDS	contig00162	5325	4879	-3	-	447
CB37	fig 6666666.3233.peg.5270 CDS	contig00162	5579	5418	-2	-	162
CB37	fig 6666666.3233.peg.5271 CDS	contig00163	1609	518	-1	-	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.5272 CDS	contig00163	2210	1620	-2	-	591
CB37	fig 6666666.3233.peg.5273 CDS	contig00163	3306	2362	-3	-	945
CB37	fig 6666666.3233.peg.5274 CDS	contig00163	4206	3334	-3	-	873
CB37	fig 6666666.3233.peg.5275 CDS	contig00163	4841	4203	-2	-	639
CB37	fig 6666666.3233.peg.5276 CDS	contig00163	4976	6232	2	+	1257
CB37	fig 6666666.3233.peg.5277 CDS	contig00163	6262	7350	1	+	1089



CB37	fig 6666666.3233.peg.5278 CDS	contig00163	7354	8211	1	+	858
CB37	fig 6666666.3233.peg.5279 CDS	contig00163	8252	8635	2	+	384
CB37	fig 6666666.3233.peg.5280 CDS	contig00163	8641	9450	1	+	810
CB37	fig 6666666.3233.peg.5281 CDS	contig00163	9505	10356	1	+	852
CB37	fig 6666666.3233.peg.5282 CDS	contig00163	10382	10507	2	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.5283 CDS	contig00163	10760	12421	2	+	1662
CB37	fig 6666666.3233.peg.5284 CDS	contig00163	12513	12986	3	+	474
CB37	fig 6666666.3233.peg.5285 CDS	contig00163	14425	13316	-1	-	1110
CB37	fig 6666666.3233.peg.5286 CDS	contig00163	15112	14531	-1	-	582
CB37	fig 6666666.3233.peg.5287 CDS	contig00163	15386	15246	-2	-	141
CB37	fig 6666666.3233.peg.5288 CDS	contig00163	16076	15912	-2	-	165
CB37	fig 6666666.3233.peg.5289 CDS	contig00163	16574	16152	-2	-	423
CB37	fig 6666666.3233.peg.5290 CDS	contig00163	17601	16726	-3	-	876
CB37	fig 6666666.3233.peg.5291 CDS	contig00163	18059	20710	2	+	2652
CB37	fig 6666666.3233.peg.5292 CDS	contig00163	21161	21853	2	+	693
CB37	fig 6666666.3233.peg.5293 CDS	contig00163	22370	21921	-2	-	450
CB37	fig 6666666.3233.peg.5294 CDS	contig00163	25091	22395	-2	-	2697
CB37	fig 6666666.3233.peg.5295 CDS	contig00163	25566	26687	3	+	1122
CB37	fig 6666666.3233.peg.5296 CDS	contig00163	26811	27407	3	+	597
CB37	fig 6666666.3233.peg.5297 CDS	contig00163	27645	29072	3	+	1428
CB37	fig 6666666.3233.peg.5298 CDS	contig00163	29677	30636	1	+	960
CB37	fig 6666666.3233.peg.5299 CDS	contig00163	31387	31067	-1	-	321
CB37	fig 6666666.3233.peg.5300 CDS	contig00163	33213	32143	-3	-	1071
CB37	fig 6666666.3233.peg.5301 CDS	contig00163	33236	33394	2	+	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.5302 CDS	contig00163	33577	34086	1	+	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.5303 CDS	contig00163	34096	34527	1	+	432
CB37	fig 6666666.3233.peg.5304 CDS	contig00163	35106	34681	-3	-	426
CB37	fig 6666666.3233.peg.5305 CDS	contig00163	35447	35133	-2	-	315
CB37	fig 6666666.3233.peg.5306 CDS	contig00163	36213	35563	-3	-	651
CB37	fig 6666666.3233.peg.5307 CDS	contig00163	36386	37312	2	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.5308 CDS	contig00163	37324	38151	1	+	828
CB37	fig 6666666.3233.peg.5309 CDS	contig00163	38498	38893	2	+	396
CB37	fig 6666666.3233.peg.5310 CDS	contig00163	38899	39312	1	+	414
CB37	fig 6666666.3233.peg.5311 CDS	contig00163	39330	40037	3	+	708
CB37	fig 6666666.3233.peg.5312 CDS	contig00163	40069	41382	1	+	1314
CB37	fig 6666666.3233.peg.5313 CDS	contig00163	41701	42450	1	+	750
CB37	fig 6666666.3233.peg.5314 CDS	contig00163	42469	43257	1	+	789
CB37	fig 6666666.3233.peg.5315 CDS	contig00163	43287	44066	3	+	780
CB37	fig 6666666.3233.peg.5316 CDS	contig00163	44111	45202	2	+	1092
CB37	fig 6666666.3233.peg.5317 CDS	contig00163	45221	46147	2	+	927
CB37	fig 6666666.3233.peg.5318 CDS	contig00163	46315	48228	1	+	1914
CB37	fig 6666666.3233.peg.5319 CDS	contig00163	48242	49432	2	+	1191
CB37	fig 6666666.3233.peg.5320 CDS	contig00163	49924	51078	1	+	1155
CB37	fig 6666666.3233.peg.5321 CDS	contig00189	732	1004	3	+	273
CB37	fig 6666666.3233.peg.5322 CDS	contig00189	1669	1535	-1	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.5323 CDS	contig00189	2204	3484	2	+	1281
CB37	fig 6666666.3233.peg.5324 CDS	contig00189	3638	4468	2	+	831
CB37	fig 6666666.3233.peg.5325 CDS	contig00189	5131	5775	1	+	645
CB37	fig 6666666.3233.peg.5326 CDS	contig00189	6957	6205	-3	-	753

CB37	fig 6666666.3233.peg.5327	CDS	contig00189	7087	6929	-1	-	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.5328	CDS	contig00189	7470	7595	3	+	126
CB37	fig 6666666.3233.peg.5329	CDS	contig00189	7624	8388	1	+	765
CB37	fig 6666666.3233.peg.5330	CDS	contig00189	9279	8503	-3	-	777
CB37	fig 6666666.3233.peg.5331	CDS	contig00189	9421	9263	-1	-	159
CB37	fig 6666666.3233.peg.5332	CDS	contig00189	9784	10311	1	+	528
CB37	fig 6666666.3233.peg.5333	CDS	contig00189	10727	10437	-2	-	291
CB37	fig 6666666.3233.peg.5334	CDS	contig00189	10965	10717	-3	-	249
CB37	fig 6666666.3233.peg.5335	CDS	contig00189	11068	11799	1	+	732
CB37	fig 6666666.3233.peg.5336	CDS	contig00189	11951	12445	2	+	495
CB37	fig 6666666.3233.peg.5337	CDS	contig00189	12611	13093	2	+	483
CB37	fig 6666666.3233.peg.5338	CDS	contig00189	13331	13197	-2	-	135
CB37	fig 6666666.3233.peg.5339	CDS	contig00189	14399	13890	-2	-	510
CB37	fig 6666666.3233.peg.5340	CDS	contig00189	15556	14396	-1	-	1161
CB37	fig 6666666.3233.rna.1	RNA	contig00002	7	79	1	+	73
CB37	fig 6666666.3233.rna.2	RNA	contig00002	118	190	1	+	73
CB37	fig 6666666.3233.rna.3	RNA	contig00009	56	176	2	+	121
CB37	fig 6666666.3233.rna.4	RNA	contig00009	243	316	3	+	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.5	RNA	contig00019	74570	74650	2	+	81
CB37	fig 6666666.3233.rna.6	RNA	contig00019	74710	74783	1	+	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.7	RNA	contig00020	23451	23370	-3	-	82
CB37	fig 6666666.3233.rna.8	RNA	contig00020	23637	23556	-3	-	82
CB37	fig 6666666.3233.rna.9	RNA	contig00024	71976	71903	-3	-	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.10	RNA	contig00024	72163	72043	-1	-	121
CB37	fig 6666666.3233.rna.11	RNA	contig00025	79584	79514	-3	-	71
CB37	fig 6666666.3233.rna.12	RNA	contig00025	79825	79755	-1	-	71
CB37	fig 6666666.3233.rna.13	RNA	contig00025	79906	79834	-1	-	73
CB37	fig 6666666.3233.rna.14	RNA	contig00025	80090	80007	-2	-	84
CB37	fig 6666666.3233.rna.15	RNA	contig00025	86124	86054	-3	-	71
CB37	fig 6666666.3233.rna.16	RNA	contig00025	86205	86133	-3	-	73
CB37	fig 6666666.3233.rna.17	RNA	contig00029	44973	44901	-3	-	73
CB37	fig 6666666.3233.rna.18	RNA	contig00031	65732	65659	-2	-	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.19	RNA	contig00031	65855	65782	-2	-	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.20	RNA	contig00033	90	7	-3	-	84
CB37	fig 6666666.3233.rna.21	RNA	contig00033	3685	3615	-1	-	71
CB37	fig 6666666.3233.rna.22	RNA	contig00035	280	353	1	+	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.23	RNA	contig00037	10026	9945	-3	-	82
CB37	fig 6666666.3233.rna.24	RNA	contig00039	809	736	-2	-	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.25	RNA	contig00041	16151	16239	2	+	89
CB37	fig 6666666.3233.rna.26	RNA	contig00043	25475	25562	2	+	88
CB37	fig 6666666.3233.rna.27	RNA	contig00044	56	176	2	+	121
CB37	fig 6666666.3233.rna.28	RNA	contig00044	243	316	3	+	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.29	RNA	contig00044	11914	11987	1	+	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.30	RNA	contig00044	12026	12098	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.rna.31	RNA	contig00053	2600	1	-2	-	2600
CB37	fig 6666666.3233.rna.32	RNA	contig00054	1	110	1	+	110
CB37	fig 6666666.3233.rna.33	RNA	contig00060	1558	60	-1	-	1499
CB37	fig 6666666.3233.rna.34	RNA	contig00061	3	76	3	+	74
CB37	fig 6666666.3233.rna.35	RNA	contig00066	201984	202056	3	+	73

CB37	fig 6666666.3233.ma.36	RNA	contig00069	44130	44217	3	+	88
CB37	fig 6666666.3233.ma.37	RNA	contig00069	93829	93900	1	+	72
CB37	fig 6666666.3233.ma.38	RNA	contig00086	126	53	-3	-	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.39	RNA	contig00093	55808	55892	2	+	85
CB37	fig 6666666.3233.ma.40	RNA	contig00094	58	130	1	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.41	RNA	contig00094	174	246	3	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.42	RNA	contig00097	29	101	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.43	RNA	contig00107	156130	156210	1	+	81
CB37	fig 6666666.3233.ma.44	RNA	contig00112	35069	35141	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.45	RNA	contig00112	35197	35269	1	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.46	RNA	contig00112	35280	35352	3	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.47	RNA	contig00112	35399	35471	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.48	RNA	contig00112	37626	37698	3	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.49	RNA	contig00112	37753	37825	1	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.50	RNA	contig00112	37851	37923	3	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.51	RNA	contig00112	40237	40164	-1	-	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.52	RNA	contig00112	40387	40267	-1	-	121
CB37	fig 6666666.3233.ma.53	RNA	contig00112	40478	40406	-2	-	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.54	RNA	contig00116	1	82	1	+	82
CB37	fig 6666666.3233.ma.55	RNA	contig00116	110	183	2	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.56	RNA	contig00116	240	321	3	+	82
CB37	fig 6666666.3233.ma.57	RNA	contig00116	200658	200585	-3	-	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.58	RNA	contig00116	200770	200697	-1	-	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.59	RNA	contig00116	200957	200837	-2	-	121
CB37	fig 6666666.3233.ma.60	RNA	contig00116	201157	201048	-1	-	110
CB37	fig 6666666.3233.ma.61	RNA	contig00130	6498	6426	-3	-	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.62	RNA	contig00130	194776	194846	1	+	71
CB37	fig 6666666.3233.ma.63	RNA	contig00134	69	142	3	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.64	RNA	contig00134	214	287	1	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.65	RNA	contig00134	5990	6062	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.66	RNA	contig00134	6118	6199	1	+	82
CB37	fig 6666666.3233.ma.67	RNA	contig00134	6238	6309	1	+	72
CB37	fig 6666666.3233.ma.68	RNA	contig00134	6326	6398	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.69	RNA	contig00141	50	229	2	+	180
CB37	fig 6666666.3233.ma.70	RNA	contig00147	83	156	2	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.71	RNA	contig00152	23	95	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.72	RNA	contig00154	2	74	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.73	RNA	contig00159	76	4	-1	-	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.74	RNA	contig00159	66409	66289	-1	-	121
CB37	fig 6666666.3233.ma.75	RNA	contig00163	116	35	-2	-	82
CB37	fig 6666666.3233.ma.76	RNA	contig00163	232	159	-1	-	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.77	RNA	contig00163	15647	15720	2	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.78	RNA	contig00163	32074	32001	-1	-	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.79	RNA	contig00164	29	110	2	+	82
CB37	fig 6666666.3233.ma.80	RNA	contig00168	92	20	-2	-	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.81	RNA	contig00172	149	62	-2	-	88
CB37	fig 6666666.3233.ma.82	RNA	contig00176	27	100	3	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.83	RNA	contig00176	143	215	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.84	RNA	contig00182	265	444	1	+	180

CB37	fig 6666666.3233.ma.85	RNA	contig00198	50	122	2	+	73
CB37	fig 6666666.3233.ma.86	RNA	contig00199	26	99	2	+	74
CB37	fig 6666666.3233.ma.87	RNA	contig00200	93	20	-3	-	74

---

## Function

---

carbonic anhydrase, family 3  
FIG01199611: hypothetical protein  
Shikimate 5-dehydrogenase I alpha (EC 1.1.1.25)  
YrdC/Sua5 family protein, required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (EC 4.1.1.21)  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (EC 4.1.1.21)  
Similar to C-terminal Zn-finger domain of DNA topoisomerase I  
Protein of unknown function Smg  
Rossmann fold nucleotide-binding protein Smf possibly involved in DNA uptake  
Uncharacterized protein with LysM domain, COG1652  
Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)  
Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)  
Trk system potassium uptake protein TrkA  
Potassium uptake protein TrkH  
COG1272: Predicted membrane protein hemolysin III homolog  
Hypothetical Transcriptional Regulator  
FIG01206592: hypothetical protein  
Protein yihD  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoG, involved in Cu oxidation  
YihE protein, a ser/thr kinase implicated in LPS synthesis and Cpx signalling  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
Probable acyltransferase yihG (EC 2.3.-.-)  
MG(2+) CHELATASE FAMILY PROTEIN / ComM-related protein  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Branched-chain amino acid aminotransferase (EC 2.6.1.42)  
Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)  
Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)  
Cold shock protein CspG  
N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.23) / Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)  
ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase protein I  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj  
rRNA small subunit methyltransferase, glucose inhibited division protein GidB

tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA  
Flavoprotein MioC  
GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE  
Inner membrane protein translocase component YidC, long form  
Ribonuclease P protein component (EC 3.1.26.5)  
LSU ribosomal protein L34p  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding portion  
Chromosomal replication initiator protein DnaA  
DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)  
DNA recombination and repair protein RecF  
DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)  
16 kDa heat shock protein A  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Valine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.66)  
Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)  
Glycyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.14)  
Periplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
NADH dehydrogenase subunit II-related protein  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusA  
FIG01199885: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
YhdH, a putative quinone oxidoreductase  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
FIG000605: protein co-occurring with transport systems (COG1739)  
Potassium uptake protein TrkH  
Protoporphyrinogen IX oxidase, oxygen-independent, HemG (EC 1.3.-.-)  
Probable zinc protease pqqL (EC 3.4.99.-)  
FIG01204275: hypothetical protein  
Chloride channel protein  
FIG01202963: hypothetical protein  
Thiamin biosynthesis protein ThiC  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Sulfur carrier protein adenylyltransferase ThiF  
Sulfur carrier protein ThiS  
Thiazole biosynthesis protein ThiG  
Thiazole biosynthesis protein ThiH  
Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)  
LysR-family transcriptional regulator VC0068  
Multidrug resistance transporter, Bcr/CflA family  
FIG01199646: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
DNA recombination protein RmuC  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-)  
Protein YigP (COG3165) clustered with ubiquinone biosynthetic genes  
Ubiquinone biosynthesis monooxygenase UbiB  
Twin-arginine translocation protein TatA

Twin-arginine translocation protein TatB  
Twin-arginine translocation protein TatC  
Putative deoxyribonuclease similar to YcfH, type 2  
Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)  
Guanosine-5'-triphosphate,3'-diphosphate pyrophosphatase (EC 3.6.1.40)  
ATP-dependent RNA helicase RhlB  
Thioredoxin  
Transcription termination factor Rho  
FIG01199580: hypothetical protein  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase (EC 4.1.1.-)  
Ferrodoxin  
NAD(P)H-flavin reductase (EC 1.5.1.29) (EC 1.16.1.3)  
Homolog of E. coli HemY protein  
Homolog of E. coli HemX protein  
Uroporphyrinogen-III synthase (EC 4.2.1.75)  
Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA  
Protein rarD  
ATP-dependent DNA helicase RecQ  
gene 3 protein-related protein  
Glycerol-3-phosphate transporter  
Putative preQ0 transporter  
hypothetical protein  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
GTP-binding protein EngB  
Cytochrome c4  
Putative methyltransferase associated with DUF414  
Protein of unknown function DUF414  
Periplasmic/membrane protein associated with DUF414  
Coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent (EC 1.3.99.22)  
Nedd4 binding protein 2  
Transcriptional regulator, LysR family  
2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (EC 2.3.1.29)  
L-threonine 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.103)  
DOPA 4,5-dioxygenase( EC:1.14.99.- )  
FIG01201109: hypothetical protein  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
SSU ribosomal protein S10p (S20e)  
LSU ribosomal protein L3p (L3e)  
LSU ribosomal protein L4p (L1e)  
LSU ribosomal protein L23p (L23Ae)  
LSU ribosomal protein L2p (L8e)  
SSU ribosomal protein S19p (S15e)  
LSU ribosomal protein L22p (L17e)  
SSU ribosomal protein S3p (S3e)  
LSU ribosomal protein L16p (L10e)  
LSU ribosomal protein L29p (L35e)  
SSU ribosomal protein S17p (S11e)

LSU ribosomal protein L14p (L23e)  
LSU ribosomal protein L24p (L26e)  
LSU ribosomal protein L5p (L11e)  
SSU ribosomal protein S14p (S29e) ## Zinc-independent  
SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)  
LSU ribosomal protein L6p (L9e)  
LSU ribosomal protein L18p (L5e)  
SSU ribosomal protein S5p (S2e)  
LSU ribosomal protein L30p (L7e)  
LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)  
Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)  
LSU ribosomal protein L36p  
SSU ribosomal protein S13p (S18e)  
SSU ribosomal protein S11p (S14e)  
SSU ribosomal protein S4p (S9e)  
DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)  
LSU ribosomal protein L17p  
Fructose-1,6-bisphosphatase, type I (EC 3.1.3.11)  
UDP-N-acetylmuramate:L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.-)  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase UbiX (EC 4.1.1.-)  
Thiamin ABC transporter, substrate-binding component  
Thiamin ABC transporter, transmembrane component  
Thiamin ABC transporter, transmembrane component  
Thiamin ABC transporter, ATPase component  
RNA polymerase associated protein RapA (EC 3.6.1.-)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Universal stress protein family 3  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
Arginine pathway regulatory protein ArgR, repressor of arg regulon  
Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesylidiphosphate synthase)  
LSU ribosomal protein L21p  
LSU ribosomal protein L27p  
COG0536: GTP-binding protein Obg  
hypothetical protein  
FIG023911: putative membrane protein  
FIG001826: putative inner membrane protein  
Dihydrofolate reductase (EC 1.5.1.3)  
Bis(5'-nucleosyl)-tetrphosphatase, symmetrical (EC 3.6.1.41)  
Dimethyladenosine transferase (EC 2.1.1.-)  
4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.262)  
Survival protein SurA precursor (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SurA) (EC 5.2.1.8)  
Outer membrane protein Imp, required for envelope biogenesis / Organic solvent tolerance protein precursor  
DnaJ-like protein DjIA  
Uncharacterized protein DUF547  
3-isopropylmalate dehydratase small subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydratase large subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydrogenase (EC 1.1.1.85)



2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)  
Transcriptional regulator, TetR family  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Cation/multidrug efflux pump  
membrane protein  
Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)  
Alanine racemase, biosynthetic (EC 5.1.1.1)  
FIG01200950: hypothetical protein  
Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)  
Chemotaxis protein CheX  
Zinc uptake regulation protein ZUR  
tRNA dihydrouridine synthase A (EC 1.-.-)  
ABC-type Fe<sup>3+</sup>-hydroxamate transport system, periplasmic component  
hypothetical protein  
Thymidylate kinase  
Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)  
Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)  
Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)  
FIG01200076: hypothetical protein  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkIB (EC 5.2.1.8)  
Putative cell envelope opacity-associated protein A  
FIG00356385: hypothetical protein  
ElaA protein  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate permease, Trk-type  
Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)  
FIG01200110: hypothetical protein  
FIG01200110: hypothetical protein  
FIG003461: hypothetical protein  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
Predicted zinc-binding protein  
Protein ytfJ precursor  
FIG01201012: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)  
Uncharacterized protein YtfM precursor  
Uncharacterized protein YtfN  
Translation elongation factor G  
hypothetical protein  
SSU ribosomal protein S7p (S5e)  
SSU ribosomal protein S12p (S23e)  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusB  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusC  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusD  
YheO-like PAS domain

FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FkpA precursor (EC 5.2.1.8)  
FOG: WD40 repeat  
Protein slyX  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD (EC 5.2.1.8)  
Putative cytoplasmic protein ,probably associated with Glutathione-regulated potassium-efflux  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein  
FIG01200117: hypothetical protein  
Hydrolase, alpha/beta fold family functionally coupled to Phosphoribulokinase  
FIG01199774: hypothetical protein  
Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19) homolog, function unknown  
1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
Putative cytoplasmic protein  
Fructose-1,6-bisphosphatase, GlpX type (EC 3.1.3.11)  
FIG01201392: hypothetical protein  
5-carboxymethyl-2-hydroxymuconate delta-isomerase (EC 5.3.3.10)  
Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)  
hypothetical protein  
Heat shock protein 60 family chaperone GroEL  
Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES  
Na+-driven multidrug efflux pump  
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
FIG01204021: hypothetical protein  
UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)  
Undecaprenyl-phosphate galactosephosphotransferase (EC 2.7.8.6)  
Putative N-acetylgalactosaminyl-diphosphoundecaprenol glucuronosyltransferase  
hypothetical protein  
Glycosyltransferase-like  
hypothetical protein  
Putative N-acetylgalactosaminyl-diphosphoundecaprenol glucuronosyltransferase  
DegT/DnrJ/EryC1/StrS aminotransferase  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
hypothetical protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
hypothetical protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)  
hypothetical protein  
Unknown, probable lipopolysaccharide biosynthesis protein  
Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)  
dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)  
Maltose O-acetyltransferase (EC 2.3.1.79)  
hypothetical protein  
WzxE protein  
Undecaprenyl-phosphate N-acetylglucosaminyl 1-phosphate transferase (EC 2.7.8.-)  
Phosphomannomutase (EC 5.4.2.8)

Mannose-1-phosphate guanylyltransferase (GDP) (EC 2.7.7.22)  
glycosyl transferase, group 1  
glycosyl transferase, group 1  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Possible O-antigen/teichoic acid transporter  
glycosyltransferase  
Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)  
Low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase Wzb (EC 3.1.3.48)  
S23 ribosomal  
Polysaccharide export lipoprotein Wza  
hypothetical protein  
FIG01200499: hypothetical protein  
YjbG polysaccharide synthesis-related protein  
Putative outer membrane lipoprotein  
Transcriptional regulator, TetR family  
S23 ribosomal  
Metallo-beta-lactamase family protein, RNA-specific  
ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase (EC 5.1.3.20)  
Glycosyltransferase involved in LPS biosynthesis  
ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)  
Lipopolysaccharide synthesis protein WavD  
Nucleoside-diphosphate-sugar pyrophosphorylase involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor 2B, gamma/epsilon  
capsular polysaccharide biosynthesis protein  
capsular polysaccharide biosynthesis protein, putative  
O-antigen ligase  
3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase (EC 2.-.-.-)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)  
Lipopolysaccharide biosynthesis glycosyltransferase  
Putative two-domain glycosyltransferase  
Phosphopantetheine adenylyltransferase (EC 2.7.7.3)  
LpsA protein  
Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)  
Phosphoglycerol transferase  
FIG01200266: hypothetical protein  
Dca  
LSU ribosomal protein L33p  
LSU ribosomal protein L28p  
DNA repair protein RadC  
Phosphopantothienylcysteine decarboxylase (EC 4.1.1.36) / Phosphopantothienylcysteine synthetase (EC 6.3.2.5)  
Transcriptional regulator SImA, TetR family  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcription elongation factor GreB  
Transcription accessory protein (S1 RNA-binding domain)  
Putative ATP-dependent Lon protease  
Biotin synthesis protein bioH

Competence protein F homolog, phosphoribosyltransferase domain; protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and nitrogen  
Xanthine permease  
Osmolarity sensory histidine kinase EnvZ  
Two-component system response regulator OmpR  
Partition protein  
Orotate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.10)  
Ribonuclease PH (EC 2.7.7.56)  
Protein YicC  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01200330: hypothetical protein  
FIG01201386: hypothetical protein  
Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)  
DNA-directed RNA polymerase omega subunit (EC 2.7.7.6)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase (EC 2.7.6.5)  
tRNA (Guanosine18-O<sup>6</sup>) -methyltransferase (EC 2.1.1.34)  
GNAT family acetyltransferase YiiD potentially involved in tRNA processing  
D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase  
Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)  
GTP-binding protein TypA/BipA  
Glutamine synthetase type I (EC 6.3.1.2)  
FIG01200260: hypothetical protein  
Nitrogen regulation protein NR(II) (EC 2.7.3.-)  
Nitrogen regulation protein NR(I)  
GGDEF family protein  
Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
Predicted membrane protein  
FIG01200870: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases  
Universal stress protein B  
Ferritin-like protein 2  
Universal stress protein A  
SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Transcriptional regulator AsnC  
Integron integrase IntIPac  
FIG01205963: hypothetical protein  
FIG01203937: hypothetical protein  
Uncharacterized protein  
FIG01204972: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01199647: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon

BatD

Transaldolase (EC 2.2.1.2)

Transketolase (EC 2.2.1.1)

Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)

FIG01205454: hypothetical protein

Outer membrane receptor protein

MoxR-like ATPase

Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)

Transcriptional regulator CdgA

FIG01200851: hypothetical protein

Capsular polysaccharide synthesis enzyme Cap5H; O-acetyl transferase

GMP reductase (EC 1.7.1.7)

hypothetical protein

hypothetical protein

FIG01203952: hypothetical protein

phage protein

phage protein

hypothetical protein

hypothetical protein

putative phage tail protein

Hemolysins and related proteins containing CBS domains

Putative bacteriophage protein

FIG01201032: hypothetical protein

Phage-related tail protein

hypothetical protein

FIG00369914: hypothetical protein

FIG00370156: hypothetical protein

FIG00370121: hypothetical protein

Hypothetical Zinc-finger containing protein

hypothetical protein

Conserved hypothetical phage protein

FIG01202152: hypothetical protein

FIG01201718: hypothetical protein

phage head completion protein (GPL)

Probable terminase, endonuclease subunit

Phage major capsid protein

phage capsid scaffolding protein (GPO)

Phage capsid scaffolding protein

Phage terminase, ATPase subunit

Phage-related capsid packaging protein

ORF10a

putative phage gene

hypothetical protein

Phage replication protein

hypothetical protein

orf7

hypothetical protein

FIG00369749: hypothetical protein

hypothetical protein

FIG00369578: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Predicted transcriptional regulator  
putative ABC oligo/dipeptide transport, ATP-binding protein  
DNA-methyltransferase  
hypothetical protein  
integrase  
GMP reductase (EC 1.7.1.7)  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
FIG01206777: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Glyoxalase family protein  
hypothetical protein  
FIG01202316: hypothetical protein  
L-lysine permease  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Histone acetyltransferase HPA2  
FIG00785782: hypothetical protein  
FIG01206356: hypothetical protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)  
Oxidoreductase, aldo/keto reductase family  
FIG01200551: hypothetical protein  
FIG01201411: hypothetical protein  
MutT/nudix family protein  
Cytochrome c  
Cytochrome b  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrB  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrA  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
FIG01204056: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, SorC family  
FIG01202754: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
FIG01206551: hypothetical protein  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
Predicted ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Amino acid ABC transporter, ATP-binding protein

Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206536: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
Spermidine N1-acetyltransferase (EC 2.3.1.57)  
Transcriptional regulator, AraC family  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Cold-shock DEAD-box protein A  
Exoribonuclease II (EC 3.1.13.1)  
FIG01202934: hypothetical protein  
GGDEF domain protein  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
Multidrug resistance efflux pump  
High-affinity choline uptake protein BetT  
corresponds to STY3950 from Accession AL513382: *Salmonella typhi* CT18  
membrane protein  
FIG01205322: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VCA0768  
Outer membrane protein N, non-specific porin  
Putative membrane protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
MII8244 protein  
chitinase A  
PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)  
Diguanylate cyclase/phosphodiesterase-domain containing protein  
Histone deacetylase/AcuC/AphA family protein  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Putative translation initiation inhibitor  
FIG01201946: hypothetical protein  
FIG01203647: hypothetical protein  
Sodium/alanine symporter  
tRNA-binding protein YgjH  
Galactose operon repressor, GalR-LacI family of transcriptional regulators  
FOG: CheY-like receiver  
Transcriptional regulator, TetR family  
Membrane-fusion protein  
Acriflavin resistance protein  
Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)  
Galactokinase (EC 2.7.1.6)  
Galactose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.10)  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
Predicted sodium-dependent galactose transporter  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)

Evolved beta-D-galactosidase transcriptional repressor  
Evolved beta-D-galactosidase, alpha subunit  
Evolved beta-D-galactosidase, beta subunit  
hypothetical protein  
Putative oxidoreductase  
Putative chemotactic transducer-related protein  
Rtn protein  
FIG01206280: hypothetical protein  
FIG01203539: hypothetical protein  
Putative oxidoreductase  
FIG01202599: hypothetical protein  
Putative isomerase  
FIG01206057: hypothetical protein  
Organic hydroperoxide resistance protein  
Organic hydroperoxide resistance transcriptional regulator  
Outer membrane protein  
FIG01204130: hypothetical protein  
FIG01207208: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
FIG01204032: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Hydroxyethylthiazole kinase (EC 2.7.1.50)  
Thiaminase II (EC 3.5.99.2)  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, substrate-binding component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, transmembrane component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, ATPase component  
Phosphomethylpyrimidine kinase (EC 2.7.4.7)  
Membrane protein YcjF  
Conserved protein YcjX with nucleoside triphosphate hydrolase domain  
Phage shock protein C  
Phage shock protein B  
Phage shock protein A  
Psp operon transcriptional activator  
Peptide transport periplasmic protein sapA (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapB (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapC (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein SapD (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein sapF (TC 3.A.1.5.5)  
SUA5 protein  
FIG01202622: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Alpha-1,6-galactosidase, putative  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Trimethylamine-N-oxide reductase (EC 1.6.6.9)  
Cytochrome c-type protein TorC  
Periplasmic nitrate reductase component NapE



FIG01202480: hypothetical protein  
Nucleoprotein/polynucleotide-associated enzyme  
FIG01205013: hypothetical protein  
5'-nucleotidase YjjG (EC 3.1.3.5)  
Molybdenum transport ATP-binding protein ModC (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport system permease protein ModB (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum ABC transporter, periplasmic molybdenum-binding protein ModA (TC 3.A.1.8.1)  
Cobyrinic acid synthase  
FIG01200634: hypothetical protein  
FIG01199666: hypothetical protein  
Transglycosylase, Slt family  
Transglycosylase, Slt family  
Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)  
FIG01200125: hypothetical protein  
FIG01199724: hypothetical protein  
Regulator of competence-specific genes  
Predicted signal transduction protein  
Putative surface protein  
FIG01199945: hypothetical protein  
Glutamate decarboxylase, eukaryotic type (EC 4.1.1.15)  
Phosphogluconate repressor HexR, RpiR family  
Glutaredoxin 1  
TrkA, Potassium channel-family protein  
Short-chain alcohol dehydrogenase family  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaA type  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
AttF component of AttEFGH ABC transport system / AttG component of AttEFGH ABC transport system  
AttE component of AttEFGH ABC transport system  
Predicted nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
FIG01201214: hypothetical protein  
MFS family multidrug transport protein, bicyclomycin resistance protein  
Ribosomal small subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70) ## SSU Psi516  
Multidrug resistance protein B  
Multidrug resistance protein A  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01204757: hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
putative helicase  
Hypothetical Protein  
hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
hypothetical protein  
RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Fic family protein  
Putative methyl-accepting chemotaxis protein

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative helicase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202384: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01206465: hypothetical protein  
FIG01201345: hypothetical protein  
Probable oxidoreductase  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
Helicase-related protein  
FIG01205529: hypothetical protein  
LSU ribosomal protein L25p  
Heat shock protein HslJ  
FIG138576: 3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41)  
3-oxoacyl-[ACP] reductase (EC 1.1.1.100)  
3-hydroxydecanoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41) FabV like  
FIG035331: hypothetical protein  
FIG021862: membrane protein, exporter  
FIG027190: Putative transmembrane protein  
FIG002571: 4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase domain protein  
Putative histidine ammonia-lyase protein  
FIG143263: Glycosyl transferase / Lysophospholipid acyltransferase  
(3R)-hydroxymyristoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FIGfam138462: Acyl-CoA synthetase, AMP-(fatty) acid ligase  
FIG017861: hypothetical protein  
Acyl carrier protein (ACP2)  
Acyl carrier protein (ACP1)  
FIG018329: 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
3-oxoacyl-[ACP] synthase  
FIG01203478: hypothetical protein  
SAM-dependent methyltransferase  
FIG022199: FAD-binding protein  
Protein yecM  
Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)  
FIG01206259: hypothetical protein  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
Phosphate acetyltransferase (EC 2.3.1.8)  
Ferrous iron transport protein C  
Ferrous iron transport protein B  
Ferrous iron transport protein A  
DNA-binding response regulator, AraC family  
DNA-binding response regulator, AraC family  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC

Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] alpha chain (EC 6.2.1.5)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] beta chain (EC 6.2.1.5)  
Dihydrolipoamide succinyltransferase component (E2) of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.61)  
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.2)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor protein  
Succinate dehydrogenase cytochrome b-556 subunit  
Citrate synthase (si) (EC 2.3.3.1)  
FIG042796: Hypothetical protein  
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)  
SeqA protein, negative modulator of initiation of replication  
Esterase ybfF (EC 3.1.-.-)  
FIG01200995: hypothetical protein  
Flavodoxin 1  
FIG01200136: hypothetical protein  
Ferric uptake regulation protein FUR  
Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.18)  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
N-acetylglucosamine-6P-responsive transcriptional repressor NagC, ROK family  
putative Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.4)  
Transcriptional activator RfaH  
Di/tripeptide permease DtpT  
DNA uptake protein  
FIG01204135: hypothetical protein  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiD (EC 5.2.1.8)  
DNA-binding protein HU-beta  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX  
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)  
Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)  
Ferrochelatase, protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)  
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)  
Chaperone protein HtpG  
Transcriptional activator ToxR  
Transmembrane regulatory protein ToxS  
Phosphodiesterase yfcE (EC 3.1.4.-)  
Cell division inhibitor  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProW (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1)  
Putative oxidoreductase  
COG3118: Thioredoxin domain-containing protein EC-YbbN  
HTH-type transcriptional regulator cueR  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)

CopG protein  
FIG01205868: hypothetical protein  
UDP-sugar hydrolase (EC 3.6.1.45); 5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite transporter from formate/nitrite family  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)  
FIG002708: Protein SirB1  
FIG002082: Protein sirB2  
Methylase of polypeptide chain release factors  
Peptide chain release factor 1  
Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)  
Outer membrane lipoprotein LolB precursor  
4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (EC 2.7.1.148)  
Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)  
Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)  
GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC:1.14.13.-)  
tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase  
Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif  
FIG000233: metal-dependent hydrolase  
Magnesium and cobalt efflux protein CorC  
Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE  
hypothetical protein  
Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)  
LPS-assembly lipoprotein RlpB precursor (Rare lipoprotein B)  
DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)  
lojap protein  
LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH ## ybeA  
Penicillin-binding protein 2 (PBP-2)  
Rod shape-determining protein RodA  
Rare lipoprotein A precursor  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Proposed lipopeptide regulatory protein YbeD  
Octanoate-[acyl-carrier-protein]-protein-N-octanoyltransferase  
Lipoate synthase  
Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)  
Glutamate 5-kinase (EC 2.7.2.11)  
FIG01200175: hypothetical protein  
Xanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.22)  
Xanthine/uracil/thiamine/ascorbate permease family protein  
Aminoacyl-histidine dipeptidase (Peptidase D) (EC 3.4.13.3)  
Alanine racemase (EC 5.1.1.1)  
DNA polymerase IV (EC 2.7.7.7)  
Probable exported or periplasmic protein in ApbE locus  
Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)

Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)  
Cell division protein BofA  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Hypothetical lipoprotein YajG precursor  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiA precursor (EC 5.2.1.8)  
AmpG permease  
Outer membrane protein (see annotation)  
2-dehydropantoate 2-reductase (EC 1.1.1.169)  
Protein ThiJ  
Thiamine biosynthesis protein thil  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesylidiphosphate synthase)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)  
Antibiotic biosynthesis monooxygenase  
FIG01204518: hypothetical protein  
Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 2-binding periplasmic protein LuxP precursor  
Phosphatidylglycerophosphatase A (EC 3.1.3.27)  
Thiamine-monophosphate kinase (EC 2.7.4.16)  
Transcription termination protein NusB  
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (EC 2.5.1.9)  
3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26) / 5-amino-6-(5-phosphoribosylamino)uracil reductase (EC 1.1.1.19)  
Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204026: hypothetical protein  
Accessory colonization factor AcfD precursor  
Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)  
membrane protein  
FIG01203221: hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01201688: hypothetical protein  
D-glycero-D-manno-heptose 1,7-bisphosphate phosphatase (EC 3.1.1.-)  
Methionine ABC transporter ATP-binding protein  
Methionine ABC transporter permease protein  
Methionine ABC transporter substrate-binding protein  
COG1720: Uncharacterized conserved protein  
Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15) ## Bacterial type

Nickel ABC transporter, periplasmic nickel-binding protein nika2 (TC 3.A.1.5.3)  
Dipeptide transport system permease protein DppB (TC 3.A.1.5.2)  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppF (TC 3.A.1.5.2)  
Urease accessory protein UreD  
Urease gamma subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease beta subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease alpha subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease accessory protein UreE  
Urease accessory protein UreF  
Urease accessory protein UreG  
Putative sugar isomerase involved in processing of exogenous sialic acid  
Predicted sialic acid transporter  
N-acetylmannosamine kinase (EC 2.7.1.60)  
N-acetylmannosamine-6-phosphate 2-epimerase (EC 5.1.3.9)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
Sialic acid utilization regulator, RpiR family  
N-acetylneuraminase lyase (EC 4.1.3.3)  
FIG01204611: hypothetical protein  
FIG01203253: hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
hypothetical protein sometimes fused to ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
FIG003737: Predicted deacylase  
Transcription elongation factor  
Pressure-regulated ORF-like protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
RNA methyltransferase, TrmH family  
Phosphoribosylformylglycinamide synthase, synthetase subunit (EC 6.3.5.3) / Phosphoribosylformylglycinamide synthase, glutamine amidotransferase subunit  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01202062: hypothetical protein  
tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
Chitodextrinase precursor (EC 3.2.1.14)  
Sensory box/GGDEF family protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
FIG01200403: hypothetical protein  
Putative acetate efflux pump, MadN  
FIG01202613: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01207037: hypothetical protein  
Putative oxidoreductase SMc00968  
hypothetical protein  
FIG01200495: hypothetical protein  
Polymyxin resistance protein AmC, glycosyl transferase (EC 2.4.-.-)

Putative two-component response regulator  
two-component system sensor protein  
GNAT family acetyltransferase YjcF  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
ABC transporter, ATP-binding/permease protein  
ATP-binding component of a transport system  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
DNA-damage-inducible protein  
GTP-binding protein related to HflX  
Cell-cell signaling protein, C-factor  
Cell division inhibitor  
FIG01200678: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
Potassium channel protein  
Hypothetical membrane protein  
Membrane protein, putative  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Transcriptional regulator, AraC family  
Xaa-Pro dipeptidase (EC 3.4.13.9)  
FIG01207307: hypothetical protein  
FIG01202288: hypothetical protein  
Quinolinate synthetase (EC 4.1.99.-)  
TPR repeat containing exported protein; Putative periplasmic protein contains a protein prenyltransferase domain  
18K peptidoglycan-associated outer membrane lipoprotein; Peptidoglycan-associated lipoprotein precursor; Outer membrane protein P6; Outer membrane protein P6; Outer membrane protein P6; Outer membrane protein P6  
tolB protein precursor, periplasmic protein involved in the tonB-independent uptake of group A colicins  
TolA protein  
Tol biopolymer transport system, TolR protein  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase family active site  
Protein ybgE  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)  
Holliday junction DNA helicase RuvB  
Holliday junction DNA helicase RuvA  
Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)  
Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12) ## unambiguous  
tRNA (uridine-5-oxyacetic acid methyl ester) 34 synthase  
tRNA (5-methoxyuridine) 34 synthase  
FIG008443: hypothetical protein  
FIG139976: hypothetical protein  
FIG002781: Alpha-L-glutamate ligase family protein  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaE; Molybdopterin converting factor subunit 2  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaD; Molybdopterin converting factor subunit 1

Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA  
Hypothetical protein UPF0052  
Phosphorelay protein LuxU  
Regulatory protein LuxO  
hypothetical protein  
Excinuclease ABC subunit B  
Sodium/alanine symporter  
Lysine/cadaverine antiporter membrane protein CadB  
Lysine decarboxylase (EC 4.1.1.18)  
Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35)  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
FIG01203841: hypothetical protein  
FIG01206074: hypothetical protein  
Magnesium transporter  
transcriptional regulators, LysR family  
Neopullulanase (EC 3.2.1.135)  
glycogen debranching enzyme-related protein  
FIG01199781: hypothetical protein  
Multiple sugar ABC transporter, ATP-binding protein  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
Ig-like repeat domain protein 1  
Uropathogenic specific protein  
Uropathogenic specific protein  
FIG01203425: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
EAL domain/GGDEF domain protein  
FIG01201338: hypothetical protein  
Peptidase, M20A family  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11) / Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
FIG01201895: hypothetical protein  
Glutathione-dependent formaldehyde-activating enzyme (EC 4.4.1.22)  
FIG01200483: hypothetical protein  
Catalase (EC 1.11.1.6)  
FIG01200699: hypothetical protein  
Spindolin-related protein  
FIG01204145: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
corresponds to STY3948 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
Probable GTPase related to EngC  
D-Galactonate repressor DgoR  
2-dehydro-3-deoxygalactonokinase (EC 2.7.1.58)  
2-dehydro-3-deoxyphosphogalactonate aldolase (EC 4.1.2.21)  
TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, periplasmic component



TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, small permease component  
TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, large permease component  
Galactonate dehydratase (EC 4.2.1.6)  
Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)  
Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)  
hypothetical protein  
FIG01205695: hypothetical protein  
FIG01204543: hypothetical protein  
putative transcriptional regulatory protein (LysR family)  
Predicted NADP-dependent oxidoreductase  
Gluconolactonase (EC 3.1.1.17)  
LysR-family transcriptional regulator clustered with PA0057  
FIG01206007: hypothetical protein  
Di-/tripeptide transporter  
hypothetical protein  
Oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, Fe-S oxidoreductase  
Enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein  
Transcriptional regulator  
Transcriptional regulator, MarR family  
no significant database hits  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
FIG01203600: hypothetical protein  
Microsomal dipeptidase (EC 3.4.13.19)  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Microsomal dipeptidase (EC 3.4.13.19)  
hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01205453: hypothetical protein  
Chloramphenicol acetyltransferase (EC 2.3.1.28)  
hypothetical protein-signal peptide and transmembrane prediction  
FIG01204184: hypothetical protein  
FIG00287285: hypothetical protein  
Putative efflux protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Transcriptional regulator, LysR family  
Hexose phosphate uptake regulatory protein UhpC  
Sensor histidine protein kinase UhpB, glucose-6-phosphate specific (EC 2.7.13.3)  
Transcriptional regulatory protein UhpA  
Hexose phosphate transport protein UhpT  
Transcriptional regulator, TetR family  
COG0845: Membrane-fusion protein  
Membrane-fusion protein  
Acriflavin resistance protein  
Transcriptional regulator of succinyl CoA synthetase operon  
PTS system HrsA EIIA component / PTS system HrsA EIIB component / PTS system HrsA permease IIC component  
Alpha-mannosidase (EC 3.2.1.24)  
FIG01205787: hypothetical protein

Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Major facilitator superfamily protein  
transcriptional regulator, LysR family  
Transcriptional regulator  
hypothetical membrane protein  
Transcriptional regulator  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Transcriptional regulator, Cro/C1 family  
hypothetical membrane protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
GGDEF family protein  
Valyl-tRNA synthetase  
TonB-dependent receptor; Outer membrane receptor for ferrienterochelin and colicins  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIA component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, mannitol-specific cryptic IIC component (EC 2.7.1.69)  
Putative oxidoreductase linked to yggC  
Putative transcriptional regulator  
Uridine kinase family protein YggC homolog  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
Probable MFS transporter  
FIG01202885: hypothetical protein  
FIG01203637: hypothetical protein  
Guanylate cyclase-related protein  
Probable sensor/response regulator hybrid  
Di-/tripeptide transporter  
FIG01204273: hypothetical protein  
MSHA biogenesis protein MshQ  
MSHA biogenesis protein MshQ  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA pilin protein MshC  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain C (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain B (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain A (EC 1.8.99.-)  
Putative oxidoreductase component of anaerobic dehydrogenases; Functional role page for Chaperone protein TorD  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Uncharacterized conserved protein  
Gamma-glutamyltranspeptidase (EC 2.3.2.2)  
Outer membrane protein RomA  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01199967: hypothetical protein  
Oligoendopeptidase F  
Aerotaxis sensor receptor protein  
Guanine-hypoxanthine permease  
Putative phosphatidylglycerophosphate synthase  
ABC transporter, ATP-binding protein YnjD

ABC transporter, permease protein YnjC  
ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein YnjB  
DedA family inner membrane protein YdjX  
putative reductase  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Thiosulfate sulfurtransferase, rhodanese (EC 2.8.1.1)  
Tetrathionate reductase sensory transduction histidine kinase  
Tetrathionate reductase two-component response regulator  
FIG01201484: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Beta-mannosidase (EC 3.2.1.25)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206538: hypothetical protein  
FIG01206564: hypothetical protein  
FIG01200019: hypothetical protein  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
FIG01203150: hypothetical protein  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
Transcriptional regulator, MerR family  
Predicted acetyltransferase  
Oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
putative NADH-dependent flavin oxidoreductase  
Di/tripeptide permease YbgH  
Di/tripeptide permease DtpA  
Phage shock protein E  
FIG01203318: hypothetical protein  
FIG01200936: hypothetical protein  
PTS system, IIB component (EC 2.7.1.69)  
Putative integral membrane protein  
PTS system, IIA component  
FIG01207242: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative membrane protein precursor  
FIG01205353: hypothetical protein  
FIG01203869: hypothetical protein  
hypothetical protein  
protein of unknown function DUF262  
hypothetical protein  
Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Protein of unknown function DUF262 family  
DNA-repair protein  
hypothetical protein

ATPase involved in DNA repair  
hypothetical protein  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)  
FIG01200971: hypothetical protein  
FIG01206436: hypothetical protein  
FIG01204115: hypothetical protein  
Di-and tricarboxylate transporter  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Chitin binding protein  
NAD glycohydrolase, hvnB; Halovibrin  
COG1451: Predicted metal-dependent hydrolase  
FIG01206895: hypothetical protein  
FIG01202975: hypothetical protein  
PilA-like type-IV pilus protein  
FIG01205944: hypothetical protein  
FIG000859: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase RhIE  
FOG: GGDEF domain  
hypothetical protein  
FOG: GGDEF domain  
Multidrug resistance protein D  
ATP-dependent RNA helicase DbpA  
FOG: GGDEF domain  
Hypothetical protein in aerobactin uptake cluster  
Putative membrane protein  
Ferric aerobactin ABC transporter, ATPase component  
Ferric aerobactin ABC transporter, periplasmic substrate binding protein  
Ferric aerobactin ABC transporter, permease component  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase s  
N6-hydroxylysine O-acetyltransferase (EC 2.3.1.102), aerobactin biosynthesis protein lucB @ Siderophore synthetase small component, ace  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase s  
L-lysine 6-monooxygenase [NADPH] (EC 1.14.13.59), aerobactin biosynthesis protein lucD @ Siderophore biosynthesis protein, monooxyge  
Aerobactin siderophore receptor lutA @ TonB-dependent siderophore receptor  
Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit YbbK  
Putative activity regulator of membrane protease YbbK  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)  
FIG01202372: hypothetical protein  
FIG01200907: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, ArsR family  
Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)  
Heavy metal sensor histidine kinase  
DNA-binding heavy metal response regulator  
FIG01202334: hypothetical protein  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
Probable two-component system sensor kinase  
FIG01204490: hypothetical protein

FIG01206220: hypothetical protein  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.)  
Functional role page for Cytochrome c-type protein TorY  
Ferrichrome-iron receptor  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Biopolymer transport protein ExbD/TolR  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
FIG01199938: hypothetical protein  
FIG01201934: hypothetical protein  
FIG01201892: hypothetical protein  
FIG01200684: hypothetical protein  
FIG01202239: hypothetical protein  
membrane protein  
FIG01202983: hypothetical protein  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
putative exported protein  
Sulfatase  
DNA-binding response regulator  
Sensor histidine kinase (EC 2.7.3.-)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
putative exported protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01201852: hypothetical protein  
Response regulator VieA  
FIG01201538: hypothetical protein  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Type IV prepilin peptidase TadV/CpaA  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
FIG01203762: hypothetical protein  
FIG01203100: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01206504: hypothetical protein

Glycerol uptake facilitator protein  
Glycerol kinase (EC 2.7.1.30)  
Sensor histidine kinase  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
Glycerol-3-phosphate regulon repressor, DeoR family  
Aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)  
SUA5 protein  
hypothetical protein  
Choloylglycine hydrolase (EC 3.5.1.24)  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01206202: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
SUA5 protein  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit B (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit A (EC 1.1.5.3)  
anaerobic dehydrogenase  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
FIG01206375: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
GGDEF family protein  
Malate synthase-related protein  
Predicted transcriptional regulator  
SUA5 protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
FIG015136: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Flavodoxin reductases (ferredoxin-NADPH reductases) family 1  
two-component system sensor protein  
Putative two-component response regulator  
Putative lipoprotein  
FIG01205061: hypothetical protein  
FIG01202093: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
FIG01201461: hypothetical protein  
Secreted trypsin-like serine protease  
transposase  
Transport ATP-binding protein CydC  
Transport ATP-binding protein CydD  
Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)  
Alanine dehydrogenase (EC 1.4.1.1)  
Leucine-responsive regulatory protein, regulator for leucine (or Irp) regulon and high-affinity branched-chain amino acid transport system  
Cell division protein FtsK  
Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA  
FIG065221: ATPase, AAA family  
Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)

Thioredoxin 2 (EC 1.8.1.8)  
FIG01202807: hypothetical protein  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
Aldose 1-epimerase family protein YeaD  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
FIG01202681: hypothetical protein  
Uncharacterized protein YeaC  
FIG01205958: hypothetical protein  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1); Acetaldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.10)  
oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Potential queD like 2  
Superoxide dismutase [Fe] (EC 1.15.1.1)  
Glutaredoxin-related protein  
Response regulator VieB  
Histidine permease YuiF  
Ribonuclease T (EC 3.1.13.-)  
Sodium-type flagellar protein motY precursor  
FIG01199914: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
Endonuclease III (EC 4.2.99.18)  
Electron transport complex protein RnfE  
Electron transport complex protein RnfG  
Electron transport complex protein RnfD  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG001341: Probable Fe(2+)-trafficking protein YggX  
A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)  
tRNA (guanine46-N7-)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)  
Glutaminase (EC 3.5.1.2)  
Radical SAM family enzyme, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, clustered with nucleoside-triphosphatase RdgB  
Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dITP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)  
FIG003551: hypothetical protein  
UPF0235 protein VC0458  
Integral membrane protein YggT, involved in response to extracytoplasmic stress (osmotic shock)  
Pyrroline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)  
Hypothetical protein YggS, proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC  
Twitching motility protein PilT  
Twitching motility protein PilT  
Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)  
UPF0301 protein YggE  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)  
Extracellular deoxyribonuclease Dns (EC 3.1.21.-)  
Protein sprT  
S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.72)  
Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)

Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)  
ATP-dependent RNA helicase SrmB  
COG4123: Predicted O-methyltransferase  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Flavodoxin 2  
Tyrosine recombinase XerD  
Thiol:disulfide interchange protein DsbC  
Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)  
Peptide chain release factor 2; programmed frameshift-containing  
Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)  
Transcriptional regulator VpsR  
DNA mismatch repair endonuclease MutH  
Adenosine (5'-)-pentaphospho-(5'-)-adenosine pyrophosphohydrolase (EC 3.6.1.-)  
FIG001592: Phosphocarrier protein kinase/phosphorylase, nitrogen regulation associated  
Protein of unknown function DUF81  
Prolipoprotein diacylglycerol transferase (EC 2.4.99.-)  
Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)  
Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1); Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)  
Phosphotransferase system IIA component  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Protein of unknown function DUF785  
Integral membrane protein TerC  
FOG: TPR repeat protein, SEL1 subfamily  
Metal-dependent hydrolase  
Metal-dependent hydrolase  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), large subunit (EC 1.17.4.2)  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), activating protein (EC 1.97.1.4)  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
FIG008443: hypothetical protein  
Sodium-dependent phosphate transporter  
hypothetical protein  
Transcriptional activator NhaR  
Transcriptional activator HlyU  
SSU ribosomal protein S20p  
Proposed peptidoglycan lipid II flippase MurJ  
Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)  
Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)  
Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase slpA (EC 5.2.1.8)  
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)  
Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)  
FIG01200408: hypothetical protein  
Carbamoyl-phosphate synthase small chain (EC 6.3.5.5)  
Carbamoyl-phosphate synthase large chain (EC 6.3.5.5)  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Outer membrane protein OmpU  
Transcription elongation factor GreA  
FIG004454: RNA binding protein  
Cell division protein FtsJ / Ribosomal RNA large subunit methyltransferase J (EC 2.1.1.-)



Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)  
Dihydropteroate synthase (EC 2.5.1.15)  
Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)  
Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)  
COG0779: clustered with transcription termination protein NusA  
Transcription termination protein NusA  
Translation initiation factor 2  
Ribosome-binding factor A  
tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi55  
SSU ribosomal protein S15p (S13e)  
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)  
Lipoprotein nlp precursor  
Putative protease  
Putative protease  
C-di-GMP phosphodiesterase A-related protein  
Putative lipid carrier protein  
FIG002208: Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
FIG01201991: hypothetical protein  
DNA polymerase III psi subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribosomal-protein-S18p-alanine acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Peptide chain release factor 3  
FIG01200183: hypothetical protein  
Putative deoxyribonuclease YjjV  
Nucleoside permease NupC  
FIG01203171: hypothetical protein  
Deoxyribose-phosphate aldolase (EC 4.1.2.4)  
Thymidine phosphorylase (EC 2.4.2.4)  
Phosphopentomutase (EC 5.4.2.7)  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Smp-like protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Type IV prepilin peptidase TadV/CpaA  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)  
Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)  
Transcriptional regulatory protein PhoP  
FIG01204048: hypothetical protein

DNA repair protein RadA  
Translation elongation factor G paralog  
FIG01202619: hypothetical protein  
Cytosine deaminase (EC 3.5.4.1)  
Cytosine permease  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
DNA mismatch repair protein MutS  
Protein Implicated in DNA repair function with RecA and MutS  
RecA protein  
Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Carbon storage regulator  
Putative RNA 2'-O-ribose methyltransferase mtfA (EC 2.1.1.-)  
COG2363  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE (EC 2.8.1.7), main protein CsdA  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE, sulfur acceptor protein CsdE  
HesA/MoeB/ThiF family protein related to EC-YgdL  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase A precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG01199956: hypothetical protein  
N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5) ## RecD  
Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5) ## RecB  
Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5) ## RecC  
Tellurite resistance protein  
Regulatory protein CysB  
Alternative oxidase 2, mitochondrial precursor (EC 1.-.-.-)  
DNA damage-inducible gene in SOS regulon, dependent on cyclic AMP and H-NS  
2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase (EC 2.3.1.117)  
putative membrane protein  
LysR-like transcriptional regulator  
Chromate transport protein ChrA  
Type IV pilus biogenesis protein PilE  
Type IV fimbrial biogenesis protein FimT  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilW  
FIG01200401: hypothetical protein  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilV  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
Decarboxylase family protein  
GGDEF domain family protein  
FIG01199812: hypothetical protein  
NADPH dependent preQ0 reductase  
Syd protein  
Zn-ribbon-containing, possibly nucleic-acid-binding protein  
FIG01205033: hypothetical protein  
FIG01204297: hypothetical protein  
PTS system, cellobiose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, cellobiose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)

Beta-glucosidase (EC 3.2.1.21)  
glucokinase( EC:2.7.1.2 )  
glucokinase( EC:2.7.1.2 )  
PTS system, cellobiose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Transcriptional regulator, LacI family  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
FIG01201514: hypothetical protein  
FIG01204227: hypothetical protein  
Hypothetical protein YqcC (clustered with tRNA pseudouridine synthase C)  
tRNA pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi65  
Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)  
tRNA:Cm32/Um32 methyltransferase  
Iron-sulfur cluster regulator IscR  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), IscS subfamily  
Iron-sulfur cluster assembly scaffold protein IscU  
Iron binding protein IscA for iron-sulfur cluster assembly  
Chaperone protein HscB  
Chaperone protein HscA  
Ferredoxin, 2Fe-2S  
Believed to be involved in assembly of Fe-S clusters  
Peptidase B (EC 3.4.11.23)  
Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)  
Type IV pilus biogenesis protein PilF  
FIG021952: putative membrane protein  
1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)  
Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)  
Mlr7403 protein @ FIG001046: putative membrane protein  
Outer membrane protein YfgL, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and NlpB)  
GTP-binding protein EngA  
Predicted metal-dependent hydrolase  
Hypothetical protein yfgJ  
Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)  
Inosine-5-#39;-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)  
GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)  
Aminobenzoyl-glutamate transport protein  
YheO-like PAS domain  
Putative inner membrane protein  
Endoribonuclease L-PSP  
Serine transporter  
S-formylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.12)  
S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase (EC 1.1.1.284)  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
FIG01206097: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine protein phosphatase

IcmF-related protein  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpI/VasC  
FIG01201050: hypothetical protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
ClpB protein  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpA  
FIG01203677: hypothetical protein  
Primosomal replication protein N prime prime  
Putative membrane protein YfcA  
ATP-dependent helicase DinG/Rad3  
Outer membrane protein  
Outer membrane protein  
ATP phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.17)  
Histidinol dehydrogenase (EC 1.1.1.23)  
Histidinol-phosphate aminotransferase (EC 2.6.1.9)  
Histidinol-phosphatase (EC 3.1.3.15) / Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (EC 4.2.1.19)  
Imidazole glycerol phosphate synthase amidotransferase subunit (EC 2.4.2.-)  
Phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (EC 5.3.1.16)  
Imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit (EC 4.1.3.-)  
Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.19) / Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase (EC 3.6.1.31)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
FIG01199776: hypothetical protein  
YciL protein  
Acyl-CoA thioesterase YciA, involved in membrane biogenesis  
Intracellular septation protein IspA  
Proton/glutamate symporter  
Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)  
Tryptophan synthase beta chain (EC 4.2.1.20)  
Indole-3-glycerol phosphate synthase (EC 4.1.1.48) / Phosphoribosylanthranilate isomerase (EC 5.3.1.24)  
Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)  
Anthranilate synthase, amidotransferase component (EC 4.1.3.27)  
Anthranilate synthase, aminase component (EC 4.1.3.27)  
COG0613, Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)  
YciO family  
Autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
N-(3-hydroxybutanoyl)-L-homoserine lactone synthase LuxM  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2605  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
SohB protein, peptidase U7 family  
Protein yciN

DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)  
Transporter, putative  
Sensor histidine kinase  
Putative chemotaxis protein CheY  
D-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.28)  
Phosphosugar mutase of unknown sugar (see annotation)  
Threonine efflux protein  
2-keto-4-pentenoate hydratase (EC 4.2.1.-)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
hypothetical protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Glutamate decarboxylase (EC 4.1.1.15)  
Putative transport protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative membrane protein  
Pirin-related protein  
FIG01207104: hypothetical protein  
putative exported protein  
putative exported protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Transcriptional regulator, LysR family  
Protein ydhR precursor  
FIG01205281: hypothetical protein  
FIG01205676: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Transporter, LysE family  
sulfite oxidase homolog  
FIG01203732: hypothetical protein  
Bacilysin biosynthesis protein BacA  
FIG01201707: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Outer membrane protein  
FIG01202387: hypothetical protein  
FIG01202387: hypothetical protein  
FIG01205493: hypothetical protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutamate receptor 1 precursor  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UBIE (EC 2.1.1.-)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nucleoside permease NupC

BAX protein  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
pyridoxal phosphate-dependent deaminase, putative  
FIG01203689: hypothetical protein  
FIG01201364: hypothetical protein  
Putative protein-S-isoprenylcysteine methyltransferase  
Outer membrane lipoprotein-sorting protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Chaperone protein DnaJ  
FIG01204363: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nonspecific acid phosphatase  
Transcriptional regulator, RpiR family  
hypothetical protein  
N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase (EC 4.2.-.-)  
PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
YaeQ protein  
FIG01204326: hypothetical protein  
putative N-hydroxyarylamine O-acetyltransferase  
Choline-glycine betaine transporter  
hypothetical protein  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
Di/tripeptide permease DtpB  
Helix-turn-helix motif  
RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase)  
FIG01204338: hypothetical protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
FIG01204296: hypothetical protein  
alpha-amylase  
Outer membrane protein A precursor  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
YcfF/hinT protein: a purine nucleoside phosphoramidase  
putative lipoprotein  
YcfL protein: an outer membrane lipoprotein that is part of a salvage cluster  
Lipoprotein YcfM, part of a salvage pathway of unknown substrate  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein I, chemoreceptor, negative regulator of TcpA  
FIG01200229: hypothetical protein  
SAM-dependent methyltransferases  
Thiamine kinase (EC 2.7.1.89) @ Adenosylcobinamide kinase (EC 2.7.1.156)  
YcfP protein: probably an esterase that is part of a salvage cluster  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
ATP-dependent RNA helicase VVA0939  
FIG01205858: hypothetical protein  
Ankyrin 1  
FIG01060560: hypothetical protein

RecD-like DNA helicase Atu2026  
hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Carbon starvation protein A  
hypothetical protein  
FIG001014\_Response regulator of the LytR/AlgR family  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
FIG01206549: hypothetical protein  
FIG01199640: hypothetical protein  
Probable protease HtpX (EC 3.4.24.-)  
Conserved domain protein  
FIG01201440: hypothetical protein  
Sodium/glutamate symporter  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
L,D-transpeptidase YcbB  
FIG001587: exported protein  
Asparaginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.22)  
Queuosine biosynthesis QueD, PTPS-I  
FIG01201910: hypothetical protein  
FIG01201910: hypothetical protein  
Exonuclease SbcD  
Exonuclease SbcC  
cytosolic long-chain acyl-CoA thioester hydrolase family protein  
FIG01205582: hypothetical protein  
Tyrosine-specific transport protein  
Tyrosine-specific transport protein  
FIG01201920: hypothetical protein  
FIG01200942: hypothetical protein  
Hypothetical protein, specific for Vibrio  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Serine transporter  
Hypothetical nudix hydrolase YeaB  
Para-aminobenzoate synthase, aminase component (EC 2.6.1.85)  
Fumarate hydratase class I, aerobic (EC 4.2.1.2)  
FIG01205151: hypothetical protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Periplasmic linker protein, putative  
Acriflavin resistance protein  
FIG01202561: hypothetical protein  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8)  
FIG01202104: hypothetical protein  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Iron-regulated protein A precursor  
Probable thiol oxidoreductase with 2 cytochrome c heme-binding sites  
Iron-regulated protein A precursor  
putative exported protein  
Hypothetical metal-binding enzyme, YcbL homolog  
FIG01201983: hypothetical protein

Ubiquitin-protein ligase  
Tyrosine-specific transport protein  
Tyrosine-specific transport protein  
Competence/damage-inducible protein CinA  
Ferredoxin  
FIG01201341: hypothetical protein  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)  
3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase (EC 2.1.1.64)  
DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)  
FIG01201314: hypothetical protein  
FIG01201747: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Putative heat shock protein YegD  
Protein HI1394  
Zn-dependent protease  
putative SpoOM-related protein  
FIG01203870: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01204958: hypothetical protein  
Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)  
Translation initiation factor 3  
LSU ribosomal protein L35p  
LSU ribosomal protein L20p  
Possible flavodoxin oxidoreductase precursor  
ABC-type heme transport system, ATPase component  
Heme ABC transporter, permease protein  
Periplasmic heme-binding protein  
Biopolymer transport protein ExbD1  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent (EC 1.3.99.22)  
Putative heme iron utilization protein  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase-related putative heme iron utilization protein  
VgrG protein  
membrane protein, putative  
membrane protein, putative  
FIG01203401: hypothetical protein  
FIG01203401: hypothetical protein  
FIG01201997: hypothetical protein  
TonB-dependent heme and hemoglobin receptor HutA ; TonB-dependent heme , ferrichrome receptor  
Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)  
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)  
Integration host factor alpha subunit  
Succinylglutamate desuccinylase (EC 3.5.1.96)  
Oligoendopeptidase F  
UPF0234 protein YajQ  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)



Phosphoenolpyruvate synthase (EC 2.7.9.2)  
FIG01205501: hypothetical protein  
FIG01203063: hypothetical protein  
GGDEF domain protein  
COGs COG2378  
FIG01201906: hypothetical protein  
FIG01202070: hypothetical protein  
YafQ toxin protein  
DNA-damage-inducible protein J  
FIG01200441: hypothetical protein  
hypothetical protein  
transcriptional regulator  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
hypothetical protein  
Phosphoenolpyruvate phosphomutase (EC 5.4.2.9)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
FIG01205957: hypothetical protein  
L-sulfolactate dehydrogenase (EC 1.1.1.272) / Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Putative transcriptional regulator  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
lipoprotein, putative  
Acyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.20)  
membrane protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
biphenyl-2,3-diol 1,2-dioxygenase III-related protein  
Glutaredoxin  
COG0398: uncharacterized membrane protein  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
FIG01203641: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)  
Error-prone repair protein UmuD  
Cyclohexadienyl dehydratase (EC 4.2.1.51)(EC 4.2.1.91)  
Integral membrane protein  
Translation elongation factor P-related protein  
Protein of unknown function DUF1212  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.-)  
Paraquat-inducible protein B  
Paraquat-inducible protein A  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
COG1956, GAF domain-containing protein  
ProQ: influences osmotic activation of compatible solute ProP  
Tail-specific protease precursor (EC 3.4.21.102)  
FOG: WD40 repeat  
Membrane alanine aminopeptidase N (EC 3.4.11.2)  
NAD-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.2), large form

Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)  
FIG01199806: hypothetical protein  
23S rRNA (guanine-N-2-) -methyltransferase rmlL (EC 2.1.1.-)  
Thiol-disulfide isomerase and thioredoxin  
ABC transporter ATP-binding protein uup  
FIG01199949: hypothetical protein  
Ribosome modulation factor  
3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
ATP-dependent protease La (EC:3.4.21.53)  
putative dehydrogenase  
Putative lipoprotein  
Sensor histidine kinase/response regulator  
FIG01200925: hypothetical protein  
FIG01199584: hypothetical protein  
Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoQ (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoP (EC 1.9.3.1)  
Putative analog of CcoH, COG3198  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoI; Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Heavy-metal-associated domain (N-terminus) and membrane-bounded cytochrome biogenesis cycZ-like domain, possible membrane copper  
Fumarate and nitrate reduction regulatory protein  
Universal stress protein E  
tRNA(Cytosine32)-2-thiocytidine synthetase  
Hypothetical protein, bax gene locus  
Putative Bax protein  
Probable proline and glycine rich transmembrane protein gene in bax  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component PotB (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
NAD-dependent protein deacetylase of SIR2 family  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nucleoside permease NupC  
FIG01202766: hypothetical protein  
Qnr  
FIG01204043: hypothetical protein  
Acetyltransferase  
FIG01199789: hypothetical protein  
Ferrichrome-binding protein  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG01203878: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
metal-dependent phosphohydrolase  
FIG01202504: hypothetical protein  
Maltose O-acetyltransferase (EC 2.3.1.79)  
Probable homoserine/homoserine lactone efflux protein  
FIG01202341: hypothetical protein

FIG01201669: hypothetical protein  
Cellobiose phosphotransferase system YdjC-like protein  
Uncharacterized conserved protein  
FIG01205664: hypothetical protein  
putative acetyltransferase [EC:2.3.1.-] [KO:K03830]  
Ribosomal-protein-L7p-serine acetyltransferase  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
FIG01204783: hypothetical protein  
Response regulator/GGDEF domain protein  
FIG01201434: hypothetical protein  
DNA-binding protein  
RelE-like Cytotoxic translational repressor of toxin-antitoxin stability system  
NTP pyrophosphohydrolase including oxidative damage repair enzymes  
FIG00283260: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Integral membrane protein  
hypothetical protein  
similar to ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
hypothetical protein  
Formate dehydrogenase -O, gamma subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase-O, iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2); Putative formate dehydrogenase iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase subunit or accessory protein  
Putative formate dehydrogenase-specific chaperone  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
FIG01199721: hypothetical protein  
FIG01199563: hypothetical protein  
Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)  
Response regulator receiver: Metal-dependent phosphohydrolase, HD subdomain  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Pyrrolidone-carboxylate peptidase (EC 3.4.19.3)  
FIG001614: Membrane protein  
FIG015373: Membrane protein  
Transporter  
Allophanate hydrolase 2 subunit 2 (EC 3.5.1.54)  
Allophanate hydrolase 2 subunit 1 (EC 3.5.1.54)  
Lactam utilization protein LamB  
hypothetical protein possibly connected to lactam utilization and allophanate hydrolase  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01206020: hypothetical protein  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
FIG01200566: hypothetical protein  
Acetyltransferase  
Related to collagenase  
Probable glutathione S-transferase  
Histone acetyltransferase HPA2  
Acetyltransferase, GNAT family  
Msl2237 protein

Rhodanese-related sulfurtransferase  
Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
Acetyltransferase  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01200940: hypothetical protein  
FIG01203262: hypothetical protein  
FIG01201033: hypothetical protein  
Glycine betaine transporter  
membrane protein  
DNA-binding response regulator  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01204231: hypothetical protein  
Beta-1,3-glucosyltransferase  
FIG01200518: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
Sigma-54 dependent response regulator  
ABC-type tungstate transport system, periplasmic binding protein  
ABC-type tungstate transport system, permease protein  
ABC-type tungstate transport system, ATP-binding protein  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobB / Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
SEC-C motif  
ROK family protein  
Putative cytoplasmic protein  
hypothetical protein  
FIG00921572: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
FIG01203974: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
HigB toxin protein  
HigA protein (antitoxin to HigB)  
hypothetical protein  
FIG01206514: hypothetical protein  
L-lysine permease  
hypothetical protein  
L-lysine permease  
transcriptional regulator, LysR family  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
FIG00922107: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Gfa-like protein  
HAD superfamily hydrolase  
FIG00290275: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204493: hypothetical protein  
FIG01206447: hypothetical protein  
hypothetical protein  
inner membrane protein, putative

inner membrane protein, putative  
PAS factor  
FIG01203154: hypothetical protein  
Predicted arginine uptake transporter  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
hypothetical protein  
FIG01204229: hypothetical protein  
FIG01202745: hypothetical protein  
FIG01200738: hypothetical protein  
Fatty acid cis/trans isomerase  
Oxalate/formate antiporter  
FIG01205088: hypothetical protein  
NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 2  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
FIG01203816: hypothetical protein  
UPF0265 protein YeeX  
Putative membrane protein precursor  
Protein of unknown function YceH  
COG2827: putative endonuclease containing a URI domain  
NAD synthetase (EC 6.3.1.5)  
Nicotinate-nucleotide adenyltransferase (EC 2.7.7.18) ## bacterial NadD family  
FIG01200768: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01199554: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Leucine-rich repeat protein  
Cold shock protein CspE  
FIG01202684: hypothetical protein  
Transcriptional regulator LuxT  
Outer membrane protein  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Putative outer membrane lipoprotein  
FIG01200548: hypothetical protein  
NAD(P) transhydrogenase alpha subunit (EC 1.6.1.2)  
NAD(P) transhydrogenase subunit beta (EC 1.6.1.2)  
FIG01206203: hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
hypothetical protein  
Translation initiation factor SUI1-related protein  
FIG01200374: hypothetical protein  
Integrase-like protein  
D-alanine--D-alanine ligase (EC 6.3.2.4)  
DamX-related protein  
Protein acetyltransferase  
GGDEF family protein  
hypothetical protein  
Molybdopterin biosynthesis Mog protein, molybdochelata

TraF-related protein  
FIG01200654: hypothetical protein  
FIG01204309: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Signal transduction histidine kinase  
hypothetical protein  
Coproporphyrinogen III oxidase, aerobic (EC 1.3.3.3)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Type III secretion and flagellar regulator RtsA  
phosphate-binding protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
ATP-dependent RNA helicase VCA0061  
FIG01201981: hypothetical protein  
FOG: EAL domain protein  
FIG01207387: hypothetical protein  
hypothetical cytosolic protein  
FIG01207080: hypothetical protein  
50S ribosomal subunit maturation GTPase RbgA (*B. subtilis* YlqF)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01201932: hypothetical protein  
Sodium/glutamate symporter  
Response regulator  
FIG01203109: hypothetical protein  
FIG01200317: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Conserved uncharacterized protein CreA  
Protein F-related protein  
FIG01204762: hypothetical protein  
FIG01205634: hypothetical protein  
FIG01201711: hypothetical protein  
Putative regulator protein  
Low-specificity L-threonine aldolase (EC 4.1.2.5)  
Mlc, transcriptional repressor of MalT (the transcriptional activator of maltose regulon) and manXYZ operon  
Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Beta N-acetyl-glucosaminidase (EC 3.2.1.52)  
Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
FIG01206529: hypothetical protein  
FIG01203293: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203230: hypothetical protein  
Outer membrane protein OmpU  
RNA-binding protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Rod shape-determining protein RodA  
Sodium/glutamate symporter  
Methyl-accepting chemotaxis protein

FIG01206706: hypothetical protein  
FIG01204793: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01202959: hypothetical protein  
Transcriptional regulator CdgA  
Sensory box/GGDEF family protein  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein P, transcriptional activator of ToxT promoter  
Outer membrane protein A precursor  
DedA protein  
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (EC 1.1.1.44)  
6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31), eukaryotic type  
Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)  
Amidohydrolase domain protein  
FIG01206137: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01206169: hypothetical protein  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolE  
Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolC  
FIG01200287: hypothetical protein  
Transcription-repair coupling factor  
FIG01200265: hypothetical protein  
Thiol-disulfide isomerase  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase / Macrophage infectivity potentiator  
FIG01205102: hypothetical protein  
Histidine utilization repressor  
Imidazolonepropionase (EC 3.5.2.7)  
Formiminoglutamase (EC 3.5.3.8)  
Urocanate hydratase (EC 4.2.1.49)  
Histidine ammonia-lyase (EC 4.3.1.3)  
FIG01203501: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01205776: hypothetical protein  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA; Cation efflux system protein CusA  
Cobalt/zinc/cadmium efflux RND transporter, membrane fusion protein, CzcB family  
Heavy metal RND efflux outer membrane protein, CzcC family  
FIG01200717: hypothetical protein  
Fucose 4-O-acetylase  
Predicted hydrolase or acyltransferase  
NnrS protein involved in response to NO  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
FIG01206679: hypothetical protein  
DNA-binding response regulator  
Sensor protein basS/pmrB (EC 2.7.3.-)  
DnaJ-related protein  
Chromosome partition protein MukB  
Chromosome partition protein MukE

Chromosome partition protein MukF  
S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase Functionally Coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
Membrane Protein Functionally coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
UPF0434 protein YcaR  
Tetraacyldisaccharide 4-kinase (EC 2.7.1.130)  
Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
FIG01199889: hypothetical protein  
FIG01205303: hypothetical protein  
Manganese-dependent inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)  
Methyl-accepting chemotaxis receptor/sensory transducer precursor  
5-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase related protein VF1653  
IAA acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Cdc6-related protein  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Isopenicillin N synthase  
Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)  
Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)  
FIG01202120: hypothetical protein  
conserved protein of unknown function; putative YcgN protein  
proteinase inhibitor, putative  
DNA-binding protein inhibitor Id-2-related protein  
FIG01200138: hypothetical protein  
Homeodomain-like  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
O-succinylbenzoic acid--CoA ligase (EC 6.2.1.26)  
O-succinylbenzoate-CoA synthase (EC 4.2.1.-)  
Naphthoate synthase (EC 4.1.3.36)  
2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase (EC 4.2.99.20)  
2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase (EC 2.2.1.9)  
Menaquinone-specific isochorismate synthase (EC 5.4.4.2)  
Aspartate/tyrosine/aromatic aminotransferase  
Dihydrofolate reductase homolog  
Transcriptional regulator, TetR family  
Transcriptional regulator, VCA0231 ortholog  
Iron-containing alcohol dehydrogenase  
FIG01205973: hypothetical protein  
Putative transporter, DME family  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3); Probable coniferyl aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.68)  
Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase (EC 3.1.5.1)  
FIG01201005: hypothetical protein  
membrane protein  
Recombination protein RecR  
FIG000557: hypothetical protein co-occurring with RecR  
DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)  
DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)  
Adenine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.7)  
Hypothetical protein DUF454



Response regulator  
hypothetical protein  
Cyn operon transcriptional activator  
Agglutination protein  
FIGfam020323  
ABC transporter, transmembrane region:ABC transporter:Peptidase C39, bacteriocin processing  
GGDEF and EAL domain proteins  
FIGfam010717  
ABC-type protease exporter, membrane fusion protein (MFP) family component PrtE/AprE  
Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444  
FIG01205289: hypothetical protein  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA  
hypothetical protein  
translation initiation inhibitor  
putative DNA-binding Protein -- AraC type helix turn helix  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter, putative  
FIG00292818: hypothetical protein  
5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.13)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Serine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.51) / L-alanine:glyoxylate aminotransferase (EC 2.6.1.44)  
Lipid A core-O-antigen ligase  
Excinuclease ABC subunit A  
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)  
FIG01201862: hypothetical protein  
Alpha-D-GlcNAc alpha-1,2-L-rhamnosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Putative glycosyltransferase protein  
Putative glycosyltransferase protein  
FIG01200177: hypothetical protein  
Flippase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsD, exopolysaccharide synthesis  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsC, polysaccharide export  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsB  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsA, sugar transferase  
Single-stranded DNA-binding protein  
FIG01202356: hypothetical protein  
MSHA biogenesis protein MshH  
MSHA biogenesis protein MshI  
MSHA biogenesis protein MshJ  
MSHA biogenesis protein MshK  
MSHA biogenesis protein MshL  
MSHA biogenesis protein MshM  
MSHA biogenesis protein MshN  
MSHA biogenesis protein MshE  
MSHA biogenesis protein MshG  
MSHA biogenesis protein MshF  
MSHA pilin protein MshB  
MSHA pilin protein MshA

MSHA pilin protein MshC  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshQ  
Rod shape-determining protein MreB  
Rod shape-determining protein MreC  
Rod shape-determining protein MreD  
Septum formation protein Maf  
Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)  
FIG005080: Possible exported protein  
FIG003879: Predicted amidohydrolase  
TldD protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG138315: Putative alpha helix protein  
TldE/PmbA protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
Magnesium transporter  
Phosphocarrier protein, nitrogen regulation associated  
Hypothetical ATP-binding protein UPF0042, contains P-loop  
PTS system nitrogen-specific IIA component, PtsN  
Ribosome hibernation protein YhbH  
RNA polymerase sigma-54 factor RpoN  
Lipopolysaccharide ABC transporter, ATP-binding protein LptB  
LptA, protein essential for LPS transport across the periplasm  
Uncharacterized protein YrbK clustered with lipopolysaccharide transporters  
3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.45)  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
Inner membrane protein YrbG, predicted calcium/sodium:proton antiporter  
Uncharacterized ABC transporter, ATP-binding protein YrbF  
Uncharacterized ABC transporter, permease component YrbE  
Uncharacterized ABC transporter, periplasmic component YrbD  
Uncharacterized ABC transporter, auxiliary component YrbC  
Uncharacterized protein YrbB  
YrbA protein  
UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
Endoribonuclease L-PSP  
Aspartate carbamoyltransferase regulatory chain (PyrI)  
Aspartate carbamoyltransferase (EC 2.1.3.2)  
Ornithine carbamoyltransferase (EC 2.1.3.3)  
Arginine deiminase (EC 3.5.3.6)  
Ribonuclease E inhibitor RraB  
Beta-galactosidase/beta-glucuronidase  
Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)  
DNA polymerase III chi subunit (EC 2.7.7.7)  
Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)  
FIG000988: Predicted permease  
FIG000906: Predicted Permease  
FIG023103: Predicted transmembrane protein

FIG01200394: hypothetical protein  
Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)  
FIG01203051: hypothetical protein  
Substrate-specific component MtsA of methionine-regulated ECF transporter  
Duplicated ATPase component MtsB of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Transmembrane component MtsC of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Transmembrane component MtsC of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
FIG01207056: hypothetical protein  
FIG01202314: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
SanA protein  
FIG01205955: hypothetical protein  
NAD-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.38)  
HrpA-like helicase  
Phospholipase A1 precursor (EC 3.1.1.32, EC 3.1.1.4); Outer membrane phospholipase A  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfG, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c552 precursor (EC 1.7.2.2)  
Cytochrome c-type protein NrfB precursor  
NrfC protein  
NrfD protein  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfE, nitrite reductase complex assembly  
Putative thiol:disulfide oxidoreductase, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfF, nitrite reductase complex assembly  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Putative transcriptional regulator LYSR-type  
Phosphatidylglycerophosphatase B (EC 3.1.3.27)  
Long-chain fatty acid transport protein  
acetyltransferase( EC:2.3.1.- )  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Conserved domain protein  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Cdc6-related protein  
FIG01205344: hypothetical protein  
Putative TEGT family carrier/transport protein  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Glutamate Aspartate periplasmic binding protein precursor GltI (TC 3.A.1.3.4)  
Siroheme synthase / Precorrin-2 oxidase (EC 1.3.1.76) / Sirohydrochlorin ferrochelatase (EC 4.99.1.4)  
2-aminoethylphosphonate uptake and metabolism regulator  
FIG01201442: hypothetical protein  
FIG01203123: hypothetical protein  
L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
FIG01204165: hypothetical protein  
Fe-S protein, homolog of lactate dehydrogenase SO1521  
FIG01206891: hypothetical protein  
Inosine monophosphate dehydrogenase-related protein  
hypothetical protein

Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Uridine phosphorylase (EC 2.4.2.3)  
FIG01203232: hypothetical protein  
FIG01202624: hypothetical protein  
FIG01202313: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
DnaK-related protein  
FIG01200730: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
FIG01199775: hypothetical protein  
L-cystine uptake protein TcyP  
Thiopurine S-methyltransferase (EC 2.1.1.67)  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5); 3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16); Putative UDP-sugar hydrolase  
FIG01203719: hypothetical protein  
RTX toxin, putative  
LSU m5C1962 methyltransferase RlmI  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Acylphosphate phosphohydrolase (EC 3.6.1.7), putative  
tRNA 2-thiouridine synthesizing protein E (EC 2.8.1.-)  
ATP-dependent helicase HrpA  
FIG01204632: hypothetical protein  
Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (EC 6.3.2.6)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutaredoxin  
Predicted polymerase  
FIG01200745: hypothetical protein  
Superfamily II DNA and RNA helicase  
tRNA-(ms<sup>2</sup>io<sup>6</sup>A)-hydroxylase (EC 1.-.-.-)  
FIG01199853: hypothetical protein  
Regulatory protein CysB  
SAM-dependent methyltransferases  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2 (EC 2.1.2.-)  
Amidase  
Cytidine deaminase (EC 3.5.4.5)  
LrgA-associated membrane protein LrgB  
Antiholin-like protein LrgA  
Exodeoxyribonuclease I (EC 3.1.11.1)  
FIG01066610: hypothetical protein  
FIG01067702: hypothetical protein  
FIG01067702: hypothetical protein  
MII2374 protein  
Aquaporin Z  
FIG01207133: hypothetical protein  
FIG01202677: hypothetical protein  
Predicted metal-dependent hydrolase with the TIM-barrel fold  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203143: hypothetical protein

FIG01204216: hypothetical protein  
FIG01205118: hypothetical protein  
DNA helicase IV  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
Maebi  
ABC transporter ATP-binding protein  
heme/hemin ABC transporter, permease protein  
iron(III) ABC transporter, periplasmic iron-binding protein, putative  
Transcriptional regulator, LysR family  
Endoribonuclease L-PSP  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
hypothetical protein  
Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19) ## Zinc-requiring, any residue but Pro  
FIG01206249: hypothetical protein  
FIG01205698: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Sodium/glycine symporter GlyP  
Chromosome segregation ATPase  
MATE efflux family protein  
Extracellular deoxyribonuclease Xds  
ATP-dependent DNA ligase  
Ribose operon repressor  
Ribokinase (EC 2.7.1.15)  
Ribose ABC transport system, periplasmic ribose-binding protein RbsB (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, permease protein RbsC (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, ATP-binding protein RbsA (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, high affinity permease RbsD (TC 3.A.1.2.1)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01202497: hypothetical protein  
FIG01201588: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VF1437  
Predicted membrane protein  
putative lipoprotein  
Inner membrane protein YccF  
putative outer membrane lipoprotein  
probable exported protein YPO3233  
FIG01203279: hypothetical protein  
HTH DNA-binding protein  
FIG01200064: hypothetical protein  
Conserved hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
FIG01205112: hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
probable deca-heme c-type cytochrome  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon

hypothetical protein PA3071  
FIG01201357: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Uncharacterized conserved protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
FOG: TPR repeat protein  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na(+)/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
FIG01200464: hypothetical protein  
Fructosamine kinase family protein, At3g61080 homolog  
Type IIA topoisomerase, B subunit  
Lipoprotein NlpC  
Multidrug efflux pump component MtrF  
Possible sterol desaturase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Superoxide dismutase [Cu-Zn] precursor (EC 1.15.1.1)  
FIG01203274: hypothetical protein  
Outer membrane protein A precursor  
Ig-like repeat domain protein 1  
RNA-binding protein  
Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)  
conserved hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii]; COG2102: Predicted ATPases of PP-loop superfamily; IPR002761: Domain of unknown function  
Outer membrane vitamin B12 receptor BtuB  
tRNA (Uracil54-C5-)-methyltransferase (EC 2.1.1.35)  
ATPase of the AAA+ class  
Unsaturated fatty acid biosynthesis repressor FabR, TetR family  
Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase (EC 1.6.1.1)  
DNA-damage-inducible protein F  
O-methyltransferase-related protein  
SOS-response repressor and protease LexA (EC 3.4.21.88)  
Glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.15)  
4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Chorismate--pyruvate lyase (EC 4.1.3.40)  
Flagellar biosynthesis protein Flil  
GlpG protein (membrane protein of glp regulon)  
Thiosulfate sulfurtransferase GlpE (EC 2.8.1.1)  
RNA polymerase sigma factor RpoH  
RNA polymerase sigma factor RpoH  
Cell division protein FtsX  
Cell division transporter, ATP-binding protein FtsE (TC 3.A.5.1.1)  
Signal recognition particle receptor protein FtsY (=alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
FIG01199926: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01200151: hypothetical protein

FIG01205267: hypothetical protein  
Pantothenate kinase (EC 2.7.1.33)  
Biotin-protein ligase (EC 6.3.4.15) / Biotin operon repressor  
UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)  
Predicted acyltransferase  
CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)  
Probable type IV pilus assembly FimV-related transmembrane protein  
tRNA pseudouridine synthase A( EC:4.2.1.70 )  
hypothetical protein  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)  
Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)  
DedD protein  
bacteriocin production protein  
Amidophosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.14)  
FIG01206476: hypothetical protein  
FIG01205329: hypothetical protein  
Nematicidal protein 2  
hypothetical protein  
FIG01207189: hypothetical protein  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
transcriptional regulator  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) associated with ectoine biosynthesis  
L-ectoine synthase (EC 4.2.1.-)  
Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)  
L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator, MarR family  
Probable hydrogenase cytochrome b-type subunit  
FIG01205518: hypothetical protein  
hypothetical protein  
NifU-related domain containing protein  
FIG01204031: hypothetical protein  
Homoserine/homoserine lactone efflux protein  
Transcriptional regulator  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Transporter, LysE family  
TPR repeat containing protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01202623: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FIG01205872: hypothetical protein  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
Multidrug resistance protein B  
Multidrug resistance protein A  
FIG01206372: hypothetical protein  
FIG01202542: hypothetical protein  
FIG01205722: hypothetical protein  
Outer membrane protein A precursor  
FIG01201942: hypothetical protein

FIG01200631: hypothetical protein  
lipoprotein, putative  
lipoprotein, putative  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
cold shock protein  
FIG01204081: hypothetical protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
ABC transporter permease protein  
FIG01199621: hypothetical protein  
putative periplasmic solute-binding protein [KO:K02055]  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01200559: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Hypothetical membrane protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
RIO1 protein  
Alpha-aspartyl dipeptidase Peptidase E (EC 3.4.13.21)  
possible monoamine oxidase  
FIG01204030: hypothetical protein  
Transporter  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
FIG01203416: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
putative exported protein  
putative exported protein  
FIG01201114: hypothetical protein  
Putative phosphatase  
FIG01205106: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator, MerR family  
N-ethylmaleimide reductase  
Transcriptional regulator  
Putative magnesium transporter MgtE  
Transcriptional regulator, LysR family  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Arylesterase precursor (EC 3.1.1.2)  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
Putative permease precursor  
FIG01204913: hypothetical protein  
Glutaredoxin  
FIG01204588: hypothetical protein  
GGDEF family protein



Sugar transferase SypR involved in lipopolysaccharide synthesis  
Glycosyltransferase SypQ  
Glycosyltransferase SypP  
Polysaccharide biosynthesis chain length regulator SypO  
Glycosyltransferase SypN  
Acetyltransferase SypM  
Membrane protein SypL involved in exopolysaccharide production  
Oligosaccharide translocase SypK  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypJ  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypI  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypH  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator SypG  
Signal transduction histidine kinase SypF  
Response regulator SypE  
Predicted protein SypD  
Periplasmic protein SypC involved in polysaccharide export  
Outer membrane protein SypB  
Anti anti-sigma regulatory factor SypA  
FIG01201909: hypothetical protein  
FIG01205618: hypothetical protein  
FOG: CheY-like receiver  
FIG01200333: hypothetical protein  
ABC transporter protein  
Outer membrane efflux protein  
putative sensory box sensor histidine kinase/response regulator  
HlyD family secretion protein  
RTX toxins and related Ca<sup>2+</sup>-binding proteins  
hypothetical protein  
Response regulator with TPR repeat  
FOG: CheY-like receiver  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
FIG01201541: hypothetical protein  
HPT domain containing protein  
Two component response regulator  
FIG01206620: hypothetical protein  
Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)  
N-acetylneuraminic acid outer membrane channel protein NanC  
Choline-sulfatase (EC 3.1.6.6)  
Transcriptional repressor of aga operon  
Tagatose-6-phosphate kinase AgaZ (EC 2.7.1.144)  
Predicted galactosamine-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.-)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IID component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine- and galactosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase (EC 5.3.1.17)  
2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.125)  
FIG01203436: hypothetical protein

hypothetical protein  
Hyaluronate lyase (EC 4.2.2.1)  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
N-acetylgalactosamine 6-sulfate sulfatase (GALNS)  
FIG01205169: hypothetical protein  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.)  
Tagatose-1,6-bisphosphate aldolase AgaY (EC 4.1.2.-)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
ThiJ/PfpI-family thiamine biogenesis protein  
FIG01205272: hypothetical protein  
Ornithine decarboxylase (EC 4.1.1.17)  
Putrescine/proton symporter, putrescine/ornithine antiporter PotE  
Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase (EC 2.7.1.68)  
transcriptional regulators, LysR family  
possible efflux permease  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
Uncharacterized conserved protein  
Periplasmic hemin-binding protein  
Hemin ABC transporter, permease protein  
ABC-type hemin transport system, ATPase component  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
NADPH-flavin oxidoreductase  
sodium-solute symporter, putative  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
Possible pectin degradation protein  
poly(beta-D-mannuronate) lyase (EC 4.2.2.3)  
poly(beta-D-mannuronate) lyase (EC 4.2.2.3)  
2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)  
hypothetical protein  
Alginate lyase precursor (EC 4.2.2.3)  
Macrolide-specific efflux protein MacA  
Macrolide export ATP-binding/permease protein MacB (EC 3.6.3.-)  
COG0642: Signal transduction histidine kinase  
two component transcriptional regulator, winged helix family  
Na<sup>+</sup> driven multidrug efflux pump  
Transcriptional regulator, GntR family  
Transcriptional regulator, GntR family  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
hypothetical protein  
probable exported protein YPO3473  
putative transporter  
putative transporter  
FIG01204459: hypothetical protein  
LysR-family transcriptional regulator VCA0830  
6-phospho-beta-glucosidase ascB (EC 3.2.1.86)  
PTS system, arbutin-, cellobiose-, and salicin-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)

4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
Gluconokinase (EC 2.7.1.12)  
Phosphogluconate dehydratase (EC 4.2.1.12)  
Gluconate utilization system Gnt-I transcriptional repressor  
radical activating enzyme  
FIG01204995: hypothetical protein  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
Putative membrane protein  
Putative hydrolase of the HAD superfamily  
FIG01203747: hypothetical protein  
Hcp  
VgrG protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Fructose repressor FruR, LacI family  
Fructose-specific phosphocarrier protein HPr (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
1-phosphofructokinase (EC 2.7.1.56)  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
FIG01204564: hypothetical protein  
Lysine exporter protein (LYSE/YGGA) precursor  
CbbY family protein  
N-Acetylneuraminase cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01206903: hypothetical protein  
FIG01201133: hypothetical protein  
Phospholipid-binding protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases  
membrane protein  
FIG01204443: hypothetical protein  
FIG01205745: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Transcriptional activator protein LuxR  
Autoinducer synthesis protein LuxI  
LuxC, acyl-CoA reductase (EC 1.2.1.50)  
LuxD, acyl transferase (EC 2.3.1.-)  
LuxA, luciferase alpha chain (EC 1.14.14.3)  
LuxB, luciferase beta chain (EC 1.14.14.3)  
LuxE, long-chain-fatty-acid ligase (EC 6.2.1.19)  
LuxG, NAD(P)H-dependent FMN reductase (EC 1.5.1.29)  
dCMP deaminase (EC 3.5.4.12)  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Acetyltransferase  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
putative ABC transporter  
ABC transporter ATP-binding protein

Transcriptional regulator, LysR family  
NAD(P)H oxidoreductase YRKL (EC 1.6.99.-) @ Putative NADPH-quinone reductase (modulator of drug activity B) @ Flavodoxin 2  
Regulatory protein recX  
FIG01202843: hypothetical protein  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
RND efflux system, membrane fusion protein CmeA  
BatD  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
FIG01203314: hypothetical protein  
hypothetical protein PA3071  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
FIG01202394: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Multidrug resistance efflux pump  
Permease of the major facilitator superfamily  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01201685: hypothetical protein  
FIG002337: predicted inner membrane protein  
FIG01200664: hypothetical protein  
FIG005274: hypothetical protein  
Cellulose synthase, putative  
Cellulose synthase catalytic subunit [UDP-forming] (EC 2.4.1.12)  
Cyclic di-GMP binding protein precursor  
Endoglucanase precursor (EC 3.2.1.4)  
Cellulose synthase operon protein C  
Cellulose synthase operon protein C  
NADH oxidoreductase hcr (EC 1.-.-.-)  
Hydroxylamine reductase (EC 1.7.-.-)  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
FIG01203590: hypothetical protein  
Transcriptional activator ToxR  
FIG01204639: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Arsenical-resistance protein ACR3  
putative regulatory protein, ArsR family  
FIG01204568: hypothetical protein  
FIG01203538: hypothetical protein  
5'-nucleotidase surE (EC 3.1.3.5)  
FIG01206627: hypothetical protein  
Zinc carboxypeptidase domain protein  
Aspartate aminotransferase (AspB-4) (EC 2.6.1.1)  
Transcriptional regulator, AraC family  
RarD protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Predicted manganese transporter, 11 TMS  
Succinylarginine dihydrolase (EC 3.5.3.23)

Serine/threonine protein kinase  
FIG01203213: hypothetical protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
hypothetical protein  
Outer membrane lipoprotein blc precursor  
Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (EC 1.1.1.34)  
Biosynthetic arginine decarboxylase (EC 4.1.1.19)  
Agmatinase (EC 3.5.3.11)  
FIG01199747: hypothetical protein  
FIG01205069: hypothetical protein  
Oxidoreductase Tas, aldo/keto reductase family  
YbbM seven transmembrane helix protein  
Nitrate/nitrite response regulator protein  
FIG01206601: hypothetical protein  
P pilus assembly protein, chaperone PapD  
P pilus assembly protein, porin PapC  
FIG01202795: hypothetical protein  
FIG01199771: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Proline dehydrogenase (EC 1.5.99.8) (Proline oxidase) / Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (EC 1.5.1.12)  
Delta 1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase domain protein  
Proline/sodium symporter PutP (TC 2.A.21.2.1) @ Propionate/sodium symporter  
Glutaredoxin  
Catechol siderophore ABC transporter, substrate-binding protein  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, ATP-binding component  
Utilization protein for unknown catechol-siderophore X  
FIG01201883: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Putative membrane protein  
Copper metallochaperone, bacterial analog of Cox17 protein  
Cytochrome oxidase biogenesis protein Sco1/SenC/PrrC, putative copper metallochaperone  
FIG01204187: hypothetical protein  
DNA-3-methyladenine glycosylase (EC 3.2.2.20)  
FIG01203975: hypothetical protein  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
membrane protein  
Transcriptional activator of maltose regulon, MalT  
Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)  
4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)  
1,4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme, GH-13-type (EC 2.4.1.18)  
FIG01203631: hypothetical protein  
Glucose-1-phosphate adenyltransferase (EC 2.7.7.27)  
Glycogen synthase, ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)  
conserved hypothetical membrane protein  
Sodium/dicarboxylate symporter  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)

hypothetical protein

Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)

Maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein MalK (EC 3.6.3.19)

Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE

Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF

Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG

diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor

Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation

Acetate kinase (EC 2.7.2.1)

Transcriptional regulator, AraC family

Acetyltransferase, GNAT family

Transcriptional regulator

Acetyltransferase

Lactoylglutathione lyase

FIG01203210: hypothetical protein

Multidrug resistance protein D

Transcriptional regulator, AraC family

ABC transporter ATP-binding protein uup

PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.68)

TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase

MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein

Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB

Biopolymer transport protein ExbD/TolR

Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB

TPR domain protein, putative component of TonB system

putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family

FIG01201562: hypothetical protein

Putative threonine efflux protein

Transcriptional regulator

Multidrug resistance protein D

FIG010427: hypothetical protein

CBSS-345074.3.peg.1627: Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)

Cytochrome c553

RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily

Transcriptional activator ChrR

FIG002994: Putative transcriptional regulator

Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family (EC 1.1.1.-)

COG2907: Amine oxidase, flavin-containing

FIG001571: Hypothetical protein

S-adenosyl-L-methionine dependent methyltransferase, similar to cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase

FIG033155: Hypothetical protein

FIG026291: Hypothetical periplasmic protein

FIG002577: Putative lipoprotein precursor

hypothetical protein

Prevent host death protein, Phd antitoxin

Death on curing protein, Doc toxin

Uncharacterized iron-regulated protein

FIG01202701: hypothetical protein

FIG01201504: hypothetical protein

Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)  
Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)  
COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA  
Transcriptional repressor protein TyrR  
Ribosomal-protein-S5p-alanine acetyltransferase  
FIG01205610: hypothetical protein  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
Biotin synthase (EC 2.8.1.6)  
8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47)  
Biotin synthesis protein bioC  
Dethiobiotin synthetase (EC 6.3.3.3)  
Transcriptional regulator  
Multidrug resistance efflux pump  
Permease of the major facilitator superfamily  
Anthranilate phosphoribosyltransferase  
Hypothetical Zinc-finger containing protein  
Histone acetyltransferase HPA2  
FIG01199999: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
FIG01201095: hypothetical protein  
FIG01201672: hypothetical protein  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
Response regulator  
Choloylglycine hydrolase family  
Choloylglycine hydrolase (EC 3.5.1.24)  
transcriptional regulator, AraC family  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Uncharacterized paraquat-inducible protein B  
4-hydroxybutyrate coenzyme A transferase  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Oligo-1,6-glucosidase (EC 3.2.1.10)  
Transcriptional regulator  
Permease of the major facilitator superfamily  
Predicted acetyltransferase  
Type III effector HopPmaJ  
Possible MocA-family oxidoreductase  
Choloylglycine hydrolase family  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
FIG01205331: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01202748: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01200990: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein

FIG01202748: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
ClpB protein  
Hcp  
VgrG protein  
FIG01199591: hypothetical protein  
FIG01200267: hypothetical protein  
pentapeptide repeat family protein  
FIG01200163: hypothetical protein  
Serine/threonine protein kinase  
Uncharacterized protein ImpA  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
Transcriptional regulator, AsnC family  
lcmF-related protein  
Uncharacterized protein ImpA  
Uncharacterized protein ImpA  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
FIG01200584: hypothetical protein  
FIG01204867: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00922747: hypothetical protein  
conserved domain protein  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein Impl/VasC  
FIG01199688: hypothetical protein  
putative patatin-like phospholipase  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Putative PTS system, nitrogen regulatory IIA component  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
Transcriptional regulator, AraC family  
Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FOG: EAL domain  
Glycine dehydrogenase [decarboxylating] (glycine cleavage system P protein) (EC 1.4.4.2)  
Glycine cleavage system H protein  
Predicted transcriptional regulator  
Aminomethyltransferase (glycine cleavage system T protein) (EC 2.1.2.10)  
hypothetical protein  
Acyl dehydratase  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiC (EC 5.2.1.8)



RTX toxin, putative  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase (EC 1.4.3.5)  
Hypothetical lysR-family transcriptional regulator YdhB  
Putative transport protein  
Predicted polymerase  
ATP-dependent DNA helicase, RecQ family  
Hypothetical protein YaeJ with similarity to translation release factor  
FIG01199726: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.51)  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
Transcriptional regulator, LysR family  
Predicted hydrolase  
Carbamate kinase (EC 2.7.2.2)  
FIG01199711: hypothetical protein  
FIG01204067: hypothetical protein  
FIG01200481: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein  
FIG01203644: hypothetical protein  
FIG01206754: hypothetical protein  
FIG01204660: hypothetical protein  
FIG01202913: hypothetical protein  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
hypothetical protein  
Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)  
Pyruvate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.1)  
Transcriptional repressor for pyruvate dehydrogenase complex  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28) AmpD  
Quinolinate phosphoribosyltransferase [decarboxylating] (EC 2.4.2.19)  
Type IV pilin PilA  
Type IV fimbrial assembly, ATPase PilB  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Leader peptidase (Prepilin peptidase) (EC 3.4.23.43) / N-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)  
FIG002842: hypothetical protein  
FIG003276: zinc-binding protein  
Mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoguanine-triphosphatase) (EC 3.6.1.-)  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
FIG006972: hypothetical protein  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)  
Cell division protein FtsZ (EC 3.4.24.-)  
Cell division protein FtsA  
Cell division protein FtsQ  
UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)  
UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)

Cell division protein FtsW  
UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)  
Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
Cell division protein FtsL  
rRNA small subunit methyltransferase H  
rRNA small subunit methyltransferase I  
LppC putative lipoprotein  
Predicted endonuclease distantly related to archaeal Holliday junction resolvase  
Phosphoheptose isomerase (EC 5.3.1.-)  
21 kDa hemolysin precursor  
Stringent starvation protein B  
Stringent starvation protein A  
ubiquinol cytochrome C oxidoreductase, cytochrome C1 subunit  
Ubiquinol--cytochrome c reductase, cytochrome B subunit (EC 1.10.2.2)  
Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit (EC 1.10.2.2)  
SSU ribosomal protein S9p (S16e)  
LSU ribosomal protein L13p (L13Ae)  
ATPase, AFG1 family  
Putative cytochrome d ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-) (Cytochrome bd-I oxidase subunit III)  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Outer membrane stress sensor protease DegS  
Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)  
Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)  
Putative esterase, FIGfam005057  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Putative cytoplasmic protein  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
Type I secretion outer membrane protein, TolC precursor  
ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase  
Glutamate-ammonia-ligase adenyltransferase (EC 2.7.7.42)  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
cAMP-dependent Kef-type K<sup>+</sup> transport system  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)  
Probable low-affinity inorganic phosphate transporter  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
General secretion pathway protein B  
General secretion pathway protein A  
tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)  
Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Dihydroneopterin aldolase (EC 4.1.2.25)  
Acyl-phosphate:glycerol-3-phosphate O-acyltransferase PlsY  
YgjD/Kae1/Qri7 family, required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA  
SSU ribosomal protein S21p  
Transamidase GatB domain protein

DNA primase (EC 2.7.7.-)  
RNA polymerase sigma factor RpoD  
hypothetical protein  
Outer membrane protein  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
FIG01202021: hypothetical protein  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Transcriptional regulator LuxZ  
FIG01200857: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
Cystathionine gamma-synthase (EC 2.5.1.48)  
Methionine repressor MetJ  
Glycosidase  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Maltose operon periplasmic protein MalM  
NADP-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.40)  
LSU ribosomal protein L31p  
Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication  
Transcriptional (co)regulator CytR  
Cell division protein FtsN  
ATP-dependent protease HslV (EC 3.4.25.-)  
ATP-dependent hsl protease ATP-binding subunit HslU  
OsmC/Ohr family protein  
Cyclic AMP receptor protein  
FIG008480: hypothetical protein  
Succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.71)  
Arginine N-succinyltransferase (EC 2.3.1.109)  
Acetylornithine aminotransferase (EC 2.6.1.11) / N-succinyl-L,L-diaminopimelate aminotransferase (EC 2.6.1.17) / Succinylornithine transaminase  
Para-aminobenzoate synthase, amidotransferase component (EC 2.6.1.85)  
tryptophanyl-tRNA synthetase( EC:6.1.1.2 )  
Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)  
Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)  
Methyl-directed repair DNA adenine methylase (EC 2.1.1.72)  
DamX, an inner membrane protein involved in bile resistance  
3-dehydroquinate synthase (EC 4.2.3.4)  
Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71)  
Type IV pilus biogenesis protein PilQ  
Type IV pilus biogenesis protein PilP  
Type IV pilus biogenesis protein PilO  
Type IV pilus biogenesis protein PilN  
Type IV pilus biogenesis protein PilM  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Peroxiredoxin family protein/glutaredoxin

Dihydrolipoamide dehydrogenase (EC 1.8.1.4)  
hypothetical protein  
Argininosuccinate lyase (EC 4.3.2.1) / N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
Argininosuccinate synthase (EC 6.3.4.5)  
Acetylglutamate kinase (EC 2.7.2.8)  
N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase (EC 1.2.1.38)  
Acetylorbitine deacetylase (EC 3.5.1.16)  
Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31)  
5,10-methylenetetrahydrofolate reductase (EC 1.5.1.20)  
LSU ribosomal protein L9p  
SSU ribosomal protein S18p  
Primosomal replication protein N  
SSU ribosomal protein S6p  
23S rRNA (guanosine-2'-O)-methyltransferase rlmB (EC 2.1.1.-)  
3'-5' exoribonuclease RNase R  
Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR  
Flavo-hemoprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavo-hemoglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)  
Sodium-type polar flagellar protein motX  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Putative inner membrane protein YjeT (clustered with HflC)  
HflC protein  
HflK protein  
GTP-binding protein HflX  
RNA-binding protein Hfq  
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (EC 2.5.1.8)  
DNA mismatch repair protein MutL  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)  
ATPase YjeE, predicted to have essential role in cell wall biosynthesis  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)  
Excinuclease ABC subunit C  
BarA-associated response regulator UvrY (= GacA = SirA)  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
FIG01206069: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
DNA-binding protein H-NS  
MltA-interacting protein precursor  
Transcriptional regulator for fatty acid degradation FadR, GntR family  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaB  
Periplasmic thiol:disulfide oxidoreductase DsbB, required for DsbA reoxidation  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
MSHA pilin protein MshB BUT NOT  
tRNA-dihydrouridine synthase C (EC 1.-.-.-)  
GGDEF family protein  
FIG01203224: hypothetical protein  
DNA topoisomerase III (EC 5.99.1.2)  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Protease IV (EC 3.4.21.-)

L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Nucleoid-associated protein NdpA  
FIG002927: hypothetical protein  
FIG001881: hydrolase of alkaline phosphatase superfamily  
FIG01199686: hypothetical protein  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
COG1242: Predicted Fe-S oxidoreductase  
Aerobic respiration control sensor protein arcB (EC 2.7.3.-)  
FIG01199712: hypothetical protein  
Aerobic respiration control protein arcA  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
Homoserine kinase (EC 2.7.1.39)  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Endonuclease IV (EC 3.1.21.2)  
Uracil-DNA glycosylase, family 1  
FIG01200137: hypothetical protein  
FIG01200900: hypothetical protein  
FIG01204643: hypothetical protein  
Sodium/alanine symporter  
UPF0246 protein YaaA  
small-conductance mechanosensitive channel  
Protein of unknown function DUF541  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)  
5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (EC 6.3.3.2)  
Z-ring-associated protein ZapA  
FIG001590: Putative conserved exported protein precursor  
2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
FIG01199594: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Folate-dependent protein for Fe/S cluster synthesis/repair in oxidative stress  
YgfY COG2938  
FIG01203022: hypothetical protein  
L-aspartate oxidase (EC 1.4.3.16)  
RNA polymerase sigma factor RpoE  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseA  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseB precursor  
Sigma factor RpoE regulatory protein RseC  
Translation elongation factor LepA  
Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)  
Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)  
GTP-binding protein Era

DNA recombination and repair protein RecO  
Pyridoxine 5-phosphate synthase (EC 2.6.99.2)  
Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)  
BarA sensory histidine kinase (= VarS = GacS)  
23S rRNA (Uracil-5-) -methyltransferase RnaA (EC 2.1.1.-)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase I  
Flagellin protein FlaD  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
CTP synthase (EC 6.3.4.2)  
Enolase (EC 4.2.1.11)  
Cell division protein FtsB  
2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)  
2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)  
tRNA pseudouridine 13 synthase (EC 4.2.1.-)  
5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)  
Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)  
Lipoprotein NlpD  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
Arabinose efflux permease  
nucleoside permease NupC  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Homoserine O-succinyltransferase (EC 2.3.1.46)  
CoA-disulfide reductase (EC 1.8.1.14)  
Predicted transporter component  
Predicted transporter component  
Transcriptional activator of cad operon  
Electron transport complex protein RnfA  
Electron transport complex protein RnfB  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
Erythronate-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.290)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)  
5-methylaminomethyl-2-thiouridine-forming enzyme mnmC  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase B (EC 3.2.1.-)  
Protein YcgL  
Septum site-determining protein MinC  
Septum site-determining protein MinD  
Cell division topological specificity factor MinE  
Ribonuclease D (EC 3.1.26.3)  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Predicted hydrolase/acyltransferase  
Starvation lipoprotein Slp paralog  
Chromosome segregation ATPase  
Inactive homolog of metal-dependent proteases, putative molecular chaperone  
DinG family ATP-dependent helicase YoaA  
Formyltetrahydrofolate deformylase (EC 3.5.1.10)  
Beta-ketoadipate enol-lactone hydrolase, putative  
Transcriptional regulator, AraC family

Putative membrane protein  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8) (CBL) (Beta-cystathionase) (Cysteine lyase) / Maltose regulon modulator  
PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Maltose regulon regulatory protein Mall (repressor for malXY)  
protein of unknown function UPF0057  
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)  
Transcriptional activator MetR  
FIG01202734: hypothetical protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
FIG01206798: hypothetical protein  
Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1) ## cluster 1  
FIG01202726: hypothetical protein  
FIG01204550: hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
hypothetical protein  
Probable glutathione S-transferase  
PTS system, glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
Putative deoxyribonuclease YcfH  
DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)  
Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)  
FIG004453: protein YceG like  
Aminodeoxychorismate lyase (EC 4.1.3.38)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)  
Acyl carrier protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)  
Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX  
LSU ribosomal protein L32p  
COG1399 protein, clustered with ribosomal protein L32p  
FIG146278: Maf/YceF/YhdE family protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi955, Psi2504 and Psi2580  
Ribonuclease E (EC 3.1.26.12)  
Sulfate permease  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
AsmA protein  
Uridine kinase (EC 2.7.1.48) [C1]  
Scaffold protein for [4Fe-4S] cluster assembly ApbC, MRP-like  
Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)  
Orotidine 5-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)  
Heat shock (predicted periplasmic) protein YciM, precursor  
Inner membrane protein yciS  
Integration host factor beta subunit  
SSU ribosomal protein S1p  
Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)  
5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
Translation initiation factor 1

ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA  
ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS  
Cold shock protein CspD  
FIG01200399: hypothetical protein  
Selenoprotein O and cysteine-containing homologs  
Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)  
Serine protein kinase (prkA protein), P-loop containing  
FIG002076: hypothetical protein  
FIG004684: SpoVR-like protein  
Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42); Monomeric isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2457  
FIG01201039: hypothetical protein  
FIG01206234: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative cytoplasmic protein  
Ferredoxin--NAD(+) reductase (EC 1.18.1.2)  
Nitric oxide reductase FIRd-NAD(+) reductase (EC 1.18.1.-)  
Anaerobic nitric oxide reductase flavorubredoxin  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)  
FIG002903: a protein of unknown function perhaps involved in purine metabolism  
Adenylosuccinate lyase (EC 4.3.2.2)  
FIG01200967: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
ATP-dependent RNA helicase VC1407  
SERINE PROTEASE (EC 3.4.21.-)  
YbaK family protein  
Formate--tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3)  
UPF0304 protein yfbU  
Outer membrane protein C precursor  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase A (EC 2.1.1.51)  
FIG01203692: hypothetical protein  
H(+)/Cl(-) exchange transporter ClcA  
Lipid A biosynthesis (KDO) 2-(lauroyl)-lipid IVA acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Histidine triad family protein  
FIG01203718: hypothetical protein  
Putative transporting ATPase  
membrane protein  
FIG01199593: hypothetical protein  
Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)  
FIG01204137: hypothetical protein  
Ribosomal protein L3 methyltransferase  
FIG001674: hypothetical protein  
Phosphohistidine phosphatase SixA  
Protease III precursor (EC 3.4.24.55)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
hypothetical protein  
Long-chain fatty acid transport protein



Long-chain fatty acid transport protein  
Predicted membrane protein  
Lipoprotein  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmH  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmL  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmG/DsbE, thiol:disulfide oxidoreductase  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmF  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE, heme chaperone  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmD, interacts with CcmCE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmC, putative heme lyase for CcmE  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, CcmB subunit  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, ATPase component CcmA  
ATPase involved in DNA repair  
Positive regulator of CheA protein activity (CheW)  
CheW domain protein  
SOJ-like and chromosome partitioning protein  
Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase CheB (EC 3.1.1.61)  
Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis response - phosphatase CheZ  
Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY  
RNA polymerase sigma factor for flagellar operon  
Flagellar synthesis regulator FleN  
Flagellar biosynthesis protein FlhF  
Flagellar biosynthesis protein FlhA  
FIG01201046: hypothetical protein  
Flagellar biosynthesis protein FlhB  
Flagellar biosynthesis protein FliR  
Flagellar biosynthesis protein FliQ  
Flagellar biosynthesis protein FliP  
Flagellar biosynthesis protein FliO  
Flagellar motor switch protein FliN  
Flagellar motor switch protein FliM  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar protein FliJ  
Flagellum-specific ATP synthase FliI  
Flagellar assembly protein FliH  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar M-ring protein FliF  
Flagellar hook-basal body complex protein FliE  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar sensor histidine kinase FleS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar biosynthesis protein FliS  
Flagellar rod protein flal  
Flagellar hook-associated protein FliD  
Flagellin protein FlaG  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD

Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaF  
FIG01202583: hypothetical protein  
Flagellin protein FlaC  
Flagellar hook-associated protein FlgL  
Flagellar hook-associated protein FlgK  
hypothetical protein  
Flagellar protein FlgJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)  
Flagellar P-ring protein FlgI  
Flagellar L-ring protein FlgH  
Flagellar basal-body rod protein FlgG  
Flagellar basal-body rod protein FlgF  
Flagellar hook protein FlgE  
Flagellar basal-body rod modification protein FlgD  
Flagellar basal-body rod protein FlgC  
Flagellar basal-body rod protein FlgB  
Chemotaxis protein methyltransferase CheR (EC 2.1.1.80)  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA  
Negative regulator of flagellin synthesis FlgM  
Flagellar biosynthesis protein FlgN  
Flagellar protein FlgP  
Flagellar protein FlgO  
Flagellar protein FlgT  
GGDEF family protein  
FIG01202702: hypothetical protein  
glutamyl-tRNA synthetase( EC:6.1.1.17 )  
VvgS protein  
Outer membrane porin protein  
Outer membrane porin protein  
DNA ligase (EC 6.5.1.2)  
Cell division protein ZipA  
Sulfate transporter, CysZ-type  
Cysteine synthase (EC 2.5.1.47)  
Phosphocarrier protein of PTS system  
Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)  
PTS system, glucose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Predicted iron-dependent peroxidase  
FIG01203178: hypothetical protein  
membrane protein  
FIG01202431: hypothetical protein  
FIG01200212: hypothetical protein  
Cytochrome c-type protein NapC  
Nitrate reductase cytochrome c550-type subunit  
Periplasmic nitrate reductase precursor (EC 1.7.99.4)  
Periplasmic nitrate reductase component NapD  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Nitrate/nitrite sensor protein (EC 2.7.3.-)  
Nitrate/nitrite response regulator protein

putative outer membrane lipoprotein  
FIG01199732: hypothetical protein  
Uropathogenic specific protein  
FIG138056: a glutathione-dependent thiol reductase  
N-succinyl-L,L-diaminopimelate desuccinylase (EC 3.5.1.18)  
FIG009095: D,D-carboxypeptidase family protein  
FIG01201208: hypothetical protein  
Outer membrane protein NlpB, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and YfgL); Lipoprotein  
Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)  
Glycine cleavage system transcriptional antiactivator GcvR  
Thiol peroxidase, Bcp-type (EC 1.11.1.15)  
Putative permease PerM (= YfgO)  
FIG028274: hypothetical protein  
Exported zinc metalloprotease YfgC precursor  
Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)  
FIG01201104: hypothetical protein  
FIG01200261: hypothetical protein  
Uracil permease  
Uracil phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.9)  
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (EC 6.3.3.1)  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase (EC 2.1.2.2)  
Predicted glutamine amidotransferase  
Phosphoheptose isomerase 1 (EC 5.3.1.-)  
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific (EC 1.3.99.2)  
FIG01204797: hypothetical protein  
FIG004599: Hypothetical protein  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribonuclease HI (EC 3.1.26.4)  
FIG005121: SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG01199992: hypothetical protein  
FIG01199556: hypothetical protein  
Nitrogen regulatory protein P-II  
Cytochrome c553  
tRNA(Ile)-lysine synthetase  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribonuclease HII (EC 3.1.26.4)  
Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)  
Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)  
(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Outer membrane chaperone Skp (OmpH) precursor @ Outer membrane protein H precursor  
Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor  
Membrane-associated zinc metalloprotease  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)  
Phosphatidate cytidyltransferase (EC 2.7.7.41)  
Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)

Ribosome recycling factor  
Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)  
Translation elongation factor Ts  
SSU ribosomal protein S2p (SAe)  
Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)  
[Protein-PII] uridylyltransferase (EC 2.7.7.59)  
UPF0325 protein yaeH  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)  
tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)  
S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)  
Putative acetoin utilization protein AcuB  
Isocitrate lyase (EC 4.1.3.1)  
Malate synthase (EC 2.3.3.9)  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Alkyl hydroperoxide reductase subunit C-like protein  
hypothetical protein  
Cytoplasmic copper homeostasis protein cutC  
Protein YgiW precursor  
Accessory colonization factor AcfA  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01200334: hypothetical protein  
Uncharacterized low-complexity protein  
Phosphate transport system regulatory protein PhoU  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)  
Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)  
DNA recombination-dependent growth factor C  
Putative protease  
4Fe-4S ferredoxin, iron-sulfur binding  
FIG01200084: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaJ  
Chaperone protein DnaK  
FIG01207231: hypothetical protein  
Heat shock protein GrpE  
NAD kinase (EC 2.7.1.23)  
DNA repair protein RecN  
Outer membrane lipoprotein SmpA, a component of the essential YaeT outer-membrane protein assembly complex  
UPF0125 protein yjfF  
Putative oligoketide cyclase/lipid transport protein, similarity with yeast ubiquinone-binding protein YOL008W  
tmRNA-binding protein SmpB  
Transposase and inactivated derivatives  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase F (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2604  
FIG01204131: hypothetical protein  
ATPase involved in DNA repair

Functional role page for TorCAD operon transcriptional regulatory protein TorR  
Functional role page for Chaperone protein TorD  
Purine nucleotide synthesis repressor  
hypothetical protein  
Positive regulator of competence TfoX  
FIG01200141: hypothetical protein  
Predicted methylated DNA-protein cysteine methyltransferase  
Lipoprotein-related protein  
Acyl-CoA thioesterase II (EC 3.1.2.-)  
Putative HTH-type transcriptional regulator ybaO  
Cysteine synthase B (EC 2.5.1.47)  
Queuosine Biosynthesis QueC ATPase  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
hypothetical protein  
putative; ORF located using Glimmer/Genemark  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage-related protein  
putative phage tail protein  
putative phage R protein  
FIG01204743: hypothetical protein  
tail sheath protein  
hypothetical protein  
FIG01200780: hypothetical protein  
FIG01202682: hypothetical protein  
FIG01201446: hypothetical protein  
Phage major capsid protein  
Phage capsid scaffolding protein  
Phage terminase, ATPase subunit  
Phage-related capsid packaging protein  
hypothetical protein  
FIG00370302: hypothetical protein  
L-alanyl-D-glutamate peptidase( EC:3.4.- )  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Tail fiber protein  
hypothetical protein  
Phage FluMu protein gp47  
Phage FluMu protein gp46  
hypothetical protein  
Prophage MuSo2, baseplate assembly protein V  
putative phage tail protein  
FIG01199867: hypothetical protein  
FIG01205923: hypothetical protein  
FIG01206123: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
orf7

hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage regulatory protein like CII  
hypothetical protein  
putative transcriptional regulator  
FIG01202278: hypothetical protein  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
Probable bacteriophage integrase  
phage integrase  
Exodeoxyribonuclease III (EC 3.1.11.2)  
Glutaredoxin 2  
FIG00278448: hypothetical protein  
Histidine ABC transporter, permease protein HisM (TC 3.A.1.3.1)  
Arginine/ornithine ABC transporter, permease protein AotQ  
Lysine-arginine-ornithine-binding periplasmic protein precursor (TC 3.A.1.3.1)  
Arginine/ornithine ABC transporter, ATP-binding protein AotP  
FIG01200042: hypothetical protein  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Pyruvate formate-lyase activating enzyme (EC 1.97.1.4)  
FIG01202189: hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Thymidine kinase (EC 2.7.1.21)  
Cysteinyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-)  
Predicted signal transduction protein  
GTG start codon  
Putative sodium-dependent transporter  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 1  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeB  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
FIG01203756: hypothetical protein  
putative secreted protein  
MSHA pilin protein MshB  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Sensor protein torS (EC 2.7.3.-)  
Periplasmic protein torT precursor  
Methylglyoxal synthase (EC 4.2.3.3)  
DNA helicase IV

membrane protein  
Glycine cleavage system regulatory protein  
Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)  
Transcription antitermination protein NusG  
LSU ribosomal protein L11p (L12e)  
LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)  
LSU ribosomal protein L10p (P0)  
LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
CsgA-like protein  
Minor curlin subunit CsgB, nucleation component of curlin monomers  
Transcriptional regulator CsgD for 2nd curli operon  
Curli production assembly/transport component CsgE  
Curli production assembly/transport component CsgF  
Curli production assembly/transport component CsgG  
Regulator of sigma D  
NADH pyrophosphatase (EC 3.6.1.22)  
Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)  
FIG01204565: hypothetical protein  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
FIG01200171: hypothetical protein  
CBS-domain containing protein  
DNA-binding protein HU-alpha  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)  
Phosphoribosylamine--glycine ligase (EC 6.3.4.13)  
IMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.10) / Phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase (EC 2.1.2.3)  
zinc-responsive transcriptional regulator  
FIG01205880: hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA-binding protein Fis  
tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.-)  
Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)  
Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase  
3-dehydroquinate dehydratase II (EC 4.2.1.10)  
Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein  
Probable 3-phenylpropionic acid transporter  
Sensor histidine kinase  
Probable L-ascorbate-6-phosphate lactonase UlaG (EC 3.1.1.-) (L-ascorbate utilization protein G)  
Ascorbate utilization transcriptional regulator UlaR, HTH-type  
Ascorbate-specific PTS system, EIIC component  
Ascorbate-specific PTS system, EIIA component (EC 2.7.1.-)  
L-ribulose-5-phosphate 4-epimerase (EC 5.1.3.4)  
Hydrolase (HAD superfamily)  
3-keto-L-gulonate 6-phosphate decarboxylase  
L-xylulose 5-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.-)

hypothetical protein  
Acetate permease ActP (cation/acetate symporter)  
FIG01200114: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
Transcriptional regulator, LuxR family  
Transcriptional regulator of glmS gene, DeoR family  
Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
Outer membrane protein/protective antigen OMA87  
hypothetical protein-signal peptide prediction  
transcriptional regulators, LysR family protein  
Transcriptional regulator, ArsR family  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Predicted protein-tyrosine phosphatase  
Permease of the major facilitator superfamily  
Glucosamine-6-phosphate deaminase (EC 3.5.99.6)  
Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD, protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)  
Universal stress protein family 8  
C4-dicarboxylate transporter DcuA  
Aspartate ammonia-lyase (EC 4.3.1.1)  
FxsA protein  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
FIG136845: Rhodanese-related sulfurtransferase  
Protein export cytoplasm chaperone protein (SecB, maintains protein to be exported in unfolded state)  
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+] (EC 1.1.1.94)  
Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)  
tRNA (cytosine34-2'-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Copper sensory histidine kinase CpxA  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
P pilus assembly/Cpx signaling pathway, periplasmic inhibitor/zinc- resistance associated protein  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
6-phosphofructokinase (EC 2.7.1.11)  
Lysine 2,3-aminomutase (EC 5.4.3.2)  
Translation elongation factor P  
Fumarate reductase subunit D  
Fumarate reductase subunit C  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Lysyl-tRNA synthetase-related protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)  
Ribosome small subunit-stimulated GTPase EngC  
3'-to-5' oligoribonuclease (orn)  
5'-methylthioadenosine nucleosidase (EC 3.2.2.16) / S-adenosylhomocysteine nucleosidase (EC 3.2.2.9)  
Adenosylcobinamide-phosphate synthase  
Putative inner membrane protein  
membrane protein  
Putative multidrug resistance protein  
Membrane-fusion protein



probable iron binding protein from the HesB\_IscA\_SufA family  
Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)  
Predicted permease  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Chitin catabolic cascade sensor histidine kinase ChiS  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 2  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 2  
Glucosamine-link cellobiase (EC 3.2.1.21)  
Glucosamine kinase GpsK (EC 2.7.1.8)  
Beta-N-acetylhexosaminidase, (GlcNAc)<sub>2</sub> catabolism  
Chitobiose phosphorylase (EC 2.4.1.-)  
GlcNAc phosphomutase (EC 5.4.2.3)  
Ferric iron ABC transporter, ATP-binding protein  
Ferric iron ABC transporter, permease protein  
Ferric iron ABC transporter, iron-binding protein  
Ammonium transporter  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01200734: hypothetical protein  
Sugar diacid utilization regulator SdaR  
D-glycerate transporter (predicted)  
Glycerate kinase (EC 2.7.1.31)  
Aconitate hydratase (EC 4.2.1.3)  
putative patatin-like phospholipase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Orfc668-3  
hypothetical protein  
nucleoid-associated protein, putative  
hypothetical protein  
Orfc668-3  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00352295: hypothetical protein  
Phenazine biosynthesis protein PhzF like  
Acetyltransferase, GNAT family (EC 2.3.1.-)  
FIG01202905: hypothetical protein  
FIG00786826: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01199573: hypothetical protein  
FIG01205384: hypothetical protein  
ATP-dependent DNA helicase RecG (EC 3.6.1.-)  
Thioredoxin  
3'-5'-bisphosphate nucleotidase (EC 3.1.3.7)  
ADP compounds hydrolase NudE (EC 3.6.1.-)  
General secretion pathway protein N

General secretion pathway protein M  
General secretion pathway protein L  
General secretion pathway protein K  
General secretion pathway protein J  
General secretion pathway protein I  
General secretion pathway protein H  
General secretion pathway protein G  
General secretion pathway protein F  
General secretion pathway protein E  
General secretion pathway protein D  
General secretion pathway protein C  
Ribosome-associated heat shock protein implicated in the recycling of the 50S subunit (S4 paralog)  
33 kDa chaperonin (Heat shock protein 33) (HSP33)  
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] (EC 4.1.1.49)  
Putative exported protein  
Predicted signal transduction protein  
Lysophospholipase L2 (EC 3.1.1.5)  
Cof protein, HD superfamily hydrolase  
Tyrosine recombinase XerC  
Protein of unknown function DUF484  
Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)  
Diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20)  
lipopeptide  
Frataxin homolog CyaY, facilitates iron supply for heme A synthesis or Fe-S cluster assembly  
Oligopeptidase A (EC 3.4.24.70)  
Protein involved in catabolism of external DNA  
Glutathione reductase (EC 1.8.1.7)  
Secreted protein, suppressor for copper-sensitivity ScsC  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsD  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
FIG01206138: hypothetical protein  
Serine/threonine protein kinase  
Chromosome segregation ATPase  
DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit  
FIG01199638: hypothetical protein  
FIG01202266: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203037: hypothetical protein  
FIG01203469: hypothetical protein  
Putative cytoplasmic protein  
Putative inner membrane protein  
Putative inner membrane protein  
Metallo-dependent hydrolases, subgroup B  
L-seryl-tRNA(Sec) selenium transferase-related protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16)  
Putative BglB-family transcriptional antiterminator  
FIG01205348: hypothetical protein  
FIG01206772: hypothetical protein  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains

DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
Peptide ABC transporter, permease component  
oligopeptide/dipeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide/dipeptide-binding protein  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppD (TC 3.A.1.5.2)  
Cytochrome c5  
ATP-dependent DNA helicase Rep  
Transcriptional regulator, TetR family  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
FIG01200701: hypothetical protein  
Ketol-acid reductoisomerase (EC 1.1.1.86)  
HTH-type transcriptional regulator IlvY  
Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)  
Dihydrolipoamide dehydrogenase of pyruvate dehydrogenase complex (EC 1.8.1.4)  
Quorum-sensing regulator of virulence HapR  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
FIG01202226: hypothetical protein  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Sulfate permease family protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Pantoate--beta-alanine ligase (EC 6.3.2.1)  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)  
glutamyl-Q-tRNA synthetase  
C4-type zinc finger protein, DksA/TraR family  
Sugar/maltose fermentation stimulation protein homolog  
ATP-dependent helicase HrpB  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)  
Putative membrane protein  
Protease, insulinase family/protease, insulinase family  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
FIG01200315: hypothetical protein  
S-ribosylhomocysteine lyase (EC 4.4.1.21) / Autoinducer-2 production protein LuxS  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
FIG001154: CcsA-related protein  
Signal recognition particle, subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)  
SSU ribosomal protein S16p  
16S rRNA processing protein RimM  
tRNA (Guanine37-N1) -methyltransferase (EC 2.1.1.31)

LSU ribosomal protein L19p  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43)  
Membrane protein  
FIG01200641: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Transcriptional repressor protein TrpR  
Inosine/xanthosine triphosphatase (EC 3.6.1.-); Hypothetical cytoplasmic protein in cluster with NspS  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Prephenate dehydratase (EC 4.2.1.51)  
Ribosome hibernation protein YfiA  
Probable component of the lipoprotein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfgL, and NlpB)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi1911, Psi1915 and Psi1917  
COG1496: Uncharacterized conserved protein  
ClpB protein  
S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase (EC 1.1.1.284)  
Proton/sodium-glutamate symport protein  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
FIG01205421: hypothetical protein  
RTX toxin, putative  
tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Ala-TGC  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Val-TAC  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Pro-TGG  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Leu-TAG  
tRNA-Gln-TTG  
tRNA-Leu-TAG  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Leu-TAG  
tRNA-Gln-TTG  
tRNA-Ser-GGA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Leu-GAG  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Ser-GCT  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Val-GAC  
tRNA-Val-GAC  
tRNA-Trp-CCA  
5S RNA  
tRNA-Glu-TTC

tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Val-TAC  
tRNA-Leu-CAA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Ile-GAT  
Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA  
Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Thr-GGT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Arg-TCT  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Pro-TGG  
tRNA-His-GTG  
tRNA-Arg-CCG  
5S RNA  
tRNA-Thr-GGT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Asp-GTC  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
5S RNA  
Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA  
Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA  
tRNA-Arg-ACG  
tRNA-Arg-ACG

Large Subunit Ribosomal RNA; lsrRNA; LSU rRNA  
tRNA-Asp-GTC  
Signal transduction histidine kinase  
Transcriptional regulator  
FIG01204309: hypothetical protein  
FIG01200654: hypothetical protein  
TraF-related protein  
Molybdopterin biosynthesis Mog protein, molybdochelataase  
hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Protein acetyltransferase  
DamX-related protein  
D-alanine--D-alanine ligase (EC 6.3.2.4)  
Integrase-like protein  
FIG01200374: hypothetical protein  
Translation initiation factor SUI1-related protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
FIG01206203: hypothetical protein  
NAD(P) transhydrogenase subunit beta (EC 1.6.1.2)  
NAD(P) transhydrogenase alpha subunit (EC 1.6.1.2)  
FIG01200548: hypothetical protein  
Putative outer membrane lipoprotein  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
Outer membrane protein  
Transcriptional regulator LuxT  
FIG01202684: hypothetical protein  
Cold shock protein CspE  
Leucine-rich repeat protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01199554: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01200768: hypothetical protein  
Nicotinate-nucleotide adenyllyltransferase (EC 2.7.7.18) ## bacterial NadD family  
NAD synthetase (EC 6.3.1.5)  
COG2827: putative endonuclease containing a URI domain  
Protein of unknown function YceH  
Putative membrane protein precursor  
UPF0265 protein YeeX  
FIG01203816: hypothetical protein  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 2  
FIG01205088: hypothetical protein  
Oxalate/formate antiporter  
Fatty acid cis/trans isomerase  
FIG01200738: hypothetical protein

FIG01202745: hypothetical protein  
FIG01204229: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
Predicted arginine uptake transporter  
FIG01203154: hypothetical protein  
PAS factor  
inner membrane protein, putative  
hypothetical protein  
FIG01206447: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
hypothetical protein  
GCN5-related N-acetyltransferase  
FIG01206649: hypothetical protein  
FIG032766: hypothetical protein  
FIG001353: Acetyltransferase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
phosphotransferase family protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Cell filamentation protein fic  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Spindolin-related protein  
FIG01204145: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
corresponds to STY3948 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
Probable GTPase related to EngC  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
hypothetical protein  
FIG01205695: hypothetical protein  
FIG01204543: hypothetical protein  
FIG01206007: hypothetical protein  
Di-/tripeptide transporter  
hypothetical protein  
Oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, Fe-S oxidoreductase  
Enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein  
Transcriptional regulator

Transcriptional regulator, MarR family  
no significant database hits  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
Multidrug resistance efflux pump  
transcriptional regulator  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Putative efflux protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Conserved domain protein  
FIG01204184: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01205145: hypothetical protein  
conserved domain protein  
conserved domain protein  
conserved domain protein  
hypothetical protein  
Huntingtin interacting protein E-like protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Alkyl sulfatase (EC 3.1.6.-)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Hexose phosphate uptake regulatory protein UhpC  
Sensor histidine protein kinase UhpB, glucose-6-phosphate specific (EC 2.7.13.3)  
Transcriptional regulatory protein UhpA  
Hexose phosphate transport protein UhpT  
Transcriptional regulator, TetR family  
COG0845: Membrane-fusion protein  
Membrane-fusion protein  
Acriflavin resistance protein  
Transcriptional regulator of succinyl CoA synthetase operon  
PTS system HrsA EIIA component / PTS system HrsA EIIB component / PTS system HrsA permease IIC component  
Alpha-mannosidase (EC 3.2.1.24)  
FIG01204528: hypothetical protein  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Transcriptional regulator  
Transcriptional regulator, Cro/CI family  
hypothetical membrane protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
GGDEF family protein  
Valyl-tRNA synthetase  
TonB-dependent receptor; Outer membrane receptor for ferrienterochelin and colicins  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIA component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, mannitol-specific cryptic IIC component (EC 2.7.1.69)  
Putative oxidoreductase linked to yggC



Putative transcriptional regulator  
Uridine kinase family protein YggC homolog  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
Probable MFS transporter  
FIG01206111: hypothetical protein  
FIG01202885: hypothetical protein  
FIG01203637: hypothetical protein  
Guanylate cyclase-related protein  
Probable sensor/response regulator hybrid  
Di-/tripeptide transporter  
FIG01204273: hypothetical protein  
MSHA biogenesis protein MshQ  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA pilin protein MshC  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain C (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain B (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain A (EC 1.8.99.-)  
Putative oxidoreductase component of anaerobic dehydrogenases; Functional role page for Chaperone protein TorD  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Uncharacterized conserved protein  
Gamma-glutamyltranspeptidase (EC 2.3.2.2)  
Outer membrane protein RomA  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01199967: hypothetical protein  
astacin protease  
hypothetical protein  
Oligoendopeptidase F  
Aerotaxis sensor receptor protein  
Guanine-hypoxanthine permease  
Putative phosphatidylglycerophosphate synthase  
ABC transporter, ATP-binding protein YnjD  
ABC transporter, permease protein YnjC  
ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein YnjB  
ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein YnjB  
DedA family inner membrane protein YdjX  
putative reductase  
hypothetical protein  
Thiosulfate sulfurtransferase, rhodanese (EC 2.8.1.1)  
Tetrathionate reductase sensory transduction histidine kinase  
Tetrathionate reductase two-component response regulator  
FIG01201484: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Beta-mannosidase (EC 3.2.1.25)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206538: hypothetical protein  
FIG01200019: hypothetical protein  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG

ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
FIG01203150: hypothetical protein  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
Transcriptional regulator, MerR family  
Predicted acetyltransferase  
Oxidoreductase, Gfo/Iah/MocA family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01202516: hypothetical protein  
FIG01201247: hypothetical protein  
putative NADH-dependent flavin oxidoreductase  
Di/tripeptide permease YbgH  
Di/tripeptide permease DtpA  
Phage shock protein E  
conserved domain protein  
hypothetical protein  
FIG01203318: hypothetical protein  
FIG01200936: hypothetical protein  
PTS system, IIB component (EC 2.7.1.69)  
Putative integral membrane protein  
PTS system, IIA component  
Putative membrane protein precursor  
FIG01205353: hypothetical protein  
FIG01203869: hypothetical protein  
FIG01205965: hypothetical protein  
putative type II restriction endonuclease  
Type II restriction-modification system methylation subunit  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
Intracellular septation protein IspA  
Proton/glutamate symporter  
Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)  
Tryptophan synthase beta chain (EC 4.2.1.20)  
Indole-3-glycerol phosphate synthase (EC 4.1.1.48) / Phosphoribosylanthranilate isomerase (EC 5.3.1.24)  
Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)  
Anthranilate synthase, amidotransferase component (EC 4.1.3.27)  
Anthranilate synthase, aminase component (EC 4.1.3.27)  
COG0613, Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)  
YciO family  
Autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
N-(3-hydroxybutanoyl)-L-homoserine lactone synthase LuxM  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2605  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
SohB protein, peptidase U7 family  
Protein yciN  
DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)  
Transporter, putative

Sensor histidine kinase  
Putative chemotaxis protein CheY  
D-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.28)  
Phosphosugar mutase of unknown sugar (see annotation)  
Threonine efflux protein  
2-keto-4-pentenoate hydratase (EC 4.2.1.-)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Glutamate decarboxylase (EC 4.1.1.15)  
Putative transport protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative membrane protein  
Pirin-related protein  
FIG01207104: hypothetical protein  
putative exported protein  
putative exported protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01205676: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Transporter, LysE family  
sulfite oxidase homolog  
FIG01203732: hypothetical protein  
FIG01202768: hypothetical protein  
Bacilysin biosynthesis protein BacA  
FIG01201707: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Outer membrane protein  
FIG01202387: hypothetical protein  
FIG01205493: hypothetical protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutamate receptor 1 precursor  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UBIE (EC 2.1.1.-)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nucleoside permease NupC  
BAX protein  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
pyridoxal phosphate-dependent deaminase, putative  
FIG01203689: hypothetical protein  
FIG01201364: hypothetical protein

Putative protein-S-isoprenylcysteine methyltransferase  
Outer membrane lipoprotein-sorting protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Chaperone protein DnaJ  
FIG01204363: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG00370110: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Nonspecific acid phosphatase  
Transcriptional regulator, RpiR family  
N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase (EC 4.2.-.-)  
PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
YaeQ protein  
FIG01204326: hypothetical protein  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Choline-glycine betaine transporter  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
Di/tripeptide permease DtpB  
Helix-turn-helix motif  
VgrG-3 protein  
bacteriocin immunity protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204338: hypothetical protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
FIG01204296: hypothetical protein  
alpha-amylase  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
YcfF/hinT protein: a purine nucleoside phosphoramidase  
putative lipoprotein  
YcfL protein: an outer membrane lipoprotein that is part of a salvage cluster  
Lipoprotein YcfM, part of a salvage pathway of unknown substrate  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein I, chemoreceptor, negative regulator of TcpA  
FIG01200229: hypothetical protein  
SAM-dependent methyltransferases  
Thiamine kinase (EC 2.7.1.89) @ Adenosylcobinamide kinase (EC 2.7.1.156)  
YcfP protein: probably an esterase that is part of a salvage cluster  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
ATP-dependent RNA helicase VVA0939  
FIG01205858: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Carbon starvation protein A  
FIG001014\_Response regulator of the LytR/AlgR family

Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
FIG01206549: hypothetical protein  
FIG01199640: hypothetical protein  
Probable protease HtpX (EC 3.4.24.-)  
Conserved domain protein  
FIG01201440: hypothetical protein  
Sodium/glutamate symporter  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
L,D-transpeptidase YcbB  
FIG001587: exported protein  
Asparaginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.22)  
Queuosine biosynthesis QueD, PTPS-I  
Membrane-fusion protein  
Outer membrane protein  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
Macrolide export ATP-binding/permease protein MacB (EC 3.6.3.-)  
FIG01204168: hypothetical protein  
Exonuclease SbcD  
Exonuclease SbcC  
cytosolic long-chain acyl-CoA thioester hydrolase family protein  
Tyrosine-specific transport protein  
Tyrosine-specific transport protein  
FIG01201920: hypothetical protein  
FIG01200942: hypothetical protein  
Hypothetical protein, specific for Vibrio  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Serine transporter  
Hypothetical nudix hydrolase YeaB  
Para-aminobenzoate synthase, aminase component (EC 2.6.1.85)  
Fumarate hydratase class I, aerobic (EC 4.2.1.2)  
FIG01205151: hypothetical protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Periplasmic linker protein, putative  
Acriflavin resistance protein  
FIG01202561: hypothetical protein  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8)  
hypothetical protein  
FIG01202104: hypothetical protein  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Iron-regulated protein A precursor  
Probable thiol oxidoreductase with 2 cytochrome c heme-binding sites  
Iron-regulated protein A precursor  
putative exported protein  
Hypothetical metal-binding enzyme, YcbL homolog  
FIG01201983: hypothetical protein  
Ubiquitin-protein ligase  
Tyrosine-specific transport protein

Competence/damage-inducible protein CinA  
Ferredoxin  
FIG01201341: hypothetical protein  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)  
3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase (EC 2.1.1.64)  
DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)  
FIG01201314: hypothetical protein  
FIG01201747: hypothetical protein  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Putative heat shock protein YegD  
Protein HI1394  
Zn-dependent protease  
Zn-dependent protease  
putative SpoOM-related protein  
FIG01203870: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01204958: hypothetical protein  
Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)  
Translation initiation factor 3  
LSU ribosomal protein L35p  
LSU ribosomal protein L20p  
Possible flavodoxin oxidoreductase precursor  
Possible flavodoxin oxidoreductase precursor  
ABC-type heme transport system, ATPase component  
Heme ABC transporter, permease protein  
Periplasmic heme-binding protein  
Biopolymer transport protein ExbD1  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Radical SAM family protein HutW, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, associated with heme uptake  
Putative heme iron utilization protein  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase-related putative heme iron utilization protein  
VgrG protein  
membrane protein, putative  
membrane protein, putative  
membrane protein, putative  
FIG01204991: hypothetical protein  
TonB-dependent heme and hemoglobin receptor HutA ; TonB-dependent heme , ferrichrome receptor  
Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)  
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)  
Integration host factor alpha subunit  
Succinylglutamate desuccinylase (EC 3.5.1.96)  
Oligoendopeptidase F  
UPF0234 protein YajQ  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Phosphoenolpyruvate synthase (EC 2.7.9.2)  
FIG01205501: hypothetical protein  
FIG01203063: hypothetical protein

GGDEF domain protein  
EF hand domain protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative GTPase subunit of restriction endonuclease  
COG1401: GTPase subunit of restriction endonuclease  
COG1401: GTPase subunit of restriction endonuclease  
COG1401: GTPase subunit of restriction endonuclease  
McrBC 5-methylcytosine restriction system component  
Protease VII (OmpT) precursor (EC 3.4.23.49)  
FIG01200441: hypothetical protein  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Putative transcriptional regulator  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
lipoprotein, putative  
Acyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.20)  
membrane protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
biphenyl-2,3-diol 1,2-dioxygenase III-related protein  
Glutaredoxin  
COG0398: uncharacterized membrane protein  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
FIG01203641: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)  
Error-prone repair protein UmuD  
Integral membrane protein  
Translation elongation factor P-related protein  
Protein of unknown function DUF1212  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.-)  
Paraquat-inducible protein B  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
COG1956, GAF domain-containing protein  
ProQ: influences osmotic activation of compatible solute ProP  
Tail-specific protease precursor (EC 3.4.21.102)  
FOG: WD40 repeat  
Membrane alanine aminopeptidase N (EC 3.4.11.2)  
FIG01199976: hypothetical protein  
NAD-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.2), large form  
Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)  
FIG01199806: hypothetical protein  
23S rRNA (guanine-N<sup>2</sup>-) -methyltransferase rlmL EC 2.1.1.-)  
Thiol-disulfide isomerase and thioredoxin  
ABC transporter ATP-binding protein uup  
FIG01199949: hypothetical protein

Ribosome modulation factor  
3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
putative dehydrogenase  
Putative lipoprotein  
hypothetical protein  
sensory transduction histidine kinase( EC:2.7.3.- )  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
general secretion pathway protein D precursor  
FIG01206446: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
A protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
bacteriophage f237 ORF10  
Sensor histidine kinase/response regulator  
FIG01200925: hypothetical protein  
FIG01199584: hypothetical protein  
Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoQ (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoP (EC 1.9.3.1)  
Putative analog of CcoH, COG3198  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoI; Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoS, involved in heme b insertion  
Heavy-metal-associated domain (N-terminus) and membrane-bounded cytochrome biogenesis cycZ-like domain, possible membrane copper  
Fumarate and nitrate reduction regulatory protein  
Universal stress protein E  
tRNA(Cytosine32)-2-thiocyridine synthetase  
Transcriptional regulator  
Ribonuclease HI, Vibrio paralog  
Site-specific recombinase, phage integrase family  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Modification methylase HpaI (EC 2.1.1.72) (Adenine-specific methyltransferase HpaI) (M.HpaI)  
type II DNA modification methyltransferase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Integrase  
Protein YicC  
Ribonuclease PH (EC 2.7.7.56)  
Orotate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.10)  
Partition protein



Two-component system response regulator OmpR  
Osmolarity sensory histidine kinase EnvZ  
Xanthine permease  
Competence protein F homolog, phosphoribosyltransferase domain; protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and nitrogen  
Biotin synthesis protein bioH  
Putative ATP-dependent Lon protease  
Transcription accessory protein (S1 RNA-binding domain)  
Transcription elongation factor GreB  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator SlmA, TetR family  
Phosphopantothenoylecysteine decarboxylase (EC 4.1.1.36) / Phosphopantothenoylecysteine synthetase (EC 6.3.2.5)  
DNA repair protein RadC  
LSU ribosomal protein L28p  
LSU ribosomal protein L33p  
FIG01200266: hypothetical protein  
Phosphoglycerol transferase  
Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)  
LpsA protein  
Phosphopantetheine adenylyltransferase (EC 2.7.7.3)  
Putative two-domain glycosyltransferase  
Lipopolysaccharide biosynthesis glycosyltransferase  
Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase (EC 2.-.-.-)  
O-antigen ligase  
capsular polysaccharide biosynthesis protein, putative  
capsular polysaccharide biosynthesis protein  
Nucleoside-diphosphate-sugar pyrophosphorylase involved in lipopolysaccharide biosynthesis/translation initiation factor 2B, gamma/epsilon  
Lipopolysaccharide synthesis protein WavD  
Possible sugar transferase  
ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)  
Glycosyltransferase involved in LPS biosynthesis  
ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase (EC 5.1.3.20)  
Metallo-beta-lactamase family protein, RNA-specific  
S23 ribosomal  
Transcriptional regulator, TetR family  
Putative outer membrane lipoprotein  
YjbG polysaccharide synthesis-related protein  
FIG01200499: hypothetical protein  
Polysaccharide export lipoprotein Wza  
S23 ribosomal  
Low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase Wzb (EC 3.1.3.48)  
Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)  
hypothetical protein  
putative flippase  
hypothetical protein  
putative glycosyltransferase  
hypothetical protein  
UDP-N-acetylglucosamine 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.-)

FnIB

UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase (EC 5.1.3.14)

WbuB

UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)

Undecaprenyl-phosphate N-acetylglucosaminyl 1-phosphate transferase (EC 2.7.8.-)

Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)

Sulfate permease, Trk-type

Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)

Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)

UDP-4-amino-4-deoxy-L-arabinose--oxoglutarate aminotransferase (EC 2.6.1.-)

UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)

hypothetical protein

3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)

hypothetical protein

Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)

Lipopolysaccharide biosynthesis protein WzxC

putative glycosyltransferase - possibly involved in cell wall localization and side chain formation of rhamnose-glucose polysaccharide

Beta-1,3-glucosyltransferase

putative glucosyl transferase

glycosyltransferase

dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)

Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)

dTDP-4-dehydrorhamnose reductase (EC 1.1.1.133)

dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase (EC 5.1.3.13)

dTDP-rhamnosyl transferase RfbF (EC 2.-.-.-)

WcaA protein

UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)

Lipid carrier : UDP-N-acetylgalactosaminyltransferase (EC 2.4.1.-)

Nucleoside-diphosphate sugar epimerase/dehydratase

UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)

FIG01204021: hypothetical protein

UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)

2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)

Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump

Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES

Heat shock protein 60 family chaperone GroEL

Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)

5-carboxymethyl-2-hydroxymuconate delta-isomerase (EC 5.3.3.10)

FIG01201392: hypothetical protein

Fructose-1,6-bisphosphatase, GlpX type (EC 3.1.3.11)

Putative cytoplasmic protein

Ribonuclease E inhibitor RraA

1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase (EC 2.5.1.-)

Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19) homolog, function unknown

FIG01199774: hypothetical protein

Hydrolase, alpha/beta fold family functionally coupled to Phosphoribulokinase

FIG01200117: hypothetical protein

Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein

Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG

Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Putative cytoplasmic protein ,probably associated with Glutathione-regulated potassium-efflux  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD (EC 5.2.1.8)  
Protein slyX  
FOG: WD40 repeat  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FkpA precursor (EC 5.2.1.8)  
YheO-like PAS domain  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusD  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusC  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusB  
SSU ribosomal protein S12p (S23e)  
SSU ribosomal protein S7p (S5e)  
Translation elongation factor G  
Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)  
Transcription antitermination protein NusG  
LSU ribosomal protein L11p (L12e)  
LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)  
LSU ribosomal protein L10p (P0)  
LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
Major curlin subunit precursor CsgA  
Minor curlin subunit CsgB, nucleation component of curlin monomers  
Transcriptional regulator CsgD for 2nd curli operon  
Transcriptional regulator CsgD for 2nd curli operon  
Curli production assembly/transport component CsgE  
Curli production assembly/transport component CsgF  
Curli production assembly/transport component CsgG  
Regulator of sigma D  
NADH pyrophosphatase (EC 3.6.1.22)  
Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)  
FIG01204565: hypothetical protein  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
FIG01200171: hypothetical protein  
CBS-domain containing protein  
DNA-binding protein HU-alpha  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)  
Phosphoribosylamine--glycine ligase (EC 6.3.4.13)  
IMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.10) / Phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase (EC 2.1.2.3)  
zinc-responsive transcriptional regulator  
FIG01205880: hypothetical protein  
DNA-binding protein Fis  
tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.-)  
Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)  
Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase  
3-dehydroquinate dehydratase II (EC 4.2.1.10)  
Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)

Predicted signal-transduction protein  
hypothetical protein  
Probable 3-phenylpropionic acid transporter  
Sensor histidine kinase  
Acetate permease ActP (cation/acetate symporter)  
FIG01200114: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
Transcriptional regulator, LuxR family  
Transcriptional regulator of glmS gene, DeoR family  
Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
Carbonic anhydrase, gamma class (EC 4.2.1.1)  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
Outer membrane protein/protective antigen OMA87  
Outer membrane protein/protective antigen OMA87  
hypothetical protein-signal peptide prediction  
transcriptional regulators, LysR family protein  
Transcriptional regulator, ArsR family  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Predicted protein-tyrosine phosphatase  
Permease of the major facilitator superfamily  
Glucosamine-6-phosphate deaminase (EC 3.5.99.6)  
Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD, protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)  
Universal stress protein family 8  
C4-dicarboxylate transporter DcuA  
Aspartate ammonia-lyase (EC 4.3.1.1)  
FxsA protein  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
FIG136845: Rhodanese-related sulfurtransferase  
Protein export cytoplasm chaperone protein (SecB, maintains protein to be exported in unfolded state)  
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+] (EC 1.1.1.94)  
Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)  
tRNA (cytosine34-2'-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Copper sensory histidine kinase CpxA  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
P pilus assembly/Cpx signaling pathway, periplasmic inhibitor/zinc- resistance associated protein  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
6-phosphofructokinase (EC 2.7.1.11)  
Lysine 2,3-aminomutase (EC 5.4.3.2)  
Translation elongation factor P  
Fumarate reductase subunit D  
Fumarate reductase subunit C  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Lysyl-tRNA synthetase-related protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily

Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)  
Ribosome small subunit-stimulated GTPase EngC  
3'-5'-oligoribonuclease (orn)  
Electron transport complex protein RnfA  
Electron transport complex protein RnfB  
Electron transport complex protein RnfC  
Electron transport complex protein RnfD  
Electron transport complex protein RnfG  
Electron transport complex protein RnfE  
Endonuclease III (EC 4.2.99.18)  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01199914: hypothetical protein  
Sodium-type flagellar protein motY precursor  
Ribonuclease T (EC 3.1.13.-)  
Histidine permease YuiF  
Response regulator VieB  
Glutaredoxin-related protein  
Superoxide dismutase [Fe] (EC 1.15.1.1)  
Potential queD like 2  
oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1); Acetaldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.10)  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
FIG01205958: hypothetical protein  
Uncharacterized protein YeaC  
FIG01202681: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Aldose 1-epimerase family protein YeaD  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
FIG01202807: hypothetical protein  
Thioredoxin 2 (EC 1.8.1.8)  
Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)  
FIG065221: ATPase, AAA family  
Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA  
Cell division protein FtsK  
Leucine-responsive regulatory protein, regulator for leucine (or Irp) regulon and high-affinity branched-chain amino acid transport system  
Alanine dehydrogenase (EC 1.4.1.1)  
Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)  
Transport ATP-binding protein CydD  
Transport ATP-binding protein CydC  
YciL protein  
FIG01199776: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)  
Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.19) / Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase (EC 3.6.1.31)  
Imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit (EC 4.1.3.-)  
Phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (EC 5.3.1.16)  
Imidazole glycerol phosphate synthase amidotransferase subunit (EC 2.4.2.-)  
Histidinol-phosphatase (EC 3.1.3.15) / Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (EC 4.2.1.19)

Histidinol-phosphate aminotransferase (EC 2.6.1.9)  
Histidinol dehydrogenase (EC 1.1.1.23)  
ATP phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.17)  
Outer membrane protein  
Outer membrane protein  
ATP-dependent helicase DinG/Rad3  
Putative membrane protein YfcA  
Primosomal replication protein N prime prime  
FIG01203677: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpA  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
ClpB protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
FIG01201050: hypothetical protein  
Uncharacterized protein Impl/VasC  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
IcmF-related protein  
Serine/threonine protein phosphatase  
Serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)  
Sensory box/GGDEF family protein  
carbonic anhydrase, family 3  
FIG01199611: hypothetical protein  
Shikimate 5-dehydrogenase I alpha (EC 1.1.1.25)  
YrdC/Sua5 family protein, required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (EC 4.1.1.21)  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (EC 4.1.1.21)  
Similar to C-terminal Zn-finger domain of DNA topoisomerase I  
Protein of unknown function Smg  
Rossmann fold nucleotide-binding protein Smf possibly involved in DNA uptake  
Uncharacterized protein with LysM domain, COG1652  
Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)  
Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)  
Trk system potassium uptake protein TrkA  
Potassium uptake protein TrkH  
COG1272: Predicted membrane protein hemolysin III homolog  
Hypothetical Transcriptional Regulator  
FIG01206592: hypothetical protein  
Protein yihD  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoG, involved in Cu oxidation  
YihE protein, a ser/thr kinase implicated in LPS synthesis and Cpx signalling  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
Probable acyltransferase yihG (EC 2.3.-.-)

MG(2+) CHELATASE FAMILY PROTEIN / ComM-related protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter, putative  
5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.13)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Serine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.51) / L-alanine:glyoxylate aminotransferase (EC 2.6.1.44)  
Lipid A core-O-antigen ligase  
Excinuclease ABC subunit A  
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)  
FIG01201862: hypothetical protein  
Alpha-D-GlcNAc alpha-1,2-L-rhamnosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Putative glycosyltransferase protein  
Putative glycosyltransferase protein  
FIG01200177: hypothetical protein  
O-antigen flippase Wzx  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsD, exopolysaccharide synthesis  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsC, polysaccharide export  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsB  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsA, sugar transferase  
Single-stranded DNA-binding protein  
FIG01202356: hypothetical protein  
MSHA biogenesis protein MshH  
MSHA biogenesis protein MshI  
MSHA biogenesis protein MshJ  
MSHA biogenesis protein MshK  
MSHA biogenesis protein MshL  
MSHA biogenesis protein MshM  
MSHA biogenesis protein MshN  
MSHA biogenesis protein MshE  
MSHA biogenesis protein MshG  
MSHA biogenesis protein MshF  
MSHA pilin protein MshB  
MSHA pilin protein MshA  
MSHA pilin protein MshC  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshQ  
Rod shape-determining protein MreB  
Rod shape-determining protein MreC  
Rod shape-determining protein MreD  
Septum formation protein Maf  
Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)  
FIG005080: Possible exported protein  
FIG003879: Predicted amidohydrolase  
TldD protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG138315: Putative alpha helix protein  
TldE/PmbA protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
Magnesium transporter  
Phosphocarrier protein, nitrogen regulation associated

Hypothetical ATP-binding protein UPF0042, contains P-loop  
PTS system nitrogen-specific IIA component, PtsN  
Ribosome hibernation protein YhbH  
RNA polymerase sigma-54 factor RpoN  
Lipopolysaccharide ABC transporter, ATP-binding protein LptB  
LptA, protein essential for LPS transport across the periplasm  
Uncharacterized protein YrbK clustered with lipopolysaccharide transporters  
3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.45)  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
Inner membrane protein YrbG, predicted calcium/sodium:proton antiporter  
Uncharacterized ABC transporter, ATP-binding protein YrbF  
Uncharacterized ABC transporter, permease component YrbE  
Uncharacterized ABC transporter, periplasmic component YrbD  
Uncharacterized ABC transporter, auxiliary component YrbC  
Uncharacterized protein YrbB  
YrbA protein  
UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
Endoribonuclease L-PSP  
Aspartate carbamoyltransferase regulatory chain (PyrI)  
Aspartate carbamoyltransferase (EC 2.1.3.2)  
Ornithine carbamoyltransferase (EC 2.1.3.3)  
Arginine deiminase (EC 3.5.3.6)  
Ribonuclease E inhibitor RraB  
Beta-galactosidase/beta-glucuronidase  
Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)  
DNA polymerase III chi subunit (EC 2.7.7.7)  
Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)  
FIG000988: Predicted permease  
FIG000906: Predicted Permease  
FIG023103: Predicted transmembrane protein  
Reverse transcriptase  
ATP binding protein  
hypothetical protein  
FIG01200394: hypothetical protein  
Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG001341: Probable Fe(2+)-trafficking protein YggX  
A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)  
tRNA (guanine46-N7-)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)  
Glutaminase (EC 3.5.1.2)  
Radical SAM family enzyme, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, clustered with nucleoside-triphosphatase RdgB  
Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dITP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)  
FIG003551: hypothetical protein  
UPF0235 protein VC0458  
Integral membrane protein YggT, involved in response to extracytoplasmic stress (osmotic shock)  
Pyrroline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)  
Hypothetical protein YggS, proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC



Twitching motility protein PilT  
Twitching motility protein PilT  
Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)  
UPF0301 protein YqgE  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)  
Extracellular deoxyribonuclease Dns (EC 3.1.21.-)  
Protein sprT  
S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)  
Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)  
Prolipoprotein diacylglycerol transferase (EC 2.4.99.-)  
Protein of unknown function DUF81  
FIG001592: Phosphocarrier protein kinase/phosphorylase, nitrogen regulation associated  
Adenosine (5'-)pentaphospho-(5',3')-adenosine pyrophosphohydrolase (EC 3.6.1.-)  
DNA mismatch repair endonuclease MthH  
Transcriptional regulator VpsR  
Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)  
Peptide chain release factor 2; programmed frameshift-containing  
Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)  
Thiol:disulfide interchange protein DsbC  
Tyrosine recombinase XerD  
Flavodoxin 2  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
COG4123: Predicted O-methyltransferase  
ATP-dependent RNA helicase SrmB  
Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)  
Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)  
D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.72)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (EC 1.1.1.44)  
6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31), eukaryotic type  
Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)  
FIG01206137: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01206169: hypothetical protein  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolE  
Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolC  
FIG01200287: hypothetical protein  
Transcription-repair coupling factor  
FIG01200265: hypothetical protein  
Thiol-disulfide isomerase  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase / Macrophage infectivity potentiator  
FIG01205102: hypothetical protein  
Histidine utilization repressor  
Imidazolonepropionase (EC 3.5.2.7)  
Formiminoglutamase (EC 3.5.3.8)  
Urocanate hydratase (EC 4.2.1.49)  
Histidine ammonia-lyase (EC 4.3.1.3)

FIG01203501: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01205776: hypothetical protein  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA; Cation efflux system protein CusA  
Cobalt/zinc/cadmium efflux RND transporter, membrane fusion protein, CzcB family  
Heavy metal RND efflux outer membrane protein, CzcC family  
FIG01200717: hypothetical protein  
Fucose 4-O-acetylase  
Predicted hydrolase or acyltransferase  
NnrS protein involved in response to NO  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.68)  
FIG01206679: hypothetical protein  
DNA-binding response regulator  
Sensor protein basS/pmrB (EC 2.7.3.-)  
DnaJ-related protein  
Chromosome partition protein MukB  
Chromosome partition protein MukE  
Chromosome partition protein MukF  
S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase Functionally Coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
Membrane Protein Functionally coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
UPF0434 protein YcaR  
Tetraacyldisaccharide 4-epimerase (EC 2.7.1.130)  
Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
FIG01199889: hypothetical protein  
FIG01205303: hypothetical protein  
Manganese-dependent inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Probable type IV pilus assembly FimV-related transmembrane protein  
tRNA pseudouridine synthase A( EC:5.4.99.12,EC:4.2.1.70 )  
hypothetical protein  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)  
Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)  
DedD protein  
bacteriocin production protein  
Amidophosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.14)  
Cyn operon transcriptional activator  
Response regulator  
Adenine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.7)  
DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)  
FIG000557: hypothetical protein co-occurring with RecR  
Recombination protein RecR  
membrane protein  
FIG01201005: hypothetical protein  
Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase (EC 3.1.5.1)  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3); Probable coniferyl aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.68)  
Putative transporter, DME family

FIG01205973: hypothetical protein  
FIG01205973: hypothetical protein  
Iron-containing alcohol dehydrogenase  
Transcriptional regulator, VCA0231 ortholog  
Transcriptional regulator, TetR family  
Dihydrofolate reductase homolog  
hypothetical protein  
putative transport protein  
Aspartate/tyrosine/aromatic aminotransferase  
Menaquinone-specific isochorismate synthase (EC 5.4.4.2)  
2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase (EC 2.2.1.9)  
2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase (EC 4.2.99.20)  
Naphthoate synthase (EC 4.1.3.36)  
O-succinylbenzoate-CoA synthase (EC 4.2.1.-)  
O-succinylbenzoic acid--CoA ligase (EC 6.2.1.26)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Homeodomain-like  
FIG01200138: hypothetical protein  
DNA-binding protein inhibitor Id-2-related protein  
proteinase inhibitor, putative  
hypothetical protein  
conserved protein of unknown function; putative YcgN protein  
FIG01202120: hypothetical protein  
Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)  
Isopenicillin N synthase  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Cdc6-related protein  
IAA acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
5-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase related protein VF1653  
Methyl-accepting chemotaxis receptor/sensory transducer precursor  
Serine transporter  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Chitodextrinase precursor (EC 3.2.1.14)  
Sensory box/GGDEF family protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
FIG01200403: hypothetical protein  
Putative acetate efflux pump, MadN  
FIG01202613: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01207037: hypothetical protein  
Putative oxidoreductase SMc00968  
GNAT family acetyltransferase YjcF  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)

DNA-damage-inducible protein  
GTP-binding protein related to HflX  
Cell-cell signaling protein, C-factor  
Cell division inhibitor  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
FIG01200678: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
Potassium channel protein  
Hypothetical membrane protein  
Membrane protein, putative  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Transcriptional regulator, AraC family  
Xaa-Pro dipeptidase (EC 3.4.13.9)  
FIG01202796: hypothetical protein  
lipoprotein, putative  
Prolidase (EC 3.4.13.9)  
Prolidase (EC 3.4.13.9)  
Transcriptional regulator, AraC family  
hypothetical protein  
FIG01207307: hypothetical protein  
FIG01202288: hypothetical protein  
Quinolinate synthetase (EC 4.1.99.-)  
TPR repeat containing exported protein; Putative periplasmic protein contains a protein prenyltransferase domain  
18K peptidoglycan-associated outer membrane lipoprotein; Peptidoglycan-associated lipoprotein precursor; Outer membrane protein P6; OmpA  
tolB protein precursor, periplasmic protein involved in the tonB-independent uptake of group A colicins  
TolA protein  
Tol biopolymer transport system, TolR protein  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase family active site  
Protein ybgE  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)  
Holliday junction DNA helicase RuvB  
Holliday junction DNA helicase RuvA  
Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)  
Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12) ## unambiguous  
tRNA (uridine-5-oxyacetic acid methyl ester) 34 synthase  
tRNA (5-methoxyuridine) 34 synthase  
FIG008443: hypothetical protein  
FIG139976: hypothetical protein  
FIG002781: Alpha-L-glutamate ligase family protein  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaE; Molybdopterin converting factor subunit 2  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaD; Molybdopterin converting factor subunit 1  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA  
Hypothetical protein UPF0052  
Phosphorelay protein LuxU  
Regulatory protein LuxO

hypothetical protein  
Excinuclease ABC subunit B  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
VgrG-3 protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
VgrG protein  
hypothetical protein  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Branched-chain amino acid aminotransferase (EC 2.6.1.42)  
Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)  
Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)  
Cold shock protein CspG  
N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.23) / Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)  
ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase protein I  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj  
rRNA small subunit methyltransferase, glucose inhibited division protein GidB  
tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA  
Flavoprotein MioC  
GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE  
Inner membrane protein translocase component YidC, long form  
Ribonuclease P protein component (EC 3.1.26.5)  
LSU ribosomal protein L34p  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding portion  
Chromosomal replication initiator protein DnaA  
DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)  
DNA recombination and repair protein RecF  
DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)  
16 kDa heat shock protein A  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Valine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.66)  
Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)  
Glycyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.14)  
Periplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
NADH dehydrogenase subunit II-related protein  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusA

FIG01199885: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
YhdH, a putative quinone oxidoreductase  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
FIG000605: protein co-occurring with transport systems (COG1739)  
Potassium uptake protein TrkH  
Protoporphyrinogen IX oxidase, oxygen-independent, HemG (EC 1.3.-.-)  
Probable zinc protease pqqL (EC 3.4.99.-)  
FIG01204275: hypothetical protein  
Chloride channel protein  
FIG01202963: hypothetical protein  
Thiamin biosynthesis protein ThiC  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Sulfur carrier protein adenyltransferase ThiF  
Sulfur carrier protein ThiS  
Thiazole biosynthesis protein ThiG  
Thiazole biosynthesis protein ThiH  
Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)  
LysR-family transcriptional regulator VC0068  
Multidrug resistance transporter, Bcr/CflA family  
FIG01199646: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
DNA recombination protein RmuC  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-)  
Protein YigP (COG3165) clustered with ubiquinone biosynthetic genes  
Ubiquinone biosynthesis monooxygenase UbiB  
Twin-arginine translocation protein TatA  
Twin-arginine translocation protein TatB  
Twin-arginine translocation protein TatC  
Putative deoxyribonuclease similar to YcfH, type 2  
Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)  
Guanosine-5'-triphosphate,3'-diphosphate pyrophosphatase (EC 3.6.1.40)  
ATP-dependent RNA helicase RhlB  
Thioredoxin  
Transcription termination factor Rho  
FIG01199580: hypothetical protein  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase (EC 4.1.1.-)  
Ferredoxin  
NAD(P)H-flavin reductase (EC 1.5.1.29) (EC 1.16.1.3)  
Homolog of E. coli HemY protein  
Homolog of E. coli HemX protein  
Uroporphyrinogen-III synthase (EC 4.2.1.75)  
Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA  
Protein rarD  
ATP-dependent DNA helicase RecQ  
gene 3 protein-related protein

Glycerol-3-phosphate transporter  
Putative preQ0 transporter  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
GTP-binding protein EngB  
Cytochrome c4  
Putative methyltransferase associated with DUF414  
Protein of unknown function DUF414  
Periplasmic/membrane protein associated with DUF414  
Coprotoporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent (EC 1.3.99.22)  
Transcriptional regulator AsnC  
SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Universal stress protein A  
Ferritin-like protein 2  
Universal stress protein B  
NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01200870: hypothetical protein  
Predicted membrane protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
GGDEF family protein  
Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)  
GGDEF family protein  
Nitrogen regulation protein NR(I)  
Nitrogen regulation protein NR(II) (EC 2.7.3.-)  
FIG01200260: hypothetical protein  
Glutamine synthetase type I (EC 6.3.1.2)  
GTP-binding protein TypA/BipA  
Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)  
D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase  
GNAT family acetyltransferase YiiD potentially involved in tRNA processing  
tRNA (Guanosine18-2'-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.34)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase  
DNA-directed RNA polymerase omega subunit (EC 2.7.7.6)  
Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)  
FIG01201386: hypothetical protein  
FIG01200330: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase  
Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif  
Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif  
FIG000233: metal-dependent hydrolase  
Magnesium and cobalt efflux protein CorC  
Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE  
FIG002095: hypothetical protein  
Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)

LPS-assembly lipoprotein RlpB precursor (Rare lipoprotein B)  
DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)  
lojap protein  
LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH ## ybeA  
Penicillin-binding protein 2 (PBP-2)  
Rod shape-determining protein RodA  
Rare lipoprotein A precursor  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Proposed lipoate regulatory protein YbeD  
Octanoate-[acyl-carrier-protein]-protein-N-octanoyltransferase  
Lipoate synthase  
Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)  
Glutamate 5-kinase (EC 2.7.2.11)  
FIG01200175: hypothetical protein  
Xanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.22)  
Xanthine/uracil/thiamine/ascorbate permease family protein  
Aminoacyl-histidine dipeptidase (Peptidase D) (EC 3.4.13.3)  
Alanine racemase (EC 5.1.1.1)  
DNA polymerase IV (EC 2.7.7.7)  
Probable exported or periplasmic protein in ApbE locus  
Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)  
Cell division protein BolA  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Hypothetical lipoprotein YajG precursor  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiA precursor (EC 5.2.1.8)  
AmpG permease  
Outer membrane protein (see annotation)  
2-dehydropantoate 2-reductase (EC 1.1.1.169)  
Protein ThiJ  
Thiamine biosynthesis protein thil  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesyldiphosphate synthase)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)  
Antibiotic biosynthesis monooxygenase  
FIG01204518: hypothetical protein  
Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 2-binding periplasmic protein LuxP precursor  
Phosphatidylglycerophosphatase A (EC 3.1.3.27)  
Thiamine-monophosphate kinase (EC 2.7.4.16)  
Transcription termination protein NusB  
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (EC 2.5.1.9)



3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26) / 5-amino-6-(5-phosphoribosylamino)uracil reductase (EC 1.1.1.19)  
Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204026: hypothetical protein  
Accessory colonization factor AcfD precursor  
Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)  
membrane protein  
FIG01203221: hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01201688: hypothetical protein  
D-glycero-D-manno-heptose 1,7-bisphosphate phosphatase (EC 3.1.1.-)  
Methionine ABC transporter ATP-binding protein  
Methionine ABC transporter permease protein  
Methionine ABC transporter substrate-binding protein  
COG1720: Uncharacterized conserved protein  
Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15) ## Bacterial type  
Nickel ABC transporter, periplasmic nickel-binding protein nikA2 (TC 3.A.1.5.3)  
Dipeptide transport system permease protein DppB (TC 3.A.1.5.2)  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppF (TC 3.A.1.5.2)  
Urease accessory protein UreD  
Urease gamma subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease beta subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease alpha subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease accessory protein UreE  
Urease accessory protein UreF  
Urease accessory protein UreG  
Putative sugar isomerase involved in processing of exogenous sialic acid  
Predicted sialic acid transporter  
N-acetylmannosamine kinase (EC 2.7.1.60)  
N-acetylmannosamine-6-phosphate 2-epimerase (EC 5.1.3.9)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
Sialic acid utilization regulator, RpiR family  
N-acetylneuraminase lyase (EC 4.1.3.3)  
FIG01204611: hypothetical protein  
FIG01203253: hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
hypothetical protein sometimes fused to ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
FIG003737: Predicted deacylase  
Transcription elongation factor  
Chitinase (EC 3.2.1.14)

Pressure-regulated ORF-like protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
Phosphoribosylformylglycinamide synthase, synthetase subunit (EC 6.3.5.3) / Phosphoribosylformylglycinamide synthase, glutamine amidotransferase subunit  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01202062: hypothetical protein  
tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase (EC 1.1.1.284)  
S-formylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.12)  
Serine transporter  
Endoribonuclease L-PSP  
Putative inner membrane protein  
YheO-like PAS domain  
Aminobenzoyl-glutamate transport protein  
GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)  
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)  
Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)  
Hypothetical protein yfgJ  
Predicted metal-dependent hydrolase  
GTP-binding protein EngA  
Outer membrane protein YfgL, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and NlpB)  
Mir7403 protein @ FIG001046: putative membrane protein  
Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)  
1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)  
FIG021952: putative membrane protein  
Type IV pilus biogenesis protein PilF  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)  
Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)  
Peptidase B (EC 3.4.11.23)  
Believed to be involved in assembly of Fe-S clusters  
Ferrodoxin, 2Fe-2S  
Chaperone protein HscA  
Chaperone protein HscB  
Iron binding protein IscA for iron-sulfur cluster assembly  
Iron-sulfur cluster assembly scaffold protein IscU  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), IscS subfamily  
Iron-sulfur cluster regulator IscR  
tRNA:Cm32/Um32 methyltransferase  
Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)  
Outer membrane porin protein  
VvgS protein  
Outer membrane porin protein  
VvgS protein  
Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.17) ## unambiguous  
FIG01202702: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Flagellar protein FlgT  
Flagellar protein FlgO  
Flagellar protein FlgP

Flagellar biosynthesis protein FlgN  
Negative regulator of flagellin synthesis FlgM  
Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis protein methyltransferase CheR (EC 2.1.1.80)  
Flagellar basal-body rod protein FlgB  
Flagellar basal-body rod protein FlgC  
Flagellar basal-body rod modification protein FlgD  
Flagellar hook protein FlgE  
Flagellar basal-body rod protein FlgF  
Flagellar basal-body rod protein FlgG  
Flagellar L-ring protein FlgH  
Flagellar P-ring protein FlgI  
Flagellar protein FlgJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)  
Flagellar hook-associated protein FlgK  
Flagellar hook-associated protein FlgL  
Flagellin protein FlaC  
Flagellin protein FlaA  
hypothetical protein  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaG  
Flagellar hook-associated protein FliD  
Flagellar rod protein flal  
Flagellar biosynthesis protein FliS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar sensor histidine kinase FleS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar hook-basal body complex protein FliE  
Flagellar M-ring protein FliF  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar assembly protein FliH  
Flagellum-specific ATP synthase FliI  
Flagellar protein FliJ  
Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Flagellar motor switch protein FliM  
Flagellar motor switch protein FliN  
Flagellar biosynthesis protein FliO  
Flagellar biosynthesis protein FliP  
Flagellar biosynthesis protein FliQ  
Flagellar biosynthesis protein FliR  
Flagellar biosynthesis protein FliB  
FIG01201046: hypothetical protein  
Flagellar biosynthesis protein FliA  
Flagellar biosynthesis protein FliF  
Flagellar synthesis regulator FleN  
RNA polymerase sigma factor for flagellar operon

Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY  
Chemotaxis response - phosphatase CheZ  
Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase CheB (EC 3.1.1.61)  
SOJ-like and chromosome partitioning protein  
CheW domain protein  
Positive regulator of CheA protein activity (CheW)  
ATPase involved in DNA repair  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, ATPase component CcmA  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, CcmB subunit  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmC, putative heme lyase for CcmE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmD, interacts with CcmE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE, heme chaperone  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmF  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmG/DsbE, thiol:disulfide oxidoreductase  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmL  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmH  
Lipoprotein  
Predicted membrane protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
Protease III precursor (EC 3.4.24.55)  
Phosphohistidine phosphatase SixA  
FIG001674: hypothetical protein  
Ribosomal protein L3 methyltransferase  
hypothetical protein  
Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)  
FIG01199593: hypothetical protein  
membrane protein  
Putative transporting ATPase  
FIG01203718: hypothetical protein  
Histidine triad family protein  
Lipid A biosynthesis (KDO) 2-(lauroyl)-lipid IVA acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
H(+)/Cl(-) exchange transporter ClcA  
FIG01203692: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase A (EC 2.1.1.51)  
Outer membrane protein C precursor  
UPF0304 protein yfbU  
Formate--tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3)  
YbaK family protein  
SERINE PROTEASE (EC 3.4.21.-)  
ATP-dependent RNA helicase VC1407  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01200967: hypothetical protein  
Adenylosuccinate lyase (EC 4.3.2.2)

FIG002903: a protein of unknown function perhaps involved in purine metabolism  
tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
Anaerobic nitric oxide reductase flavorubredoxin  
Nitric oxide reductase FIRd-NAD(+) reductase (EC 1.18.1.-)  
Ferredoxin--NADP(+) reductase (EC 1.18.1.2)  
Putative cytoplasmic protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206234: hypothetical protein  
FIG01201039: hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2457  
Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42); Monomeric isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)  
FIG004684: SpoVR-like protein  
FIG002076: hypothetical protein  
Serine protein kinase (prkA protein), P-loop containing  
Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)  
Selenoprotein O and cysteine-containing homologs  
FIG01200399: hypothetical protein  
Cold shock protein CspD  
ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA  
Translation initiation factor 1  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)  
Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)  
SSU ribosomal protein S1p  
Integration host factor beta subunit  
Inner membrane protein yciS  
Heat shock (predicted periplasmic) protein YciM, precursor  
Orotidine 5-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)  
Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)  
Scaffold protein for [4Fe-4S] cluster assembly ApbC, MRP-like  
Uridine kinase (EC 2.7.1.48) [C1]  
AsmA protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Sulfate permease  
Ribonuclease E (EC 3.1.26.12)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi955, Psi2504 and Psi2580  
FIG146278: Maf/YceF/YhdE family protein  
COG1399 protein, clustered with ribosomal protein L32p  
LSU ribosomal protein L32p  
Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)  
Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
Acyl carrier protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)

Aminodeoxychorismate lyase (EC 4.1.3.38)  
FIG004453: protein YceG like  
Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)  
DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)  
Putative deoxyribonuclease YcfH  
PTS system, glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
Probable glutathione S-transferase  
hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
FIG01204550: hypothetical protein  
FIG01202726: hypothetical protein  
Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1) ## cluster 1  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF  
Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)  
Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)  
4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (EC 2.7.1.148)  
Outer membrane lipoprotein LolB precursor  
Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)  
Peptide chain release factor 1  
Methylase of polypeptide chain release factors  
FIG002082: Protein sirB2  
FIG002708: Protein SirB1  
FIG002708: Protein SirB1  
2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
Nitrite transporter from formate/nitrite family  
Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
UDP-sugar hydrolase (EC 3.6.1.45); 5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
FIG01205868: hypothetical protein  
CopG protein  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
HTH-type transcriptional regulator cueR  
COG3118: Thioredoxin domain-containing protein EC-YbbN  
Putative oxidoreductase  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProW (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
Cell division inhibitor  
Phosphodiesterase yfcE (EC 3.1.4.-)  
Phosphodiesterase yfcE (EC 3.1.4.-)  
Transmembrane regulatory protein ToxS  
Transcriptional activator ToxR  
Chaperone protein HtpG  
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)  
Ferrochelatase, protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)

Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)  
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I  
DNA-binding protein HU-beta  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiD (EC 5.2.1.8)  
FIG01204135: hypothetical protein  
DNA uptake protein  
Di/tripeptide permease DtpT  
Transcriptional activator RfaH  
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.4)  
putative Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
N-acetylglucosamine-6P-responsive transcriptional repressor NagC, ROK family  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.70)  
Glutaminyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.18)  
Ferric uptake regulation protein FUR  
FIG01200136: hypothetical protein  
Flavodoxin 1  
FIG01200995: hypothetical protein  
Esterase ybfF (EC 3.1.-.-)  
SeqA protein, negative modulator of initiation of replication  
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)  
FIG042796: Hypothetical protein  
Citrate synthase (si) (EC 2.3.3.1)  
Succinate dehydrogenase cytochrome b-556 subunit  
Succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor protein  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.2)  
Dihydrolipoamide succinyltransferase component (E2) of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.61)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] beta chain (EC 6.2.1.5)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] alpha chain (EC 6.2.1.5)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
DNA-binding response regulator, AraC family  
Ferrous iron transport protein A  
Ferrous iron transport protein B  
Ferrous iron transport protein C  
Phosphate acetyltransferase (EC 2.3.1.8)  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
FIG01206259: hypothetical protein  
Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)  
Protein yecM  
FIG022199: FAD-binding protein

SAM-dependent methyltransferase  
FIG01203478: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[ACP] synthase  
FIG018329: 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
Acyl carrier protein (ACP1)  
Acyl carrier protein (ACP2)  
FIG017861: hypothetical protein  
FIGfam138462: Acyl-CoA synthetase, AMP-(fatty) acid ligase  
(3R)-hydroxymyristoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FIG143263: Glycosyl transferase / Lysophospholipid acyltransferase  
Putative histidine ammonia-lyase protein  
FIG002571: 4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase domain protein  
FIG027190: Putative transmembrane protein  
FIG021862: membrane protein, exporter  
FIG035331: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41) FabV like  
3-hydroxydecanoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
3-oxoacyl-[ACP] reductase (EC 1.1.1.100)  
FIG138576: 3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41)  
Heat shock protein HslJ  
LSU ribosomal protein L25p  
FIG01205529: hypothetical protein  
Helicase-related protein  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
FIG01201345: hypothetical protein  
FIG01206465: hypothetical protein  
FIG01202384: hypothetical protein  
Putative methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
FIG01204757: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Multidrug resistance protein A  
Multidrug resistance protein B  
Ribosomal small subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70) ## SSU Psi516  
MFS family multidrug transport protein, bicyclomycin resistance protein  
FIG01201214: hypothetical protein  
Predicted nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
AttE component of AttEFGH ABC transport system  
AttF component of AttEFGH ABC transport system / AttG component of AttEFGH ABC transport system  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaA type  
Short-chain alcohol dehydrogenase family  
TrkA, Potassium channel-family protein  
Glutaredoxin 1



Phosphogluconate repressor HexR, RpiR family  
Glutamate decarboxylase, eukaryotic type (EC 4.1.1.15)  
FIG01199945: hypothetical protein  
Putative surface protein  
Predicted signal transduction protein  
Regulator of competence-specific genes  
FIG01199724: hypothetical protein  
FIG01200125: hypothetical protein  
Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type IV prepilin peptidase TadV/CpaA  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
FIG01201538: hypothetical protein  
Response regulator VieA  
FIG01201852: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
putative exported protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Sensor histidine kinase (EC 2.7.3.-)  
DNA-binding response regulator  
Sulfatase  
putative exported protein  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
FIG01202983: hypothetical protein  
membrane protein  
FIG01202239: hypothetical protein  
FIG01200684: hypothetical protein  
FIG01201892: hypothetical protein  
FIG01201934: hypothetical protein  
FIG01199938: hypothetical protein  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Biopolymer transport protein ExbD/ToIR  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
MotA/ToIQ/ExbB proton channel family protein  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
Ferrichrome-iron receptor  
Functional role page for Cytochrome c-type protein TorY

Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.)  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Flagellar motor switch protein FliG  
FIG01206220: hypothetical protein  
FIG01204490: hypothetical protein  
Probable two-component system sensor kinase  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
FIG01202334: hypothetical protein  
DNA-binding heavy metal response regulator  
Heavy metal sensor histidine kinase  
Heavy metal sensor histidine kinase  
Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)  
Transcriptional regulator, ArsR family  
FIG01200907: hypothetical protein  
FIG01202372: hypothetical protein  
2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative activity regulator of membrane protease YbbK  
Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit YbbK  
Aerobactin siderophore receptor lutA @ TonB-dependent siderophore receptor  
L-lysine 6-monooxygenase [NADPH] (EC 1.14.13.59), aerobactin biosynthesis protein lucD @ Siderophore biosynthesis protein, monooxygenase  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase small component, alpha subunit  
N6-hydroxylysine O-acetyltransferase (EC 2.3.1.102), aerobactin biosynthesis protein lucB @ Siderophore synthetase small component, acetyltransferase  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase small component, alpha subunit  
Ferric aerobactin ABC transporter, permease component  
Ferric aerobactin ABC transporter, periplasmic substrate binding protein  
Ferric aerobactin ABC transporter, ATPase component  
hypothetical protein  
Putative membrane protein  
Hypothetical protein in aerobactin uptake cluster  
FOG: GGDEF domain  
ATP-dependent RNA helicase DbpA  
Multidrug resistance protein D  
FOG: GGDEF domain  
FOG: GGDEF domain  
ATP-dependent RNA helicase RhIE  
FIG000859: hypothetical protein  
FIG01205944: hypothetical protein  
PilA-like type-IV pilus protein  
FIG01202975: hypothetical protein  
FIG01206895: hypothetical protein  
COG1451: Predicted metal-dependent hydrolase  
NAD glycohydrolase, hvnB; Halovibrin  
Chitin binding protein  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Di- and tricarboxylate transporter

Transcriptional regulator  
Ribonuclease HI, Vibrio paralog  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
hypothetical protein  
Phage integrase  
Phage integrase  
tmRNA-binding protein SmpB  
Putative oligoketide cyclase/lipid transport protein, similarity with yeast ubiquinone-binding protein YOL008W  
UPF0125 protein yjfF  
Outer membrane lipoprotein SmpA, a component of the essential YaeT outer-membrane protein assembly complex  
DNA repair protein RecN  
NAD kinase (EC 2.7.1.23)  
Heat shock protein GrpE  
FIG01207231: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
Chaperone protein DnaJ  
FIG01200084: hypothetical protein  
4Fe-4S ferredoxin, iron-sulfur binding  
Putative protease  
DNA recombination-dependent growth factor C  
Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)  
Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system regulatory protein PhoU  
Uncharacterized low-complexity protein  
FIG01200334: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Accessory colonization factor AcfA  
Protein YgiW precursor  
Cytoplasmic copper homeostasis protein cutC  
Alkyl hydroperoxide reductase subunit C-like protein  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
hypothetical protein  
Malate synthase (EC 2.3.3.9)  
Isocitrate lyase (EC 4.1.3.1)  
Putative acetoin utilization protein AcuB  
S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)  
tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)  
Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecE (TC 3.A.5.1.1)  
UPF0325 protein yaeH  
[Protein-PII] uridylyltransferase (EC 2.7.7.59)  
Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)

SSU ribosomal protein S2p (SAe)  
Translation elongation factor Ts  
Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)  
Ribosome recycling factor  
Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)  
Phosphatidate cytidyltransferase (EC 2.7.7.41)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)  
Membrane-associated zinc metalloprotease  
Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor  
Outer membrane chaperone Skp (OmpH) precursor @ Outer membrane protein H precursor  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)  
Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)  
Ribonuclease HII (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)  
tRNA(Ile)-lysine synthetase  
Cytochrome c553  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01199556: hypothetical protein  
FIG01199992: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)  
Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)  
FIG005121: SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribonuclease HI (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
FIG004599: Hypothetical protein  
FIG01204797: hypothetical protein  
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific (EC 1.3.99.2)  
Phosphoheptose isomerase 1 (EC 5.3.1.-)  
Predicted glutamine amidotransferase  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase (EC 2.1.2.2)  
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (EC 6.3.3.1)  
Uracil phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.9)  
Uracil permease  
FIG01200261: hypothetical protein  
FIG01201104: hypothetical protein  
Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)  
Exported zinc metalloprotease YfgC precursor  
FIG028274: hypothetical protein  
Putative permease PerM (= YfgO)  
Thiol peroxidase, Bcp-type (EC 1.11.1.15)  
Glycine cleavage system transcriptional antiactivator GcvR  
Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)  
Outer membrane protein NlpB, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and YfgL); Lipoprotein  
FIG01201208: hypothetical protein  
FIG009095: D,D-carboxypeptidase family protein  
N-succinyl-L,L-diaminopimelate desuccinylase (EC 3.5.1.18)

FIG138056: a glutathione-dependent thiol reductase  
Uropathogenic specific protein  
FIG01199732: hypothetical protein  
putative outer membrane lipoprotein  
Nitrate/nitrite response regulator protein  
Nitrate/nitrite sensor protein (EC 2.7.3.-)  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Periplasmic nitrate reductase component NapD  
Periplasmic nitrate reductase precursor (EC 1.7.99.4)  
Nitrate reductase cytochrome c550-type subunit  
Cytochrome c-type protein NapC  
FIG01200212: hypothetical protein  
FIG01202431: hypothetical protein  
membrane protein  
FIG01203178: hypothetical protein  
Predicted iron-dependent peroxidase  
PTS system, glucose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)  
Phosphocarrier protein of PTS system  
Cysteine synthase (EC 2.5.1.47)  
Sulfate transporter, CysZ-type  
Cell division protein ZipA  
ATP-dependent RNA helicase VCA0061  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
phosphate-binding protein  
Type III secretion and flagellar regulator RtsA  
SgrR, sugar-phosphate stress, transcriptional activator of SgrS small RNA  
Coproporphyrinogen III oxidase, aerobic (EC 1.3.3.3)  
FIG01204867: hypothetical protein  
FIG01201004: hypothetical protein  
FIG01205022: hypothetical protein  
FIG01201975: hypothetical protein  
conserved domain protein  
conserved domain protein  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
hypothetical protein  
EF hand domain protein  
EF hand domain protein  
conserved domain protein  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpI/VasC  
FIG01199688: hypothetical protein  
putative patatin-like phospholipase  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Putative PTS system, nitrogen regulatory IIA component  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)

PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
Transcriptional regulator, AraC family  
Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FOG: EAL domain  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG020042: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Glycine dehydrogenase [decarboxylating] (glycine cleavage system P protein) (EC 1.4.4.2)  
Glycine cleavage system H protein  
Predicted transcriptional regulator  
Aminomethyltransferase (glycine cleavage system T protein) (EC 2.1.2.10)  
Acyl dehydratase  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiC (EC 5.2.1.8)  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
GMP reductase (EC 1.7.1.7)  
FIG01200851: hypothetical protein  
Transcriptional regulator CdgA  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
MoxR-like ATPase  
Outer membrane receptor protein  
FIG01205454: hypothetical protein  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
FIG01199686: hypothetical protein  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
COG1242: Predicted Fe-S oxidoreductase  
Aerobic respiration control sensor protein arcB (EC 2.7.3.-)  
FIG01199712: hypothetical protein  
Aerobic respiration control protein arcA  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
Homoserine kinase (EC 2.7.1.39)  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Endonuclease IV (EC 3.1.21.2)  
Uracil-DNA glycosylase, family 1  
FIG01200137: hypothetical protein  
FIG01200900: hypothetical protein  
FIG01204643: hypothetical protein  
Sodium/alanine symporter  
UPF0246 protein YaaA  
small-conductance mechanosensitive channel  
Protein of unknown function DUF541  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)

5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (EC 6.3.3.2)  
Z-ring-associated protein ZapA  
FIG001590: Putative conserved exported protein precursor  
2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
FIG01199594: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Folate-dependent protein for Fe/S cluster synthesis/repair in oxidative stress  
YgfY COG2938  
FIG01203022: hypothetical protein  
L-aspartate oxidase (EC 1.4.3.16)  
RNA polymerase sigma factor RpoE  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseA  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseB precursor  
Sigma factor RpoE regulatory protein RseC  
Translation elongation factor LepA  
Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)  
Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)  
GTP-binding protein Era  
DNA recombination and repair protein RecO  
Pyridoxine 5-phosphate synthase (EC 2.6.99.2)  
Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)  
BarA sensory histidine kinase (= VarS = GacS)  
23S rRNA (Uracil-5-) -methyltransferase RumA (EC 2.1.1.-)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase I  
Flagellin protein FlaD  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
CTP synthase (EC 6.3.4.2)  
Enolase (EC 4.2.1.11)  
Cell division protein FtsB  
2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)  
2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)  
tRNA pseudouridine 13 synthase (EC 4.2.1.-)  
5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)  
Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)  
Lipoprotein NlpD  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
Arabinose efflux permease  
nucleoside permease NupC  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Homoserine O-succinyltransferase (EC 2.3.1.46)  
CoA-disulfide reductase (EC 1.8.1.14)  
Predicted transporter component  
Predicted transporter component  
Transcriptional activator of cad operon  
Sodium/alanine symporter  
Lysine/cadaverine antiporter membrane protein CadB  
Lysine decarboxylase (EC 4.1.1.18)  
Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35)

Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
FIG01203841: hypothetical protein  
FIG01206074: hypothetical protein  
Magnesium transporter  
transcriptional regulators, LysR family  
Neopullulanase (EC 3.2.1.135)  
glycogen debranching enzyme-related protein  
FIG01199781: hypothetical protein  
Multiple sugar ABC transporter, ATP-binding protein  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Abi-alpha protein  
hypothetical protein  
FIG01066881: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204493: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01200621: hypothetical protein  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Glutathione S-transferase, unnamed subgroup (EC 2.5.1.18)  
FIG01206777: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
IAA acetyltransferase  
hypothetical protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
hypothetical protein  
transcriptional regulator, MerR family  
NAD(P)H dehydrogenase, quinone family  
YefM protein (antitoxin to YoeB)  
YoeB toxin protein  
SSU ribosomal protein S10p (S20e)  
LSU ribosomal protein L3p (L3e)  
LSU ribosomal protein L4p (L1e)  
LSU ribosomal protein L23p (L23Ae)  
LSU ribosomal protein L2p (L8e)



SSU ribosomal protein S19p (S15e)  
LSU ribosomal protein L22p (L17e)  
SSU ribosomal protein S3p (S3e)  
LSU ribosomal protein L16p (L10e)  
LSU ribosomal protein L29p (L35e)  
SSU ribosomal protein S17p (S11e)  
LSU ribosomal protein L14p (L23e)  
LSU ribosomal protein L24p (L26e)  
LSU ribosomal protein L5p (L11e)  
SSU ribosomal protein S14p (S29e) ## Zinc-independent  
SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)  
LSU ribosomal protein L6p (L9e)  
LSU ribosomal protein L18p (L5e)  
SSU ribosomal protein S5p (S2e)  
LSU ribosomal protein L30p (L7e)  
LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)  
Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)  
LSU ribosomal protein L36p  
SSU ribosomal protein S13p (S18e)  
SSU ribosomal protein S11p (S14e)  
SSU ribosomal protein S4p (S9e)  
DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)  
LSU ribosomal protein L17p  
Fructose-1,6-bisphosphatase, type I (EC 3.1.3.11)  
UDP-N-acetylmuramate:L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.-)  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase UbiX (EC 4.1.1.-)  
Thiamin ABC transporter, substrate-binding component  
Thiamin ABC transporter, transmembrane component  
Thiamin ABC transporter, ATPase component  
RNA polymerase associated protein RapA (EC 3.6.1.-)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Universal stress protein family 3  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
Arginine pathway regulatory protein ArgR, repressor of arg regulon  
Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
farnesyl pyrophosphate synthetase( EC:2.5.1.1,EC:2.5.1.10,EC:2.5.1.29 )  
LSU ribosomal protein L21p  
LSU ribosomal protein L27p  
COG0536: GTP-binding protein Obg  
FIG023911: putative membrane protein  
FIG001826: putative inner membrane protein  
Dihydrofolate reductase (EC 1.5.1.3)  
Bis(5'-nucleosyl)-tetrphosphatase, symmetrical (EC 3.6.1.41)  
Dimethyladenosine transferase (EC 2.1.1.-)  
4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.262)  
Survival protein SurA precursor (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SurA) (EC 5.2.1.8)  
Outer membrane protein Imp, required for envelope biogenesis / Organic solvent tolerance protein precursor  
DnaJ-like protein DjlA

Uncharacterized protein DUF547  
3-isopropylmalate dehydratase small subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydratase large subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydrogenase (EC 1.1.1.85)  
2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)  
Transcriptional regulator, TetR family  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Cation/multidrug efflux pump  
membrane protein  
Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)  
Alanine racemase, biosynthetic (EC 5.1.1.1)  
FIG01200950: hypothetical protein  
Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)  
Chemotaxis protein CheX  
Zinc uptake regulation protein ZUR  
tRNA dihydrouridine synthase A (EC 1.-.-.-)  
ABC-type Fe<sup>3+</sup>-hydroxamate transport system, periplasmic component  
Thymidylate kinase  
Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)  
Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)  
Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)  
FIG01200076: hypothetical protein  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkIB (EC 5.2.1.8)  
Putative cell envelope opacity-associated protein A  
FIG00356385: hypothetical protein  
ElaA protein  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate permease, Trk-type  
Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)  
FIG01200110: hypothetical protein  
FIG01200110: hypothetical protein  
FIG003461: hypothetical protein  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
Predicted zinc-binding protein  
Protein ytfJ precursor  
FIG01201012: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)  
Uncharacterized protein YtfM precursor  
Uncharacterized protein YtfN  
Two component response regulator  
HPT domain containing protein  
FIG01201541: hypothetical protein  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
hypothetical protein

FOG: CheY-like receiver  
Response regulator with TPR repeat  
FIG01205618: hypothetical protein  
FIG01201909: hypothetical protein  
Anti anti-sigma regulatory factor SypA  
Outer membrane protein SypB  
Periplasmic protein SypC involved in polysaccharide export  
Predicted protein SypD  
Response regulator SypE  
Signal transduction histidine kinase SypF  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator SypG  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypH  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypI  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypJ  
Oligosaccharide translocase SypK  
Membrane protein SypL involved in exopolysaccharide production  
Acetyltransferase SypM  
Glycosyltransferase SypN  
Polysaccharide biosynthesis chain length regulator SypO  
Glycosyltransferase SypP  
Glycosyltransferase SypQ  
Sugar transferase SypR involved in lipopolysaccharide synthesis  
GGDEF family protein  
FIG01204588: hypothetical protein  
Glutaredoxin  
FIG01204913: hypothetical protein  
Putative permease precursor  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
Arylesterase precursor (EC 3.1.1.2)  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative magnesium transporter MgtE  
Transcriptional regulator  
N-ethylmaleimide reductase  
Transcriptional regulator, MerR family  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
hypothetical protein  
FIG01205106: hypothetical protein  
Putative phosphatase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203416: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
Transporter  
FIG01204030: hypothetical protein  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA

FIG01202673: hypothetical protein  
possible monoamine oxidase  
Alpha-aspartyl dipeptidase Peptidase E (EC 3.4.13.21)  
RIO1 protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Hypothetical membrane protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01200559: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative periplasmic solute-binding protein  
FIG01199621: hypothetical protein  
ABC transporter permease protein  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
5-methylthioadenosine nucleosidase (EC 3.2.2.16) / S-adenosylhomocysteine nucleosidase (EC 3.2.2.9)  
Adenosylcobinamide-phosphate synthase  
Putative inner membrane protein  
membrane protein  
Putative multidrug resistance protein  
Membrane-fusion protein  
probable iron binding protein from the HesB\_IscA\_SufA family  
Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)  
Predicted permease  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Chitin catabolic cascade sensor histidine kinase ChiS  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 2  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 2  
Glucosamine-link cellobiase (EC 3.2.1.21)  
Glucosamine kinase GpsK (EC 2.7.1.8)  
Beta-N-acetylhexosaminidase, (GlcNAc)<sub>2</sub> catabolism  
Chitobiose phosphorylase (EC 2.4.1.-)  
GlcNAc phosphomutase (EC 5.4.2.3)  
Ferric iron ABC transporter, ATP-binding protein  
Ferric iron ABC transporter, permease protein  
Ferric iron ABC transporter, iron-binding protein  
Ammonium transporter  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01200734: hypothetical protein  
Sugar diacid utilization regulator SdaR  
D-glycerate transporter (predicted)  
Glycerate kinase (EC 2.7.1.31)  
Aconitate hydratase 2 (EC 4.2.1.3)  
putative patatin-like phospholipase  
FIG01200151: hypothetical protein

Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01199926: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Signal recognition particle receptor protein FtsY (=alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)  
Cell division transporter, ATP-binding protein FtsE (TC 3.A.5.1.1)  
Cell division protein FtsX  
RNA polymerase sigma factor RpoH  
Thiosulfate sulfurtransferase GlpE (EC 2.8.1.1)  
GlpG protein (membrane protein of glp regulon)  
Flagellar biosynthesis protein Flil  
Chorismate--pyruvate lyase (EC 4.1.3.40)  
4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.15)  
SOS-response repressor and protease LexA (EC 3.4.21.88)  
O-methyltransferase-related protein  
DNA-damage-inducible protein F  
Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase (EC 1.6.1.1)  
hypothetical protein  
Unsaturated fatty acid biosynthesis repressor FabR, TetR family  
ATPase of the AAA+ class  
tRNA (Uracil54-C5-)-methyltransferase (EC 2.1.1.35)  
Outer membrane vitamin B12 receptor BtuB  
conserved hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii]; COG2102: Predicted ATPases of PP-loop superfamily; IPR002761: Domain of unknown function  
Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)  
RNA-binding protein  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
FIG01200464: hypothetical protein  
Fructosamine kinase family protein, At3g61080 homolog  
Type IIA topoisomerase, B subunit  
Lipoprotein NlpC  
Multidrug efflux pump component MtrF  
Possible sterol desaturase  
Putative cytoplasmic protein  
ROK family protein  
SEC-C motif  
hcp protein  
VgrG protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204476: hypothetical protein  
serine/threonine kinase  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobB / Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA  
ABC-type tungstate transport system, ATP-binding protein  
ABC-type tungstate transport system, permease protein  
ABC-type tungstate transport system, periplasmic binding protein  
Sigma-54 dependent response regulator  
Signal transduction histidine kinase

Signal transduction histidine kinase  
transcriptional regulator  
membrane protein  
Glycine betaine transporter  
FIG01201033: hypothetical protein  
FIG01203262: hypothetical protein  
FIG01200940: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Acetyltransferase  
Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
Rhodanese-related sulfurtransferase  
Msl2237 protein  
Acetyltransferase, GNAT family  
Histone acetyltransferase HPA2  
Probable glutathione S-transferase  
Related to collagenase  
Acetyltransferase  
FIG01200566: hypothetical protein  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
FIG01206020: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein possibly connected to lactam utilization and allophanate hydrolase  
Lactam utilization protein Lamb  
Allophanate hydrolase 2 subunit 1 (EC 3.5.1.54)  
Allophanate hydrolase 2 subunit 2 (EC 3.5.1.54)  
Transporter  
FIG015373: Membrane protein  
FIG001614: Membrane protein  
Pyrrolidone-carboxylate peptidase (EC 3.4.19.3)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
Response regulator receiver: Metal-dependent phosphohydrolase, HD subdomain  
Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)  
FIG01199563: hypothetical protein  
FIG01199721: hypothetical protein  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
Putative formate dehydrogenase-specific chaperone  
Formate dehydrogenase subunit or accessory protein  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase-O, iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2); Putative formate dehydrogenase iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase -O, gamma subunit (EC 1.2.1.2)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00640422: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Integral membrane protein  
Cytotoxic translational repressor of toxin-antitoxin stability system  
hypothetical protein

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00283260: hypothetical protein  
NTP pyrophosphohydrolase including oxidative damage repair enzymes  
ParD protein (antitoxin to ParE)  
Response regulator/GGDEF domain protein  
Alkaline serine protease  
FIG01204783: hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
FIG01199978: hypothetical protein  
Ribosomal-protein-L7p-serine acetyltransferase  
putative acetyltransferase [EC:2.3.1.-] [KO:K03830]  
FIG01205664: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Cellobiose phosphotransferase system YdjC-like protein  
FIG01201669: hypothetical protein  
FIG01202341: hypothetical protein  
Probable homoserine/homoserine lactone efflux protein  
Maltose O-acetyltransferase (EC 2.3.1.79)  
FIG01202504: hypothetical protein  
metal-dependent phosphohydrolase  
putative plasmid-related protein  
Glycine cleavage system transcriptional activator  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
FIG01203878: hypothetical protein  
Carbohydrate Esterase Family 4  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppD (TC 3.A.1.5.2)  
oligopeptide/dipeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide/dipeptide-binding protein  
Peptide ABC transporter, permease component  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
High-affinity choline uptake protein BetT  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
FIG01206772: hypothetical protein  
FIG01205348: hypothetical protein  
Putative BglB-family transcriptional antiterminator  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16)  
L-seryl-tRNA(Sec) selenium transferase-related protein  
Metallo-dependent hydrolases, subgroup B  
Putative inner membrane protein  
Putative inner membrane protein  
Putative cytoplasmic protein  
FIG01203469: hypothetical protein  
FIG01203037: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202266: hypothetical protein

FIG01199638: hypothetical protein  
DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit  
Chromosome segregation ATPase  
Serine/threonine protein kinase  
FIG01206138: hypothetical protein  
Suppression of copper sensitivity: putative copper binding protein ScsA  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsD  
Secreted protein, suppressor for copper-sensitivity ScsC  
Glutathione reductase (EC 1.8.1.7)  
Protein involved in catabolism of external DNA  
Oligopeptidase A (EC 3.4.24.70)  
Frataxin homolog CyaY, facilitates iron supply for heme A synthesis or Fe-S cluster assembly  
lipopeptide  
Diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20)  
Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)  
Protein of unknown function DUF484  
Tyrosine recombinase XerC  
Cof protein, HD superfamily hydrolase  
Lysophospholipase L2 (EC 3.1.1.5)  
Predicted signal transduction protein  
Putative exported protein  
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] (EC 4.1.1.49)  
33 kDa chaperonin (Heat shock protein 33) (HSP33)  
Ribosome-associated heat shock protein implicated in the recycling of the 50S subunit (S4 paralog)  
General secretion pathway protein C  
General secretion pathway protein D  
General secretion pathway protein E  
General secretion pathway protein F  
General secretion pathway protein G  
General secretion pathway protein H  
General secretion pathway protein I  
General secretion pathway protein J  
General secretion pathway protein K  
General secretion pathway protein L  
General secretion pathway protein M  
General secretion pathway protein N  
ADP compounds hydrolase NudE (EC 3.6.1.-)  
3',5'-bisphosphate nucleotidase (EC 3.1.3.7)  
Thioredoxin  
ATP-dependent DNA helicase RecG (EC 3.6.1.-)  
FIG01205384: hypothetical protein  
FIG01199573: hypothetical protein  
Sodium-dependent phosphate transporter  
Transcriptional activator NhaR  
Transcriptional activator HlyU  
SSU ribosomal protein S20p  
Proposed peptidoglycan lipid II flippase MurJ  
Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)



Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)  
Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase slpA (EC 5.2.1.8)  
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)  
Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)  
FIG01200408: hypothetical protein  
Carbamoyl-phosphate synthase small chain (EC 6.3.5.5)  
Carbamoyl-phosphate synthase large chain (EC 6.3.5.5)  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Outer membrane protein OmpU  
Transcription elongation factor GreA  
FIG004454: RNA binding protein  
Cell division protein FtsJ / Ribosomal RNA large subunit methyltransferase J (EC 2.1.1.-)  
Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)  
Dihydropteroate synthase (EC 2.5.1.15)  
Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)  
Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)  
COG0779: clustered with transcription termination protein NusA  
Transcription termination protein NusA  
Translation initiation factor 2  
Ribosome-binding factor A  
tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi55  
SSU ribosomal protein S15p (S13e)  
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)  
Lipoprotein nlp precursor  
Putative protease  
Putative protease  
C-di-GMP phosphodiesterase A-related protein  
Putative lipid carrier protein  
FIG002208: Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
FIG01201991: hypothetical protein  
DNA polymerase III psi subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribosomal-protein-S18p-alanine acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Peptide chain release factor 3  
FIG01200183: hypothetical protein  
Putative deoxyribonuclease YjjV  
Nucleoside permease NupC  
FIG01203171: hypothetical protein  
Deoxyribose-phosphate aldolase (EC 4.1.2.4)  
Thymidine phosphorylase (EC 2.4.2.4)  
Phosphopentomutase (EC 5.4.2.7)  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Smp-like protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
FIG01204048: hypothetical protein  
DNA repair protein RadA  
Translation elongation factor G paralog  
FIG01202619: hypothetical protein  
Cytosine deaminase (EC 3.5.4.1)

Cytosine permease  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
DNA mismatch repair protein MutS  
Protein Implicated in DNA repair function with RecA and MutS  
RecA protein  
Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Carbon storage regulator  
SUA5 protein  
Predicted transcriptional regulator  
Malate synthase-related protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01206375: hypothetical protein  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
anaerobic dehydrogenase  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit A (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit B (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C (EC 1.1.5.3)  
SUA5 protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Choloylglycine hydrolase (EC 3.5.1.24)  
hypothetical protein  
SUA5 protein  
hypothetical protein  
Aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)  
Glycerol-3-phosphate regulon repressor, DeoR family  
Glycerol kinase (EC 2.7.1.30)  
Glycerol uptake facilitator protein  
FIG01206504: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01203100: hypothetical protein  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
Uncharacterized protein ImpA  
lcmF-related protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpA  
Serine/threonine protein kinase  
FIG01200163: hypothetical protein  
pentapeptide repeat family protein  
pentapeptide repeat family protein  
pentapeptide repeat family protein

FIG01200267: hypothetical protein  
FIG01199591: hypothetical protein  
VgrG protein  
hcp protein  
ClpB protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
hypothetical protein  
FIG01204317: hypothetical protein  
FIG01202574: hypothetical protein  
FIG01200990: hypothetical protein  
Hypothetical protein  
FIG01202574: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
MOXR-LIKE ATPASE  
hypothetical protein  
Mg-chelatase subunit ChID  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Potassium channel related protein  
hypothetical protein  
Putative alpha helical protein  
Putative cytoplasmic protein  
hypothetical protein  
Similarity with glutathionylspermidine synthase (EC 6.3.1.8), group 1  
hypothetical protein  
Membrane protein with DUF350 domain  
Alpha-2-macroglobulin  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01205331: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01202748: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01205331: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Choloylglycine hydrolase family  
Possible MocA-family oxidoreductase  
Type III effector HopPmaJ  
Predicted acetyltransferase  
Permease of the major facilitator superfamily  
Transcriptional regulator  
Oligo-1,6-glucosidase (EC 3.2.1.10)

Response regulator  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
FIG01201672: hypothetical protein  
FIG01201095: hypothetical protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01199999: hypothetical protein  
Histone acetyltransferase HPA2  
Hypothetical Zinc-finger containing protein  
Anthranilate phosphoribosyltransferase  
Permease of the major facilitator superfamily  
Multidrug resistance efflux pump  
Transcriptional regulator  
Dethiobiotin synthetase (EC 6.3.3.3)  
Biotin synthesis protein bioC  
8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47)  
Biotin synthase (EC 2.8.1.6)  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
FIG01205610: hypothetical protein  
Ribosomal-protein-S5p-alanine acetyltransferase  
Transcriptional repressor protein TyrR  
COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA  
Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)  
FIG01201504: hypothetical protein  
FIG01202701: hypothetical protein  
Uncharacterized iron-regulated protein  
FIG002577: Putative lipoprotein precursor  
FIG026291: Hypothetical periplasmic protein  
FIG033155: Hypothetical protein  
S-adenosyl-L-methionine dependent methyltransferase, similar to cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase  
FIG001571: Hypothetical protein  
COG2907: Amine oxidase, flavin-containing  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family (EC 1.1.1.-)  
FIG002994: Putative transcriptional regulator  
Transcriptional activator ChrR  
RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily  
Cytochrome c553  
CBSS-345074.3.peg.1627: Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)  
FIG010427: hypothetical protein  
Multidrug resistance protein D  
Transcriptional regulator  
Putative threonine efflux protein  
FIG01201562: hypothetical protein  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Biopolymer transport protein ExbD/ToIR  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB

MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
ABC transporter ATP-binding protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Multidrug resistance protein D  
FIG01203210: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase  
Acetyltransferase  
Transcriptional regulator  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein MalK (EC 3.6.3.19)  
Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Sodium/dicarboxylate symporter  
conserved hypothetical membrane protein  
Glycogen synthase, ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)  
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (EC 2.7.7.27)  
FIG01203631: hypothetical protein  
1,4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme, GH-13-type (EC 2.4.1.18)  
4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)  
Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)  
Transcriptional activator of maltose regulon, MalT  
membrane protein  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
FIG01203975: hypothetical protein  
DNA-3-methyladenine glycosylase (EC 3.2.2.20)  
FIG01204187: hypothetical protein  
Cytochrome oxidase biogenesis protein Sco1/SenC/PrrC, putative copper metallochaperone  
Copper metallochaperone, bacterial analog of Cox17 protein  
Putative membrane protein  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Glutathione S-transferase  
FIG01201883: hypothetical protein  
Utilization protein for unknown catechol-siderophore X  
Catechol siderophore ABC transporter, ATP-binding component  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, substrate-binding protein  
Glutaredoxin  
Proline/sodium symporter PutP (TC 2.A.21.2.1) @ Propionate/sodium symporter  
Delta 1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase domain protein  
Proline dehydrogenase (EC 1.5.99.8) (Proline oxidase) / Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (EC 1.5.1.12)  
Transcriptional regulator, AraC family

FIG01199771: hypothetical protein  
YbbM seven transmembrane helix protein  
Oxidoreductase Tas, aldo/keto reductase family  
FIG01205069: hypothetical protein  
FIG01199747: hypothetical protein  
Agmatinase (EC 3.5.3.11)  
Biosynthetic arginine decarboxylase (EC 4.1.1.19)  
Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (EC 1.1.1.34)  
Outer membrane lipoprotein blc precursor  
hypothetical protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
FIG01203213: hypothetical protein  
Serine/threonine protein kinase  
Succinylarginine dihydrolase (EC 3.5.3.23)  
Predicted manganese transporter, 11 TMS  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
RarD protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Aspartate aminotransferase (AspB-4) (EC 2.6.1.1)  
Zinc carboxypeptidase domain protein  
FIG01206627: hypothetical protein  
5'-nucleotidase surE (EC 3.1.3.5)  
FIG01203538: hypothetical protein  
FIG01204568: hypothetical protein  
putative regulatory protein, ArsR family  
Arsenical-resistance protein ACR3  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204639: hypothetical protein  
Transcriptional activator ToxR  
FIG01203590: hypothetical protein  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
Hydroxylamine reductase (EC 1.7.-.-)  
NADH oxidoreductase hcr (EC 1.-.-.-)  
Cellulose synthase operon protein C  
Endoglucanase precursor (EC 3.2.1.4)  
Cyclic di-GMP binding protein precursor  
Cellulose synthase catalytic subunit [UDP-forming] (EC 2.4.1.12)  
Cellulose synthase, putative  
FIG005274: hypothetical protein  
FIG01200664: hypothetical protein  
FIG002337: predicted inner membrane protein  
FIG01201685: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
putative surface protein  
putative surface protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
Multidrug resistance efflux pump  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01202394: hypothetical protein

Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01203314: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
RND efflux system, membrane fusion protein CmeA  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
FIG01202843: hypothetical protein  
Regulatory protein recX  
ABC transporter ATP-binding protein  
putative ABC transporter  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
Acetyltransferase  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na+)/drug antiporter, MATE family of MDR efflux pumps  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na+)/drug antiporter, MATE family of MDR efflux pumps  
dCMP deaminase (EC 3.5.4.12)  
LuxG, NAD(P)H-dependent FMN reductase (EC 1.5.1.29)  
LuxE, long-chain-fatty-acid ligase (EC 6.2.1.19)  
LuxB, luciferase beta chain (EC 1.14.14.3)  
LuxA, luciferase alpha chain (EC 1.14.14.3)  
LuxD, acyl transferase (EC 2.3.1.-)  
LuxC, acyl-CoA reductase (EC 1.2.1.50)  
Autoinducer synthesis protein LuxI  
Transcriptional activator protein LuxR  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FIG01205745: hypothetical protein  
FIG01204443: hypothetical protein  
membrane protein  
Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases  
Transcriptional regulator, AraC family  
Phospholipid-binding protein  
FIG01201133: hypothetical protein  
FIG01206903: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
N-Acetylneuraminase cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
CbbY family protein  
Lysine exporter protein (LYSE/YGGA) precursor  
FIG01204564: hypothetical protein  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
1-phosphofructokinase (EC 2.7.1.56)  
Fructose-specific phosphocarrier protein HPr (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Fructose repressor FruR, LacI family  
FIG01201600: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Conserved domain protein

FIG01201135: hypothetical protein  
VgrG protein  
Hcp  
FIG01203747: hypothetical protein  
Putative hydrolase of the HAD superfamily  
Putative membrane protein  
hypothetical protein  
FIG01206547: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative resolvase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Recombinase  
Putative membrane protein  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
FIG01204995: hypothetical protein  
radical activating enzyme  
LysR-family transcriptional regulator VCA0830  
FIG01204459: hypothetical protein  
COG0840: Methyl-accepting chemotaxis protein  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Nucleoside permease NupC  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Guanine deaminase (EC 3.5.4.3)  
FIG00519390: hypothetical protein  
ABC-type hemin transport system, ATPase component  
Hemin ABC transporter, permease protein  
Periplasmic hemin-binding protein  
Uncharacterized conserved protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
possible efflux permease  
transcriptional regulators, LysR family  
Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase (EC 2.7.1.68)  
FIG01201749: hypothetical protein  
putative; ORF located using Glimmer/Genemark  
FIG01204328: hypothetical protein  
FIG01206996: hypothetical protein  
Transglycosylase, Slt family  
Glycine cleavage system regulatory protein  
membrane protein  
DNA helicase IV  
Methylglyoxal synthase (EC 4.2.3.3)



Periplasmic protein torT precursor  
Sensor protein torS (EC 2.7.3.-)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
MSHA pilin protein MshB  
putative secreted protein  
Integrase  
Phage integrase  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
FIG01202278: hypothetical protein  
putative transcriptional regulator  
hypothetical protein  
Phage regulatory protein like CII  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
orf7  
hypothetical protein  
FIG01206123: hypothetical protein  
FIG01205923: hypothetical protein  
FIG01199867: hypothetical protein  
putative phage tail protein  
Prophage MuSo2, baseplate assembly protein V  
hypothetical protein  
Phage FluMu protein gp46  
Phage FluMu protein gp47  
hypothetical protein  
Tail fiber protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
L-alanyl-D-glutamate peptidase( EC:3.4.- )  
FIG00370302: hypothetical protein  
VgrG-3 protein  
hypothetical protein  
Phage-related capsid packaging protein  
Phage terminase, ATPase subunit  
Phage capsid scaffolding protein  
Phage major capsid protein  
FIG01201446: hypothetical protein  
FIG01202682: hypothetical protein  
FIG01200780: hypothetical protein  
hypothetical protein  
tail sheath protein  
FIG01204743: hypothetical protein  
putative phage R protein  
putative phage tail protein  
Phage-related protein  
ATPase associated with various cellular activities, AAA\_5  
hypothetical protein  
FIG01203756: hypothetical protein  
FIG01202051: hypothetical protein

Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeB  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 1  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
Putative sodium-dependent transporter  
GTG start codon  
Predicted signal transduction protein  
UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
CysteinyI-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)  
Thymidine kinase (EC 2.7.1.21)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01202189: hypothetical protein  
Pyruvate formate-lyase activating enzyme (EC 1.97.1.4)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
FIG01200042: hypothetical protein  
Arginine/ornithine ABC transporter, ATP-binding protein AotP  
Lysine-arginine-ornithine-binding periplasmic protein precursor (TC 3.A.1.3.1)  
Arginine/ornithine ABC transporter, permease protein AotQ  
Histidine ABC transporter, permease protein HisM (TC 3.A.1.3.1)  
FIG00278448: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Glutaredoxin 2  
Exodeoxyribonuclease III (EC 3.1.11.2)  
hypothetical protein  
Type IV pilus biogenesis protein PilE  
Type IV fimbrial biogenesis protein FimT  
Type IV fimbrial biogenesis protein FimT  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilW  
FIG01200401: hypothetical protein  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilV  
Chromate transport protein ChrA  
LysR-like transcriptional regulator  
putative membrane protein  
2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase (EC 2.3.1.117)  
DNA damage-inducible gene in SOS regulon, dependent on cyclic AMP and H-NS  
Alternative oxidase 2, mitochondrial precursor (EC 1.-.-.-)  
Regulatory protein CysB  
Tellurite resistance protein  
Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5) ## RecC

Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5) ## RecB  
Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5) ## RecD  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
FIG01199956: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase A precursor (EC 3.2.1.-)  
HesA/MoeB/ThiF family protein related to EC-YgdL  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE, sulfur acceptor protein CsdE  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE (EC 2.8.1.7), main protein CsdA  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
COG2363  
Putative RNA 2'-O-ribose methyltransferase mtfA (EC 2.1.1.-)  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
Decarboxylase family protein  
GGDEF domain family protein  
FIG01199812: hypothetical protein  
NADPH dependent preQ0 reductase  
Syd protein  
Zn-ribbon-containing, possibly nucleic-acid-binding protein  
FIG01205033: hypothetical protein  
FIG01204297: hypothetical protein  
PTS system, cellobiose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, cellobiose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Beta-glucosidase (EC 3.2.1.21)  
glucokinase( EC:2.7.1.2 )  
PTS system, cellobiose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Transcriptional regulator, LacI family  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
FIG01201514: hypothetical protein  
FIG01204227: hypothetical protein  
Hypothetical protein YqcC (clustered with tRNA pseudouridine synthase C)  
tRNA pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi65  
FIG01206798: hypothetical protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
FIG01202734: hypothetical protein  
FIG01203909: hypothetical protein  
Transcriptional activator MetR  
5-methyltetrahydropteroyltryglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)  
protein of unknown function UPF0057  
Maltose regulon regulatory protein Mall (repressor for malXY)  
PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8) (CBL) (Beta-cystathionase) (Cysteine lyase) / Maltose regulon modulator  
Putative membrane protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Beta-ketoadipate enol-lactone hydrolase, putative  
Formyltetrahydrofolate deformylase (EC 3.5.1.10)  
DinG family ATP-dependent helicase YoaA  
DinG family ATP-dependent helicase YoaA  
Inactive homolog of metal-dependent proteases, putative molecular chaperone

Chromosome segregation ATPase  
Starvation lipoprotein Slp paralog  
Predicted hydrolase/acyltransferase  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Ribonuclease D (EC 3.1.26.3)  
Cell division topological specificity factor MinE  
Septum site-determining protein MinD  
Septum site-determining protein MinC  
Protein YcgL  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase B (EC 3.2.1.-)  
5-methylaminomethyl-2-thiouridine-forming enzyme mnmC  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASI (EC 2.3.1.41)  
Erythronate-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.290)  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
hypothetical protein  
hypothetical protein-signal peptide prediction  
FIG01206649: hypothetical protein  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
HigA protein (antitoxin to HigB)  
HigB toxin protein  
CcdA protein (antitoxin to CcdB)  
CcdB toxin protein  
FIG01206620: hypothetical protein  
Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)  
N-acetylneuraminic acid outer membrane channel protein NanC  
Choline-sulfatase (EC 3.1.6.6)  
hypothetical protein  
Transcriptional repressor of aga operon  
Tagatose-6-phosphate kinase AgaZ (EC 2.7.1.144)  
Predicted galactosamine-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.-)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IID component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine- and galactosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase (EC 5.3.1.17)  
2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.125)  
FIG01203436: hypothetical protein  
High-affinity iron permease  
Hyaluronate lyase (EC 4.2.2.1)  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
N-acetylgalactosamine 6-sulfate sulfatase (GALNS)  
FIG01205169: hypothetical protein  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.-)  
Tagatose-1,6-bisphosphate aldolase AgaY (EC 4.1.2.-)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)

4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
ThiJ/Pfpl-family thiamine biogenesis protein  
esterase/lipase/thioesterase family active site:lipase (class 3)  
esterase/lipase/thioesterase family active site:lipase (class 3)  
Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444  
ABC-type protease exporter, membrane fusion protein (MFP) family component PrtE/AprE  
FIGfam010717  
GGDEF and EAL domain proteins  
ABC transporter, transmembrane region:ABC transporter:Peptidase C39, bacteriocin processing  
FIGfam020323  
Agglutination protein  
Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)  
Putative membrane protein  
Protease, insulinase family/protease, insulinase family  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
FIG01200315: hypothetical protein  
S-ribosylhomocysteine lyase (EC 4.4.1.21) / Autoinducer-2 production protein LuxS  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
FIG001154: CcsA-related protein  
Signal recognition particle, subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)  
SSU ribosomal protein S16p  
16S rRNA processing protein RimM  
tRNA (Guanine37-N1) -methyltransferase (EC 2.1.1.31)  
LSU ribosomal protein L19p  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43)  
Membrane protein  
FIG01200641: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Transcriptional repressor protein TrpR  
Inosine/xanthosine triphosphatase (EC 3.6.1.-); Hypothetical cytoplasmic protein in cluster with NspS  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Prephenate dehydratase (EC 4.2.1.51)  
Ribosome hibernation protein YfiA  
Probable component of the lipoprotein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfgL, and NlpB)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi1911, Psi1915 and Psi1917  
COG1496: Uncharacterized conserved protein  
ClpB protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
FIG01205913: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00786930: hypothetical protein  
putative acetyltransferase  
FIG01200699: hypothetical protein  
Catalase (EC 1.11.1.6)

FIG01200483: hypothetical protein  
Glutathione-dependent formaldehyde-activating enzyme (EC 4.4.1.22)  
FIG01201895: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11) / Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
Peptidase, M20A family  
FIG01201338: hypothetical protein  
hypothetical protein  
translation initiation inhibitor  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB  
FIG01205289: hypothetical protein  
RTX toxin, putative  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase (EC 1.4.3.5)  
Hypothetical lysR-family transcriptional regulator YdhB  
Putative transport protein  
Predicted polymerase  
ATP-dependent DNA helicase, RecQ family  
Hypothetical protein YaeJ with similarity to translation release factor  
FIG01199726: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.51)  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
Transcriptional regulator, LysR family  
Predicted hydrolase  
Carbamate kinase (EC 2.7.2.2)  
FIG01204067: hypothetical protein  
FIG01204067: hypothetical protein  
FIG01200481: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) associated with ectoine biosynthesis  
L-ectoine synthase (EC 4.2.1.-)  
Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)  
L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator, MarR family  
Probable hydrogenase cytochrome b-type subunit  
FIG01205518: hypothetical protein  
NifU-related domain containing protein  
FIG01204031: hypothetical protein  
Homoserine/homoserine lactone efflux protein  
Transcriptional regulator  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Transporter, LysE family  
TPR repeat containing protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01202623: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel

FIG01205872: hypothetical protein  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
Multidrug resistance protein B  
Multidrug resistance protein A  
FIG01206372: hypothetical protein  
FIG01205722: hypothetical protein  
Outer membrane protein A precursor  
FIG01201942: hypothetical protein  
FIG01200631: hypothetical protein  
Putative SAM-dependent methyltransferases  
hypothetical protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
DUF1706 domain-containing protein  
Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases  
FIG01206097: hypothetical protein  
protein of unknown function DUF6, transmembrane  
acetyl-CoA carboxylase( EC:6.4.1.2 )  
DedA protein  
Outer membrane protein A precursor  
Outer membrane protein A precursor  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein P, transcriptional activator of ToxT promoter  
Sensory box/GGDEF family protein  
Transcriptional regulator CdgA  
FIG01202959: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01204793: hypothetical protein  
FIG01206706: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Sodium/glutamate symporter  
Similar to rod shape-determining protein rodA  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
RNA-binding protein  
Outer membrane protein OmpU  
FIG01203230: hypothetical protein  
Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
Beta N-acetyl-glucosaminidase (EC 3.2.1.52)  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM  
Mlc, transcriptional repressor of MalT (the transcriptional activator of maltose regulon) and manXYZ operon  
Low-specificity L-threonine aldolase (EC 4.1.2.5)  
Putative regulator protein  
FIG01201711: hypothetical protein  
FIG01205634: hypothetical protein

FIG01204762: hypothetical protein  
Protein F-related protein  
Conserved uncharacterized protein CreA  
hypothetical protein  
FIG01200317: hypothetical protein  
FIG01203109: hypothetical protein  
Response regulator  
Sodium/glutamate symporter  
FIG01201932: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
50S ribosomal subunit maturation GTPase RbgA (B. subtilis YlqF)  
FIG01201433: hypothetical protein  
FIG01207387: hypothetical protein  
FOG: EAL domain protein  
FIG01201981: hypothetical protein  
Protein of unknown function DUF785  
Integral membrane protein TerC  
FOG: TPR repeat protein, SEL1 subfamily  
Metal-dependent hydrolase  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), large subunit (EC 1.17.4.2)  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), activating protein (EC 1.97.1.4)  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
FIG008443: hypothetical protein  
Transglycosylase, Slt family  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01199666: hypothetical protein  
FIG01200634: hypothetical protein  
Cobyric acid synthase  
Molybdenum ABC transporter, periplasmic molybdenum-binding protein ModA (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport system permease protein ModB (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport ATP-binding protein ModC (TC 3.A.1.8.1)  
5'-nucleotidase YjjG (EC 3.1.3.5)  
FIG01205013: hypothetical protein  
Nucleoprotein/polynucleotide-associated enzyme  
FIG01202480: hypothetical protein  
Periplasmic nitrate reductase component NapE  
Cytochrome c-type protein TorC  
Trimethylamine-N-oxide reductase (EC 1.6.6.9)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Alpha-1,6-galactosidase, putative  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01202622: hypothetical protein  
SUA5 protein  
Peptide transport system ATP-binding protein sapF (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein SapD (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapC (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapB (TC 3.A.1.5.5)



Peptide transport periplasmic protein sapA (TC 3.A.1.5.5)  
Psp operon transcriptional activator  
Phage shock protein A  
Phage shock protein B  
Phage shock protein C  
Conserved protein YcjX with nucleoside triphosphate hydrolase domain  
Membrane protein YcjF  
Phosphomethylpyrimidine kinase (EC 2.7.4.7)  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, ATPase component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, ATPase component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, transmembrane component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, substrate-binding component  
Thiaminase II (EC 3.5.99.2)  
Hydroxyethylthiazole kinase (EC 2.7.1.50)  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
GGDEF family protein  
FIG01204032: hypothetical protein  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01207208: hypothetical protein  
FIG01204130: hypothetical protein  
Outer membrane protein  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0067 homolog  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0066 homolog  
Hypothetical with regulatory P domain of a subtilisin-like proprotein convertase  
TonB-dependent heme receptor HutR  
TonB-dependent heme receptor HutR  
Protease II (EC 3.4.21.83)  
Organic hydroperoxide resistance transcriptional regulator  
Organic hydroperoxide resistance protein  
FIG01206057: hypothetical protein  
Putative isomerase  
FIG01202599: hypothetical protein  
Putative oxidoreductase  
FIG01203539: hypothetical protein  
FIG01206280: hypothetical protein  
Rtn protein  
Putative chemotactic transducer-related protein  
Putative oxidoreductase  
Evolved beta-D-galactosidase, beta subunit  
Evolved beta-D-galactosidase, alpha subunit  
Evolved beta-D-galactosidase transcriptional repressor  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
Predicted sodium-dependent galactose transporter  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
Galactose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.10)  
Galactokinase (EC 2.7.1.6)  
Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)

Acriflavin resistance protein  
Membrane-fusion protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
FOG: CheY-like receiver  
FOG: CheY-like receiver  
Galactose operon repressor, GalR-LacI family of transcriptional regulators  
tRNA-binding protein YgjH  
Sodium/alanine symporter  
FIG01201946: hypothetical protein  
Putative translation initiation inhibitor  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Histone deacetylase/AcuC/AphA family protein  
Diguanylate cyclase/phosphodiesterase-domain containing protein  
PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)  
MII8244 protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Putative membrane protein  
hypothetical protein  
Outer membrane protein N, non-specific porin  
ATP-dependent RNA helicase VCA0768  
FIG01205322: hypothetical protein  
membrane protein  
corresponds to STY3950 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Multidrug resistance efflux pump  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
GGDEF domain protein  
FIG01202934: hypothetical protein  
Exoribonuclease II (EC 3.1.13.1)  
Cold-shock DEAD-box protein A  
Spermidine N1-acetyltransferase (EC 2.3.1.57)  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01206536: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, ATP-binding protein  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Predicted ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
FIG01206551: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
FIG01202754: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, SorC family

FIG01204056: hypothetical protein  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrA  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrB  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Cytochrome b  
Cytochrome c#39;  
MutT/nudix family protein  
FIG01201411: hypothetical protein  
FIG01200551: hypothetical protein  
Oxidoreductase, aldo/keto reductase family  
Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
FIG01206356: hypothetical protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
FIG015136: hypothetical protein  
Flavodoxin reductases (ferredoxin-NADPH reductases) family 1  
two-component system sensor protein  
Putative two-component response regulator  
Putative lipoprotein  
FIG01205061: hypothetical protein  
FIG01202093: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
FIG01201461: hypothetical protein  
Secreted trypsin-like serine protease  
Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1); Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)  
Phosphotransferase system IIA component  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
FIG00290275: hypothetical protein  
VgrG-3 protein  
VgrG-3 protein  
FIG01206340: hypothetical protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
FIG01202290: hypothetical protein  
FIG01202501: hypothetical protein  
FIG01203968: hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
FIG01202290: hypothetical protein  
FIG01202501: hypothetical protein  
FIG01203968: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II

FIG01201109: hypothetical protein  
DOPA 4,5-dioxygenase( EC:1.14.99.- )  
L-threonine 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.103)  
2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (EC 2.3.1.29)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nedd4 binding protein 2  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01203051: hypothetical protein  
FIG01203051: hypothetical protein  
Substrate-specific component MtsA of methionine-regulated ECF transporter  
Duplicated ATPase component MtsB of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Transmembrane component MtsC of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
FIG01207056: hypothetical protein  
FIG01202314: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
SanA protein  
FIG01205955: hypothetical protein  
NAD-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.38)  
HrpA-like helicase  
Phospholipase A1 precursor (EC 3.1.1.32, EC 3.1.1.4); Outer membrane phospholipase A  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfG, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c552 precursor (EC 1.7.2.2)  
Cytochrome c-type protein NrfB precursor  
NrfC protein  
NrfD protein  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfE, nitrite reductase complex assembly  
Putative thiol:disulfide oxidoreductase, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfF, nitrite reductase complex assembly  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Putative transcriptional regulator LYSR-type  
Phosphatidylglycerophosphatase B (EC 3.1.3.27)  
Long-chain fatty acid transport protein  
acetyltransferase( EC:2.3.1.- )  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Conserved domain protein  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Cdc6-related protein  
FIG01205344: hypothetical protein  
Putative TEGT family carrier/transport protein  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Glutamate Aspartate periplasmic binding protein precursor GltI (TC 3.A.1.3.4)  
Siroheme synthase / Precorrin-2 oxidase (EC 1.3.1.76) / Sirohydrochlorin ferrochelataase (EC 4.99.1.4)  
2-aminoethylphosphonate uptake and metabolism regulator  
FIG01201442: hypothetical protein  
FIG01203123: hypothetical protein

L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
FIG01204165: hypothetical protein  
Fe-S protein, homolog of lactate dehydrogenase SO1521  
FIG01206891: hypothetical protein  
Inosine monophosphate dehydrogenase-related protein  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Uridine phosphorylase (EC 2.4.2.3)  
hypothetical protein  
FIG01203232: hypothetical protein  
FIG01202624: hypothetical protein  
FIG01202313: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
DnaK-related protein  
FIG01200730: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
FIG01199775: hypothetical protein  
L-cystine uptake protein TcyP  
Thiopurine S-methyltransferase (EC 2.1.1.67)  
FIG01203719: hypothetical protein  
RTX toxin, putative  
LSU m5C1962 methyltransferase RlmI  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Acylphosphate phosphohydrolase (EC 3.6.1.7), putative  
tRNA 2-thiouridine synthesizing protein E (EC 2.8.1.-)  
ATP-dependent helicase HrpA  
FIG01204632: hypothetical protein  
Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (EC 6.3.2.6)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutaredoxin  
Predicted polymerase  
FIG01200745: hypothetical protein  
Superfamily II DNA and RNA helicase  
tRNA-(ms[2]io[6]A)-hydroxylase (EC 1.-.-.-)  
FIG01199853: hypothetical protein  
Regulatory protein CysB  
SAM-dependent methyltransferases  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2 (EC 2.1.2.-)  
Amidase  
Cytidine deaminase (EC 3.5.4.5)  
LrgA-associated membrane protein LrgB  
Antiholin-like protein LrgA  
Exodeoxyribonuclease I (EC 3.1.11.1)  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
Mll2374 protein  
Aquaporin Z  
FIG01207133: hypothetical protein

FIG01202677: hypothetical protein  
Predicted metal-dependent hydrolase with the TIM-barrel fold  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203143: hypothetical protein  
Cryptochrome  
FIG01205118: hypothetical protein  
FIG01207000: hypothetical protein  
HipA protein  
HipB protein  
HipB protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Endoribonuclease L-PSP  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
hypothetical protein  
Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19) ## Zinc-requiring, any residue but Pro  
FIG01206249: hypothetical protein  
FIG01205698: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Sodium/glycine symporter GlyP  
Chromosome segregation ATPase  
MATE efflux family protein  
Extracellular deoxyribonuclease Xds  
ATP-dependent DNA ligase  
Ribose operon repressor  
Ribokinase (EC 2.7.1.15)  
Ribose ABC transport system, periplasmic ribose-binding protein RbsB (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, permease protein RbsC (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, ATP-binding protein RbsA (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, high affinity permease RbsD (TC 3.A.1.2.1)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01202497: hypothetical protein  
FIG01201588: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VF1437  
Predicted membrane protein  
putative lipoprotein  
Inner membrane protein YccF  
putative outer membrane lipoprotein  
probable exported protein YPO3233  
FIG01203279: hypothetical protein  
HTH DNA-binding protein  
FIG01200064: hypothetical protein  
Conserved hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
FIG01205112: hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
probable deca-heme c-type cytochrome  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon

hypothetical protein PA3071  
FIG01201357: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Uncharacterized conserved protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
FOG: TPR repeat protein  
Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)  
Dihydrolipoamide dehydrogenase of pyruvate dehydrogenase complex (EC 1.8.1.4)  
Quorum-sensing regulator of virulence HapR  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
FIG01202226: hypothetical protein  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Sulfate permease family protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Pantoate--beta-alanine ligase (EC 6.3.2.1)  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)  
glutamyl-Q-tRNA synthetase  
C4-type zinc finger protein, DksA/TraR family  
Sugar/maltose fermentation stimulation protein homolog  
ATP-dependent helicase HrpB  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
Pantothenate kinase (EC 2.7.1.33)  
Biotin-protein ligase (EC 6.3.4.15) / Biotin operon repressor  
UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)  
Predicted acyltransferase  
CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)  
FIG01200584: hypothetical protein  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
ATPase YjeE, predicted to have essential role in cell wall biosynthesis  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)  
DNA mismatch repair protein MutL  
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (EC 2.5.1.8)  
RNA-binding protein Hfq  
GTP-binding protein HflX  
HflK protein  
HflC protein  
Putative inner membrane protein YjeT (clustered with HflC)  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Sodium-type polar flagellar protein motX  
Flavohemoprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavohemoglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)  
Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR  
3' to 5' exoribonuclease RNase R

23S rRNA (guanosine-2'-O)-methyltransferase rlmB (EC 2.1.1.-)  
SSU ribosomal protein S6p  
Primosomal replication protein N  
SSU ribosomal protein S18p  
LSU ribosomal protein L9p  
5,10-methylenetetrahydrofolate reductase (EC 1.5.1.20)  
Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31)  
Acetylornithine deacetylase (EC 3.5.1.16)  
N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase (EC 1.2.1.38)  
Acetylglutamate kinase (EC 2.7.2.8)  
Argininosuccinate synthase (EC 6.3.4.5)  
Argininosuccinate lyase (EC 4.3.2.1) / N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
hypothetical protein  
Dihydrolipoamide dehydrogenase (EC 1.8.1.4)  
Peroxisomal protein family protein/glutaredoxin  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.)  
Type IV pilus biogenesis protein PilM  
Type IV pilus biogenesis protein PilN  
Type IV pilus biogenesis protein PilO  
Type IV pilus biogenesis protein PilP  
Type IV pilus biogenesis protein PilQ  
Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71)  
3-dehydroquinate synthase (EC 4.2.3.4)  
DamX, an inner membrane protein involved in bile resistance  
Methyl-directed repair DNA adenine methylase (EC 2.1.1.72)  
Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)  
Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)  
tryptophanyl-tRNA synthetase( EC:6.1.1.2 )  
Para-aminobenzoate synthase, amidotransferase component (EC 2.6.1.85)  
Acetylornithine aminotransferase (EC 2.6.1.11) / N-succinyl-L,L-diaminopimelate aminotransferase (EC 2.6.1.17) / Succinylornithine transaminase (EC 2.6.1.18)  
Arginine N-succinyltransferase (EC 2.3.1.109)  
Succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.71)  
FIG008480: hypothetical protein  
Cyclic AMP receptor protein  
OsmC/Ohr family protein  
ATP-dependent hsl protease ATP-binding subunit HslU  
ATP-dependent protease HslV (EC 3.4.25.-)  
Cell division protein FtsN  
Transcriptional (co)regulator CytR  
Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication  
LSU ribosomal protein L31p  
NADP-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.40)  
Maltose operon periplasmic protein MalM  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Glycosidase  
Methionine repressor MetJ  
Cystathionine gamma-synthase (EC 2.5.1.48)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)



Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01200857: hypothetical protein  
Transcriptional regulator LuxZ  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
FIG01202021: hypothetical protein  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Outer membrane protein  
hypothetical protein  
RNA polymerase sigma factor RpoD  
DNA primase (EC 2.7.7.-)  
Transamidase GatB domain protein  
SSU ribosomal protein S21p  
YgjD/Kae1/Qri7 family, required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA  
Acyl-phosphate:glycerol-3-phosphate O-acyltransferase PlsY  
Dihydroneopterin aldolase (EC 4.1.2.25)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)  
tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)  
General secretion pathway protein A  
General secretion pathway protein B  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Probable low-affinity inorganic phosphate transporter  
Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
cAMP-dependent Kef-type K<sup>+</sup> transport system  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutamate-ammonia-ligase adenyltransferase (EC 2.7.7.42)  
ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase  
Type I secretion outer membrane protein, TolC precursor  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
Putative cytoplasmic protein  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Putative esterase, FIGfam005057  
Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)  
Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)  
Outer membrane stress sensor protease DegS  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Putative cytochrome d ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-) (Cytochrome bd-I oxidase subunit III)  
ATPase, AFG1 family  
LSU ribosomal protein L13p (L13Ae)  
SSU ribosomal protein S9p (S16e)  
Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit (EC 1.10.2.2)  
Ubiquinol--cytochrome c reductase, cytochrome B subunit (EC 1.10.2.2)  
ubiquinol cytochrome C oxidoreductase, cytochrome C1 subunit

Stringent starvation protein A  
Stringent starvation protein B  
21 kDa hemolysin precursor  
Phosphoheptose isomerase (EC 5.3.1.-)  
Predicted endonuclease distantly related to archaeal Holliday junction resolvase  
LppC putative lipoprotein  
rRNA small subunit methyltransferase I  
rRNA small subunit methyltransferase H  
Cell division protein FtsL  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)  
Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)  
Cell division protein FtsW  
UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)  
UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)  
Cell division protein FtsQ  
Cell division protein FtsA  
Cell division protein FtsZ (EC 3.4.24.-)  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)  
FIG006972: hypothetical protein  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
Mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoguanine-triphosphatase) (EC 3.6.1.-)  
FIG003276: zinc-binding protein  
FIG002842: hypothetical protein  
Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)  
Leader peptidase (Prepilin peptidase) (EC 3.4.23.43) / N-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Type IV fimbrial assembly, ATPase PilB  
Type IV pilin PilA  
Quinolate phosphoribosyltransferase [decarboxylating] (EC 2.4.2.19)  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28) AmpD  
Transcriptional repressor for pyruvate dehydrogenase complex  
Pyruvate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.1)  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Ferrichrome-binding protein  
FIG01199789: hypothetical protein  
Acetyltransferase  
FIG01204043: hypothetical protein  
Qnr  
FIG01202766: hypothetical protein  
Nucleoside permease NupC  
Transcriptional regulator, LysR family  
NAD-dependent protein deacetylase of SIR2 family  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)

Spermidine Putrescine ABC transporter permease component PotB (TC 3.A.1.11.1)  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Probable proline and glycine rich transmembrane protein gene in bax  
Putative Bax protein  
Hypothetical protein, bax gene locus  
lipoprotein, putative  
lipoprotein, putative  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
cold shock protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
UDP-N-acetylglucosamine 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FIG01205283: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Orfc668-3  
hypothetical protein  
Integron integrase IntIPac  
FIG01205963: hypothetical protein  
FIG01203937: hypothetical protein  
Uncharacterized protein  
FIG01204972: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
hypothetical protein  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01199647: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
Transaldolase (EC 2.2.1.2)  
hypothetical protein  
FIG00290275: hypothetical protein  
Death on curing protein, Doc toxin  
Prevent host death protein, Phd antitoxin  
Lactoylglutathione lyase  
Glyoxalase family protein  
hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase F (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2604  
FIG01204131: hypothetical protein  
ATPase involved in DNA repair  
ATPase involved in DNA repair  
Functional role page for TorCAD operon transcriptional regulatory protein TorR  
Functional role page for Chaperone protein TorD  
Functional role page for Chaperone protein TorD  
Purine nucleotide synthesis repressor  
Positive regulator of competence TfoX  
FIG01200141: hypothetical protein

Predicted methylated DNA-protein cysteine methyltransferase  
Lipoprotein-related protein  
Acyl-CoA thioesterase II (EC 3.1.2.-)  
Putative HTH-type transcriptional regulator ybaO  
Cysteine synthase B (EC 2.5.1.47)  
Queuosine Biosynthesis QueC ATPase  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
hypothetical protein  
FIG001881: hydrolase of alkaline phosphatase superfamily  
FIG002927: hypothetical protein  
Nucleoid-associated protein NdpA  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
Protease IV (EC 3.4.21.-)  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
DNA topoisomerase III (EC 5.99.1.2)  
FIG01203224: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
tRNA-dihydrouridine synthase C (EC 1.-.-.-)  
MSHA pilin protein MshB BUT NOT  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
Periplasmic thiol:disulfide oxidoreductase DsbB, required for DsbA reoxidation  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaB  
Transcriptional regulator for fatty acid degradation FadR, GntR family  
MltA-interacting protein precursor  
DNA-binding protein H-NS  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
FIG01206069: hypothetical protein  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
BarA-associated response regulator UvrY (= GacA = SirA)  
Excinuclease ABC subunit C  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)  
Cytochrome c5  
ATP-dependent DNA helicase Rep  
Transcriptional regulator, TetR family  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
FIG01200701: hypothetical protein  
Ketol-acid reductoisomerase (EC 1.1.1.86)  
HTH-type transcriptional regulator IlvY  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Leu-CAA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Phe-GAA

tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Ser-GGA  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Val-TAC  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Arg-TCT  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Pro-TGG  
tRNA-Pseudo-CGT  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Pro-TGG  
5S RNA  
tRNA-Asp-GTC  
5S RNA  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Leu-GAG  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Ser-GCT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Ser-TGA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Thr-GGT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Gly-GCC  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Cys-GCA

tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Ala-GGC  
tRNA-His-GTG  
tRNA-Arg-CCG  
5S RNA  
tRNA-Thr-GGT  
Large Subunit Ribosomal RNA; lsrRNA; LSU rRNA  
tRNA-Ala-TGC  
tRNA-Ile-GAT  
tRNA-Ala-TGC  
tRNA-Val-TAC  
tRNA-Asp-GTC  
Hypothetical protein YaeJ with similarity to translation release factor  
FIG01199726: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.51)  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
Transcriptional regulator, LysR family  
Predicted hydrolase  
Carbamate kinase (EC 2.7.2.2)  
FIG01199711: hypothetical protein  
FIG01204067: hypothetical protein  
FIG01206927: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein  
FIG01203644: hypothetical protein  
FIG01206754: hypothetical protein  
FIG01204660: hypothetical protein  
FIG01202913: hypothetical protein  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
FIG01200151: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01199926: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Signal recognition particle receptor protein FtsY (=alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)  
Cell division transporter, ATP-binding protein FtsE (TC 3.A.5.1.1)  
Cell division protein FtsX  
RNA polymerase sigma factor RpoH  
Thiosulfate sulfurtransferase GlpE (EC 2.8.1.1)  
GlpG protein (membrane protein of glp regulon)  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Chorismate--pyruvate lyase (EC 4.1.3.40)  
4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.15)  
SOS-response repressor and protease LexA (EC 3.4.21.88)  
O-methyltransferase-related protein  
DNA-damage-inducible protein F

Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase (EC 1.6.1.1)  
hypothetical protein  
Unsaturated fatty acid biosynthesis repressor FabR, TetR family  
ATPase of the AAA+ class  
tRNA (Uracil54-C5-)-methyltransferase (EC 2.1.1.35)  
Outer membrane vitamin B12 receptor BtuB  
conserved hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii]; COG2102: Predicted ATPases of PP-loop superfamily; IPR002761: Domain of unknown function  
Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)  
RNA-binding protein  
FIG01203123: hypothetical protein  
FIG01201442: hypothetical protein  
2-aminoethylphosphonate uptake and metabolism regulator  
Siroheme synthase / Precorrin-2 oxidase (EC 1.3.1.76) / Sirohydrochlorin ferrochelataze (EC 4.99.1.4)  
Glutamate Aspartate periplasmic binding protein precursor GltI (TC 3.A.1.3.4)  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Putative TEGT family carrier/transport protein  
FIG01205344: hypothetical protein  
Cdc6-related protein  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Conserved domain protein  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
acetyltransferase( EC:2.3.1.- )  
Long-chain fatty acid transport protein  
Phosphatidylglycerophosphatase B (EC 3.1.3.27)  
Putative transcriptional regulator LYSR-type  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfF, nitrite reductase complex assembly  
Putative thiol:disulfide oxidoreductase, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfE, nitrite reductase complex assembly  
NrfD protein  
NrfC protein  
Cytochrome c-type protein NrfB precursor  
Cytochrome c552 precursor (EC 1.7.2.2)  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfG, nitrite reductase complex assembly  
Phospholipase A1 precursor (EC 3.1.1.32, EC 3.1.1.4); Outer membrane phospholipase A  
HrpA-like helicase  
HrpA-like helicase  
NAD-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.38)  
FIG01205955: hypothetical protein  
SanA protein  
GGDEF family protein  
FIG01202314: hypothetical protein  
FIG01207056: hypothetical protein  
Transmembrane component MtsC of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Duplicated ATPase component MtsB of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Substrate-specific component MtsA of methionine-regulated ECF transporter

FIG01203051: hypothetical protein  
Functional role page for Chaperone protein TorD  
Functional role page for TorCAD operon transcriptional regulatory protein TorR  
ATPase involved in DNA repair  
FIG01204131: hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase F (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2604  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.)  
ATP-dependent helicase HrpB  
Sugar/maltose fermentation stimulation protein homolog  
C4-type zinc finger protein, DksA/TraR family  
glutamyl-Q-tRNA synthetase  
Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)  
Pantoate--beta-alanine ligase (EC 6.3.2.1)  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
Sulfate permease family protein  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
FIG01202226: hypothetical protein  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
Quorum-sensing regulator of virulence HapR  
Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)  
Putative membrane protein  
Protease, insulinase family/protease, insulinase family  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
FIG01200315: hypothetical protein  
S-ribosylhomocysteine lyase (EC 4.4.1.21) / Autoinducer-2 production protein LuxS  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
FIG001154: CcsA-related protein  
Signal recognition particle, subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)  
SSU ribosomal protein S16p  
16S rRNA processing protein RimM  
tRNA (Guanine37-N1) -methyltransferase (EC 2.1.1.31)  
LSU ribosomal protein L19p  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43)  
Membrane protein  
FIG01200641: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Transcriptional repressor protein TrpR  
Inosine/xanthosine triphosphatase (EC 3.6.1.-); Hypothetical cytoplasmic protein in cluster with NspS  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Prephenate dehydratase (EC 4.2.1.51)  
Ribosome hibernation protein YfiA  
Probable component of the lipoprotein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfgL, and NlpB)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi1911, Psi1915 and Psi1917



COG1496: Uncharacterized conserved protein  
ClpB protein  
FIG01201012: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)  
Uncharacterized protein YtfM precursor  
Uncharacterized protein YtfN  
Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)  
Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)  
Branched-chain amino acid aminotransferase (EC 2.6.1.42)  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
MG(2+) CHELATASE FAMILY PROTEIN / ComM-related protein  
Probable acyltransferase yihG (EC 2.3.-.-)  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
YihE protein, a ser/thr kinase implicated in LPS synthesis and Cpx signalling  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoG, involved in Cu oxidation  
Protein yihD  
FIG01206592: hypothetical protein  
Hypothetical Transcriptional Regulator  
COG1272: Predicted membrane protein hemolysin III homolog  
Potassium uptake protein TrkH  
Trk system potassium uptake protein TrkA  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)  
Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)  
Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)  
Uncharacterized protein with LysM domain, COG1652  
Uncharacterized protein with LysM domain, COG1652  
Rossmann fold nucleotide-binding protein Smf possibly involved in DNA uptake  
Protein of unknown function Smg  
Similar to C-terminal Zn-finger domain of DNA topoisomerase I  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (EC 4.1.1.21)  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (EC 4.1.1.21)  
YrdC/Sua5 family protein, required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA  
Shikimate 5-dehydrogenase I alpha (EC 1.1.1.25)  
FIG01199611: hypothetical protein  
carbonic anhydrase, family 3  
FIG01205069: hypothetical protein  
Oxidoreductase Tas, aldo/keto reductase family  
YbbM seven transmembrane helix protein  
FIG01199771: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Proline dehydrogenase (EC 1.5.99.8) (Proline oxidase) / Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (EC 1.5.1.12)  
Delta 1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase domain protein  
Proline/sodium symporter PutP (TC 2.A.21.2.1) @ Propionate/sodium symporter  
Glutaredoxin  
Catechol siderophore ABC transporter, substrate-binding protein  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, ATP-binding component

Utilization protein for unknown catechol-siderophore X  
FIG01201883: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Putative membrane protein  
Copper metallochaperone, bacterial analog of Cox17 protein  
Cytochrome oxidase biogenesis protein Sco1/SenC/PrrC, putative copper metallochaperone  
FIG01204187: hypothetical protein  
DNA-3-methyladenine glycosylase (EC 3.2.2.20)  
FIG01203975: hypothetical protein  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
membrane protein  
Transcriptional activator of maltose regulon, MalT  
Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)  
4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)  
1,4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme, GH-13-type (EC 2.4.1.18)  
FIG01203631: hypothetical protein  
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (EC 2.7.7.27)  
Glycogen synthase, ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)  
conserved hypothetical membrane protein  
Sodium/dicarboxylate symporter  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)  
Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)  
Maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein MalK (EC 3.6.3.19)  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
Transcription-repair coupling factor  
FIG01200287: hypothetical protein  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolC  
Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolE  
FIG01206169: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01206137: hypothetical protein  
Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)  
6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31), eukaryotic type  
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (EC 1.1.1.44)  
DedA protein  
Outer membrane protein A precursor  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein P, transcriptional activator of ToxT promoter  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein P, transcriptional activator of ToxT promoter  
TcpH  
Sensory box/GGDEF family protein  
Transcriptional regulator CdgA

FIG01202959: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01204793: hypothetical protein  
FIG01206706: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Sodium/glutamate symporter  
Similar to rod shape-determining protein rodA  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
L,D-transpeptidase YcbB  
FIG001587: exported protein  
Asparaginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.22)  
Queuosine biosynthesis QueD, PTPS-I  
Membrane-fusion protein  
Outer membrane protein  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
Macrolide export ATP-binding/permease protein MacB (EC 3.6.3.-)  
FIG01204168: hypothetical protein  
Exonuclease SbcD  
Exonuclease SbcC  
cytosolic long-chain acyl-CoA thioester hydrolase family protein  
FIG01205582: hypothetical protein  
FIG01205582: hypothetical protein  
Tyrosine-specific transport protein  
Tyrosine-specific transport protein  
FIG01201920: hypothetical protein  
FIG01200942: hypothetical protein  
Hypothetical protein, specific for Vibrio  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Serine transporter  
Hypothetical nudix hydrolase YeaB  
Para-aminobenzoate synthase, aminase component (EC 2.6.1.85)  
Fumarate hydratase class I, aerobic (EC 4.2.1.2)  
FIG01205151: hypothetical protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Periplasmic linker protein, putative  
Acriflavin resistance protein  
FIG01202561: hypothetical protein  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8)  
FIG01202104: hypothetical protein  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Iron-regulated protein A precursor  
Probable thiol oxidoreductase with 2 cytochrome c heme-binding sites  
Iron-regulated protein A precursor  
putative exported protein  
Hypothetical metal-binding enzyme, YcbL homolog  
FIG01201983: hypothetical protein  
Ubiquitin-protein ligase

Tyrosine-specific transport protein  
Competence/damage-inducible protein CinA  
Ferredoxin  
FIG01201341: hypothetical protein  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)  
3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase (EC 2.1.1.64)  
DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)  
FIG01201314: hypothetical protein  
FIG01201747: hypothetical protein  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Nedd4 binding protein 2  
Transcriptional regulator, LysR family  
2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (EC 2.3.1.29)  
L-threonine 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.103)  
DOPA 4,5-dioxygenase( EC:1.14.99.- )  
FIG01201109: hypothetical protein  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
FIG01204237: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter, putative  
5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.13)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Serine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.51) / L-alanine:glyoxylate aminotransferase (EC 2.6.1.44)  
Lipid A core-O-antigen ligase  
Excinuclease ABC subunit A  
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)  
FIG01201862: hypothetical protein  
Alpha-D-GlcNAc alpha-1,2-L-rhamnosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Putative glycosyltransferase protein  
SSU ribosomal protein S10p (S20e)  
LSU ribosomal protein L3p (L3e)  
LSU ribosomal protein L4p (L1e)  
LSU ribosomal protein L23p (L23Ae)  
LSU ribosomal protein L2p (L8e)  
SSU ribosomal protein S19p (S15e)  
LSU ribosomal protein L22p (L17e)  
SSU ribosomal protein S3p (S3e)  
LSU ribosomal protein L16p (L10e)  
LSU ribosomal protein L29p (L35e)  
SSU ribosomal protein S17p (S11e)  
LSU ribosomal protein L14p (L23e)  
LSU ribosomal protein L24p (L26e)  
LSU ribosomal protein L5p (L11e)  
SSU ribosomal protein S14p (S29e) ## Zinc-independent  
SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)  
LSU ribosomal protein L6p (L9e)  
LSU ribosomal protein L18p (L5e)  
SSU ribosomal protein S5p (S2e)  
LSU ribosomal protein L30p (L7e)

LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)  
Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)  
LSU ribosomal protein L36p  
SSU ribosomal protein S13p (S18e)  
SSU ribosomal protein S11p (S14e)  
SSU ribosomal protein S4p (S9e)  
DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)  
LSU ribosomal protein L17p  
Fructose-1,6-bisphosphatase, type I (EC 3.1.3.11)  
UDP-N-acetylmuramate:L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.-)  
3-polypropenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase UbiX (EC 4.1.1.-)  
Thiamin ABC transporter, substrate-binding component  
Thiamin ABC transporter, transmembrane component  
Thiamin ABC transporter, ATPase component  
RNA polymerase associated protein RapA (EC 3.6.1.-)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Universal stress protein family 3  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
Arginine pathway regulatory protein ArgR, repressor of arg regulon  
Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
octaprenyl-diphosphate synthase  
LSU ribosomal protein L21p  
LSU ribosomal protein L27p  
COG0536: GTP-binding protein Obg  
FIG023911: putative membrane protein  
FIG001826: putative inner membrane protein  
Dihydrofolate reductase (EC 1.5.1.3)  
Bis(5'-nucleosyl)-tetrphosphatase, symmetrical (EC 3.6.1.41)  
Dimethyladenosine transferase (EC 2.1.1.-)  
4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.262)  
Survival protein SurA precursor (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SurA) (EC 5.2.1.8)  
Outer membrane protein Imp, required for envelope biogenesis / Organic solvent tolerance protein precursor  
DnaJ-like protein DjlA  
Uncharacterized protein DUF547  
3-isopropylmalate dehydratase small subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydratase large subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydrogenase (EC 1.1.1.85)  
2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)  
Putative lipid carrier protein  
FIG002208: Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
FIG01201991: hypothetical protein  
DNA polymerase III psi subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribosomal-protein-S18p-alanine acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Peptide chain release factor 3  
FIG01200183: hypothetical protein  
Putative deoxyribonuclease YjjV  
Nucleoside permease NupC  
FIG01203171: hypothetical protein

Deoxyribose-phosphate aldolase (EC 4.1.2.4)  
Thymidine phosphorylase (EC 2.4.2.4)  
Phosphopentomutase (EC 5.4.2.7)  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Smp-like protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Type IV prepilin peptidase TadV/CpaA  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)  
Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)  
Transcriptional regulatory protein PhoP  
FIG01204048: hypothetical protein  
FIG01204048: hypothetical protein  
DNA repair protein RadA  
Translation elongation factor G paralog  
FIG01202619: hypothetical protein  
Cytosine deaminase (EC 3.5.4.1)  
Cytosine permease  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
DNA mismatch repair protein MutS  
Protein Implicated in DNA repair function with RecA and MutS  
RecA protein  
Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Carbon storage regulator  
NAD synthetase (EC 6.3.1.5)  
COG2827: putative endonuclease containing a URI domain  
Protein of unknown function YceH  
Putative membrane protein precursor  
UPF0265 protein YeeX  
FIG01203816: hypothetical protein  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 2  
FIG01205088: hypothetical protein  
Oxalate/formate antiporter  
Fatty acid cis/trans isomerase  
Fatty acid cis/trans isomerase

FIG01200738: hypothetical protein  
FIG01200738: hypothetical protein  
FIG01202745: hypothetical protein  
FIG01204229: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
Predicted arginine uptake transporter  
FIG01203154: hypothetical protein  
PAS factor  
inner membrane protein, putative  
hypothetical protein  
FIG01206447: hypothetical protein  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
hypothetical protein  
GCN5-related N-acetyltransferase  
GCN5-related N-acetyltransferase  
hypothetical protein  
FIG01206649: hypothetical protein  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)  
FIG01201837: hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
FIG01202322: hypothetical protein  
FIG01200621: hypothetical protein  
FIG01203650: hypothetical protein  
FIG01201180: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01205016: hypothetical protein  
L-lysine permease  
hypothetical protein  
FIG01199747: hypothetical protein  
Agmatinase (EC 3.5.3.11)  
Biosynthetic arginine decarboxylase (EC 4.1.1.19)  
Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (EC 1.1.1.34)  
Outer membrane lipoprotein blc precursor  
hypothetical protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
FIG01203213: hypothetical protein  
Serine/threonine protein kinase  
Serine/threonine protein kinase  
Succinylarginine dihydrolase (EC 3.5.3.23)  
Predicted manganese transporter, 11 TMS  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
RarD protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Aspartate aminotransferase (AspB-4) (EC 2.6.1.1)  
Zinc carboxypeptidase domain protein  
FIG01203538: hypothetical protein  
FIG01204568: hypothetical protein  
putative regulatory protein, ArsR family

Arsenical-resistance protein ACR3  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204639: hypothetical protein  
Transcriptional activator ToxR  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
hypothetical protein  
Hydroxylamine reductase (EC 1.7.-.-)  
Hydroxylamine reductase (EC 1.7.-.-)  
NADH oxidoreductase hcr (EC 1.-.-.-)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
TcpF, toxin co-regulated pilus biosynthesis protein  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein E, anchors TcpT to membrane  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein T, putative ATP-binding translocase of TcpA  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein S  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein D  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein D  
FIG01207094: hypothetical protein  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein C, outer membrane protein  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein Q  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein B  
Toxin co-regulated pilin A  
hypothetical protein  
FIG01203746: hypothetical protein  
Partition protein  
Transcriptional regulator  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Transporter, LysE family  
TPR repeat containing protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01202623: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FIG01205872: hypothetical protein  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
Multidrug resistance protein B  
Multidrug resistance protein A  
FIG01206372: hypothetical protein  
FIG01202542: hypothetical protein  
FIG01205722: hypothetical protein  
Outer membrane protein A precursor  
FIG01201942: hypothetical protein  
FIG01200631: hypothetical protein  
lipoprotein, putative  
lipoprotein, putative  
lipoprotein, putative  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
cold shock protein  
FIG01204081: hypothetical protein



Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
ABC transporter permease protein  
FIG01199621: hypothetical protein  
Putative periplasmic solute-binding protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01200559: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Lysine/cadaverine antiporter membrane protein CadB  
Lysine decarboxylase (EC 4.1.1.18)  
Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35)  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
FIG01203841: hypothetical protein  
FIG01206074: hypothetical protein  
Magnesium transporter  
transcriptional regulators, LysR family  
Neopullulanase (EC 3.2.1.135)  
glycogen debranching enzyme-related protein  
FIG01199781: hypothetical protein  
putative ATPase component, ABC-type sugar transport systems  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Integrase  
hypothetical protein  
FIG01204850: hypothetical protein  
FIG01205283: hypothetical protein  
FIG01205532: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage repressor  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage regulatory protein like CII  
FIG00369749: hypothetical protein  
FIG00198882: hypothetical protein  
FIG00369624: hypothetical protein  
hypothetical protein  
orf7  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01206123: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Exodeoxyribonuclease VIII (EC 3.1.11.-)  
FIG01200708: hypothetical protein  
FIG01204012: hypothetical protein  
hypothetical protein

FIG01199867: hypothetical protein  
putative phage tail protein  
Prophage MuSo2, baseplate assembly protein V  
FIG01203952: hypothetical protein  
Phage FluMu protein gp46  
Phage FluMu protein gp47  
FIG01205717: hypothetical protein  
Tail fiber protein  
FIG01206819: hypothetical protein  
FIG01201430: hypothetical protein  
Lysozyme  
hypothetical protein  
FIG01202246: hypothetical protein  
Phage-related capsid packaging protein  
Phage terminase, ATPase subunit  
Phage capsid scaffolding protein  
Phage major capsid protein  
FIG01201446: hypothetical protein  
FIG01202682: hypothetical protein  
FIG01200780: hypothetical protein  
FIG01205206: hypothetical protein  
tail sheath protein  
FIG01204743: hypothetical protein  
putative phage R protein  
putative phage tail protein  
FIG01201792: hypothetical protein  
Phage Rha protein  
tmRNA-binding protein SmpB  
Putative oligoketide cyclase/lipid transport protein, similarity with yeast ubiquinone-binding protein YOL008W  
UPF0125 protein yjfF  
Outer membrane lipoprotein SmpA, a component of the essential YaeT outer-membrane protein assembly complex  
DNA repair protein RecN  
NAD kinase (EC 2.7.1.23)  
Heat shock protein GrpE  
FIG01207231: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Manganese-dependent inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)  
FIG01205303: hypothetical protein  
FIG01199889: hypothetical protein  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)  
Tetraacyldisaccharide 4-kinase (EC 2.7.1.130)  
UPF0434 protein YcaR  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
Membrane Protein Functionally coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase Functionally Coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
Chromosome partition protein MukF  
Chromosome partition protein MukE

Chromosome partition protein MukB  
DnaJ-related protein  
Sensor protein basS/pmrB (EC 2.7.3.-)  
DNA-binding response regulator  
Chaperone protein DnaK  
Chaperone protein DnaJ  
FIG01200084: hypothetical protein  
4Fe-4S ferredoxin, iron-sulfur binding  
Putative protease  
DNA recombination-dependent growth factor C  
Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)  
Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
RTX toxin, putative  
LSU m5C1962 methyltransferase RlmI  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Acylphosphate phosphohydrolase (EC 3.6.1.7), putative  
tRNA 2-thiouridine synthesizing protein E (EC 2.8.1.-)  
ATP-dependent helicase HrpA  
FIG01204632: hypothetical protein  
Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (EC 6.3.2.6)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutaredoxin  
Predicted polymerase  
FIG01200745: hypothetical protein  
Superfamily II DNA and RNA helicase  
tRNA-(ms[2]io[6]A)-hydroxylase (EC 1.-.-.-)  
FIG01199853: hypothetical protein  
Regulatory protein CysB  
SAM-dependent methyltransferases  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2 (EC 2.1.2.-)  
Amidase  
Cytidine deaminase (EC 3.5.4.5)  
LrgA-associated membrane protein LrgB  
Antiholin-like protein LrgA  
Exodeoxyribonuclease I (EC 3.1.11.1)  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
MII2374 protein  
Aquaporin Z  
FIG01207133: hypothetical protein  
FIG01202677: hypothetical protein  
Predicted metal-dependent hydrolase with the TIM-barrel fold  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203143: hypothetical protein  
FIG01204216: hypothetical protein  
FIG01205118: hypothetical protein

HipA protein  
HipA protein  
HipB protein  
FIG01204826: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
16 kDa heat shock protein A  
DNA helicase IV  
DNA helicase IV  
putative; ORF located using Glimmer/Genemark  
hypothetical protein  
Plasmid-related protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Endoribonuclease L-PSP  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19) ## Zinc-requiring, any residue but Pro  
FIG01206249: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Sodium/glycine symporter GlyP  
Chromosome segregation ATPase  
MATE efflux family protein  
Extracellular deoxyribonuclease Xds  
ATP-dependent DNA ligase  
Ribose operon repressor  
Ribokinase (EC 2.7.1.15)  
Ribose ABC transport system, periplasmic ribose-binding protein RbsB (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, permease protein RbsC (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, ATP-binding protein RbsA (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, high affinity permease RbsD (TC 3.A.1.2.1)  
Transcriptional regulator, Cro/C1 family  
FIG01205471: hypothetical protein  
FIG01202497: hypothetical protein  
FIG01201588: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VF1437  
Predicted membrane protein  
putative lipoprotein  
FIG01203733: hypothetical protein  
Inner membrane protein YccF  
putative outer membrane lipoprotein  
probable exported protein YPO3233  
FIG01203279: hypothetical protein  
HTH DNA-binding protein  
FIG01200064: hypothetical protein  
Conserved hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
FIG01205112: hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
probable deca-heme c-type cytochrome

MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01201357: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Uncharacterized conserved protein  
Uncharacterized conserved protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
FOG: TPR repeat protein  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
FIG01200464: hypothetical protein  
Fructosamine kinase family protein, At3g61080 homolog  
Type IIA topoisomerase, B subunit  
Lipoprotein NlpC  
Multidrug efflux pump component MtrF  
Possible sterol desaturase  
Putative cytoplasmic protein  
ROK family protein  
SEC-C motif  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobB / Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA  
ABC-type tungstate transport system, ATP-binding protein  
ABC-type tungstate transport system, permease protein  
ABC-type tungstate transport system, periplasmic binding protein  
Sigma-54 dependent response regulator  
Signal transduction histidine kinase  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01200518: hypothetical protein  
Beta-1,3-glucosyltransferase  
Beta-1,3-glucosyltransferase  
FIG01204231: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01202624: hypothetical protein  
FIG01202313: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
DnaK-related protein  
FIG01200730: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
FIG01199775: hypothetical protein  
L-cystine uptake protein TcyP  
Thiopurine S-methyltransferase (EC 2.1.1.67)  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5); 3',5'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16); Putative UDP-sugar hydrolase  
Putative transcriptional regulator LYSR-type  
Isoaspartyl dipeptidase (EC 3.4.19.5) @ Asp-X dipeptidase  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
FIG01203719: hypothetical protein

ABC-type heme transport system, ATPase component  
Heme ABC transporter, permease protein  
Periplasmic heme-binding protein  
Biopolymer transport protein ExbD1  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Radical SAM family protein HutW, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, associated with heme uptake  
Putative heme iron utilization protein  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase-related putative heme iron utilization protein  
VgrG protein  
membrane protein, putative  
membrane protein, putative  
FIG01205571: hypothetical protein  
FIG01201997: hypothetical protein  
TonB-dependent heme and hemoglobin receptor HutA ; TonB-dependent heme , ferrichrome receptor  
Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)  
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)  
Integration host factor alpha subunit  
Succinylglutamate desuccinylase (EC 3.5.1.96)  
Oligoendopeptidase F  
UPF0234 protein YajQ  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Phosphoenolpyruvate synthase (EC 2.7.9.2)  
FIG01205501: hypothetical protein  
FIG01203063: hypothetical protein  
GGDEF domain protein  
GGDEF domain protein  
Protease VII (OmpT) precursor (EC 3.4.23.49)  
FIG01200441: hypothetical protein  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
hypothetical protein  
Phosphoenolpyruvate phosphomutase (EC 5.4.2.9)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
FIG01205957: hypothetical protein  
L-sulfolactate dehydrogenase (EC 1.1.1.272) / Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Putative transcriptional regulator  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
lipoprotein, putative  
Acyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.20)  
membrane protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
biphenyl-2,3-diol 1,2-dioxygenase III-related protein  
Glutaredoxin  
COG0398: uncharacterized membrane protein  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
FIG01203641: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump

Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)  
Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)  
Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)  
Error-prone repair protein UmuD  
Cyclohexadienyl dehydratase (EC 4.2.1.51)(EC 4.2.1.91)  
Integral membrane protein  
Translation elongation factor P-related protein  
Protein of unknown function DUF1212  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.-)  
Paraquat-inducible protein B  
Paraquat-inducible protein A  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
COG1956, GAF domain-containing protein  
ProQ: influences osmotic activation of compatible solute ProP  
Tail-specific protease precursor (EC 3.4.21.102)  
FOG: WD40 repeat  
Membrane alanine aminopeptidase N (EC 3.4.11.2)  
FIG01199976: hypothetical protein  
NAD-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.2), large form  
NAD-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.2), large form  
Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)  
FIG01199806: hypothetical protein  
23S rRNA (guanine-N-2-) -methyltransferase rmlL EC 2.1.1.-)  
Thiol-disulfide isomerase and thioredoxin  
ABC transporter ATP-binding protein uup  
FIG01199949: hypothetical protein  
Ribosome modulation factor  
3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
putative dehydrogenase  
Putative lipoprotein  
hypothetical protein  
Sensor histidine kinase/response regulator  
FIG01200925: hypothetical protein  
FIG01199584: hypothetical protein  
Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoQ (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoP (EC 1.9.3.1)  
Putative analog of CcoH, COG3198  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoI; Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoS, involved in heme b insertion  
Heavy-metal-associated domain (N-terminus) and membrane-bounded cytochrome biogenesis cycZ-like domain, possible membrane copper  
Fumarate and nitrate reduction regulatory protein  
Universal stress protein E  
tRNA(Cytosine32)-2-thiocytidine synthetase  
Hypothetical protein, bax gene locus  
Putative Bax protein  
Probable proline and glycine rich transmembrane protein gene in bax

PTS system, glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
hypothetical protein

Sodium-dependent transporter

FIG01204550: hypothetical protein

FIG01202726: hypothetical protein

Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1) ## cluster 1

FIG01206798: hypothetical protein

putative proteinase

Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC

FIG01202734: hypothetical protein

FIG01203909: hypothetical protein

Transcriptional activator MetR

5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)

protein of unknown function UPF0057

Maltose regulon regulatory protein Mall (repressor for malXY)

Maltose regulon regulatory protein Mall (repressor for malXY)

PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.

Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8) (CBL) (Beta-cystathionase) (Cysteine lyase) / Maltose regulon modulator

Putative membrane protein

Transcriptional regulator, AraC family

Beta-ketoadipate enol-lactone hydrolase, putative

Formyltetrahydrofolate deformylase (EC 3.5.1.10)

DinG family ATP-dependent helicase YoaA

Inactive homolog of metal-dependent proteases, putative molecular chaperone

Chromosome segregation ATPase

Starvation lipoprotein Slp paralog

Predicted hydrolase/acyltransferase

Predicted hydrolase/acyltransferase

Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)

Ribonuclease D (EC 3.1.26.3)

Cell division topological specificity factor MinE

Septum site-determining protein MinD

Septum site-determining protein MinC

Protein YcgL

Membrane-bound lytic murein transglycosylase B (EC 3.2.1.-)

5-methylaminomethyl-2-thiouridine-forming enzyme mnmC

3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASI (EC 2.3.1.41)

Erythronate-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.290)

Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)

hypothetical protein

hypothetical protein-signal peptide prediction

FIG001881: hydrolase of alkaline phosphatase superfamily

FIG002927: hypothetical protein

Nucleoid-associated protein NdpA

Methyl-accepting chemotaxis protein

Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC

Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)

L-asparaginase (EC 3.5.1.1)

Protease IV (EC 3.4.21.-)



2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.4)  
putative Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
N-acetylglucosamine-6P-responsive transcriptional repressor NagC, ROK family  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.70)  
Glutaminyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.18)  
Ferric uptake regulation protein FUR  
FIG01200136: hypothetical protein  
Flavodoxin 1  
FIG01200995: hypothetical protein  
Esterase ybfF (EC 3.1.-.-)  
SeqA protein, negative modulator of initiation of replication  
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)  
FIG042796: Hypothetical protein  
Citrate synthase (si) (EC 2.3.3.1)  
Succinate dehydrogenase cytochrome b-556 subunit  
Succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor protein  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.2)  
Dihydrolipoamide succinyltransferase component (E2) of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.61)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] beta chain (EC 6.2.1.5)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] alpha chain (EC 6.2.1.5)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
DNA-binding response regulator, AraC family  
Ferrous iron transport protein A  
Ferrous iron transport protein B  
Ferrous iron transport protein C  
Phosphate acetyltransferase (EC 2.3.1.8)  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
hypothetical protein  
FIG01206259: hypothetical protein  
Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)  
Protein yecM  
FIG022199: FAD-binding protein  
SAM-dependent methyltransferase  
SAM-dependent methyltransferase  
FIG01203478: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[ACP] synthase  
FIG018329: 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
Acyl carrier protein (ACP1)  
Acyl carrier protein (ACP2)  
FIG017861: hypothetical protein  
FIGfam138462: Acyl-CoA synthetase, AMP-(fatty) acid ligase

(3R)-hydroxymyristoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FIG143263: Glycosyl transferase / Lysophospholipid acyltransferase  
Putative histidine ammonia-lyase protein  
FIG002571: 4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase domain protein  
FIG027190: Putative transmembrane protein  
FIG021862: membrane protein, exporter  
FIG035331: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41) FabV like  
3-hydroxydecanoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
3-oxoacyl-[ACP] reductase (EC 1.1.1.100)  
FIG138576: 3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41)  
Heat shock protein HslJ  
LSU ribosomal protein L25p  
FIG01205529: hypothetical protein  
Helicase-related protein  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
FIG01201345: hypothetical protein  
FIG01206465: hypothetical protein  
FIG01202384: hypothetical protein  
FIG01207352: hypothetical protein  
FIG01204925: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Putative methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01201282: hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
FIG01204757: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Multidrug resistance protein A  
Multidrug resistance protein B  
Ribosomal small subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70) ## SSU Psi516  
MFS family multidrug transport protein, bicyclomycin resistance protein  
FIG01201214: hypothetical protein  
Predicted nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
AttE component of AttEFGH ABC transport system  
AttF component of AttEFGH ABC transport system / AttG component of AttEFGH ABC transport system  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaA type  
Short-chain alcohol dehydrogenase family  
TrkA, Potassium channel-family protein  
Glutaredoxin 1  
Phosphogluconate repressor HexR, RpiR family  
Glutamate decarboxylase, eukaryotic type (EC 4.1.1.15)  
Membrane protein YcjF  
Phosphomethylpyrimidine kinase (EC 2.7.4.7)  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, ATPase component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, transmembrane component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, substrate-binding component

Thiaminase II (EC 3.5.99.2)  
Hydroxyethylthiazole kinase (EC 2.7.1.50)  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
GGDEF family protein  
FIG01204032: hypothetical protein  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01207208: hypothetical protein  
FIG01204130: hypothetical protein  
Outer membrane protein  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0067 homolog  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0066 homolog  
Hypothetical with regulatory P domain of a subtilisin-like proprotein convertase  
TonB-dependent heme receptor HutR  
TonB-dependent heme receptor HutR  
Protease II (EC 3.4.21.83)  
Organic hydroperoxide resistance transcriptional regulator  
Organic hydroperoxide resistance protein  
FIG01206057: hypothetical protein  
Putative isomerase  
FIG01202599: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative oxidoreductase  
FIG01206397: hypothetical protein  
FIG01203539: hypothetical protein  
FIG01206280: hypothetical protein  
Rtn protein  
Putative oxidoreductase  
Evolved beta-D-galactosidase, beta subunit  
Evolved beta-D-galactosidase, alpha subunit  
Evolved beta-D-galactosidase transcriptional repressor  
Evolved beta-D-galactosidase transcriptional repressor  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
Predicted sodium-dependent galactose transporter  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
Galactose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.10)  
Galactokinase (EC 2.7.1.6)  
Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)  
Acriflavin resistance protein  
Membrane-fusion protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
FOG: CheY-like receiver  
Galactose operon repressor, GalR-LacI family of transcriptional regulators  
tRNA-binding protein YgjH  
Sodium/alanine symporter  
FIG01201946: hypothetical protein  
Putative translation initiation inhibitor  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein

Histone deacetylase/AcuC/AphA family protein  
Diguanylate cyclase/phosphodiesterase-domain containing protein  
PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)  
MII8244 protein  
LysR-like transcriptional regulator  
Chromate transport protein ChrA  
Type IV pilus biogenesis protein PilE  
Type IV fimbrial biogenesis protein FimT  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilW  
FIG01200401: hypothetical protein  
FIG01200401: hypothetical protein  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilV  
FIG01205665: hypothetical protein  
UDP-N-acetylglucosamine 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FnIB  
UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase (EC 5.1.3.14)  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme Cap5L  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
Lipid carrier : UDP-N-acetylgalactosaminyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Nucleoside-diphosphate sugar epimerase/dehydratase  
Nucleoside-diphosphate sugar epimerase/dehydratase  
UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)  
UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)  
FIG01204021: hypothetical protein  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES  
Heat shock protein 60 family chaperone GroEL  
Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)  
5-carboxymethyl-2-hydroxyruconate delta-isomerase (EC 5.3.3.10)  
FIG01201392: hypothetical protein  
Fructose-1,6-bisphosphatase, GlpX type (EC 3.1.3.11)  
Putative cytoplasmic protein  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19) homolog, function unknown  
FIG01199774: hypothetical protein  
Hydrolase, alpha/beta fold family functionally coupled to Phosphoribulokinase  
FIG01200117: hypothetical protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Putative cytoplasmic protein ,probably associated with Glutathione-regulated potassium-efflux  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD (EC 5.2.1.8)  
Protein slyX  
FOG: WD40 repeat  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FkpA precursor (EC 5.2.1.8)

YheO-like PAS domain  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusD  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusC  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusB  
SSU ribosomal protein S12p (S23e)  
SSU ribosomal protein S7p (S5e)  
hypothetical protein  
Translation elongation factor G  
FIG01206925: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202103: hypothetical protein  
FIG01205831: hypothetical protein  
FIG01205253: hypothetical protein  
RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase)  
conserved hypothetical protein  
FIG01205867: hypothetical protein  
SohB protein, peptidase U7 family  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2605  
N-(3-hydroxybutanoyl)-L- homoserine lactone synthase LuxM  
Autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
YciO family  
COG0613, Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)  
Anthranilate synthase, aminase component (EC 4.1.3.27)  
Anthranilate synthase, amidotransferase component (EC 4.1.3.27)  
Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)  
Indole-3-glycerol phosphate synthase (EC 4.1.1.48) / Phosphoribosylanthranilate isomerase (EC 5.3.1.24)  
Tryptophan synthase beta chain (EC 4.2.1.20)  
Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)  
Proton/glutamate symporter  
Intracellular septation protein IspA  
Acyl-CoA thioesterase YciA, involved in membrane biogenesis  
YciL protein  
FIG01199776: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)  
Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.19) / Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase (EC 3.6.1.31)  
Imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit (EC 4.1.3.-)  
Phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (EC 5.3.1.16)  
Imidazole glycerol phosphate synthase amidotransferase subunit (EC 2.4.2.-)  
Histidinol-phosphatase (EC 3.1.3.15) / Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (EC 4.2.1.19)  
Histidinol-phosphate aminotransferase (EC 2.6.1.9)  
Histidinol dehydrogenase (EC 1.1.1.23)  
ATP phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.17)  
Outer membrane protein  
Outer membrane protein  
ATP-dependent helicase DinG/Rad3

Putative membrane protein YfcA  
Primosomal replication protein N prime prime  
FIG01203677: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpA  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
ClpB protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
FIG01201050: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpI/VasC  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
FIG01199686: hypothetical protein  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
COG1242: Predicted Fe-S oxidoreductase  
Aerobic respiration control sensor protein arcB (EC 2.7.3.-)  
FIG01199712: hypothetical protein  
Aerobic respiration control protein arcA  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
Homoserine kinase (EC 2.7.1.39)  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Endonuclease IV (EC 3.1.21.2)  
Uracil-DNA glycosylase, family 1  
FIG01200137: hypothetical protein  
FIG01200900: hypothetical protein  
FIG01204643: hypothetical protein  
Sodium/alanine symporter  
UPF0246 protein YaaA  
small-conductance mechanosensitive channel  
Protein of unknown function DUF541  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)  
5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (EC 6.3.3.2)  
Z-ring-associated protein ZapA  
FIG001590: Putative conserved exported protein precursor  
2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
FIG01199594: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Folate-dependent protein for Fe/S cluster synthesis/repair in oxidative stress  
YgfY COG2938

FIG01203022: hypothetical protein  
L-aspartate oxidase (EC 1.4.3.16)  
RNA polymerase sigma factor RpoE  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseA  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseB precursor  
Sigma factor RpoE regulatory protein RseC  
Translation elongation factor LepA  
Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)  
Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)  
GTP-binding protein Era  
DNA recombination and repair protein RecO  
Pyridoxine 5-phosphate synthase (EC 2.6.99.2)  
Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)  
BarA sensory histidine kinase (= VarS = GacS)  
23S rRNA (Uracil-5-) -methyltransferase RumA (EC 2.1.1.-)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase I  
Flagellin protein FlaD  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
CTP synthase (EC 6.3.4.2)  
Enolase (EC 4.2.1.11)  
Cell division protein FtsB  
2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)  
2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)  
tRNA pseudouridine 13 synthase (EC 4.2.1.-)  
5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)  
Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)  
Lipoprotein NlpD  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
Arabinose efflux permease  
nucleoside permease NupC  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Homoserine O-succinyltransferase (EC 2.3.1.46)  
Predicted transporter component  
Predicted transporter component  
Transcriptional activator of cad operon  
Sodium/alanine symporter  
Protein ytfJ precursor  
Predicted zinc-binding protein  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
FIG003461: hypothetical protein  
FIG01200110: hypothetical protein  
Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)  
Sulfate permease, Trk-type  
Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)  
2',3'-cyclic-nucleotide 2'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16)  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
ElaA protein

FIG00356385: hypothetical protein  
Putative cell envelope opacity-associated protein A  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkIB (EC 5.2.1.8)  
FIG01200076: hypothetical protein  
Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)  
Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)  
Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)  
Thymidylate kinase  
hypothetical protein  
ABC-type Fe<sup>3+</sup>-hydroxamate transport system, periplasmic component  
tRNA dihydrouridine synthase A (EC 1.-.-.-)  
Zinc uptake regulation protein ZUR  
Chemotaxis protein CheX  
Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)  
hypothetical protein  
FIG01200950: hypothetical protein  
Alanine racemase, biosynthetic (EC 5.1.1.1)  
Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)  
membrane protein  
Cation/multidrug efflux pump  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Transcriptional regulator, TetR family  
PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase (EC 4.2.-.-)  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, RpiR family  
Nonspecific acid phosphatase  
Nonspecific acid phosphatase  
Transcriptional regulator, LysR family  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01204363: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaJ  
ABC transporter, ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
Outer membrane lipoprotein-sorting protein  
Putative protein-S-isoprenylcysteine methyltransferase  
FIG01201364: hypothetical protein  
FIG01203689: hypothetical protein  
pyridoxal phosphate-dependent deaminase, putative  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
BAX protein  
Nucleoside permease NupC  
Transcriptional regulator, LysR family  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UBIE (EC 2.1.1.-)  
Glutamate receptor 1 precursor  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)



Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Accessory colonization factor AcfC  
hypothetical protein  
Lipopolysaccharide heptosyltransferase III (EC 2.4.1.-)  
Sensory box/GGDEF/EAL domain protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
putative exported protein  
putative exported protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203416: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
Transporter  
FIG01204030: hypothetical protein  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
FIG01202673: hypothetical protein  
Alpha-aspartyl dipeptidase Peptidase E (EC 3.4.13.21)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative 2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase  
tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase  
Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif  
FIG000233: metal-dependent hydrolase  
Magnesium and cobalt efflux protein CorC  
Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE  
FIG002095: hypothetical protein  
Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)  
LPS-assembly lipoprotein RlpB precursor (Rare lipoprotein B)  
DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)  
lojap protein  
LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH ## ybeA  
Penicillin-binding protein 2 (PBP-2)  
Rod shape-determining protein RodA  
Rare lipoprotein A precursor  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Proposed lipoate regulatory protein YbeD  
Octanoate-[acyl-carrier-protein]-protein-N-octanoyltransferase  
Lipoate synthase  
Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)  
Glutamate 5-kinase (EC 2.7.2.11)  
FIG01200175: hypothetical protein  
Xanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.22)  
Xanthine/uracil/thiamine/ascorbate permease family protein  
Aminoacyl-histidine dipeptidase (Peptidase D) (EC 3.4.13.3)

Alanine racemase (EC 5.1.1.1)  
DNA polymerase IV (EC 2.7.7.7)  
Probable exported or periplasmic protein in ApbE locus  
Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)  
Cell division protein BolA  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Hypothetical lipoprotein YajG precursor  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiA precursor (EC 5.2.1.8)  
AmpG permease  
Putative exported protein precursor  
2-dehydropantoate 2-reductase (EC 1.1.1.169)  
Protein ThiJ  
Thiamine biosynthesis protein thil  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesyldiphosphate synthase)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)  
Antibiotic biosynthesis monooxygenase  
FIG01204518: hypothetical protein  
Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 2-binding periplasmic protein LuxP precursor  
Phosphatidylglycerophosphatase A (EC 3.1.3.27)  
Thiamine-monophosphate kinase (EC 2.7.4.16)  
Transcription termination protein NusB  
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (EC 2.5.1.9)  
3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26) / 5-amino-6-(5-phosphoribosylamino)uracil reductase (EC 1.1.1.19)  
Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204026: hypothetical protein  
Accessory colonization factor AcfD precursor  
Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)  
membrane protein  
FIG01203221: hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01201688: hypothetical protein

D-glycero-D-manno-heptose 1,7-bisphosphate phosphatase (EC 3.1.1.-)  
Methionine ABC transporter ATP-binding protein  
Methionine ABC transporter permease protein  
Methionine ABC transporter substrate-binding protein  
COG1720: Uncharacterized conserved protein  
Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15) ## Bacterial type  
Nickel ABC transporter, periplasmic nickel-binding protein nikA2 (TC 3.A.1.5.3)  
Dipeptide transport system permease protein DppB (TC 3.A.1.5.2)  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppF (TC 3.A.1.5.2)  
Urease accessory protein UreD  
Urease gamma subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease beta subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease alpha subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease accessory protein UreE  
Urease accessory protein UreF  
Urease accessory protein UreG  
Putative sugar isomerase involved in processing of exogenous sialic acid  
Predicted sialic acid transporter  
N-acetylmannosamine kinase (EC 2.7.1.60)  
N-acetylmannosamine-6-phosphate 2-epimerase (EC 5.1.3.9)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
Sialic acid utilization regulator, RpiR family  
Sialic acid utilization regulator, RpiR family  
N-acetylneuraminase lyase (EC 4.1.3.3)  
FIG01204611: hypothetical protein  
FIG01203253: hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
hypothetical protein sometimes fused to ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
FIG003737: Predicted deacylase  
Transcription elongation factor  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Pressure-regulated ORF-like protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
Phosphoribosylformylglycinamide synthase, synthetase subunit (EC 6.3.5.3) / Phosphoribosylformylglycinamide synthase, glutamine amidotransferase subunit  
hypothetical protein  
Transglycosylase, Slt family  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01202062: hypothetical protein  
tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF  
Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)  
Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)  
4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (EC 2.7.1.148)  
Outer membrane lipoprotein LolB precursor

Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)  
Peptide chain release factor 1  
Methylase of polypeptide chain release factors  
FIG002082: Protein sirB2  
FIG002708: Protein SirB1  
2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system regulatory protein PhoU  
Uncharacterized low-complexity protein  
FIG01200334: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Accessory colonization factor AcfA  
Protein YgiW precursor  
Cytoplasmic copper homeostasis protein cutC  
Alkyl hydroperoxide reductase subunit C-like protein  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Malate synthase (EC 2.3.3.9)  
Isocitrate lyase (EC 4.1.3.1)  
Putative acetoin utilization protein AcuB  
S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)  
tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)  
Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
UPF0325 protein yaeH  
[Protein-PII] uridylyltransferase (EC 2.7.7.59)  
Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)  
SSU ribosomal protein S2p (SAe)  
Translation elongation factor Ts  
Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)  
Ribosome recycling factor  
Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)  
Phosphatidate cytidyltransferase (EC 2.7.7.41)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)  
Membrane-associated zinc metalloprotease  
Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor  
Outer membrane chaperone Skp (OmpH) precursor @ Outer membrane protein H precursor  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)  
Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)  
Ribonuclease HII (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)  
tRNA(Ile)-lysine synthetase  
Cytochrome c553  
Nitrogen regulatory protein P-II

FIG01199556: hypothetical protein  
FIG01199992: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)  
Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)  
FIG005121: SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribonuclease HI (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
FIG01202387: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Outer membrane protein  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
FIG01202995: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01201707: hypothetical protein  
Bacilysin biosynthesis protein BacA  
FIG01202768: hypothetical protein  
FIG01203732: hypothetical protein  
sulfite oxidase homolog  
Transporter, LysE family  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01205676: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
putative exported protein  
putative exported protein  
FIG01207104: hypothetical protein  
Pirin-related protein  
Putative membrane protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative transport protein  
Glutamate decarboxylase (EC 4.1.1.15)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
2-keto-4-pentenoate hydratase (EC 4.2.1.-)  
Threonine efflux protein  
Phosphosugar mutase of unknown sugar (see annotation)  
D-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.28)  
Putative chemotaxis protein CheY  
Sensor histidine kinase  
Transporter, putative  
DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)  
Protein yciN  
DNA-binding response regulator  
Sensor histidine kinase (EC 2.7.3.-)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)

putative exported protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01201852: hypothetical protein  
FIG01201852: hypothetical protein  
Response regulator VieA  
FIG01201538: hypothetical protein  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Type IV prepilin peptidase TadV/CpaA  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
CBSS-345074.3.peg.1627: Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)  
Cytochrome c553  
RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily  
Transcriptional activator ChrR  
FIG002994: Putative transcriptional regulator  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family (EC 1.1.1.-)  
COG2907: Amine oxidase, flavin-containing  
FIG001571: Hypothetical protein  
S-adenosyl-L-methionine dependent methyltransferase, similar to cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase  
FIG033155: Hypothetical protein  
FIG026291: Hypothetical periplasmic protein  
FIG002577: Putative lipoprotein precursor  
Uncharacterized iron-regulated protein  
FIG01202701: hypothetical protein  
FIG01201504: hypothetical protein  
Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)  
COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA  
COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA  
Transcriptional repressor protein TyrR  
Ribosomal-protein-S5p-alanine acetyltransferase  
FIG01205610: hypothetical protein  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
Biotin synthase (EC 2.8.1.6)  
8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47)  
Biotin synthesis protein bioC  
Dethiobiotin synthetase (EC 6.3.3.3)  
Transcriptional regulator  
Multidrug resistance efflux pump

Permease of the major facilitator superfamily  
Anthranilate phosphoribosyltransferase  
Hypothetical Zinc-finger containing protein  
Histone acetyltransferase HPA2  
FIG01199999: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
FIG01201095: hypothetical protein  
FIG01201672: hypothetical protein  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
Response regulator  
Glucan 1,6-alpha-glucosidase (EC 3.2.1.70)  
Transcriptional regulator  
Permease of the major facilitator superfamily  
Predicted acetyltransferase  
Type III effector HopPmaJ  
Possible MocA-family oxidoreductase  
Choloylglycine hydrolase family  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
FIG01205331: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01202748: hypothetical protein  
Sodium-dependent phosphate transporter  
hypothetical protein  
Transcriptional activator NhaR  
Transcriptional activator HlyU  
SSU ribosomal protein S20p  
Proposed peptidoglycan lipid II flippase MurJ  
Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)  
Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)  
Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase slpA (EC 5.2.1.8)  
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)  
Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)  
FIG01200408: hypothetical protein  
Carbamoyl-phosphate synthase small chain (EC 6.3.5.5)  
Carbamoyl-phosphate synthase large chain (EC 6.3.5.5)  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Outer membrane protein OmpU  
Transcription elongation factor GreA  
FIG004454: RNA binding protein  
Cell division protein FtsJ / Ribosomal RNA large subunit methyltransferase J (EC 2.1.1.-)  
Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)  
Dihydropteroate synthase (EC 2.5.1.15)  
Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)  
Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)  
COG0779: clustered with transcription termination protein NusA

Transcription termination protein NusA  
Translation initiation factor 2  
Ribosome-binding factor A  
tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi55  
SSU ribosomal protein S15p (S13e)  
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)  
Lipoprotein nlp precursor  
Putative protease  
Putative protease  
C-di-GMP phosphodiesterase A-related protein  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
FIG01203762: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01205890: hypothetical protein  
putative chloramphenicol 3-O phosphotransferase  
Glyoxalase family protein  
FIG01206745: hypothetical protein  
FIG01203576: hypothetical protein  
FIG01201925: hypothetical protein  
FIG01207212: hypothetical protein  
Acetyltransferase, GNAT family (EC 2.3.1.-)  
transcriptional regulator, LysR family  
FIG01207332: hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Death on curing protein, Doc toxin  
Prevent host death protein, Phd antitoxin  
hypothetical protein  
FIG01204292: hypothetical protein  
FIG01204359: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Putative membrane protein  
ATP-dependent RNA helicase VCA0768  
ATP-dependent RNA helicase VCA0768  
FIG01205322: hypothetical protein  
membrane protein  
corresponds to STY3950 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Multidrug resistance efflux pump  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
GGDEF domain protein  
FIG01202934: hypothetical protein  
Exoribonuclease II (EC 3.1.13.1)  
Cold-shock DEAD-box protein A  
Spermidine N1-acetyltransferase (EC 2.3.1.57)  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01206536: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein



Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, ATP-binding protein  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Predicted ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
FIG01206551: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
FIG01202754: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, SorC family  
FIG01204056: hypothetical protein  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrA  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrB  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Cytochrome b  
Cytochrome c;  
MutT/nudix family protein  
FIG01201411: hypothetical protein  
FIG01200551: hypothetical protein  
Oxidoreductase, aldo/keto reductase family  
Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
FIG01205454: hypothetical protein  
Outer membrane receptor protein  
MoxR-like ATPase  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
Transcriptional regulator CdgA  
FIG01200851: hypothetical protein  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme Cap5H; O-acetyl transferase  
GMP reductase (EC 1.7.1.7)  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiC (EC 5.2.1.8)  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Acyl dehydratase  
Aminomethyltransferase (glycine cleavage system T protein) (EC 2.1.2.10)  
Predicted transcriptional regulator  
Glycine cleavage system H protein  
Glycine dehydrogenase [decarboxylating] (glycine cleavage system P protein) (EC 1.4.4.2)  
FIG01204121: hypothetical protein  
FIG01205883: hypothetical protein  
FOG: EAL domain  
Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, AraC family  
hypothetical protein  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)

Putative PTS system, nitrogen regulatory IIA component  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
putative patatin-like phospholipase  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01204237: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
YaeQ protein  
FIG01204326: hypothetical protein  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Choline-glycine betaine transporter  
hypothetical protein  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
FIG01206905: hypothetical protein  
Di/tripeptide permease DtpB  
Helix-turn-helix motif  
FIG01200434: hypothetical protein  
FIG01205843: hypothetical protein  
Protein of unknown function DUF785  
Integral membrane protein TerC  
FOG: TPR repeat protein, SEL1 subfamily  
Metal-dependent hydrolase  
Metal-dependent hydrolase  
Metal-dependent hydrolase  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), large subunit (EC 1.17.4.2)  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), activating protein (EC 1.97.1.4)  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
FIG008443: hypothetical protein  
Transglycosylase, Slt family  
Transglycosylase, Slt family  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01199666: hypothetical protein  
FIG01200634: hypothetical protein  
Cobyric acid synthase  
Molybdenum ABC transporter, periplasmic molybdenum-binding protein ModA (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport system permease protein ModB (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport ATP-binding protein ModC (TC 3.A.1.8.1)  
5'-nucleotidase YjjG (EC 3.1.3.5)  
FIG01205013: hypothetical protein  
Nucleoprotein/polynucleotide-associated enzyme  
Alternative oxidase 2, mitochondrial precursor (EC 1.-.-.-)  
Regulatory protein CysB  
Tellurite resistance protein  
Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5) ## RecC  
Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5) ## RecB  
Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5) ## RecD  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
FIG01199956: hypothetical protein

Membrane-bound lytic murein transglycosylase A precursor (EC 3.2.1.-)  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase A precursor (EC 3.2.1.-)  
HesA/MoeB/ThiF family protein related to EC-YgdL  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE, sulfur acceptor protein CsdE  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE (EC 2.8.1.7), main protein CsdA  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
COG2363  
Putative RNA 2'-O-ribose methyltransferase mtfA (EC 2.1.1.-)  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
Decarboxylase family protein  
GGDEF domain family protein  
FIG01199812: hypothetical protein  
NADPH dependent preQ0 reductase  
Syd protein  
Zn-ribbon-containing, possibly nucleic-acid-binding protein  
FIG01205033: hypothetical protein  
FIG01204297: hypothetical protein  
PTS system, cellobiose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, cellobiose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Beta-glucosidase (EC 3.2.1.21)  
glucokinase( EC:2.7.1.2 )  
PTS system, cellobiose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Transcriptional regulator, LacI family  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
FIG01201514: hypothetical protein  
FIG01204227: hypothetical protein  
Hypothetical protein YqcC (clustered with tRNA pseudouridine synthase C)  
tRNA pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi65  
Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)  
tRNA:Cm32/Um32 methyltransferase  
Iron-sulfur cluster regulator IscR  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), IscS subfamily  
Iron-sulfur cluster assembly scaffold protein IscU  
Iron binding protein IscA for iron-sulfur cluster assembly  
Chaperone protein HscB  
Chaperone protein HscA  
Ferrodoxin, 2Fe-2S  
Believed to be involved in assembly of Fe-S clusters  
Peptidase B (EC 3.4.11.23)  
Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)  
Type IV pilus biogenesis protein PilF  
FIG021952: putative membrane protein  
1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)  
Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)  
Mlr7403 protein @ FIG001046: putative membrane protein  
Outer membrane protein YfgL, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and NlpB)  
GTP-binding protein EngA  
Predicted metal-dependent hydrolase

Hypothetical protein yfgJ  
Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)  
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)  
GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)  
Aminobenzoyl-glutamate transport protein  
YheO-like PAS domain  
Putative inner membrane protein  
Endoribonuclease L-PSP  
Serine transporter  
S-formylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.12)  
Protein HI1394  
Zn-dependent protease  
putative SpoOM-related protein  
FIG01203870: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01204958: hypothetical protein  
Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)  
Translation initiation factor 3  
LSU ribosomal protein L35p  
LSU ribosomal protein L20p  
FIG01205421: hypothetical protein  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
Proton/sodium-glutamate symport protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203293: hypothetical protein  
FIG01206529: hypothetical protein  
Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
Beta N-acetyl-glucosaminidase (EC 3.2.1.52)  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM  
Mlc, transcriptional repressor of MalT (the transcriptional activator of maltose regulon) and manXYZ operon  
Low-specificity L-threonine aldolase (EC 4.1.2.5)  
Putative regulator protein  
FIG01201711: hypothetical protein  
FIG01205634: hypothetical protein  
FIG01204762: hypothetical protein  
Protein F-related protein  
Conserved uncharacterized protein CreA  
hypothetical protein  
FIG01200317: hypothetical protein  
FIG01203109: hypothetical protein  
Response regulator  
Response regulator  
Sodium/glutamate symporter  
FIG01201932: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
50S ribosomal subunit maturation GTPase RbgA (B. subtilis YlqF)  
Phage integrase

Phage integrase  
FIG01205444: hypothetical protein  
FIG01200729: hypothetical protein  
FIG01206369: hypothetical protein  
FIG01200269: hypothetical protein  
FIG01203065: hypothetical protein  
FIG01200543: hypothetical protein  
FIG01203968: hypothetical protein  
FIG01202501: hypothetical protein  
FIG01202290: hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
Transcriptional regulator  
Ribonuclease HI, Vibrio paralog  
Transcriptional regulator, AraC family  
Sensory box/GGDEF family protein  
methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Ribosyl nicotinamide transporter, PnuC-like  
N-RibosylNicotinamide phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Predicted N-ribosylNicotinamide CRP-like regulator  
hypothetical protein  
FIG01203873: hypothetical protein  
putative phage protein  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
FIG01207015: hypothetical protein  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
FIG01204189: hypothetical protein  
RIO1 protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Hypothetical membrane protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01204483: hypothetical protein  
FIG01202311: hypothetical protein  
translation initiation inhibitor  
FIG01201338: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Peptidase, M20A family  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11) / Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
FIG01201895: hypothetical protein  
Glutathione-dependent formaldehyde-activating enzyme (EC 4.4.1.22)  
FIG01200483: hypothetical protein  
Catalase (EC 1.11.1.6)  
FIG01205162: hypothetical protein  
FIG01200699: hypothetical protein  
FIG01203956: hypothetical protein

Spindolin-related protein  
FIG01204145: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
corresponds to STY3948 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
Probable GTPase related to EngC  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
hypothetical protein  
FIG01205695: hypothetical protein  
FIG01204543: hypothetical protein  
FIG01206007: hypothetical protein  
Di-/tripeptide transporter  
FIG01203996: hypothetical protein  
Enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein  
Transcriptional regulator  
Transcriptional regulator, MarR family  
no significant database hits  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Putative efflux protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, LysR family  
Conserved domain protein  
FIG01204184: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Alkyl sulfatase (EC 3.1.6.-)  
FIG01200057: hypothetical protein  
Putative ATP-binding protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Hexose phosphate uptake regulatory protein UhpC  
Sensor histidine protein kinase UhpB, glucose-6-phosphate specific (EC 2.7.13.3)  
Transcriptional regulatory protein UhpA  
Hexose phosphate transport protein UhpT  
Transcriptional regulator, TetR family  
COG0845: Membrane-fusion protein  
Membrane-fusion protein  
Acriflavin resistance protein  
conserved hypothetical protein  
FIG01202092: hypothetical protein  
Transporter  
FIG01204528: hypothetical protein  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Transcriptional regulator  
Transcriptional regulator, Cro/C1 family  
hypothetical membrane protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
GGDEF family protein  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
putative transcriptional regulator, LysR family

DNA for 25-36 DEGREE region containing the AMYE-SRFA region, complete CDS

Transcriptional regulator

Acetyltransferase

Lactoylglutathione lyase

FIG01203210: hypothetical protein

ABC transporter ATP-binding protein

PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.

Transcriptional regulator, AraC family

Ferrichrome-iron receptor

Ferrichrome transport ATP-binding protein FhuC (TC 3.A.1.14.3)

Ferrichrome-binding periplasmic protein precursor (TC 3.A.1.14.3)

Ferrichrome transport system permease protein FhuB (TC 3.A.1.14.3)

TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase

MotA/ToIQ/ExbB proton channel family protein

Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB

Biopolymer transport protein ExbD/ToIR

Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB

TPR domain protein, putative component of TonB system

putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family

FIG01201562: hypothetical protein

Putative threonine efflux protein

Transcriptional regulator

Multidrug resistance protein D

FIG010427: hypothetical protein

Anti anti-sigma regulatory factor SypA

Outer membrane protein SypB

Periplasmic protein SypC involved in polysaccharide export

Predicted protein SypD

Response regulator SypE

Signal transduction histidine kinase SypF

Sigma-54 dependent transcriptional regulator SypG

Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypH

Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypI

Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypJ

Oligosaccharide translocase SypK

Membrane protein SypL involved in exopolysaccharide production

Acetyltransferase SypM

Glycosyltransferase SypN

Polysaccharide biosynthesis chain length regulator SypO

Glycosyltransferase SypP

Glycosyltransferase SypQ

Sugar transferase SypR involved in lipopolysaccharide synthesis

GGDEF family protein

FIG01204588: hypothetical protein

Glutaredoxin

FIG01204913: hypothetical protein

Putative permease precursor

ABC transporter ATP-binding protein YvcR

Arylesterase precursor (EC 3.1.1.2)

Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative magnesium transporter MgtE  
Transcriptional regulator  
N-ethylmaleimide reductase  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1) / Osmotic adaptation  
universal stress protein family  
Sulfate permease  
Transcriptional regulator, MerR family  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01205106: hypothetical protein  
Putative phosphatase  
Nematicidal protein 2  
Nematicidal protein 2  
hypothetical protein  
FIG01207189: hypothetical protein  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
transcriptional regulator  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) associated with ectoine biosynthesis  
L-ectoine synthase (EC 4.2.1.-)  
Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)  
L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator, MarR family  
Probable hydrogenase cytochrome b-type subunit  
FIG01205518: hypothetical protein  
NifU-related domain containing protein  
FIG01204031: hypothetical protein  
Homoserine/homoserine lactone efflux protein  
FIG01201909: hypothetical protein  
FIG01205618: hypothetical protein  
Response regulator with TPR repeat  
FOG: CheY-like receiver  
tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)  
General secretion pathway protein A  
General secretion pathway protein B  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Probable low-affinity inorganic phosphate transporter  
Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
cAMP-dependent Kef-type K<sup>+</sup> transport system  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Glutamate-ammonia-ligase adenyltransferase (EC 2.7.7.42)  
ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase  
Type I secretion outer membrane protein, TolC precursor  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
Putative cytoplasmic protein  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Putative esterase, FIGfam005057



Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)  
Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)  
Outer membrane stress sensor protease DegS  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Putative cytochrome d ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-) (Cytochrome bd-I oxidase subunit III)  
ATPase, AFG1 family  
ATPase, AFG1 family  
LSU ribosomal protein L13p (L13Ae)  
SSU ribosomal protein S9p (S16e)  
Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit (EC 1.10.2.2)  
Ubiquinol-cytochrome c reductase, cytochrome B subunit (EC 1.10.2.2)  
ubiquinol cytochrome C oxidoreductase, cytochrome C1 subunit  
Stringent starvation protein A  
Stringent starvation protein B  
21 kDa hemolysin precursor  
Phosphoheptose isomerase (EC 5.3.1.-)  
Predicted endonuclease distantly related to archaeal Holliday junction resolvase  
LppC putative lipoprotein  
rRNA small subunit methyltransferase I  
rRNA small subunit methyltransferase H  
Cell division protein FtsL  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)  
Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)  
Cell division protein FtsW  
UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)  
UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)  
Cell division protein FtsQ  
Cell division protein FtsA  
Cell division protein FtsZ (EC 3.4.24.-)  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)  
FIG006972: hypothetical protein  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
Mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoguanine-triphosphatase) (EC 3.6.1.-)  
FIG003276: zinc-binding protein  
FIG002842: hypothetical protein  
Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)  
Leader peptidase (Prepilin peptidase) (EC 3.4.23.43) / N-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Type IV fimbrial assembly, ATPase PilB  
Type IV pilin PilA  
Quinolinate phosphoribosyltransferase [decarboxylating] (EC 2.4.2.19)  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28) AmpD  
Transcriptional repressor for pyruvate dehydrogenase complex  
Pyruvate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.1)  
Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)  
Dihydrolipoamide dehydrogenase of pyruvate dehydrogenase complex (EC 1.8.1.4)

Methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative activity regulator of membrane protease YbbK  
Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit YbbK  
Aerobactin siderophore receptor lutA @ TonB-dependent siderophore receptor  
L-lysine 6-monooxygenase [NADPH] (EC 1.14.13.59), aerobactin biosynthesis protein lucD @ Siderophore biosynthesis protein, monooxygenase  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase small component, alpha subunit  
N6-hydroxylysine O-acetyltransferase (EC 2.3.1.102), aerobactin biosynthesis protein lucB @ Siderophore synthetase small component, acetyltransferase  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase small component, alpha subunit  
Ferric aerobactin ABC transporter, permease component  
Ferric aerobactin ABC transporter, periplasmic substrate binding protein  
Ferric aerobactin ABC transporter, ATPase component  
Putative membrane protein  
Hypothetical protein in aerobactin uptake cluster  
FOG: GGDEF domain  
ATP-dependent RNA helicase DbpA  
Multidrug resistance protein D  
FOG: GGDEF domain  
FOG: GGDEF domain  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
FIG000859: hypothetical protein  
PilA-like type-IV pilus protein  
FIG01202975: hypothetical protein  
FIG01206895: hypothetical protein  
COG1451: Predicted metal-dependent hydrolase  
NAD glycohydrolase, hvnB; Halovibrin  
Chitin binding protein  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Di- and tricarboxylate transporter  
FIG01204115: hypothetical protein  
FIG01206263: hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Type II restriction-modification system methylation subunit  
putative type II restriction endonuclease  
FIG01205965: hypothetical protein  
FIG01200718: hypothetical protein  
FIG01205353: hypothetical protein  
Putative membrane protein precursor  
PTS system, IIA component  
Putative integral membrane protein  
PTS system, IIB component (EC 2.7.1.69)  
FIG01200936: hypothetical protein  
FIG01203318: hypothetical protein  
Phage shock protein E  
Di/tripeptide permease DtpA  
Di/tripeptide permease YbgH  
putative NADH-dependent flavin oxidoreductase  
FIG01201247: hypothetical protein  
FIG01202516: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)

2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family  
Predicted acetyltransferase  
Predicted acetyltransferase  
Transcriptional regulator, MerR family  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
FIG01203150: hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
FIG01200019: hypothetical protein  
FIG01206538: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
Beta-mannosidase (EC 3.2.1.25)  
Transcriptional regulator  
FIG01201484: hypothetical protein  
Tetrathionate reductase two-component response regulator  
Tetrathionate reductase sensory transduction histidine kinase  
Thiosulfate sulfurtransferase, rhodanese (EC 2.8.1.1)  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
putative reductase  
DedA family inner membrane protein YdjX  
ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein YnjB  
ABC transporter, permease protein YnjC  
ABC transporter, ATP-binding protein YnjD  
Putative phosphatidylglycerophosphate synthase  
Guanine-hypoxanthine permease  
Aerotaxis sensor receptor protein  
Oligoendopeptidase F  
astacin protease  
astacin protease  
FIG01199967: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Outer membrane protein RomA  
Gamma-glutamyltranspeptidase (EC 2.3.2.2)  
hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Putative oxidoreductase component of anaerobic dehydrogenases; Functional role page for Chaperone protein TorD  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain A (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain B (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain C (EC 1.8.99.-)  
MSHA pilin protein MshC  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshQ

FIG01204273: hypothetical protein  
Di-/tripeptide transporter  
Probable sensor/response regulator hybrid  
Guanylate cyclase-related protein  
FIG01203637: hypothetical protein  
FIG01202885: hypothetical protein  
FIG01206111: hypothetical protein  
Probable MFS transporter  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
Uridine kinase family protein YggC homolog  
Putative transcriptional regulator  
Putative oxidoreductase linked to yggC  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, mannitol-specific cryptic IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIA component (EC 2.7.1.69)  
TonB-dependent receptor; Outer membrane receptor for ferrienterochelin and colicins  
Valyl-tRNA synthetase  
FIG01202480: hypothetical protein  
Periplasmic nitrate reductase component NapE  
Cytochrome c-type protein TorC  
Trimethylamine-N-oxide reductase (EC 1.6.6.9)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
Alpha-1,6-galactosidase, putative  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01202622: hypothetical protein  
SUA5 protein  
Peptide transport system ATP-binding protein sapF (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein SapD (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapC (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapB (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport periplasmic protein sapA (TC 3.A.1.5.5)  
Psp operon transcriptional activator  
Phage shock protein A  
Phage shock protein B  
Phage shock protein C  
Heavy metal sensor histidine kinase  
Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)  
Transcriptional regulator, ArsR family  
FIG01200907: hypothetical protein  
FIG01202372: hypothetical protein  
2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)  
FIG01206379: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Pantothenate kinase (EC 2.7.1.33)  
Biotin-protein ligase (EC 6.3.4.15) / Biotin operon repressor  
UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)  
Predicted acyltransferase  
CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)  
Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)

FIG01200394: hypothetical protein  
FIG023103: Predicted transmembrane protein  
FIG000906: Predicted Permease  
FIG000988: Predicted permease  
Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)  
DNA polymerase III chi subunit (EC 2.7.7.7)  
Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)  
Beta-galactosidase/beta-glucuronidase  
Ribonuclease E inhibitor RraB  
Arginine deiminase (EC 3.5.3.6)  
Ornithine carbamoyltransferase (EC 2.1.3.3)  
Aspartate carbamoyltransferase (EC 2.1.3.2)  
Aspartate carbamoyltransferase regulatory chain (PyrI)  
Endoribonuclease L-PSP  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)  
YrbA protein  
Uncharacterized ABC transporter, auxiliary component YrbC  
Uncharacterized ABC transporter, periplasmic component YrbD  
Uncharacterized ABC transporter, permease component YrbE  
Uncharacterized ABC transporter, ATP-binding protein YrbF  
Inner membrane protein YrbG, predicted calcium/sodium:proton antiporter  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.45)  
Uncharacterized protein YrbK clustered with lipopolysaccharide transporters  
LptA, protein essential for LPS transport across the periplasm  
Lipopolysaccharide ABC transporter, ATP-binding protein LptB  
RNA polymerase sigma-54 factor RpoN  
Ribosome hibernation protein YhbH  
PTS system nitrogen-specific IIA component, PtsN  
Hypothetical ATP-binding protein UPF0042, contains P-loop  
Phosphocarrier protein, nitrogen regulation associated  
Magnesium transporter  
TldE/PmbA protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG138315: Putative alpha helix protein  
TldD protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG003879: Predicted amidohydrolase  
FIG005080: Possible exported protein  
Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)  
Septum formation protein Maf  
Rod shape-determining protein MreD  
Rod shape-determining protein MreC  
Rod shape-determining protein MreB  
MSHA biogenesis protein MshQ  
MSHA biogenesis protein MshQ  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA pilin protein MshD

MSHA pilin protein MshC  
MSHA pilin protein MshA  
MSHA pilin protein MshB  
MSHA biogenesis protein MshF  
MSHA biogenesis protein MshG  
MSHA biogenesis protein MshE  
MSHA biogenesis protein MshN  
MSHA biogenesis protein MshM  
MSHA biogenesis protein MshL  
MSHA biogenesis protein MshK  
MSHA biogenesis protein MshJ  
MSHA biogenesis protein MshI  
MSHA biogenesis protein MshH  
FIG01202356: hypothetical protein  
Single-stranded DNA-binding protein  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsA, sugar transferase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsB  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsC, polysaccharide export  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsD, exopolysaccharide synthesis  
O-antigen flippase Wzx  
FIG01200177: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG001341: Probable Fe(2+)-trafficking protein YggX  
A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)  
tRNA (guanine46-N7-)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)  
Glutaminase (EC 3.5.1.2)  
Radical SAM family enzyme, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, clustered with nucleoside-triphosphatase RdgB  
Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dTTP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)  
FIG003551: hypothetical protein  
UPF0235 protein VC0458  
Integral membrane protein YggT, involved in response to extracytoplasmic stress (osmotic shock)  
Pyrroline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)  
Hypothetical protein YggS, proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC  
Twitching motility protein PilT  
Twitching motility protein PilT  
Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)  
UPF0301 protein YqgE  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)  
Extracellular deoxyribonuclease Dns (EC 3.1.21.-)  
Protein sprT  
S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.72)  
Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)  
Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)  
ATP-dependent RNA helicase SrmB  
COG4123: Predicted O-methyltransferase  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein

Flavodoxin 2  
Tyrosine recombinase XerD  
Thiol:disulfide interchange protein DsbC  
Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)  
hypothetical protein  
Peptide chain release factor 2; programmed frameshift-containing  
Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)  
Transcriptional regulator VpsR  
DNA mismatch repair endonuclease MutH  
hypothetical protein  
Adenosine (5'-)pentaphospho-(5'-)adenosine pyrophosphohydrolase (EC 3.6.1.-)  
FIG001592: Phosphocarrier protein kinase/phosphorylase, nitrogen regulation associated  
Protein of unknown function DUF81  
Prolipoprotein diacylglycerol transferase (EC 2.4.99.-)  
hypothetical protein  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
FIG01206359: hypothetical protein  
GCN5-related N-acetyltransferase  
Integron integrase IntIPac  
FIG01205963: hypothetical protein  
FIG01203937: hypothetical protein  
Uncharacterized protein  
FIG01204972: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
hypothetical protein  
FIG01206037: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Ferrichrome-iron receptor  
Transmembrane transport protein  
hypothetical protein  
FIG01200162: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203698: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01199647: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
Transaldolase (EC 2.2.1.2)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
N-acetylglucosamine-1-phosphate uridyltransferase (EC 2.7.7.23) / Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)  
ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)

ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase protein I  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj  
rRNA small subunit methyltransferase, glucose inhibited division protein GidB  
tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA  
Flavoprotein MioC  
GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE  
Inner membrane protein translocase component YidC, long form  
Ribonuclease P protein component (EC 3.1.26.5)  
LSU ribosomal protein L34p  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding portion  
Chromosomal replication initiator protein DnaA  
DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)  
DNA recombination and repair protein RecF  
DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)  
16 kDa heat shock protein A  
Valine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.66)  
Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)  
Glycyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.14)  
Periplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
NADH dehydrogenase subunit II-related protein  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusA  
FIG01199885: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Membrane protein  
YhdH, a putative quinone oxidoreductase  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
FIG000605: protein co-occurring with transport systems (COG1739)  
Potassium uptake protein TrkH  
Protoporphyrinogen IX oxidase, oxygen-independent, HemG (EC 1.3.-.-)  
Probable zinc protease pqqL (EC 3.4.99.-)  
FIG01204275: hypothetical protein  
Chloride channel protein  
FIG01202963: hypothetical protein  
Thiamin biosynthesis protein ThiC  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Sulfur carrier protein adenylyltransferase ThiF  
Sulfur carrier protein ThiS  
Thiazole biosynthesis protein ThiG  
Thiazole biosynthesis protein ThiH  
Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)  
Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)



LysR-family transcriptional regulator VC0068  
Multidrug resistance transporter, Bcr/CflA family  
FIG01199646: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
DNA recombination protein RmuC  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-)  
Protein YigP (COG3165) clustered with ubiquinone biosynthetic genes  
Ubiquinone biosynthesis monooxygenase UbiB  
Twin-arginine translocation protein TatA  
Twin-arginine translocation protein TatB  
Twin-arginine translocation protein TatC  
Putative deoxyribonuclease similar to YcfH, type 2  
Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)  
Guanosine-5'-triphosphate,3'-diphosphate pyrophosphatase (EC 3.6.1.40)  
ATP-dependent RNA helicase RhlB  
Thioredoxin  
Transcription termination factor Rho  
FIG01199580: hypothetical protein  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase (EC 4.1.1.-)  
Ferredoxin  
NAD(P)H-flavin reductase (EC 1.5.1.29) (EC 1.16.1.3)  
Homolog of E. coli HemY protein  
Homolog of E. coli HemX protein  
Uroporphyrinogen-III synthase (EC 4.2.1.75)  
Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA  
Protein rarD  
ATP-dependent DNA helicase RecQ  
gene 3 protein-related protein  
Glycerol-3-phosphate transporter  
Putative preQ0 transporter  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
hypothetical protein  
GTP-binding protein EngB  
Cytochrome c4  
Putative methyltransferase associated with DUF414  
Protein of unknown function DUF414  
Periplasmic/membrane protein associated with DUF414  
Coprotoporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent (EC 1.3.99.22)  
Transcriptional regulator AsnC  
SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Universal stress protein A  
Ferritin-like protein 2  
Universal stress protein B  
NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01200870: hypothetical protein  
Predicted membrane protein

4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
GGDEF family protein  
Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)  
GGDEF family protein  
Nitrogen regulation protein NR(I)  
Nitrogen regulation protein NR(II) (EC 2.7.3.-)  
FIG01200260: hypothetical protein  
Glutamine synthetase type I (EC 6.3.1.2)  
GTP-binding protein TypA/BipA  
Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)  
D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase  
GNAT family acetyltransferase YiiD potentially involved in tRNA processing  
tRNA (Guanosine18-2'-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.34)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase  
DNA-directed RNA polymerase omega subunit (EC 2.7.7.6)  
Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)  
FIG01201386: hypothetical protein  
FIG01200330: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Protein YicC  
Ribonuclease PH (EC 2.7.7.56)  
Orotate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.10)  
Partition protein  
Two-component system response regulator OmpR  
Osmolarity sensory histidine kinase EnvZ  
Xanthine permease  
Competence protein F homolog, phosphoribosyltransferase domain; protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and nitrogen  
Biotin synthesis protein bioH  
Putative ATP-dependent Lon protease  
Transcription accessory protein (S1 RNA-binding domain)  
Transcription elongation factor GreB  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator SlmA, TetR family  
Phosphopantothencysteine decarboxylase (EC 4.1.1.36) / Phosphopantothencysteine synthetase (EC 6.3.2.5)  
DNA repair protein RadC  
LSU ribosomal protein L28p  
LSU ribosomal protein L33p  
FIG01200266: hypothetical protein  
Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)  
Phosphoglycerol transferase  
Phosphopantetheine adenylyltransferase (EC 2.7.7.3)  
Glycosyltransferase  
Lipopolysaccharide biosynthesis glycosyltransferase  
Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
Choline-sulfatase (EC 3.1.6.6)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase (EC 2.-.-.-)  
ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)  
UDP-N-acetylglucosamine 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.-)

Bacillosamine/Legionaminic acid biosynthesis aminotransferase PglE; 4-keto-6-deoxy-N-Acetyl-D-hexosaminy-(Lipid carrier) aminotransferase  
UDP-Bac2Ac4Ac hydrolyzing 2-epimerase NeuC homolog  
Legionaminic acid synthase (EC 2.5.1.56)  
4-amino-6-deoxy-N-Acetyl-D-hexosaminy-(Lipid carrier) acetyltransferase  
D-glycero-D-manno-heptose 1-phosphate guanosyltransferase  
Legionaminic acid biosynthesis protein PtmF  
Legionaminic acid cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
Legionaminic acid biosynthesis protein PtmA  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01204629: hypothetical protein  
O-antigen ligase  
ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase (EC 5.1.3.20)  
Metallo-beta-lactamase family protein, RNA-specific  
S23 ribosomal  
Transcriptional regulator, TetR family  
Putative outer membrane lipoprotein  
YjbG polysaccharide synthesis-related protein  
hypothetical protein  
FIG01200499: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Polysaccharide export lipoprotein Wza  
S23 ribosomal  
Low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase Wzb (EC 3.1.3.48)  
Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)  
dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)  
Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)  
dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase (EC 5.1.3.13)  
dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)  
Membrane protein involved in the export of O-antigen, teichoic acid lipoteichoic acids  
Membrane protein involved in the export of O-antigen, teichoic acid lipoteichoic acids  
FIG01205762: hypothetical protein  
transferase hexapeptide repeat containing protein  
Lipopolysaccharide core biosynthesis protein RfaS  
hypothetical protein  
Glycosyltransferase  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)  
3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.45)  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
Undecaprenyl-phosphate N-acetylglucosaminy 1-phosphate transferase (EC 2.7.8.-)  
CDP-6-deoxy-delta-3,4-glucose reductase-like  
Glucose-1-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.33)  
Similar to CDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.45)  
CDP-4-dehydro-6-deoxy-D-glucose 3-dehydratase (EC 4.2.1.-)  
TPP-requiring enzyme co-localized with putative O-antigen rfb gene cluster  
dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)

Glycosyl transferase, family 2

Alr2828 protein

Membrane protein involved in the export of O-antigen and teichoic acid, RfbX family

Membrane protein involved in the export of O-antigen and teichoic acid, RfbX family

Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)

2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)

2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)

Dihydroneopterin aldolase (EC 4.1.2.25)

Acyl-phosphate:glycerol-3-phosphate O-acyltransferase PlsY

YgjD/Kae1/Qri7 family, required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA

SSU ribosomal protein S21p

Transamidase GatB domain protein

DNA primase (EC 2.7.7.-)

RNA polymerase sigma factor RpoD

hypothetical protein

Outer membrane protein

Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)

FIG01202021: hypothetical protein

Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)

Transcriptional regulator LuxZ

Sensory box/GGDEF family protein

Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)

Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)

Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)

Probable transcriptional activator for leuABCD operon

Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)

Cystathionine gamma-synthase (EC 2.5.1.48)

Methionine repressor MetJ

Glycosidase

Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)

Maltose operon periplasmic protein MalM

NADP-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.40)

LSU ribosomal protein L31p

Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication

Transcriptional (co)regulator CytR

Cell division protein FtsN

ATP-dependent protease HslV (EC 3.4.25.-)

ATP-dependent hsl protease ATP-binding subunit HslU

OsmC/Ohr family protein

Cyclic AMP receptor protein

FIG008480: hypothetical protein

Succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.71)

Arginine N-succinyltransferase (EC 2.3.1.109)

Acetylornithine aminotransferase (EC 2.6.1.11) / N-succinyl-L,L-diaminopimelate aminotransferase (EC 2.6.1.17) / Succinylornithine transaminase

Para-aminobenzoate synthase, amidotransferase component (EC 2.6.1.85)

tryptophanyl-tRNA synthetase( EC:6.1.1.2 )

Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)

Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)

Methyl-directed repair DNA adenine methylase (EC 2.1.1.72)

DamX, an inner membrane protein involved in bile resistance  
3-dehydroquinase synthase (EC 4.2.3.4)  
Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71)  
Type IV pilus biogenesis protein PilQ  
Type IV pilus biogenesis protein PilP  
Type IV pilus biogenesis protein PilO  
Type IV pilus biogenesis protein PilN  
Type IV pilus biogenesis protein PilM  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Peroxiredoxin family protein/glutaredoxin  
Dihydrolipoamide dehydrogenase (EC 1.8.1.4)  
hypothetical protein  
Argininosuccinate lyase (EC 4.3.2.1) / N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
Argininosuccinate synthase (EC 6.3.4.5)  
Acetylglutamate kinase (EC 2.7.2.8)  
N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase (EC 1.2.1.38)  
Acetylmethionine deacetylase (EC 3.5.1.16)  
Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31)  
5,10-methylenetetrahydrofolate reductase (EC 1.5.1.20)  
LSU ribosomal protein L9p  
SSU ribosomal protein S18p  
Primosomal replication protein N  
SSU ribosomal protein S6p  
23S rRNA (guanosine-2'-O-) -methyltransferase rlmB (EC 2.1.1.-)  
3'-5' exonuclease RNase R  
Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR  
Flavohemoprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavohemoglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)  
Sodium-type polar flagellar protein motX  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Putative inner membrane protein YjeT (clustered with HflC)  
HflC protein  
HflK protein  
GTP-binding protein HflX  
RNA-binding protein Hfq  
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (EC 2.5.1.8)  
DNA mismatch repair protein MutL  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)  
ATPase YjeE, predicted to have essential role in cell wall biosynthesis  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
Cytochrome c5  
ATP-dependent DNA helicase Rep  
Transcriptional regulator, TetR family  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
FIG01200701: hypothetical protein  
Ketol-acid reductoisomerase (EC 1.1.1.86)  
HTH-type transcriptional regulator IlvY  
Sensory box/GGDEF family protein

Chitodextrinase precursor (EC 3.2.1.14)  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
FIG01206097: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine protein phosphatase  
IcmF-related protein  
membrane protein  
Putative multidrug resistance protein  
Membrane-fusion protein  
probable iron binding protein from the HesB\_IscA\_SufA family  
Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)  
Predicted permease  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Chitin catabolic cascade sensor histidine kinase ChiS  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 2  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 2  
Glucosamine-link cellobiase (EC 3.2.1.21)  
Glucosamine kinase GpsK (EC 2.7.1.8)  
Beta-N-acetylhexosaminidase, (GlcNAc)<sub>2</sub> catabolism  
Chitobiose phosphorylase (EC 2.4.1.-)  
GlcNAc phosphomutase (EC 5.4.2.3)  
Ferric iron ABC transporter, ATP-binding protein  
Ferric iron ABC transporter, permease protein  
Ferric iron ABC transporter, iron-binding protein  
Ammonium transporter  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01200734: hypothetical protein  
Sugar diacid utilization regulator SdaR  
D-glycerate transporter (predicted)  
Glycerate kinase (EC 2.7.1.31)  
Aconitate hydratase 2 (EC 4.2.1.3)  
putative patatin-like phospholipase  
FIG01199724: hypothetical protein  
Regulator of competence-specific genes  
Regulator of competence-specific genes  
Predicted signal transduction protein  
Putative surface protein  
FIG01199945: hypothetical protein  
Glycine cleavage system regulatory protein  
membrane protein  
DNA helicase IV  
Methylglyoxal synthase (EC 4.2.3.3)  
Periplasmic protein torT precursor

Sensor protein torS (EC 2.7.3.-)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Fimbrial protein pilin  
putative secreted protein  
FIG01203756: hypothetical protein  
FIG01202051: hypothetical protein  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeB  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 1  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
Putative sodium-dependent transporter  
GTG start codon  
Predicted signal transduction protein  
UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
CysteinyI-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)  
Thymidine kinase (EC 2.7.1.21)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01206234: hypothetical protein  
FIG01201039: hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2457  
Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42); Monomeric isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)  
FIG004684: SpoVR-like protein  
FIG002076: hypothetical protein  
Serine protein kinase (prkA protein), P-loop containing  
Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)  
Selenoprotein O and cysteine-containing homologs  
FIG01200399: hypothetical protein  
Cold shock protein CspD  
ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA  
Translation initiation factor 1  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)  
Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)  
SSU ribosomal protein S1p  
Integration host factor beta subunit  
Inner membrane protein yciS  
Heat shock (predicted periplasmic) protein YciM, precursor  
Orotidine 5-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)  
Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)  
Scaffold protein for [4Fe-4S] cluster assembly ApbC, MRP-like  
Uridine kinase (EC 2.7.1.48) [C1]  
AsmA protein

Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Sulfate permease  
Ribonuclease E (EC 3.1.26.12)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi955, Psi2504 and Psi2580  
FIG146278: Maf/YceF/YhdE family protein  
COG1399 protein, clustered with ribosomal protein L32p  
LSU ribosomal protein L32p  
Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)  
Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
Acyl carrier protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)  
Aminodeoxychorismate lyase (EC 4.1.3.38)  
FIG004453: protein YceG like  
Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)  
DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)  
Two component response regulator  
HPT domain containing protein  
FIG01201541: hypothetical protein  
FIG01201541: hypothetical protein  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
FOG: CheY-like receiver  
FIG01206620: hypothetical protein  
Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)  
N-acetylneuraminic acid outer membrane channel protein NanC  
Choline-sulfatase (EC 3.1.6.6)  
Transcriptional repressor of aga operon  
Tagatose-6-phosphate kinase AgaZ (EC 2.7.1.144)  
Predicted galactosamine-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.-)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IID component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine- and galactosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase (EC 5.3.1.17)  
2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.125)  
FIG01203436: hypothetical protein  
High-affinity iron permease  
Hyaluronate lyase (EC 4.2.2.1)  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
N-acetylgalactosamine 6-sulfate sulfatase (GALNS)  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Phosphotransferase system IIA component  
Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1); Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)  
Secreted trypsin-like serine protease  
FIG01201461: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Transcriptional regulator



FIG01202093: hypothetical protein  
FIG01205061: hypothetical protein  
Putative lipoprotein  
Putative two-component response regulator  
two-component system sensor protein  
Flavodoxin reductases (ferredoxin-NADPH reductases) family 1  
FIG015136: hypothetical protein  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC  
SUA5 protein  
Predicted transcriptional regulator  
Malate synthase-related protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01206375: hypothetical protein  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
anaerobic dehydrogenase  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit A (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit B (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit B (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C (EC 1.1.5.3)  
SUA5 protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206202: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
Choloylglycine hydrolase (EC 3.5.1.24)  
hypothetical protein  
SUA5 protein  
Aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)  
Glycerol-3-phosphate regulon repressor, DeoR family  
Sensor histidine kinase  
Glycerol kinase (EC 2.7.1.30)  
Glycerol uptake facilitator protein  
FIG01206504: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
Signal transduction histidine kinase  
Signal transduction histidine kinase  
Predicted polymerase  
Putative transport protein  
Hypothetical lysR-family transcriptional regulator YdhB  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase (EC 1.4.3.5)  
RTX toxin, putative  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB  
FIG01205289: hypothetical protein  
Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444  
ABC-type protease exporter, membrane fusion protein (MFP) family component PrtE/AprE

FIGfam010717  
GGDEF and EAL domain proteins  
ABC transporter, transmembrane region:ABC transporter:Peptidase C39, bacteriocin processing  
FIGfam020323  
Agglutination protein  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-)  
Tagatose-1,6-bisphosphate aldolase AgaY (EC 4.1.2.-)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
ThiJ/Pfpl-family thiamine biogenesis protein  
Nicotinate-nucleotide adenyltransferase (EC 2.7.7.18) ## bacterial NadD family  
FIG01200768: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01199554: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Leucine-rich repeat protein  
Cold shock protein CspE  
FIG01202684: hypothetical protein  
Transcriptional regulator LuxT  
Outer membrane protein  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Putative outer membrane lipoprotein  
FIG01200548: hypothetical protein  
NAD(P) transhydrogenase alpha subunit (EC 1.6.1.2)  
NAD(P) transhydrogenase subunit beta (EC 1.6.1.2)  
FIG01206203: hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
RstR phage-related transcriptional repressor  
RstA phage-related replication protein  
RstB phage-related integrase  
hypothetical protein  
colonization factor  
FIG01206229: hypothetical protein  
Accessory cholera enterotoxin  
Zona occludens toxin  
Probable type IV pilus assembly FimV-related transmembrane protein  
tRNA pseudouridine synthase A( EC:5.4.99.12,EC:4.2.1.70 )  
hypothetical protein  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)  
Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)  
DedD protein  
bacteriocin production protein

Amidophosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.14)  
Cyn operon transcriptional activator  
Response regulator  
Hypothetical protein DUF454  
Adenine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.7)  
DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)  
FIG000557: hypothetical protein co-occurring with RecR  
Recombination protein RecR  
membrane protein  
FIG01201005: hypothetical protein  
Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase (EC 3.1.5.1)  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3); Probable coniferyl aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.68)  
Putative transporter, DME family  
FIG01205973: hypothetical protein  
Iron-containing alcohol dehydrogenase  
Transcriptional regulator, VCA0231 ortholog  
Transcriptional regulator, TetR family  
Dihydrofolate reductase homolog  
hypothetical protein  
putative transport protein  
Aspartate/tyrosine/aromatic aminotransferase  
Menaquinone-specific isochorismate synthase (EC 5.4.4.2)  
2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase (EC 2.2.1.9)  
2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase (EC 4.2.99.20)  
Naphthoate synthase (EC 4.1.3.36)  
O-succinylbenzoate-CoA synthase (EC 4.2.1.-)  
O-succinylbenzoic acid--CoA ligase (EC 6.2.1.26)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Homeodomain-like  
FIG01200138: hypothetical protein  
DNA-binding protein inhibitor Id-2-related protein  
proteinase inhibitor, putative  
hypothetical protein  
conserved protein of unknown function; putative YcgN protein  
FIG01202120: hypothetical protein  
Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)  
Isopenicillin N synthase  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Cdc6-related protein  
IAA acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
5-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase related protein VF1653  
Methyl-accepting chemotaxis receptor/sensory transducer precursor  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
FIG01201676: hypothetical protein  
FIG01201676: hypothetical protein  
Cellulose synthase operon protein C  
Endoglucanase precursor (EC 3.2.1.4)  
Cyclic di-GMP binding protein precursor  
Cellulose synthase catalytic subunit [UDP-forming] (EC 2.4.1.12)

Cellulose synthase catalytic subunit [UDP-forming] (EC 2.4.1.12)  
Cellulose synthase, putative  
FIG005274: hypothetical protein  
FIG01200664: hypothetical protein  
FIG002337: predicted inner membrane protein  
FIG01206247: hypothetical protein  
Thiol peroxidase, Tpx-type (EC 1.11.1.15)  
thioredoxin peroxidase  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
FIG01201685: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
putative surface protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
Multidrug resistance efflux pump  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01202394: hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01203314: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
RND efflux system, membrane fusion protein CmeA  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
FIG01202843: hypothetical protein  
Regulatory protein recX  
NAD(P)H oxidoreductase YRKL (EC 1.6.99.-) @ Putative NADPH-quinone reductase (modulator of drug activity B) @ Flavodoxin 2  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01205868: hypothetical protein  
UDP-sugar hydrolase (EC 3.6.1.45); 5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite transporter from formate/nitrite family  
CopG protein  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
HTH-type transcriptional regulator cueR  
COG3118: Thioredoxin domain-containing protein EC-YbbN  
Putative oxidoreductase  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProW (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
Cell division inhibitor  
Phosphodiesterase yfcE (EC 3.1.4.-)  
Transmembrane regulatory protein ToxS  
Transcriptional activator ToxR

Chaperone protein HtpG  
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)  
Ferrochelatase, protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)  
Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)  
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I  
DNA-binding protein HU-beta  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiD (EC 5.2.1.8)  
FIG01204135: hypothetical protein  
DNA uptake protein  
Di/tripeptide permease DtpT  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator sirC  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203730: hypothetical protein  
FIG01201981: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VCA0061  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
phosphate-binding protein  
Type III secretion and flagellar regulator RtsA  
SgrR, sugar-phosphate stress, transcriptional activator of SgrS small RNA  
Coprotophyrinogen III oxidase, aerobic (EC 1.3.3.3)  
Signal transduction histidine kinase  
Transcriptional regulator  
FIG01204309: hypothetical protein  
FIG01200654: hypothetical protein  
TraF-related protein  
Molybdopterin biosynthesis Mog protein, molybdochelatase  
hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Protein acetyltransferase  
DamX-related protein  
D-alanine--D-alanine ligase (EC 6.3.2.4)  
Integrase-like protein  
FIG01200374: hypothetical protein  
Translation initiation factor SUI1-related protein  
Thiol-disulfide isomerase  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase / Macrophage infectivity potentiator  
FIG01205102: hypothetical protein  
Histidine utilization repressor  
Imidazolonepropionase (EC 3.5.2.7)  
Formiminoglutamase (EC 3.5.3.8)  
Urocanate hydratase (EC 4.2.1.49)  
Histidine ammonia-lyase (EC 4.3.1.3)  
FIG01203501: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein

Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01205776: hypothetical protein  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA; Cation efflux system protein CusA  
Cobalt/zinc/cadmium efflux RND transporter, membrane fusion protein, CzcB family  
Heavy metal RND efflux outer membrane protein, CzcC family  
FIG01200717: hypothetical protein  
Fucose 4-O-acetylase  
Predicted hydrolase or acyltransferase  
NnrS protein involved in response to NO  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
FIG01204797: hypothetical protein  
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific (EC 1.3.99.2)  
Phosphoheptose isomerase 1 (EC 5.3.1.-)  
Predicted glutamine amidotransferase  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase (EC 2.1.2.2)  
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (EC 6.3.3.1)  
Uracil phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.9)  
Uracil permease  
FIG01200261: hypothetical protein  
FIG01201104: hypothetical protein  
Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)  
Exported zinc metalloprotease YfgC precursor  
FIG028274: hypothetical protein  
Putative permease PerM (= YfgO)  
Thiol peroxidase, Bcp-type (EC 1.11.1.15)  
Glycine cleavage system transcriptional antiactivator GcvR  
Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)  
Outer membrane protein NlpB, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and YfgL); Lipoprotein  
FIG01201208: hypothetical protein  
FIG009095: D,D-carboxypeptidase family protein  
N-succinyl-L,L-diaminopimelate desuccinylase (EC 3.5.1.18)  
FIG138056: a glutathione-dependent thiol reductase  
Uropathogenic specific protein  
FIG01199732: hypothetical protein  
putative outer membrane lipoprotein  
Nitrate/nitrite response regulator protein  
Nitrate/nitrite sensor protein (EC 2.7.3.-)  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Periplasmic nitrate reductase component NapD  
Periplasmic nitrate reductase precursor (EC 1.7.99.4)  
Nitrate reductase cytochrome c550-type subunit  
Cytochrome c-type protein NapC  
FIG01200212: hypothetical protein  
FIG01202431: hypothetical protein  
membrane protein  
FIG01203178: hypothetical protein  
Predicted iron-dependent peroxidase  
PTS system, glucose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)

Phosphocarrier protein of PTS system  
Cysteine synthase (EC 2.5.1.47)  
Sulfate transporter, CysZ-type  
Cell division protein ZipA  
DNA ligase (EC 6.5.1.2)  
Outer membrane porin protein  
Outer membrane porin protein  
VvgS protein  
Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.17) ## unambiguous  
FIG01202702: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Flagellar protein FlgT  
Flagellar protein FlgO  
Flagellar protein FlgP  
Flagellar biosynthesis protein FlgN  
Negative regulator of flagellin synthesis FlgM  
Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis protein methyltransferase CheR (EC 2.1.1.80)  
Flagellar basal-body rod protein FlgB  
Flagellar basal-body rod protein FlgC  
Flagellar basal-body rod modification protein FlgD  
Flagellar hook protein FlgE  
Flagellar basal-body rod protein FlgF  
Flagellar basal-body rod protein FlgG  
Flagellar L-ring protein FlgH  
Flagellar P-ring protein FlgI  
Flagellar protein FlgJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)  
Flagellar hook-associated protein FlgK  
Flagellar hook-associated protein FlgL  
hypothetical protein  
Flagellin protein FlaC  
Flagellin protein FlaA  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaG  
Flagellar hook-associated protein FliD  
Flagellar rod protein flal  
Flagellar biosynthesis protein FliS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar sensor histidine kinase FleS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar hook-basal body complex protein FliE  
Flagellar M-ring protein FliF  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar assembly protein FliH  
Flagellum-specific ATP synthase FliI  
Flagellar protein FliJ

Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Flagellar motor switch protein FliM  
Flagellar motor switch protein FliN  
Flagellar biosynthesis protein FliO  
Flagellar biosynthesis protein FliP  
Flagellar biosynthesis protein FliQ  
Flagellar biosynthesis protein FliR  
Flagellar biosynthesis protein FliB  
FIG01201046: hypothetical protein  
Flagellar biosynthesis protein FliA  
Flagellar biosynthesis protein FliF  
Flagellar synthesis regulator FliN  
RNA polymerase sigma factor for flagellar operon  
Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY  
Chemotaxis response - phosphatase CheZ  
Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase CheB (EC 3.1.1.61)  
SOJ-like and chromosome partitioning protein  
CheW domain protein  
Positive regulator of CheA protein activity (CheW)  
ATPase involved in DNA repair  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, ATPase component CcmA  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, CcmB subunit  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmC, putative heme lyase for CcmE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmD, interacts with CcmCE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE, heme chaperone  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmF  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmG/DsbE, thiol:disulfide oxidoreductase  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmL  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmH  
Lipoprotein  
Predicted membrane protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC  
Protease III precursor (EC 3.4.24.55)  
Phosphohistidine phosphatase SixA  
FIG001674: hypothetical protein  
Ribosomal protein L3 methyltransferase  
FIG01204137: hypothetical protein  
Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)  
FIG01199593: hypothetical protein  
membrane protein  
Putative transporting ATPase  
FIG01203718: hypothetical protein  
Histidine triad family protein  
Lipid A biosynthesis (KDO) 2-(lauroyl)-lipid IVA acyltransferase (EC 2.3.1.-)



H(+)/Cl(-) exchange transporter ClcA  
FIG01203692: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase A (EC 2.1.1.51)  
Outer membrane protein C precursor  
UPF0304 protein yfbU  
Formate--tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3)  
YbaK family protein  
SERINE PROTEASE (EC 3.4.21.-)  
ATP-dependent RNA helicase VC1407  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01200967: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Adenylosuccinate lyase (EC 4.3.2.2)  
FIG002903: a protein of unknown function perhaps involved in purine metabolism  
tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
Anaerobic nitric oxide reductase flavorubredoxin  
Nitric oxide reductase FIRd-NAD(+) reductase (EC 1.18.1.-)  
Ferredoxin--NADP(+) reductase (EC 1.18.1.2)  
Putative cytoplasmic protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Fructose repressor FruR, LacI family  
hypothetical protein  
Fructose-specific phosphocarrier protein HPr (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
1-phosphofructokinase (EC 2.7.1.56)  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
FIG01204564: hypothetical protein  
Lysine exporter protein (LYSE/YGGA) precursor  
CbbY family protein  
N-Acetylneuraminase cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01206903: hypothetical protein  
FIG01201133: hypothetical protein  
Phospholipid-binding protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases  
membrane protein  
FIG01204443: hypothetical protein  
FIG01205745: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Transcriptional activator protein LuxR  
Autoinducer synthesis protein LuxI  
LuxC, acyl-CoA reductase (EC 1.2.1.50)  
LuxD, acyl transferase (EC 2.3.1.-)  
LuxA, luciferase alpha chain (EC 1.14.14.3)  
LuxB, luciferase beta chain (EC 1.14.14.3)  
LuxE, long-chain-fatty-acid ligase (EC 6.2.1.19)  
LuxE, long-chain-fatty-acid ligase (EC 6.2.1.19)

LuxG, NAD(P)H-dependent FMN reductase (EC 1.5.1.29)  
dCMP deaminase (EC 3.5.4.12)  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Acetyltransferase  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
putative ABC transporter  
ABC transporter ATP-binding protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Conserved domain protein  
FIG01201568: hypothetical protein  
FIG01202086: hypothetical protein  
FIG01201600: hypothetical protein  
FIG01206179: hypothetical protein  
FIG01201135: hypothetical protein  
VgrG protein  
Hcp  
FIG01203747: hypothetical protein  
Putative hydrolase of the HAD superfamily  
Putative membrane protein  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
FIG01204995: hypothetical protein  
radical activating enzyme  
LysR-family transcriptional regulator VCA0830  
FIG01204459: hypothetical protein  
Oxygen-insensitive NADPH nitroreductase (EC 1.-.-.-)  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Nucleoside permease NupC  
Nucleoside permease NupC  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Guanine deaminase (EC 3.5.4.3)  
Electron transport complex protein RnfD  
Electron transport complex protein RnfG  
Electron transport complex protein RnfE  
Endonuclease III (EC 4.2.99.18)  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01199914: hypothetical protein  
Sodium-type flagellar protein motY precursor  
Ribonuclease T (EC 3.1.13.-)  
Histidine permease YuiF  
Response regulator VieB  
Glutaredoxin-related protein  
Superoxide dismutase [Fe] (EC 1.15.1.1)  
Potential queD like 2  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1); Acetaldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.10)  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
FIG01205958: hypothetical protein

hypothetical protein  
Uncharacterized protein YeaC  
FIG01202681: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Aldose 1-epimerase family protein YeaD  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
FIG01202807: hypothetical protein  
Thioredoxin 2 (EC 1.8.1.8)  
Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)  
FIG065221: ATPase, AAA family  
Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA  
Cell division protein FtsK  
Leucine-responsive regulatory protein, regulator for leucine (or Irp) regulon and high-affinity branched-chain amino acid transport system  
Alanine dehydrogenase (EC 1.4.1.1)  
Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)  
Transport ATP-binding protein CydD  
Transport ATP-binding protein CydC  
Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)  
Electron transport complex protein RnfB  
Electron transport complex protein RnfA  
Excinuclease ABC subunit B  
hypothetical protein  
Regulatory protein LuxO  
Phosphorelay protein LuxU  
Hypothetical protein UPF0052  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaD; Molybdopterin converting factor subunit 1  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaE; Molybdopterin converting factor subunit 2  
FIG002781: Alpha-L-glutamate ligase family protein  
FIG139976: hypothetical protein  
FIG008443: hypothetical protein  
tRNA (5-methoxyuridine) 34 synthase  
tRNA (uridine-5-oxyacetic acid methyl ester) 34 synthase  
Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12) ## unambiguous  
Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)  
Holliday junction DNA helicase RuvA  
Holliday junction DNA helicase RuvB  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)  
Protein ybgE  
4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase family active site  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
Tol biopolymer transport system, TolR protein  
TolA protein  
tolB protein precursor, periplasmic protein involved in the tonB-independent uptake of group A colicins  
18K peptidoglycan-associated outer membrane lipoprotein; Peptidoglycan-associated lipoprotein precursor; Outer membrane protein P6; Outer membrane protein P7  
TPR repeat containing exported protein; Putative periplasmic protein contains a protein prenyltransferase domain

Quinolate synthetase (EC 4.1.99.-)  
hypothetical protein  
FIG01200678: hypothetical protein  
FIG01200358: hypothetical protein  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
Cell division inhibitor  
Cell-cell signaling protein, C-factor  
GTP-binding protein related to HflX  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
ATP-binding component of a transport system  
ABC transporter, ATP-binding/permease protein  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
GNAT family acetyltransferase YjcF  
Putative oxidoreductase SMc00968  
FIG01207037: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01202613: hypothetical protein  
Putative acetate efflux pump, MadN  
FIG01200403: hypothetical protein  
Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
FIG01201377: hypothetical protein  
FIG01204338: hypothetical protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
FIG01204296: hypothetical protein  
alpha-amylase  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
YcfF/hinT protein: a purine nucleoside phosphoramidase  
putative lipoprotein  
YcfL: an outer membrane lipoprotein that is part of a salvage cluster  
Lipoprotein YcfM, part of a salvage pathway of unknown substrate  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein I, chemoreceptor, negative regulator of TcpA  
FIG01200229: hypothetical protein  
SAM-dependent methyltransferases  
Thiamine kinase (EC 2.7.1.89) @ Adenosylcobinamide kinase (EC 2.7.1.156)  
YcfP protein: probably an esterase that is part of a salvage cluster  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
ATP-dependent RNA helicase VVA0939  
FIG01205858: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Carbon starvation protein A  
FIG001014\_Response regulator of the LytR/AlgR family  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
FIG01206549: hypothetical protein  
FIG01199640: hypothetical protein  
Probable protease HtpX (EC 3.4.24.-)  
Conserved domain protein  
FIG01201440: hypothetical protein  
Sodium/glutamate symporter

Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
FIG01202334: hypothetical protein  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
Probable two-component system sensor kinase  
FIG01204490: hypothetical protein  
FIG01206220: hypothetical protein  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.)  
Functional role page for Cytochrome c-type protein TorY  
Ferrichrome-iron receptor  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
hypothetical protein  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Biopolymer transport protein ExbD/TolR  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
FIG01199938: hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Peptide ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01201934: hypothetical protein  
FIG01201892: hypothetical protein  
FIG01200684: hypothetical protein  
FIG01202239: hypothetical protein  
membrane protein  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component PotB (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
NAD-dependent protein deacetylase of SIR2 family  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nucleoside permease NupC  
FIG01202766: hypothetical protein  
Qnr  
FIG01204043: hypothetical protein  
Acetyltransferase  
FIG01199789: hypothetical protein  
Ferrichrome-binding protein  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Carbohydrate Esterase Family 4  
FIG01203878: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Glycine cleavage system transcriptional activator  
3'-5'-oligoribonuclease (orn)  
Ribosome small subunit-stimulated GTPase EngC

Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Lysyl-tRNA synthetase-related protein  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Fumarate reductase subunit C  
Fumarate reductase subunit D  
Translation elongation factor P  
Lysine 2,3-aminomutase (EC 5.4.3.2)  
6-phosphofructokinase (EC 2.7.1.11)  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
P pilus assembly/Cpx signaling pathway, periplasmic inhibitor/zinc- resistance associated protein  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
Copper sensory histidine kinase CpxA  
tRNA (cytosine34-2'&#39;-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)  
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+] (EC 1.1.1.94)  
Protein export cytoplasm chaperone protein (SecB, maintains protein to be exported in unfolded state)  
FIG136845: Rhodanese-related sulfurtransferase  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
FxsA protein  
Aspartate ammonia-lyase (EC 4.3.1.1)  
C4-dicarboxylate transporter DcuA  
Universal stress protein family 8  
Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD, protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)  
Glucosamine-6-phosphate deaminase (EC 3.5.99.6)  
Response regulator receiver: Metal-dependent phosphohydrolase, HD subdomain  
Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)  
FIG01199563: hypothetical protein  
FIG01199721: hypothetical protein  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
Putative formate dehydrogenase-specific chaperone  
Formate dehydrogenase subunit or accessory protein  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase-O, iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2); Putative formate dehydrogenase iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase -O, gamma subunit (EC 1.2.1.2)  
FIG01206471: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202659: hypothetical protein  
FIG01199573: hypothetical protein  
FIG01205384: hypothetical protein  
ATP-dependent DNA helicase RecG (EC 3.6.1.-)  
Thioredoxin  
3'&#39;(2'&#39;)-bisphosphate nucleotidase (EC 3.1.3.7)  
ADP compounds hydrolase NudE (EC 3.6.1.-)  
General secretion pathway protein N  
General secretion pathway protein M  
General secretion pathway protein L  
General secretion pathway protein K

General secretion pathway protein J  
General secretion pathway protein I  
General secretion pathway protein H  
General secretion pathway protein G  
General secretion pathway protein F  
General secretion pathway protein E  
General secretion pathway protein D  
General secretion pathway protein C  
Ribosome-associated heat shock protein implicated in the recycling of the 50S subunit (S4 paralog)  
33 kDa chaperonin (Heat shock protein 33) (HSP33)  
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] (EC 4.1.1.49)  
Putative exported protein  
Predicted signal transduction protein  
Lysophospholipase L2 (EC 3.1.1.5)  
Cof protein, HD superfamily hydrolase  
Tyrosine recombinase XerC  
Protein of unknown function DUF484  
Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)  
Diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20)  
lipopeptide  
Frataxin homolog CyaY, facilitates iron supply for heme A synthesis or Fe-S cluster assembly  
Oligopeptidase A (EC 3.4.24.70)  
Protein involved in catabolism of external DNA  
Glutathione reductase (EC 1.8.1.7)  
Transcriptional regulator LuxT  
FIG01205853: hypothetical protein  
Secreted protein, suppressor for copper-sensitivity ScsC  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsD  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Suppression of copper sensitivity: putative copper binding protein ScsA  
FIG01206138: hypothetical protein  
Serine/threonine protein kinase  
Chromosome segregation ATPase  
DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit  
FIG01199638: hypothetical protein  
FIG01202266: hypothetical protein  
FIG01200816: hypothetical protein  
FIG01203037: hypothetical protein  
FIG01203469: hypothetical protein  
Putative cytoplasmic protein  
Putative inner membrane protein  
Putative inner membrane protein  
Metallo-dependent hydrolases, subgroup B  
L-seryl-tRNA(Sec) selenium transferase-related protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16)  
Putative BglB-family transcriptional antiterminator  
FIG01205348: hypothetical protein  
FIG01206772: hypothetical protein  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains

DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
Peptide ABC transporter, permease component  
oligopeptide/dipeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide/dipeptide-binding protein  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppD (TC 3.A.1.5.2)  
ATP-dependent DNA helicase recG (EC 3.6.1.-)  
hypothetical protein  
FIG00283260: hypothetical protein  
NTP pyrophosphohydrolase including oxidative damage repair enzymes  
FIG01201434: hypothetical protein  
Response regulator/GGDEF domain protein  
Response regulator/GGDEF domain protein  
Alkaline serine protease  
FIG01204783: hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
FIG01199978: hypothetical protein  
Ribosomal-protein-L7p-serine acetyltransferase  
putative acetyltransferase [EC:2.3.1.-] [KO:K03830]  
FIG01205664: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Cellobiose phosphotransferase system YdjC-like protein  
FIG01201669: hypothetical protein  
FIG01202341: hypothetical protein  
Probable homoserine/homoserine lactone efflux protein  
Maltose O-acetyltransferase (EC 2.3.1.79)  
FIG01202504: hypothetical protein  
metal-dependent phosphohydrolase  
putative plasmid-related protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01202983: hypothetical protein  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
putative exported protein  
5-methylthioadenosine nucleosidase (EC 3.2.2.16) / S-adenosylhomocysteine nucleosidase (EC 3.2.2.9)  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)  
Excinuclease ABC subunit C  
BarA-associated response regulator UvrY (= GacA = SirA)  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
FIG01206069: hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
Permease of the major facilitator superfamily  
Predicted protein-tyrosine phosphatase  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01202189: hypothetical protein



Pyruvate formate-lyase activating enzyme (EC 1.97.1.4)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
FIG0120042: hypothetical protein  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C  
hypothetical protein  
Purine nucleotide synthesis repressor  
Positive regulator of competence TfoX  
FIG01200141: hypothetical protein  
Predicted methylated DNA-protein cysteine methyltransferase  
Lipoprotein-related protein  
Acyl-CoA thioesterase II (EC 3.1.2.-)  
Putative HTH-type transcriptional regulator ybaO  
Cysteine synthase B (EC 2.5.1.47)  
Queuosine Biosynthesis QueC ATPase  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Outer membrane protein OmpU  
RNA-binding protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
hypothetical protein  
Exodeoxyribonuclease III (EC 3.1.11.2)  
Glutaredoxin 2  
hypothetical protein  
FIG00278448: hypothetical protein  
Histidine ABC transporter, permease protein HisM (TC 3.A.1.3.1)  
Arginine/ornithine ABC transporter, permease protein AotQ  
Lysine-arginine-ornithine-binding periplasmic protein precursor (TC 3.A.1.3.1)  
Arginine/ornithine ABC transporter, ATP-binding protein AotP  
hypothetical protein  
MltA-interacting protein precursor  
Transcriptional regulator for fatty acid degradation FadR, GntR family  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaB  
Periplasmic thiol:disulfide oxidoreductase DsbB, required for DsbA reoxidation  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
MSHA pilin protein MshB BUT NOT  
tRNA-dihydrouridine synthase C (EC 1.-.-.-)  
GGDEF family protein  
FIG01203224: hypothetical protein  
DNA-binding response regulator  
membrane protein  
Glycine betaine transporter  
FIG01201033: hypothetical protein  
FIG01203262: hypothetical protein  
FIG01200940: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Acetyltransferase  
Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
Rhodanese-related sulfurtransferase

Msl2237 protein  
Acetyltransferase, GNAT family  
Histone acetyltransferase HPA2  
Probable glutathione S-transferase  
Related to collagenase  
Acetyltransferase  
FIG01200566: hypothetical protein  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
FIG01206020: hypothetical protein  
FIG01206020: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein possibly connected to lactam utilization and allophanate hydrolase  
Lactam utilization protein LamB  
Allophanate hydrolase 2 subunit 1 (EC 3.5.1.54)  
Allophanate hydrolase 2 subunit 2 (EC 3.5.1.54)  
Transporter  
FIG015373: Membrane protein  
FIG001614: Membrane protein  
Pyrrolidone-carboxylate peptidase (EC 3.4.19.3)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
FOG: EAL domain protein  
FIG01207387: hypothetical protein  
FIG01201433: hypothetical protein  
Phage integrase  
Phage integrase  
FIG01204069: hypothetical protein  
FIG01206659: hypothetical protein  
FIG01206429: hypothetical protein  
FIG01202571: hypothetical protein  
Putative superfamily I DNA helicases  
FIG01201881: hypothetical protein  
transcriptional regulators, LysR family  
Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase (EC 2.7.1.68)  
FIG01201749: hypothetical protein  
putative; ORF located using Glimmer/Genemark  
FIG01204328: hypothetical protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
possible efflux permease  
FIG01206476: hypothetical protein  
FIG01206476: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative inner membrane protein  
Adenosylcobinamide-phosphate synthase  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
Uncharacterized conserved protein  
hypothetical protein  
Periplasmic hemin-binding protein  
Hemin ABC transporter, permease protein

ABC-type hemin transport system, ATPase component  
FIG01204165: hypothetical protein  
Fe-S protein, homolog of lactate dehydrogenase SO1521  
FIG01206891: hypothetical protein  
Inosine monophosphate dehydrogenase-related protein  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Uridine phosphorylase (EC 2.4.2.3)  
FIG01203232: hypothetical protein  
DNA damage-inducible gene in SOS regulon, dependent on cyclic AMP and H-NS  
2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase (EC 2.3.1.117)  
putative membrane protein  
hypothetical protein  
type I restriction-modification system, M subunit  
FIG01200584: hypothetical protein  
hypothetical protein  
GGDEF family protein  
acetyltransferase, GNAT family  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
hypothetical protein  
resolvase  
FIG01203271: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204723: hypothetical protein  
Probable transcriptional regulator  
FIG01205802: hypothetical protein  
FIG01206072: hypothetical protein  
FIG01205212: hypothetical protein  
FIG01206727: hypothetical protein  
FIG01202417: hypothetical protein  
FIG01203013: hypothetical protein  
Lipoprotein  
FIG01203145: hypothetical protein  
FIG01204661: hypothetical protein  
General secretion pathway protein E  
FIG01202570: hypothetical protein  
FIG01206371: hypothetical protein  
transporter  
hypothetical type IV pilin PilA  
FIG01205561: hypothetical protein  
FIG01207344: hypothetical protein  
FIG01200828: hypothetical protein  
FIG01204405: hypothetical protein  
Major pilus subunit of type IV secretion complex (VirB2)  
ATPase provides energy for both assembly of type IV secretion complex and secretion of T-DNA complex (VirB4)  
hypothetical protein  
Inner membrane protein forms channel for type IV secretion of T-DNA complex (VirB8)  
Forms the bulk of type IV secretion complex that spans outer membrane and periplasm (VirB9)  
Inner membrane protein forms channel for type IV secretion of T-DNA complex (VirB10)  
ATPase provides energy for both assembly of type IV secretion complex and secretion of T-DNA complex (VirB11)

Type IV secretion system protein VirD4  
Single-stranded DNA-binding protein  
DNA topoisomerase III (EC 5.99.1.2)  
IncQ plasmid conjugative transfer protein TraP  
TraL  
Possible relaxosome component  
Relaxase  
FIG01203809: hypothetical protein  
Stability protein StdB  
FIG01204295: hypothetical protein  
Minor pilin of type IV secretion complex (VirB5)  
Inner membrane protein of type IV secretion of T-DNA complex, VirB6  
hypothetical protein  
DNA primase TraC (EC 2.7.7.-)  
FIG01206532: hypothetical protein  
FIG01201076: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204664: hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
hypothetical protein  
DNA primase TraC (EC 2.7.7.-)  
FIG01207069: hypothetical protein  
FIG01202612: hypothetical protein  
FIG01204970: hypothetical protein  
FIG01202323: hypothetical protein  
FIG01204894: hypothetical protein  
Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)  
Transcription antitermination protein NusG  
LSU ribosomal protein L11p (L12e)  
LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)  
LSU ribosomal protein L10p (P0)  
LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
Major curlin subunit precursor CsgA  
Minor curlin subunit CsgB, nucleation component of curlin monomers  
Transcriptional regulator CsgD for 2nd curli operon  
Transcriptional regulator CsgD for 2nd curli operon  
Curli production assembly/transport component CsgE  
Curli production assembly/transport component CsgF  
Curli production assembly/transport component CsgG  
Regulator of sigma D  
NADH pyrophosphatase (EC 3.6.1.22)  
Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)  
FIG01204565: hypothetical protein  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
FIG01200171: hypothetical protein  
CBS-domain containing protein  
DNA-binding protein HU-alpha

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)  
Phosphoribosylamine--glycine ligase (EC 6.3.4.13)  
IMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.10) / Phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase (EC 2.1.2.3)  
zinc-responsive transcriptional regulator  
FIG01205880: hypothetical protein  
DNA-binding protein Fis  
tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.)  
Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)  
Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase  
3-dehydroquinate dehydratase II (EC 4.2.1.10)  
Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein  
hypothetical protein  
Probable 3-phenylpropionic acid transporter  
Sensor histidine kinase  
Acetate permease ActP (cation/acetate symporter)  
FIG01200114: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
Transcriptional regulator, LuxR family  
Transcriptional regulator of glmS gene, DeoR family  
Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)  
Transposon Tn7 transposition protein tnsA  
Chloramphenicol acetyltransferase (EC 2.3.1.28)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
Carbonic anhydrase, gamma class (EC 4.2.1.1)  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
Outer membrane protein/protective antigen OMA87  
FOG: GGDEF domain  
Transcriptional regulator, ArsR family  
hypothetical protein  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01199625: hypothetical protein  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Phe-GAA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
tRNA-Arg-ACG  
tRNA-Ala-TGC  
tRNA-Val-TAC  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Glu-TTC

tRNA-Lys-TTT

tRNA-Val-TAC

Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA

Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA

5S RNA

tRNA-Tyr-GTA

tRNA-Gly-TCC

tRNA-Thr-GGT

tRNA-Ser-GCT

tRNA-Val-GAC

tRNA-Val-GAC

tRNA-Asp-GTC

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Asp-GTC

tRNA-Leu-TAG

tRNA-Gln-TTG

tRNA-Met-CAT

tRNA-Leu-GAG

tRNA-Met-CAT

tRNA-Gly-TCC

tRNA-Leu-CAA

tRNA-Trp-CCA

tRNA-Met-CAT

tRNA-His-GTG

tRNA-Arg-CCG

5S RNA

tRNA-Thr-GGT

tRNA-Asp-GTC

tRNA-Gly-GCC

tRNA-Leu-TAA

tRNA-Gly-GCC

tRNA-Arg-TCT

tRNA-Thr-TGT

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Asp-GTC

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Asn-GTT

tRNA-Asn-GTT

tRNA-Ser-GGA

tRNA-Gly-GCC

tRNA-Cys-GCA

tRNA-Tyr-GTA

tRNA-Cys-GCA

tRNA-Arg-ACG

5S RNA

tRNA-His-GTG

tRNA-Val-TAC

tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Gln-TTG  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Ile-GAT  
tRNA-Ala-TGC  
tRNA-Ala-GGC  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Ile-GAT  
tRNA-Ala-TGC  
Fructose-1,6-bisphosphatase, GlpX type (EC 3.1.3.11)  
Putative cytoplasmic protein  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19) homolog, function unknown  
FIG01199774: hypothetical protein  
Hydrolase, alpha/beta fold family functionally coupled to Phosphoribulokinase  
FIG01200117: hypothetical protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Putative cytoplasmic protein ,probably associated with Glutathione-regulated potassium-efflux  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD (EC 5.2.1.8)  
Protein slyX  
FOG: WD40 repeat  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FkpA precursor (EC 5.2.1.8)  
YheO-like PAS domain  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusD  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusC  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusB  
SSU ribosomal protein S12p (S23e)  
SSU ribosomal protein S7p (S5e)  
hypothetical protein  
Translation elongation factor G  
Pantothenate kinase (EC 2.7.1.33)  
Biotin-protein ligase (EC 6.3.4.15) / Biotin operon repressor  
UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)  
Predicted acyltransferase  
CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)  
Oligoendopeptidase F  
Succinylglutamate desuccinylase (EC 3.5.1.96)  
Integration host factor alpha subunit  
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)  
Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)  
TonB-dependent heme and hemoglobin receptor HutA ; TonB-dependent hemin , ferrichrome receptor  
FIG00369629: hypothetical protein  
FIG01205571: hypothetical protein  
FIG01201997: hypothetical protein

FIG01205571: hypothetical protein  
membrane protein, putative  
membrane protein, putative  
VgrG protein  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase-related putative heme iron utilization protein  
Putative heme iron utilization protein  
Radical SAM family protein HutW, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, associated with heme uptake  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Biopolymer transport protein ExbD1  
Periplasmic hemin-binding protein  
Hemin ABC transporter, permease protein  
ABC-type hemin transport system, ATPase component  
Possible flavodoxin oxidoreductase precursor  
Possible flavodoxin oxidoreductase precursor  
LSU ribosomal protein L20p  
LSU ribosomal protein L35p  
Translation initiation factor 3  
Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)  
FIG01204958: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01203870: hypothetical protein  
putative SpoOM-related protein  
Zn-dependent protease  
Protein HI1394  
Putative heat shock protein YegD  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
FIG01201747: hypothetical protein  
FIG01201314: hypothetical protein  
DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)  
3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase (EC 2.1.1.64)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)  
FIG01201341: hypothetical protein  
Ferrodoxin  
Competence/damage-inducible protein CinA  
Tyrosine-specific transport protein  
Ubiquitin-protein ligase  
FIG01201983: hypothetical protein  
Hypothetical metal-binding enzyme, YcbL homolog  
putative exported protein  
Iron-regulated protein A precursor  
Iron-regulated protein A precursor  
Probable thiol oxidoreductase with 2 cytochrome c heme-binding sites  
Iron-regulated protein A precursor  
GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
FIG01202104: hypothetical protein



Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8)  
FIG01202561: hypothetical protein  
Acriflavin resistance protein  
Periplasmic linker protein, putative  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
FIG01205151: hypothetical protein  
Fumarate hydratase class I, aerobic (EC 4.2.1.2)  
Para-aminobenzoate synthase, aminase component (EC 2.6.1.85)  
Hypothetical nudix hydrolase YeaB  
Serine transporter  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Hypothetical protein, specific for Vibrio  
FIG01200942: hypothetical protein  
FIG01201920: hypothetical protein  
Tyrosine-specific transport protein  
Tyrosine-specific transport protein  
FIG01205582: hypothetical protein  
cytosolic long-chain acyl-CoA thioester hydrolase family protein  
Exonuclease SbcC  
Exonuclease SbcD  
FIG01204168: hypothetical protein  
Queuosine biosynthesis QueD, PTPS-I  
Asparaginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.22)  
FIG001587: exported protein  
L,D-transpeptidase YcbB  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
Sodium/glutamate symporter  
FIG01201440: hypothetical protein  
Conserved domain protein  
Probable protease HtpX (EC 3.4.24.-)  
FIG01199640: hypothetical protein  
FIG01206549: hypothetical protein  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
FIG001014\_Response regulator of the LytR/AlgR family  
D-serine dehydratase transcriptional activator  
Threonine efflux protein  
Carbon starvation protein A  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01205858: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VVA0939  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
YcfP protein: probably an esterase that is part of a salvage cluster  
Thiamine kinase (EC 2.7.1.89) @ Adenosylcobinamide kinase (EC 2.7.1.156)  
SAM-dependent methyltransferases  
FIG01200229: hypothetical protein  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein I, chemoreceptor, negative regulator of TcpA  
Lipoprotein YcfM, part of a salvage pathway of unknown substrate  
YcfL protein: an outer membrane lipoprotein that is part of a salvage cluster  
putative lipoprotein

YcfF/hinT protein: a purine nucleoside phosphoramidase  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
alpha-amylase  
FIG01204296: hypothetical protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
FIG01204338: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
bacteriocin immunity protein  
VgrG-3 protein  
Di/tripeptide permease DtpB  
FIG01206905: hypothetical protein  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
Choline-glycine betaine transporter  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
FIG01204326: hypothetical protein  
YaeQ protein  
PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylmuramic acid-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase (EC 4.2.-.-)  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, RpiR family  
Nonspecific acid phosphatase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01204363: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaJ  
ABC transporter, ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
Outer membrane lipoprotein-sorting protein  
Putative protein-S-isoprenylcysteine methyltransferase  
FIG01201364: hypothetical protein  
FIG01203689: hypothetical protein  
pyridoxal phosphate-dependent deaminase, putative  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
BAX protein  
Nucleoside permease NupC  
Transcriptional regulator, LysR family  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UBIE (EC 2.1.1.-)  
Glutamate receptor 1 precursor  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter

FIG01205493: hypothetical protein  
FIG01202387: hypothetical protein  
Outer membrane protein  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01201707: hypothetical protein  
Bacilysin biosynthesis protein BacA  
FIG01202768: hypothetical protein  
FIG01203732: hypothetical protein  
sulfite oxidase homolog  
Transporter, LysE family  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01205676: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
putative exported protein  
putative exported protein  
FIG01207104: hypothetical protein  
Pirin-related protein  
Putative membrane protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative transport protein  
Glutamate decarboxylase (EC 4.1.1.15)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
2-keto-4-pentenoate hydratase (EC 4.2.1.-)  
Threonine efflux protein  
Phosphosugar mutase of unknown sugar (see annotation)  
D-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.28)  
Putative chemotaxis protein CheY  
Sensor histidine kinase  
Transporter, putative  
DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)  
Protein yciN  
Integrase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Replication initiation protein  
FIG01199867: hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative phage tail protein

putative phage baseplate assembly protein  
hypothetical protein  
Phage FluMu protein gp46  
Phage FluMu protein gp47  
hypothetical protein  
Tail fiber protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
L-alanyl-D-glutamate peptidase( EC:3.4.- )  
FIG00370302: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage-related capsid packaging protein  
Phage terminase, ATPase subunit  
terminase, ATPase subunit  
Phage capsid scaffolding protein  
Phage major capsid protein  
FIG01201446: hypothetical protein  
FIG00369882: hypothetical protein  
FIG01200780: hypothetical protein  
hypothetical protein  
tail sheath protein  
FIG01204743: hypothetical protein  
putative phage R protein  
putative phage tail protein  
FIG01201792: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
probable DNA methylase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
deoxycytidylate deaminase( EC:3.5.4.12 )  
hypothetical protein  
Chromosome partition protein smc  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
SohB protein, peptidase U7 family  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2605  
N-(3-hydroxybutanoyl)-L- homoserine lactone synthase LuxM  
Autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
YciO family  
COG0613, Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)  
Anthranilate synthase, aminase component (EC 4.1.3.27)  
Anthranilate synthase, amidotransferase component (EC 4.1.3.27)

Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)  
Indole-3-glycerol phosphate synthase (EC 4.1.1.48) / Phosphoribosylanthranilate isomerase (EC 5.3.1.24)  
Tryptophan synthase beta chain (EC 4.2.1.20)  
Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)  
Proton/glutamate symporter  
Intracellular septation protein IspA  
Acyl-CoA thioesterase YciA, involved in membrane biogenesis  
YciL protein  
FIG01199776: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)  
Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.19) / Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase (EC 3.6.1.31)  
Imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit (EC 4.1.3.-)  
Phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (EC 5.3.1.16)  
Imidazole glycerol phosphate synthase amidotransferase subunit (EC 2.4.2.-)  
Histidinol-phosphatase (EC 3.1.3.15) / Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (EC 4.2.1.19)  
Histidinol-phosphate aminotransferase (EC 2.6.1.9)  
Histidinol dehydrogenase (EC 1.1.1.23)  
ATP phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.17)  
Outer membrane protein  
Outer membrane protein  
ATP-dependent helicase DinG/Rad3  
Putative membrane protein YfcA  
Primosomal replication protein N prime prime  
FIG01203677: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpA  
Uncharacterized protein ImpA  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
ClpB protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
FIG01201050: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpI/VasC  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
IcmF-related protein  
Serine/threonine protein phosphatase  
Serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01206097: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Chitodextrinase precursor (EC 3.2.1.14)  
Sensory box/GGDEF family protein  
Sensory box/GGDEF family protein

Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
FIG01200403: hypothetical protein  
Putative acetate efflux pump, MadN  
FIG01202613: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01207037: hypothetical protein  
Putative oxidoreductase SMc00968  
hypothetical protein  
FIG01200495: hypothetical protein  
Polymyxin resistance protein ArnC, glycosyl transferase (EC 2.4.-.-)  
Putative two-component response regulator  
two-component system sensor protein  
GNAT family acetyltransferase YjcF  
hypothetical protein  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
ABC transporter, ATP-binding/permease protein  
ATP-binding component of a transport system  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
GTP-binding protein related to HflX  
Cell-cell signaling protein, C-factor  
Cell division inhibitor  
hypothetical protein  
ATP binding protein  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
hypothetical protein  
Superfamily I DNA/RNA helicase protein  
Predicted transcriptional regulator  
FIG01200678: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
Potassium channel protein  
Hypothetical membrane protein  
Membrane protein, putative  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Transcriptional regulator, AraC family  
Xaa-Pro dipeptidase (EC 3.4.13.9)  
FIG01202796: hypothetical protein  
lipoprotein, putative  
Prolidase (EC 3.4.13.9)  
Transcriptional regulator, AraC family  
hypothetical protein  
FIG01207307: hypothetical protein  
FIG01202288: hypothetical protein  
Quinolinate synthetase (EC 4.1.99.-)  
TPR repeat containing exported protein; Putative periplasmic protein contains a protein prenyltransferase domain

18K peptidoglycan-associated outer membrane lipoprotein; Peptidoglycan-associated lipoprotein precursor; Outer membrane protein P6; Outer membrane protein precursor, periplasmic protein involved in the tonB-independent uptake of group A colicins

TolA protein

Tol biopolymer transport system, TolR protein

MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein

4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase family active site

Protein ybgE

Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)

Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)

Holliday junction DNA helicase RuvB

Holliday junction DNA helicase RuvA

Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)

Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12) ## unambiguous

tRNA (uridine-5-oxyacetic acid methyl ester) 34 synthase

tRNA (5-methoxyuridine) 34 synthase

FIG008443: hypothetical protein

FIG139976: hypothetical protein

FIG002781: Alpha-L-glutamate ligase family protein

Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaE; Molybdopterin converting factor subunit 2

Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaD; Molybdopterin converting factor subunit 1

Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC

Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA

Hypothetical protein UPF0052

Phosphorelay protein LuxU

Regulatory protein LuxO

hypothetical protein

Excinuclease ABC subunit B

PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)

PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)

Diguanylate cyclase/phosphodiesterase-domain containing protein

Histone deacetylase/AcuC/AphA family protein

Branched-chain amino acid transport system carrier protein

Putative translation initiation inhibitor

FIG01201946: hypothetical protein

Sodium/alanine symporter

tRNA-binding protein YgjH

Galactose operon repressor, GalR-LacI family of transcriptional regulators

FOG: CheY-like receiver

Transcriptional regulator, TetR family

Membrane-fusion protein

Acriflavin resistance protein

Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)

Galactokinase (EC 2.7.1.6)

Galactose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.10)

UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)

Predicted sodium-dependent galactose transporter

Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains

DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)

Evolved beta-D-galactosidase transcriptional repressor

Evolved beta-D-galactosidase, alpha subunit  
Evolved beta-D-galactosidase, beta subunit  
Putative oxidoreductase  
Putative chemotactic transducer-related protein  
Rtn protein  
FIG01206280: hypothetical protein  
FIG01203539: hypothetical protein  
Putative oxidoreductase  
hypothetical protein  
FIG01202599: hypothetical protein  
Putative isomerase  
FIG01206057: hypothetical protein  
Organic hydroperoxide resistance protein  
Organic hydroperoxide resistance transcriptional regulator  
Protease II (EC 3.4.21.83)  
TonB-dependent heme receptor HutR  
TonB-dependent heme receptor HutR  
Hypothetical with regulatory P domain of a subtilisin-like proprotein convertase  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0066 homolog  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0067 homolog  
Outer membrane protein  
FIG01204130: hypothetical protein  
FIG01207208: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
FIG01204032: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Hydroxyethylthiazole kinase (EC 2.7.1.50)  
Thiaminase II (EC 3.5.99.2)  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, substrate-binding component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, transmembrane component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, transmembrane component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, ATPase component  
Phosphomethylpyrimidine kinase (EC 2.7.4.7)  
Membrane protein YcjF  
Conserved protein YcjX with nucleoside triphosphate hydrolase domain  
Phage shock protein C  
Phage shock protein B  
Phage shock protein A  
Psp operon transcriptional activator  
Peptide transport periplasmic protein sapA (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapB (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapC (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein SapD (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein sapF (TC 3.A.1.5.5)  
SUA5 protein  
FIG01202622: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein



Alpha-1,6-galactosidase, putative  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Trimethylamine-N-oxide reductase (EC 1.6.6.9)  
Cytochrome c-type protein TorC  
Periplasmic nitrate reductase component NapE  
FIG01202480: hypothetical protein  
Nucleoprotein/polynucleotide-associated enzyme  
FIG01205013: hypothetical protein  
5'-nucleotidase YjjG (EC 3.1.3.5)  
Molybdenum transport ATP-binding protein ModC (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport system permease protein ModB (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum ABC transporter, periplasmic molybdenum-binding protein ModA (TC 3.A.1.8.1)  
Cobalamin synthase  
FIG01200634: hypothetical protein  
FIG01199666: hypothetical protein  
Transglycosylase, Slt family  
Transglycosylase, Slt family  
FIG008443: hypothetical protein  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), activating protein (EC 1.97.1.4)  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), large subunit (EC 1.17.4.2)  
Metal-dependent hydrolase  
Metal-dependent hydrolase  
FOG: TPR repeat protein, SEL1 subfamily  
Integral membrane protein TerC  
Protein of unknown function DUF785  
FIG01199686: hypothetical protein  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
COG1242: Predicted Fe-S oxidoreductase  
Aerobic respiration control sensor protein arcB (EC 2.7.3.-)  
FIG01199712: hypothetical protein  
Aerobic respiration control protein arca  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
Homoserine kinase (EC 2.7.1.39)  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Endonuclease IV (EC 3.1.21.2)  
Uracil-DNA glycosylase, family 1  
FIG01200137: hypothetical protein  
FIG01200900: hypothetical protein  
FIG01204643: hypothetical protein  
Sodium/alanine symporter  
UPF0246 protein YaaA  
small-conductance mechanosensitive channel  
Protein of unknown function DUF541  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)

Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)  
5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (EC 6.3.3.2)  
Z-ring-associated protein ZapA  
FIG001590: Putative conserved exported protein precursor  
2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
FIG01199594: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Folate-dependent protein for Fe/S cluster synthesis/repair in oxidative stress  
YgfY COG2938  
FIG01203022: hypothetical protein  
L-aspartate oxidase (EC 1.4.3.16)  
RNA polymerase sigma factor RpoE  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseA  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseB precursor  
Sigma factor RpoE regulatory protein RseC  
Translation elongation factor LepA  
Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)  
Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)  
GTP-binding protein Era  
DNA recombination and repair protein RecO  
Pyridoxine 5-phosphate synthase (EC 2.6.99.2)  
Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)  
BarA sensory histidine kinase (= VarS = GacS)  
23S rRNA (Uracil-5-) -methyltransferase RumA (EC 2.1.1.-)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase I  
Flagellin protein FlaD  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
CTP synthase (EC 6.3.4.2)  
Enolase (EC 4.2.1.11)  
Cell division protein FtsB  
2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)  
2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)  
tRNA pseudouridine 13 synthase (EC 4.2.1.-)  
5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)  
Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)  
Lipoprotein NlpD  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
Arabinose efflux permease  
nucleoside permease NupC  
nucleoside permease NupC  
anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Homoserine O-succinyltransferase (EC 2.3.1.46)  
Predicted transporter component  
Predicted transporter component  
Transcriptional activator of cad operon  
Sodium/alanine symporter  
Lysine/cadaverine antiporter membrane protein CadB  
Lysine decarboxylase (EC 4.1.1.18)

Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35)  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
FIG01203841: hypothetical protein  
FIG01206074: hypothetical protein  
Magnesium transporter  
transcriptional regulators, LysR family  
Neopullulanase (EC 3.2.1.135)  
glycogen debranching enzyme-related protein  
FIG01199781: hypothetical protein  
Multiple sugar ABC transporter, ATP-binding protein  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase F (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2604  
FIG01204131: hypothetical protein  
ATPase involved in DNA repair  
Functional role page for TorCAD operon transcriptional regulatory protein TorR  
Functional role page for Chaperone protein TorD  
Purine nucleotide synthesis repressor  
Positive regulator of competence TfoX  
FIG01200141: hypothetical protein  
Predicted methylated DNA-protein cysteine methyltransferase  
Lipoprotein-related protein  
Acyl-CoA thioesterase II (EC 3.1.2.-)  
Putative HTH-type transcriptional regulator ybaO  
Cysteine synthase B (EC 2.5.1.47)  
Queuosine Biosynthesis QueC ATPase  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
FIG01204021: hypothetical protein  
UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)  
Nucleoside-diphosphate sugar epimerase/dehydratase  
Lipid carrier : UDP-N-acetylgalactosaminyltransferase (EC 2.4.1.-)  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
Glycosyltransferase involved in cell wall biogenesis  
glycosyl transferase, group 1  
hypothetical protein  
chloramphenicol acetyltransferase  
Pseudaminic acid synthase (EC 4.1.3.-)  
FIG00535936: hypothetical protein  
Pseudaminic acid cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
Pseudaminic acid cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
Putative aminotransferase, DegT family  
UDP-N-acetylglucosamine 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.-)  
Phospholipid-lipopolysaccharide ABC transporter  
hypothetical protein  
N-acetylneuraminase synthase (EC 2.5.1.56)  
N-Acetylneuraminase cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
Phosphomannomutase (EC 5.4.2.8)

Mannose-1-phosphate guanylyltransferase (GDP) (EC 2.7.7.22)  
hypothetical protein  
Undecaprenyl-phosphate N-acetylglucosaminyl 1-phosphate transferase (EC 2.7.8.-)  
UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)  
Phosphomannomutase (EC 5.4.2.8)  
Mannose-1-phosphate guanylyltransferase (GDP) (EC 2.7.7.22)  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
glycosyl transferase, group 1  
Glycosyl transferase, group 1  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
polysaccharide biosynthesis protein  
glycosyl transferase, group 1 family protein  
hypothetical protein  
Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)  
Low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase Wzb (EC 3.1.3.48)  
Polysaccharide export lipoprotein Wza  
hypothetical protein  
FIG01200499: hypothetical protein  
YjbG polysaccharide synthesis-related protein  
Putative outer membrane lipoprotein  
Transcriptional regulator, TetR family  
S23 ribosomal protein  
Metallo-beta-lactamase family protein, RNA-specific  
ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase (EC 5.1.3.20)  
Glycosyltransferase involved in LPS biosynthesis  
ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)  
O-antigen ligase  
Hypothetical Teichoic Acid Biosynthesis Protein  
3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase (EC 2.-.-.-)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)  
Lipopolysaccharide biosynthesis glycosyltransferase  
Putative two-domain glycosyltransferase  
Phosphopantetheine adenylyltransferase (EC 2.7.7.3)  
LpsA protein  
Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)  
Phosphoglycerol transferase  
Phosphoglycerol transferase  
FIG01200266: hypothetical protein  
Dca  
LSU ribosomal protein L33p  
LSU ribosomal protein L28p  
DNA repair protein RadC  
Phosphopantothienylcysteine decarboxylase (EC 4.1.1.36) / Phosphopantothienylcysteine synthetase (EC 6.3.2.5)  
Transcriptional regulator SImA, TetR family  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcription elongation factor GreB  
Transcription accessory protein (S1 RNA-binding domain)

Putative ATP-dependent Lon protease  
Biotin synthesis protein bioH  
Competence protein F homolog, phosphoribosyltransferase domain; protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and nitrogen  
FIG01204637: hypothetical protein  
Xanthine permease  
Osmolarity sensory histidine kinase EnvZ  
Two-component system response regulator OmpR  
Partition protein  
Orotate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.10)  
Ribonuclease PH (EC 2.7.7.56)  
Protein YicC  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01200330: hypothetical protein  
FIG01201386: hypothetical protein  
Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)  
DNA-directed RNA polymerase omega subunit (EC 2.7.7.6)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase (EC 2.7.7.7)  
tRNA (Guanosine18-O<sup>2</sup>-methyltransferase (EC 2.1.1.34)  
GNAT family acetyltransferase YiiD potentially involved in tRNA processing  
D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase  
Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)  
GTP-binding protein TypA/BipA  
Glutamine synthetase type I (EC 6.3.1.2)  
FIG01200260: hypothetical protein  
Nitrogen regulation protein NR(II) (EC 2.7.3.-)  
Nitrogen regulation protein NR(I)  
Nitrogen regulation protein NR(I)  
GGDEF family protein  
Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)  
GGDEF family protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
Predicted membrane protein  
FIG01200870: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases  
Universal stress protein B  
Ferritin-like protein 2  
Universal stress protein A  
SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Transcriptional regulator AsnC  
Coprotoporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent (EC 1.3.99.22)  
Periplasmic/membrane protein associated with DUF414  
Protein of unknown function DUF414  
Putative methyltransferase associated with DUF414  
Cytochrome c4  
GTP-binding protein EngB  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
hypothetical protein  
Putative preQ0 transporter

Glycerol-3-phosphate transporter  
gene 3 protein-related protein  
ATP-dependent DNA helicase RecQ  
Protein rarD  
ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)  
Uroporphyrinogen-III synthase (EC 4.2.1.75)  
Homolog of E. coli HemX protein  
Homolog of E. coli HemY protein  
NAD(P)H-flavin reductase (EC 1.5.1.29) (EC 1.16.1.3)  
Ferredoxin  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase (EC 4.1.1.-)  
FIG01199580: hypothetical protein  
Transcription termination factor Rho  
Thioredoxin  
ATP-dependent RNA helicase RhlB  
Guanosine-5'-triphosphate,3'-diphosphate pyrophosphatase (EC 3.6.1.40)  
Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)  
Putative deoxyribonuclease similar to YcfH, type 2  
Twin-arginine translocation protein TatC  
Twin-arginine translocation protein TatB  
Twin-arginine translocation protein TatA  
Ubiquinone biosynthesis monooxygenase UbiB  
Protein YigP (COG3165) clustered with ubiquinone biosynthetic genes  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-)  
DNA recombination protein RmuC  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01199646: hypothetical protein  
Multidrug resistance transporter, Bcr/CflA family  
LysR-family transcriptional regulator VC0068  
Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)  
Thiazole biosynthesis protein ThiH  
Thiazole biosynthesis protein ThiG  
Sulfur carrier protein ThiS  
Sulfur carrier protein adenylyltransferase ThiF  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Thiamin biosynthesis protein ThiC  
Chloride channel protein  
FIG01204275: hypothetical protein  
Probable zinc protease pqqL (EC 3.4.99.-)  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>)/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
FIG01200464: hypothetical protein  
Fructosamine kinase family protein, At3g61080 homolog  
Type IIA topoisomerase, B subunit  
Lipoprotein NlpC  
Multidrug efflux pump component MtrF  
Possible sterol desaturase

Putative cytoplasmic protein  
ROK family protein  
SEC-C motif  
hcp protein  
VgrG protein  
FIG01207257: hypothetical protein  
FIG01204476: hypothetical protein  
serine/threonine kinase  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobB / Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA  
ABC-type tungstate transport system, ATP-binding protein  
ABC-type tungstate transport system, permease protein  
ABC-type tungstate transport system, periplasmic binding protein  
Sigma-54 dependent response regulator  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01200518: hypothetical protein  
Beta-1,3-glucosyltransferase  
FIG01204231: hypothetical protein  
FIG01204231: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
DNA-binding response regulator  
membrane protein  
Glycine betaine transporter  
FIG01201033: hypothetical protein  
FIG01203262: hypothetical protein  
FIG01200940: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Acetyltransferase  
Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
Rhodanese-related sulfurtransferase  
Msl2237 protein  
Acetyltransferase, GNAT family  
Histone acetyltransferase HPA2  
Probable glutathione S-transferase  
Related to collagenase  
Acetyltransferase  
FIG01200566: hypothetical protein  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
FIG01206020: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein possibly connected to lactam utilization and allophanate hydrolase  
Lactam utilization protein LamB  
Allophanate hydrolase 2 subunit 1 (EC 3.5.1.54)  
Allophanate hydrolase 2 subunit 2 (EC 3.5.1.54)  
Transporter  
FIG015373: Membrane protein  
FIG001614: Membrane protein  
Pyrrolidone-carboxylate peptidase (EC 3.4.19.3)  
Methyl-accepting chemotaxis protein

Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
Response regulator receiver: Metal-dependent phosphohydrolase, HD subdomain  
Response regulator receiver: Metal-dependent phosphohydrolase, HD subdomain  
Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)  
FIG01199563: hypothetical protein  
FIG01199721: hypothetical protein  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
Putative formate dehydrogenase-specific chaperone  
Formate dehydrogenase subunit or accessory protein  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase-O, iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2); Putative formate dehydrogenase iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase -O, gamma subunit (EC 1.2.1.2)  
Ribosomal-protein-L7p-serine acetyltransferase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00524375: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Diverged AAA-family ATPase containing protein  
Integral membrane protein  
FIG00283260: hypothetical protein  
NTP pyrophosphohydrolase including oxidative damage repair enzymes  
FIG01201434: hypothetical protein  
Response regulator/GGDEF domain protein  
FIG01204783: hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
FIG01199978: hypothetical protein  
Ribosomal-protein-L7p-serine acetyltransferase  
putative acetyltransferase [EC:2.3.1.-] [KO:K03830]  
FIG01205664: hypothetical protein  
FIG01201107: hypothetical protein  
FIG01201107: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Cellobiose phosphotransferase system YdjC-like protein  
FIG01201669: hypothetical protein  
FIG01202341: hypothetical protein  
Probable homoserine/homoserine lactone efflux protein  
Maltose O-acetyltransferase (EC 2.3.1.79)  
FIG01202504: hypothetical protein  
metal-dependent phosphohydrolase  
Glycine cleavage system transcriptional activator  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
FIG01203878: hypothetical protein  
Carbohydrate Esterase Family 4  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
Ferrichrome-binding protein  
FIG01199789: hypothetical protein  
Acetyltransferase  
FIG01204043: hypothetical protein  
Qnr



FIG01202766: hypothetical protein  
Nucleoside permease NupC  
Transcriptional regulator, LysR family  
NAD-dependent protein deacetylase of SIR2 family  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component PotB (TC 3.A.1.11.1)  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Probable proline and glycine rich transmembrane protein gene in bax  
Putative Bax protein  
Hypothetical protein, bax gene locus  
tRNA(Cytosine32)-2-thiocytidine synthetase  
Universal stress protein E  
Fumarate and nitrate reduction regulatory protein  
Heavy-metal-associated domain (N-terminus) and membrane-bounded cytochrome biogenesis *cycZ*-like domain, possible membrane copper  
Type *cbb3* cytochrome oxidase biogenesis protein CcoS, involved in heme b insertion  
Type *cbb3* cytochrome oxidase biogenesis protein CcoI; Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Putative analog of CcoH, COG3198  
Cytochrome c oxidase subunit CcoP (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoQ (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)  
FIG01199584: hypothetical protein  
FIG01200925: hypothetical protein  
Sensor histidine kinase/response regulator  
bacteriophage f237 ORF10  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
A protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01206446: hypothetical protein  
general secretion pathway protein D precursor  
hypothetical protein  
RelA/SpoT domain protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative lipoprotein  
putative dehydrogenase  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
Ribosome modulation factor

FIG01199949: hypothetical protein  
ABC transporter ATP-binding protein uup  
Thiol-disulfide isomerase and thioredoxin  
23S rRNA (guanine-N-2-) -methyltransferase rmlL EC 2.1.1.-)  
FIG01199806: hypothetical protein  
Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)  
NAD-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.2), large form  
FIG01199976: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Membrane alanine aminopeptidase N (EC 3.4.11.2)  
FOG: WD40 repeat  
Tail-specific protease precursor (EC 3.4.21.102)  
ProQ: influences osmotic activation of compatible solute ProP  
COG1956, GAF domain-containing protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
Paraquat-inducible protein A  
Paraquat-inducible protein B  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.-)  
Protein of unknown function DUF1212  
Translation elongation factor P-related protein  
Integral membrane protein  
Cyclohexadienyl dehydratase (EC 4.2.1.51)(EC 4.2.1.91)  
Error-prone repair protein UmuD  
Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
FIG01203641: hypothetical protein  
Pyrimidine deaminase archaeal predicted (EC 3.5.4.26)  
COG0398: uncharacterized membrane protein  
Glutaredoxin  
biphenyl-2,3-diol 1,2-dioxygenase III-related protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
membrane protein  
Acyl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.20)  
lipoprotein, putative  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Putative transcriptional regulator  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
L-sulfolactate dehydrogenase (EC 1.1.1.272) / Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
FIG01205957: hypothetical protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Phosphoenolpyruvate phosphomutase (EC 5.4.2.9)  
hypothetical protein  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
FIG01200441: hypothetical protein  
Protease VII (OmpT) precursor (EC 3.4.23.49)  
Phage tail protein I  
Phage portal protein  
Prophage Clp protease-like protein

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
prophage LambdaW5, minor tail protein Z, putative  
hypothetical protein  
Phage baseplate assembly protein V  
hypothetical protein  
Baseplate J-like protein  
Phage baseplate assembly protein  
LuxG, NAD(P)H-dependent FMN reductase (EC 1.5.1.29)  
LuxE, long-chain-fatty-acid ligase (EC 6.2.1.19)  
LuxB, luciferase beta chain (EC 1.14.14.3)  
LuxA, luciferase alpha chain (EC 1.14.14.3)  
LuxD, acyl transferase (EC 2.3.1.-)  
LuxC, acyl-CoA reductase (EC 1.2.1.50)  
Autoinducer synthesis protein LuxI  
Transcriptional activator protein LuxR  
Transcriptional activator protein LuxR  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FIG01205745: hypothetical protein  
FIG01204443: hypothetical protein  
membrane protein  
Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases  
Transcriptional regulator, AraC family  
Phospholipid-binding protein  
FIG01201133: hypothetical protein  
FIG01206903: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
N-Acetylneuraminase cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)  
CbbY family protein  
Lysine exporter protein (LYSE/YGGA) precursor  
FIG01204564: hypothetical protein  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
1-phosphofructokinase (EC 2.7.1.56)  
Fructose-specific phosphocarrier protein HPr (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Fructose repressor FruR, LacI family  
FIG01201568: hypothetical protein  
FIG01203361: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
VgrG protein  
Hcp  
FIG01203747: hypothetical protein  
Putative hydrolase of the HAD superfamily  
Putative membrane protein  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
diguanilate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE

FIG01204995: hypothetical protein  
FIG01204995: hypothetical protein  
radical activating enzyme  
LysR-family transcriptional regulator VCA0830  
hypothetical protein  
FIG01204459: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Nucleoside permease NupC  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Guanine deaminase (EC 3.5.4.3)  
hypothetical protein  
ABC-type heme transport system, ATPase component  
Heme ABC transporter, permease protein  
Periplasmic heme-binding protein  
Uncharacterized conserved protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
possible efflux permease  
transcriptional regulators, LysR family  
Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase (EC 2.7.1.68)  
Putrescine/proton symporter, putrescine/ornithine antiporter PotE  
Ornithine decarboxylase (EC 4.1.1.17)  
FIG01205272: hypothetical protein  
ThiJ/PfpI-family thiamine biogenesis protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
Tagatose-1,6-bisphosphate aldolase AgaY (EC 4.1.2.-)  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.-)  
FIG01205169: hypothetical protein  
FIG01205169: hypothetical protein  
N-acetylgalactosamine 6-sulfate sulfatase (GALNS)  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
Hyaluronate lyase (EC 4.2.2.1)  
FIG01203436: hypothetical protein  
2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.125)  
4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase (EC 5.3.1.17)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
PTS system, N-acetylgalactosamine- and galactosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IID component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Predicted galactosamine-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.-)  
Tagatose-6-phosphate kinase AgaZ (EC 2.7.1.144)  
Transcriptional repressor of aga operon  
Choline-sulfatase (EC 3.1.6.6)  
N-acetylneuraminic acid outer membrane channel protein NanC  
Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)  
FIG01206620: hypothetical protein

Two component response regulator  
HPT domain containing protein  
FIG01201541: hypothetical protein  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
FOG: CheY-like receiver  
FOG: CheY-like receiver  
FOG: CheY-like receiver  
Response regulator with TPR repeat  
FIG01205618: hypothetical protein  
FIG01201909: hypothetical protein  
Anti anti-sigma regulatory factor SypA  
Outer membrane protein SypB  
Periplasmic protein SypC involved in polysaccharide export  
Predicted protein SypD  
Response regulator SypE  
Signal transduction histidine kinase SypF  
Signal transduction histidine kinase SypF  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator SypG  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypH  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypI  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypJ  
Oligosaccharide translocase SypK  
Membrane protein SypL involved in exopolysaccharide production  
Acetyltransferase SypM  
Glycosyltransferase SypN  
Polysaccharide biosynthesis chain length regulator SypO  
Glycosyltransferase SypP  
Glycosyltransferase SypQ  
Sugar transferase SypR involved in lipopolysaccharide synthesis  
GGDEF family protein  
FIG01204588: hypothetical protein  
Glutaredoxin  
Soluble cytochrome b562  
FIG01204913: hypothetical protein  
Putative permease precursor  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
Arylesterase precursor (EC 3.1.1.2)  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Transcriptional regulator, LysR family  
Putative magnesium transporter MgtE  
Transcriptional regulator  
N-ethylmaleimide reductase  
Transcriptional regulator, MerR family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01205106: hypothetical protein  
Putative phosphatase  
FIG01203416: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
hypothetical protein

Methyl-accepting chemotaxis protein  
Transporter  
FIG01204030: hypothetical protein  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
FIG01202673: hypothetical protein  
possible monoamine oxidase  
Alpha-aspartyl dipeptidase Peptidase E (EC 3.4.13.21)  
RIO1 protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Hypothetical membrane protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01200559: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Tryptophanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.2)  
Putative periplasmic solute-binding protein  
FIG01199621: hypothetical protein  
ABC transporter permease protein  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
FIG01204081: hypothetical protein  
cold shock protein  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
lipoprotein, putative  
lipoprotein, putative  
FIG01200631: hypothetical protein  
FIG01201942: hypothetical protein  
Outer membrane protein A precursor  
FIG01205722: hypothetical protein  
FIG01202542: hypothetical protein  
FIG01206372: hypothetical protein  
Multidrug resistance protein A  
Multidrug resistance protein B  
NAd-glycohydrolase, hvnA  
FIG01205872: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FIG01202623: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
TPR repeat containing protein  
Transporter, LysE family  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
Transcriptional regulator  
Homoserine/homoserine lactone efflux protein  
FIG01204031: hypothetical protein  
NifU-related domain containing protein  
FIG01205518: hypothetical protein  
Probable hydrogenase cytochrome b-type subunit

Transcriptional regulator, MarR family  
L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)  
L-ectoine synthase (EC 4.2.1.-)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) associated with ectoine biosynthesis  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01200481: hypothetical protein  
FIG01204067: hypothetical protein  
MoxR-like ATPases  
SII7028 protein  
BRCT domain protein  
Leucine-rich-repeat protein  
hypothetical protein  
Carbamate kinase (EC 2.7.2.2)  
Two-component response regulator CreB  
Two-component response regulator CreC  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppD (TC 3.A.1.5.2)  
oligopeptide/dipeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide/dipeptide-binding protein  
Peptide ABC transporter, permease component  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
High-affinity choline uptake protein BetT  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
FIG01206772: hypothetical protein  
FIG01205348: hypothetical protein  
Putative BglB-family transcriptional antiterminator  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16)  
L-seryl-tRNA(Sec) selenium transferase-related protein  
Metallo-dependent hydrolases, subgroup B  
Putative inner membrane protein  
Putative inner membrane protein  
Putative cytoplasmic protein  
FIG01203469: hypothetical protein  
FIG01203037: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202266: hypothetical protein  
FIG01199638: hypothetical protein  
DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit  
Chromosome segregation ATPase  
Serine/threonine protein kinase  
FIG01206138: hypothetical protein  
Suppression of copper sensitivity: putative copper binding protein ScsA  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsD  
Secreted protein, suppressor for copper-sensitivity ScsC  
Glutathione reductase (EC 1.8.1.7)  
Protein involved in catabolism of external DNA  
Oligopeptidase A (EC 3.4.24.70)  
Fratxin homolog CyaY, facilitates iron supply for heme A synthesis or Fe-S cluster assembly

lipopeptide  
Diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20)  
Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)  
Protein of unknown function DUF484  
Tyrosine recombinase XerC  
Cof protein, HD superfamily hydrolase  
Lysophospholipase L2 (EC 3.1.1.5)  
Predicted signal transduction protein  
Putative exported protein  
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] (EC 4.1.1.49)  
33 kDa chaperonin (Heat shock protein 33) (HSP33)  
Ribosome-associated heat shock protein implicated in the recycling of the 50S subunit (S4 paralog)  
General secretion pathway protein C  
General secretion pathway protein D  
General secretion pathway protein E  
General secretion pathway protein F  
General secretion pathway protein G  
General secretion pathway protein H  
General secretion pathway protein I  
General secretion pathway protein J  
General secretion pathway protein K  
General secretion pathway protein L  
General secretion pathway protein M  
General secretion pathway protein N  
ADP compounds hydrolase NudE (EC 3.6.1.-)  
3',5'-bisphosphate nucleotidase (EC 3.1.3.7)  
Thioredoxin  
ATP-dependent DNA helicase RecG (EC 3.6.1.-)  
FIG01205384: hypothetical protein  
FIG01199573: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage protein D-like  
hypothetical protein  
phage P2 GpU  
Phage tail length tape-measure protein  
Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)  
tRNA:Cm32/Um32 methyltransferase  
Iron-sulfur cluster regulator IscR  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), IscS subfamily  
Iron-sulfur cluster assembly scaffold protein IscU  
Iron binding protein IscA for iron-sulfur cluster assembly  
Chaperone protein HscB  
Chaperone protein HscA  
Ferredoxin, 2Fe-2S  
Believed to be involved in assembly of Fe-S clusters  
Peptidase B (EC 3.4.11.23)  
Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)  
Type IV pilus biogenesis protein PilF



FIG021952: putative membrane protein  
1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)  
Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)  
Mlr7403 protein @ FIG001046: putative membrane protein  
Outer membrane protein YfgL, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and NlpB)  
GTP-binding protein EngA  
Predicted metal-dependent hydrolase  
Hypothetical protein yfgJ  
Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)  
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)  
GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)  
Aminobenzoyl-glutamate transport protein  
YheO-like PAS domain  
Putative inner membrane protein  
Endoribonuclease L-PSP  
Serine transporter  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Methyl-accepting chemotaxis receptor/sensory transducer precursor  
5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase related protein VF1653  
IAA acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Cdc6-related protein  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Isopenicillin N synthase  
Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)  
FIG01202120: hypothetical protein  
conserved protein of unknown function; putative YcgN protein  
proteinase inhibitor, putative  
DNA-binding protein inhibitor Id-2-related protein  
FIG01200138: hypothetical protein  
Homeodomain-like  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
O-succinylbenzoic acid--CoA ligase (EC 6.2.1.26)  
O-succinylbenzoate-CoA synthase (EC 4.2.1.-)  
Naphthoate synthase (EC 4.1.3.36)  
2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase (EC 4.2.99.20)  
2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase (EC 2.2.1.9)  
Menaquinone-specific isochorismate synthase (EC 5.4.4.2)  
Aspartate/tyrosine/aromatic aminotransferase  
putative transport protein  
hypothetical protein  
Dihydrofolate reductase homolog  
Transcriptional regulator, TetR family  
Transcriptional regulator, VCA0231 ortholog  
Iron-containing alcohol dehydrogenase  
FIG01205973: hypothetical protein  
Putative transporter, DME family  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3); Probable coniferyl aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.68)  
Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase (EC 3.1.5.1)

FIG01201005: hypothetical protein  
membrane protein  
Recombination protein RecR  
FIG000557: hypothetical protein co-occurring with RecR  
DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)  
Adenine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.7)  
Response regulator  
Cyn operon transcriptional activator  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
Decarboxylase family protein  
GGDEF domain family protein  
FIG01199812: hypothetical protein  
NADPH dependent preQ0 reductase  
Syd protein  
Zn-ribbon-containing, possibly nucleic-acid-binding protein  
FIG01205033: hypothetical protein  
FIG01204297: hypothetical protein  
PTS system, cellobiose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, cellobiose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Beta-glucosidase (EC 3.2.1.21)  
glucokinase( EC:2.7.1.2 )  
PTS system, cellobiose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Transcriptional regulator, LacI family  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
FIG01201514: hypothetical protein  
FIG01204227: hypothetical protein  
Hypothetical protein YqcC (clustered with tRNA pseudouridine synthase C)  
tRNA pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi65  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
FIG01201109: hypothetical protein  
DOPA 4,5-dioxygenase( EC:1.14.99.- )  
L-threonine 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.103)  
2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (EC 2.3.1.29)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Nedd4 binding protein 2  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
GMP reductase (EC 1.7.1.7)  
integrase  
Type II restriction enzyme PstI (EC 3.1.21.4) (Endonuclease PstI) (R.PstI)  
Modification methylase PstI (EC 2.1.1.72)  
FIG01223971: hypothetical protein  
FIG01222184: hypothetical protein  
Predicted transcriptional regulator  
hypothetical protein  
FIG00369578: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
orf7

hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage replication protein  
hypothetical protein  
putative phage gene  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage-related capsid packaging protein  
Phage terminase, ATPase subunit  
Phage capsid scaffolding protein  
Phage major capsid protein  
Probable terminase, endonuclease subunit  
phage head completion protein (GPL)  
FIG01201718: hypothetical protein  
FIG01202152: hypothetical protein  
Conserved hypothetical phage protein  
hypothetical protein  
Hypothetical Zinc-finger containing protein  
FIG00370121: hypothetical protein  
FIG00370156: hypothetical protein  
FIG00369914: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage-related tail protein  
FIG01201032: hypothetical protein  
Putative bacteriophage protein  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
putative phage tail protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
phage protein  
FIG00369747: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
GMP reductase (EC 1.7.1.7)  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme Cap5H; O-acetyl transferase  
FIG01200851: hypothetical protein  
Transcriptional regulator CdgA  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
MoxR-like ATPase  
Outer membrane receptor protein  
FIG01205454: hypothetical protein  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
Transaldolase (EC 2.2.1.2)  
BatD

TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
FIG01199647: hypothetical protein  
hypothetical protein PA3071  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
Chromosome segregation ATPase  
FIG01204972: hypothetical protein  
Uncharacterized protein  
FIG01203937: hypothetical protein  
FIG01205963: hypothetical protein  
Integron integrase IntIPac  
hypothetical protein  
FIG01202316: hypothetical protein  
Potential queD like  
Potential queD like  
PAS factor  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Acetyltransferase, GNAT family (EC 2.3.1.-)  
hypothetical protein  
L-lysine permease  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01207265: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01067557: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
HNH endonuclease  
Protein of unknown function DUF924  
FIG01203349: hypothetical protein  
FIG01206649: hypothetical protein  
hypothetical protein  
GCN5-related N-acetyltransferase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
FIG01206447: hypothetical protein  
inner membrane protein, putative  
PAS factor  
FIG01203154: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Predicted arginine uptake transporter

Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
hypothetical protein  
FIG01204229: hypothetical protein  
FIG01202745: hypothetical protein  
FIG01200738: hypothetical protein  
Fatty acid cis/trans isomerase  
Oxalate/formate antiporter  
FIG01205088: hypothetical protein  
NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 2  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
FIG01203816: hypothetical protein  
UPF0265 protein YeeX  
Putative membrane protein precursor  
Protein of unknown function YceH  
COG2827: putative endonuclease containing a URI domain  
NAD synthetase (EC 6.3.1.5)  
Nicotinate-nucleotide adenyllyltransferase (EC 2.7.7.18) ## bacterial NadD family  
FIG01200768: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01199554: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Leucine-rich repeat protein  
Cold shock protein CspE  
Probable type IV pilus assembly FimV-related transmembrane protein  
tRNA pseudouridine synthase A( EC:4.2.1.70 )  
hypothetical protein  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)  
Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)  
DedD protein  
bacteriocin production protein  
Amidophosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.14)  
hypothetical protein  
Phage terminase, large subunit  
FIG01206765: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative phage lysozyme  
hypothetical protein  
Predicted ATP-binding protein involved in virulence  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204319: hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA replication protein DnaC  
Primosomal protein I  
hypothetical protein  
FIG01205545: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative repressor protein of prophage

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01206733: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00640850: hypothetical protein  
integrase, putative  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Exodeoxyribonuclease I (EC 3.1.11.1)  
Antiholin-like protein LrgA  
LrgA-associated membrane protein LrgB  
Cytidine deaminase (EC 3.5.4.5)  
Amidase  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2 (EC 2.1.2.-)  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
SAM-dependent methyltransferases  
Regulatory protein CysB  
FIG01199853: hypothetical protein  
tRNA-(ms[2]io[6]A)-hydroxylase (EC 1.-.-.-)  
Superfamily II DNA and RNA helicase  
FIG01200745: hypothetical protein  
Predicted polymerase  
Glutaredoxin  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (EC 6.3.2.6)  
FIG01204632: hypothetical protein  
ATP-dependent helicase HrpA  
tRNA 2-thiouridine synthesizing protein E (EC 2.8.1.-)  
Acylphosphate phosphohydrolase (EC 3.6.1.7), putative  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
LSU m5C1962 methyltransferase RlmI  
RTX toxin, putative  
FIG01203719: hypothetical protein  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5); 3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16); Putative UDP-sugar hydrolase  
Thiopurine S-methyltransferase (EC 2.1.1.67)  
L-cystine uptake protein TcyP  
FIG01199775: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
FIG01200730: hypothetical protein  
DnaK-related protein  
Chaperone protein DnaK  
FIG01202313: hypothetical protein  
FIG01202624: hypothetical protein  
FIG01203232: hypothetical protein  
Uridine phosphorylase (EC 2.4.2.3)

Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Inosine monophosphate dehydrogenase-related protein  
FIG01206891: hypothetical protein  
Fe-S protein, homolog of lactate dehydrogenase SO1521  
FIG01204165: hypothetical protein  
L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
FIG01203123: hypothetical protein  
FIG01201442: hypothetical protein  
2-aminoethylphosphonate uptake and metabolism regulator  
Siroheme synthase / Precorrin-2 oxidase (EC 1.3.1.76) / Sirohydrochlorin ferrochelatase (EC 4.99.1.4)  
Glutamate Aspartate periplasmic binding protein precursor GltI (TC 3.A.1.3.4)  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Putative TEGT family carrier/transport protein  
FIG01205344: hypothetical protein  
Type IV pilus biogenesis protein PilE  
Type IV fimbrial biogenesis protein FimT  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilW  
FIG01200401: hypothetical protein  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilV  
Chromate transport protein ChrA  
LysR-like transcriptional regulator  
putative membrane protein  
2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase (EC 2.3.1.117)  
DNA damage-inducible gene in SOS regulon, dependent on cyclic AMP and H-NS  
Alternative oxidase 2, mitochondrial precursor (EC 1.-.-.-)  
Regulatory protein CysB  
Tellurite resistance protein  
Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5) ## RecC  
Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5) ## RecB  
Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5) ## RecD  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
FIG01199956: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase A precursor (EC 3.2.1.-)  
HesA/MoeB/ThiF family protein related to EC-YgdL  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE, sulfur acceptor protein CsdE  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE (EC 2.8.1.7), main protein CsdA  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
COG2363  
Putative RNA 2'-O-ribose methyltransferase mtfA (EC 2.1.1.-)  
Electron transport complex protein RnfA  
Electron transport complex protein RnfB  
hypothetical protein  
Endonuclease I precursor (EC 3.1.21.1)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein

Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
MII2374 protein  
Aquaporin Z  
FIG00369575: hypothetical protein  
FIG01202677: hypothetical protein  
Predicted metal-dependent hydrolase with the TIM-barrel fold  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01203143: hypothetical protein  
FIG01205118: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Endoribonuclease L-PSP  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19) ## Zinc-requiring, any residue but Pro  
FIG01206249: hypothetical protein  
FIG01205698: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Sodium/glycine symporter GlyP  
Chromosome segregation ATPase  
MATE efflux family protein  
Extracellular deoxyribonuclease Xds  
ATP-dependent DNA ligase  
Ribose operon repressor  
Ribokinase (EC 2.7.1.15)  
Ribose ABC transport system, periplasmic ribose-binding protein RbsB (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, permease protein RbsC (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, ATP-binding protein RbsA (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, high affinity permease RbsD (TC 3.A.1.2.1)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01202497: hypothetical protein  
FIG01201588: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VF1437  
Predicted membrane protein  
putative lipoprotein  
FIG01203733: hypothetical protein  
Inner membrane protein YccF  
putative outer membrane lipoprotein  
probable exported protein YPO3233  
FIG01203279: hypothetical protein  
HTH DNA-binding protein  
FIG01200064: hypothetical protein  
Conserved hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)



FIG01205112: hypothetical protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
probable deca-heme c-type cytochrome  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01201357: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Uncharacterized conserved protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
FOG: TPR repeat protein  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Phosphotransferase system IIA component  
Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1); Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)  
Secreted trypsin-like serine protease  
FIG01201461: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Transcriptional regulator  
FIG01202093: hypothetical protein  
FIG01205061: hypothetical protein  
Putative lipoprotein  
Putative two-component response regulator  
two-component system sensor protein  
Flavodoxin reductases (ferredoxin-NADPH reductases) family 1  
FIG015136: hypothetical protein  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC  
SUA5 protein  
Predicted transcriptional regulator  
Malate synthase-related protein  
hypothetical protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01206375: hypothetical protein  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
anaerobic dehydrogenase  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit A (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit B (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit B (EC 1.1.5.3)  
Anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C (EC 1.1.5.3)  
SUA5 protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206202: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein

Choloylglycine hydrolase (EC 3.5.1.24)  
SUA5 protein  
Aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)  
Glycerol-3-phosphate regulon repressor, DeoR family  
Sensor histidine kinase  
Sensor histidine kinase  
Glycerol kinase (EC 2.7.1.30)  
Glycerol uptake facilitator protein  
FIG01206504: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01203100: hypothetical protein  
FIG01203762: hypothetical protein  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
FIG01201538: hypothetical protein  
Response regulator VieA  
FIG01201852: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
putative exported protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Sensor histidine kinase (EC 2.7.3.-)  
DNA-binding response regulator  
Sulfatase  
putative exported protein  
GALNS arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
FIG01202983: hypothetical protein  
membrane protein  
FIG01202239: hypothetical protein  
FIG01200684: hypothetical protein  
FIG01201892: hypothetical protein  
FIG01201934: hypothetical protein  
FIG01199938: hypothetical protein  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Biopolymer transport protein ExbD/ToIR  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB

MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
Ferrichrome-iron receptor  
hypothetical protein  
Functional role page for Cytochrome c-type protein TorY  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.)  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Flagellar motor switch protein FliG  
FIG01206220: hypothetical protein  
FIG01204490: hypothetical protein  
Probable two-component system sensor kinase  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
FIG01202334: hypothetical protein  
DNA-binding heavy metal response regulator  
Heavy metal sensor histidine kinase  
Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)  
Transcriptional regulator, ArsR family  
FIG01200907: hypothetical protein  
FIG01202372: hypothetical protein  
FIG01202372: hypothetical protein  
2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative activity regulator of membrane protease YbbK  
Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit YbbK  
Aerobactin siderophore receptor lutA @ TonB-dependent siderophore receptor  
L-lysine 6-monooxygenase [NADPH] (EC 1.14.13.59), aerobactin biosynthesis protein lucD @ Siderophore biosynthesis protein, monooxygenase  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase small component, acetyltransferase  
N6-hydroxylysine O-acetyltransferase (EC 2.3.1.102), aerobactin biosynthesis protein lucB @ Siderophore synthetase small component, acetyltransferase  
Citrate:6-N-acetyl-6-N-hydroxy-L-lysine ligase, alpha subunit (EC 6.3.2.27), aerobactin biosynthesis protein lucA @ Siderophore synthetase small component, acetyltransferase  
Ferric aerobactin ABC transporter, permease component  
Ferric aerobactin ABC transporter, periplasmic substrate binding protein  
Ferric aerobactin ABC transporter, ATPase component  
Putative membrane protein  
Hypothetical protein in aerobactin uptake cluster  
FOG: GGDEF domain  
ATP-dependent RNA helicase DbpA  
Multidrug resistance protein D  
FOG: GGDEF domain  
FOG: GGDEF domain  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
FIG000859: hypothetical protein  
PilA-like type-IV pilus protein  
FIG01202975: hypothetical protein  
FIG01206895: hypothetical protein  
COG1451: Predicted metal-dependent hydrolase  
NAD glycohydrolase, hvnB; Halovibrin

Chitin binding protein  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Di-and tricarboxylate transporter  
FIG01204115: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01200971: hypothetical protein  
DNA sulfur modification protein DndB  
3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate sulfurtransferase DndC  
DNA sulfur modification protein DndD  
DNA sulfur modification protein DndE  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Cell division protein FtsK  
Cell division protein FtsK  
FIG01200293: hypothetical protein  
COG1132  
FIG01203869: hypothetical protein  
FIG01205353: hypothetical protein  
Putative membrane protein precursor  
PTS system, IIA component  
Putative integral membrane protein  
PTS system, IIB component (EC 2.7.1.69)  
FIG01200936: hypothetical protein  
FIG01203318: hypothetical protein  
ECXA  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
conserved domain protein  
Phage shock protein E  
Di/tripeptide permease DtpA  
Di/tripeptide permease YbgH  
putative NADH-dependent flavin oxidoreductase  
FIG01201247: hypothetical protein  
FIG01202516: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Oxidoreductase, Gfo/Iah/MocA family  
Predicted acetyltransferase  
Transcriptional regulator, MerR family  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
FIG01203150: hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
FIG01200019: hypothetical protein  
FIG01206564: hypothetical protein

FIG01206538: hypothetical protein  
Two-component response regulator  
FIG01205282: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Beta-mannosidase (EC 3.2.1.25)  
Transcriptional regulator  
FIG01201484: hypothetical protein  
Tetrathionate reductase two-component response regulator  
Tetrathionate reductase sensory transduction histidine kinase  
Thiosulfate sulfurtransferase, rhodanese (EC 2.8.1.1)  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
putative reductase  
DedA family inner membrane protein YdjX  
ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein YnjB  
ABC transporter, permease protein YnjC  
ABC transporter, ATP-binding protein YnjD  
Putative phosphatidylglycerophosphate synthase  
Guanine-hypoxanthine permease  
Aerotaxis sensor receptor protein  
Oligoendopeptidase F  
FIG01199967: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Outer membrane protein RomA  
Gamma-glutamyltranspeptidase (EC 2.3.2.2)  
Uncharacterized conserved protein  
MSHA pilin protein MshC  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshQ  
FIG01204273: hypothetical protein  
Di-/tripeptide transporter  
Probable sensor/response regulator hybrid  
Guanylate cyclase-related protein  
FIG01203637: hypothetical protein  
FIG01202885: hypothetical protein  
FIG01206111: hypothetical protein  
Probable MFS transporter  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
Uridine kinase family protein YggC homolog  
Putative transcriptional regulator  
Putative oxidoreductase linked to yggC  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, mannitol-specific cryptic IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIA component (EC 2.7.1.69)  
TonB-dependent receptor; Outer membrane receptor for ferrienterochelin and colicins  
Valyl-tRNA synthetase  
GGDEF family protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
hypothetical membrane protein

Transcriptional regulator, Cro/CI family  
Transcriptional regulator  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204528: hypothetical protein  
Acriflavin resistance protein  
Membrane-fusion protein  
COG0845: Membrane-fusion protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Hexose phosphate transport protein UhpT  
Transcriptional regulatory protein UhpA  
Sensor histidine protein kinase UhpB, glucose-6-phosphate specific (EC 2.7.13.3)  
Hexose phosphate uptake regulatory protein UhpC  
Transcriptional regulator, LysR family  
ATPase involved in DNA repair  
Alkyl sulfatase (EC 3.1.6.-)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Huntingtin interacting protein E-like protein  
conserved domain protein  
FIG01205145: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204184: hypothetical protein  
Conserved domain protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, AraC family  
Putative efflux protein  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
no significant database hits  
Transcriptional regulator, MarR family  
Transcriptional regulator  
Enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein  
FIG01203996: hypothetical protein  
Di-/tripeptide transporter  
FIG01206007: hypothetical protein  
FIG01204543: hypothetical protein  
FIG01205695: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Attachment invasion locus protein precursor  
FIG01204463: hypothetical protein  
Probable GTPase related to EngC  
corresponds to STY3948 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01204145: hypothetical protein  
Spindolin-related protein  
FIG01200699: hypothetical protein  
Catalase (EC 1.11.1.6)  
FIG01200483: hypothetical protein

Glutathione-dependent formaldehyde-activating enzyme (EC 4.4.1.22)  
FIG01201895: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11) / Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
Peptidase, M20A family  
FIG01201338: hypothetical protein  
translation initiation inhibitor  
hypothetical protein  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB  
FIG01205289: hypothetical protein  
Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444  
Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444  
ABC-type protease exporter, membrane fusion protein (MFP) family component PrtE/AprE  
FIGfam010717  
GGDEF and EAL domain proteins  
ABC transporter, transmembrane region:ABC transporter:Peptidase C39, bacteriocin processing  
FIGfam020323  
Agglutination protein  
dCMP deaminase (EC 3.5.4.12)  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Acetyltransferase  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
putative ABC transporter  
ABC transporter ATP-binding protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
NAD(P)H oxidoreductase YRKL (EC 1.6.99.-) @ Putative NADPH-quinone reductase (modulator of drug activity B) @ Flavodoxin 2  
Regulatory protein recX  
FIG01202843: hypothetical protein  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
RND efflux system, membrane fusion protein CmeA  
BatD  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
FIG01203314: hypothetical protein  
hypothetical protein PA3071  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
FIG01202394: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Multidrug resistance efflux pump  
Permease of the major facilitator superfamily  
putative surface protein  
putative surface protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01201685: hypothetical protein  
FIG002337: predicted inner membrane protein  
FIG01200664: hypothetical protein  
FIG005274: hypothetical protein

Cellulose synthase, putative  
Cellulose synthase catalytic subunit [UDP-forming] (EC 2.4.1.12)  
Cyclic di-GMP binding protein precursor  
Endoglucanase precursor (EC 3.2.1.4)  
Cellulose synthase operon protein C  
Cellulose synthase operon protein C  
NADH oxidoreductase hcr (EC 1.-.-.)  
Hydroxylamine reductase (EC 1.7.-.-)  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
FIG01203590: hypothetical protein  
Transcriptional activator ToxR  
FIG01204639: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Arsenical-resistance protein ACR3  
putative regulatory protein, ArsR family  
FIG01204568: hypothetical protein  
FIG01203538: hypothetical protein  
5'-nucleotidase surE (EC 3.1.3.5)  
FIG01206627: hypothetical protein  
Zinc carboxypeptidase domain protein  
Aspartate aminotransferase (AspB-4) (EC 2.6.1.1)  
Transcriptional regulator, AraC family  
RarD protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Predicted manganese transporter, 11 TMS  
Succinylarginine dihydrolase (EC 3.5.3.23)  
Serine/threonine protein kinase  
FIG01203213: hypothetical protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
hypothetical protein  
Outer membrane lipoprotein blc precursor  
Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (EC 1.1.1.34)  
Biosynthetic arginine decarboxylase (EC 4.1.1.19)  
Agmatinase (EC 3.5.3.11)  
FIG01199747: hypothetical protein  
FIG01205069: hypothetical protein  
Oxidoreductase Tas, aldo/keto reductase family  
YbbM seven transmembrane helix protein  
FIG01199771: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Transcriptional regulator, AraC family  
Proline dehydrogenase (EC 1.5.99.8) (Proline oxidase) / Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (EC 1.5.1.12)  
Delta 1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase domain protein  
Proline/sodium symporter PutP (TC 2.A.21.2.1) @ Propionate/sodium symporter  
Glutaredoxin  
Catechol siderophore ABC transporter, substrate-binding protein  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, ATP-binding component



Utilization protein for unknown catechol-siderophore X  
FIG01201883: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Putative membrane protein  
Copper metallochaperone, bacterial analog of Cox17 protein  
Cytochrome oxidase biogenesis protein Sco1/SenC/PrrC, putative copper metallochaperone  
FIG01204187: hypothetical protein  
DNA-3-methyladenine glycosylase (EC 3.2.2.20)  
FIG01203975: hypothetical protein  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
membrane protein  
Transcriptional activator of maltose regulon, MalT  
Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)  
4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)  
1,4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme, GH-13-type (EC 2.4.1.18)  
FIG01203631: hypothetical protein  
FIG01203631: hypothetical protein  
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (EC 2.7.7.27)  
Glycogen synthase, ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)  
conserved hypothetical membrane protein  
Sodium/dicarboxylate symporter  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)  
Maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein MalK (EC 3.6.3.19)  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
Transcriptional regulator  
Acetyltransferase  
Lactoylglutathione lyase  
FIG01203210: hypothetical protein  
Multidrug resistance protein D  
Transcriptional regulator, AraC family  
ABC transporter ATP-binding protein  
PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Transcriptional regulator, AraC family  
Ferrichrome-iron receptor  
Ferrichrome transport ATP-binding protein FhuC (TC 3.A.1.14.3)  
Ferrichrome-binding periplasmic protein precursor (TC 3.A.1.14.3)  
Ferrichrome transport system permease protein FhuB (TC 3.A.1.14.3)  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Biopolymer transport protein ExbD/TolR  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB

TPR domain protein, putative component of TonB system  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
FIG01201562: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
Transcriptional regulator  
Multidrug resistance protein D  
FIG010427: hypothetical protein  
CBSS-345074.3.peg.1627: Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)  
Cytochrome c553  
RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily  
Transcriptional activator ChrR  
FIG002994: Putative transcriptional regulator  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family (EC 1.1.1.-)  
COG2907: Amine oxidase, flavin-containing  
FIG001571: Hypothetical protein  
S-adenosyl-L-methionine dependent methyltransferase, similar to cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase  
FIG033155: Hypothetical protein  
FIG026291: Hypothetical periplasmic protein  
FIG002577: Putative lipoprotein precursor  
Uncharacterized iron-regulated protein  
FIG01202701: hypothetical protein  
FIG01201504: hypothetical protein  
Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)  
COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA  
hypothetical protein  
Transcriptional repressor protein TyrR  
Ribosomal-protein-S5p-alanine acetyltransferase  
FIG01205610: hypothetical protein  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
Biotin synthase (EC 2.8.1.6)  
8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47)  
Biotin synthesis protein bioC  
Dethiobiotin synthetase (EC 6.3.3.3)  
Transcriptional regulator  
Multidrug resistance efflux pump  
Permease of the major facilitator superfamily  
Anthranilate phosphoribosyltransferase  
Hypothetical Zinc-finger containing protein  
Histone acetyltransferase HPA2  
FIG01199999: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
FIG01201095: hypothetical protein  
FIG01201672: hypothetical protein  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
Response regulator  
Glucan 1,6-alpha-glucosidase (EC 3.2.1.70)  
Transcriptional regulator  
Permease of the major facilitator superfamily

Predicted acetyltransferase  
Type III effector HopPmaJ  
Possible MocA-family oxidoreductase  
Choloylglycine hydrolase family  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
FIG01205331: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01202748: hypothetical protein  
FIG001881: hydrolase of alkaline phosphatase superfamily  
FIG002927: hypothetical protein  
Nucleoid-associated protein NdpA  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
Protease IV (EC 3.4.21.-)  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
DNA topoisomerase III (EC 5.99.1.2)  
FIG01203224: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
tRNA-dihydrouridine synthase C (EC 1.-.-.-)  
MSHA pilin protein MshB BUT NOT  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
Periplasmic thiol:disulfide oxidoreductase DsbB, required for DsbA reoxidation  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaB  
Transcriptional regulator for fatty acid degradation FadR, GntR family  
MltA-interacting protein precursor  
DNA-binding protein H-NS  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
FIG01206069: hypothetical protein  
FIG01206069: hypothetical protein  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
BarA-associated response regulator UvrY (= GacA = SirA)  
Excinuclease ABC subunit C  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Transcription elongation factor  
FIG003737: Predicted deacylase  
Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
hypothetical protein sometimes fused to ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
Sodium-dependent transporter  
FIG01203253: hypothetical protein  
FIG01204611: hypothetical protein  
N-acetylneuraminic lyase (EC 4.1.3.3)  
Sialic acid utilization regulator, RpiR family  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)

N-acetylmannosamine-6-phosphate 2-epimerase (EC 5.1.3.9)  
N-acetylmannosamine kinase (EC 2.7.1.60)  
Predicted sialic acid transporter  
Putative sugar isomerase involved in processing of exogenous sialic acid  
Urease accessory protein UreG  
Urease accessory protein UreF  
Urease accessory protein UreE  
Urease alpha subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease beta subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease gamma subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease accessory protein UreD  
Dipeptide transport ATP-binding protein DppF (TC 3.A.1.5.2)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
Dipeptide transport system permease protein DppB (TC 3.A.1.5.2)  
Nickel ABC transporter, periplasmic nickel-binding protein nikA2 (TC 3.A.1.5.3)  
Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15) ## Bacterial type  
COG1720: Uncharacterized conserved protein  
Methionine ABC transporter substrate-binding protein  
Methionine ABC transporter permease protein  
Methionine ABC transporter ATP-binding protein  
D-glycero-D-manno-heptose 1,7-bisphosphate phosphatase (EC 3.1.1.-)  
FIG01201688: hypothetical protein  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01203221: hypothetical protein  
membrane protein  
Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)  
Accessory colonization factor AcfD precursor  
Phosphoenolpyruvate synthase (EC 2.7.9.2)  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
UPF0234 protein YajQ  
Pressure-regulated ORF-like protein  
RNA methyltransferase, TrmH family  
Phosphoribosylformylglycinamide synthase, synthetase subunit (EC 6.3.5.3) / Phosphoribosylformylglycinamide synthase, glutamine amidotransferase subunit  
Transglycosylase, Slt family  
FIG01202062: hypothetical protein  
Putative 2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase  
tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase  
Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif  
FIG000233: metal-dependent hydrolase  
Magnesium and cobalt efflux protein CorC  
Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE  
Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE  
hypothetical protein  
Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)

LPS-assembly lipoprotein RlpB precursor (Rare lipoprotein B)  
DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)  
lojap protein  
LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH ## ybeA  
Penicillin-binding protein 2 (PBP-2)  
Rod shape-determining protein RodA  
Rare lipoprotein A precursor  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Proposed lipoate regulatory protein YbeD  
Octanoate-[acyl-carrier-protein]-protein-N-octanoyltransferase  
Lipoate synthase  
Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)  
Glutamate 5-kinase (EC 2.7.2.11)  
FIG01200175: hypothetical protein  
Xanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.22)  
Xanthine/uracil/thiamine/ascorbate permease family protein  
Aminoacyl-histidine dipeptidase (Peptidase D) (EC 3.4.13.3)  
Alanine racemase (EC 5.1.1.1)  
DNA polymerase IV (EC 2.7.7.7)  
Probable exported or periplasmic protein in ApbE locus  
Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)  
Cell division protein BolA  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Hypothetical lipoprotein YajG precursor  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiA precursor (EC 5.2.1.8)  
AmpG permease  
Putative exported protein precursor  
2-dehydropantoate 2-reductase (EC 1.1.1.169)  
Protein ThiJ  
Thiamine biosynthesis protein thil  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesyldiphosphate synthase)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)  
Antibiotic biosynthesis monooxygenase  
FIG01204518: hypothetical protein  
Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 2-binding periplasmic protein LuxP precursor  
Phosphatidylglycerophosphatase A (EC 3.1.3.27)  
Thiamine-monophosphate kinase (EC 2.7.4.16)  
Transcription termination protein NusB  
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (EC 2.5.1.9)

3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26) / 5-amino-6-(5-phosphoribosylamino)uracil reductase (EC 1.1.1.19)  
Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204026: hypothetical protein  
Manganese-dependent inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)  
FIG01205303: hypothetical protein  
FIG01199889: hypothetical protein  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)  
Tetraacyldisaccharide 4-kinase (EC 2.7.1.130)  
UPF0434 protein YcaR  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
Membrane Protein Functionally coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase Functionally Coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
Chromosome partition protein MukF  
Chromosome partition protein MukE  
Chromosome partition protein MukB  
DnaJ-related protein  
Sensor protein basS/pmrB (EC 2.7.3.-)  
DNA-binding response regulator  
FIG01206679: hypothetical protein  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
NnrS protein involved in response to NO  
Predicted hydrolase or acyltransferase  
Fucose 4-O-acetylase  
FIG01200717: hypothetical protein  
Heavy metal RND efflux outer membrane protein, CzcC family  
Cobalt/zinc/cadmium efflux RND transporter, membrane fusion protein, CzcB family  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA; Cation efflux system protein CusA  
FIG01205776: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01203501: hypothetical protein  
Histidine ammonia-lyase (EC 4.3.1.3)  
Urocanate hydratase (EC 4.2.1.49)  
Formiminoglutamase (EC 3.5.3.8)  
Imidazolonepropionase (EC 3.5.2.7)  
Histidine utilization repressor  
FIG01205102: hypothetical protein  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase / Macrophage infectivity potentiator  
Thiol-disulfide isomerase  
FIG01200265: hypothetical protein  
Transcription-repair coupling factor  
FIG01200287: hypothetical protein  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolC  
Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD

Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolE  
FIG01206169: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01206137: hypothetical protein  
Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)  
6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31), eukaryotic type  
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (EC 1.1.1.44)  
DedA protein  
Outer membrane protein A precursor  
Toxin co-regulated pilus biosynthesis protein P, transcriptional activator of ToxT promoter  
Sensory box/GGDEF family protein  
Transcriptional regulator CdgA  
Transcriptional regulator CdgA  
FIG01202959: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01204793: hypothetical protein  
FIG01206706: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Sodium/glutamate symporter  
Similar to rod shape-determining protein rodA  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
RNA-binding protein  
Outer membrane protein OmpU  
FIG01203230: hypothetical protein  
Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
Beta N-acetyl-glucosaminidase (EC 3.2.1.52)  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM  
Mlc, transcriptional repressor of MalT (the transcriptional activator of maltose regulon) and manXYZ operon  
Low-specificity L-threonine aldolase (EC 4.1.2.5)  
Putative regulator protein  
FIG01201711: hypothetical protein  
FIG01205634: hypothetical protein  
FIG01204762: hypothetical protein  
Protein F-related protein  
Conserved uncharacterized protein CreA  
hypothetical protein  
FIG01200317: hypothetical protein  
FIG01203109: hypothetical protein  
Response regulator  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
ATP-dependent helicase HrpB  
Sugar/maltose fermentation stimulation protein homolog  
C4-type zinc finger protein, DksA/TraR family  
glutamyl-Q-tRNA synthetase  
Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)

2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethyldihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)  
Pantoate--beta-alanine ligase (EC 6.3.2.1)  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
Sulfate permease family protein  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
FIG01202226: hypothetical protein  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
Quorum-sensing regulator of virulence HapR  
Dihydrolipoamide dehydrogenase of pyruvate dehydrogenase complex (EC 1.8.1.4)  
Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)  
MII8244 protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Putative membrane protein  
hypothetical protein  
Outer membrane protein N, non-specific porin  
ATP-dependent RNA helicase VCA0768  
FIG01205322: hypothetical protein  
membrane protein  
corresponds to STY3950 from Accession AL513382: Salmonella typhi CT18  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Multidrug resistance efflux pump  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
GGDEF domain protein  
FIG01202934: hypothetical protein  
Exoribonuclease II (EC 3.1.13.1)  
Cold-shock DEAD-box protein A  
Spermidine N1-acetyltransferase (EC 2.3.1.57)  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01206536: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, ATP-binding protein  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
Predicted ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
Predicted ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
FIG01206551: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
FIG01202754: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, SorC family  
FIG01204056: hypothetical protein  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrA  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrB



Small-conductance mechanosensitive channel  
Cytochrome b  
Cytochrome c<sup>39</sup>;  
MutT/nudix family protein  
FIG01201411: hypothetical protein  
FIG01200551: hypothetical protein  
Oxidoreductase, aldo/keto reductase family  
Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES  
Heat shock protein 60 family chaperone GroEL  
Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)  
5-carboxymethyl-2-hydroxyruconate delta-isomerase (EC 5.3.3.10)  
FIG01201392: hypothetical protein  
Putative protease  
Putative protease  
C-di-GMP phosphodiesterase A-related protein  
Putative lipid carrier protein  
FIG002208: Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
FIG01201991: hypothetical protein  
DNA polymerase III psi subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribosomal-protein-S18p-alanine acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Peptide chain release factor 3  
FIG01200183: hypothetical protein  
Putative deoxyribonuclease YjjV  
Nucleoside permease NupC  
FIG01203171: hypothetical protein  
Deoxyribose-phosphate aldolase (EC 4.1.2.4)  
Thymidine phosphorylase (EC 2.4.2.4)  
Phosphopentomutase (EC 5.4.2.7)  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Smp-like protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Type IV prepilin peptidase TadV/CpaA  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
FIG01201192: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family

Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)  
Sensor protein PhoQ (EC 2.7.13.3)  
Transcriptional regulatory protein PhoP  
Transcriptional regulatory protein PhoP  
FIG01204048: hypothetical protein  
DNA repair protein RadA  
Translation elongation factor G paralog  
FIG01202619: hypothetical protein  
Cytosine deaminase (EC 3.5.4.1)  
Cytosine permease  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
DNA mismatch repair protein MutS  
Protein Implicated in DNA repair function with RecA and MutS  
RecA protein  
Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Carbon storage regulator  
hypothetical protein  
Pyruvate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.1)  
Transcriptional repressor for pyruvate dehydrogenase complex  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28) AmpD  
Quinolinate phosphoribosyltransferase [decarboxylating] (EC 2.4.2.19)  
Type IV pilin PilA  
Type IV fimbrial assembly, ATPase PilB  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Leader peptidase (Prepilin peptidase) (EC 3.4.23.43) / N-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)  
FIG002842: hypothetical protein  
FIG003276: zinc-binding protein  
Mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoguanine-triphosphatase) (EC 3.6.1.-)  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
FIG006972: hypothetical protein  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)  
Cell division protein FtsZ (EC 3.4.24.-)  
Cell division protein FtsA  
Cell division protein FtsQ  
UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)  
UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)  
Cell division protein FtsW  
UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)  
Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
Cell division protein FtsL  
rRNA small subunit methyltransferase H  
rRNA small subunit methyltransferase I  
LppC putative lipoprotein  
Predicted endonuclease distantly related to archaeal Holliday junction resolvase

Phosphoheptose isomerase (EC 5.3.1.-)  
21 kDa hemolysin precursor  
Stringent starvation protein B  
Stringent starvation protein A  
hypothetical protein  
ubiquinol cytochrome C oxidoreductase, cytochrome C1 subunit  
Ubiquinol--cytochrome c reductase, cytochrome B subunit (EC 1.10.2.2)  
Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit (EC 1.10.2.2)  
SSU ribosomal protein S9p (S16e)  
LSU ribosomal protein L13p (L13Ae)  
ATPase, AFG1 family  
Putative cytochrome d ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-) (Cytochrome bd-I oxidase subunit III)  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Outer membrane stress sensor protease DegS  
Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)  
Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)  
Putative esterase, FIGfam005057  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Putative cytoplasmic protein  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
Type I secretion outer membrane protein, TolC precursor  
ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase  
Glutamate-ammonia-ligase adenyltransferase (EC 2.7.7.42)  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
cAMP-dependent Kef-type K<sup>+</sup> transport system  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)  
Probable low-affinity inorganic phosphate transporter  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
General secretion pathway protein B  
General secretion pathway protein A  
tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)  
Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Dihydroneopterin aldolase (EC 4.1.2.25)  
Acyl-phosphate:glycerol-3-phosphate O-acyltransferase PlsY  
YgjD/Kae1/Qri7 family, required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA  
SSU ribosomal protein S21p  
Transamidase GatB domain protein  
DNA primase (EC 2.7.7.-)  
RNA polymerase sigma factor RpoD  
hypothetical protein  
Outer membrane protein  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
FIG01202021: hypothetical protein  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Transcriptional regulator LuxZ  
FIG01200857: hypothetical protein

Sensory box/GGDEF family protein  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
Cystathionine gamma-synthase (EC 2.5.1.48)  
Methionine repressor MetJ  
Glycosidase  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Maltose operon periplasmic protein MalM  
NADP-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.40)  
LSU ribosomal protein L31p  
Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication  
Transcriptional (co)regulator CytR  
Cell division protein FtsN  
ATP-dependent protease HslV (EC 3.4.25.-)  
ATP-dependent hsl protease ATP-binding subunit HslU  
OsmC/Ohr family protein  
Cyclic AMP receptor protein  
FIG008480: hypothetical protein  
Succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.71)  
Arginine N-succinyltransferase (EC 2.3.1.109)  
Acetylmethionine aminotransferase (EC 2.6.1.11) / N-succinyl-L,L-diaminopimelate aminotransferase (EC 2.6.1.17) / Succinylmethionine transaminase  
Para-aminobenzoate synthase, amidotransferase component (EC 2.6.1.85)  
tryptophanyl-tRNA synthetase( EC:6.1.1.2 )  
Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)  
Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)  
Methyl-directed repair DNA adenine methylase (EC 2.1.1.72)  
DamX, an inner membrane protein involved in bile resistance  
3-dehydroquinate synthase (EC 4.2.3.4)  
Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71)  
Type IV pilus biogenesis protein PilQ  
Type IV pilus biogenesis protein PilP  
Type IV pilus biogenesis protein PilO  
Type IV pilus biogenesis protein PilN  
Type IV pilus biogenesis protein PilM  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.)  
Phage tail fiber protein  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiC (EC 5.2.1.8)  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Acyl dehydratase  
Aminomethyltransferase (glycine cleavage system T protein) (EC 2.1.2.10)  
Predicted transcriptional regulator  
Glycine cleavage system H protein  
Glycine dehydrogenase [decarboxylating] (glycine cleavage system P protein) (EC 1.4.4.2)  
FOG: EAL domain  
Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, AraC family

PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)  
Putative PTS system, nitrogen regulatory IIA component  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
putative patatin-like phospholipase  
FIG01199688: hypothetical protein  
Uncharacterized protein Impl/VasC  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
conserved domain protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
3'-5' oligoribonuclease (orn)  
Ribosome small subunit-stimulated GTPase EngC  
Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Lysyl-tRNA synthetase-related protein  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Fumarate reductase subunit C  
Fumarate reductase subunit D  
Translation elongation factor P  
Lysine 2,3-aminomutase (EC 5.4.3.2)  
6-phosphofructokinase (EC 2.7.1.11)  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
P pilus assembly/Cpx signaling pathway, periplasmic inhibitor/zinc- resistance associated protein  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
Copper sensory histidine kinase CpxA  
tRNA (cytosine34-O<sup>6</sup>)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)  
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)<sup>+</sup>] (EC 1.1.1.94)  
Protein export cytoplasm chaperone protein (SecB, maintains protein to be exported in unfolded state)  
FIG136845: Rhodanese-related sulfurtransferase  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
FxsA protein  
Aspartate ammonia-lyase (EC 4.3.1.1)  
C4-dicarboxylate transporter DcuA  
Universal stress protein family 8  
Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD, protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)  
Glucosamine-6-phosphate deaminase (EC 3.5.99.6)  
Permease of the major facilitator superfamily  
Predicted protein-tyrosine phosphatase  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Transcriptional regulator, ArsR family  
transcriptional regulators, LysR family protein

hypothetical protein-signal peptide prediction  
Outer membrane protein/protective antigen OMA87  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Carbonic anhydrase, gamma class (EC 4.2.1.1)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)  
Transcriptional regulator of glmS gene, DeoR family  
Transcriptional regulator, LuxR family  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01200114: hypothetical protein  
Acetate permease ActP (cation/acetate symporter)  
Sensor histidine kinase  
Probable 3-phenylpropionic acid transporter  
hypothetical protein  
Predicted signal-transduction protein  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)  
3-dehydroquinate dehydratase II (EC 4.2.1.10)  
Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase  
Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)  
Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.-)  
DNA-binding protein Fis  
FIG01205880: hypothetical protein  
zinc-responsive transcriptional regulator  
IMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.10) / Phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase (EC 2.1.2.3)  
Phosphoribosylamine--glycine ligase (EC 6.3.4.13)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)  
DNA-binding protein HU-alpha  
CBS-domain containing protein  
FIG01200171: hypothetical protein  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
FIG01204565: hypothetical protein  
Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)  
NADH pyrophosphatase (EC 3.6.1.22)  
Regulator of sigma D  
Curli production assembly/transport component CsgG  
Curli production assembly/transport component CsgF  
Curli production assembly/transport component CsgE  
Transcriptional regulator CsgD for 2nd curli operon  
Minor curlin subunit CsgB, nucleation component of curlin monomers  
Major curlin subunit precursor CsgA  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)  
LSU ribosomal protein L10p (P0)

LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)  
LSU ribosomal protein L11p (L12e)  
Transcription antitermination protein NusG  
Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)  
Uncharacterized protein YtfN  
Uncharacterized protein YtfM precursor  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)  
FIG01201012: hypothetical protein  
Protein ytfJ precursor  
Predicted zinc-binding protein  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
FIG003461: hypothetical protein  
FIG01200110: hypothetical protein  
Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)  
Sulfate permease, Trk-type  
Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)  
2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16)  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
ElaA protein  
FIG00356385: hypothetical protein  
Putative cell envelope opacity-associated protein A  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fkIB (EC 5.2.1.8)  
FIG01200076: hypothetical protein  
Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)  
Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)  
Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)  
Thymidylate kinase  
hypothetical protein  
ABC-type Fe<sup>3+</sup>-hydroxamate transport system, periplasmic component  
tRNA dihydrouridine synthase A (EC 1.-.-.)  
Zinc uptake regulation protein ZUR  
Chemotaxis protein CheX  
Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)  
hypothetical protein  
FIG01200950: hypothetical protein  
Alanine racemase, biosynthetic (EC 5.1.1.1)  
Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)  
membrane protein  
Cation/multidrug efflux pump  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Transcriptional regulator, TetR family  
2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)  
3-isopropylmalate dehydrogenase (EC 1.1.1.85)  
3-isopropylmalate dehydratase large subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydratase small subunit (EC 4.2.1.33)  
Uncharacterized protein DUF547

DnaJ-like protein DjlA  
Outer membrane protein Imp, required for envelope biogenesis / Organic solvent tolerance protein precursor  
Survival protein SurA precursor (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SurA) (EC 5.2.1.8)  
4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.262)  
Dimethyladenosine transferase (EC 2.1.1.-)  
Bis(5'-nucleosyl)-tetrphosphatase, symmetrical (EC 3.6.1.41)  
Dihydrofolate reductase (EC 1.5.1.3)  
FIG001826: putative inner membrane protein  
FIG023911: putative membrane protein  
COG0536: GTP-binding protein Obg  
LSU ribosomal protein L27p  
LSU ribosomal protein L21p  
farnesyl pyrophosphate synthetase( EC:2.5.1.1,EC:2.5.1.10,EC:2.5.1.29 )  
Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
Arginine pathway regulatory protein ArgR, repressor of arg regulon  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
Universal stress protein family 3  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
RNA polymerase associated protein RapA (EC 3.6.1.-)  
Thiamin ABC transporter, ATPase component  
Thiamin ABC transporter, transmembrane component  
Thiamin ABC transporter, substrate-binding component  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase UbiX (EC 4.1.1.-)  
UDP-N-acetylmuramate:L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.-)  
Fructose-1,6-bisphosphatase, type I (EC 3.1.3.11)  
LSU ribosomal protein L17p  
DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)  
SSU ribosomal protein S4p (S9e)  
SSU ribosomal protein S11p (S14e)  
SSU ribosomal protein S13p (S18e)  
LSU ribosomal protein L36p  
Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)  
LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)  
LSU ribosomal protein L30p (L7e)  
SSU ribosomal protein S5p (S2e)  
LSU ribosomal protein L18p (L5e)  
LSU ribosomal protein L6p (L9e)  
SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)  
SSU ribosomal protein S14p (S29e) ## Zinc-independent  
LSU ribosomal protein L5p (L11e)  
LSU ribosomal protein L24p (L26e)  
LSU ribosomal protein L14p (L23e)  
SSU ribosomal protein S17p (S11e)  
LSU ribosomal protein L29p (L35e)  
LSU ribosomal protein L16p (L10e)  
SSU ribosomal protein S3p (S3e)  
LSU ribosomal protein L22p (L17e)  
SSU ribosomal protein S19p (S15e)



LSU ribosomal protein L2p (L8e)  
LSU ribosomal protein L23p (L23Ae)  
LSU ribosomal protein L4p (L1e)  
LSU ribosomal protein L3p (L3e)  
SSU ribosomal protein S10p (S20e)  
hypothetical protein  
FIG01205485: hypothetical protein  
Phage tail sheath monomer  
hypothetical protein  
Electron transport complex protein RnfD  
Electron transport complex protein RnfG  
Electron transport complex protein RnfE  
Endonuclease III (EC 4.2.99.18)  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01199914: hypothetical protein  
Sodium-type flagellar protein motY precursor  
Ribonuclease T (EC 3.1.13.-)  
Histidine permease YuiF  
Response regulator VieB  
Glutaredoxin-related protein  
Superoxide dismutase [Fe] (EC 1.15.1.1)  
Potential queD like 2  
oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1); Acetaldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.10)  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
FIG01205958: hypothetical protein  
Uncharacterized protein YeaC  
FIG01202681: hypothetical protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Aldose 1-epimerase family protein YeaD  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
FIG01202807: hypothetical protein  
Thioredoxin 2 (EC 1.8.1.8)  
Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)  
FIG065221: ATPase, AAA family  
Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA  
Cell division protein FtsK  
Leucine-responsive regulatory protein, regulator for leucine (or Irp) regulon and high-affinity branched-chain amino acid transport system  
Alanine dehydrogenase (EC 1.4.1.1)  
Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)  
Transport ATP-binding protein CydD  
Transport ATP-binding protein CydC  
Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)  
FIG01200125: hypothetical protein  
FIG01199724: hypothetical protein  
Regulator of competence-specific genes  
Predicted signal transduction protein  
Putative surface protein

FIG01199945: hypothetical protein  
Glutamate decarboxylase, eukaryotic type (EC 4.1.1.15)  
Phosphogluconate repressor HexR, RpiR family  
Glutaredoxin 1  
TrkA, Potassium channel-family protein  
Short-chain alcohol dehydrogenase family  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaA type  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
AttF component of AttEFGH ABC transport system / AttG component of AttEFGH ABC transport system  
AttE component of AttEFGH ABC transport system  
Predicted nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
FIG01201214: hypothetical protein  
MFS family multidrug transport protein, bicyclomycin resistance protein  
Ribosomal small subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70) ## SSU Psi516  
Multidrug resistance protein B  
Multidrug resistance protein A  
Transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
hypothetical protein  
Arylsulfatase regulator (Fe-S oxidoreductase)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative methyl-accepting chemotaxis protein  
putative transmembrane protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
FIG01202384: hypothetical protein  
FIG01206465: hypothetical protein  
FIG01201345: hypothetical protein  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
hypothetical protein  
Helicase-related protein  
FIG01205529: hypothetical protein  
LSU ribosomal protein L25p  
Heat shock protein HslJ  
FIG138576: 3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41)  
3-oxoacyl-[ACP] reductase (EC 1.1.1.100)  
3-hydroxydecanoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41) FabV like  
FIG035331: hypothetical protein  
FIG021862: membrane protein, exporter  
FIG027190: Putative transmembrane protein  
FIG002571: 4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase domain protein  
Putative histidine ammonia-lyase protein  
FIG143263: Glycosyl transferase / Lysophospholipid acyltransferase  
(3R)-hydroxymyristoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FIGfam138462: Acyl-CoA synthetase, AMP-(fatty) acid ligase  
FIG017861: hypothetical protein

Acyl carrier protein (ACP2)  
Acyl carrier protein (ACP1)  
FIG018329: 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
3-oxoacyl-[ACP] synthase  
FIG01203478: hypothetical protein  
SAM-dependent methyltransferase  
FIG022199: FAD-binding protein  
Protein yecM  
Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)  
FIG01206259: hypothetical protein  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
Phosphate acetyltransferase (EC 2.3.1.8)  
Ferrous iron transport protein C  
Ferrous iron transport protein B  
Ferrous iron transport protein A  
DNA-binding response regulator, AraC family  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] alpha chain (EC 6.2.1.5)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] beta chain (EC 6.2.1.5)  
Dihydrolipoamide succinyltransferase component (E2) of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.61)  
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.2)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor protein  
Succinate dehydrogenase cytochrome b-556 subunit  
Citrate synthase (si) (EC 2.3.3.1)  
FIG042796: Hypothetical protein  
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)  
SeqA protein, negative modulator of initiation of replication  
Esterase ybfF (EC 3.1.-.-)  
FIG01200995: hypothetical protein  
Flavodoxin 1  
FIG01200136: hypothetical protein  
Ferric uptake regulation protein FUR  
Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.18)  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
N-acetylglucosamine-6P-responsive transcriptional repressor NagC, ROK family  
putative Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.4)  
Transcriptional activator RfaH  
Di/tripeptide permease DtpT  
DNA uptake protein  
FIG01204135: hypothetical protein

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiD (EC 5.2.1.8)  
DNA-binding protein HU-beta  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX  
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)  
Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)  
Ferrochelatase, protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)  
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)  
Chaperone protein HtpG  
Transcriptional activator ToxR  
Transmembrane regulatory protein ToxS  
Phosphodiesterase yfcE (EC 3.1.4.-)  
Cell division inhibitor  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProW (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1)  
Putative oxidoreductase  
COG3118: Thioredoxin domain-containing protein EC-YbbN  
HTH-type transcriptional regulator cueR  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
CopG protein  
FIG01205868: hypothetical protein  
UDP-sugar hydrolase (EC 3.6.1.45); 5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite transporter from formate/nitrite family  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)  
FIG002708: Protein SirB1  
FIG002082: Protein sirB2  
Methylase of polypeptide chain release factors  
Peptide chain release factor 1  
Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)  
Outer membrane lipoprotein LolB precursor  
4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (EC 2.7.1.148)  
Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)  
Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)  
GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF  
ClpB protein  
COG1496: Uncharacterized conserved protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi1911, Psi1915 and Psi1917  
Probable component of the lipoprotein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfgL, and NlpB)  
Ribosome hibernation protein YfiA  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Prephenate dehydratase (EC 4.2.1.51)  
Inosine/xanthosine triphosphatase (EC 3.6.1.-); Hypothetical cytoplasmic protein in cluster with NspS  
Transcriptional repressor protein TrpR  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
ABC transporter, ATP-binding protein

FIG01200641: hypothetical protein  
Membrane protein  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43)  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
LSU ribosomal protein L19p  
tRNA (Guanine37-N1) -methyltransferase (EC 2.1.1.31)  
16S rRNA processing protein RimM  
SSU ribosomal protein S16p  
Signal recognition particle, subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)  
FIG001154: CcsA-related protein  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
S-ribosylhomocysteine lyase (EC 4.4.1.21) / Autoinducer-2 production protein LuxS  
FIG01200315: hypothetical protein  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
Protease, insulinase family/protease, insulinase family  
Putative membrane protein  
Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)  
GGDEF domain protein  
FIG01203063: hypothetical protein  
FIG01205501: hypothetical protein  
Sodium-dependent phosphate transporter  
Transcriptional activator NhaR  
Transcriptional activator HlyU  
SSU ribosomal protein S20p  
Proposed peptidoglycan lipid II flippase MurJ  
Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)  
Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)  
Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)  
Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase slpA (EC 5.2.1.8)  
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)  
Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)  
Carbamoyl-phosphate synthase small chain (EC 6.3.5.5)  
Carbamoyl-phosphate synthase large chain (EC 6.3.5.5)  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Outer membrane protein OmpU  
Transcription elongation factor GreA  
FIG004454: RNA binding protein  
Cell division protein FtsJ / Ribosomal RNA large subunit methyltransferase J (EC 2.1.1.-)  
Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)  
Dihydropteroate synthase (EC 2.5.1.15)  
Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)  
Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)  
COG0779: clustered with transcription termination protein NusA  
Transcription termination protein NusA  
Translation initiation factor 2  
Ribosome-binding factor A

tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi55  
SSU ribosomal protein S15p (S13e)  
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)  
Lipoprotein nlp precursor  
FIG01200584: hypothetical protein  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
Uncharacterized protein ImpA  
IcmF-related protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpA  
Serine/threonine protein kinase  
FIG01200163: hypothetical protein  
pentapeptide repeat family protein  
FIG01200267: hypothetical protein  
FIG01199591: hypothetical protein  
VgrG protein  
hcp protein  
ClpB protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
hypothetical protein  
FIG01204317: hypothetical protein  
FIG01204317: hypothetical protein  
FIG01204317: hypothetical protein  
FIG01202574: hypothetical protein  
FIG01200990: hypothetical protein  
Hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Mg-chelatase subunit ChID  
zinc finger, SWIM domain protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Potassium channel related protein  
hypothetical protein  
Putative alpha helical protein  
Putative cytoplasmic protein  
Similarity with glutathionylspermidine synthase (EC 6.3.1.8), group 1  
hypothetical protein  
Membrane protein with DUF350 domain  
Alpha-2-macroglobulin  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
hypothetical protein

Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01202748: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01205331: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01203051: hypothetical protein  
Substrate-specific component MtsA of methionine-regulated ECF transporter  
Duplicated ATPase component MtsB of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Transmembrane component MtsC of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
FIG01207056: hypothetical protein  
FIG01202314: hypothetical protein  
FIG01202314: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
SanA protein  
FIG01205955: hypothetical protein  
NAD-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.38)  
HrpA-like helicase  
Phospholipase A1 precursor (EC 3.1.1.32, EC 3.1.1.4); Outer membrane phospholipase A  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfG, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c552 precursor (EC 1.7.2.2)  
Cytochrome c-type protein NrfB precursor  
NrfC protein  
NrfD protein  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfE, nitrite reductase complex assembly  
Putative thiol:disulfide oxidoreductase, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfF, nitrite reductase complex assembly  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter  
Putative transcriptional regulator LYSR-type  
Phosphatidylglycerophosphatase B (EC 3.1.3.27)  
Long-chain fatty acid transport protein  
acetyltransferase( EC:2.3.1.- )  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Conserved domain protein  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Cdc6-related protein  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
ATPase YjeE, predicted to have essential role in cell wall biosynthesis  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)  
DNA mismatch repair protein MutL  
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (EC 2.5.1.8)  
RNA-binding protein Hfq  
GTP-binding protein HflX  
HflK protein  
HflC protein  
Putative inner membrane protein YjeT (clustered with HflC)  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Sodium-type polar flagellar protein motX

Flavohemoprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavohemoglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)  
Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR  
3'-5'-exoribonuclease RNase R  
23S rRNA (guanosine-2'-O)-methyltransferase rlmB (EC 2.1.1.-)  
SSU ribosomal protein S6p  
Primosomal replication protein N  
SSU ribosomal protein S18p  
LSU ribosomal protein L9p  
5,10-methylenetetrahydrofolate reductase (EC 1.5.1.20)  
Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31)  
Acetylmethionine deacetylase (EC 3.5.1.16)  
N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase (EC 1.2.1.38)  
Acetylglutamate kinase (EC 2.7.2.8)  
Argininosuccinate synthase (EC 6.3.4.5)  
Argininosuccinate lyase (EC 4.3.2.1) / N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
hypothetical protein  
Dihydrolipoamide dehydrogenase (EC 1.8.1.4)  
Peroxiredoxin family protein/glutaredoxin  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Phage tail protein I  
Protoporphyrinogen IX oxidase, oxygen-independent, HemG (EC 1.3.-.-)  
Potassium uptake protein TrkH  
FIG000605: protein co-occurring with transport systems (COG1739)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41) / 3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
YhdH, a putative quinone oxidoreductase  
Transcriptional regulator  
FIG01199885: hypothetical protein  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusA  
NADH dehydrogenase subunit II-related protein  
Periplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
Glycyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.14)  
Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)  
Valine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.66)  
Valine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.66)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
16 kDa heat shock protein A  
DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)  
DNA recombination and repair protein RecF  
DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)  
Chromosomal replication initiator protein DnaA  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding portion  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
LSU ribosomal protein L34p  
Ribonuclease P protein component (EC 3.1.26.5)  
Inner membrane protein translocase component YidC, long form  
GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE  
Flavoprotein MioC



tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA  
rRNA small subunit methyltransferase, glucose inhibited division protein GidB  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J  
ATP synthase protein I  
ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)  
N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.23) / Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)  
Cold shock protein CspG  
Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)  
Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)  
Branched-chain amino acid aminotransferase (EC 2.6.1.42)  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
MG(2+) CHELATASE FAMILY PROTEIN / ComM-related protein  
Probable acyltransferase yihG (EC 2.3.-.-)  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
YihE protein, a ser/thr kinase implicated in LPS synthesis and Cpx signalling  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoG, involved in Cu oxidation  
Protein yihD  
FIG01206592: hypothetical protein  
Hypothetical Transcriptional Regulator  
COG1272: Predicted membrane protein hemolysin III homolog  
Potassium uptake protein TrkH  
Trk system potassium uptake protein TrkA  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)  
Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)  
Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)  
Uncharacterized protein with LysM domain, COG1652  
Rossmann fold nucleotide-binding protein Smf possibly involved in DNA uptake  
Protein of unknown function Smg  
Similar to C-terminal Zn-finger domain of DNA topoisomerase I  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (EC 4.1.1.21)  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (EC 4.1.1.21)  
YrdC/Sua5 family protein, required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA  
Shikimate 5-dehydrogenase I alpha (EC 1.1.1.25)  
FIG01199611: hypothetical protein  
carbonic anhydrase, family 3  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter, putative  
5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.13)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Serine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.51) / L-alanine:glyoxylate aminotransferase (EC 2.6.1.44)  
Lipid A core-O-antigen ligase

Excinuclease ABC subunit A  
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)  
FIG01201862: hypothetical protein  
Alpha-D-GlcNAc alpha-1,2-L-rhamnosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Putative glycosyltransferase protein  
Putative glycosyltransferase protein  
FIG01200177: hypothetical protein  
Flippase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsD, exopolysaccharide synthesis  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsC, polysaccharide export  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsB  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsA, sugar transferase  
Single-stranded DNA-binding protein  
FIG01202356: hypothetical protein  
MSHA biogenesis protein MshH  
MSHA biogenesis protein MshI  
MSHA biogenesis protein MshJ  
MSHA biogenesis protein MshK  
MSHA biogenesis protein MshL  
MSHA biogenesis protein MshM  
MSHA biogenesis protein MshN  
MSHA biogenesis protein MshE  
MSHA biogenesis protein MshG  
MSHA biogenesis protein MshF  
MSHA pilin protein MshB  
MSHA pilin protein MshA  
MSHA pilin protein MshC  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshQ  
Rod shape-determining protein MreB  
Rod shape-determining protein MreC  
Rod shape-determining protein MreD  
Septum formation protein Maf  
Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)  
FIG005080: Possible exported protein  
FIG003879: Predicted amidohydrolase  
TldD protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG138315: Putative alpha helix protein  
TldE/PmbA protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
Magnesium transporter  
Phosphocarrier protein, nitrogen regulation associated  
Hypothetical ATP-binding protein UPF0042, contains P-loop  
PTS system nitrogen-specific IIA component, PtsN  
Ribosome hibernation protein YhbH  
RNA polymerase sigma-54 factor RpoN  
Lipopolysaccharide ABC transporter, ATP-binding protein LptB  
LptA, protein essential for LPS transport across the periplasm

Uncharacterized protein YrbK clustered with lipopolysaccharide transporters  
3-deoxy-D-manno-octulosonate 8-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.45)  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
Inner membrane protein YrbG, predicted calcium/sodium:proton antiporter  
Uncharacterized ABC transporter, ATP-binding protein YrbF  
Uncharacterized ABC transporter, permease component YrbE  
Uncharacterized ABC transporter, periplasmic component YrbD  
Uncharacterized ABC transporter, auxiliary component YrbC  
YrbA protein  
UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
Endoribonuclease L-PSP  
Aspartate carbamoyltransferase regulatory chain (PyrI)  
Aspartate carbamoyltransferase (EC 2.1.3.2)  
Ornithine carbamoyltransferase (EC 2.1.3.3)  
Arginine deiminase (EC 3.5.3.6)  
Ribonuclease E inhibitor RraB  
Beta-galactosidase/beta-glucuronidase  
Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)  
DNA polymerase III chi subunit (EC 2.7.7.7)  
Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)  
FIG000988: Predicted permease  
FIG000906: Predicted Permease  
FIG023103: Predicted transmembrane protein  
FIG01200394: hypothetical protein  
Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)  
RNA-binding protein  
Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)  
conserved hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii]; COG2102: Predicted ATPases of PP-loop superfamily; IPR002761: Domain of unknown function  
Outer membrane vitamin B12 receptor BtuB  
tRNA (Uracil54-C5-)-methyltransferase (EC 2.1.1.35)  
ATPase of the AAA+ class  
Unsaturated fatty acid biosynthesis repressor FabR, TetR family  
hypothetical protein  
Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase (EC 1.6.1.1)  
DNA-damage-inducible protein F  
O-methyltransferase-related protein  
SOS-response repressor and protease LexA (EC 3.4.21.88)  
Glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.15)  
4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Chorismate--pyruvate lyase (EC 4.1.3.40)  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
GlpG protein (membrane protein of glp regulon)  
Thiosulfate sulfurtransferase GlpE (EC 2.8.1.1)  
RNA polymerase sigma factor RpoH  
Cell division protein FtsX  
Cell division transporter, ATP-binding protein FtsE (TC 3.A.5.1.1)  
Signal recognition particle receptor protein FtsY (=alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)

Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
FIG01199926: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01200151: hypothetical protein  
FIG01200701: hypothetical protein  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
ATP-dependent DNA helicase Rep  
Cytochrome c5  
Glycine cleavage system regulatory protein  
membrane protein  
DNA helicase IV  
Methylglyoxal synthase (EC 4.2.3.3)  
Periplasmic protein torT precursor  
Sensor protein torS (EC 2.7.3.-)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
MSHA pilin protein MshB  
putative secreted protein  
FIG01203756: hypothetical protein  
FIG01202051: hypothetical protein  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeB  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 1  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
Putative sodium-dependent transporter  
GTG start codon  
Predicted signal transduction protein  
UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
CysteinyI-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)  
Thymidine kinase (EC 2.7.1.21)  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01202189: hypothetical protein  
Pyruvate formate-lyase activating enzyme (EC 1.97.1.4)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
FIG01200042: hypothetical protein  
Arginine/ornithine ABC transporter, ATP-binding protein AotP  
Lysine-arginine-ornithine-binding periplasmic protein precursor (TC 3.A.1.3.1)  
Arginine/ornithine ABC transporter, permease protein AotQ

Histidine ABC transporter, permease protein HisM (TC 3.A.1.3.1)  
Glutaredoxin 2  
Exodeoxyribonuclease III (EC 3.1.11.2)  
hypothetical protein  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
FIG001341: Probable Fe(2+)-trafficking protein YggX  
A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)  
tRNA (guanine46-N7-)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)  
Glutaminase (EC 3.5.1.2)  
Radical SAM family enzyme, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, clustered with nucleoside-triphosphatase RdgB  
Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dITP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)  
FIG003551: hypothetical protein  
UPF0235 protein VC0458  
Integral membrane protein YggT, involved in response to extracytoplasmic stress (osmotic shock)  
Pyrroline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)  
Hypothetical protein YggS, proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC  
Twitching motility protein PilT  
Twitching motility protein PilT  
Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)  
UPF0301 protein YggE  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)  
Extracellular deoxyribonuclease Dns (EC 3.1.21.-)  
Protein sprT  
S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)  
Transketolase (EC 2.2.1.1)  
D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.72)  
Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)  
Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)  
ATP-dependent RNA helicase SrmB  
COG4123: Predicted O-methyltransferase  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
Flavodoxin 2  
Tyrosine recombinase XerD  
Thiol:disulfide interchange protein DsbC  
Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)  
Peptide chain release factor 2; programmed frameshift-containing  
Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)  
Transcriptional regulator VpsR  
DNA mismatch repair endonuclease MutH  
Adenosine (5'-pentaphospho-(5'-adenosine pyrophosphohydrolase (EC 3.6.1.-)  
FIG001592: Phosphocarrier protein kinase/phosphorylase, nitrogen regulation associated  
Protein of unknown function DUF81  
Prolipoprotein diacylglyceryl transferase (EC 2.4.99.-)  
Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)  
hypothetical protein  
hypothetical protein

hypothetical protein  
hypothetical protein  
VgrG-3 protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203968: hypothetical protein  
FIG01202501: hypothetical protein  
FIG01202290: hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
Transcriptional regulator  
Ribonuclease HI, Vibrio paralog  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage integrase  
tmRNA-binding protein SmpB  
Putative oligoketide cyclase/lipid transport protein, similarity with yeast ubiquinone-binding protein YOL008W  
UPF0125 protein yjfF  
Outer membrane lipoprotein SmpA, a component of the essential YaeT outer-membrane protein assembly complex  
DNA repair protein RecN  
NAD kinase (EC 2.7.1.23)  
Heat shock protein GrpE  
FIG01207231: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
Chaperone protein DnaJ  
FIG01200084: hypothetical protein  
4Fe-4S ferredoxin, iron-sulfur binding  
Putative protease  
DNA recombination-dependent growth factor C  
Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)  
Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system regulatory protein PhoU  
Uncharacterized low-complexity protein  
FIG01200334: hypothetical protein  
FIG01206606: hypothetical protein  
FIG01206894: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Transcriptional regulators, LysR family  
Accessory colonization factor AcfA  
Protein YgiW precursor

Cytoplasmic copper homeostasis protein cutC  
Alkyl hydroperoxide reductase subunit C-like protein  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Malate synthase (EC 2.3.3.9)  
Isocitrate lyase (EC 4.1.3.1)  
Putative acetoin utilization protein AcuB  
S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)  
tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)  
Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
UPF0325 protein yaeH  
[Protein-P1I] uridylyltransferase (EC 2.7.7.59)  
Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)  
SSU ribosomal protein S2p (SAe)  
Translation elongation factor Ts  
Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)  
Ribosome recycling factor  
Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)  
Phosphatidate cytidylyltransferase (EC 2.7.7.41)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)  
Membrane-associated zinc metalloprotease  
Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor  
Outer membrane chaperone Skp (OmpH) precursor @ Outer membrane protein H precursor  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)  
Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)  
Ribonuclease HII (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)  
tRNA(Ile)-lysine synthetase  
Cytochrome c553  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01199556: hypothetical protein  
FIG01199992: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)  
Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)  
FIG005121: SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribonuclease HI (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
FIG004599: Hypothetical protein  
FIG01204797: hypothetical protein  
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific (EC 1.3.99.2)  
Phosphoheptose isomerase 1 (EC 5.3.1.-)  
Predicted glutamine amidotransferase  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase (EC 2.1.2.2)  
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (EC 6.3.3.1)  
Uracil phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.9)

Uracil permease

FIG01200261: hypothetical protein

FIG01201104: hypothetical protein

Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)

Exported zinc metalloprotease YfgC precursor

Exported zinc metalloprotease YfgC precursor

FIG028274: hypothetical protein

Putative permease PerM (= YfgO)

Thiol peroxidase, Bcp-type (EC 1.11.1.15)

Glycine cleavage system transcriptional antiactivator GcvR

Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)

Outer membrane protein NlpB, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and YfgL); Lipoprotein

FIG01201208: hypothetical protein

FIG009095: D,D-carboxypeptidase family protein

N-succinyl-L,L-diaminopimelate desuccinylase (EC 3.5.1.18)

FIG138056: a glutathione-dependent thiol reductase

Uropathogenic specific protein

FIG01199732: hypothetical protein

putative outer membrane lipoprotein

Nitrate/nitrite response regulator protein

Nitrate/nitrite sensor protein (EC 2.7.3.-)

Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)

Periplasmic nitrate reductase component NapD

Periplasmic nitrate reductase precursor (EC 1.7.99.4)

Nitrate reductase cytochrome c550-type subunit

Cytochrome c-type protein NapC

FIG01200212: hypothetical protein

FIG01202431: hypothetical protein

membrane protein

FIG01203178: hypothetical protein

Predicted iron-dependent peroxidase

PTS system, glucose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)

Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)

Phosphocarrier protein of PTS system

Cysteine synthase (EC 2.5.1.47)

Sulfate transporter, CysZ-type

Cell division protein ZipA

DNA ligase (EC 6.5.1.2)

Outer membrane porin protein

Outer membrane porin protein

VvgS protein

glutamyl-tRNA synthetase( EC:6.1.1.17 )

FIG01202702: hypothetical protein

GGDEF family protein

Flagellar protein FlgT

Flagellar protein FlgO

Flagellar protein FlgP

Flagellar biosynthesis protein FlgN

Negative regulator of flagellin synthesis FlgM



Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis protein methyltransferase CheR (EC 2.1.1.80)  
Flagellar basal-body rod protein FlgB  
Flagellar basal-body rod protein FlgC  
Flagellar basal-body rod modification protein FlgD  
Flagellar hook protein FlgE  
Flagellar basal-body rod protein FlgF  
Flagellar basal-body rod protein FlgG  
Flagellar L-ring protein FlgH  
Flagellar P-ring protein FlgI  
Flagellar protein FlgJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)  
Flagellar hook-associated protein FlgK  
Flagellar hook-associated protein FlgL  
Flagellin protein FlaC  
Flagellin protein FlaA  
hypothetical protein  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaG  
Flagellar hook-associated protein FliD  
Flagellar rod protein flal  
Flagellar biosynthesis protein FliS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar sensor histidine kinase FleS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar hook-basal body complex protein FliE  
Flagellar M-ring protein FliF  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar assembly protein FliH  
Flagellum-specific ATP synthase FliI  
Flagellar protein FliJ  
Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Flagellar motor switch protein FliM  
Flagellar motor switch protein FliN  
Flagellar biosynthesis protein FliO  
Flagellar biosynthesis protein FliP  
Flagellar biosynthesis protein FliQ  
Flagellar biosynthesis protein FliR  
Flagellar biosynthesis protein FliB  
FIG01201046: hypothetical protein  
Flagellar biosynthesis protein FliA  
Flagellar biosynthesis protein FliF  
Flagellar synthesis regulator FleN  
RNA polymerase sigma factor for flagellar operon  
Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY

Chemotaxis response - phosphatase CheZ  
Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase CheB (EC 3.1.1.61)  
SOJ-like and chromosome partitioning protein  
CheW domain protein  
Positive regulator of CheA protein activity (CheW)  
ATPase involved in DNA repair  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, ATPase component CcmA  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, CcmB subunit  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmC, putative heme lyase for CcmE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmD, interacts with CcmCE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE, heme chaperone  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmF  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmG/DsbE, thiol:disulfide oxidoreductase  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmL  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmH  
Lipoprotein  
Predicted membrane protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC  
Protease III precursor (EC 3.4.24.55)  
Phosphohistidine phosphatase SixA  
FIG001674: hypothetical protein  
Ribosomal protein L3 methyltransferase  
FIG01204137: hypothetical protein  
Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)  
FIG01199593: hypothetical protein  
membrane protein  
Putative transporting ATPase  
FIG01203718: hypothetical protein  
Histidine triad family protein  
Lipid A biosynthesis (KDO) 2-(lauroyl)-lipid IVA acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
H(+)/Cl(-) exchange transporter ClcA  
FIG01203692: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase A (EC 2.1.1.51)  
FIG01200460: hypothetical protein  
UPF0304 protein yfbU  
Formate--tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3)  
Sensor kinase CitA, DpiB (EC 2.7.3.-)  
Transcriptional regulatory protein CitB, DpiA  
YbaK family protein  
SERINE PROTEASE (EC 3.4.21.-)  
ATP-dependent RNA helicase VC1407  
Tricarboxylate transport membrane protein TctA  
Tricarboxylate transport protein TctB  
Tricarboxylate transport protein TctC  
Methyl-accepting chemotaxis protein

FIG01200967: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Adenylosuccinate lyase (EC 4.3.2.2)  
FIG002903: a protein of unknown function perhaps involved in purine metabolism  
tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
Anaerobic nitric oxide reductase flavorubredoxin  
Nitric oxide reductase FIRd-NAD(+) reductase (EC 1.18.1.-)  
Ferrodoxin--NADP(+) reductase (EC 1.18.1.2)  
Putative cytoplasmic protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01206234: hypothetical protein  
FIG01201039: hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2457  
Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42); Monomeric isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)  
FIG004684: SpoVR-like protein  
FIG002076: hypothetical protein  
Serine protein kinase (prkA protein), P-loop containing  
Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)  
Selenoprotein O and cysteine-containing homologs  
FIG01200399: hypothetical protein  
Cold shock protein CspD  
ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA  
Translation initiation factor 1  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)  
Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)  
SSU ribosomal protein S1p  
Integration host factor beta subunit  
Inner membrane protein yciS  
Heat shock (predicted periplasmic) protein YciM, precursor  
Orotidine 5-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)  
Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)  
Scaffold protein for [4Fe-4S] cluster assembly ApbC, MRP-like  
Uridine kinase (EC 2.7.1.48) [C1]  
AsmA protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Sulfate permease  
Ribonuclease E (EC 3.1.26.12)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi955, Psi2504 and Psi2580  
FIG146278: Maf/YceF/YhdE family protein  
COG1399 protein, clustered with ribosomal protein L32p  
LSU ribosomal protein L32p  
Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)  
Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)

3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
Acyl carrier protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)  
Aminodeoxychorismate lyase (EC 4.1.3.38)  
FIG004453: protein YceG like  
Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)  
DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)  
Putative deoxyribonuclease YcfH  
PTS system, glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
Probable glutathione S-transferase  
hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
FIG01204550: hypothetical protein  
FIG01202726: hypothetical protein  
Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1) ## cluster 1  
FIG01206798: hypothetical protein  
putative proteinase  
putative proteinase  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
FIG01202734: hypothetical protein  
FIG01203909: hypothetical protein  
Transcriptional activator MetR  
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)  
protein of unknown function UPF0057  
Maltose regulon regulatory protein Mall (repressor for malXY)  
PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8) (CBL) (Beta-cystathionase) (Cysteine lyase) / Maltose regulon modulator  
Putative membrane protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Beta-ketoadipate enol-lactone hydrolase, putative  
Formyltetrahydrofolate deformylase (EC 3.5.1.10)  
DinG family ATP-dependent helicase YoaA  
Inactive homolog of metal-dependent proteases, putative molecular chaperone  
Chromosome segregation ATPase  
Starvation lipoprotein Slp paralog  
Predicted hydrolase/acyltransferase  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Ribonuclease D (EC 3.1.26.3)  
Cell division topological specificity factor MinE  
Septum site-determining protein MinD  
Septum site-determining protein MinC  
Protein YcgL  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase B (EC 3.2.1.-)  
5-methylaminomethyl-2-thiouridine-forming enzyme mnmC  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASI (EC 2.3.1.41)  
Erythronate-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.290)  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
hypothetical protein  
hypothetical protein-signal peptide prediction

transposase  
hypothetical protein  
Phage terminase, large subunit  
FIG01206765: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative phage lysozyme  
conserved domain protein  
hypothetical protein  
FIG01204319: hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA replication protein DnaC  
Primosomal protein I  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
prophage LambdaSo, transcriptional regulator, Cro/CI family  
putative regulator  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01206733: hypothetical protein  
hypothetical protein  
transcriptional regulator, putative  
COG0582: Integrase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
FIG01206203: hypothetical protein  
NAD(P) transhydrogenase subunit beta (EC 1.6.1.2)  
NAD(P) transhydrogenase alpha subunit (EC 1.6.1.2)  
FIG01200548: hypothetical protein  
Putative outer membrane lipoprotein  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
Outer membrane protein  
Transcriptional regulator LuxT  
FIG01202684: hypothetical protein  
RTX toxin, putative  
Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase (EC 1.4.3.5)  
Hypothetical lysR-family transcriptional regulator YdhB  
Putative transport protein  
Predicted polymerase  
ATP-dependent DNA helicase, RecQ family  
Hypothetical protein YaeJ with similarity to translation release factor  
FIG01199726: hypothetical protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.51)  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB

Transcriptional regulator, LysR family  
Predicted hydrolase  
hypothetical protein  
Inner membrane protein CreD  
5-methylthioadenosine nucleosidase (EC 3.2.2.16) / S-adenosylhomocysteine nucleosidase (EC 3.2.2.9)  
Adenosylcobinamide-phosphate synthase  
Putative inner membrane protein  
membrane protein  
Putative multidrug resistance protein  
Membrane-fusion protein  
probable iron binding protein from the HesB\_IscA\_SufA family  
Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)  
Predicted permease  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Chitin catabolic cascade sensor histidine kinase ChiS  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 2  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 2  
Glucosamine-link cellobiase (EC 3.2.1.21)  
Glucosamine kinase GpsK (EC 2.7.1.8)  
Beta-N-acetylhexosaminidase, (GlcNAc)<sub>2</sub> catabolism  
Chitobiose phosphorylase (EC 2.4.1.-)  
GlcNAc phosphomutase (EC 5.4.2.3)  
Ferric iron ABC transporter, ATP-binding protein  
Ferric iron ABC transporter, permease protein  
Ferric iron ABC transporter, iron-binding protein  
Ammonium transporter  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01200734: hypothetical protein  
Sugar diacid utilization regulator SdaR  
D-glycerate transporter (predicted)  
Glycerate kinase (EC 2.7.1.31)  
Aconitate hydratase 2 (EC 4.2.1.3)  
putative patatin-like phospholipase  
hypothetical protein  
Endonuclease I precursor (EC 3.1.21.1)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Translation initiation factor SUI1-related protein  
FIG01200374: hypothetical protein  
Integrase-like protein  
D-alanine--D-alanine ligase (EC 6.3.2.4)

DamX-related protein  
Protein acetyltransferase  
GGDEF family protein  
hypothetical protein  
Molybdopterin biosynthesis Mog protein, molybdochelataase  
TraF-related protein  
FIG01200654: hypothetical protein  
FIG01204309: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Signal transduction histidine kinase  
Coproporphyrinogen III oxidase, aerobic (EC 1.3.3.3)  
SgrR, sugar-phosphate stress, transcriptional activator of SgrS small RNA  
Type III secretion and flagellar regulator RtsA  
phosphate-binding protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
ATP-dependent RNA helicase VCA0061  
FIG01201981: hypothetical protein  
FOG: EAL domain protein  
FIG01207387: hypothetical protein  
FIG01201433: hypothetical protein  
50S ribosomal subunit maturation GTPase RbgA (*B. subtilis* YlqF)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01201932: hypothetical protein  
Sodium/glutamate symporter  
Ketol-acid reductoisomerase (EC 1.1.1.86)  
HTH-type transcriptional regulator IlvY  
RTX toxin, putative  
tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase (EC 1.1.1.284)  
Proton/sodium-glutamate symport protein  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
FIG01205421: hypothetical protein  
S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase (EC 1.1.1.284)  
S-formylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.12)  
tRNA-Thr-GGT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Ser-GGA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Asn-GTT

tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Pro-TGG  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Ser-TGA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Ser-TGA  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Gln-TTG  
5S RNA  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Glu-TTC  
Large Subunit Ribosomal RNA; LSU rRNA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Ser-GCT  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Pro-TGG  
tRNA-Gln-TTG  
tRNA-Leu-GAG  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Gly-TCC  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Trp-CCA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Leu-CAA  
tRNA-Asn-GTT  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Thr-TGT  
tRNA-Arg-CCG  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Phe-GAA  
tRNA-Arg-TCT  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA



tRNA-Val-TAC  
tRNA-Lys-TTT  
tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Ile-GAT  
tRNA-Ala-GGC  
tRNA-Asp-GTC  
5S RNA  
tRNA-Leu-TAG  
5S RNA  
5S RNA  
tRNA-Thr-GGT  
tRNA-Leu-TAG  
tRNA-Leu-TAG  
tRNA-Val-TAC  
tRNA-Glu-TTC  
Multicopper oxidase  
Protein crcB homolog  
Thiamin biosynthesis protein ThiC  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Sulfur carrier protein adenylyltransferase ThiF  
Sulfur carrier protein ThiS  
Thiazole biosynthesis protein ThiG  
Thiazole biosynthesis protein ThiH  
Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)  
LysR-family transcriptional regulator VC0068  
Multidrug resistance transporter, Bcr/CflA family  
FIG01199646: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00355029: hypothetical protein  
Leucine-rich repeat containing protein  
conserved hypothetical protein  
acetyltransferase, GNAT family  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Flagellin protein FlaD  
Flagellin protein FlaA  
Flagellin protein FlaG  
Flagellar hook-associated protein FliD  
Flagellar rod protein flal  
Flagellar biosynthesis protein FliS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar sensor histidine kinase FleS  
Flagellar regulatory protein FleQ  
Flagellar hook-basal body complex protein FliE

Flagellar M-ring protein FliF  
Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar assembly protein FliH  
Flagellum-specific ATP synthase FliI  
Flagellar protein FliJ  
FIG01201985: hypothetical protein  
Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Flagellar motor switch protein FliM  
Flagellar motor switch protein FliN  
Flagellar biosynthesis protein FliO  
Flagellar biosynthesis protein FliP  
Flagellar biosynthesis protein FliQ  
Flagellar biosynthesis protein FliR  
Flagellar biosynthesis protein FliB  
Flagellar biosynthesis protein FliA  
Flagellar biosynthesis protein FliF  
Flagellar synthesis regulator FleN  
RNA polymerase sigma factor for flagellar operon  
Chemotaxis regulator - transmits chemoreceptor signals to flagellar motor components CheY  
Chemotaxis response - phosphatase CheZ  
Signal transduction histidine kinase CheA (EC 2.7.3.-)  
Chemotaxis response regulator protein-glutamate methyltransferase CheB (EC 3.1.1.61)  
SOJ-like and chromosome partitioning protein  
CheW domain protein  
Positive regulator of CheA protein activity (CheW)  
ATPase involved in DNA repair  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, ATPase component CcmA  
ABC transporter involved in cytochrome c biogenesis, CcmB subunit  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmC, putative heme lyase for CcmE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmD, interacts with CcmCE  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmE, heme chaperone  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmF  
Cytochrome c-type biogenesis protein CcmG/DsbE, thiol:disulfide oxidoreductase  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmL  
Cytochrome c heme lyase subunit CcmH  
Lipoprotein  
Long-chain fatty acid transport protein  
Long-chain fatty acid transport protein  
FIG01199930: hypothetical protein  
RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC  
Protease III precursor (EC 3.4.24.55)  
Phosphohistidine phosphatase SixA  
FIG001674: hypothetical protein  
Ribosomal protein L3 methyltransferase  
Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)  
FIG01199593: hypothetical protein

Putative transporting ATPase  
FIG01199766: hypothetical protein  
FIG01199557: hypothetical protein  
5-methylaminomethyl-2-thiouridine-forming enzyme mnmC  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASI (EC 2.3.1.41)  
Erythronate-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.290)  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
Probable type IV pilus assembly FimV-related transmembrane protein  
Probable type IV pilus assembly FimV-related transmembrane protein  
tRNA pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi38, Psi39 and Psi40  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)  
Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)  
DedD protein  
Bacteriocin production protein  
Amidophosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.14)  
Cyn operon transcriptional activator  
Response regulator  
FIG01201193: hypothetical protein  
Hypothetical protein DUF454  
Adenine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.7)  
DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)  
FIG000557: hypothetical protein co-occurring with RecR  
Recombination protein RecR  
Aquaporin Z  
Serine transporter  
Endoribonuclease L-PSP  
Putative inner membrane protein  
YheO-like PAS domain  
proteinase inhibitor, putative  
hypothetical protein  
conserved protein of unknown function; putative YcgN protein  
Transglycosylase associated protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FIG01200207: hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01200497: hypothetical protein  
Alkaline phosphatase (EC 3.1.3.1)  
Choline-glycine betaine transporter  
FIG01200881: hypothetical protein  
Uncharacterized iron-regulated protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase A (EC 2.1.1.51)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (EC 3.2.2.1)  
Aldose 1-epimerase family protein YeaD  
NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
Transposase  
Translation initiation factor SUI1-related protein  
FIG01200374: hypothetical protein

D-alanine--D-alanine ligase (EC 6.3.2.4)  
DamX-related protein  
Protein acetyltransferase  
TonB-dependent heme and hemoglobin receptor HutA; TonB-dependent hemin , ferrichrome receptor  
Transcriptional regulator, LysR family  
Haemin uptake system outer membrane receptor  
FIG01201159: hypothetical protein  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
GGDEF family protein  
Lactam utilization protein LamB  
Allophanate hydrolase 2 subunit 1 (EC 3.5.1.54)  
Allophanate hydrolase 2 subunit 2 (EC 3.5.1.54)  
FIG01200181: hypothetical protein  
Predicted ABC-type transport system, permease component  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
Arylesterase precursor (EC 3.1.1.2)  
Uncharacterized paraquat-inducible protein B  
GGDEF family protein  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase (EC 5.3.3.2)  
DnaJ-related protein  
Isopenicillin N synthase  
Predicted membrane protein  
Periplasmic divalent cation tolerance protein cutA  
Conserved protein containing a Zn-ribbon motif  
SgrR, sugar-phosphate stress, transcriptional activator of SgrS small RNA  
Phosphotransferase system IIA component  
Uncharacterized protein  
Zn-dependent protease with chaperone function  
Zn-dependent protease  
Long-chain fatty acid transport protein  
putative lipase  
FIG01203222: hypothetical protein  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA  
Homocysteine S-methyltransferase (EC 2.1.1.10)  
FIG01201414: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Integral membrane protein TerC  
hypothetical protein  
5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
Predicted ATP-dependent endonuclease of the OLD family  
FIG01199629: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
FIG01201176: hypothetical protein  
Cytochrome B561  
FIG01201249: hypothetical protein  
FIG01199606: hypothetical protein  
Diguanilate cyclase/phosphodiesterase domain 2 (EAL)  
ATP-dependent RNA helicase VCA0768

Acyl carrier protein phosphodiesterase (EC 3.1.4.14)  
FIG01201060: hypothetical protein  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative phosphatase YieH  
Putative threonine efflux protein  
FIG01200680: hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
FIG01199874: hypothetical protein  
SH3 domain protein  
FIG01199613: hypothetical protein  
FIG01200235: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01199864: hypothetical protein  
Autoinducer 2 sensor kinase/phosphatase LuxQ (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
Autoinducer 2-binding periplasmic protein LuxP precursor  
COG2827: putative endonuclease containing a URI domain  
Protein of unknown function YceH  
FIG01200784: hypothetical protein  
UPF0265 protein YeeX  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
putative oxidoreductase  
FOG: CheY-like receiver  
NADPH-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.13)  
FIG01200960: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01203048: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Amino acid transporter  
Predicted transcriptional regulator of pyridoxine metabolism  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase-related, FMN-binding  
Signal transduction histidine kinase  
Two-component system response regulator QseB  
FIG01201139: hypothetical protein  
FIG01204260: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
putative ABC transporter  
Putative magnesium transporter MgtE  
Cytosine permease  
Cytosine deaminase (EC 3.5.4.1)  
FIG01204093: hypothetical protein  
FIG01200910: hypothetical protein  
metal-dependent phosphohydrolase  
Predicted transcriptional regulator  
FIG01203201: hypothetical protein

1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase  
Glutathione peroxidase (EC 1.11.1.9)  
FIG01205321: hypothetical protein  
FIG01200909: hypothetical protein  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
FIG01200274: hypothetical protein  
1,4-alpha-glucan branching enzyme (EC 2.4.1.18)  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Signal transduction histidine kinase  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, GntR family  
putative membrane protein  
Mandelate racemase/muconate lactonizing enzyme-like  
Choline-glycine betaine transporter  
Putative DNA-binding response regulator  
Sensory histidine kinase in two-component regulatory system with RstA  
FIG01201081: hypothetical protein  
Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)  
Predicted membrane-associated metal-dependent hydrolase  
Oxidoreductase, Gfo/Idh/MocA family  
putative transcriptional regulator protein  
Isochorismatase (EC 3.3.2.1)  
FIG01200332: hypothetical protein  
Probable MFS transporter  
FIG01205475: hypothetical protein  
FIG01207172: hypothetical protein  
FIG01203840: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
Transcriptional regulator LuxT  
FIG01200492: hypothetical protein  
FIG01201043: hypothetical protein  
Leucine-rich repeat protein  
FIG01199554: hypothetical protein  
AraC-type DNA-binding domain-containing protein  
FIG01200768: hypothetical protein  
Nicotinate-nucleotide adenyltransferase (EC 2.7.7.18) ## bacterial NadD family  
NAD synthetase (EC 6.3.1.5)  
Flavodoxin reductases (ferredoxin-NADPH reductases) family 1  
Plasma membrane protein involved in salt tolerance  
Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)  
FIG01199731: hypothetical protein  
FIG01199668: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Putative membrane protein  
putative orphan protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase E (EC 3.2.1.-)

hypothetical protein  
FIG00921106: hypothetical protein  
FIG00921316: hypothetical protein  
FIG00922354: hypothetical protein  
FIG00921077: hypothetical protein  
hypothetical protein  
cytosolic long-chain acyl-CoA thioester hydrolase family protein  
FIG01201537: hypothetical protein  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein MalK (EC 3.6.3.19)  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsA, sugar transferase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsB  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsC, polysaccharide export  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsD, exopolysaccharide synthesis  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsE  
Glycosyltransferase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsG, Lipid A core - O-antigen ligase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsH  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsI, glycosyltransferase  
Capsular polysaccharide synthesis enzyme CpsJ, membrane protein, export of O-antigen and teichoic acid  
FIG01201162: hypothetical protein  
FIG01202326: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Putative oxidoreductase YncB  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Catalase (EC 1.11.1.6)  
2-hydroxy-3-oxopropionate reductase (EC 1.1.1.60)  
FIG01202071: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Putative PTS system, nitrogen regulatory IIA component  
Transcriptional regulator, AraC family  
PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructo  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)  
ADP-ribosylglycohydrolase family protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Multidrug resistance efflux pump  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
FIG00919683: hypothetical protein  
Putative cytoplasmic protein  
Nitric oxide reductase FIRd-NAD(+) reductase (EC 1.18.1.-)  
Anaerobic nitric oxide reductase flavorubredoxin  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
CbbY family protein  
Cytochrome B561  
Transcriptional regulator, LysR family

Transcriptional regulator, AraC family  
Aspartate aminotransferase (AspB-4) (EC 2.6.1.1)  
hypothetical protein  
FIG01200959: hypothetical protein  
putative outer membrane lipoprotein  
FIG01202596: hypothetical protein  
Lipoate-protein ligase A  
FIG01202241: hypothetical protein  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
FIG01200952: hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase RhlE  
Metallo-beta-lactamase superfamily protein PA0057  
LysR-family transcriptional regulator clustered with PA0057  
Mll3428 protein  
FIG01207141: hypothetical protein  
FIG00787301: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Dehydrogenases with different specificities (related to short-chain alcohol dehydrogenases)  
MFS transporter  
Glutaredoxin 2  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
d-alanyl-d-alanine dipeptidase( EC:3.4.13.- )  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
Nucleoprotein/polynucleotide-associated enzyme  
hypothetical protein  
Ribosome recycling factor  
FIG01202437: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
FIG01202398: hypothetical protein  
L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
FIG137360: hypothetical protein  
Phosphoenolpyruvate synthase (EC 2.7.9.2)  
putative lipoprotein  
transcriptional regulator, LuxR family  
Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1) ## cluster 1  
Dabb  
FIG01205215: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
putative efflux protein  
Acriflavin resistance protein  
Outer membrane protein OprN  
FIG01204003: hypothetical protein  
FIG01205119: hypothetical protein  
Sodium/glutamate symporter  
FIG01200843: hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
lambda repressor-like DNA-binding protein  
Transcriptional regulator VpsT



Beta-mannosidase (EC 3.2.1.25)  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Medium-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.-)  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Cation/multidrug efflux pump  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Acetyltransferase, GNAT family  
TPR repeat containing protein  
FIG01201732: hypothetical protein  
Redox-sensitive transcriptional activator SoxR  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
hypothetical protein  
predicted transcriptional regulator  
Possible membrane protein  
predicted calcium-binding protein  
unknown  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Rhs family protein  
hypothetical protein  
Trimethylamine-N-oxide reductase (EC 1.6.6.9)  
Alpha-1,6-galactosidase, putative  
Manganese ABC transporter, periplasmic-binding protein SitA  
Manganese ABC transporter, ATP-binding protein SitB  
Manganese ABC transporter, inner membrane permease protein SitC  
Manganese ABC transporter, inner membrane permease protein SitD  
Manganese-dependent inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)  
FIG01200523: hypothetical protein  
Peptide transport system ATP-binding protein sapF (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system ATP-binding protein SapD (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapC (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport system permease protein sapB (TC 3.A.1.5.5)  
Peptide transport periplasmic protein sapA (TC 3.A.1.5.5)  
Psp operon transcriptional activator  
Phage shock protein A  
Phage shock protein B  
Phage shock protein C  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein

Acriflavin resistance protein  
DNA-3-methyladenine glycosylase (EC 3.2.2.20)  
Lipase chaperone  
Lipase precursor (EC 3.1.1.3)  
Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8)  
Cardiolipin synthetase (EC 2.7.8.-)  
Putative sodium-dependent transporter  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Pseudouridylate synthase, 23S RNA-specific  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
NADH oxidoreductase hcr (EC 1.-.-.-)  
Hydroxylamine reductase (EC 1.7.-.-)  
hypothetical protein  
Functional role page for Anaerobic nitric oxide reductase transcription regulator NorR  
Putative phosphatidylglycerophosphate synthase  
ABC transporter, ATP-binding protein YnjD  
ABC transporter, permease protein YnjC  
ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein YnjB  
DedA family inner membrane protein YdjX  
putative reductase  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Thiosulfate sulfurtransferase, rhodanese (EC 2.8.1.1)  
Tetrathionate reductase sensory transduction histidine kinase  
Tetrathionate reductase two-component response regulator  
FIG01201052: hypothetical protein  
Sulfate permease  
Heat shock protein HslJ  
Predicted Fe-S protein  
FIG01200987: hypothetical protein  
hypothetical protein  
UDP-sugar hydrolase (EC 3.6.1.45); 5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)  
putative amino group acetyl transferase  
putative transcriptional regulator  
LSU ribosomal protein L25p  
hypothetical protein  
Beta-1,3-glucosyltransferase  
FIG01202929: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
DNA-binding response regulator  
membrane protein  
DNA or RNA helicase of superfamily II  
ribosomal small subunit pseudouridine synthase A  
MFS family multidrug transport protein, bicyclomycin resistance protein  
FIG01201214: hypothetical protein  
Sodium-Choline Symporter  
Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.22)  
Transcriptional repressor of the lac operon  
Predicted nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
Na<sup>+</sup> driven multidrug efflux pump

AttE component of AttEFGH ABC transport system  
AttF component of AttEFGH ABC transport system / AttG component of AttEFGH ABC transport system  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaA type  
Predicted transcriptional regulator for fatty acid degradation FadQ, TetR family  
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific (EC 1.3.99.2)  
Short-chain alcohol dehydrogenase family  
TrkA, Potassium channel-family protein  
Glutaredoxin 1  
Iron-containing alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
Phosphogluconate repressor HexR, RpiR family  
Glutamate decarboxylase, eukaryotic type (EC 4.1.1.15)  
FIG01199945: hypothetical protein  
Putative surface protein  
Predicted signal transduction protein  
Regulator of competence-specific genes  
FIG01199724: hypothetical protein  
Response regulator  
sensor histidine kinase  
FIG01200125: hypothetical protein  
Phosphoserine aminotransferase (EC 2.6.1.52)  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
FIG01205587: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203575: hypothetical protein  
FIG01200662: hypothetical protein  
D-serine dehydratase transcriptional activator  
D-serine permease DsdX  
D-serine dehydratase (EC 4.3.1.18)  
Transport ATP-binding protein CydC  
Transport ATP-binding protein CydD  
Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)  
FIG010427: hypothetical protein  
CBSS-345074.3.peg.1627: Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)  
FIG01200281: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
Di- and tricarboxylate transporter  
SanA protein  
NAD-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.38)  
HrpA-like helicase  
FIG01200144: hypothetical protein  
putative alkaline phosphatase  
hypothetical protein  
PAS factor  
membrane protein  
putative acetyltransferase  
putative acetyltransferase [EC:2.3.1.-] [KO:K03830]

Transporter, putative  
Sensor histidine kinase  
Putative chemotaxis protein CheY  
Predicted signal transduction protein  
hypothetical protein  
HD-domain protein  
Probable homoserine/homoserine lactone efflux protein  
FIG01203174: hypothetical protein  
radical activating enzyme  
LysR-family transcriptional regulator VCA0830  
FIG01200665: hypothetical protein  
SM-20-related protein  
HDIG domain protein  
Flavin reductase (EC 1.5.1.30)  
GGDEF family protein  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
Tyrosine-specific transport protein  
FIG01202309: hypothetical protein  
Response regulator containing a CheY-like receiver domain and an HD-GYP domain  
FIG01200830: hypothetical protein  
Ferric hydroxamate ABC transporter (TC 3.A.1.14.3), ATP-binding protein FhuC  
hypothetical protein  
Ferric hydroxamate ABC transporter (TC 3.A.1.14.3), periplasmic substrate binding protein FhuD  
Ferric hydroxamate ABC transporter (TC 3.A.1.14.3), permease component FhuB  
Ferric hydroxamate outer membrane receptor FhuA  
FIG01200679: hypothetical protein  
FIG01199949: hypothetical protein  
Putative ATP-binding component of a transport system  
ATP-binding component of a transport system  
Fimbrial protein pilin  
Sodium/glutamate symporter  
Regulatory protein, LysR:LysR, substrate-binding  
FIG01205140: hypothetical protein  
Oxidoreductase  
FIG01200174: hypothetical protein  
FIG01201813: hypothetical protein  
Chaperone protein DnaK  
DnaK-related protein  
FIG01200730: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
FIG01199775: hypothetical protein  
FIG01200668: hypothetical protein  
FIG01199897: hypothetical protein  
FIG01199598: hypothetical protein  
FIG01201336: hypothetical protein  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain A (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain B (EC 1.8.99.-)  
Anaerobic dimethyl sulfoxide reductase chain C (EC 1.8.99.-)  
Putative oxidoreductase component of anaerobic dehydrogenases; Functional role page for Chaperone protein TorD

Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
FMN-dependent NADH-azoreductase  
ATP-dependent helicase HrpA  
hypothetical protein  
FIG01200597: hypothetical protein  
FIG01203444: hypothetical protein  
FIG01206489: hypothetical protein  
carboxyl-terminal protease  
Type IV pilus (Tfp) assembly protein PilF  
Homoserine O-succinyltransferase (EC 2.3.1.46)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01201686: hypothetical protein  
FIG01203131: hypothetical protein  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
putative amino acid transporter  
hypothetical protein  
Threonine efflux protein  
Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.12)  
Dihydrolipoamide dehydrogenase (EC 1.8.1.4) / Dihydrolipoamide dehydrogenase of pyruvate dehydrogenase complex (EC 1.8.1.4)  
Quorum-sensing regulator of virulence HapR  
Hypoxanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.8)  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Sulfate permease family protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Pantoate--beta-alanine ligase (EC 6.3.2.1)  
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.11)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)  
glutamyl-Q-tRNA synthetase  
C4-type zinc finger protein, DksA/TraR family  
Sugar/maltose fermentation stimulation protein homolog  
ATP-dependent helicase HrpB  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
putative patatin-like phospholipase  
putative patatin-like phospholipase  
Aconitate hydratase 2 (EC 4.2.1.3) @ 2-methylisocitrate dehydratase (EC 4.2.1.99)  
FIG01200734: hypothetical protein  
Nitrogen regulatory protein P-II  
Ammonium transporter  
Ferric iron ABC transporter, iron-binding protein  
Ferric iron ABC transporter, permease protein  
Ferric iron ABC transporter, ATP-binding protein  
GlcNAc phosphomutase (EC 5.4.2.3)  
Chitobiose phosphorylase (EC 2.4.1.-)  
Beta-N-acetylhexosaminidase, (GlcNAc)<sub>2</sub> catabolism  
Glucosamine kinase GpsK (EC 2.7.1.8)

Glucosamine-link cellobiase (EC 3.2.1.21)  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 2  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, ATP-binding component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 2  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, permease component 1  
(GlcNAc)<sub>2</sub> ABC transporter, periplasmic substrate-binding protein  
Chitin catabolic cascade sensor histidine kinase ChiS  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Predicted permease  
hypothetical protein  
Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)  
probable iron binding protein from the HesB\_IscA\_SufA family  
Membrane-fusion protein  
Putative multidrug resistance protein  
membrane protein  
tyrosyl-tRNA synthetase  
Mg<sup>2+</sup> transporter mgtE  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Outer membrane protein OmpU  
Transcription elongation factor GreA  
FIG004454: RNA binding protein  
Cell division protein FtsJ / Ribosomal RNA large subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)  
Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)  
Dihydropteroate synthase (EC 2.5.1.15)  
Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)  
Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)  
COG0779: clustered with transcription termination protein NusA  
Transcription termination protein NusA  
Translation initiation factor 2  
Ribosome-binding factor A  
tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi55  
SSU ribosomal protein S15p (S13e)  
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)  
Lipoprotein nlp precursor  
Transcriptional regulator, MarR family  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Putative protease  
Putative protease  
C-di-GMP phosphodiesterase A-related protein  
Putative lipid carrier protein  
FIG002208: Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
FIG01201991: hypothetical protein  
DNA polymerase III psi subunit (EC 2.7.7.7)  
Ribosomal-protein-S18p-alanine acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
GGDEF family protein  
Peptide chain release factor 3  
FIG01200183: hypothetical protein  
Putative deoxyribonuclease YjjV  
Nucleoside permease NupC

Deoxyribose-phosphate aldolase (EC 4.1.2.4)  
Thymidine phosphorylase (EC 2.4.2.4)  
Phosphopentomutase (EC 5.4.2.7)  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Smp-like protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
FIG01200899: hypothetical protein  
FIG01200899: hypothetical protein  
DNA repair protein RadA  
Translation elongation factor G paralog  
putative transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01200762: hypothetical protein  
ABC-type uncharacterized transport system, permease component  
Predicted ATPase with chaperone activity, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
TPR repeat protein  
Mlr7847 protein  
hypothetical protein  
FIG01201660: hypothetical protein  
Mlr1851 protein  
Chromate transport protein ChrA  
LysR-like transcriptional regulator  
Putative oxidoreductase  
Evolved beta-D-galactosidase, beta subunit  
Evolved beta-D-galactosidase, alpha subunit  
Evolved beta-D-galactosidase transcriptional repressor  
Enterotoxin  
hypothetical protein  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)  
Galactose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.10)  
Galactokinase (EC 2.7.1.6)  
Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)  
Galactose operon repressor, GalR-LacI family of transcriptional regulators  
tRNA-binding protein YgjH  
Unknown  
FIG01200284: hypothetical protein  
NnrS protein involved in response to NO  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
Aerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.5.3)

Glycerol-3-phosphate regulon repressor, DeoR family  
Glycerol kinase (EC 2.7.1.30)  
Glycerol uptake facilitator protein  
FIG01201497: hypothetical protein  
Glycerol-3-phosphate transporter  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase (EC 2.3.1.117)  
FIG01199772: hypothetical protein  
NifU-related domain containing protein  
DNA damage-inducible gene in SOS regulon, dependent on cyclic AMP and H-NS  
Transcriptional regulator, LysR family  
Tellurite resistance protein  
Predicted hydrolase  
Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5) ## RecC  
Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5) ## RecB  
Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5) ## RecD  
FIG01199534: hypothetical protein  
N-acetylglutamate synthase (EC 2.3.1.1)  
FIG01199956: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase A precursor (EC 3.2.1.-)  
HesA/MoeB/ThiF family protein related to EC-YgdL  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE, sulfur acceptor protein CsdE  
Cysteine desulfurase CsdA-CsdE (EC 2.8.1.7), main protein CsdA  
Protein ThiJ  
2-dehydropantoate 2-reductase (EC 1.1.1.169)  
Outer membrane protein OmpK  
Uncharacterized protein, similar to the N-terminal domain of Lon protease  
FIG01202705: hypothetical protein  
RNA polymerase sigma-70 factor, ECF subfamily  
FIG111991: hypothetical protein  
AmpG permease  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiA precursor (EC 5.2.1.8)  
Hypothetical lipoprotein YajG precursor  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase C (EC 2.1.1.52)  
Cell division protein BofA  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)  
Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE  
Probable exported or periplasmic protein in ApbE locus  
Pole remodelling regulatory diguanylate cyclase  
DNA polymerase IV (EC 2.7.7.7)  
ATP-dependent DNA helicase, RecQ family  
Transcription elongation factor  
Methyl-accepting chemotaxis protein



Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Sodium-dependent transporter  
FIG01200458: hypothetical protein  
FIG01200570: hypothetical protein  
FIG01199549: hypothetical protein  
Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15) ## Bacterial type  
COG1720: Uncharacterized conserved protein  
LSU ribosomal protein L31p  
LSU ribosomal protein L36p  
Multidrug efflux pump component MtrF  
Outer membrane protein V  
Carbamoylphosphate synthase large subunit  
Adenylate-forming enzyme  
FIG003671: Metal-dependent hydrolase  
FIG036672: Nucleoside-diphosphate-sugar epimerase  
3-oxoacyl-(acyl carrier protein) synthase (EC 2.3.1.41)  
FIG01200142: hypothetical protein  
FIG01199743: hypothetical protein  
Acetyltransferase  
FIG01200233: hypothetical protein  
FIG01199667: hypothetical protein  
Hypothetical protein YqcC (clustered with tRNA pseudouridine synthase C)  
tRNA pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## tRNA Psi65  
DNA-binding protein HU-beta  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiD (EC 5.2.1.8)  
DNA uptake protein  
membrane protein  
FIG01200106: hypothetical protein  
Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase (EC 3.1.5.1)  
Nucleotidase YfbR, HD superfamily  
Aspartate/tyrosine/aromatic aminotransferase  
Menaquinone-specific isochorismate synthase (EC 5.4.4.2)  
2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase (EC 2.2.1.9)  
2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase (EC 4.2.99.20)  
Naphthoate synthase (EC 4.1.3.36)  
O-succinylbenzoate-CoA synthase (EC 4.2.1.-)  
O-succinylbenzoic acid--CoA ligase (EC 6.2.1.26)  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
Transcriptional regulator  
FIG01202125: hypothetical protein  
membrane protein  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
Homeodomain-like  
FIG01200138: hypothetical protein  
Membrane fusion protein of RND family multidrug efflux pump  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
putative fimbrial protein  
FIG01199934: hypothetical protein  
protein of unknown function DUF1244

Cysteine synthase B (EC 2.5.1.47)  
Putative HTH-type transcriptional regulator ybaO  
D-Tyr-tRNA<sup>Tyr</sup> deacylase  
Acyl-CoA thioesterase II (EC 3.1.2.-)  
Lipoprotein-related protein  
Predicted methylated DNA-protein cysteine methyltransferase  
FIG01200141: hypothetical protein  
FOG: GGDEF domain  
cation-transporting ATPase, E1-E2 family  
RNA methyltransferase, TrmH family  
ferredoxin  
NAD(FAD)-utilizing dehydrogenase, sll0175 homolog  
Inosine monophosphate dehydrogenase-related protein  
MATE efflux family protein  
Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Uridine phosphorylase (EC 2.4.2.3)  
FIG01199829: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
YcfF/hinT protein: a purine nucleoside phosphoramidase  
putative lipoprotein  
YcfL protein: an outer membrane lipoprotein that is part of a salvage cluster  
Lipoprotein YcfM, part of a salvage pathway of unknown substrate  
Thiamine kinase (EC 2.7.1.89) @ Adenosylcobinamide kinase (EC 2.7.1.156)  
YcfP protein: probably an esterase that is part of a salvage cluster  
hypothetical protein  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
Putative ribosomal-protein-serine acetyltransferase  
FIG01200265: hypothetical protein  
Transcription-repair coupling factor  
FIG01200287: hypothetical protein  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolC  
Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LolD  
Lipoprotein releasing system transmembrane protein LolE  
FIG01199889: hypothetical protein  
Predicted hydrolase of the metallo-beta-lactamase superfamily, clustered with KDO2-Lipid A biosynthesis genes  
Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)  
Tetraacyldisaccharide 4'-kinase (EC 2.7.1.130)  
UPF0434 protein YcaR  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
FIG004684: SpoVR-like protein  
FIG002076: hypothetical protein  
Serine protein kinase (prkA protein), P-loop containing  
FIG01200100: hypothetical protein  
membrane protein  
Pyruvate formate-lyase activating enzyme (EC 1.97.1.4)  
FIG01200071: hypothetical protein  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
FIG01200042: hypothetical protein  
54K polar flagellar sheath protein A

Arginine/ornithine ABC transporter, ATP-binding protein AotP  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein  
Arginine/ornithine ABC transporter, permease protein AotQ  
Histidine ABC transporter, permease protein HisM (TC 3.A.1.3.1)  
Exodeoxyribonuclease III (EC 3.1.11.2)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01200298: hypothetical protein  
Primosomal replication protein N prime prime  
Putative membrane protein YfcA  
ATP-dependent helicase DinG/Rad3  
Outer membrane protein OmpT  
FIG01199548: hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase E (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2457  
Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42); Monomeric isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)  
Cold shock protein CspD  
ATP-dependent Clp protease adaptor protein ClpS  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA  
RTX toxins and related Ca<sup>2+</sup>-binding proteins  
FIG01201748: hypothetical protein  
FIG01199939: hypothetical protein  
Putative efflux (PET) family inner membrane protein YccS  
DNA helicase IV  
Methylglyoxal synthase (EC 4.2.3.3)  
Periplasmic protein torT precursor  
Sensor protein torS (EC 2.7.3.-)  
FIG01202022: hypothetical protein  
Fatty acid cis/trans isomerase  
Outer membrane protein  
FIG01186060: hypothetical protein  
DNA-binding response regulator  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
probable deca-heme c-type cytochrome  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
hypothetical protein PA3071  
FIG01201357: hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
FIG00657503: hypothetical protein  
ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)  
Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26)

Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
putative diacylglycerol kinase  
Uncharacterized conserved protein  
Accessory colonization factor AcfA  
putative nonspecific acid phosphatase precursor  
Uncharacterized conserved protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
FOG: TPR repeat protein  
Hypothetical protein, restriction endonuclease-like VRR-NUC domain  
prophage MuSo2, transcriptional regulator, Cro/C1 family  
hypothetical protein  
Transposase  
Putative DNA transposition protein  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202771: hypothetical protein  
FIG01201898: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202102: hypothetical protein  
hypothetical protein  
prophage MuSo2, positive regulator of late transcription, putative  
FIG01059878: hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage terminase, small subunit  
Phage terminase, large subunit  
Mu-like prophage FluMu protein gp29  
phage putative head morphogenesis protein, SPP1 gp7  
hypothetical protein  
phage virion morphogenesis protein  
Mu-like prophage FluMu I protein  
hypothetical protein  
Phage major capsid protein  
hypothetical protein  
protein of unknown function DUF1320  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein

hypothetical protein  
phage-related minor tail protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Hypothetical protein, restriction endonuclease-like VRR-NUC domain  
Oxalate/formate antiporter  
NADH:ubiquinone oxidoreductase subunit 2  
Heat shock protein HtpX / FIG017973: domain of unknown function  
LemA protein  
Anaerobic C4-dicarboxylate transporter DcuC  
Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1); Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)  
putative acetyltransferase  
HAD superfamily hydrolase  
Sensor histidine kinase CqsS  
8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47) / CqsA  
50S ribosomal subunit maturation GTPase RbgA (B. subtilis YlqF)  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
ISBma1, transposase  
FIG01206141: hypothetical protein  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)  
Cyn operon transcriptional activator  
putative PnuC protein  
FOG: TPR repeat protein  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, HxlR family  
FIG00921864: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3); Probable coniferyl aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.68)  
acetyltransferase, GNAT family  
putative ribosomal-protein-serine N-acetyltransferase  
NTP pyrophosphohydrolase including oxidative damage repair enzymes  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Quaternary ammonium compound-resistance protein sugE  
Succinyl-CoA synthetase, alpha subunit  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
putative NADH-dependent flavin oxidoreductase  
Heme O synthase, protoheme IX farnesyltransferase (EC 2.5.1.-) COX10-CtaB  
Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit IV (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)  
3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase [isoleucine degradation] (EC 1.1.1.35)

3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase (EC 1.1.1.31)  
Enoyl-CoA hydratase [valine degradation] (EC 4.2.1.17) / Enoyl-CoA hydratase [isoleucine degradation] (EC 4.2.1.17)  
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase (EC 3.1.2.4)  
Branched-chain acyl-CoA dehydrogenase (EC 1.3.99.12)  
Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.27)  
3-ketoacyl-CoA thiolase [isoleucine degradation] (EC 2.3.1.16)  
Predicted transcriptional regulator LiuR of leucine degradation pathway, MerR family  
Isovaleryl-CoA dehydrogenase (EC 1.3.99.10)  
Methylcrotonyl-CoA carboxylase carboxyl transferase subunit (EC 6.4.1.4)  
Methylglutaconyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.18)  
Hydroxymethylglutaryl-CoA lyase (EC 4.1.3.4)  
Outer membrane protein  
FIG01206991: hypothetical protein  
FIG00198992: hypothetical protein  
Bifunctional acetyl transferase/isomerase  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
hypothetical protein  
Cytochrome c553  
Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)  
Putative diheme cytochrome c-553  
FIG01202541: hypothetical protein  
glutathione S-transferase-related protein  
RarD protein  
FIG01202243: hypothetical protein  
MSHA pilin protein MshA  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
putative nitroreductase  
hypothetical protein  
methyl-accepting chemotaxis transducer  
Putative two-component response regulator  
Transcriptional regulator  
Putative two-component response regulator and GGDEF family protein YeaJ  
Putative two-component response regulator  
Response regulator VieA  
Sensory box sensor histidine kinase/response regulator VieS  
GGDEF family protein  
Valyl-tRNA synthetase  
TonB-dependent receptor; Outer membrane receptor for ferrienterochelin and colicins  
Ferrichrome ABC transporter (ATP binding subunit) PvuE  
Ferrichrome ABC transporter (permease) PvuD  
Ferrichrome ABC transporter (permease) PvuC  
Ferrichrome ABC transporter, periplasmic iron-binding protein PvuB  
Vibrio ferrin receptor PvuA  
Ferric siderophore receptor PsuA  
Vibrio ferrin ligase/carboxylase protein PvsA  
Vibrio ferrin amide bond forming protein PvsB @ Siderophore synthetase superfamily, group B  
Vibrio ferrin membrane-spanning transport protein PvsC  
Vibrio ferrin amide bond forming protein PvsD @ Siderophore synthetase superfamily, group A

Vibrioferrin decarboxylase protein PvsE  
FIG00921756: hypothetical protein  
Putative NAGC-like transcriptional regulator  
D-xylose proton-symporter XylE  
Uncharacterized protein YphG, TPR-domain containing  
FIG01201004: hypothetical protein  
FIG01205360: hypothetical protein  
conserved domain protein  
Outer membrane protein ImpK/VasF, OmpA/MotB domain  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein Impl/VasC  
FIG01199688: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpA  
IcmF-related protein  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein similar to VCA0109  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpA  
Serine/threonine protein kinase  
FIG01200163: hypothetical protein  
pentapeptide repeat family protein  
FIG01200267: hypothetical protein  
FIG01199591: hypothetical protein  
VgrG protein  
Hcp  
ClpB protein  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
FIG01203472: hypothetical protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
Tricorn protease N-terminal domain-containing protein  
FIG01201986: hypothetical protein  
FIG01201986: hypothetical protein  
Large repetitive protein  
FIG01203364: hypothetical protein  
Extracellular deoxyribonuclease Xds  
Para-aminobenzoate synthase, amidotransferase component (EC 2.6.1.85)  
hypothetical protein  
Acetylornithine aminotransferase (EC 2.6.1.11) / N-succinyl-L,L-diaminopimelate aminotransferase (EC 2.6.1.17) / Succinylornithine transaminase  
Arginine N-succinyltransferase (EC 2.3.1.109)  
Succinylglutamic semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.71)  
FIG008480: hypothetical protein  
Cyclic AMP receptor protein  
Phosphoribulokinase (EC 2.7.1.19) homolog, function unknown  
FIG01199774: hypothetical protein  
Hydrolase, alpha/beta fold family functionally coupled to Phosphoribulokinase

FIG01200117: hypothetical protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Putative cytoplasmic protein ,probably associated with Glutathione-regulated potassium-efflux  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SlyD (EC 5.2.1.8)  
Isoaspartyl aminopeptidase (EC 3.4.19.5) @ Asp-X dipeptidase  
Protein slyX  
FOG: WD40 repeat  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FkpA precursor (EC 5.2.1.8)  
YheO-like PAS domain  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusD  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusC  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusB  
SSU ribosomal protein S12p (S23e)  
SSU ribosomal protein S7p (S5e)  
Translation elongation factor G  
Translation elongation factor Tu  
Bacterioferritin-associated ferredoxin  
Bacterioferritin  
NADP-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.40)  
Methionine repressor MetJ  
Cystathionine gamma-synthase (EC 2.5.1.48)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
5,10-methylenetetrahydrofolate reductase (EC 1.5.1.20)  
Transcriptional regulator, PadR family  
Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31)  
Acetylmornithine deacetylase (EC 3.5.1.16)  
N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase (EC 1.2.1.38)  
Acetylglutamate kinase (EC 2.7.2.8)  
Argininosuccinate synthase (EC 6.3.4.5)  
Argininosuccinate lyase (EC 4.3.2.1)  
FIG01199674: hypothetical protein  
Dihydrolipoamide dehydrogenase (EC 1.8.1.4)  
Peroxioredoxin family protein/glutaredoxin  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Multimodular transpeptidase-transglycosylase (EC 2.4.1.129) (EC 3.4.-.-)  
Type IV pilus biogenesis protein PilM  
Type IV pilus biogenesis protein PilN  
Type IV pilus biogenesis protein PilO  
Type IV pilus biogenesis protein PilP  
Type IV pilus biogenesis protein PilQ  
Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71)  
3-dehydroquinate synthase (EC 4.2.3.4)  
DamX, an inner membrane protein involved in bile resistance  
Methyl-directed repair DNA adenine methylase (EC 2.1.1.72)  
Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)  
SSU ribosomal protein S6p  
SSU ribosomal protein S18p



LSU ribosomal protein L9p  
membrane protein  
Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)  
Alanine racemase, biosynthetic (EC 5.1.1.1)  
FIG01200950: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)  
Chemotaxis protein CheX  
Zinc uptake regulation protein ZUR  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase)  
Site-specific recombinase, phage integrase family  
tRNA dihydrouridine synthase A (EC 1.-.-.-)  
Putative inner membrane protein  
ABC-type Fe<sup>3+</sup>-hydroxamate transport system, periplasmic component  
Thymidylate kinase  
Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)  
Sulfite reductase [NADPH] hemoprotein beta-component (EC 1.8.1.2)  
Phosphoadenylyl-sulfate reductase [thioredoxin] (EC 1.8.4.8)  
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)  
UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)  
YrbA protein  
Uncharacterized protein YrbB  
Uncharacterized ABC transporter, auxiliary component YrbC  
Uncharacterized ABC transporter, periplasmic component YrbD  
Uncharacterized ABC transporter, permease component YrbE  
Uncharacterized ABC transporter, ATP-binding protein YrbF  
Inner membrane protein YrbG, predicted calcium/sodium:proton antiporter  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
Uncharacterized protein YrbK clustered with lipopolysaccharide transporters  
LptA, protein essential for LPS transport across the periplasm  
Lipopolysaccharide ABC transporter, ATP-binding protein LptB  
RNA polymerase sigma-54 factor RpoN  
Ribosome hibernation protein YhbH  
PTS system nitrogen-specific IIA component, PtsN  
Hypothetical ATP-binding protein UPF0042, contains P-loop  
Phosphocarrier protein, nitrogen regulation associated  
Magnesium transporter  
TidE/PmbA protein, part of proposed TidE/TidD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG138315: Putative alpha helix protein  
Hydroxypyruvate reductase (EC 1.1.1.81)  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)  
FIG01202974: hypothetical protein  
RNA polymerase associated protein RapA (EC 3.6.1.-)  
Predicted ATPase related to phosphate starvation-inducible protein PhoH  
TidD protein, part of proposed TidE/TidD proteolytic complex (PMID 12029038)  
FIG003879: Predicted amidohydrolase

FIG005080: Possible exported protein  
Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)  
Septum formation protein Maf  
Rod shape-determining protein MreD  
Rod shape-determining protein MreC  
Rod shape-determining protein MreB  
MSHA biogenesis protein MshQ  
MSHA biogenesis protein MshP  
MSHA biogenesis protein MshO  
MSHA pilin protein MshD  
MSHA pilin protein MshA  
MSHA pilin protein MshA  
MSHA biogenesis protein MshF  
MSHA biogenesis protein MshG  
MSHA biogenesis protein MshE  
MSHA biogenesis protein MshN  
MSHA biogenesis protein MshM  
MSHA biogenesis protein MshL  
MSHA biogenesis protein MshK  
MSHA biogenesis protein MshJ  
MSHA biogenesis protein MshI  
MSHA biogenesis protein MshH  
Single-stranded DNA-binding protein  
Transcriptional regulator, LuxR family  
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)  
Excinuclease ABC subunit A  
Lipid A core-O-antigen ligase  
Serine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.51) / L-alanine:glyoxylate aminotransferase (EC 2.6.1.44)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
5-methyltetrahydrofolate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.13)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter, putative  
hypothetical protein  
bacteriophage f237 ORF9  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01200654: hypothetical protein  
TraF-related protein  
FIG01199656: hypothetical protein  
Copper-sensing two-component system response regulator CusR  
Signal transduction histidine kinase  
NAD(P) transhydrogenase subunit beta (EC 1.6.1.2)  
NAD(P) transhydrogenase alpha subunit (EC 1.6.1.2)  
FIG01199974: hypothetical protein  
FIG01200032: hypothetical protein  
GGDEF domain protein  
FIG01201523: hypothetical protein  
FIG01201523: hypothetical protein  
Response regulator  
FIG01200884: hypothetical protein

Molybdenum transport ATP-binding protein ModC (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum transport system permease protein ModB (TC 3.A.1.8.1)  
Molybdenum ABC transporter, periplasmic molybdenum-binding protein ModA (TC 3.A.1.8.1)  
Cobalamin synthase  
FIG01200634: hypothetical protein  
FIG01199666: hypothetical protein  
FIG008443: hypothetical protein  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
Transcriptional regulator, AraC family  
Adhesin  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), activating protein (EC 1.97.1.4)  
Ribonucleotide reductase of class III (anaerobic), large subunit (EC 1.17.4.2)  
FIG01200683: hypothetical protein  
Metal-dependent hydrolase  
Predicted transporter component  
Probable transmembrane protein  
Transcriptional regulator, ArsR family  
CoA-disulfide reductase (EC 1.8.1.14)  
Msl2237 protein  
FIG01203600: hypothetical protein  
lipoprotein, putative  
Prolidase (EC 3.4.13.9)  
Transcriptional regulator, AraC family  
Hexose phosphate transport protein UhpT  
Transcriptional regulatory protein UhpA  
Sensor histidine protein kinase UhpB, glucose-6-phosphate specific (EC 2.7.13.3)  
Hexose phosphate uptake regulatory protein UhpC  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)  
FIG00344355: hypothetical protein  
Hypothetical membrane protein  
Membrane protein, putative  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01201516: hypothetical protein  
Hydroxymethylglutaryl-CoA reductase (EC 1.1.1.34)  
FIG01201901: hypothetical protein  
FIG01201535: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase III protein 2 (EC 2.3.1.41)  
Thioredoxin 2 (EC 1.8.1.8)  
Permease of the major facilitator superfamily  
Transcriptional regulator, AraC family  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
FIG01200898: hypothetical protein  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
hypothetical protein  
Aerobactin siderophore receptor lutA  
Hypothetical protein in aerobactin uptake cluster  
C4-dicarboxylate like transporter  
FIG01199931: hypothetical protein

FIG01200296: hypothetical protein  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
Nitrite transporter from formate/nitrite family  
Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
FIG01206101: hypothetical protein  
FIG01206074: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Lipase-related protein  
FIG01200188: hypothetical protein  
Cytoplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01202654: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Death on curing protein, Doc toxin  
Prevent host death protein, Phd antitoxin  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Integron integrase IntI4  
FIG01200791: hypothetical protein  
Predicted hydrolase  
Ribosomal-protein-S5p-alanine acetyltransferase  
Transcriptional repressor protein TyrR  
Membrane protein YcjF  
Conserved protein YcjX with nucleoside triphosphate hydrolase domain  
FIG01199987: hypothetical protein  
Fumarate hydratase class I, aerobic (EC 4.2.1.2)  
Para-aminobenzoate synthase, aminase component (EC 2.6.1.85)  
Probable sensor/response regulator hybrid  
Guanylate cyclase-related protein  
Hypothetical nudix hydrolase YeaB  
Serine transporter  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01200517: hypothetical protein  
FIG01204256: hypothetical protein  
FIG01203987: hypothetical protein  
Queuosine biosynthesis QueD, PTPS-I  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
Asparaginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.22)  
hypothetical protein  
FIG01201502: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, GntR family domain / Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)

FIG01200041: hypothetical protein  
FIG01199869: hypothetical protein  
Response regulator  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
FIG01201079: hypothetical protein  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
DNA-binding response regulator, LuxR family  
Sensor histidine kinase  
TRAP dicarboxylate transporter, DctM subunit, unknown substrate 6  
TRAP dicarboxylate transporter, DctQ subunit, unknown substrate 6  
TRAP transporter solute receptor, unknown substrate 6  
FIG01199550: hypothetical protein  
FIG01199633: hypothetical protein  
Hypothetical metal-binding enzyme, YcbL homolog  
FIG001587: exported protein  
L,D-transpeptidase YcbB  
putative exported protein  
Iron-regulated protein A precursor  
Probable thiol oxidoreductase with 2 cytochrome c heme-binding sites  
Iron-regulated protein A precursor  
GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
FIG01200906: hypothetical protein  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfF, nitrite reductase complex assembly  
Putative thiol:disulfide oxidoreductase, nitrite reductase complex assembly  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfE, nitrite reductase complex assembly  
NrfD protein  
NrfC protein  
Cytochrome c-type protein NrfB precursor  
Cytochrome c552 precursor (EC 1.7.2.2)  
FIG01201170: hypothetical protein  
Cytochrome c-type heme lyase subunit nrfG, nitrite reductase complex assembly  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)  
3-demethylubiquinone-9 3-methyltransferase (EC 2.1.1.64)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)  
Ferredoxin  
Competence/damage-inducible protein CinA  
Ubiquitin-protein ligase  
Glycine cleavage system regulatory protein  
Carboxynorspermidine decarboxylase, putative (EC 4.1.1.-)  
Carboxynorspermidine dehydrogenase, putative (EC 1.1.1.-)  
Diaminobutyrate-pyruvate transaminase & L-2,4-diaminobutyrate decarboxylase  
Pyruvate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.1)  
Transcriptional repressor for pyruvate dehydrogenase complex

N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28) AmpD  
Quinolinate phosphoribosyltransferase [decarboxylating] (EC 2.4.2.19)  
Type IV pilin PilA  
Type IV fimbrial assembly, ATPase PilB  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Type IV fimbrial assembly protein PilC  
Leader peptidase (Prepilin peptidase) (EC 3.4.23.43) / N-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)  
FIG002842: hypothetical protein  
FIG003276: zinc-binding protein  
LSU ribosomal protein L19p  
tRNA (Guanine37-N1) -methyltransferase (EC 2.1.1.31)  
16S rRNA processing protein RimM  
SSU ribosomal protein S16p  
Signal recognition particle, subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)  
FIG001154: CcsA-related protein  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
S-ribosylhomocysteine lyase (EC 4.4.1.21) / Autoinducer-2 production protein LuxS  
FIG01200315: hypothetical protein  
Glutamate--cysteine ligase (EC 6.3.2.2)  
Protease, insulinase family/protease, insulinase family  
Putative membrane protein  
NADPH:quinone reductase  
Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
NADPH:quinone oxidoreductase 2 ## possible protective/detoxification role  
Transcriptional regulator, LysR family  
Alkaline serine exoprotease A precursor (EC 3.4.21.-)  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
L-ectoine synthase (EC 4.2.1.-)  
Diaminobutyrate-pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.46)  
L-2,4-diaminobutyric acid acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
High-affinity choline uptake protein BetT  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na+)/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Transglutaminase-like enzyme  
FIG01200928: hypothetical protein  
Phosphoglycerol transferase I (EC 2.7.8.20)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
putative transport protein  
COG0477: Permeases of the major facilitator superfamily  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01202305: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase

FIG01199787: hypothetical protein  
Sodium/glycine symporter GlyP  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3)  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator  
FIG01199928: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
hypothetical protein-signal peptide prediction  
FIG01200865: hypothetical protein  
Spindolin-related protein  
hypothetical protein  
2-(5'-triphosphoribosyl)-3'-dephosphocoenzyme-A synthase (EC 2.7.8.25)  
Apo-citrate lyase phosphoribosyl-dephospho-CoA transferase (EC 2.7.7.61)  
Citrate lyase alpha chain (EC 4.1.3.6)  
Citrate lyase beta chain (EC 4.1.3.6)  
Citrate lyase beta chain (EC 4.1.3.6)  
[Citrate [pro-3S]-lyase] ligase (EC 6.2.1.22)  
Na(+)/Citrate OH(-) antiporter  
Oxaloacetate decarboxylase gamma chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase alpha chain (EC 4.1.1.3)  
Oxaloacetate decarboxylase beta chain (EC 4.1.1.3)  
Sensor kinase CitA, DpiB (EC 2.7.3.-)  
Transcriptional regulatory protein CitB, DpiA  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative membrane protein  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
hypothetical protein  
DSBH domain containing protein  
Nudix hydrolase family protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01199754: hypothetical protein  
Potential queD like  
Maleylacetoacetate isomerase (EC 5.2.1.2) @ Glutathione S-transferase, zeta (EC 2.5.1.18)  
Fumarylacetoacetase (EC 3.7.1.2)  
Homogentisate 1,2-dioxygenase (EC 1.13.11.5)  
4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (EC 1.13.11.27)  
Transcriptional regulator LuxT  
FIG01203471: hypothetical protein  
transcriptional regulator, CadC  
hypothetical protein  
major facilitator superfamily  
major facilitator superfamily  
Transposase, IS982 family

Exoenzymes regulatory protein aepA precursor  
Peptidase, M20A family  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Xaa-Pro aminopeptidase (EC 3.4.11.9)  
TagA-related protein  
Microbial collagenase, secreted (EC 3.4.24.3)  
hypothetical protein  
Probable two-component sensor  
Probable two-component response regulator  
transcription activator ToxR  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
Probable RND efflux membrane fusion protein  
FIG01200998: hypothetical protein  
Predicted N-ribosylNicotinamide CRP-like regulator  
TsgA protein homolog  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
putative permease of ABC transporter  
putative permease of ABC transporter  
Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
1-pyrroline-4-hydroxy-2-carboxylate deaminase (EC 3.5.4.22)  
Ornithine cyclodeaminase (EC 4.3.1.12)  
probable binding protein component of ABC transporter  
D-amino acid dehydrogenase (EC 1.4.99.1) family protein in hydroxy-L-proline catabolic cluster  
4-hydroxyproline epimerase (EC 5.1.1.8)  
Ketoglutarate semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.26)  
Predicted regulator PutR for proline utilization, GntR family  
FIG01199717: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.51)  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.51)  
COG1451: Predicted metal-dependent hydrolase  
Glutaredoxin  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Membrane protein, putative  
putative membrane protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Permease of the major facilitator superfamily  
FIG01200539: hypothetical protein  
FIG01200147: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203485: hypothetical protein  
Vitamin B12 ABC transporter, ATPase component BtuD



Vitamin B12 ABC transporter, permease component BtuC  
Succinylglutamate desuccinylase (EC 3.5.1.96)  
Oligoendopeptidase F  
Alpha-ribazole-5-phosphate phosphatase (EC 3.1.3.73)  
Adenosylcobinamide-phosphate guanylyltransferase (EC 2.7.7.62)  
Cobalamin synthase  
Nicotinate-nucleotide--dimethylbenzimidazole phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.21)  
FIG01201788: hypothetical protein  
Predicted nucleoside-diphosphate-sugar epimerases  
L-cystine uptake protein TcyP  
FIG01199675: hypothetical protein  
Exodeoxyribonuclease I (EC 3.1.11.1)  
Antiholin-like protein LrgA  
LrgA-associated membrane protein LrgB  
Cytidine deaminase (EC 3.5.4.5)  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase 2 (EC 2.1.2.-)  
Thiopurine S-methyltransferase (EC 2.1.1.67)  
FIG01199915: hypothetical protein  
Integration host factor alpha subunit  
membrane protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)  
Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)  
GGDEF family protein  
FIG01201466: hypothetical protein  
Outer membrane lipoprotein-sorting protein  
Predicted exporter of the RND superfamily  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01199919: hypothetical protein  
PlcB, ORFX, ORFP, ORFB, ORFA, Idh gene  
biphenyl-2,3-diol 1,2-dioxygenase III-related protein  
Translation initiation inhibitor  
LSU ribosomal protein L20p  
LSU ribosomal protein L35p  
Translation initiation factor 3  
Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)  
FIG01199745: hypothetical protein  
putative SpoOM-related protein  
Histidine utilization repressor  
Imidazolonepropionase (EC 3.5.2.7)  
Formiminoglutamase (EC 3.5.3.8)  
Urocanate hydratase (EC 4.2.1.49)  
Histidine ammonia-lyase (EC 4.3.1.3)  
FIG01199954: hypothetical protein  
Putative protein-S-isoprenylcysteine methyltransferase  
Fe-S protein, homolog of lactate dehydrogenase SO1521  
FIG01200393: hypothetical protein

FIG01199672: hypothetical protein  
Outer membrane protein  
FIG01201010: hypothetical protein  
FIG01199901: hypothetical protein  
Superfamily II DNA and RNA helicase  
Phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase (EC 6.3.2.6)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Death on curing protein, Doc toxin  
Prevent host death protein, Phd antitoxin  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00349444: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative cytoplasmic protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transporter, LysE family  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203390: hypothetical protein  
FIG01205913: hypothetical protein  
hypothetical protein  
StbD replicon stabilization protein (antitoxin to StbE)  
StbE replicon stabilization toxin  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00634700: hypothetical protein  
FIG01205959: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein

Transporter, LysE family  
Transcriptional regulator, GntR family domain / Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na<sup>+</sup>/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Putative sulfite oxidase subunit YedY  
FIG001196: putative membrane protein  
INTEGRAL MEMBRANE PROTEIN (Rhomboid family)  
FIG01201478: hypothetical protein  
hypothetical protein  
response regulator receiver protein  
FIG01063695: hypothetical protein  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
Outer membrane protein  
Sensor kinase CitA, DpiB (EC 2.7.3.-)  
Transcriptional regulatory protein CitB, DpiA  
Ferrichrome-iron receptor  
Transcriptional regulator, AraC family  
Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)  
6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31), eukaryotic type  
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (EC 1.1.1.44)  
Universal stress protein family 1  
hypothetical protein  
FIG01205276: hypothetical protein  
Microbial collagenase, secreted (EC 3.4.24.3)  
FIG01201209: hypothetical protein  
FIG01201209: hypothetical protein  
Transcriptional regulator containing an amidase domain and an AraC-type DNA-binding HTH domain  
D-Lactate dehydrogenase (EC 1.1.2.5)  
Predicted Lactate-responsive regulator, LysR family  
hypothetical protein  
FIG01199837: hypothetical protein  
Putative regulator protein  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
Low-specificity L-threonine aldolase (EC 4.1.2.5)  
Cytochrome c553  
membrane protein  
Predicted deacylase  
hypothetical protein  
Multidrug resistance protein D  
Transcriptional regulator, AraC family  
lipoprotein Blc  
FIG01199616: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)

FIG01206165: hypothetical protein  
adenylate kinase  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
Exonuclease SbcC  
Exonuclease SbcD  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Rhs family protein  
NAD/NADP transhydrogenase beta subunit  
FIG01200031: hypothetical protein  
VgrG protein  
Putative cytoplasmic protein USSDB7A  
ClpB protein  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
Protein ImpG/VasA  
Protein of avirulence locus ImpE  
Uncharacterized protein ImpD  
Uncharacterized protein ImpC  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpA  
Serine/threonine protein phosphatase  
Protein phosphatase ImpM  
IcmF-related protein  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpI/VasC  
Serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)  
Response regulator with TPR repeat  
HPT domain containing protein  
hypothetical protein  
MazG-related protein  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Conserved hypothetical protein  
putative lipopolysaccharide modification acyltransferase  
FIG01204022: hypothetical protein  
FIG01202389: hypothetical protein  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
FIG01201565: hypothetical protein  
Ribonuclease Z (EC 3.1.26.11)  
Long-chain fatty acid transport protein  
FIG01206684: hypothetical protein  
FIG01201984: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203459: hypothetical protein  
Integral membrane protein

Integral membrane protein  
FIG01199759: hypothetical protein  
putative transport protein  
putative flavocytochrome  
hypothetical protein  
FIG01201610: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
4-amino-4-deoxy-L-arabinose transferase  
putative two-component response regulator protein with GGDEF domain  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17)  
Putative membrane protein  
putative acetyltransferase( EC:2.3.1.79 )  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative methyl-accepting chemotaxis protein  
MII2374 protein  
probable membrane protein YPO2316  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01204745: hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Serine phosphatase RsbU, regulator of sigma subunit  
FIG01201877: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Transcriptional regulator, TetR family  
Predicted DNA-binding protein  
Nitrite reductase [NAD(P)H] small subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrite reductase [NAD(P)H] large subunit (EC 1.7.1.4)  
Nitrate ABC transporter, ATP-binding protein  
Nitrate ABC transporter, permease protein  
Nitrate ABC transporter, nitrate-binding protein  
putative two-component response regulatory protein  
Dienelactone hydrolase family  
Anthranilate phosphoribosyltransferase like (EC 2.4.2.18)  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
Assimilatory nitrate reductase large subunit (EC:1.7.99.4)  
Acetyltransferase  
FOG: EAL domain protein  
Serine transporter  
FIG01206730: hypothetical protein  
FOG: GGDEF domain  
FIG01199791: hypothetical protein  
putative extracellular serine protease  
FIG01200306: hypothetical protein  
Alkaline phosphatase (EC 3.1.3.1)  
FIG01201945: hypothetical protein

two-component system sensor protein  
Putative two-component response regulator  
Putative lipoprotein  
Putative lipoprotein  
FIG01201903: hypothetical protein  
FIG01201930: hypothetical protein  
FIG01200412: hypothetical protein  
Copper metallochaperone, bacterial analog of Cox17 protein  
Putative heat shock protein YegD  
putative membrane protein  
Aromatic ring-cleaving dioxygenase  
hypothetical protein  
Branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase, E1 component, alpha subunit (EC 1.2.4.4)  
Branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase, E1 component, beta subunit (EC 1.2.4.4)  
Dihydrolipoamide acyltransferase component of branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase complex (EC 2.3.1.168)  
Transcriptional regulator  
Integral membrane protein  
hypothetical protein  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
ATPase with chaperone activity, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
FIG01202034: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
Choloylglycine hydrolase (EC 3.5.1.24)  
FIG01204074: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Small-conductance mechanosensitive channel  
HDED PROTEIN  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, MarR family  
Putative PRS2 protein  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
FIG01202175: hypothetical protein  
Galactoside O-acetyltransferase (EC 2.3.1.18)  
ABC-type sulfate transport system, permease component  
FIG01203078: hypothetical protein  
FOG: CheY-like receiver  
FIG01199799: hypothetical protein  
FIGfam020323  
Agglutination protein

Iron-sulfur cluster-binding protein  
ATPase YjeE, predicted to have essential role in cell wall biosynthesis  
N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)  
DNA mismatch repair protein MutL  
tRNA delta(2)-isopentenylpyrophosphate transferase (EC 2.5.1.8)  
RNA-binding protein Hfq  
GTP-binding protein HflX  
HflK protein  
HflC protein  
Putative inner membrane protein YjeT (clustered with HflC)  
Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)  
Sodium-type polar flagellar protein motX  
Flavohemoprotein (Hemoglobin-like protein) (Flavohemoglobin) (Nitric oxide dioxygenase) (EC 1.14.12.17)  
Nitrite-sensitive transcriptional repressor NsrR  
3'-5' exoribonuclease RNase R  
23S rRNA (guanosine-2'-methyltransferase rlmB (EC 2.1.1.-)  
Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)  
Tryptophanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.2) ## proteobacterial type  
HD-GYP domain  
Transcriptional regulator, LacI family  
Cellobiose phosphotransferase system YdjC-like protein  
6-phospho-beta-glucosidase (EC 3.2.1.86)  
PTS system, cellobiose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, cellobiose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, cellobiose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
hypothetical protein  
putative short-chain dehydrogenase  
hypothetical protein  
FIG023103: Predicted transmembrane protein  
FIG000906: Predicted Permease  
FIG000988: Predicted permease  
Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)  
DNA polymerase III chi subunit (EC 2.7.7.7)  
Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)  
membrane protein  
Histone acetyltransferase HPA2  
Beta-galactosidase/beta-glucuronidase  
FIG01202401: hypothetical protein  
FIG01204041: hypothetical protein  
HipA protein  
transcriptional regulator, Cro/Ci family  
hypothetical protein  
plasmid-related protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01201327: hypothetical protein  
Phage Integrase  
Phage Integrase

FIG01203555: hypothetical protein  
probable transposase VC0185  
Ribonuclease E inhibitor RraB  
Arginine deiminase (EC 3.5.3.6)  
Ornithine carbamoyltransferase (EC 2.1.3.3)  
FIG01201739: hypothetical protein  
Aspartate carbamoyltransferase (EC 2.1.3.2)  
Aspartate carbamoyltransferase regulatory chain (PyrI)  
Endoribonuclease L-PSP  
Transcriptional regulator, MarR family  
Transcriptional regulator, GntR family  
N-carbamoyl-L-amino acid hydrolase (EC 3.5.1.87)  
Arginine/ornithine antiporter ArcD  
Bll2871 protein  
fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase  
Transposase, IS982 family  
Catalase (EC 1.11.1.6) / Peroxidase (EC 1.11.1.7)  
hypothetical protein  
Tryptophanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.2)  
FIG00277715: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
Putative phospholipase C  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Microbial collagenase, secreted (EC 3.4.24.3)  
FIG01201966: hypothetical protein  
Membrane-bound metal-dependent hydrolase  
tRNA-(ms[2]io[6]A)-hydroxylase (EC 1.-.-.-)  
ATPase involved in DNA repair  
Regulatory protein CysB  
SAM-dependent methyltransferases  
Alanine dehydrogenase (EC 1.4.1.1)  
Leucine-responsive regulatory protein, regulator for leucine (or Irp) regulon and high-affinity branched-chain amino acid transport system  
Cell division protein FtsK  
Outer membrane lipoprotein carrier protein LolA  
FIG065221: ATPase, AAA family  
Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)  
FIG01199607: hypothetical protein  
FIG01201274: hypothetical protein  
Hypothetical Zinc-finger containing protein  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
Biotin synthase (EC 2.8.1.6)  
8-amino-7-oxononanoate synthase (EC 2.3.1.47)  
Biotin synthesis protein bioC  
Dethiobiotin synthetase (EC 6.3.3.3)  
FIG01200396: hypothetical protein  
Probable protease htpX homolog (EC 3.4.24.-)  
FIG002994: Putative transcriptional regulator  
Oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family (EC 1.1.1.-)  
COG2907: Amine oxidase, flavin-containing



FIG001571: Hypothetical protein  
S-adenosyl-L-methionine dependent methyltransferase, similar to cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase  
FIG033155: Hypothetical protein  
FIG026291: Hypothetical periplasmic protein  
FIG002577: Putative lipoprotein precursor  
Adenylosuccinate lyase (EC 4.3.2.2)  
FIG002903: a protein of unknown function perhaps involved in purine metabolism  
tRNA (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase (EC 2.1.1.61)  
FIG01202679: hypothetical protein  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
DNA-binding protein H-NS  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
ATP phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.17)  
Histidinol dehydrogenase (EC 1.1.1.23)  
Histidinol-phosphate aminotransferase (EC 2.6.1.9)  
Histidinol-phosphatase (EC 3.1.3.15) / Imidazoleglycerol-phosphate dehydratase (EC 4.2.1.19)  
Imidazole glycerol phosphate synthase amidotransferase subunit (EC 2.4.2.-)  
Phosphoribosylformimino-5-aminoimidazole carboxamide ribotide isomerase (EC 5.3.1.16)  
Imidazole glycerol phosphate synthase cyclase subunit (EC 4.1.3.-)  
Phosphoribosyl-AMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.19) / Phosphoribosyl-ATP pyrophosphatase (EC 3.6.1.31)  
GTG start codon  
Predicted signal transduction protein  
UDP-2,3-diacetylglucosamine hydrolase (EC 3.6.1.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
Cysteinyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)  
Thymidine kinase (EC 2.7.1.21)  
FIG01201543: hypothetical protein  
Nucleoside-diphosphate-sugar epimerase  
Putative transcriptional regulator  
FIG01199883: hypothetical protein  
DNA-binding protein inhibitor Id-2-related protein  
Formate efflux transporter (TC 2.A.44 family)  
FIG01199980: hypothetical protein  
YbbM seven transmembrane helix protein  
Periplasmic nitrate reductase component NapE  
Cytochrome c-type protein NapC  
FIG01203754: hypothetical protein  
Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP<sup>+</sup>) (EC 1.5.1.5) / Methenyltetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)  
hypothetical protein  
DNA-cytosine methyltransferase (EC 2.1.1.37)  
Nucleoside permease NupC  
Transcriptional regulator, LysR family  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase B precursor (EC 3.2.1.-)  
Protein YcgL  
Septum site-determining protein MinC  
Septum site-determining protein MinD  
Cell division topological specificity factor MinE  
Ribonuclease D (EC 3.1.26.3)  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)

Predicted hydrolase/acyltransferase  
Starvation lipoprotein Slp paralog  
Chromosome segregation ATPase  
Inactive homolog of metal-dependent proteases, putative molecular chaperone  
DinG family ATP-dependent helicase YoaA  
Formyltetrahydrofolate deformylase (EC 3.5.1.10)  
Protein yecM  
Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)  
Diadenosine tetraphosphate (Ap4A) hydrolase and other HIT family hydrolases  
FIG01202917: hypothetical protein  
Ferrous iron transport protein C  
Ferrous iron transport protein B  
Ferrous iron transport protein A  
DNA-binding response regulator, AraC family  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] alpha chain (EC 6.2.1.5)  
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] beta chain (EC 6.2.1.5)  
Dihydrolipoamide succinyltransferase component (E2) of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.61)  
2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component (EC 1.2.4.2)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase hydrophobic membrane anchor protein  
Succinate dehydrogenase cytochrome b-556 subunit  
Citrate synthase (si) (EC 2.3.3.1)  
FIG042796: Hypothetical protein  
FIG01200929: hypothetical protein  
Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)  
SeqA protein, negative modulator of initiation of replication  
Esterase ybfF (EC 3.1.-.-)  
FIG01200995: hypothetical protein  
Flavodoxin 1  
FIG01200136: hypothetical protein  
Ferric uptake regulation protein FUR  
Fimbrial protein pilin  
Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.18)  
PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, N-acetylglucosamine-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
N-acetylglucosamine-6P-responsive transcriptional repressor NagC, ROK family  
putative Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefB  
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.4)  
Transcriptional activator RfaH  
Di-/tripeptide transporter  
Ferrochelatase, protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)  
Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)  
Chaperone protein HtpG  
Transcriptional activator ToxR  
Transmembrane regulatory protein ToxS

Predicted permease  
Selenoprotein W-related protein  
Phosphodiesterase yfcE (EC 3.1.4.-)  
FIG01201465: hypothetical protein  
FIG01200823: hypothetical protein  
Putative nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01199971: hypothetical protein  
Permease of the major facilitator superfamily  
Cell division inhibitor  
Putative NAD(P)-dependent oxidoreductase EC-YbbO  
hypothetical protein  
COG3118: Thioredoxin domain-containing protein EC-YbbN  
Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit YbbK  
Putative activity regulator of membrane protease YbbK  
hypothetical protein  
N-acetylglucosamine-regulated outer membrane porin  
DNA ligase (EC 6.5.1.2)  
Cell division protein ZipA  
hypothetical protein  
Sulfate transporter, CysZ-type  
Cysteine synthase (EC 2.5.1.47)  
Phosphocarrier protein of PTS system  
Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)  
PTS system, glucose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Flagellin protein FlaE  
Flagellin protein FlaD  
Agglutination protein  
FIGfam020323  
FIG01201286: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
Queuosine Biosynthesis QueC ATPase  
Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM  
Predicted hydrolase  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Putative trypsin  
Histone acetyltransferase HPA2  
Propionate--CoA ligase (EC 6.2.1.17)  
PrpF protein involved in 2-methylcitrate cycle  
2-methylcitrate dehydratase FeS dependent (EC 4.2.1.79)  
2-methylcitrate synthase (EC 2.3.3.5)  
Methylisocitrate lyase (EC 4.1.3.30)  
Propionate catabolism operon transcriptional regulator of GntR family [predicted]  
FIG01202212: hypothetical protein  
VgrG protein  
Twin-arginine translocation pathway signal  
Uncharacterized protein ImpA  
FIG01202961: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpB  
Uncharacterized protein ImpC

Uncharacterized protein ImpD  
FIG01286925: hypothetical protein  
Protein ImpG/VasA  
Uncharacterized protein ImpH/VasB  
ClpB protein  
FIG01199604: hypothetical protein  
Uncharacterized protein ImpI/VasC  
Type VI secretion lipoprotein/VasD  
Uncharacterized protein ImpJ/VasE  
hypothetical membrane associated protein  
lcmF-related protein  
FIG01200773: hypothetical protein  
ABC-type amino acid transport, signal transduction systems, periplasmic component/domain  
FIG01206540: hypothetical protein  
GCN5-related N-acetyltransferase  
Gfa-like protein  
Tricarboxylate transport protein TctC  
Tricarboxylate transport protein TctB  
Tricarboxylate transport membrane protein TctA  
Predicted permease  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
putative membrane fusion protein  
FIG01203264: hypothetical protein  
Putative threonine efflux protein  
hypothetical protein  
FIG01200321: hypothetical protein  
P pilus assembly protein, chaperone PapD  
FIG01204082: hypothetical protein  
P pilus assembly protein, porin PapC  
FIG01200384: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LuxR family  
hypothetical protein  
Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19) ## Zinc-requiring, any residue but Pro  
no significant database hits  
Transcriptional regulator, MarR family  
conserved hypothetical protein  
2'-5' RNA ligase  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator, LysR family  
Cell division protein FtsB  
2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)  
2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)  
tRNA pseudouridine 13 synthase (EC 4.2.1.-)  
5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)  
Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)  
Lipoprotein NlpD  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
DNA mismatch repair protein MutS

Protein Implicated in DNA repair function with RecA and MutS  
RecA protein  
Regulatory protein RecX  
Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4)  
Carbon storage regulator  
FIG01199762: hypothetical protein  
FIG01201580: hypothetical protein  
TldE/PmbA protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
TldD protein, part of proposed TldE/TldD proteolytic complex (PMID 12029038)  
Phosphomethylpyrimidine kinase (EC 2.7.4.7)  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, ATPase component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, transmembrane component  
Hydroxymethylpyrimidine ABC transporter, substrate-binding component  
Thiaminase II (EC 3.5.99.2)  
Hydroxyethylthiazole kinase (EC 2.7.1.50)  
Thiamin-phosphate pyrophosphorylase (EC 2.5.1.3)  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
Biotin sulfoxide reductase (EC 1.-.-.)  
Functional role page for Cytochrome c-type protein TorY  
putative acetyltransferase  
oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
acetyltransferase, GNAT family  
Probable hydrolase  
FIG01201295: hypothetical protein  
acetyltransferase, GNAT family  
FIG01202107: hypothetical protein  
FIG01204142: hypothetical protein  
Probable hydrogenase cytochrome b-type subunit  
Transcriptional regulator, MarR family  
Prepilin-type N-terminal cleavage/methylation domain-containing protein  
Cytochrome c, class IC: Cytochrome c, class I  
FIG01202268: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, GntR family  
Endonuclease I  
Glycosidase  
Glycosidase  
Maltose operon periplasmic protein MalM  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)  
FOG: GGDEF domain  
FIG01204521: hypothetical protein  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
Anaerobic sulfite reductase subunit A  
Anaerobic sulfite reductase subunit B  
Anaerobic sulfite reductase subunit C (EC 1.8.1.-)  
Cyclopropane-fatty-acyl-phospholipid synthase (EC 2.1.1.79)  
putative lipoprotein

Resolvase/integrase Bin  
Multidrug resistance protein D  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Colicin I receptor precursor  
Transcriptional regulator, LysR family  
Catechol siderophore ABC transporter, substrate-binding protein  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, permease component  
Catechol siderophore ABC transporter, ATP-binding component  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01206342: hypothetical protein  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
FIG01204571: hypothetical protein  
Membrane protein  
Ccm2-related protein  
FIG01200902: hypothetical protein  
P pilus assembly/Cpx signaling pathway, periplasmic inhibitor/zinc- resistance associated protein  
FIG01207181: hypothetical protein  
Zinc protease, insulinase family  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01204347: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Organic hydroperoxide resistance protein  
Organic hydroperoxide resistance transcriptional regulator  
FIG01200485: hypothetical protein  
Alkyl hydroperoxide reductase protein C (EC 1.6.4.-)  
Alkyl hydroperoxide reductase protein F (EC 1.6.4.-)  
Electron transport complex protein RnfD  
Electron transport complex protein RnfG  
Electron transport complex protein RnfE  
Endonuclease III (EC 4.2.99.18)  
Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
FIG01199914: hypothetical protein  
Sodium-type flagellar protein motY precursor  
Ribonuclease T (EC 3.1.13.-)  
Histidine permease YuiF  
Thioredoxin  
Glutaredoxin-related protein  
Superoxide dismutase [Fe] (EC 1.15.1.1)  
Potential queD like 2  
oxidoreductase, short-chain dehydrogenase/reductase family  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1); Acetaldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.10)  
Putative membrane protein  
Potassium voltage-gated channel subfamily KQT; possible potassium channel, VIC family  
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaC  
Methyl-accepting chemotaxis protein

FIG01199751: hypothetical protein  
Nucleoid-associated protein NdpA  
FIG002927: hypothetical protein  
FIG001881: hydrolase of alkaline phosphatase superfamily  
hypothetical protein  
Histone deacetylase/AcuC/AphA family protein  
FIG01205781: hypothetical protein  
Short chain dehydrogenase  
FIG01200565: hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA topoisomerase III (EC 5.99.1.2)  
Protein ydjA  
2,4-dienoyl-CoA reductase [NADPH] (EC 1.3.1.34)  
Protease IV (EC 3.4.21.-)  
L-asparaginase (EC 3.5.1.1)  
Uncharacterized protein YeaC  
FIG01200921: hypothetical protein  
HTH-type transcriptional regulator IlvY  
Ketol-acid reductoisomerase (EC 1.1.1.86)  
FIG01200701: hypothetical protein  
RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
ATP-dependent DNA helicase Rep  
Cytochrome c5  
TPR domain protein in aerotolerance operon  
BatD  
GGDEF family protein  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0067 homolog  
Hypothetical protein in cluster with HutR, VCA0066 homolog  
Hypothetical with regulatory P domain of a subtilisin-like proprotein convertase  
TonB-dependent heme receptor HutR  
Protease II  
FIG01205628: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ATP-dependent RNA helicase VCA0061  
Outer membrane lipoprotein  
FIG01199739: hypothetical protein  
Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)  
Transcriptional regulator, MerR family, associated with photolyase  
COG1683: Uncharacterized conserved protein / FIG143828: Hypothetical protein YbgA  
Purine nucleoside phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
FIG01200538: hypothetical protein  
FIG01199782: hypothetical protein

GGDEF family protein  
Gll3359 protein  
GTPase (EC 3.6.1.-)  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
hypothetical protein  
Substrate-specific component MtsA of methionine-regulated ECF transporter  
Duplicated ATPase component MtsB of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Transmembrane component MtsC of energizing module of methionine-regulated ECF transporter  
Permease of the major facilitator superfamily  
COG0640: Predicted transcriptional regulators  
Polyferredoxin NapH (periplasmic nitrate reductase)  
Ferredoxin-type protein NapG (periplasmic nitrate reductase)  
Histone acetyltransferase HPA2  
FIG01199937: hypothetical protein  
Predicted acetyltransferase  
FIG01200018: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type II  
FIG01199665: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
Predicted Lactate-responsive regulator, LysR family  
L-lactate permease  
L-lactate dehydrogenase (EC 1.1.2.3)  
FIG01200525: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
LysR-family transcriptional regulator  
EBNA-1 nuclear protein  
L-alanine-DL-glutamate epimerase  
Translation elongation factor G-related protein  
FIG01200531: hypothetical protein  
probable exported protein YPO3233  
FIG01200789: hypothetical protein  
FIG01202830: hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative periplasmic substrate-binding protein  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProW (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
Lipoprotein  
5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase related protein VF1653  
Universal stress protein family 2  
Transcriptional regulator  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
hypothetical protein  
Glutamate receptor 1 precursor  
putative exported protein  
hypothetical protein



GlpM protein

FIG01204124: hypothetical protein

conserved hypothetical protein

Nicotinate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.11)

Hypothetical Nudix-like regulator

Nicotinamidase (EC 3.5.1.19)

Superoxide dismutase [Cu-Zn] precursor (EC 1.15.1.1)

AnkB protein

Catalase (EC 1.11.1.6)

Glyoxalase family protein

putative esterase

Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily

Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)

Cystathionine beta-lyase (EC 4.4.1.8) (CBL) (Beta-cystathionase) (Cysteine lyase) / Maltose regulon modulator

PTS system, maltose and glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, maltose and glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69)

Maltose regulon regulatory protein Mall (repressor for malXY)

Transcriptional regulatory protein YciT

Possible glyoxylase family protein (Lactoylglutathione lyase) (EC 4.4.1.5)

Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)

Phosphotransferase system mannitol/fructose-specific IIA domain

PTS system, fructose-specific IIBC component (EC 2.7.1.69)

Alpha-1,2-mannosidase

Alpha-1,2-mannosidase

Alpha-1,2-mannosidase

Alpha-1,2-mannosidase

Alpha-1,2-mannosidase

hypothetical protein

D-serine dehydratase transcriptional activator

Putative threonine efflux protein

Phage shock protein E

FIG00731817: hypothetical protein

Oxidoreductase

Transcriptional regulator, TetR family

Transcriptional regulator

Enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein

FIG01205246: hypothetical protein

Glutathione-regulated potassium-efflux system ATP-binding protein

Glutathione S-transferase, omega (EC 2.5.1.18)

FIG00971104: hypothetical protein

NADPH-dependent FMN reductase

Transcriptional regulator, LysR family

FIG01204551: hypothetical protein

ABC transporter, ATP-binding protein

FIG01199568: hypothetical protein

FIG00289161: hypothetical protein

Glyoxalase family protein

Phenazine biosynthesis protein PhzF like

Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)

FIG024746: hypothetical protein

FIG023677: hypothetical protein  
FIG005107: hypothetical protein  
FIG035246: DoxX family protein  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)  
hypothetical acetyltransferase  
FIG01202540: hypothetical protein  
MutT/nudix family protein  
FIG01206065: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG00567472: hypothetical protein  
probable transcription regulator  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Pyruvate formate-lyase activating enzyme (EC 1.97.1.4)  
Transaldolase (EC 2.2.1.2)  
FIG01202939: hypothetical protein  
FIG01202483: hypothetical protein  
Inner membrane protein CreD  
Two-component response regulator CreC  
Two-component response regulator CreB  
ATPase involved in DNA repair  
Histone acetyltransferase HPA2  
Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases  
Putative multidrug resistance protein  
Putative LysR-family transcriptional regulator YidZ  
Dienelactone hydrolase and related enzymes  
transcriptional regulator, LysR family protein  
aspartoacylase( EC:3.5.1.15 )  
NADPH dependent preQ0 reductase  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01200674: hypothetical protein  
Outer membrane component of tripartite multidrug resistance system  
hypothetical protein  
Fusaric acid resistance protein fusE  
Potassium channel protein  
putative membrane protein  
hypothetical protein  
putative secreted protein  
FIG01201424: hypothetical protein  
FIG01201101: hypothetical protein  
Ferredoxin--NADP(+) reductase (EC 1.18.1.2)  
Predicted thioesterase  
FIG01202333: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01201374: hypothetical protein  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
Transcriptional regulator, AraC family  
Neopullulanase (EC 3.2.1.135)  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)

Putative prolyl aminopeptidase  
FIG00369943: hypothetical protein  
putative acetyltransferase  
hypothetical protein  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)  
Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)  
hypothetical protein  
Rhodanese-like domain protein  
FIG01199664: hypothetical protein  
Cryptochrome  
Secreted and surface protein containing fasciclin-like repeats  
Conserved domain associated with flavoprotein oxygenases, DIM6/NTAB family  
FIG01200901: hypothetical protein  
Lactaldehyde dehydrogenase involved in fucose or rhamnose utilization (EC 1.2.1.22)  
L-fucose phosphate aldolase (EC 4.1.2.17)  
L-fucose mutarotase  
L-fuculokinase (EC 2.7.1.51)  
L-fucose isomerase (EC 5.3.1.25)  
Fucose permease  
L-fucose operon activator  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
NADPH-flavin oxidoreductase  
Polysaccharide export lipoprotein Wza  
Low molecular weight protein-tyrosine-phosphatase Wzb (EC 3.1.3.48)  
Tyrosine-protein kinase Wzc (EC 2.7.10.2)  
FIG01201645: hypothetical protein  
Protein ydhR precursor  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01201735: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01205819: hypothetical protein  
membrane protein  
corresponds to STY3950 from Accession AL513382: *Salmonella typhi* CT18  
Proton/glutamate symporter  
hypothetical protein  
COGs COG3339  
Acetylornithine deacetylase/Succinyl-diaminopimelate desuccinylase and related deacylases  
membrane protein  
FIG01200793: hypothetical protein  
Suppression of copper sensitivity: putative copper binding protein ScsA  
Secreted protein, suppressor for copper-sensitivity ScsC  
Periplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
Monofunctional biosynthetic peptidoglycan transglycosylase (EC 2.4.2.-)  
1,4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme, GH-13-type (EC 2.4.1.18)  
4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)  
Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)  
Transcriptional activator of maltose regulon, MalT  
membrane protein  
FIG01200128: hypothetical protein

Cytochrome oxidase biogenesis protein Sco1/SenC/PrrC, putative copper metallochaperone  
Copper metallochaperone, bacterial analog of Cox17 protein  
FIG01200767: hypothetical protein  
Probable GTPase related to EngC  
Sodium/dicarboxylate symporter  
Myo-inositol 2-dehydrogenase 1 (EC 1.1.1.18)  
Inosose isomerase (EC 5.3.99.-)  
Predicted transcriptional regulator of the myo-inositol catabolic operon  
5-keto-2-deoxy-D-gluconate-6 phosphate aldolase (EC 4.1.2.29)  
5-deoxy-glucuronate isomerase (EC 5.3.1.-)  
5-keto-2-deoxygluconokinase (EC 2.7.1.92)  
Myo-inositol 2-dehydrogenase (EC 1.1.1.18)  
Epi-inositol hydrolase (EC 3.7.1.-)  
Inosose dehydratase (EC 4.2.1.44)  
Major myo-inositol transporter lolT  
Transcriptional regulatory protein  
putative integral membrane protein  
Inosose dehydratase (EC 4.2.1.44)  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Butyrate-acetoacetate CoA-transferase subunit A (EC 2.8.3.9)  
Butyrate-acetoacetate CoA-transferase subunit B (EC 2.8.3.9)  
putative type IV pilin  
Pyridoxal kinase (EC 2.7.1.35)  
FIG01199600: hypothetical protein  
Putrescine/proton symporter, putrescine/ornithine antiporter PotE  
Ornithine decarboxylase (EC 4.1.1.17)  
FIG01201513: hypothetical protein  
FOG: TPR repeat protein, SEL1 subfamily  
putative pullulanase precursor  
Glycerate kinase (EC 2.7.1.31)  
Sugar diacid utilization regulator SdaR  
FIG01199977: hypothetical protein  
Urease domain protein  
FIG01201008: hypothetical protein  
Oligoendopeptidase F  
Protein of unknown function DUF924  
hypothetical protein  
FIG01199595: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
hypothetical protein  
FIG01203861: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
DNA-damage-inducible protein J  
YafQ toxin protein  
Nucleoside permease

Acetyltransferase, including N-acetylases of ribosomal protein  
Acetyltransferase (EC 2.3.1.-)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Probable acetyltransferase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Peptidase E (EC 3.4.11.2)  
carbonic anhydrase, family 3  
FIG01199611: hypothetical protein  
Shikimate 5-dehydrogenase I alpha (EC 1.1.1.25)  
Coproporphyrinogen III oxidase, aerobic (EC 1.3.3.3)  
YrdC/Sua5 family protein, required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase catalytic subunit (EC 4.1.1.21)  
Phosphoribosylaminoimidazole carboxylase ATPase subunit (EC 4.1.1.21)  
Similar to C-terminal Zn-finger domain of DNA topoisomerase I  
Protein of unknown function Smg  
Rossmann fold nucleotide-binding protein Smf possibly involved in DNA uptake  
Uncharacterized protein with LysM domain, COG1652  
Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)  
Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)  
Trk system potassium uptake protein TrkA  
hypothetical protein  
Potassium uptake protein TrkH  
FIG01199830: hypothetical protein  
COG1272: Predicted membrane protein hemolysin III homolog  
Hypothetical Transcriptional Regulator  
FIG01202741: hypothetical protein  
FIG01201134: hypothetical protein  
Protein yihD  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoG, involved in Cu oxidation  
YihE protein, a ser/thr kinase implicated in LPS synthesis and Cpx signalling  
Periplasmic thiol:disulfide interchange protein DsbA  
Probable acyltransferase yihG (EC 2.3.-.-)  
FIG01205477: hypothetical protein  
FIG01200359: hypothetical protein  
FIG01202944: hypothetical protein  
MG(2+) CHELATASE FAMILY PROTEIN / ComM-related protein  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Branched-chain amino acid aminotransferase (EC 2.6.1.42)  
Dihydroxy-acid dehydratase (EC 4.2.1.9)  
Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)  
Threonine dehydratase biosynthetic (EC 4.3.1.19)

Hypothetical lysR-family transcriptional regulator YdhB  
Multidrug resistance protein  
Cyclohexadienyl dehydratase (EC 4.2.1.51)(EC 4.2.1.91)  
Putative amino acid ABC transporter, permease protein  
N-acetylglucosamine-1-phosphate uridyltransferase (EC 2.7.7.23) / Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)  
ATP synthase epsilon chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase beta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase gamma chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase alpha chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase delta chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase B chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase C chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase A chain (EC 3.6.3.14)  
ATP synthase protein I  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA / Sporulation initiation inhibitor protein Soj  
rRNA small subunit methyltransferase, glucose inhibited division protein GidB  
tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA  
Flavoprotein MioC  
GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE  
Inner membrane protein translocase component YidC, long form  
Ribonuclease P protein component (EC 3.1.26.5)  
LSU ribosomal protein L34p  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding portion  
FIG01200723: hypothetical protein  
Chromosomal replication initiator protein DnaA  
DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)  
DNA recombination and repair protein RecF  
DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)  
16 kDa heat shock protein A  
Valine--pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.66)  
Periplasmic alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
Glycyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.14)  
Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)  
Probable transmembrane protein  
NADH dehydrogenase subunit II-related protein  
tRNA 5-methylaminomethyl-2-thiouridine synthase TusA  
FIG01199885: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
YdhH, a putative quinone oxidoreductase  
3-ketoacyl-CoA thiolase (EC 2.3.1.16) @ Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Enoyl-CoA hydratase (EC 4.2.1.17) / Delta(3)-cis-delta(2)-trans-enoyl-CoA isomerase (EC 5.3.3.8) / 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase (EC 1.1.1.41)  
FIG000605: protein co-occurring with transport systems (COG1739)  
Potassium uptake protein TrkH  
Protoporphyrinogen IX oxidase, oxygen-independent, HemG (EC 1.3.-.-)  
INTEGRAL MEMBRANE PROTEIN (Rhomboid family)  
Conserved domain protein

Uncharacterized protein conserved in bacteria, NMA0228-like  
Putative signal peptide protein  
ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA  
hypothetical protein  
Gamma-glutamyltranspeptidase (EC 2.3.2.2)  
L-lysine permease  
Transcriptional regulator, AraC family  
Protein rarD  
ATP-dependent DNA helicase RecQ  
Aminopeptidase N  
Putative preQ0 transporter  
Guanosine-5'-triphosphate,3'-diphosphate pyrophosphatase (EC 3.6.1.40)  
ATP-dependent RNA helicase RhlB  
Thioredoxin  
Transcription termination factor Rho  
FIG01199580: hypothetical protein  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase (EC 4.1.1.-)  
Ferredoxin  
NAD(P)H-flavin reductase (EC 1.5.1.29) (EC 1.16.1.3)  
2-haloalkanoic acid dehalogenase (EC 3.8.1.2)  
Peptide ABC transporter, ATP-binding protein  
oligopeptide/dipeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide/dipeptide-binding protein  
Peptide ABC transporter, permease component  
Dipeptide transport system permease protein DppC (TC 3.A.1.5.2)  
FIG01199602: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01199638: hypothetical protein  
DNA-directed RNA polymerase specialized sigma subunit  
Chromosome segregation ATPase  
Serine/threonine protein kinase  
Gluconate utilization system Gnt-I transcriptional repressor  
Transcriptional regulators, LysR family  
Spermidine export protein mdtJ  
Spermidine export protein mdtI  
Phosphogluconate dehydratase (EC 4.2.1.12)  
Gluconokinase (EC 2.7.1.12)  
Low-affinity gluconate/H<sup>+</sup> symporter GntU  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
HIPA PROTEIN  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative transcriptional regulator  
Response regulator  
FOG: GGDEF domain  
FIG01059028: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein

patatin-related protein  
FIG01202724: hypothetical protein  
FIG01200176: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Phage Integrase  
FIG01202926: hypothetical protein  
transposase, putative  
Glutathione reductase (EC 1.8.1.7)  
Glutathione S-transferase  
Protein involved in catabolism of external DNA  
Oligopeptidase A (EC 3.4.24.70)  
Transcriptional regulator AsnC  
Sensory box/GGDEF family protein  
SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
hypothetical protein  
FIG01260270: hypothetical protein  
Putative acetate efflux pump, MadN  
Universal stress protein A  
Ferritin-like protein 2  
Universal stress protein B  
hypothetical protein  
NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases  
conserved hypothetical protein  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
DNA recombination protein RmuC  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-)  
Protein YigP (COG3165) clustered with ubiquinone biosynthetic genes  
Ubiquinone biosynthesis monooxygenase UbiB  
Twin-arginine translocation protein TatA  
Twin-arginine translocation protein TatB  
Twin-arginine translocation protein TatC  
hypothetical protein  
Putative deoxyribonuclease similar to YcfH, type 2  
FIG01202810: hypothetical protein  
Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)  
FIG01200309: hypothetical protein  
DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
GTP-binding protein EngB  
Cytochrome c4  
FIG01200292: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative methyltransferase associated with DUF414  
Protein of unknown function DUF414  
Periplasmic/membrane protein associated with DUF414  
Coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent (EC 1.3.99.22)  
Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)  
GGDEF family protein  
Nitrogen regulation protein NR(I)



Nitrogen regulation protein NR(II) (EC 2.7.3.-)  
FIG01200260: hypothetical protein  
Glutamine synthetase type I (EC 6.3.1.2)  
GTP-binding protein TypA/BipA  
Predicted ATPase  
FIG01200503: hypothetical protein  
Ribonuclease BN (EC 3.1.-.-)  
D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase  
GNAT family acetyltransferase YiiD potentially involved in tRNA processing  
Putative exported protein  
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] (EC 4.1.1.49)  
33 kDa chaperonin (Heat shock protein 33) (HSP33)  
Ribosome-associated heat shock protein implicated in the recycling of the 50S subunit (S4 paralog)  
General secretion pathway protein C  
General secretion pathway protein D  
General secretion pathway protein E  
General secretion pathway protein F  
General secretion pathway protein G  
General secretion pathway protein H  
General secretion pathway protein I  
General secretion pathway protein J  
General secretion pathway protein K  
General secretion pathway protein L  
General secretion pathway protein M  
General secretion pathway protein N  
3'-5'-bisphosphate nucleotidase (EC 3.1.3.7)  
ADP compounds hydrolase NudE (EC 3.6.1.-)  
Thioredoxin  
Competence protein F homolog, phosphoribosyltransferase domain; protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and nitrogen  
Biotin synthesis protein bioH  
Putative ATP-dependent Lon protease  
Transcription accessory protein (S1 RNA-binding domain)  
FIG01200534: hypothetical protein  
Transcription elongation factor GreB  
hypothetical protein  
Phage integrase  
Putative membrane protein  
Alpha/beta hydrolase fold  
Transcription elongation factor GreB  
Putative transcriptional regulator  
Response regulator  
FOG: GGDEF domain  
FIG00350539: hypothetical protein  
putative two-component system sensor histidine kinase, putative heat shock protein  
hypothetical protein  
Transcription elongation factor GreB  
Two-component system response regulator OmpR  
Osmolarity sensory histidine kinase EnvZ  
Xanthine permease

Peptidase S9, prolyl oligopeptidase active site domain protein  
ATP-dependent DNA helicase RecG (EC 3.6.1.-)  
tRNA (Guanosine18-2'-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.34)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase II / Guanosine-3',5'-bis(diphosphate) 3'-pyrophosphohydrolase  
DNA-directed RNA polymerase omega subunit (EC 2.7.7.6)  
Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)  
hypothetical protein  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Biopolymer transport protein ExbD/ToIR  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
MotA/ToIQ/ExbB proton channel family protein  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
TonB-dependent receptor  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
ABC-type oligopeptide transport system, periplasmic component  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
FIG01201386: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01200330: hypothetical protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01199741: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01204709: hypothetical protein  
HipA protein  
transcriptional regulator, XRE family  
FIG01200858: hypothetical protein  
FIG00039565: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01203010: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Ribonuclease HI, Vibrio paralog  
transposase  
Diamine acetyltransferase (EC 2.3.1.57)  
FIG01201276: hypothetical protein  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
transporter, LysE family protein  
putative lignin beta-etherase  
FIG01201857: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FOG: TPR repeat protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01201072: hypothetical protein  
FIG01199973: hypothetical protein

FIG01200607: hypothetical protein  
FIG01202637: hypothetical protein  
FIG01200390: hypothetical protein  
FIG01201167: hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
prophage LambdaSa04, methyltransferase, C-5 cytosine-specific family  
FIG01205535: hypothetical protein  
FIG01202328: hypothetical protein  
FIG01204931: hypothetical protein  
Integrase  
Protein YicC  
Ribonuclease PH (EC 2.7.7.56)  
Orotate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.10)  
Lipid A biosynthesis lauroyl acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Transcriptional regulator SlmA, TetR family  
Phosphopantothencysteine decarboxylase (EC 4.1.1.36) / Phosphopantothencysteine synthetase (EC 6.3.2.5)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
DNA repair protein RadC  
LSU ribosomal protein L28p  
LSU ribosomal protein L33p  
Dca  
FIG01200266: hypothetical protein  
Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)  
Phosphopantetheine adenylyltransferase (EC 2.7.7.3)  
LpsA protein  
Putative two-domain glycosyltransferase  
Lipopolysaccharide biosynthesis glycosyltransferase  
Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)  
Diacylglycerol kinase (EC 2.7.1.107)  
3-deoxy-D-manno-octulosonic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)  
Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)  
UDP-4-amino-4-deoxy-L-arabinose--oxoglutarate aminotransferase (EC 2.6.1.-)  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
oxidoreductase-like  
putative carbamoyl-phosphate-synthetase protein  
putative beta-D-1,6 glucosyltransferase protein  
putative glycosyltransferase - possibly involved in cell wall localization and side chain formation of rhamnose-glucose polysaccharide  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
probable transposase protein  
hypothetical protein  
Cytotoxic distending toxin subunit B  
hypothetical protein; Hypothetical gene  
FIG01200896: hypothetical protein  
COGs COG2378  
hypothetical protein  
Glycine dehydrogenase [decarboxylating] (glycine cleavage system P protein) (EC 1.4.4.2)

Glycine cleavage system H protein  
Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)  
Predicted transcriptional regulator  
Aminomethyltransferase (glycine cleavage system T protein) (EC 2.1.2.10)  
Transcriptional regulator, TetR family  
COG0845: Membrane-fusion protein  
Probable Co/Zn/Cd efflux system membrane fusion protein  
Acriflavin resistance protein  
Predicted membrane protein  
Outer membrane protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
PTS system, fructose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
1-phosphofructokinase (EC 2.7.1.56)  
Fructose-specific phosphocarrier protein HPr (EC 2.7.1.69) / PTS system, fructose-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
Fructose repressor FruR, LacI family  
FIG01199918: hypothetical protein  
FIG015136: hypothetical protein  
FOG: EAL domain protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, ATP-binding protein  
putative membrane protein  
hypothetical protein  
Iron-containing alcohol dehydrogenase  
Transcriptional regulator, VCA0231 ortholog  
Chitodextrinase precursor (EC 3.2.1.14)  
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (EC 2.7.7.27)  
Formate--tetrahydrofolate ligase (EC 6.3.4.3)  
Inosine-guanosine kinase (EC 2.7.1.73)  
Conserved uncharacterized protein CreA  
FIG01201361: hypothetical protein  
Response regulator  
ClpB protein  
COG1496: Uncharacterized conserved protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi1911, Psi1915 and Psi1917  
Probable component of the lipoprotein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfgL, and NlpB)  
Transglycosylase, Slt family  
Ribosome hibernation protein YfiA  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Prephenate dehydratase (EC 4.2.1.51)  
Inosine/xanthosine triphosphatase (EC 3.6.1.-); Hypothetical cytoplasmic protein in cluster with NspS  
Transcriptional repressor protein TrpR  
Soluble lytic murein transglycosylase precursor (EC 3.2.1.-)  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01200641: hypothetical protein  
Membrane protein  
Chorismate mutase I (EC 5.4.99.5) / Cyclohexadienyl dehydrogenase (EC 1.3.1.12)(EC 1.3.1.43)  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)

Beta N-acetyl-glucosaminidase (EC 3.2.1.52)  
Anhydro-N-acetylmuramic acid kinase (EC 2.7.1.-)  
N-acetylmuramic acid 6-phosphate etherase (EC 4.2.-.-)  
FIG01201292: hypothetical protein  
FIG01199685: hypothetical protein  
Carbon starvation protein A  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
FIG001014\_Response regulator of the LytR/AlgR family  
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase sIpA (EC 5.2.1.8)  
Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)  
Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)  
Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)  
Proposed peptidoglycan lipid II flippase MurJ  
SSU ribosomal protein S20p  
Transcriptional activator HlyU  
Transcriptional activator NhaR  
Sodium-dependent phosphate transporter  
Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)  
hypothetical protein  
VgrG protein  
FIG01200240: hypothetical protein  
FIG01061362: hypothetical protein  
HipB protein  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
phage integrase family protein  
Thymidylate synthase (EC 2.1.1.45)  
Prolipoprotein diacylglyceryl transferase (EC 2.4.99.-)  
Protein of unknown function DUF81  
FIG001592: Phosphocarrier protein kinase/phosphorylase, nitrogen regulation associated  
Adenosine (5'-pentaphospho-(5'-adenosine pyrophosphohydrolase (EC 3.6.1.-)  
DNA mismatch repair endonuclease MutH  
FIG01199991: hypothetical protein  
Oxidoreductase, aldo/keto reductase family  
FIG01199691: hypothetical protein  
Transcriptional regulator VpsR  
Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)  
Peptide chain release factor 2; programmed frameshift-containing  
Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)  
Thiol:disulfide interchange protein DsbC  
Tyrosine recombinase XerD

Flavodoxin 2  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
COG4123: Predicted O-methyltransferase  
ATP-dependent RNA helicase SrmB  
Alternative oxidase 2, mitochondrial precursor (EC 1.-.-.-)  
UPF0246 protein YaaA  
Sodium/alanine symporter  
FIG01200900: hypothetical protein  
FIG01200137: hypothetical protein  
Uracil-DNA glycosylase, family 1  
hypothetical protein  
Endonuclease IV (EC 3.1.21.2)  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
putative reductase  
Threonine synthase (EC 4.2.3.1)  
Homoserine kinase (EC 2.7.1.39)  
Aspartokinase (EC 2.7.2.4) / Homoserine dehydrogenase (EC 1.1.1.3)  
FIG01199552: hypothetical protein  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
FIG01200289: hypothetical protein  
Aerobic respiration control protein arcA  
FIG01199712: hypothetical protein  
Aerobic respiration control sensor protein arcB (EC 2.7.3.-)  
hypothetical protein  
Sensory box/GGDEF family protein  
COG1242: Predicted Fe-S oxidoreductase  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] large chain (EC 1.4.1.13)  
Glutamate synthase [NADPH] small chain (EC 1.4.1.13)  
FIG01199686: hypothetical protein  
5-methylthioadenosine nucleosidase (EC 3.2.2.16) / S-adenosylhomocysteine nucleosidase (EC 3.2.2.9)  
Adenosylcobinamide-phosphate synthase  
Vitamin B12 ABC transporter, B12-binding component BtuF  
Putative inner membrane protein  
membrane protein  
FIG01202522: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Carbamoyl-phosphate synthase large chain (EC 6.3.5.5)  
Carbamoyl-phosphate synthase small chain (EC 6.3.5.5)  
Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)  
Mutator mutT protein (7,8-dihydro-8-oxoguanine-triphosphatase) (EC 3.6.1.-)  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)  
Cell division protein FtsZ (EC 3.4.24.-)  
Cell division protein FtsA  
Cell division protein FtsQ  
UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)  
UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)

Cell division protein FtsW  
UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)  
Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)  
UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamate--2,6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)  
Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)  
Cell division protein FtsL  
rRNA small subunit methyltransferase H  
rRNA small subunit methyltransferase I  
LppC putative lipoprotein  
Predicted endonuclease distantly related to archaeal Holliday junction resolvase  
Phosphoheptose isomerase (EC 5.3.1.-)  
21 kDa hemolysin precursor  
Stringent starvation protein B  
Stringent starvation protein A  
ubiquinol cytochrome C oxidoreductase, cytochrome C1 subunit  
Ubiquinol--cytochrome c reductase, cytochrome B subunit (EC 1.10.2.2)  
Ubiquinol-cytochrome C reductase iron-sulfur subunit (EC 1.10.2.2)  
SSU ribosomal protein S9p (S16e)  
LSU ribosomal protein L13p (L13Ae)  
ATPase, AFG1 family  
Putative cytochrome d ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-) (Cytochrome bd-I oxidase subunit III)  
Outer membrane stress sensor protease DegQ, serine protease  
Outer membrane stress sensor protease DegS  
Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)  
Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)  
Putative esterase, FIGfam005057  
3',5'-cyclic-nucleotide phosphodiesterase (EC 3.1.4.17)  
Putative cytoplasmic protein  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
Type I secretion outer membrane protein, TolC precursor  
ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase  
Glutamate-ammonia-ligase adenyltransferase (EC 2.7.7.42)  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
cAMP-dependent Kef-type K<sup>+</sup> transport system  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)  
Probable low-affinity inorganic phosphate transporter  
Arylsulfatase (EC 3.1.6.1)  
General secretion pathway protein B  
General secretion pathway protein A  
tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)  
Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)  
2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)  
Dihydroneopterin aldolase (EC 4.1.2.25)  
Acyl-phosphate:glycerol-3-phosphate O-acyltransferase PlsY  
Beta-ketoacid enol-lactone hydrolase (EC 3.1.1.24)  
YgjD/Kae1/Qri7 family, required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA  
SSU ribosomal protein S21p

Transamidase GatB domain protein  
DNA primase (EC 2.7.7.-)  
RNA polymerase sigma factor RpoD  
FIG01200984: hypothetical protein  
PUTATIVE PERIPLASMIC PROTEIN  
FIG01204073: hypothetical protein  
Putative hemolysin  
PTS system, mannitol-specific IIC component (EC 2.7.1.69) / PTS system, mannitol-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, man  
Mannitol-1-phosphate 5-dehydrogenase (EC 1.1.1.17)  
Mannitol operon repressor  
putative haloacid dehalogenase-like hydrolase  
Heavy metal sensor histidine kinase  
DNA-binding heavy metal response regulator  
FIG01202617: hypothetical protein  
FIG01204195: hypothetical protein  
Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)  
Transcriptional regulator of glmS gene, DeoR family  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Transcriptional regulator LuxZ  
Sensory box/GGDEF family protein  
Acetolactate synthase small subunit (EC 2.2.1.6)  
Acetolactate synthase large subunit (EC 2.2.1.6)  
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)  
Probable transcriptional activator for leuABCD operon  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)  
Membrane-associated phospholipid phosphatase  
FIG01204570: hypothetical protein  
2-isopropylmalate synthase (EC 2.3.3.13)  
3-isopropylmalate dehydrogenase (EC 1.1.1.85)  
3-isopropylmalate dehydratase large subunit (EC 4.2.1.33)  
3-isopropylmalate dehydratase small subunit (EC 4.2.1.33)  
Uncharacterized protein DUF547  
DnaJ-like protein DjlA  
Outer membrane protein Imp, required for envelope biogenesis / Organic solvent tolerance protein precursor  
Survival protein SurA precursor (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase SurA) (EC 5.2.1.8)  
4-hydroxythreonine-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.262)  
Dimethyladenosine transferase (EC 2.1.1.-)  
ApaG protein  
Bis(5'-nucleosyl)-tetraphosphatase, symmetrical (EC 3.6.1.41)  
Dihydrofolate reductase (EC 1.5.1.3)  
FIG001826: putative inner membrane protein  
FIG023911: putative membrane protein  
COG0536: GTP-binding protein Obg  
LSU ribosomal protein L27p  
LSU ribosomal protein L21p  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesylidiphosphate synthas  
FIG01200262: hypothetical protein  
Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)  
Arginine pathway regulatory protein ArgR, repressor of arg regulon



TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
Universal stress protein family 3  
Thiamin ABC transporter, ATPase component  
Thiamin ABC transporter, transmembrane component  
Thiamin ABC transporter, substrate-binding component  
3-polyprenyl-4-hydroxybenzoate carboxy-lyase UbiX (EC 4.1.1.-)  
UDP-N-acetylmuramate:L-alanyl-gamma-D-glutamyl-meso-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.-)  
Fructose-1,6-bisphosphatase, type I (EC 3.1.3.11)  
Inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)  
FIG01202625: hypothetical protein  
FIG01199881: hypothetical protein  
Uncharacterized protein YtfN  
Uncharacterized protein YtfM precursor  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)  
FIG01201012: hypothetical protein  
Protein ytfJ precursor  
FIG01201388: hypothetical protein  
Predicted zinc-binding protein  
ABC transporter ATP-binding protein YvcR  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
FIG003461: hypothetical protein  
FIG01200110: hypothetical protein  
Adenylylsulfate kinase (EC 2.7.1.25)  
Sulfate permease, Trk-type  
Sulfate adenylyltransferase subunit 1 (EC 2.7.7.4)  
Sulfate adenylyltransferase subunit 2 (EC 2.7.7.4)  
Uroporphyrinogen-III methyltransferase (EC 2.1.1.107)  
2',3'-cyclic-nucleotide 3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16)  
cAMP-binding proteins - catabolite gene activator and regulatory subunit of cAMP-dependent protein kinases  
ATP-dependent RNA helicase DbpA  
ElaA protein  
FIG00356385: hypothetical protein  
Putative cell envelope opacity-associated protein A  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase fklB (EC 5.2.1.8)  
FIG01200076: hypothetical protein  
LSU ribosomal protein L17p  
DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)  
SSU ribosomal protein S4p (S9e)  
SSU ribosomal protein S11p (S14e)  
SSU ribosomal protein S13p (S18e)  
LSU ribosomal protein L36p  
Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)  
LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)  
LSU ribosomal protein L30p (L7e)  
SSU ribosomal protein S5p (S2e)  
LSU ribosomal protein L18p (L5e)  
LSU ribosomal protein L6p (L9e)  
SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)

SSU ribosomal protein S14p (S29e) ## Zinc-independent  
LSU ribosomal protein L5p (L11e)  
LSU ribosomal protein L24p (L26e)  
LSU ribosomal protein L14p (L23e)  
SSU ribosomal protein S17p (S11e)  
LSU ribosomal protein L29p (L35e)  
LSU ribosomal protein L16p (L10e)  
SSU ribosomal protein S3p (S3e)  
LSU ribosomal protein L22p (L17e)  
SSU ribosomal protein S19p (S15e)  
LSU ribosomal protein L2p (L8e)  
LSU ribosomal protein L23p (L23Ae)  
LSU ribosomal protein L4p (L1e)  
LSU ribosomal protein L3p (L3e)  
SSU ribosomal protein S10p (S20e)  
LSU ribosomal protein L31p  
Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication  
Transcriptional (co)regulator CytR  
Cell division protein FtsN  
ATP-dependent protease HsIV (EC 3.4.25.-)  
ATP-dependent hsl protease ATP-binding subunit HsIU  
hypothetical protein  
1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Ribonuclease E inhibitor RraA  
Putative cytoplasmic protein  
Fructose-1,6-bisphosphatase, GlpX type (EC 3.1.3.11)  
Predicted transcriptional regulator  
FIG01201392: hypothetical protein  
FIG01200845: hypothetical protein  
Predicted membrane protein  
5-carboxymethyl-2-hydroxymuconate delta-isomerase (EC 5.3.3.10)  
Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)  
Metallo-beta-lactamase family protein, RNA-specific  
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)  
UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)  
Glycosyl transferase domain protein  
Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)  
3-deoxy-manno-octulosonate cytidyltransferase (EC 2.7.7.38)  
2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)  
Probable acetyltransferase  
glycosyl transferase, family 2  
Capsule polysaccharide export protein  
UDP-glucose:(glucosyl)lipopolysaccharide alpha-1,2-glycosyltransferase (EC 2.4.1.58)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative N-acetylgalactosaminyl-diphosphoundecaprenol glucuronosyltransferase  
OtnB protein  
Capsule polysaccharide export protein  
FIG01203001: hypothetical protein

hypothetical protein  
FIG01200499: hypothetical protein  
YjbG polysaccharide synthesis-related protein  
Putative outer membrane lipoprotein  
ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6-epimerase (EC 5.1.3.20)  
Lipid A biosynthesis (KDO) 2-(lauroyl)-lipid IVA acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
Glycosyltransferase involved in LPS biosynthesis  
ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase, putative  
predicted lipase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Acetyltransferase  
hypothetical protein  
putative intracellular proteaseamidase  
hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Electron transfer flavoprotein, alpha subunit  
Electron transfer flavoprotein, beta subunit  
Electron transfer flavoprotein-ubiquinone oxidoreductase (EC 1.5.5.1)  
FIG01207315: hypothetical protein  
Hypothetical similar to thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE  
Fumarate reductase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
Copper-sensing two-component system response regulator CusR  
hypothetical protein  
FIG00021792: hypothetical protein  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Transcriptional regulator  
Protocatechuate 3,4-dioxygenase beta chain (EC 1.13.11.3)  
Arginine ABC transporter, permease protein ArtM  
Arginine ABC transporter, permease protein ArtQ  
Arginine ABC transporter, periplasmic arginine-binding protein ArtI  
Arginine ABC transporter, ATP-binding protein ArtP  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01201498: hypothetical protein  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1) / Osmotic adaptation  
Possible membrane protein  
FIG01201054: hypothetical protein  
FIG01203280: hypothetical protein  
High-affinity choline uptake protein BetT  
Microsomal dipeptidase (EC 3.4.13.19)  
Aldehyde dehydrogenase B (EC 1.2.1.22)  
Putative translation initiation inhibitor, yjgF family  
Transcriptional regulator, LysR family  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
Cold-shock DEAD-box protein A

Exoribonuclease II (EC 3.1.13.1)  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01200248: hypothetical protein  
ABC-type phosphate transport system, periplasmic component  
Acyl dehydratase  
Integrase  
FIG01204493: hypothetical protein  
hypothetical two-component system sensor kinase  
hypothetical protein  
two-component transcriptional regulator, winged helix family  
hypothetical protein  
thioredoxin peroxidase  
Thiol peroxidase, Tpx-type (EC 1.11.1.15)  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Putative molybdenum transport ATP-binding protein modF  
Rtn protein  
Transcriptional regulator, IclR family  
Arginase/agmatinase/formimionoglutamate hydrolase, arginase family  
MSHA biogenesis protein MshQ BUT NOT  
ATP-dependent RNA helicase VVA0939  
diguanylate cyclase/phosphodiesterase (GGDEF & EAL domains) with PAS/PAC sensor(s)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
FIG01201582: hypothetical protein  
Pyrrolidone-carboxylate peptidase (EC 3.4.19.3)  
FIG01204563: hypothetical protein  
Hypothetical protein colocalized with Enterobactin receptor VctA  
Enterobactin receptor VctA  
Transcriptional regulator, VCA0231 ortholog  
HTH-type transcriptional regulator cueR  
Ferric vibriobactin, enterobactin transport system, ATP-binding protein (TC 3.A.1.14.6)  
Ferric vibriobactin, enterobactin transport system, permease protein VctG (TC 3.A.1.14.6)  
Ferric vibriobactin, enterobactin transport system, permease protein VctD (TC 3.A.1.14.6)  
Ferric vibriobactin, enterobactin transport system, substrate-binding protein VctP (TC 3.A.1.14.6)  
FIG01204839: hypothetical protein  
Predicted N-ribosylNicotinamide CRP-like regulator  
N-RibosylNicotinamide phosphorylase (EC 2.4.2.1)  
Ribosyl nicotinamide transporter, PnuC-like  
FIG01202548: hypothetical protein  
Ribose operon repressor  
Ribokinase (EC 2.7.1.15)  
Ribose ABC transport system, periplasmic ribose-binding protein RbsB (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, permease protein RbsC (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, ATP-binding protein RbsA (TC 3.A.1.2.1)  
Ribose ABC transport system, high affinity permease RbsD (TC 3.A.1.2.1)  
C-di-GMP phosphodiesterase A-related protein  
5-methylthioadenosine nucleosidase (EC 3.2.2.16) / S-adenosylhomocysteine nucleosidase (EC 3.2.2.9)  
hypothetical protein  
FIG01203415: hypothetical protein  
Aspartate racemase (EC 5.1.1.13)

MutT/nudix family protein  
hypothetical protein  
FIG01203526: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01200247: hypothetical protein  
DedA protein  
FIG00283191: hypothetical protein  
Polyketide synthase modules and related proteins  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Sterol desaturase family protein  
FIG01203919: hypothetical protein  
Predicted redox protein  
Sensor histidine kinase  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
Sensory box sensor histidine kinase/response regulator VieS  
Sensory box sensor histidine kinase/response regulator VieS  
Response regulator VieA  
Response regulator VieB  
FIG01201475: hypothetical protein  
ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I  
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX  
ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)  
Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)  
Signal transduction histidine kinase regulating C4-dicarboxylate transport system  
C4-dicarboxylate transport transcriptional regulatory protein  
TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, large permease component  
TRAP-type transport system, small permease component, predicted N-acetylneuraminate transporter  
TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, periplasmic component  
Selenoprotein O and cysteine-containing homologs  
FIG01201181: hypothetical protein  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrB  
Potassium uptake protein, integral membrane component, KtrA  
ATP-dependent RNA helicase VC1407  
Hemolysins and related proteins containing CBS domains  
Colicin I receptor precursor  
Phosphopantetheinyl transferase component of siderophore synthetase (EC 2.7.8.-)  
FIG01204377: hypothetical protein  
Enterobactin synthetase component F (EC 2.7.7.-)  
Isochorismatase (EC 3.3.2.1)  
2,3-dihydroxybenzoate-AMP ligase (EC 2.7.7.58)  
Isochorismate synthase (EC 5.4.4.2) of siderophore biosynthesis  
hypothetical protein  
FIG01203589: hypothetical protein  
2,3-dihydro-2,3-dihydroxybenzoate dehydrogenase (EC 1.3.1.28)  
FIG01205019: hypothetical protein  
putative type II restriction endonuclease  
FIG01199872: hypothetical protein  
FIG022199: FAD-binding protein

SAM-dependent methyltransferase  
FIG01200645: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[ACP] synthase  
FIG018329: 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase  
Acyl carrier protein (ACP1)  
Acyl carrier protein (ACP2)  
FIG017861: hypothetical protein  
FIGfam138462: Acyl-CoA synthetase, AMP-(fatty) acid ligase  
(3R)-hydroxymyristoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
FIG143263: Glycosyl transferase / Lysophospholipid acyltransferase  
Putative histidine ammonia-lyase protein  
FIG002571: 4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase domain protein  
FIG027190: Putative transmembrane protein  
FIG021862: membrane protein, exporter  
FIG035331: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41) FabV like  
3-hydroxydecanoyl-[ACP] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
3-oxoacyl-[ACP] reductase (EC 1.1.1.100)  
FIG138576: 3-oxoacyl-[ACP] synthase (EC 2.3.1.41)  
FIG01202520: hypothetical protein  
FIG01205242: hypothetical protein  
putative membrane protein  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Homolog of E. coli HemY protein  
Homolog of E. coli HemX protein  
Uroporphyrinogen-III synthase (EC 4.2.1.75)  
Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)  
Adenylate cyclase (EC 4.6.1.1)  
Frataxin homolog CyaY, facilitates iron supply for heme A synthesis or Fe-S cluster assembly  
lipopeptide  
Diaminopimelate decarboxylase (EC 4.1.1.20)  
Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)  
Protein of unknown function DUF484  
Tyrosine recombinase XerC  
2-haloalkanoic acid dehalogenase (EC 3.8.1.2)  
Sensory box/GGDEF family protein  
FIG01201289: hypothetical protein  
Predicted membrane protein  
Protein of unknown function DUF55  
Cof protein, HD superfamily hydrolase  
Lysophospholipase L2 (EC 3.1.1.5)  
Homoserine/homoserine lactone efflux protein  
Predicted signal transduction protein  
Transcriptional regulator, ArsR family

NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)  
Predicted protein-tyrosine phosphatase  
Permease of the major facilitator superfamily  
Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
Inner membrane protein  
FIG01199558: hypothetical protein  
FIG01199573: hypothetical protein  
FIG01200822: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative inner membrane protein  
FIG01200151: hypothetical protein  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01199926: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Signal recognition particle receptor protein FtsY (=alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)  
Cell division transporter, ATP-binding protein FtsE (TC 3.A.5.1.1)  
Cell division protein FtsX  
RNA polymerase sigma factor RpoH  
Thiosulfate sulfurtransferase GlpE (EC 2.8.1.1)  
GlpG protein (membrane protein of glp regulon)  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
Chorismate--pyruvate lyase (EC 4.1.3.40)  
4-hydroxybenzoate polyprenyltransferase (EC 2.5.1.-)  
Glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.15)  
SOS-response repressor and protease LexA (EC 3.4.21.88)  
O-methyltransferase-related protein  
DNA-damage-inducible protein F  
Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase (EC 1.6.1.1)  
Unsaturated fatty acid biosynthesis repressor FabR, TetR family  
ATPase of the AAA+ class  
phage integrase family protein  
hypothetical protein  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
Putative DNA-binding protein in cluster with Type I restriction-modification system  
Anticodon nuclease  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
FIG01202290: hypothetical protein  
FIG01206911: hypothetical protein  
protein of unknown function DUF1232  
FIG01204999: hypothetical protein  
FIG01204871: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AlpA like  
FIG01202477: hypothetical protein  
FIG01205528: hypothetical protein  
FIG01205060: hypothetical protein

hypothetical protein  
tRNA (Uracil54-C5-)-methyltransferase (EC 2.1.1.35)  
Outer membrane vitamin B12 receptor BtuB  
conserved hypothetical protein [Pyrococcus horikoshii]; COG2102: Predicted ATPases of PP-loop superfamily; IPR002761: Domain of unknown function  
Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)  
RNA-binding protein  
UPF0325 protein yaeH  
[Protein-PII] uridylyltransferase (EC 2.7.7.59)  
Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)  
SSU ribosomal protein S2p (SAe)  
Translation elongation factor Ts  
Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)  
Ribosome recycling factor  
Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)  
Phosphatidate cytidylyltransferase (EC 2.7.7.41)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)  
Membrane-associated zinc metalloprotease  
Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor  
Outer membrane chaperone Skp (OmpH) precursor @ Outer membrane protein H precursor  
UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)  
(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)  
Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)  
hypothetical protein  
Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)  
Ribonuclease HIII (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)  
tRNA(Ile)-lysine synthetase  
Cytochrome c553  
Nitrogen regulatory protein P-II  
FIG01199556: hypothetical protein  
FIG01199992: hypothetical protein  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)  
Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)  
FIG005121: SAM-dependent methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Ribonuclease HI (EC 3.1.26.4)  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
FIG004599: Hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
Acyl-CoA dehydrogenase, short-chain specific (EC 1.3.99.2)  
Phosphoheptose isomerase 1 (EC 5.3.1.-)  
Predicted glutamine amidotransferase  
FIG01202101: hypothetical protein  
Phosphoribosylglycinamide formyltransferase (EC 2.1.2.2)  
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase (EC 6.3.3.1)  
Uracil phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.9)  
Uracil permease  
FIG01200261: hypothetical protein  
FIG01201104: hypothetical protein



Trp repressor-binding protein  
Arsenate reductase (EC 1.20.4.1)  
Exported zinc metalloprotease YfgC precursor  
hypothetical protein  
FIG028274: hypothetical protein  
Putative permease PerM (= YfgO)  
Thiol peroxidase, Bcp-type (EC 1.11.1.15)  
Glycine cleavage system transcriptional antiactivator GcvR  
Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)  
Outer membrane protein NlpB, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and YfgL); Lipoprotein  
FIG01201208: hypothetical protein  
FIG009095: D,D-carboxypeptidase family protein  
N-succinyl-L,L-diaminopimelate desuccinylase (EC 3.5.1.18)  
FIG138056: a glutathione-dependent thiol reductase  
FIG01199732: hypothetical protein  
putative outer membrane lipoprotein  
FIG01200258: hypothetical protein  
membrane protein  
Predicted iron-dependent peroxidase  
Melibiose operon regulatory protein  
Alpha-galactosidase (EC 3.2.1.22)  
Melibiose carrier protein, Na<sup>+</sup>/melibiose symporter  
Flagellin protein FlaF  
Translation initiation factor 1  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
Leucyl/phenylalanyl-tRNA--protein transferase (EC 2.3.2.6)  
FIG106692: Outer membrane lipoprotein  
hypothetical protein  
5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)  
Protein yciN  
DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)  
hypothetical protein  
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (EC 2.7.7.27)  
Glycogen synthase, ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)  
Beta-ketoadipate enol-lactone hydrolase, putative  
FIG01200883: hypothetical protein  
COG0398: uncharacterized membrane protein  
Positive regulator of competence TfoX  
Purine nucleotide synthesis repressor  
Functional role page for Chaperone protein TorD  
Functional role page for TorCAD operon transcriptional regulatory protein TorR  
Membrane Protein Functionally coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase Functionally Coupled to the MukBEF Chromosome Partitioning Mechanism  
Chromosome partition protein MukF  
Chromosome partition protein MukE  
Chromosome partition protein MukB  
FIG01201458: hypothetical protein  
FIG002781: Alpha-L-glutamate ligase family protein  
FIG139976: hypothetical protein

FIG008443: hypothetical protein  
tRNA (5-methoxyuridine) 34 synthase  
tRNA (uridine-5-oxyacetic acid methyl ester) 34 synthase  
COG1801: Uncharacterized conserved protein  
Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12) ## unambiguous  
Crossover junction endodeoxyribonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Holliday junction DNA helicase RuvA  
Holliday junction DNA helicase RuvB  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)  
Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)  
Protein ybgE  
4-hydroxybenzoyl-CoA thioesterase family active site  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
Tol biopolymer transport system, TolR protein  
TolA protein  
tolB protein precursor, periplasmic protein involved in the tonb-independent uptake of group A colicins  
18K peptidoglycan-associated outer membrane lipoprotein; Peptidoglycan-associated lipoprotein precursor; Outer membrane protein P6; OmpA  
TPR repeat containing exported protein; Putative periplasmic protein contains a protein prenyltransferase domain  
Quinolate synthetase (EC 4.1.99.-)  
Putative potassium channel protein  
Membrane protein with DUF350 domain  
FIG01201198: hypothetical protein  
Similarity with glutathionylspermidine synthase (EC 6.3.1.8), group 1  
FIG01202068: hypothetical protein  
Sensor histidine kinase  
FIG01200055: hypothetical protein  
Phage integrase  
HD-GYP domain  
ABC transporter protein  
ABC transporter, ATP-binding/permease protein  
HlyD family secretion protein  
COG2931: RTX toxins and related Ca<sup>2+</sup>-binding proteins  
Putative RTX toxin  
LSU m5C1962 methyltransferase RlmI  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Acylphosphate phosphohydrolase (EC 3.6.1.7), putative  
tRNA 2-thiouridine synthesizing protein E (EC 2.8.1.-)  
Putative TEGT family carrier/transport protein  
ABC-type polar amino acid transport system, ATPase component  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Amino acid ABC transporter, permease protein  
Glutamate Aspartate periplasmic binding protein precursor GltI (TC 3.A.1.3.4)  
Siroheme synthase / Precorrin-2 oxidase (EC 1.3.1.76) / Sirohydrochlorin ferrochelataase (EC 4.99.1.4)  
UPF0234 protein YajQ  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
FIG01199578: hypothetical protein  
FIG01200104: hypothetical protein  
FIG01199643: hypothetical protein

Ribosomal RNA small subunit methyltransferase F (EC 2.1.1.-)  
Paraquat-inducible protein B  
Paraquat-inducible protein A  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
COG1956, GAF domain-containing protein  
ProQ: influences osmotic activation of compatible solute ProP  
Tail-specific protease precursor (EC 3.4.21.102)  
FOG: WD40 repeat  
Membrane alanine aminopeptidase N (EC 3.4.11.2)  
NAD-specific glutamate dehydrogenase (EC 1.4.1.2), large form  
Dihydroorotate dehydrogenase (EC 1.3.3.1)  
FIG01199806: hypothetical protein  
23S rRNA (guanine-N-2-) -methyltransferase rlmL EC 2.1.1.-)  
Thiol-disulfide isomerase and thioredoxin  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01199949: hypothetical protein  
Ribosome modulation factor  
3-hydroxydecanoyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase (EC 4.2.1.60)  
Putative protease La homolog (EC 3.4.21.-)  
putative dehydrogenase  
FIG01200178: hypothetical protein  
FIG01200445: hypothetical protein  
FIG01202703: hypothetical protein  
hypothetical protein  
bacteriophage f237 ORF9  
DNA-cytosine methyltransferase  
Glyoxalase family protein  
hypothetical protein  
putative membrane protein  
acetyltransferase, GNAT family protein  
Transcriptional regulator  
Oligo-1,6-glucosidase (EC 3.2.1.10)  
Alpha-amylase (EC 3.2.1.1)  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, substrate binding periplasmic protein MalE  
Glycogen debranching enzyme  
Maltose operon periplasmic protein MalM  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
FIG01203302: hypothetical protein  
Iron-regulated outer membrane protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
Glyoxalase/bleomycin resistance protein/dioxygenase  
methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative oxidoreductase SMc00968  
Transporter, LysE family  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01199888: hypothetical protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
ElaA protein

hypothetical protein  
Outer membrane protein OmpV  
ATP-dependent RNA helicase VCA0990  
Conserved domain protein  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)  
FIG01205797: hypothetical protein  
hypothetical membrane protein  
Transcriptional regulator, Cro/C1 family  
Mannonate dehydratase (EC 4.2.1.8)  
Uxu operon transcriptional regulator  
TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, periplasmic component  
TRAP-type transport system, small permease component, predicted N-acetylneuraminate transporter  
TRAP-type C4-dicarboxylate transport system, large permease component  
D-mannonate oxidoreductase (EC 1.1.1.57)  
Uronate isomerase (EC 5.3.1.12)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
Inner membrane protein yjv  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
phosphonate monoester hydrolase, putative  
hypothetical protein  
Hypothetical transcriptional regulator yidL  
ThiJ/Pfpl-family thiamine biogenesis protein  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
2-deoxy-D-gluconate 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.125)  
4-deoxy-L-threo-5-hexosulose-uronate ketol-isomerase (EC 5.3.1.17)  
putative transporter  
FIG01199819: hypothetical protein  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Putative arylsulfatase regulatory protein  
hypothetical protein  
Predicted signal-transduction protein containing cAMP-binding and CBS domains  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
FIG01200126: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01201182: hypothetical protein  
FIG01199803: hypothetical protein  
PutR, transcriptional activator of PutA and PutP  
FIG01201058: hypothetical protein  
FIG01199968: hypothetical protein  
FIG01201262: hypothetical protein  
FIG01200653: hypothetical protein  
Putative acetyltransferase  
RNA-binding protein

Putative ribosomal protein N-acetyltransferase  
Transcriptional regulator, MerR family  
Proline/sodium symporter PutP (TC 2.A.21.2.1) @ Propionate/sodium symporter  
Delta 1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase domain protein  
Proline dehydrogenase (EC 1.5.99.8) (Proline oxidase) / Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase (EC 1.5.1.12)  
Transcriptional regulator, AraC family  
Transcriptional regulator, LuxR family  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase (EC 1.4.3.5)  
Signal transduction histidine kinase  
Putative two-component response regulator  
ABC-type protease exporter, membrane fusion protein (MFP) family component PrtE/AprE  
FIGfam010717  
GGDEF and EAL domain proteins  
ABC transporter, transmembrane region:ABC transporter:Peptidase C39, bacteriocin processing  
FIG01203446: hypothetical protein  
Small-conductance mechanosensitive channel  
Multimeric flavodoxin WrbA  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Gamma-D-Glutamyl-meso-Diaminopimelate Amidase  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Acetyltransferase  
Predicted polymerase, ortholog to *Borrelia burgdorferi* BB0267  
sigma-24 (FecI-like)  
sigma factor regulatory protein, FecR/PupR family  
Putative Ton-B dependent hemine receptor  
PKD domain containing protein  
PKD domain containing protein  
FIG107774: hypothetical protein  
FIG076926: outer membrane protein  
MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein  
Biopolymer transport protein ExbD/TolR  
COG0810: Periplasmic protein TonB, links inner and outer membranes  
Predicted P-loop ATPase fused to an acetyltransferase COG1444  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB  
Chromosome (plasmid) partitioning protein ParA  
hypothetical protein  
FIG01201119: hypothetical protein  
FIG01200755: hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Peptide ABC transporter, ATP-binding protein  
FIG01200711: hypothetical protein  
Uncharacterized domain COG3236 / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
ABC-type amino acid transport/signal transduction system  
Signal transduction histidine kinase  
FIG01200693: hypothetical protein  
FIG000859: hypothetical protein  
Similar to rod shape-determining protein rodA  
FIG01200527: hypothetical protein

Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Transcriptional regulator  
FIG01199999: hypothetical protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
FIG01201095: hypothetical protein  
FIG01201672: hypothetical protein  
Autolysin sensor kinase (EC 2.7.3.-)  
Response regulator  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiB (EC 5.2.1.8)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Cell division inhibitor  
FIG01204078: hypothetical protein  
Chloramphenicol acetyltransferase (EC 2.3.1.28)  
Sodium/glutamate symporter  
RRNA methylase, putative  
putative ABC transporter  
ABC transporter ATP-binding protein  
Transcriptional regulator, GntR family  
Sodium/glutamate symporter  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC/XylS family  
Potassium uptake protein TrkH  
hypothetical protein  
putative AraC-type regulatory protein  
Urease accessory protein UreD  
Urease gamma subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease beta subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease alpha subunit (EC 3.5.1.5)  
Urease accessory protein UreE  
Urease accessory protein UreF  
Urease accessory protein UreG  
COG0697: Permeases of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Type III secretion transcriptional regulator HilC (= SirC)  
putative iron(III) ABC transporter ATP-binding protein  
ABC transporter (iron.B12.siderophore.hemin) , periplasmic substrate-binding component  
ABC transporter, permease protein  
PAS factor  
Endoribonuclease L-PSP  
Regulator of nucleoside diphosphate kinase  
Urease operon transcriptional activator  
Urease accessory protein UreG  
hypothetical protein  
Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)  
Probable L-ascorbate-6-phosphate lactonase UlaG (EC 3.1.1.-) (L-ascorbate utilization protein G)  
Ascorbate utilization transcriptional regulator UlaR, HTH-type  
Ascorbate-specific PTS system, EIIC component  
Ascorbate-specific PTS system, EIIA component (EC 2.7.1.-)

L-ribulose-5-phosphate 4-epimerase (EC 5.1.3.4)  
Hydrolase (HAD superfamily)  
3-keto-L-gulonate 6-phosphate decarboxylase  
L-xylulose 5-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.-)  
FIG01200316: hypothetical protein  
FIG01201621: hypothetical protein  
Glucosamine-6-phosphate deaminase (EC 3.5.99.6)  
FIG01199561: hypothetical protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Transcriptional regulator, LysR family  
Membrane protein, distant similarity to thiosulphate:quinone oxidoreductase DoxD  
FIG01201083: hypothetical protein  
ADA regulatory protein  
Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)  
FIG01201447: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Multi antimicrobial extrusion protein (Na(+)/drug antiporter), MATE family of MDR efflux pumps  
Transcriptional regulator, AraC family  
AttH component of AttEFGH ABC transport system  
AttF component of AttEFGH ABC transport system / AttG component of AttEFGH ABC transport system  
AttE component of AttEFGH ABC transport system  
hypothetical protein  
Transcriptional repressor of aga operon  
hypothetical protein  
Transcriptional repressor of aga operon  
Tagatose-6-phosphate kinase AgaZ (EC 2.7.1.144)  
Predicted galactosamine-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.-)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIB component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine-specific IID component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, N-acetylgalactosamine- and galactosamine-specific IIA component (EC 2.7.1.69)  
N-acetylglucosamine-6-phosphate deacetylase (EC 3.5.1.25)  
Tagatose-1,6-bisphosphate aldolase AgaY (EC 4.1.2.-)  
FIG01206086: hypothetical protein  
Putative protease  
putative inner membrane or exported protein  
membrane protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Gfa-like protein  
Na+/H+ antiporter NhaD type  
FIG01200052: hypothetical protein  
Fucose 4-O-acetylase  
Transcriptional regulator, TetR family  
Predicted hydrolase or acyltransferase  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
FIG01200132: hypothetical protein

Uncharacterized protein conserved in bacteria  
hypothetical protein  
FIG01199529: hypothetical protein  
GGDEF family protein  
GGDEF family protein  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Transcriptional regulator, LacI family  
ABC-type sugar transport system, periplasmic component  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalF  
Maltose/maltodextrin ABC transporter, permease protein MalG  
Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23) / Beta-glucosidase/6-phospho-beta-glucosidase  
Maltose/maltodextrin transport ATP-binding protein MalK (EC 3.6.3.19)  
Maltose operon transcriptional repressor MalR, LacI family  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
Pseudouridylate synthase, 23S RNA-specific  
FIG01203866: hypothetical protein  
Predicted hydrolase  
FIG01199871: hypothetical protein  
Transcriptional regulator CdgA  
FIG01201122: hypothetical protein  
Integral membrane protein  
Outer membrane protein/protective antigen OMA87  
S-formylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.12)  
S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase (EC 1.1.1.284)  
hypothetical protein  
N-hydroxyarylamine O-acetyltransferase (EC 2.3.1.118)  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family, in formaldehyde detoxification operon  
Utilization protein for unknown catechol-siderophore X  
putative peptidase  
hypothetical protein  
Transporter, LysE family  
Transcriptional regulator, AsnC family  
Spindolin-related protein  
Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)  
Ethidium bromide-methyl viologen resistance protein EmrE  
FIG01200648: hypothetical protein  
transcriptional regulator, AraC family protein  
hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Uncharacterized low-complexity protein  
Outer membrane protein W precursor  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
Multidrug resistance protein A  
Multidrug resistance protein B  
Rho-specific inhibitor of transcription termination (YaeO)  
membrane protein  
FIG01202725: hypothetical protein



hypothetical protein  
Putative isomerase  
GTPase  
hypothetical protein  
Lactoylglutathione lyase  
Transporter, LysE family  
Proteinase inhibitor I11, ecotin precursor  
FIG01205622: hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
Lactoylglutathione lyase  
FIG01204881: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Transposase  
bacteriophage f237 ORF10  
Putative exonuclease  
hypothetical protein  
FIG01203902: hypothetical protein  
RstA phage-related replication protein  
Phage integrase / RstB phage-related integrase  
bacteriophage f237 ORF3  
bacteriophage f237 ORF4  
bacteriophage f237 ORF5  
Accessory cholera enterotoxin  
Zona occludens toxin  
FIG01200450: hypothetical protein  
L-threonine 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.103)  
2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (EC 2.3.1.29)  
Sensory box/GGDEF family protein ScrC (involved in swarmer cell regulation)  
Extracellular solute binding protein ScrB  
Aminotransferase ScrA  
Osmosensitive K<sup>+</sup> channel histidine kinase KdpD (EC 2.7.3.-)  
DNA-binding response regulator  
FIG01201938: hypothetical protein  
FIG01200911: hypothetical protein  
FIG01200688: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Glyoxylase family protein  
Uncharacterized iron-regulated membrane protein; Iron-uptake factor PiuB  
FIG01200563: hypothetical protein  
Soluble cytochrome b562  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dehydrogenase component  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
Transcriptional regulator, LysR family  
Secreted trypsin-like serine protease  
FOG: EAL domain protein  
Flagellar protein FliJ  
Flagellum-specific ATP synthase FliI  
Flagellar assembly protein FliH

Flagellar motor switch protein FliG  
Flagellar M-ring protein FliF  
Flagellar hook-basal body complex protein FliE  
putative two-component response regulator  
putative sodium-type flagellar protein MotY precursor  
putative flagellar motor switch protein  
Flagellar motor switch protein FliN  
Flagellar biosynthesis protein FliP  
Flagellar biosynthesis protein FliQ  
Flagellar biosynthesis protein FliR  
Flagellar biosynthesis protein FliB  
Flagellar biosynthesis protein FliA  
FIG01200213: hypothetical protein  
Flagellin protein FlaA  
FIG01205017: hypothetical protein  
Flagellar hook-associated protein FliD  
Flagellar biosynthesis protein FliS  
LafD  
Flagellar hook-length control protein FliK  
Flagellar biosynthesis protein FliL  
RNA polymerase sigma factor for flagellar operon  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Flagellar motor rotation protein MotB  
hypothetical protein  
Aromatic-L-amino-acid decarboxylase (EC 4.1.1.28)  
Transcriptional regulator, AraC family  
GTPases - Sulfate adenylate transferase subunit 1  
FIG01201007: hypothetical protein  
Cyclohexadienyl dehydratase (EC 4.2.1.51)(EC 4.2.1.91)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)  
hypothetical protein  
ResA  
ABC transporter, ATP-binding subunit precursor  
Cell division protein FtsX  
Similar to ABC transporter: eg YBJZ\_ECOLI hypothetical ABC transporter  
Putative membrane protein  
Periplasmic protein p19 involved in high-affinity Fe<sup>2+</sup> transport  
Putative high-affinity iron permease  
FIG01202605: hypothetical protein  
FIG01205078: hypothetical protein  
conserved hypothetical protein  
hypothetical protein  
Gfa-like protein  
FIG01200129: hypothetical protein  
Isopentenyl-diphosphate delta-isomerase, FMN-dependent (EC 5.3.3.2)  
NhaP-type Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> and K<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporters  
putative integral membrane protein  
putative flagellin

Flagellar hook-associated protein FlgL  
Flagellar hook-associated protein FlgK  
Flagellar protein FlgJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)  
Flagellar P-ring protein FlgI  
Flagellar L-ring protein FlgH  
Flagellar basal-body rod protein FlgG  
Flagellar basal-body rod protein FlgF  
Flagellar hook protein FlgE  
Flagellar basal-body rod modification protein FlgD  
Flagellar basal-body rod protein FlgC  
Flagellar basal-body rod protein FlgB  
Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA  
LfgM  
LfgN  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)  
MutT/nudix family protein  
Hemolysin  
FIG01203160: hypothetical protein  
FIG01200473: hypothetical protein  
L-serine dehydratase (EC 4.3.1.17)  
Putative transport protein  
Manganese transport protein MntH  
FIG01201730: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
FIG01201687: hypothetical protein  
Transcriptional regulator  
Outer membrane protein A precursor  
Zinc carboxypeptidase domain protein  
O-acetylhomoserine sulfhydrylase (EC 2.5.1.49)  
Acyl-CoA synthetase  
hypothetical protein  
Virulence factor VirK  
OmpA-like transmembrane domain protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
2-aminoethylphosphonate uptake and metabolism regulator  
Ferric iron ABC transporter, permease protein  
ABC transporter of unknown compound (not Fe<sup>3+</sup>), ATP-binding protein  
ABC transporter of unknown compound (not Fe<sup>3+</sup>), periplasmic substrate-binding protein  
2-aminoethylphosphonate:pyruvate aminotransferase (EC 2.6.1.37)  
Putative aminotransferase in phosphonate-related cluster  
Phosphonoacetaldehyde hydrolase (EC 3.11.1.1)  
Transcriptional regulator  
PTS system, IIA component  
Putative sugar phosphotransferase component II B  
Putative integral membrane protein  
ATPase of the AAA+ class  
Regulatory P domain of the subtilisin-like proprotein convertase  
Thermolabile hemolysin precursor  
hypothetical protein

FIG01201232: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
ADP-ribose pyrophosphatase (EC 3.6.1.13)  
FIG01206031: hypothetical protein  
hypothetical protein  
5'-nucleotidase YjjG (EC 3.1.3.5)  
Transcriptional regulator, LysR family  
hypothetical protein  
transcriptional regulator, TetR family  
FIG01199683: hypothetical protein  
MoxR-like ATPase  
Outer membrane receptor protein  
FIG01203188: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Acetyltransferase  
OsmC/Ohr family protein  
Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11) / Peptide methionine sulfoxide reductase MsrB (EC 1.8.4.12)  
Cell-cell signaling protein, C-factor  
FIG004436: Protein related to deoxyribodipyrimidine photolyase  
Deoxyribodipyrimidine photolyase, single-strand-specific  
GGDEF family protein  
Malate synthase-related protein  
Predicted transcriptional regulator  
GGDEF family protein  
Alkylated DNA repair protein  
FIG01199541: hypothetical protein  
lambda repressor-like DNA-binding protein  
Glucose-1-phosphate adenyltransferase (EC 2.7.7.27)  
Nucleoside permease NupC  
FIG01206311: hypothetical protein  
FIG01199807: hypothetical protein  
Tryptophanase (EC 4.1.99.1)  
Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)  
Pyruvate/2-oxoglutarate dehydrogenase complex, dihydrolipoamide dehydrogenase component  
Hypothetical protein YgaF  
TRAP-type uncharacterized transport system, fused permease component  
TRAP transporter solute receptor, TAXI family precursor  
hypothetical protein  
Branched-chain amino acid transport system carrier protein  
C4-dicarboxylate transport transcriptional regulatory protein  
FIG01201355: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
Cryptic 6-phospho-beta-glucosidase  
Putative phosphatase  
FIG01202576: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01201310: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family

Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01206217: hypothetical protein  
Outer membrane protein RomA  
Transcriptional regulator, TetR family  
hypothetical protein  
Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
hypothetical protein sometimes fused to ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
Zn-dependent hydrolase (EC 3.-.-.)  
Biosynthetic arginine decarboxylase (EC 4.1.1.19)  
Agmatinase (EC 3.5.3.11)  
Multidrug resistance protein D  
Protease II  
Outer membrane protein C precursor  
ABC-type metal ion transport system, periplasmic component/surface adhesin  
putative permease of ABC transporter [KO:K02075]  
Manganese transport system ATP-binding protein mntA  
Cation ABC transporter, periplasmic cation-binding protein  
FIG01201572: hypothetical protein  
FIG01199878: hypothetical protein  
putative exported protein  
putative exported protein  
putative membrane protein  
Putative membrane protein precursor  
TPR domain protein, putative component of TonB system  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Biopolymer transport protein ExbD/ToIR  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
MotA/ToIQ/ExbB proton channel family protein  
TonB system biopolymer transport component; Chromosome segregation ATPase  
Ferrichrome-iron receptor  
Probable two-component system sensor kinase  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
L-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.27)  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
D-lactate dehydrogenase (EC 1.1.1.28)  
FIG01201264: hypothetical protein  
D-erythrose-4-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.72)  
Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)  
Fructose-bisphosphate aldolase class II (EC 4.1.2.13)  
Protein involved in stability of MscS mechanosensitive channel  
putative DNA-binding protein  
Lysine efflux permease  
Chromosome initiation inhibitor  
Protein of unknown function DUF541  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)  
5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase (EC 6.3.3.2)  
Z-ring-associated protein ZapA

FIG001590: Putative conserved exported protein precursor  
2-octaprenyl-6-methoxyphenol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase (EC 1.14.13.-)  
FIG01199594: hypothetical protein  
Uncharacterized conserved protein  
Folate-dependent protein for Fe/S cluster synthesis/repair in oxidative stress  
YgfY COG2938  
FIG01199528: hypothetical protein  
L-aspartate oxidase (EC 1.4.3.16)  
RNA polymerase sigma factor RpoE  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseA  
Sigma factor RpoE negative regulatory protein RseB precursor  
Sigma factor RpoE regulatory protein RseC  
Translation elongation factor LepA  
Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)  
Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)  
GTP-binding protein Era  
DNA recombination and repair protein RecO  
Pyridoxine 5-phosphate synthase (EC 2.6.99.2)  
Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)  
BarA sensory histidine kinase (= VarS = GacS)  
23S rRNA (Uracil-5-) -methyltransferase RumA (EC 2.1.1.-)  
GTP pyrophosphokinase (EC 2.7.6.5), (p)ppGpp synthetase I  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
CTP synthase (EC 6.3.4.2)  
Enolase (EC 4.2.1.11)  
S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)  
Putative cytochrome c oxidase, subunit I  
Protein sprT  
Extracellular deoxyribonuclease Dns (EC 3.1.21.-)  
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)  
Glutathione synthetase (EC 6.3.2.3)  
UPF0301 protein YqgE  
Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)  
Twitching motility protein PilT  
Twitching motility protein PilT  
Hypothetical protein YggS, proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC  
Pyrroline-5-carboxylate reductase (EC 1.5.1.2)  
Integral membrane protein YggT, involved in response to extracytoplasmic stress (osmotic shock)  
UPF0235 protein VC0458  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative structural protein P5 (Alteromonas phage PM2)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Mg-dependent DNase

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Outer membrane receptor protein  
hypothetical protein  
FIG01201474: hypothetical protein  
FIG01204209: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01199719: hypothetical protein  
FIG00921488: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
peptidase, S24 (LexA) family( EC:3.4.21.- )  
Integrase  
FIG003551: hypothetical protein  
Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dITP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)  
Radical SAM family enzyme, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, clustered with nucleoside-triphosphatase RdgB  
Glutaminase (EC 3.5.1.2)  
no significant homology  
tRNA (guanine46-N7-)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)  
A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)  
FIG001341: Probable Fe(2+)-trafficking protein YggX  
Membrane-bound lytic murein transglycosylase C precursor (EC 3.2.1.-)  
N-acetylglucosamine regulated methyl-accepting chemotaxis protein  
Succinate-semialdehyde dehydrogenase [NADP+] (EC 1.2.1.16)  
hypothetical protein  
BatA (Bacteroides aerotolerance operon)  
FIG01199647: hypothetical protein  
hypothetical protein PA3071  
MoxR-like ATPase in aerotolerance operon  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
Chromosome segregation ATPase  
Transcriptional regulator VpsT  
Transcriptional regulator VpsT  
STRUCTURAL ELEMENTS; Cell Exterior; surface polysaccharides/antigens  
ABC-type protease/lipase transport system, ATPase and permease component  
Membrane-fusion protein  
Acetyltransferase  
probable two-component response regulator  
C4-dicarboxylate transport sensor protein  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Oxidoreductase  
Phenylalanyl-tRNA synthetase beta subunit

putative hemagglutinin/hemolysin-related protein  
Flagellar motor protein  
Outer membrane protein A precursor  
Small-conductance mechanosensitive channel  
FOG: EAL domain  
hypothetical protein  
FIG01201831: hypothetical protein  
Azurin  
Azurin  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
hypothetical protein  
Proton/sodium-glutamate symport protein  
Oxygen-independent coproporphyrinogen III oxidase, Fe-S oxidoreductase  
Probable oxidoreductase  
FIG01205431: hypothetical protein  
FIG01201246: hypothetical protein  
Zinc-regulated TonB-dependent outer membrane receptor  
Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA  
Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB  
FIG01201703: hypothetical protein  
FIG01205914: hypothetical protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Chromosome segregation ATPase  
hypothetical protein  
FIG01202207: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Dihydrofolate reductase homolog  
Transcriptional regulator, TetR family  
Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)  
Transcriptional regulator, LysR family  
NAD(P)H oxidoreductase YRKL (EC 1.6.99.-) @ Putative NADPH-quinone reductase (modulator of drug activity B) @ Flavodoxin 2  
High-affinity choline uptake protein BetT  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
diguanylate cyclase  
putative DamX-related protein  
Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UBIE (EC 2.1.1.-)  
Antioxidant, putative  
Multidrug resistance efflux pump  
Mg<sup>2+</sup> and Co<sup>2+</sup> transporter  
transcriptional regulator, LysR family  
diguanylate cyclase  
Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)  
FIG01201207: hypothetical protein  
Cold shock protein CspA



Pirin-related protein  
SERINE PROTEASE (EC 3.4.21.-)  
Zinc uptake regulation protein ZUR  
Dihydroorotase (EC 3.5.2.3)  
Carbonic anhydrase, gamma class (EC 4.2.1.1)  
Putative metal chaperone, involved in Zn homeostasis, GTPase of COG0523 family  
Hydrolase (HAD superfamily)  
Putative transporter  
Transcriptional regulator, MarR family  
FIG01206232: hypothetical protein  
FIG01199609: hypothetical protein  
FIG01200930: hypothetical protein  
Haloacid dehalogenase-like hydrolase  
SN-glycerol-3-phosphate transport ATP-binding protein UgpC (TC 3.A.1.1.3)  
SN-glycerol-3-phosphate transport system permease protein UgpE (TC 3.A.1.1.3)  
SN-glycerol-3-phosphate transport system permease protein UgpA (TC 3.A.1.1.3)  
Glycerol-3-phosphate ABC transporter, periplasmic glycerol-3-phosphate-binding protein (TC 3.A.1.1.3)  
Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase (EC 3.1.4.46)  
Glycerol-3-phosphate regulon repressor, DeoR family  
hypothetical protein  
Universal stress protein family 8  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01203960: hypothetical protein  
Glutaredoxin 2  
Putative multidrug resistance protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
hypothetical protein  
VirR  
ABC-type transport system, ATPase component  
Prolyl endopeptidase (EC 3.4.21.26)  
Long-chain fatty acid transport protein  
Spermidine N1-acetyltransferase (EC 2.3.1.57)  
hypothetical protein  
Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)  
Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases  
Nudix hydrolase family protein PA3470  
hypothetical protein  
2-hydroxychromene-2-carboxylate isomerase/DsbA-like thioredoxin domain  
Transcriptional regulator, MerR family  
Predicted acetyltransferase  
Beta-lactamase (EC 3.5.2.6)  
Predicted ferric reductase  
FIG01200120: hypothetical protein  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA; Cation efflux system protein CusA  
Cobalt/zinc/cadmium efflux RND transporter, membrane fusion protein, CzcB family  
Heavy metal RND efflux outer membrane protein, CzcC family  
FIG01200242: hypothetical protein  
anaerobic dehydrogenase  
FIG01199970: hypothetical protein

FIG01201428: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, RpiR family  
D-serine deaminase  
N-acyl-D-amino-acid deacylase (EC 3.5.1.81)  
Putative translation initiation inhibitor, yjgF family  
sodium-solute symporter, putative  
2-dehydro-3-deoxygluconate kinase (EC 2.7.1.45)  
4-Hydroxy-2-oxoglutarate aldolase (EC 4.1.3.16) / 2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase (EC 4.1.2.14)  
Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)  
FIG01201258: hypothetical protein  
Putative translation initiation inhibitor  
ABC-type multidrug transport system, permease component  
ABC-type multidrug transport system, ATPase component  
Predicted membrane fusion protein (MFP) component of efflux pump, membrane anchor protein YbhG  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
ABC-type hemin transport system, ATPase component  
Hemin ABC transporter, permease protein  
Periplasmic hemin-binding protein  
Biopolymer transport protein ExbD1  
Ferric siderophore transport system, biopolymer transport protein ExbB  
Ferric siderophore transport system, periplasmic binding protein TonB  
Radical SAM family protein HutW, similar to coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent, associated with heme uptake  
Putative heme iron utilization protein  
Pyridoxamine 5-phosphate oxidase-related putative heme iron utilization protein  
Uncharacterized conserved protein  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ppiC (EC 5.2.1.8)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Glycosidase  
Bifunctional protein: zinc-containing alcohol dehydrogenase; quinone oxidoreductase ( NADPH:quinone reductase) (EC 1.1.1.-); Similar to ar  
Short-chain dehydrogenase/reductase SDR  
putative transcriptional regulator  
Choloylglycine hydrolase family  
Transcriptional regulators, LysR family  
RNA polymerase sigma factor SigZ  
Transcriptional regulator, ArsR family  
Transporter  
hypothetical protein  
Isochorismatase (EC 3.3.2.1)  
Transcriptional regulator  
FIG01202426: hypothetical protein  
Glutathione-regulated potassium-efflux system protein KefC  
Glutathione-regulated potassium-efflux system ancillary protein KefG  
Phenazine biosynthesis protein PhzF like  
Phospholipid-binding protein  
Transcriptional regulator, AraC family  
FIG01203128: hypothetical protein  
Arsenical-resistance protein ACR3

putative regulatory protein, ArsR family  
Modulator of drug activity B  
Transcriptional regulator, HxlR family  
Conserved domain protein  
hypothetical protein  
putative transport protein  
hypothetical protein  
Mannose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.8)  
Alpha-mannosidase (EC 3.2.1.24)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
PTS system HrsA EIIA component / PTS system HrsA EIIB component / PTS system HrsA permease IIC component  
Transcriptional regulator of succinyl CoA synthetase operon  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIA component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, mannitol-specific cryptic IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, mannitol-specific cryptic IIC component (EC 2.7.1.69)  
Putative oxidoreductase linked to yggC  
Putative transcriptional regulator  
Uridine kinase family protein YggC homolog  
putative histidinol phosphatase and related hydrolases of the PHP family  
FIG01204045: hypothetical protein  
putative transcriptional regulator  
FIG01201304: hypothetical protein  
Tyrosine-specific transport protein  
hypothetical protein  
FIG01200848: hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Predicted arginine uptake transporter  
conserved hypothetical membrane protein  
Gfa-like protein  
FIG01202709: hypothetical protein  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
GGDEF family protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Multidrug resistance protein D  
FIG01199964: hypothetical protein  
FIG01199882: hypothetical protein  
Glutaredoxin  
Putative transporter, DME family  
Putative outer membrane protein  
Outer membrane protein N, non-specific porin  
2-keto-4-pentenoate hydratase (EC 4.2.1.-)  
FIG023406: hypothetical protein  
FIG006238: AzlC family protein  
FIG001767: L-rhamnose operon transcriptional activator RhaR  
L-lysine permease  
Histone acetyltransferase HPA2  
Phosphosugar mutase of unknown sugar (see annotation)  
Cytochrome c oxidase polypeptide II (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase polypeptide I (EC 1.9.3.1)

Cytochrome oxidase biogenesis protein Cox11-CtaG, copper delivery to Cox1  
Cytochrome c oxidase polypeptide III (EC 1.9.3.1)  
FIG01203124: hypothetical protein  
Cytochrome oxidase biogenesis protein Surf1, facilitates heme A insertion  
Hypothetical protein in Cytochrome oxidase biogenesis cluster  
Heme A synthase, cytochrome oxidase biogenesis protein Cox15-CtaA  
Heme O synthase, protoheme IX farnesyltransferase (EC 2.5.1.-) COX10-CtaB  
Outer membrane protein A precursor  
2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)  
putative membrane protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Putative 2-octaprenyl-3-methyl-6-methoxy-1,4-benzoquinol hydroxylase  
tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase  
Phosphate starvation-inducible ATPase PhoH with RNA binding motif  
FIG000233: metal-dependent hydrolase  
Magnesium and cobalt efflux protein CorC  
Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-) / Copper homeostasis protein CutE  
FIG002095: hypothetical protein  
Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)  
LPS-assembly lipoprotein RlpB precursor (Rare lipoprotein B)  
DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)  
lojap protein  
LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH ## ybeA  
Penicillin-binding protein 2 (PBP-2)  
Rod shape-determining protein RodA  
Rare lipoprotein A precursor  
D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)  
Proposed lipoate regulatory protein YbeD  
Octanoate-[acyl-carrier-protein]-protein-N-octanoyltransferase  
Lipoate synthase  
Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)  
membrane protein  
FIG01201795: hypothetical protein  
FIG01200456: hypothetical protein  
Trehalose-6-phosphate hydrolase (EC 3.2.1.93)  
PTS system, trehalose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, trehalose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
Trehalose operon transcriptional repressor  
D-glycero-D-manno-heptose 1,7-bisphosphate phosphatase (EC 3.1.1.-)  
Methionine ABC transporter ATP-binding protein  
Methionine ABC transporter permease protein  
Methionine ABC transporter substrate-binding protein  
FIG01204120: hypothetical protein  
2',3'-cyclic-nucleotide 2',3'-phosphodiesterase (EC 3.1.4.16)  
Zn-ribbon-containing, possibly nucleic-acid-binding protein  
Syd protein  
NADPH dependent preQ0 reductase  
FIG01199812: hypothetical protein  
GGDEF domain family protein  
Decarboxylase family protein

DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)  
DNA/RNA endonuclease G  
Putative RNA 2'-O-ribose methyltransferase mtfA (EC 2.1.1.-)  
COG2363  
Predicted hydrolase of the alpha/beta-hydrolase fold  
Glycine cleavage system transcriptional activator GcvA  
Thiamine biosynthesis protein thil  
Flagellar motor rotation protein MotB  
Flagellar motor rotation protein MotA  
Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)  
Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesyldiphosphate synthase)  
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)  
Phosphatidylglycerophosphatase A (EC 3.1.3.27)  
Thiamine-monophosphate kinase (EC 2.7.4.16)  
Transcription termination protein NusB  
6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase (EC 2.5.1.9)  
3,4-dihydroxy-2-butanone 4-phosphate synthase / GTP cyclohydrolase II (EC 3.5.4.25)  
Riboflavin synthase alpha chain (EC 2.5.1.9)  
Diaminohydroxyphosphoribosylaminopyrimidine deaminase (EC 3.5.4.26) / 5-amino-6-(5-phosphoribosylamino)uracil reductase (EC 1.1.1.19)  
Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR  
Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)  
Glutamate 5-kinase (EC 2.7.2.11)  
Curlin genes transcriptional activator  
FIG01200175: hypothetical protein  
Xanthine-guanine phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.22)  
Xanthine/uracil/thiamine/ascorbate permease family protein  
Aminoacyl-histidine dipeptidase (Peptidase D) (EC 3.4.13.3)  
ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease component  
Predicted deacylase  
Putative Fe-regulated protein B  
DNA-directed RNA polymerase, beta subunit/160 kD subunit  
Pressure-regulated ORF-like protein  
Phosphoribosylformylglycinamide synthase, synthetase subunit (EC 6.3.5.3) / Phosphoribosylformylglycinamide synthase, glutamine amidotransferase subunit  
Transglycosylase, Sit family  
FIG01201024: hypothetical protein  
tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)  
Aminobenzoyl-glutamate transport protein  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilV  
FIG01199868: hypothetical protein  
Type IV fimbrial biogenesis protein PilW  
Type IV fimbrial biogenesis protein FimT  
Type IV pilus biogenesis protein PilE  
Chaperone protein DnaJ  
Chaperone protein DnaK  
Proton/glutamate symport protein @ Sodium/glutamate symport protein  
Heat shock protein GrpE  
NAD kinase (EC 2.7.1.23)  
FIG01201888: hypothetical protein  
DNA repair protein RecN

Outer membrane lipoprotein SmpA, a component of the essential YaeT outer-membrane protein assembly complex  
UPF0125 protein yjfF  
Putative oligoketide cyclase/lipid transport protein, similarity with yeast ubiquinone-binding protein YOL008W  
tmRNA-binding protein SmpB  
Integrase  
Putative ATP-binding protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
FIG01204173: hypothetical protein  
membrane protein  
Methionine transporter MetT  
putative exported protein  
Adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate aminotransferase (EC 2.6.1.62)  
hypothetical protein  
Sulfur acceptor protein SufE for iron-sulfur cluster assembly  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), SufS subfamily  
Iron-sulfur cluster assembly protein SufD  
Iron-sulfur cluster assembly ATPase protein SufC  
Iron-sulfur cluster assembly protein SufB  
Iron binding protein SufA for iron-sulfur cluster assembly  
O-acetylhomoserine sulfhydrylase (EC 2.5.1.49) / O-succinylhomoserine sulfhydrylase (EC 2.5.1.48)  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Transcriptional regulator, LysR family  
D-amino acid dehydrogenase small subunit (EC 1.4.99.1)  
Sodium/alanine symporter  
FIG01200087: hypothetical protein  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter  
GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] (EC 6.3.5.2)  
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase (EC 1.1.1.205)  
Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)  
Hypothetical protein yfgJ  
GGDEF domain protein  
Predicted metal-dependent hydrolase  
GTP-binding protein EngA  
Outer membrane protein YfgL, lipoprotein component of the protein assembly complex (forms a complex with YaeT, YfiO, and NlpB)  
Mlr7403 protein  
Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)  
1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)  
FIG021952: putative membrane protein  
Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)  
Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)  
Peptidase B (EC 3.4.11.23)  
Believed to be involved in assembly of Fe-S clusters  
Ferredoxin, 2Fe-2S  
Chaperone protein HscA  
Chaperone protein HscB

Iron binding protein IscA for iron-sulfur cluster assembly  
Iron-sulfur cluster assembly scaffold protein IscU  
Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), IscS subfamily  
Iron-sulfur cluster regulator IscR  
tRNA:Cm32/Um32 methyltransferase  
Inositol-1-monophosphatase (EC 3.1.3.25)  
hypothetical protein  
Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)  
Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1)  
Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)  
tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)  
S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)  
Secreted trypsin-like serine protease  
FIG01206454: hypothetical protein  
Putative acetoin utilization protein AcuB  
Isocitrate lyase (EC 4.1.3.1)  
Malate synthase (EC 2.3.3.9)  
Hydrogen peroxide-inducible genes activator  
Alkyl hydroperoxide reductase subunit C-like protein  
Cytoplasmic copper homeostasis protein cutC  
FIG01199622: hypothetical protein  
Transcriptional regulators, LysR family  
FIG01202211: hypothetical protein  
FIG01200334: hypothetical protein  
Phosphate transport system regulatory protein PhoU  
Phosphate transport ATP-binding protein PstB (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstA (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate transport system permease protein PstC (TC 3.A.1.7.1)  
Polyphosphate kinase (EC 2.7.4.1)  
Exopolyphosphatase (EC 3.6.1.11)  
Phosphate ABC transporter, periplasmic phosphate-binding protein PstS (TC 3.A.1.7.1)  
Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)  
Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)  
DNA recombination-dependent growth factor C  
Putative protease  
ferredoxin  
Murein endopeptidase  
FIG01200772: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Type III secretion thermoregulatory protein (LcrF, VirF, transcription regulation of virulence plasmid)  
FIG01203212: hypothetical protein  
putative type III export apparatus protein NosA  
Type III secretion outer membrane pore forming protein (YscC, MxiD, HrcC, InvG)  
Type III secretion inner membrane protein (YscD, homologous to flagellar export components)  
FIG01201728: hypothetical protein  
Type III secretion cytoplasmic protein (YscF)  
putative type III secretion protein  
putative type III export protein  
Type III secretion cytoplasmic protein (YscI)

Type III secretion bridge between inner and outer membrane lipoprotein (YscJ,HrcJ,EscJ, PscJ)  
Type III secretion cytoplasmic protein (YscK)  
Type III secretion cytoplasmic protein (YscL)  
Transposase  
transcriptional regulator, CadC  
Transcriptional regulator, AraC family  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3)  
ISBma1, transposase  
ISBma1, transposase  
Transposase  
FIG01200714: hypothetical protein  
FIG01201963: hypothetical protein  
FIG01200647: hypothetical protein  
FIG01200081: hypothetical protein  
FIG01199728: hypothetical protein  
FIG01203515: hypothetical protein  
Type III secretion inner membrane protein (YscU,SpaS,EscU,HrcU,SsaU, homologous to flagellar export components)  
Type III secretion inner membrane protein (YscT,HrcT,SpaR,EscT,EpaR1,homologous to flagellar export components)  
Type III secretion inner membrane protein (YscS,homologous to flagellar export components)  
Type III secretion inner membrane protein (YscR,SpaR,HrcR,EscR,homologous to flagellar export components)  
Type III secretion inner membrane protein (YscQ,homologous to flagellar export components)  
Type III secretion protein (YscP)  
Type III secretion spans bacterial envelope protein (YscO)  
Type III secretion cytoplasmic ATP synthase (EC 3.6.3.14, YscN,SpaL,MxiB,HrcN,EscN)  
Type III secretion outer membrane contact sensing protein( yopN,Yop4b,LcrE)  
Type III secretion outer membrane negative regulator of secretion (TyeA)  
putative type III secretion protein SycN  
putative type III secretion protein  
putative YscY  
Type III secretion inner membrane channel protein (LcrD,HrcV,EscV,SsaV)  
Type III secretion low calcium response protein (LcrR)  
Type III secretion cytoplasmic plug protein (LcrG)  
Type III secretion cytoplasmic LcrG inhibitor (LcrV,secretion and targeting control protein, V antigen)  
Type III secretion chaperone protein for YopD (SycD)  
Type III secretion host injection protein (YopB)  
Type III secretion host injection and negative regulator protein (YopD)  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, MerR family  
4-carboxymuconolactone decarboxylase (EC 4.1.1.44)  
transposase  
Maltoporin (maltose/maltodextrin high-affinity receptor, phage lambda receptor protein)  
Sucrose operon repressor ScrR, LacI family  
PTS system, sucrose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, sucrose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
PTS system, sucrose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, sucrose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
Fructokinase (EC 2.7.1.4)  
Sucrose-6-phosphate hydrolase (EC 3.2.1.26)  
Alkylphosphonate utilization operon protein PhnA



Periplasmic hemin-binding protein  
TonB-dependent heme and hemoglobin receptor HutA ; TonB-dependent hemin , ferrichrome receptor  
Nitric oxide -responding transcriptional regulator Dnr (Crp/Fnr family)  
POSSIBLE METHYLTRANSFERASE (METHYLASE) (EC 2.1.1.-)  
hypothetical protein  
putative membrane protein  
putative exported protein  
DNA-damage-inducible protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01201111: hypothetical protein  
RND efflux system, membrane fusion protein CmeA  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
Electron transport complex protein RnfB  
Electron transport complex protein RnfA  
Pyruvate formate-lyase (EC 2.3.1.54)  
Excinuclease ABC subunit B  
Regulatory protein LuxO  
Phosphorelay protein LuxU  
Hypothetical protein UPF0052  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaA  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaB  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaC  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaD; Molybdopterin converting factor subunit 1  
Molybdenum cofactor biosynthesis protein MoaE; Molybdopterin converting factor subunit 2  
Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppB (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)  
Glutathione S-transferase, omega (EC 2.5.1.18)  
FIG01200666: hypothetical protein  
Phosphate acetyltransferase (EC 2.3.1.8)  
Acetate kinase (EC 2.7.2.1)  
FIG01199944: hypothetical protein  
hypothetical protein  
ABC transporter substrate-binding protein  
ABC-type uncharacterized transport system, permease component  
Methionine ABC transporter ATP-binding protein  
Maltodextrin glucosidase (EC 3.2.1.20)  
GGDEF family protein  
tRNA-dihydrouridine synthase C (EC 1.-.-.-)  
Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)  
Periplasmic thiol:disulfide oxidoreductase DsbB, required for DsbA reoxidation  
Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiporter NhaB

Transcriptional regulator for fatty acid degradation FadR, GntR family  
FIG01200475: hypothetical protein  
Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)  
Scaffold protein for [4Fe-4S] cluster assembly ApbC, MRP-like  
Uridine kinase (EC 2.7.1.48) [C1]  
AsmA protein  
Cob(I)alamin adenosyltransferase (EC 2.5.1.17)  
Low molecular weight protein tyrosine phosphatase (EC 3.1.3.48)  
Sulfate permease  
hypothetical protein  
Ribonuclease E (EC 3.1.26.12)  
hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase C (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi955, Psi2504 and Psi2580  
FIG146278: Maf/YceF/YhdE family protein  
COG1399 protein, clustered with ribosomal protein L32p  
LSU ribosomal protein L32p  
Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)  
Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
Acyl carrier protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)  
Aminodeoxychorismate lyase (EC 4.1.3.38)  
FIG004453: protein YceG like  
Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)  
DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)  
Putative deoxyribonuclease YcfH  
PTS system, glucose-specific IIB component (EC 2.7.1.69) / PTS system, glucose-specific IIC component (EC 2.7.1.69)  
FIG01201055: hypothetical protein  
Sodium-dependent transporter  
FIG01200153: hypothetical protein  
FIG01200677: hypothetical protein  
Predicted esterase of the alpha-beta hydrolase superfamily  
Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)  
Mlc, transcriptional repressor of MalT (the transcriptional activator of maltose regulon) and manXYZ operon  
Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)  
DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)  
DNA polymerase-like protein PA0670  
RecA/RadA recombinase  
Putative oxidoreductase  
hypothetical protein  
Possible protease sohB (EC 3.4.21.-)  
Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)  
SSU ribosomal protein S1p  
Integration host factor beta subunit  
membrane protein  
Heat shock (predicted periplasmic) protein YciM, precursor  
Orotidine 5'-phosphate decarboxylase (EC 4.1.1.23)  
ABC-type dipeptide transport system, periplasmic component

Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
FIG00970786: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01199620: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01205222: hypothetical protein  
probable lipoprotein protein YPO1422  
Paraquat-inducible protein B  
Paraquat-inducible protein A  
Transcriptional regulator  
Suppression of copper sensitivity: putative copper binding protein ScsA  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsB  
Membrane protein, suppressor for copper-sensitivity ScsD  
FIG01201552: hypothetical protein  
Methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases  
putative ribosomal-protein-alanine N-acetyltransferase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
transcriptional regulator, XRE family  
FIG00921951: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
Metal dependent hydrolase  
Membrane-fusion protein  
Type I secretion outer membrane protein, TolC precursor  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
ABC-type antimicrobial peptide transport system, permease component  
Macrolide export ATP-binding/permease protein MacB (EC 3.6.3.-)  
Type II restriction enzyme BsuRI (EC 3.1.21.4) (Endonuclease BsuRI) (R.BsuRI)  
FIG00921679: hypothetical protein  
Inositol polyphosphate related phosphatase  
hypothetical protein; Unknown protein  
hypothetical protein  
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)  
putative transmembrane protein  
hypothetical protein  
Transcriptional regulator, MarR family  
Permease of the major facilitator superfamily  
Membrane fusion component of tripartite multidrug resistance system  
Transcriptional regulator  
Isochorismatase (EC 3.3.2.1)  
pyridoxal phosphate-dependent deaminase, putative  
Serine/threonine protein kinase  
two-component system sensor protein

Putative two-component response regulator  
Polymyxin resistance protein ArnC, glycosyl transferase (EC 2.4.-.-)  
FIG01200495: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
YheO-like PAS domain  
Endoribonuclease L-PSP  
Predicted sodium/dicarboxylate symporter  
Pyridine nucleotide-disulfide oxidoreductase; NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)  
FIG01201544: hypothetical protein  
FIG01201544: hypothetical protein  
FIG01201544: hypothetical protein  
FIG01201544: hypothetical protein  
FIG01201544: hypothetical protein  
membrane protein, putative  
FIG01202089: hypothetical protein  
FIG01200620: hypothetical protein  
FIG01200576: hypothetical protein  
FIG01199551: hypothetical protein  
Transcriptional activator MetR  
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase (EC 2.1.1.14)  
FIG01199776: hypothetical protein  
YciL protein  
Acyl-CoA thioesterase YciA, involved in membrane biogenesis  
Intracellular septation protein IspA  
Mu-like prophage protein gp16  
Autoinducer 1 sensor kinase/phosphatase LuxN (EC 2.7.3.-) (EC 3.1.3.-)  
N-(3-hydroxybutanoyl)-L-homoserine lactone synthase LuxM  
hypothetical protein  
Proton/glutamate symporter  
Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)  
Tryptophan synthase beta chain (EC 4.2.1.20)  
Indole-3-glycerol phosphate synthase (EC 4.1.1.48) / Phosphoribosylanthranilate isomerase (EC 5.3.1.24)  
Anthranilate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.18)  
Anthranilate synthase, amidotransferase component (EC 4.1.3.27)  
Anthranilate synthase, aminase component (EC 4.1.3.27)  
Trp operon leader peptide  
COG0613, Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)  
YciO family  
FIG01202874: hypothetical protein  
Ribosomal large subunit pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2605  
FIG01200219: hypothetical protein  
Translation elongation factor P-related protein  
FIG01201138: hypothetical protein  
DNA polymerase II (EC 2.7.7.7)  
BarA-associated response regulator UvrY (= GacA = SirA)  
Excinuclease ABC subunit C  
CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)

CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)  
Predicted acyltransferase  
UDP-N-acetylenopolypyrrovoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)  
Biotin-protein ligase (EC 6.3.4.15) / Biotin operon repressor  
Pantothenate kinase (EC 2.7.1.33)  
Translation elongation factor Tu  
Preprotein translocase subunit SecE (TC 3.A.5.1.1)  
Transcription antitermination protein NusG  
LSU ribosomal protein L11p (L12e)  
LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)  
LSU ribosomal protein L10p (P0)  
LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)  
FIG01200696: hypothetical protein  
Regulator of sigma D  
NADH pyrophosphatase (EC 3.6.1.22)  
FIG01199644: hypothetical protein  
FIG01201990: hypothetical protein  
Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)  
Hypothetical protein VC0266 (sugar utilization related?)  
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)  
FIG01200171: hypothetical protein  
CBS-domain containing protein  
DNA-binding protein HU-alpha  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)  
Phosphoribosylamine--glycine ligase (EC 6.3.4.13)  
IMP cyclohydrolase (EC 3.5.4.10) / Phosphoribosylaminoimidazolecarboxamide formyltransferase (EC 2.1.2.3)  
HTH-type transcriptional regulator zntR  
Transcriptional activator of cad operon  
Lysine/cadaverine antiporter membrane protein CadB  
Lysine decarboxylase (EC 4.1.1.18)  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
FIG01202448: hypothetical protein  
FIG01201751: hypothetical protein  
FIG01200946: hypothetical protein  
COG3530: Uncharacterized protein conserved in bacteria  
lipoprotein, putative  
FIG01200482: hypothetical protein  
Type III effector HopPmaJ  
Alkaline phosphatase (EC 3.1.3.1)  
Pterin-4-alpha-carbinolamine dehydratase (EC 4.2.1.96)  
Phenylalanine-4-hydroxylase (EC 1.14.16.1)  
Acetoacetyl-CoA synthetase (EC 6.2.1.16)  
SAM-dependent methyltransferase  
Transcriptional regulator  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
FIG01199963: hypothetical protein

Sigma cross-reacting protein 27A  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
PQQ-dependent oxidoreductase, gdhB family  
Muramoyltetrapeptide carboxypeptidase (EC 3.4.17.13)  
Predicted phosphatases  
Non-specific DNA-binding protein Dps / Iron-binding ferritin-like antioxidant protein / Ferroxidase (EC 1.16.3.1)  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
FIG01202450: hypothetical protein  
RTX toxins and related Ca<sup>2+</sup>-binding proteins  
FIG01200670: hypothetical protein  
HlyD family secretion protein  
putative sensory box sensor histidine kinase/response regulator  
Outer membrane efflux protein  
ABC transporter protein  
FIG01200333: hypothetical protein  
FIG01201390: hypothetical protein  
RNA polymerase sigma factor RpoS  
FIG01200794: hypothetical protein  
ABC transporter ATP-binding protein  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
ABC-type transport system, involved in lipoprotein release, permease component  
Outer membrane lipoprotein-sorting protein  
Extracellular solute-binding protein, family 3/GGDEF domain protein  
Uncharacterized conserved protein  
Uncharacterized protein conserved in bacteria  
Cold shock protein CspE  
YaeQ protein  
FIG01200682: hypothetical protein  
Maltose O-acetyltransferase (EC 2.3.1.79)  
Colicin V secretion ABC transporter ATP-binding protein  
secretion protein HlyD  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Biofilm PGA synthesis N-glycosyltransferase PgaC (EC 2.4.-.-)  
MchC protein  
FIG01200954: hypothetical protein  
putative conjugative transfer protein TraY  
Bores hole in peptidoglycan layer allowing type IV secretion complex assembly to occur (VirB1)  
Bores hole in peptidoglycan layer allowing type IV secretion complex assembly to occur (VirB1)  
hypothetical protein  
LysR family transcriptional regulatory protein  
3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)  
hypothetical protein  
DNA repair protein RadC  
Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)  
hypothetical protein  
Bifunctional protein: zinc-containing alcohol dehydrogenase; quinone oxidoreductase ( NADPH:quinone reductase) (EC 1.1.1.-); Similar to arg  
hypothetical protein  
Oligopeptide transport ATP-binding protein OppF (TC 3.A.1.5.1)

Oligopeptide transport ATP-binding protein OppD (TC 3.A.1.5.1)  
Oligopeptide transport system permease protein OppC (TC 3.A.1.5.1)  
Dipeptide transport system permease protein DppB (TC 3.A.1.5.2)  
Dipeptide-binding ABC transporter, periplasmic substrate-binding component (TC 3.A.1.5.2)  
hypothetical protein  
MoxR-like ATPase  
Outer membrane receptor protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Acetyltransferase  
hypothetical membrane protein  
CcdA protein (antitoxin to CcdB)  
CcdB toxin protein  
FIG01205977: hypothetical protein  
FIG01061966: hypothetical protein  
Maleylacetoacetate isomerase (EC 5.2.1.2) / Glutathione S-transferase  
FIG00291350: hypothetical protein  
MaoC domain protein dehydratase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative integral membrane protein  
integrase  
Glutaredoxin  
Protein F-related protein  
Thiol-disulfide isomerase  
FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase / Macrophage infectivity potentiator  
hypothetical protein  
P pilus assembly protein, porin PapC  
P pilus assembly protein, chaperone PapD  
hypothetical protein  
Putative response regulator  
Putative phosphatase YqaB  
Hypothetical protein YaeJ with similarity to translation release factor  
Methyl-accepting chemotaxis protein I (serine chemoreceptor protein)  
RND efflux system, inner membrane transporter CmeB  
RND efflux system, membrane fusion protein CmeA  
dCMP deaminase (EC 3.5.4.12)  
Tripeptide aminopeptidase (EC 3.4.11.4)  
FIG01201798: hypothetical protein  
FIG01201798: hypothetical protein  
FIG01202194: hypothetical protein  
Nitrate/nitrite response regulator protein  
Nitrate/nitrite sensor protein (EC 2.7.3.-)  
Ferredoxin-type protein NapF (periplasmic nitrate reductase)  
Periplasmic nitrate reductase component NapD  
Periplasmic nitrate reductase precursor (EC 1.7.99.4)  
Nitrate reductase cytochrome c550-type subunit  
Cytochrome c-type protein NapC  
FIG01200212: hypothetical protein

hypothetical protein  
Polyhydroxyalkanoic acid synthase  
FIG01200545: hypothetical protein  
Acetyl-CoA acetyltransferase (EC 2.3.1.9)  
Acetoacetyl-CoA reductase (EC 1.1.1.36)  
Putative RTX toxin  
Uncharacterized conserved membrane protein  
Accessory colonization factor AcfD precursor  
FIG01201698: hypothetical protein  
Sugar transferase SypR involved in lipopolysaccharide synthesis  
Glycosyltransferase SypQ  
Glycosyltransferase SypP  
Polysaccharide biosynthesis chain length regulator SypO  
Glycosyltransferase SypN  
Membrane protein SypL involved in exopolysaccharide production  
Oligosaccharide translocase SypK  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypJ  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypI  
Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) SypH  
Sigma-54 dependent transcriptional regulator SypG  
Signal transduction histidine kinase SypF  
Predicted protein SypD  
Periplasmic protein SypC involved in polysaccharide export  
Outer membrane protein SypB  
Anti anti-sigma regulatory factor SypA  
hypothetical protein  
ATP-dependent DNA ligase  
FIG01199951: hypothetical protein  
Multidrug resistance protein norM  
Lumazine protein, riboflavin synthase homolog  
FIG01200464: hypothetical protein  
Fructosamine kinase family protein, At3g61080 homolog  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
diguanylate cyclase (GGDEF domain) with PAS/PAC sensor  
hypothetical protein  
Type IIA topoisomerase, B subunit  
Lipoprotein NlpC  
Putative methyl-accepting chemotaxis protein VC1535  
MutT/nudix family protein  
FIG01200221: hypothetical protein  
FIG01204342: hypothetical protein  
FIG01202850: hypothetical protein  
FIG01201773: hypothetical protein  
hypothetical protein  
Possible sterol desaturase  
Putative cytoplasmic protein  
ROK family protein  
FIG01200346: hypothetical protein  
Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobB / Molybdopterin biosynthesis protein MoeA



Molybdopterin-guanine dinucleotide biosynthesis protein MobA  
ABC-type tungstate transport system, ATP-binding protein  
ABC-type tungstate transport system, permease protein  
ABC-type tungstate transport system, periplasmic binding protein  
Sigma-54 dependent response regulator  
Signal transduction histidine kinase  
Potassium efflux system KefA protein / Small-conductance mechanosensitive channel  
Cdc6-related protein  
ABC transporter, ATP-binding protein  
Formate dehydrogenase chain D (EC 1.2.1.2)  
FIG01199563: hypothetical protein  
FIG01199721: hypothetical protein  
Iron-sulfur cluster-binding protein  
Putative formate dehydrogenase-specific chaperone  
Formate dehydrogenase subunit or accessory protein  
Formate dehydrogenase-O, major subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase-O, iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2); Putative formate dehydrogenase iron-sulfur subunit (EC 1.2.1.2)  
Formate dehydrogenase -O, gamma subunit (EC 1.2.1.2)  
FIG01200211: hypothetical protein  
NAD-dependent protein deacetylase of SIR2 family  
Transaldolase (EC 2.2.1.2)  
Transcriptional regulator, SorC family  
Chitinase (EC 3.2.1.14)  
Sensory box/GGDEF family protein  
Rhodanese-related sulfurtransferase  
FIG01201219: hypothetical protein  
FIG01202161: hypothetical protein  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeB  
Molybdopterin biosynthesis protein MoeA  
GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 1  
FIG01201002: hypothetical protein  
Tellurite resistance protein  
H(+)/Cl(-) exchange transporter ClcA  
FIG01200466: hypothetical protein  
FIG01202129: hypothetical protein  
Oxidoreductase, aldo/keto reductase family  
Chemotaxis protein CheC -- inhibitor of MCP methylation  
FIG01200821: hypothetical protein  
YjeF protein, function unknown  
GMP reductase (EC 1.7.1.7)  
FIG01207340: hypothetical protein  
FIG01207340: hypothetical protein  
COGs COG2378  
Type I restriction-modification system, DNA-methyltransferase subunit M (EC 2.1.1.72)  
Type I restriction-modification system, specificity subunit S (EC 3.1.21.3)  
FIG01200429: hypothetical protein  
FIG01200742: hypothetical protein  
Type I restriction-modification system, restriction subunit R (EC 3.1.21.3)  
putative helicase (Snf2 family)

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
Putative 2-component regulator  
von Willebrand factor, type A  
FIG01065592: hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01056875: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, LysR family  
Flp pilus assembly protein, pilin Flp  
Flp pilus assembly protein RcpC/CpaB  
Type II/IV secretion system secretin RcpA/CpaC, associated with Flp pilus assembly  
FIG01205343: hypothetical protein  
Type II/IV secretion system ATPase TadZ/CpaE, associated with Flp pilus assembly  
Type II/IV secretion system ATP hydrolase TadA/VirB11/CpaF, TadA subfamily  
Flp pilus assembly protein TadB  
Type II/IV secretion system protein TadC, associated with Flp pilus assembly  
Flp pilus assembly protein TadD, contains TPR repeat  
Flp pilus assembly membrane protein TadE  
Flp pilus assembly surface protein TadF, ATP/GTP-binding motif  
Protein TadG, associated with Flp pilus assembly  
Outer membrane lipoprotein precursor, OmpA family  
FIG01203296: hypothetical protein  
FIG01199865: hypothetical protein  
D-alanine-D-alanine ligase  
FIG01200156: hypothetical protein  
FIG01200195: hypothetical protein  
Putative hemolysin  
GAF domain, putative  
Xaa-Pro dipeptidase (EC 3.4.13.9)  
FIG01206975: hypothetical protein  
FIG01207245: hypothetical protein  
diguanylate cyclase (GGDEF domain)  
FIG00361437: hypothetical protein  
HTH-type transcriptional regulator BetI  
Betaine aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.8)  
Choline dehydrogenase (EC 1.1.99.1)  
L-proline glycine betaine binding ABC transporter protein ProX (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProW (TC 3.A.1.12.1)  
L-proline glycine betaine ABC transport system permease protein ProV (TC 3.A.1.12.1)  
Oxygen-insensitive NAD(P)H nitroreductase (EC 1.-.-.-) / Dihydropteridine reductase (EC 1.5.1.34)  
FIG01201389: hypothetical protein  
Putative stomatin/prohibitin-family membrane protease subunit aq\_911  
Putative membrane-bound ClpP-class protease associated with aq\_911  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
hypothetical protein  
ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC\_3.A.1.11.1)  
Spermidine Putrescine ABC transporter permease component PotB (TC 3.A.1.11.1)

Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)  
Probable proline and glycine rich transmembrane protein gene in bax  
Putative Bax protein  
Hypothetical protein, bax gene locus  
tRNA(Cytosine32)-2-thiocytidine synthetase  
Universal stress protein UspA  
hypothetical protein  
Fumarate and nitrate reduction regulatory protein  
Heavy-metal-associated domain (N-terminus) and membrane-bounded cytochrome biogenesis cysZ-like domain, possible membrane copper  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoS, involved in heme b insertion  
Type cbb3 cytochrome oxidase biogenesis protein CcoI; Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)  
Putative analog of CcoH, COG3198  
Cytochrome c oxidase subunit CcoP (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoQ (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoO (EC 1.9.3.1)  
Cytochrome c oxidase subunit CcoN (EC 1.9.3.1)  
FIG01199584: hypothetical protein  
FIG01200925: hypothetical protein  
Signal transduction histidine kinase  
putative phage integrase family protein  
hypothetical protein  
Phage Integrase  
hypothetical protein  
FIG01062502: hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
3'-to-5' oligoribonuclease (orn)  
Ribosome small subunit-stimulated GTPase EngC  
Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)  
Transporter, putative  
Methyl-accepting chemotaxis protein  
Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily  
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)  
FIG136845: Rhodanese-related sulfurtransferase  
Protein export cytoplasm chaperone protein (SecB, maintains protein to be exported in unfolded state)  
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+] (EC 1.1.1.94)  
Serine acetyltransferase (EC 2.3.1.30)  
Cell wall endopeptidase, family M23/M37  
FIG01202076: hypothetical protein  
Transcriptional regulator, TetR family  
FIG01203844: hypothetical protein  
Lysyl-tRNA synthetase-related protein  
Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit (EC 1.3.99.1)  
Succinate dehydrogenase iron-sulfur protein (EC 1.3.99.1)  
Fumarate reductase subunit C  
Fumarate reductase subunit D  
Nitroreductase family protein  
FIG01199760: hypothetical protein  
Translation elongation factor P

Lysine 2,3-aminomutase (EC 5.4.3.2)  
membrane protein  
Uncharacterized low-complexity protein  
Heat shock protein 60 family chaperone GroEL  
Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES  
Na<sup>+</sup>-driven multidrug efflux pump  
6-phosphofructokinase (EC 2.7.1.11)  
Cobalt-zinc-cadmium resistance protein  
P pilus assembly/Cpx signaling pathway, periplasmic inhibitor/zinc- resistance associated protein  
Copper-sensing two-component system response regulator CpxR  
Copper sensory histidine kinase CpxA  
Manganese superoxide dismutase (EC 1.15.1.1)  
tRNA (cytosine<sup>34</sup>-2'-O<sup>39</sup>)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
FxsA protein  
Aspartate ammonia-lyase (EC 4.3.1.1)  
C4-dicarboxylate transporter DcuA  
Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD, protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)  
Transcriptional regulator, LuxR family  
Multiple antibiotic resistance protein marC  
FIG01200114: hypothetical protein  
Acetate permease ActP (cation/acetate symporter)  
FIG01201380: hypothetical protein  
FIG01201067: hypothetical protein  
Fumarate hydratase class II (EC 4.2.1.2)  
Sensor histidine kinase  
Probable 3-phenylpropionic acid transporter  
Predicted signal-transduction protein  
DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)  
Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)  
3-dehydroquinate dehydratase II (EC 4.2.1.10)  
Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase  
Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)  
Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)  
tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.-)  
DNA-binding protein Fis  
FOG: GGDEF domain  
hypothetical protein  
Phage integrase  
phage integrase family protein  
FIG01200721: hypothetical protein  
putative exoenzyme S synthesis protein C precursor  
Transposase  
GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF  
Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)  
Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)  
4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D-erythritol kinase (EC 2.7.1.148)  
Outer membrane lipoprotein LolB precursor  
Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)  
Peptide chain release factor 1

Methylase of polypeptide chain release factors

FIG002082: Protein sirB2

FIG002708: Protein SirB1

2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)

hypothetical protein

UDP-sugar hydrolase (EC 3.6.1.45); 5'-nucleotidase (EC 3.1.3.5)

YbaK family protein

Ribosomal large subunit pseudouridine synthase F (EC 4.2.1.70) ## LSU Psi2604

FIG01199547: hypothetical protein

FIG01201311: hypothetical protein

hypothetical protein

FIG01200462: hypothetical protein

FIG01199637: hypothetical protein

Beta-hexosaminidase (EC 3.2.1.52)

FIG01200460: hypothetical protein

CopG protein

Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)

membrane protein

FIG01199635: hypothetical protein

Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.17)

Outer membrane protein A precursor

Hypothetical protein, specific for Vibrio

Flagellar protein FlgT

hypothetical protein

Flagellar protein FlgO

Flagellar protein FlgP

Flagellar biosynthesis protein FlgN

Negative regulator of flagellin synthesis FlgM

Flagellar basal-body P-ring formation protein FlgA

Chemotaxis protein CheV (EC 2.7.3.-)

Chemotaxis protein methyltransferase CheR (EC 2.1.1.80)

Flagellar basal-body rod protein FlgB

Flagellar basal-body rod protein FlgC

Flagellar basal-body rod modification protein FlgD

Flagellar hook protein FlgE

Flagellar basal-body rod protein FlgF

Flagellar basal-body rod protein FlgG

Flagellar L-ring protein FlgH

Flagellar P-ring protein FlgI

Flagellar protein FlgJ [peptidoglycan hydrolase] (EC 3.2.1.-)

Flagellar hook-associated protein FlgK

Flagellar hook-associated protein FlgL

Flagellin protein FlaC

hypothetical protein

hypothetical protein

hypothetical protein

hypothetical protein

pentapeptide repeat protein

hypothetical protein

hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
putative reverse transcriptase  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
StbE replicon stabilization toxin  
StbD replicon stabilization protein (antitoxin to StbE)  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
hypothetical protein  
FIG01200031: hypothetical protein  
tRNA-Ala-TGC  
tRNA-Val-TAC  
5S RNA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Leu-GAG  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Tyr-GTA  
tRNA-Asp-GTC  
5S RNA  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Gly-GCC  
tRNA-Val-GAC  
tRNA-Val-GAC  
tRNA-Leu-TAA  
tRNA-Cys-GCA  
tRNA-Met-CAT  
tRNA-Leu-CAA  
tRNA-Arg-TCT  
tRNA-Ser-GCT  
tRNA-Ser-TGA  
5S RNA  
tRNA-Asp-GTC  
tRNA-Arg-CCG  
tRNA-His-GTG  
Large Subunit Ribosomal RNA; IsuRNA; LSU rRNA  
Large Subunit Ribosomal RNA; IsuRNA; LSU rRNA  
Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA  
tRNA-Pro-TGG  
tRNA-Met-CAT

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Gly-TCC

tRNA-Arg-ACG

tRNA-Ser-GGA

tRNA-Ala-GGC

tRNA-Glu-TTC

tRNA-Val-TAC

tRNA-Leu-GAG

tRNA-Phe-GAA

tRNA-Thr-TGT

tRNA-Phe-GAA

tRNA-Asn-GTT

tRNA-Phe-GAA

tRNA-Thr-TGT

tRNA-Asn-GTT

tRNA-Asp-GTC

5S RNA

tRNA-Thr-GGT

tRNA-Leu-TAG

tRNA-Met-CAT

tRNA-Leu-TAG

tRNA-Trp-CCA

tRNA-Asp-GTC

5S RNA

Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA

tRNA-Asn-GTT

tRNA-Cys-GCA

tRNA-Asp-GTC

tRNA-Trp-CCA

tRNA-Thr-TGT

tRNA-Tyr-GTA

tRNA-Gly-TCC

tRNA-Thr-GGT

Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA

tRNA-Met-CAT

tRNA-Ala-TGC

tRNA-Gly-GCC

tRNA-Gly-GCC

5S RNA

tRNA-Leu-TAG

tRNA-Met-CAT

tRNA-Pro-TGG

tRNA-Arg-CCT

tRNA-Leu-TAG

tRNA-Ala-TGC

tRNA-Ser-TGA

tRNA-Ile-GAT

tRNA-Ala-TGC

Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA

tRNA-Glu-TTC  
tRNA-Ile-GAT  
tRNA-Met-CAT



## Subsystem

---

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Dehydrogenase complexes

Folate Biosynthesis; <br>Translation initiation factors bacterial

RNA methylation

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

CBSS-360102.4.peg.4134

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

CBSS-360102.4.peg.4134

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis; <br>Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversion

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Cold shock, CspA family of proteins

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD; Flavodoxin

Universal GTPases; <br>mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>RNA modification CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

tRNA processing; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD; <br>Ribosome LSU bacterial CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA replication cluster 1; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

tRNA aminoacylation, Gly

tRNA aminoacylation, Gly

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta  
Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydro

- none -

Potassium homeostasis

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

CBSS-87626.3.peg.3639; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Copper homeostasis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Ubiquinone Biosynthesis; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

Twin-arginine translocation system

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteasome Related YcfH

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Phosphate metabolism

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Ubiquinone Biosynthesis

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

Ubiquinone Biosynthesis

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

cAMP signaling in bacteria

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication

- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

Universal GTPases

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

Threonine degradation; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Glycine Biosynthesis

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
- none -  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
RNA polymerase bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo  
Ubiquinone Biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
EC49-61; <br>CBSS-326442.4.peg.1852  
EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial  
Universal stress protein family  
TRAP Transporter unknown substrate 9  
TRAP Transporter unknown substrate 9  
Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation  
Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis  
Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868  
Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868  
Universal GTPases; <br>CBSS-176279.3.peg.868  
- none -  
CBSS-316275.9.peg.382  
CBSS-316275.9.peg.382  
EC49-61; <br>Folate Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
EC49-61  
EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>ECSIG4-SIG7; <br>RNA methylation  
EC49-61; <br>ECSIG4-SIG7; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>EC49-61; <br>Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7  
EC49-61; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7  
EC49-61  
- none -  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

DNA-replication

Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

Bacterial Chemotaxis

Oxidative stress; <br>Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine conversions

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Universal GTPases; <br>Translation elongation factor G family

- none -

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

RNA processing and degradation, bacterial

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

- none -

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

GroEL GroES

GroEL GroES

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization

- none -

Teichuronic acid biosynthesis; <br>Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

Exopolysaccharide Biosynthesis

Teichuronic acid biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Teichuronic acid biosynthesis

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII

- none -

- none -

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

Teichuronic acid biosynthesis

Mannose Metabolism; <br>Alginate metabolism

Mannose Metabolism; <br>Alginate metabolism

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Rhamnose containing glycans; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Rhamnose containing glycans; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-266117.6.peg.1260

- none -

DNA Repair Base Excision

- none -
- none -
- none -

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

DNA repair, bacterial

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Coenzyme A Biosynthesis

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>CBSS-243265.1.peg.198

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Xanthine Metabolism in Bacteria; <br>Purine Utilization

- none -

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

tRNA processing; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-323097.3.peg.2594

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

Purine conversions; <br>CBSS-323097.3.peg.2594

RNA polymerase bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>CBSS-176299.4.peg.1292; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

RNA methylation

- none -

CBSS-342610.3.peg.283; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase

tRNA processing; <br>CBSS-342610.3.peg.283

Universal GTPases

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Glutamine synthetases; <br>Peptidoglycan biosynthesis

- none -

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation

- none -

Purine conversions

- none -

- none -

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Universal stress protein family

- none -

Universal stress protein family

CBSS-342610.3.peg.1536

- none -

Integrans

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms



Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Pentose phosphate pathway

Pentose phosphate pathway

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage capsid proteins

- none -

Phage capsid proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Purine conversions

Purine conversions

- none -
- none -
- none -

CBSS-216591.1.peg.168

- none -
- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -
- none -

Lysine degradation

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Zinc regulated enzymes; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid  
Polyamine Metabolism; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -
- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial  
RNA processing and degradation, bacterial

- none -
- none -
- none -
- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

tRNA aminoacylation, Met

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

- none -
- none -
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

Lactose utilization

Lactose utilization

Lactose utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

- none -

- none -

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Flagellar motility

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

Glutaredoxins

- none -

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System; <br>AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -  
- none -

Ribosome LSU bacterial

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

tRNA aminoacylation, Arg

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

- none -

Glutaredoxins

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

EC699-706; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

SeqA and Co-occurring Genes; <br>Glycogen metabolism

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes

- none -

Flavodoxin

- none -

Oxidative stress; <br>Transport of Iron

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Transcription factors bacterial

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

DNA structural proteins, bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial; <br>cAMP signaling in bacteria

Bacterial Cell Division

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Purine conversions

Protein chaperones

- none -

- none -

- none -

Persister Cells

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

Copper homeostasis

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Comp

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Glutaredoxins

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

Pentose phosphate pathway; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>De Novo Purine Biosynthesis

Translation termination factors bacterial; <br>Sporulation-associated proteins with broader functions; <br>Cell division-ribosomal stress prote

Universal GTPases

- none -

tRNA processing; <br>Methylthiotransferases

Phosphate metabolism

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism; <br>Lipoprotein Biosynthesis

- none -

CBSS-208964.1.peg.3988; <br>tRNA aminoacylation, Leu

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

CBSS-208964.1.peg.3988; <br>DNA-replication

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan Biosynthesis

Murein Hydrolases; <br>CBSS-84588.1.peg.1247; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Lipoic acid metabolism

Lipoic acid metabolism; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis

- none -

Purine conversions

Purine Utilization

Dipeptidases (EC 3.4.13.-); <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

DNA repair, bacterial

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes



Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Broadly distributed proteins not in subsystems; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-339671.5.peg.589; <br>Glutaredoxins  
RNA methylation  
CBSS-339671.5.peg.589  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
- none -  
Coenzyme A Biosynthesis; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
- none -  
- none -  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
DNA repair, bacterial  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
CBSS-1085.1.peg.1363  
- none -  
Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)  
Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
Transcription factors bacterial  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>riboflavin to FAD  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism  
Ribonucleotide reduction  
- none -  
- none -  
Accessory colonization factor  
Glycine cleavage system; <br>Serine Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Serine-glyoxylate cycle  
- none -  
- none -  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
- none -  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis  
Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation  
Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation  
Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation  
- none -  
tRNA aminoacylation, Pro; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminy transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminy transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminy transferase

- none -

- none -

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification position 34

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

Transcription initiation, bacterial sigma factors

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

Hfl operon

- none -

Persister Cells

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

tRNA aminoacylation, Asp and Asn

tRNAmodification position 34

tRNAmodification position 34

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, UvrABC system

- none -

Lysine degradation

Lysine degradation

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>

- none -

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

- none -

Universal GTPases

D-galactonate catabolism

D-galactonate catabolism

D-galactonate catabolism

TRAP Transporter collection

TRAP Transporter collection

TRAP Transporter collection

D-galactonate catabolism

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Entner-Doudoroff Pathway

- none -

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

TCA Cycle

- none -

Mannose Metabolism

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -
- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -
- none -

Ton and Tol transport systems

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -
- none -
- none -
- none -

Bacterial Chemotaxis

Purine Utilization

- none -
- none -

- none -

- none -

DedA family of inner membrane proteins

- none -

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Single-Rhodanese-domain proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannose Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

EC699-706; <br>Proton-dependent Peptide Transporters

Proton-dependent Peptide Transporters

Phage shock protein (psp) operon

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>mn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-84588.1.peg.1247

- none -

- none -

- none -

- none -

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit; <br>Ton and Tol transport systems; <br>Ton and Tol transport systems

CBSS-316057.3.peg.659

CBSS-316057.3.peg.659

- none -

- none -

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

- none -

- none -

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

DNA repair, bacterial

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

- none -



- none -

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Transport of Iron

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

- none -

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization; <br>Osmoregulation

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

Protection from Reactive Oxygen Species

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>

- none -

- none -

Bile hydrolysis

- none -

- none -

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

pyrimidine conversions; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>tRNA aminoacylation, Ser

- none -

- none -

Purine conversions

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Peptide methionine sulfoxide reductase

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Ba

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

tRNA processing

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

DNA Repair Base Excision

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Murein Hydrolases

Heat shock dnaK gene cluster extended

DNA repair, bacterial

RNA methylation

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Queuosine-Archaeosine B

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphata

- none -

CBSS-630.2.peg.3360

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Phosphate metabolism

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis; <br>A Hypothetical Protein Related to Pr

CBSS-630.2.peg.3360; <br>A Hypothetical Protein Related to Proline Metabolism

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Pentose phosphate pathway

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Glycolysis and Gluconeogenesis

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

Flavodoxin

- none -

Periplasmic disulfide interchange

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

Translation termination factors bacterial; <br>Programmed frameshift; <br>Programmed frameshift

tRNA aminoacylation, Lys

- none -

DNA repair, bacterial

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-364106.7.peg.3204

CBSS-364106.7.peg.3204

- none -

Lipoprotein Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

CBSS-208964.1.peg.1768

Phosphate metabolism; <br>NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

- none -

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

Ribosome SSU bacterial

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Glutaredoxins; <br>riboflavin to FAD; <br>riboflavin to

tRNA aminoacylation, Ile

Lipoprotein Biosynthesis; <br>Signal peptidase

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

Murein Hydrolases; <br>CBSS-84588.1.peg.1247; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Bacterial Cell Division

Bacterial Cell Division; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Folate Biosynthesis

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

NusA-TFII Cluster; <br>Transcription factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>Universal GTPases; <br>NusA-TFII Cluster; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>NusA-TFII Cluster; <br>RNA processing and degradation, bacterial; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>tRNA processing

Ribosome SSU bacterial

Polyadenylation bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

Ribosome biogenesis bacterial

Translation termination factors bacterial

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>YcfH

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Lipid A modifications

Lipid A modifications

Lipid A modifications

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>DNA repair, bacterial

Translation elongation factor G family

- none -

pyrimidine conversions; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Creatine and Creatinine Degradation

Creatine and Creatinine Degradation

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein; <br>DNA repair, bacterial MutL-MutS system

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial; <br>DNA

tRNA aminoacylation, Ala

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Carbon storage regulator; <br>Carbon Starvation

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

Alanine biosynthesis; <br>mn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-84588.1.peg.1247

- none -

- none -

Murein Hydrolases

- none -

Arginine Biosynthesis extended

- none -

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

- none -

Resistance to chromium compounds

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -

Type IV pilus

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

RNA methylation; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>mnm5U34 biosynthesis bacteria

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Glutaredoxins; <br>Protein chaperones; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Glutaredoxins; <br>Protein chaperones

Alanine biosynthesis; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

pyrimidine conversions; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Purine conversions

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>RNA methylation

CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>CBSS-498211.3.peg.1415

tRNA aminoacylation, His; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Histidine Biosynthesis

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Universal GTPases; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

Purine conversions

Purine conversions

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

DNA-replication

- none -

DNA repair, bacterial DinG and relatives

- none -

- none -

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis;

Histidine Biosynthesis

Zinc regulated enzymes; <br>Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Ribosome biogenesis bacterial

- none -

- none -

CBSS-211586.9.peg.2729; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Chorismate: Intermedi

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

- none -

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Beta-lactamase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

Sialic Acid Metabolism; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Osmoregulation

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>A Cluster-Based

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

Respiratory dehydrogenases 1

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecBCD pathway

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Carbon Starvation; <br>Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

CBSS-228400.4.peg.1623

CBSS-228400.4.peg.1623

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Zinc regulated enzymes; <br>Queuosine-Archaosine Biosynthesis

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <br>

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Transport of Iron

- none -

Transport of Iron

- none -

Glutathione: Non-redox reactions; <br>CBSS-228400.4.peg.1623

- none -

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Ubiquinone Biosynthesis

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits; <br>Cell Division Subsystem

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

tRNA aminoacylation, Thr

Translation initiation factors bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

tRNA aminoacylation, Phe

tRNA aminoacylation, Phe

DNA structural proteins, bacterial

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

DNA repair, bacterial

- none -
- none -
- none -
- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -
- none -
- none -
- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -
- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -
- none -
- none -
- none -

Biphenyl Degradation

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

- none -
- none -

DNA repair, bacterial UmuCD system

DNA repair, bacterial UmuCD system

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate

- none -
- none -
- none -

RNA methylation

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

CBSS-211586.1.peg.2357

CBSS-211586.1.peg.2357; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

CBSS-211586.1.peg.2357

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

Glutamate dehydrogenases; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

- none -

Persister Cells; <br>Ribosome activity modulation

Fatty Acid Biosynthesis FASII

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Oxidative stress

Universal stress protein family

CBSS-326442.4.peg.1852

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Anaerobic respiratory reductases; <br>Formate hydrogenase

Formate hydrogenase; <br>Formate hydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase

Formate hydrogenase

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as

- none -

- none -

Formate hydrogenase

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

CBSS-521098.4.peg.1460

CBSS-521098.4.peg.1460

- none -

EC699-706; <br>CBSS-279010.5.peg.587

EC699-706; <br>CBSS-279010.5.peg.587

EC699-706; <br>CBSS-279010.5.peg.587

CBSS-279010.5.peg.587

- none -

- none -

Beta-lactamase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Single-Rhodanese-domain proteins

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

- none -

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Lysine degradation

- none -

Lysine degradation

- none -

cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -

- none -

- none -

Arginine Biosynthesis extended

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

Translation initiation factors bacterial

- none -

- none -

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -
- none -
- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Universal GTPases

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Tolerance to colicin E2

Flavo-haemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

Maltose and Maltodextrin Utilization

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Pyruvate metabolism I: anaerobic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

Murein Hydrolases; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>Recycling of Peptidoglycan

Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

Bacterial Cytoskeleton; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -
- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Osmoregulation

Uptake of selenate and selenite; <br>DedA family of inner membrane proteins

Pentose phosphate pathway; <br>D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Fermentations: Lactate; <br>Pentose phosphate pathway; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -
- none -
- none -
- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -
- none -
- none -

Nitrosative stress; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

- none -
- none -

Orphan regulatory proteins; <br>Lipid A modifications

- none -

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation

MukBEF Chromosome Condensation

KDO2-Lipid A biosynthesis

Broadly distributed proteins not in subsystems

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

- none -

Phosphate metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Muconate lactonizing enzyme family; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

Purine conversions

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA processing cluster; <br>DNA-replication

DNA processing cluster

DNA processing cluster; <br>DNA-replication

DNA processing cluster; <br>DNA-replication

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>cAMP signaling in bacteria; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

DNA-binding regulatory proteins, strays

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

tRNAmodification position 34

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Serine-glyoxylate cycle; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

DNA repair, UvrABC system

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule; <br>Glycogen metabolism

- none -

Rhamnose containing glycans

- none -

- none -

- none -

- none -

Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cell Division; <br>RNA processing and degradation, bacterial  
CBSS-354.1.peg.2917  
CBSS-354.1.peg.2917  
CBSS-354.1.peg.2917; <br>Putative TldE-TldD proteolytic complex  
Putative TldE-TldD proteolytic complex  
Putative TldE-TldD proteolytic complex  
- none -  
Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Glutaredoxins  
- none -  
Lipopolysaccharide assembly cluster  
Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Ribosome activity modulation  
Flagellum; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility  
Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster  
Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions  
CBSS-176299.4.peg.1996A  
De Novo Pyrimidine Synthesis  
De Novo Pyrimidine Synthesis  
Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation  
Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation  
RNA processing and degradation, bacterial  
- none -  
CBSS-208964.1.peg.3826; <br>tRNA aminoacylation, Val  
DNA-replication; <br>CBSS-208964.1.peg.3826  
Aminopeptidases (EC 3.4.11.-); <br>CBSS-208964.1.peg.3826; <br>Dehydrogenase complexes  
CBSS-208964.1.peg.3826  
CBSS-208964.1.peg.3826  
- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

- none -

Triacylglycerol metabolism

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases  
pyrimidine conversions

- none -
- none -
- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -
- none -
- none -
- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism

- none -

pyrimidine conversions; <br>pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine

- none -
- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>RNA methylation

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -
- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

pyrimidine conversions; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

DNA Repair Base Excision

- none -
- none -
- none -
- none -

Osmoregulation

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -



- none -

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

D-ribose utilization

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Leucine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Coenzyme B12 biosynthesis

RNA methylation

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Flagellum

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Single-Rhodanese-domain proteins; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Bacterial Cell Division

Bacterial Cell Division

Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Coenzyme A Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Lipoic acid metabolism

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

Folate Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

Dipeptidases (EC 3.4.13.-)

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- none -

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -
- none -
- none -
- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization  
Sialic Acid Metabolism

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization  
N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -
- none -
- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hyd

- none -

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Polyamine Metabolism

- none -

- none -

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

- none -

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hyd

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

Alginate metabolism

Alginate metabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

- none -

Alginate metabolism

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline metabolism

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

- none -

- none -

- none -

Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavodoxin; <br>Flavodoxin

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Nitrosative stress

Nitrosative stress

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

Arsenic resistance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Arginine and Ornithine Degradation



- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline, 4-

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-345074.3.peg.1627

CBSS-345074.3.peg.1627

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

- none -

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

- none -

- none -

- none -

EC699-706; <br>DNA repair, bacterial photolyase

EC699-706; <br>DNA repair, bacterial photolyase

EC699-706

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to c

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -

- none -

Bile hydrolysis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydroxybutyrate

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Glutaredoxins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

16S rRNA modification within P site of ribosome

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

- none -

Mannose Metabolism; <br>Alginate metabolism

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Lipoic acid metabolism

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

CBSS-246196.1.peg.364

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway

Translation termination factors bacterial

- none -

RNA methylation

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Lipoic acid metabolism; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein; <br>Methionine D

Dehydrogenase complexes

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Type IV pilus

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>Type IV pilus

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-562.2.peg.633

- none -

CBSS-349966.3.peg.197

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-349966.3.peg.197; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

cell division core of larger cluster; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division cluster containing FtsQ  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
CBSS-160492.1.peg.550; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
CBSS-160492.1.peg.550  
CBSS-160492.1.peg.550  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>CBSS-160492.1.peg.550; <br>Capsular heptose biosynthesis  
CBSS-160492.1.peg.550  
Carbon Starvation  
Carbon Starvation  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
- none -  
Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent  
CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent  
CBSS-342610.3.peg.1794  
CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria  
- none -  
CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>  
Multidrug Resistance Efflux Pumps; <br>Ton and Tol transport systems  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>LOS core oligosaccharide biosynthesis  
Ammonia assimilation; <br>CBSS-316057.3.peg.3521  
Chitin and N-acetylglucosamine utilization  
cAMP signaling in bacteria; <br>Potassium homeostasis  
cAMP signaling in bacteria  
Phosphate metabolism  
Phosphate metabolism  
Galactosylceramide and Sulfatide metabolism  
General Secretion Pathway  
General Secretion Pathway  
tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial  
- none -  
Folate Biosynthesis  
Folate Biosynthesis  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
- none -  
Ribosome SSU bacterial  
- none -

DNA-replication; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

- none -

- none -

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

Leucine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and H

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

Ribosome LSU bacterial

DNA-replication

CytR regulation

Bacterial Cytoskeleton

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CytR regulation

A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <br>

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions

2-phosphoglycolate salvage; <br>Pentose phosphate pathway

DNA repair, bacterial; <br>Shikimate kinase containing cluster

Bile hydrolysis; <br>Shikimate kinase containing cluster

Type IV pilus; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Shikimate kinase

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

- none -

Glycine cleavage system; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein

- none -

Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Fermentations: Mixed acid

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Methionine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Ribosome LSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

DNA-replication; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

RNA methylation

RNA processing and degradation, bacterial

Nitrosative stress; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Bacterial hemoglobins; <br>Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

Hfl operon

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Universal GTPases; <br>Hfl operon

Hfl operon; <br>Polyadenylation bacterial

tRNA processing

DNA repair, bacterial MutL-MutS system

Murein Hydrolases; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

YjeE

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>DNA repair, UvrABC system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

- none -

DNA processing cluster

- none -

- none -



Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and H

Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Threonine and Homoserine Biosynthesis

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

DNA repair, bacterial

Uracil-DNA glycosylase; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Pentose phosphate pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-ribose utilization

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

Bacterial Cytoskeleton

CBSS-87626.3.peg.3639

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Universal GTPases; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-176299.4.peg.1292; <br>Signal peptidase

RNA processing and degradation, bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system  
BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>RNA methylation  
Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Flagellum  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
pyrimidine conversions; <br>CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster  
Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Dehydrogenase complexes  
Bacterial Cytoskeleton  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
tRNA processing  
Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases  
Ton and Tol transport systems  
- none -  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
- none -  
- none -  
- none -  
Methionine Biosynthesis  
CoA disulfide thiol-disulfide redox system  
- none -  
- none -  
Lysine degradation  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
- none -  
- none -  
Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis  
Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
Fatty Acid Biosynthesis FASII  
mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>tRNAmodification position 34  
Murein Hydrolases; <br>CBSS-243277.1.peg.4359; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
CBSS-243277.1.peg.4359  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division  
tRNA processing  
Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster  
- none -  
Carbon Starvation  
- none -  
Ribosome biogenesis bacterial; <br>YjeE  
DNA repair, bacterial DinG and relatives  
One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>5-FCL-like protein  
- none -  
- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Tyr

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

YcfH

DNA-replication; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

pyrimidine conversions

CBSS-323097.3.peg.2594

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Ribosome LSU bacterial

- none -

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA processing and degradation, bacterial

Cysteine Biosynthesis

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

pyrimidine conversions; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

tRNA aminoacylation, Met; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

Ribosome SSU bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

pyrimidine conversions

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Protein degradation

Protein degradation

Translation initiation factors bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Cold shock, CspA family of proteins

- none -

Selenoprotein O; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

CBSS-354.1.peg.876

- none -

- none -

- none -

- none -

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-354.1.peg.876; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

CBSS-354.1.peg.876

CBSS-354.1.peg.876; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>Purine conversions

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

RNA methylation

- none -

Flavo-haemoglobin

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>CBSS-584.1.peg.2497; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

DNA repair, bacterial RecBCD pathway

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

- none -

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

- none -

Flagellum

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

- none -

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA Repair Base Excision; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Bacterial Cytoskeleton

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification; <br>trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

- none -

- none -

CBSS-584.1.peg.1352; <br>A Glutathione-dependent Thiol Reductase Associated with a Step in Lysine Biosynthesis

CBSS-584.1.peg.1352; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>A Glutathione-dep

CBSS-584.1.peg.1352

- none -

Lipopolysaccharide assembly

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

CBSS-316057.3.peg.3521; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

- none -

- none -

- none -

Arsenic resistance; <br>Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

pyrimidine conversions; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Purine Biosynthesis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Ribonuclease H

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Glutathione: Non-redox reactions

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione

Murein Hydrolases; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism

- none -

- none -

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

tRNA processing; <br>tRNA modification position 34; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

DNA-replication

Ribonuclease H

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Fatty Acid Biosynthesis FASII

KDO2-Lipid A biosynthesis

Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipopolysaccharide assembly

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

Translation termination factors bacterial

CBSS-312309.3.peg.1965

CBSS-312309.3.peg.1965

Ribosome SSU bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Ammonia assimilation; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glyoxylate bypass

Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Glyoxylate bypass

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

Accessory colonization factor

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

DNA repair, bacterial

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial

Lipopolysaccharide assembly

- none -

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -



trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Purine nucleotide synthesis regulator

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

- none -

- none -

Acyl-CoA thioesterase II

- none -

Cysteine Biosynthesis

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage capsid proteins

Phage capsid proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

tRNA aminoacylation, Cys; <br>Zinc regulated enzymes

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Flagellar motility

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

Folate Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

- none -

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

- none -

LSU ribosomal proteins cluster

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Transcription factors bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

RNA polymerase bacterial

RNA polymerase bacterial

- none -

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Quinate degradation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

Flavo-haemoglobin

- none -

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

- none -

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

- none -

- none -

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Respiratory dehydrogenases 1

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-316057.3.peg.659

- none -

- none -

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Universal stress protein family

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins; <br>Glycerol and GL

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Orphan regulatory proteins

Orphan regulatory proteins

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

Lysine degradation

- none -

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Universal GTPases

RNA processing and degradation, bacterial

Polyamine Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>CBSS-196164.1.peg.461

- none -

RNA methylation

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation; <br>Flavohaemoglobin

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycine and S

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

CBSS-584.1.peg.3382; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-584.1.peg.3382

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>CBSS-584.1.peg.3382; <br>Serine-glyoxylate cycle

- none -

Flagellar motility

Triacylglycerol metabolism

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>CBSS-84588.1.peg.1247

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Protein degradation

DNA processing cluster

Glutathione: Redox cycle

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Flavo-haemoglobin

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

- none -

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis

Lipoic acid metabolism; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-lik

TCA Cycle; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes

- none -

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Coenzyme A Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Folate Biosynthesis

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Zinc regulated enzymes

Fermentations: Mixed acid

- none -

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

Zinc regulated enzymes

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon); <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

Ribosome SSU bacterial

Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation

Ribosome LSU bacterial

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Ribosome activity modulation

Lipopolysaccharide assembly

Ribosome biogenesis bacterial

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -





- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -
- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -
- none -

Translation initiation factors bacterial

- none -
- none -
- none -
- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Hemin transport system

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -
- none -
- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

Arginine Biosynthesis extended

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

CBSS-374931.9.peg.1048

CBSS-374931.9.peg.1048

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

- none -

Universal GTPases

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

- none -

- none -

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

- none -
- none -
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

TCA Cycle

- none -

Mannose Metabolism

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -
- none -

Ton and Tol transport systems

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

Purine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DedA family of inner membrane proteins

- none -

- none -

Single-Rhodanese-domain proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannose Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -
- none -
- none -

EC699-706; <br>Proton-dependent Peptide Transporters

Proton-dependent Peptide Transporters

Phage shock protein (psp) operon

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-211586.9.peg.2729

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Chorismate: Intermedi

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Beta-lactamase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

Sialic Acid Metabolism; <br>Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>A Cluster-Based

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

Respiratory dehydrogenases 1

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Carbon Starvation; <br>Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A



Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

CBSS-228400.4.peg.1623

CBSS-228400.4.peg.1623

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Zinc regulated enzymes; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial

Serine-glyoxylate cycle

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <br>

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

- none -
- none -

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Transport of Iron

- none -

Transport of Iron

- none -

Glutathione: Non-redox reactions; <br>CBSS-228400.4.peg.1623

- none -
- none -
- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Ubiquinone Biosynthesis

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits; <br>Cell Division Subsystem

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

tRNA aminoacylation, Thr

Translation initiation factors bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Hemin transport system

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Heme and Siroheme Biosynthesis

Hemin transport system

Hemin transport system

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

tRNA aminoacylation, Phe

tRNA aminoacylation, Phe

DNA structural proteins, bacterial

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -
- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -
- none -
- none -
- none -

Biphenyl Degradation

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

- none -
- none -

DNA repair, bacterial UmuCD system

DNA repair, bacterial UmuCD system

- none -
- none -
- none -

RNA methylation

Oxidative stress; <br>Hemin transport system

- none -

CBSS-211586.1.peg.2357

CBSS-211586.1.peg.2357; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

CBSS-211586.1.peg.2357

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Glutamate dehydrogenases; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

RNA methylation

- none -
- none -
- none -

Persister Cells; <br>Ribosome activity modulation

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Oxidative stress

Universal stress protein family

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

Ribonuclease H

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-323097.3.peg.2594

tRNA processing; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

- none -

Xanthine Metabolism in Bacteria; <br>Purine Utilization

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>CBSS-243265.1.peg.198

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Coenzyme A Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

- none -

DNA Repair Base Excision

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-266117.6.peg.1260

LOS core oligosaccharide biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Rhamnose containing glycans; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Rhamnose containing glycans; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>CMP-N-acetylneuraminic Acid Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

Rhamnose containing glycans

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans; <br>Capsular heptose biosynthesis

dTDP-rhamnose synthesis

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

GroEL GroES

GroEL GroES

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Universal GTPases; <br>Translation elongation factor G family

LSU ribosomal proteins cluster

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Transcription factors bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

RNA polymerase bacterial

RNA polymerase bacterial

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Quinate degradation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

- none -

- none -

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-316057.3.peg.659

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-316057.3.peg.659

- none -

- none -

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Universal stress protein family

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins; <br>Glycerol and Glycerol

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Orphan regulatory proteins

Orphan regulatory proteins

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

Lysine degradation

- none -

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis



Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Universal GTPases

RNA processing and degradation, bacterial

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

DNA Repair Base Excision

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

tRNA processing

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Ba

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

Peptide methionine sulfoxide reductase

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

Purine conversions

- none -

- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>tRNA aminoacylation, Ser

- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Pyruvate Alanine Serine Interconversions

pyrimidine conversions; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

CBSS-211586.9.peg.2729; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial

Zinc regulated enzymes; <br>Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis;

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

- none -

- none -

DNA repair, bacterial DinG and relatives

- none -

DNA-replication

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Dehydrogenase complexes

Folate Biosynthesis; <br>Translation initiation factors bacterial

RNA methylation

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

CBSS-360102.4.peg.4134

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

CBSS-360102.4.peg.4134

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Serine-glyoxylate cycle; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

DNA repair, UvrABC system

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule; <br>Glycogen metabolism

- none -

Rhamnose containing glycans

- none -

- none -

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cell Division; <br>RNA processing and degradation, bacterial

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Putative TldE-TldD proteolytic complex

Putative TldE-TldD proteolytic complex

Putative TldE-TldD proteolytic complex

- none -

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Glutaredoxins

- none -

Lipopolysaccharide assembly cluster

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Ribosome activity modulation

Flagellum; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

CBSS-176299.4.peg.1996A

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

RNA processing and degradation, bacterial

- none -

CBSS-208964.1.peg.3826; <br>tRNA aminoacylation, Val

DNA-replication; <br>CBSS-208964.1.peg.3826

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-); <br>CBSS-208964.1.peg.3826; <br>Dehydrogenase complexes

CBSS-208964.1.peg.3826

CBSS-208964.1.peg.3826

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Murein Hydrolases

Heat shock dnaK gene cluster extended

DNA repair, bacterial

RNA methylation

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Queuosine-Archaeosine B

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphata

- none -

CBSS-630.2.peg.3360

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Phosphate metabolism

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis; <br>A Hypothetical Protein Related to Pr

CBSS-630.2.peg.3360; <br>A Hypothetical Protein Related to Proline Metabolism

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

Lipoprotein Biosynthesis

- none -

CBSS-364106.7.peg.3204

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-364106.7.peg.3204

DNA repair, bacterial

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

tRNA aminoacylation, Lys

Translation termination factors bacterial; <br>Programmed frameshift; <br>Programmed frameshift

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

Periplasmic disulfide interchange

- none -

Flavodoxin

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Glycolysis and Gluconeogenesis

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Pentose phosphate pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Fermentations: Lactate; <br>Pentose phosphate pathway; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

- none -

- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

- none -

Nitrosative stress; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation

MukBEF Chromosome Condensation

KDO2-Lipid A biosynthesis

Broadly distributed proteins not in subsystems

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

- none -

Phosphate metabolism

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

Folate Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

DNA-binding regulatory proteins, strays

- none -

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>cAMP signaling in bacteria; <br>Purine conversions

DNA processing cluster; <br>DNA-replication

DNA processing cluster

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA processing cluster; <br>DNA-replication

- none -

- none -

Purine conversions

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Muconate lactonizing enzyme family; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Potassium homeostasis

- none -
- none -
- none -
- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

Hfl operon

- none -

Persister Cells

Beta-lactamase

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

tRNA aminoacylation, Asp and Asn

tRNAmodification position 34

tRNAmodification position 34

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

- none -

- none -



- none -

DNA repair, UvrABC system

- none -

- none -

Type VI secretion systems

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis; <br>Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversion

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Cold shock, CspA family of proteins

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD;

Flavodoxin

Universal GTPases; <br>mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>RNA modification

CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

tRNA processing; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD; <br>Ribosome LSU bacterial

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA replication cluster 1; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

tRNA aminoacylation, Gly

tRNA aminoacylation, Gly

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta  
Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydro

- none -

Potassium homeostasis

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

CBSS-87626.3.peg.3639; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Copper homeostasis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Ubiquinone Biosynthesis; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

Twin-arginine translocation system

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

YcfH

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Phosphate metabolism

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Ubiquinone Biosynthesis

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

Ubiquinone Biosynthesis

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

cAMP signaling in bacteria

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication

- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

Universal GTPases

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536

Universal stress protein family

- none -

Universal stress protein family

- none -

- none -

- none -

- none -

Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

Purine conversions

- none -

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Glutamine synthetases; <br>Peptidoglycan

Universal GTPases

tRNA processing; <br>CBSS-342610.3.peg.283

CBSS-342610.3.peg.283; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase

- none -

RNA methylation

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>CBSS-176299.4.peg.1292; <br>CBSS-176

RNA polymerase bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Purine conversions; <br>CBSS-323097.3.peg.2594

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

tRNA processing; <br>Methylthiotransferases

Phosphate metabolism

Phosphate metabolism

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism; <br>Lipoprotein Biosynthesis

A hypothetical protein that co-occurs with Leucyl-tRNA synthetase

A hypothetical protein that co-occurs with Leucyl-tRNA synthetase; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>tRNA aminoacylation, Leu

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
CBSS-208964.1.peg.3988; <br>DNA-replication  
NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan Biosynthesis  
Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Lipoic acid metabolism  
Lipoic acid metabolism; <br>Dehydrogenase complexes  
Lipoic acid metabolism  
Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis  
Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis  
- none -  
Purine conversions  
Purine Utilization  
Dipeptidases (EC 3.4.13.-); <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions  
DNA repair, bacterial  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Broadly distributed proteins not in subsystems; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-339671.5.peg.589; <br>Glutaredoxins  
RNA methylation  
CBSS-339671.5.peg.589  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
- none -  
Coenzyme A Biosynthesis; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
- none -  
- none -  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
DNA repair, bacterial  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
CBSS-1085.1.peg.1363  
- none -  
Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)  
Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
Transcription factors bacterial  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>riboflavin to FAD  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism  
Ribonucleotide reduction  
- none -  
- none -  
Accessory colonization factor  
Glycine cleavage system; <br>Serine Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Serine-glyoxylate cycle  
- none -  
- none -  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
- none -  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis  
Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation  
Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation  
Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation  
- none -  
tRNA aminoacylation, Pro; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization  
- none -  
ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)  
ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits  
Sialic Acid Metabolism  
Sialic Acid Metabolism  
Sialic Acid Metabolism  
Sialic Acid Metabolism  
Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism  
Sialic Acid Metabolism  
Sialic Acid Metabolism  
- none -  
- none -  
- none -  
A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial  
A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial  
A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase  
- none -  
Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification position 34

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

CBSS-176299.4.peg.1996A

- none -

- none -

- none -

Purine conversions

Purine conversions

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

tRNA aminoacylation, His; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Histidine Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>RNA methylation

pyrimidine conversions; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Purine conversions

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Alanine biosynthesis; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

Alanine biosynthesis; <br>Glutaredoxins; <br>Protein chaperones

Glutaredoxins; <br>Protein chaperones; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>mnM5U34 biosynthesis bacteria

Alanine biosynthesis; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Flavo-haemoglobin

RNA methylation; <br>Flavo-haemoglobin

Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility  
Bacterial Chemotaxis  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Carbon storage regulator  
Flagellum; <br>Carbon storage regulator  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
- none -  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
- none -  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
Flagellum  
Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
- none -  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydro

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydro

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydro

DNA repair, bacterial RecBCD pathway

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

- none -

Chorismate Synthesis; <br>CBSS-584.1.peg.2497; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to choris

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Flavohaemoglobin

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>Purine conversions



CBSS-354.1.peg.876

mn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-354.1.peg.876; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876

TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate shunt

Selenoprotein O; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Translation initiation factors bacterial

Protein degradation

Protein degradation

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

pyrimidine conversions

Ribosome SSU bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

tRNA aminoacylation, Met; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

pyrimidine conversions; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Cysteine Biosynthesis

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA processing and degradation, bacterial

2-phosphoglycolate salvage; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <br>  
CBSS-323097.3.peg.2594  
pyrimidine conversions  
DNA-replication; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
YcfH  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNA aminoacylation, Tyr  
- none -  
- none -  
Universal GTPases  
Translation termination factors bacterial; <br>Sporulation-associated proteins with broader functions; <br>Cell division-ribosomal stress prote  
Pentose phosphate pathway; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>De Novo Purine Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis  
Translation termination factors bacterial; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Glutaredoxins  
- none -  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Comp  
Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis  
Nitrate and nitrite ammonification  
Nitrate and nitrite ammonification  
Nitrate and nitrite ammonification  
- none -  
pyrimidine conversions; <br>Purine conversions  
- none -  
Copper homeostasis  
Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases  
- none -  
- none -  
- none -  
Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis  
Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis  
Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis  
Persister Cells  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
Protein chaperones  
Purine conversions  
Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Bacterial Cell Division

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial; <br>cAMP signaling in bacteria

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

DNA structural proteins, bacterial

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

Transcription factors bacterial

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Oxidative stress; <br>Transport of Iron

- none -

Flavodoxin

- none -

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes; <br>Glycogen metabolism

EC699-706; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

tRNA aminoacylation, Arg

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

Ribosome LSU bacterial

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System; <br>AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

- none -

Glutaredoxins

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

Flagellar motility

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Transport of Iron

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

DNA repair, bacterial

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

- none -

- none -

- none -

CBSS-316057.3.peg.659

CBSS-316057.3.peg.659

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit; <br>Ton and Tol transport systems; <br>Ton and Tol transport systems

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

Ribonuclease H

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -

- none -

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

Lipopolysaccharide assembly

DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

DNA repair, bacterial

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

- none -

- none -

- none -

Accessory colonization factor

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

- none -

Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Glyoxylate bypass

Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glyoxylate bypass

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

Ammonia assimilation; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Ribosome SSU bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

CBSS-312309.3.peg.1965

CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

- none -

Lipopolysaccharide assembly

Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly

KDO2-Lipid A biosynthesis

Fatty Acid Biosynthesis FASII

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Ribonuclease H

DNA-replication

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

tRNA processing; <br>tRNA modification position 34; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

Murein Hydrolases; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Glutathione: Non-redox reactions

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Ribonuclease H

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

De Novo Purine Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

Arsenic resistance; <br>Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

- none -

CBSS-316057.3.peg.3521; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Lipopolysaccharide assembly

- none -

CBSS-584.1.peg.1352

CBSS-584.1.peg.1352; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>A Glutathione-dep



CBSS-584.1.peg.1352; <br>A Glutathione-dependent Thiol Reductase Associated with a Step in Lysine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

Sugar-phosphate stress regulation

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

16S rRNA modification within P site of ribosome

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

- none -

Mannose Metabolism

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Lipoic acid metabolism

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

CBSS-246196.1.peg.364

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Purine conversions

Purine conversions

- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Pentose phosphate pathway

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and H

Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Threonine and Homoserine Biosynthesis

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

DNA repair, bacterial

Uracil-DNA glycosylase; <br>DNA Repair Base Excision

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Pentose phosphate pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-ribose utilization

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein  
Bacterial Cytoskeleton  
CBSS-87626.3.peg.3639  
Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639  
Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Universal GTPases; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
CBSS-176299.4.peg.1292; <br>Signal peptidase  
RNA processing and degradation, bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system  
BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>RNA methylation  
Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Flagellum  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
pyrimidine conversions; <br>CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster  
Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Dehydrogenase complexes  
Bacterial Cytoskeleton  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
tRNA processing  
Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases  
Ton and Tol transport systems  
- none -  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
- none -  
- none -  
- none -  
Methionine Biosynthesis  
CoA disulfide thiol-disulfide redox system  
- none -  
- none -  
Lysine degradation  
- none -  
Lysine degradation  
Lysine degradation  
Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Protection from Reactive Oxygen Species

- none -
- none -
- none -
- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutathione: Non-redox reactions

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
- none -  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
RNA polymerase bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo  
Ubiquinone Biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
EC49-61; <br>CBSS-326442.4.peg.1852  
EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial  
Universal stress protein family  
TRAP Transporter unknown substrate 9  
TRAP Transporter unknown substrate 9  
Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation  
Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass  
- none -  
Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868  
Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868  
Universal GTPases; <br>CBSS-176279.3.peg.868  
CBSS-316275.9.peg.382  
CBSS-316275.9.peg.382  
EC49-61; <br>Folate Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
EC49-61  
EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>ECSIG4-SIG7; <br>RNA methylation  
EC49-61; <br>ECSIG4-SIG7; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>EC49-61; <br>Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7  
EC49-61; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7  
EC49-61

- none -

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

DNA-replication

Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

Bacterial Chemotaxis

Oxidative stress; <br>Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine conversions

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster  
Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

- none -
- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

Dipeptidases (EC 3.4.13.-)

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

Polyamine Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>CBSS-196164.1.peg.461

- none -

RNA methylation

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycine and S

TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -



- none -

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

Bacterial Cell Division

Bacterial Cell Division

Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Single-Rhodanese-domain proteins; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Flagellum

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

RNA methylation

Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

- none -

- none -





- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Flavo-haemoglobin

Copper homeostasis: copper tolerance

Glutathione: Redox cycle

DNA processing cluster

Protein degradation

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

- none -

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Triacylglycerol metabolism

Flagellar motility

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>CBSS-584.1.peg.3382; <br>Serine-glyoxylate cycle

CBSS-584.1.peg.3382

CBSS-584.1.peg.3382; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

Ribosome SSU bacterial

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Glutaredoxins; <br>riboflavin to FAD; <br>riboflavin to

tRNA aminoacylation, Ile  
Lipoprotein Biosynthesis; <br>Signal peptidase  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch  
- none -  
De Novo Pyrimidine Synthesis  
De Novo Pyrimidine Synthesis  
Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
- none -  
Transcription factors bacterial  
- none -  
Bacterial Cell Division  
Bacterial Cell Division; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster  
Folate Biosynthesis  
UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism  
CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Murein hydrolase regulation and cell death  
- none -  
NusA-TFII Cluster; <br>Transcription factors bacterial  
CBSS-138119.3.peg.2719; <br>Universal GTPases; <br>NusA-TFII Cluster; <br>Translation initiation factors bacterial  
CBSS-138119.3.peg.2719; <br>NusA-TFII Cluster; <br>RNA processing and degradation, bacterial; <br>Translation initiation factors bacterial  
CBSS-138119.3.peg.2719; <br>tRNA processing  
Ribosome SSU bacterial  
Polyadenylation bacterial  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
DNA-replication  
Ribosome biogenesis bacterial  
Translation termination factors bacterial  
- none -  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>YcfH  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria  
- none -  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions  
- none -  
Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization  
- none -  
Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>DNA repair, bacterial  
Translation elongation factor G family  
- none -  
pyrimidine conversions; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Creatine and Creatinine Degradation

Creatine and Creatinine Degradation

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein; <br>DNA repair, bacterial MutL-MutS system

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial; <br>DNA

tRNA aminoacylation, Ala

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Carbon storage regulator; <br>Carbon Starvation

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

Bile hydrolysis

- none -

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization; <br>Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathionylspermidine and Trypanothione

- none -

- none -

- none -

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to c  
EC699-706

EC699-706; <br>DNA repair, bacterial photolyase

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

- none -

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

CBSS-345074.3.peg.1627

CBSS-345074.3.peg.1627

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems



Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

- none -

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline, 4-

- none -

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Isoprenoid Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Arsenic resistance

- none -

- none -

- none -

- none -

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress

Nitrosative stress

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CMP-N-acetylneuraminate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

Purine Utilization; <br>Purine conversions

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

Phage capsid proteins

Phage capsid proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Molybdenum cofactor biosynthesis  
Molybdenum cofactor biosynthesis  
Folate Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis  
- none -  
- none -  
Flagellar motility  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis  
tRNA aminoacylation, Cys; <br>Zinc regulated enzymes  
pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis  
Chitin and N-acetylglucosamine utilization  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)  
- none -  
Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid  
Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid  
- none -  
Arginine and Ornithine Degradation  
Arginine and Ornithine Degradation  
Arginine and Ornithine Degradation  
Arginine and Ornithine Degradation  
- none -  
- none -  
Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle  
DNA repair, bacterial  
- none -  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
- none -  
Type IV pilus  
Resistance to chromium compounds  
- none -  
- none -  
Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

- none -

Arginine Biosynthesis extended

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>mm5U34 biosynthesis bacteria

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>5-FCL-like protein

DNA repair, bacterial DinG and relatives

DNA repair, bacterial DinG and relatives

Ribosome biogenesis bacterial; <br>YjeE

- none -

Carbon Starvation

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

tRNA processing

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-243277.1.peg.4359

Murein Hydrolases; <br>CBSS-243277.1.peg.4359; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>tRNA modification position 34

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization

Sialic Acid Metabolism

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Entner-Doudoroff Pathway



Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

- none -

tRNA modification position 34

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Proline

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Proline

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Proline

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon); <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

Ribosome SSU bacterial

Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation

Ribosome LSU bacterial

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

Murein Hydrolases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Ribosome activity modulation

Lipopolysaccharide assembly

Ribosome biogenesis bacterial

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>C

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

- none -

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway

Translation termination factors bacterial

- none -

RNA methylation

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Osmoregulation

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-216591.1.peg.168

- none -
- none -
- none -

Uptake of selenate and selenite; <br>DedA family of inner membrane proteins

Osmoregulation

Osmoregulation

- none -
- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -
- none -
- none -

Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

Murein Hydrolases; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>Recycling of Peptidoglycan

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff pathway

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Maltose and Maltodextrin Utilization

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

Tolerance to colicin E2

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

Universal GTPases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

CBSS-208964.1.peg.1768

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

- none -

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Lactose utilization

Lactose utilization

Lactose utilization

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -
- none -
- none -
- none -

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

tRNA aminoacylation, Met

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -
- none -
- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -

RNA processing and degradation, bacterial

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Polyamine Metabolism; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

- none -

Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

- none -

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

Threonine degradation; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Glycine Biosynthesis

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

- none -

Triacylglycerol metabolism

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -



Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases  
pyrimidine conversions

- none -
- none -
- none -
- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism

- none -
- none -
- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>RNA methylation

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate  
CBSS-326442.4.peg.1852

- none -
- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline  
De Novo Purine Biosynthesis

- none -

pyrimidine conversions; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

DNA Repair Base Excision

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial photolyase

- none -

- none -

Persistor Cells

Persistor Cells

Persistor Cells

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

D-ribose utilization

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Leucine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Lipoic acid metabolism; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-lik

TCA Cycle; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Coenzyme A Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Folate Biosynthesis

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Zinc regulated enzymes

Fermentations: Mixed acid

- none -

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Lipoic acid metabolism

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as

YjeE

Murein Hydrolases; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

DNA repair, bacterial MutL-MutS system

tRNA processing

Hfl operon; <br>Polyadenylation bacterial

Universal GTPases; <br>Hfl operon

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

RNA processing and degradation, bacterial

RNA methylation

Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

DNA-replication; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

Ribosome LSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Methionine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Fermentations: Mixed acid

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine Biosynthesis extended

- none -

Glycine cleavage system; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein

- none -

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Shikimate kinase

Type IV pilus; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>

Bile hydrolysis; <br>Shikimate kinase containing cluster

DNA repair, bacterial; <br>Shikimate kinase containing cluster

2-phosphoglycolate salvage; <br>Pentose phosphate pathway

2-phosphoglycolate salvage; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <br>

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CytR regulation

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Bacterial Cytoskeleton

CytR regulation

DNA-replication

Ribosome LSU bacterial

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

Methionine Biosynthesis

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and H

Leucine Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

- none -

- none -

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

DNA-replication; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

- none -

Ribosome SSU bacterial

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Folate Biosynthesis

Folate Biosynthesis

- none -

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Phosphate metabolism

Phosphate metabolism

cAMP signaling in bacteria

cAMP signaling in bacteria; <br>Potassium homeostasis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Ammonia assimilation; <br>CBSS-316057.3.peg.3521

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>LOS core oligosaccharide biosynthesis

Multidrug Resistance Efflux Pumps; <br>Ton and Tol transport systems

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1794

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent

Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes

Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes

Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes

Carbon Starvation

Carbon Starvation

CBSS-160492.1.peg.550

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>CBSS-160492.1.peg.550; <br>Capsular heptose biosynthesis

CBSS-160492.1.peg.550

CBSS-160492.1.peg.550

CBSS-160492.1.peg.550; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>

Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division cluster containing FtsQ

cell division core of larger cluster; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-349966.3.peg.197; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

CBSS-349966.3.peg.197

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>Type IV pilus

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

Dehydrogenase complexes

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein; <br>Methionine D

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Integrans

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Pentose phosphate pathway

- none -

- none -

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Purine nucleotide synthesis regulator

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

- none -

- none -

Acyl-CoA thioesterase II

- none -

Cysteine Biosynthesis

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

DNA processing cluster

- none -

- none -

Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>Flavohaemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>DNA repair, UvrABC system

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -





- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Translation termination factors bacterial

- none -

RNA methylation

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

Bacterial Cell Division

Bacterial Cell Division

Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Single-Rhodanese-domain proteins; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Flagellum

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Nitrate and nitrite ammonification

Triacylglycerol metabolism

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Fermentations: Mixed acid

Zinc regulated enzymes

tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

Folate Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes

- none -

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon); <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

Ribosome SSU bacterial

Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation

Ribosome LSU bacterial

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synth

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synth

Ribosome activity modulation

Lipopolysaccharide assembly

Ribosome biogenesis bacterial

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis; <br>Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversion

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

CBSS-360102.4.peg.4134

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

RNA methylation

Folate Biosynthesis; <br>Translation initiation factors bacterial

Translation termination factors bacterial; <br>Dehydrogenase complexes

- none -

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline, 4-

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

- none -

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pentose phosphate pathway; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Uptake of selenate and selenite; <br>DedA family of inner membrane proteins

Osmoregulation

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

- none -

- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

CBSS-228400.4.peg.1623

CBSS-228400.4.peg.1623

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Zinc regulated enzymes; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial

Serine-glyoxylate cycle

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PABA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Transport of Iron

- none -

Transport of Iron

- none -

Glutathione: Non-redox reactions; <br>CBSS-228400.4.peg.1623

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Ubiquinone Biosynthesis

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits; <br>Cell Division Subsystem

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Threonine degradation; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Glycine Biosynthesis

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Serine-glyoxylate cycle; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

DNA repair, UvrABC system

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule; <br>Glycogen metabolism

- none -

Rhamnose containing glycans

- none -

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Ribosome LSU bacterial



Ribosome LSU bacterial

- none -

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

RNA polymerase bacterial

Ribosome LSU bacterial

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo

Ubiquinone Biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

EC49-61; <br>CBSS-326442.4.peg.1852

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

Universal stress protein family

TRAP Transporter unknown substrate 9

TRAP Transporter unknown substrate 9

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

- none -

Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Universal GTPases; <br>CBSS-176279.3.peg.868

CBSS-316275.9.peg.382

CBSS-316275.9.peg.382

EC49-61; <br>Folate Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

EC49-61

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>ECSIG4-SIG7; <br>RNA methylation

EC49-61; <br>ECSIG4-SIG7; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>EC49-61; <br>Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7

EC49-61; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7

EC49-61

- none -

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

Ribosome biogenesis bacterial

Translation termination factors bacterial

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>YcfH

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Lipid A modifications

Lipid A modifications

Lipid A modifications

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>DNA repair, bacterial

Translation elongation factor G family

- none -

pyrimidine conversions; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Creatine and Creatinine Degradation

Creatine and Creatinine Degradation

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein; <br>DNA repair, bacterial MutL-MutS system

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial; <br>DNA

tRNA aminoacylation, Ala

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Carbon storage regulator; <br>Carbon Starvation

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

Arginine Biosynthesis extended

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Coenzyme A Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Lysine degradation

- none -
- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Isoprenoid Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Arsenic resistance

- none -

- none -

Cholera toxin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Nitrosative stress

Nitrosative stress

Nitrosative stress

- none -

- none -

- none -

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

- none -

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

Vibrio pathogenicity island

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Lysine degradation

Lysine degradation

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Phage capsid proteins

Phage capsid proteins

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -
- none -

Lipopolysaccharide assembly

DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -
- none -

Phosphate metabolism

- none -
- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Broadly distributed proteins not in subsystems

KDO2-Lipid A biosynthesis

MukBEF Chromosome Condensation

MukBEF Chromosome Condensation

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

- none -

Orphan regulatory proteins; <br>Lipid A modifications

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

DNA repair, bacterial

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>RNA methylation

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

pyrimidine conversions; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

DNA Repair Base Excision

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Persistor Cells

Persistor Cells

Persistor Cells

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

D-ribose utilization

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -



Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Leucine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

- none -

- none -

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism

- none -

pyrimidine conversions; <br>pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine

- none -

Protein degradation; <br>Protein degradation

- none -

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system  
Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system  
Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system  
Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system  
Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems  
Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems  
Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives  
Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system  
Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system  
Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -
- none -
- none -
- none -

Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems  
tRNA aminoacylation, Phe  
tRNA aminoacylation, Phe

DNA structural proteins, bacterial  
Arginine and Ornithine Degradation

- none -
- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)  
Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -
- none -
- none -
- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -
- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -
- none -
- none -
- none -

Biphenyl Degradation

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- Riboflavin, FMN and FAD metabolism
- none -
- none -

DNA repair, bacterial UmuCD system

DNA repair, bacterial UmuCD system

DNA repair, bacterial UmuCD system

DNA repair, bacterial UmuCD system

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate

- none -

- none -

- none -

RNA methylation

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

CBSS-211586.1.peg.2357

CBSS-211586.1.peg.2357; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

CBSS-211586.1.peg.2357

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Glutamate dehydrogenases; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Glutamate dehydrogenases; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

- none -

Persister Cells; <br>Ribosome activity modulation

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Oxidative stress

Universal stress protein family

CBSS-326442.4.peg.1852

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Tyr

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>5-FCL-like protein

DNA repair, bacterial DinG and relatives

Ribosome biogenesis bacterial; <br>YjeE

- none -

Carbon Starvation

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

tRNA processing

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-243277.1.peg.4359

Murein Hydrolases; <br>CBSS-243277.1.peg.4359; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>tRNA modification position 34

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Oxidative stress; <br>Transport of Iron

- none -

Flavodoxin

- none -

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes; <br>Glycogen metabolism

EC699-706; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Arg

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

- none -

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster  
- none -  
Ribosome LSU bacterial  
- none -  
- none -  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
CBSS-211586.1.peg.2832  
CBSS-211586.1.peg.2832  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
AttEFGH ABC Transport System  
AttEFGH ABC Transport System; <br>AttEFGH ABC Transport System  
AttEFGH ABC Transport System  
NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters  
- none -  
Glutaredoxins  
Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle  
- none -  
- none -  
- none -  
Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Lactose utilization

Lactose utilization

Lactose utilization

Lactose utilization

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

tRNA aminoacylation, Met

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Resistance to chromium compounds

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -  
- none -

Type IV pilus

- none -

Legionaminic Acid Biosynthesis; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Legionaminic Acid Biosynthesis; <br>CMP-N-acetylneuraminate Biosynthesis; <br>Sialic Acid

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -  
- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

GroEL GroES

GroEL GroES

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -  
- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

- none -  
- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Glutathione-regulated potassium-efflux

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis



- none -

mmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated function

mmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated function

mmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

- none -

Universal GTPases; <br>Translation elongation factor G family

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Chorismate: Intermedi

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

- none -

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

CBSS-211586.9.peg.2729; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial

Zinc regulated enzymes; <br>Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis;

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

- none -

- none -

DNA repair, bacterial DinG and relatives

- none -

DNA-replication

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and

Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Threonine and Homoserine Biosynthesis

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

DNA repair, bacterial

Uracil-DNA glycosylase; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Pentose phosphate pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-ribose utilization

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

Bacterial Cytoskeleton

CBSS-87626.3.peg.3639

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Universal GTPases; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-176299.4.peg.1292; <br>Signal peptidase

RNA processing and degradation, bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>RNA methylation

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Flagellum

Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG

pyrimidine conversions; <br>CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Dehydrogenase complexes

Bacterial Cytoskeleton

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

tRNA processing

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Ton and Tol transport systems

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

- none -

- none -

Lysine degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine conversions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Zinc regulated enzymes

Bacterial Chemotaxis

Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

DNA-replication

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

Sialic Acid Metabolism; <br>Sialic Acid Metabolism

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-lactamase

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

Accessory colonization factor

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

TRAP Transporter unknown substrate 9

TRAP Transporter unknown substrate 9

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

Dipeptidases (EC 3.4.13.-)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA processing; <br>Methylthiotransferases

Phosphate metabolism

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism; <br>Lipoprotein Biosynthesis

A hypothetical protein that co-occurs with Leucyl-tRNA synthetase

A hypothetical protein that co-occurs with Leucyl-tRNA synthetase; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>tRNA aminoacylation, Leu

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

CBSS-208964.1.peg.3988; <br>DNA-replication

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan Biosynthesis

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Lipoic acid metabolism

Lipoic acid metabolism; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis

- none -

Purine conversions

Purine Utilization

Dipeptidases (EC 3.4.13.-); <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

DNA repair, bacterial

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Broadly distributed proteins not in subsystems; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-339671.5.peg.589; <br>Glutaredoxins

RNA methylation

CBSS-339671.5.peg.589

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -

- none -

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

DNA repair, bacterial

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

CBSS-1085.1.peg.1363

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Transcription factors bacterial

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>riboflavin to FAD

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Ribonucleotide reduction

- none -

- none -

Accessory colonization factor

Glycine cleavage system; <br>Serine Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

tRNA aminoacylation, Pro; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminyl transferase

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification position 34

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Universal GTPases

Translation termination factors bacterial; <br>Sporulation-associated proteins with broader functions; <br>Cell division-ribosomal stress prote

Pentose phosphate pathway; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>De Novo Purine Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis  
Translation termination factors bacterial; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Glutaredoxins  
- none -  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation  
A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Comp  
Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon  
- none -  
- none -  
- none -  
Accessory colonization factor  
- none -  
Copper homeostasis: copper tolerance  
Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase  
DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase  
Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Glyoxylate bypass  
Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glyoxylate bypass  
- none -  
CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNAmodification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis  
CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNAmodification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis  
CBSS-211586.1.peg.2832  
CBSS-211586.1.peg.2832  
CBSS-211586.1.peg.2832  
- none -  
Ammonia assimilation; <br>CBSS-312309.3.peg.1965  
Translation termination factors bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965  
Ribosome SSU bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965  
CBSS-312309.3.peg.1965  
CBSS-312309.3.peg.1965  
Translation termination factors bacterial  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
- none -  
Lipopolysaccharide assembly  
Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
Fatty Acid Biosynthesis FASII  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
Ribonuclease H  
DNA-replication  
Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes  
tRNA processing; <br>tRNAmodification position 34; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster  
Soluble cytochromes and functionally related electron carriers  
Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin



- none -

- none -

Murein Hydrolases; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Glutathione: Non-redox reactions

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Ribonuclease H

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

CBSS-345074.3.peg.1627

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

- none -

- none -

- none -

EC699-706; <br>DNA repair, bacterial photolyase

EC699-706

EC699-706

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to c

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Phosphate metabolism; <br>NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

- none -

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

Ribosome SSU bacterial

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Glutaredoxins; <br>riboflavin to FAD; <br>riboflavin to  
tRNA aminoacylation, Ile

Lipoprotein Biosynthesis; <br>Signal peptidase

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Bacterial Cell Division

Bacterial Cell Division; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Folate Biosynthesis

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

NusA-TFII Cluster; <br>Transcription factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>Universal GTPases; <br>NusA-TFII Cluster; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>NusA-TFII Cluster; <br>RNA processing and degradation, bacterial; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>tRNA processing

Ribosome SSU bacterial

Polyadenylation bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

Widespread colonization island

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Polyamine Metabolism; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

- none -

- none -

Purine conversions

Purine conversions

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

CBSS-246196.1.peg.364

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Lipoic acid metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

- none -

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

16S rRNA modification within P site of ribosome

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

CBSS-208964.1.peg.1768

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalamin synthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

- none -

Arginine Biosynthesis extended

- none -

Murein Hydrolases

Murein Hydrolases

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>mm5U34 biosynthesis bacteria

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

RNA methylation; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Rf2 family transcriptional regulators; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>mm5U34 biosynthesis bacteria

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Glutaredoxins; <br>Protein chaperones; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Glutaredoxins; <br>Protein chaperones

Alanine biosynthesis; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

pyrimidine conversions; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Purine conversions

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>RNA methylation

CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>CBSS-498211.3.peg.1415

tRNA aminoacylation, His; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Histidine Biosynthesis

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Universal GTPases; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

Purine conversions

Purine conversions

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

tRNA aminoacylation, Thr

Translation initiation factors bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

- none -

Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

Murein Hydrolases; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>Recycling of Peptidoglycan

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff pathway

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Maltose and Maltodextrin Utilization

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

Tolerance to colicin E2

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

Universal GTPases

- none -



- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

DNA repair, bacterial

- none -

Ribonuclease H

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -
- none -
- none -

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -
- none -

Cobalamin synthesis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>C

- none -

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -
- none -
- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

- none -

Universal GTPases

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

- none -

- none -

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

Transport of Iron

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-345074.3.peg.1627

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

Cysteine Biosynthesis

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Phosphate metabolism

Phosphate metabolism

cAMP signaling in bacteria

cAMP signaling in bacteria; <br>Potassium homeostasis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Ammonia assimilation; <br>CBSS-316057.3.peg.3521

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>LOS core oligosaccharide biosynthesis

Multidrug Resistance Efflux Pumps; <br>Ton and Tol transport systems

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1794

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent  
Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent  
Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
- none -  
Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Carbon Starvation  
Carbon Starvation  
CBSS-160492.1.peg.550  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>CBSS-160492.1.peg.550; <br>Capsular heptose biosynthesis  
CBSS-160492.1.peg.550  
CBSS-160492.1.peg.550  
CBSS-160492.1.peg.550; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division cluster containing FtsQ  
cell division core of larger cluster; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ  
CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-349966.3.peg.197; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
CBSS-349966.3.peg.197  
- none -  
Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-562.2.peg.633  
CBSS-562.2.peg.633  
CBSS-562.2.peg.633  
Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-562.2.peg.633  
Type IV pilus; <br>Type IV pilus  
Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633  
Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633  
Type IV pilus  
NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
Dehydrogenase complexes  
Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein; <br>Methionine D  
Lipoic acid metabolism; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-li  
TCA Cycle; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes

- none -

CBSS-316057.3.peg.659

CBSS-316057.3.peg.659

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit; <br>Ton and Tol transport systems; <br>Ton and Tol transport systems

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage shock protein (psp) operon

Proton-dependent Peptide Transporters

EC699-706; <br>Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannose Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Single-Rhodanese-domain proteins

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

DedA family of inner membrane proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

Purine Utilization

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

DNA repair, bacterial

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

- none -

- none -

Coenzyme A Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Lipoic acid metabolism

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria



- none -

- none -

CBSS-208964.1.peg.3826

CBSS-208964.1.peg.3826

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-); <br>CBSS-208964.1.peg.3826; <br>Dehydrogenase complexes

DNA-replication; <br>CBSS-208964.1.peg.3826

CBSS-208964.1.peg.3826; <br>tRNA aminoacylation, Val

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

CBSS-176299.4.peg.1996A

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Flagellum; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Ribosome activity modulation

Lipopolysaccharide assembly cluster

- none -

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Glutaredoxins

- none -

Putative TldE-TldD proteolytic complex

Putative TldE-TldD proteolytic complex

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Putative TldE-TldD proteolytic complex

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cell Division; <br>RNA processing and degradation, bacterial

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus  
Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial  
Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis  
Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis  
Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis  
Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis  
Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

Murein Hydrolases

Heat shock dnaK gene cluster extended

DNA repair, bacterial

RNA methylation

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Queuosine-Archaeosine B  
Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatase

- none -

CBSS-630.2.peg.3360

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Phosphate metabolism

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis; <br>A Hypothetical Protein Related to Pr

CBSS-630.2.peg.3360; <br>A Hypothetical Protein Related to Proline Metabolism

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene  
RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Pentose phosphate pathway

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Glycolysis and Gluconeogenesis

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

Flavodoxin

- none -

Periplasmic disulfide interchange

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Programmed frameshift; <br>Programmed frameshift

tRNA aminoacylation, Lys

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

DNA repair, bacterial

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-364106.7.peg.3204

CBSS-364106.7.peg.3204

- none -

Lipoprotein Biosynthesis

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

- none -

- none -

Integrans

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Transport of Iron

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Pentose phosphate pathway

Pentose phosphate pathway

KDO2-Lipid A biosynthesis

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD;

Flavodoxin

Universal GTPases; <br>mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>RNA modification

CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

tRNA processing; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD; <br>Ribosome LSU bacterial

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA replication cluster 1; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits

- none -

Alanine biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

tRNA aminoacylation, Gly

tRNA aminoacylation, Gly

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydro

- none -

Potassium homeostasis

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization

CBSS-87626.3.peg.3639; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Copper homeostasis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Ubiquinone Biosynthesis; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

Twin-arginine translocation system

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

YcfH

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Phosphate metabolism

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Ubiquinone Biosynthesis

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

Ubiquinone Biosynthesis

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

cAMP signaling in bacteria

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication

- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Universal GTPases

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536

Universal stress protein family

- none -

Universal stress protein family

- none -

- none -

- none -

- none -

Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

Purine conversions

- none -

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Glutamine synthetases; <br>Peptidoglycan

Universal GTPases

tRNA processing; <br>CBSS-342610.3.peg.283

CBSS-342610.3.peg.283; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase

- none -

RNA methylation

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>CBSS-176299.4.peg.1292; <br>CBSS-176

RNA polymerase bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Purine conversions; <br>CBSS-323097.3.peg.2594

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-323097.3.peg.2594

tRNA processing; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

- none -

Xanthine Metabolism in Bacteria; <br>Purine Utilization

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>CBSS-243265.1.peg.198

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Coenzyme A Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

DNA Repair Base Excision

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-266117.6.peg.1260

- none -

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Legionaminic Acid Biosynthesis; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

Legionaminic Acid Biosynthesis; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

Legionaminic Acid Biosynthesis

Legionaminic Acid Biosynthesis

N-linked Glycosylation in Bacteria

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>Capsular heptose biosynthesis

Legionaminic Acid Biosynthesis

Legionaminic Acid Biosynthesis

Legionaminic Acid Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans; <br>Capsular heptose biosynthesis

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

- none -

- none -

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

- none -

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Comp

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

- none -

dTDP-rhamnose synthesis

- none -

- none -

- none -

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Folate Biosynthesis

Folate Biosynthesis

Folate Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

Ribosome SSU bacterial

- none -

DNA-replication; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

- none -

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

Leucine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

Ribosome LSU bacterial

DNA-replication

CytR regulation

Bacterial Cytoskeleton

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CytR regulation

A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions

2-phosphoglycolate salvage; <br>Pentose phosphate pathway

DNA repair, bacterial; <br>Shikimate kinase containing cluster



Bile hydrolysis; <br>Shikimate kinase containing cluster  
Type IV pilus; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Shikimate kinase  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
Type IV pilus  
Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase  
- none -  
Glycine cleavage system; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein  
- none -  
Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Fermentations: Mixed acid  
One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Methionine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
Ribosome LSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
DNA-replication; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
RNA methylation  
RNA processing and degradation, bacterial  
Nitrosative stress; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin  
Bacterial hemoglobins; <br>Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin  
- none -  
Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis  
Hfl operon  
Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)  
Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)  
Universal GTPases; <br>Hfl operon  
Hfl operon; <br>Polyadenylation bacterial  
tRNA processing  
DNA repair, bacterial MutL-MutS system  
Murein Hydrolases; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
YjeE  
2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as  
- none -  
DNA repair, bacterial UvrD and related helicases  
- none -  
Cobalt-zinc-cadmium resistance  
Multidrug Resistance Efflux Pumps  
- none -  
Coenzyme A Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
Alanine biosynthesis  
- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Type VI secretion systems

- none -
- none -
- none -
- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>CBSS-196164.1.peg.461

- none -

RNA methylation

- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon
- (GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation; <br>Flavohaemoglobin

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycine and S

TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -
- none -
- none -

Flagellar motility

- none -
- none -
- none -
- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Folate Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -

- none -

Flagellar motility

KDO2-Lipid A biosynthesis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

tRNA aminoacylation, Cys; <br>Zinc regulated enzymes

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876

TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate shunt

Selenoprotein O; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Translation initiation factors bacterial

Protein degradation

Protein degradation

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

pyrimidine conversions

Ribosome SSU bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

tRNA aminoacylation, Met; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

pyrimidine conversions; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

Cobalamin synthesis

Cysteine Biosynthesis

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA processing and degradation, bacterial

2-phosphoglycolate salvage; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

CBSS-323097.3.peg.2594

pyrimidine conversions

DNA-replication; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization

Sialic Acid Metabolism

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bile hydrolysis

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>G

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization; <br>Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

- none -

tRNAmodification position 34

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Entner-Doudoroff Pathway

Entner-Doudoroff Pathway

Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Prophage-encoded Rst operon

Prophage-encoded Rst operon

Prophage-encoded Rst operon

- none -

- none -

- none -

Cholera toxin

Cholera toxin

- none -

- none -

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

Folate Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

DNA-binding regulatory proteins, strays

- none -

- none -

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>cAMP signaling in bacteria; <br>Purine conversions

DNA processing cluster; <br>DNA-replication

DNA processing cluster

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA processing cluster; <br>DNA-replication

- none -

- none -

Purine conversions

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Muconate lactonizing enzyme family; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Thioredoxin-disulfide reductase

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -
- none -

Flavodoxin; <br>Flavodoxin

- none -
- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Copper homeostasis

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

- none -
- none -
- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Persister Cells

- none -

Cholera toxin

Cholera toxin



Protein chaperones

Purine conversions

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Bacterial Cell Division

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial; <br>cAMP signaling in bacteria

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

DNA structural proteins, bacterial

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

Sugar-phosphate stress regulation

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

Translation initiation factors bacterial

Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

- none -

Nitrosative stress; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

De Novo Purine Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

Arsenic resistance; <br>Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

- none -

CBSS-316057.3.peg.3521; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Lipopolysaccharide assembly

- none -

CBSS-584.1.peg.1352

CBSS-584.1.peg.1352; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>A Glutathione-dep

CBSS-584.1.peg.1352; <br>A Glutathione-dependent Thiol Reductase Associated with a Step in Lysine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton

DNA Repair Base Excision; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

- none -

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

- none -

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

- none -

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhyd

DNA repair, bacterial RecBCD pathway

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

- none -

Chorismate Synthesis; <br>CBSS-584.1.peg.2497; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to choris

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Flavo-haemoglobin

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>Purine conversions

CBSS-354.1.peg.876

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-354.1.peg.876; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

- none -

Fructose utilization

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

- none -

- none -

- none -

CMP-N-acetylneuraminic acid Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

Purine Utilization; <br>Purine conversions

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

DNA Repair Base Excision

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

tRNA processing

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Ba

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

Peptide methionine sulfoxide reductase

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

Purine conversions

- none -

- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>tRNA aminoacylation, Ser

- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Pyruvate Alanine Serine Interconversions

pyrimidine conversions; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

DNA repair, UvrABC system

- none -

- none -

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

tRNAmodification position 34

tRNAmodification position 34

tRNA aminoacylation, Asp and Asn

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-lactamase

Persister Cells

- none -

Hfl operon

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



Riboflavin, FMN and FAD metabolism

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

- none -

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Transport of Iron

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

RNA processing and degradation, bacterial

Universal GTPases

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

- none -

Lysine degradation

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Orphan regulatory proteins

Orphan regulatory proteins

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins; <br>Glycerol and GL

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxins

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

Universal stress protein family

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

Formate hydrogenase

- none -

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as

Formate hydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Formate hydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Anaerobic respiratory reductases; <br>Formate hydrogenase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

CBSS-584.1.peg.3382; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-584.1.peg.3382

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>CBSS-584.1.peg.3382; <br>Serine-glyoxylate cycle

- none -

Flagellar motility

Triacylglycerol metabolism

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Protein degradation

DNA processing cluster

Glutathione: Redox cycle

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Flavo-haemoglobin

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

- none -

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>DNA repair, UvrABC system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

Purine nucleotide synthesis regulator

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

- none -

- none -

Acyl-CoA thioesterase II

- none -

Cysteine Biosynthesis

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

DNA repair, bacterial

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

- none -

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>Flavohaemoglobin

- none -

- none -

Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

Single-Rhodanese-domain proteins



Siderophore assembly kit; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

pyrimidine conversions

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

General Secretion Pathway

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

DNA processing cluster

Conjugative transfer

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

- none -

DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

LSU ribosomal proteins cluster

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Transcription factors bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

RNA polymerase bacterial

RNA polymerase bacterial

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial



Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Quinate degradation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-316057.3.peg.659

- none -

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

tRNAs

tRNAs

- none -

- none -

tRNAs

- none -

tRNAs

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNAs  
tRNAs  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNAs  
- none -  
- none -  
tRNAs  
tRNAs  
- none -  
- none -  
tRNAs  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNAs  
tRNAs  
tRNAs  
- none -  
tRNAs  
tRNAs  
- none -  
- none -  
- none -

tRNAs

- none -

tRNAs

tRNAs

- none -

- none -

tRNAs

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

- none -

Universal GTPases; <br>Translation elongation factor G family

Coenzyme A Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Lipoic acid metabolism

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

DNA structural proteins, bacterial

tRNA aminoacylation, Phe

tRNA aminoacylation, Phe

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Hemin transport system

Hemin transport system

Heme and Siroheme Biosynthesis

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Translation initiation factors bacterial

tRNA aminoacylation, Thr

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits; <br>Cell Division Subsystem

Ubiquinone Biosynthesis

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

- none -

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Non-redox reactions; <br>CBSS-228400.4.peg.1623

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

Transport of Iron

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial

- none -

Zinc regulated enzymes; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

CBSS-228400.4.peg.1623

CBSS-228400.4.peg.1623

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

Glycine and Serine Utilization

- none -

Carbon Starvation; <br>Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Respiratory dehydrogenases 1

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

Thiamin biosynthesis; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>A Cluster-Based

- none -

- none -

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Type VI secretion systems

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

- none -
- none -
- none -
- none -

Sialic Acid Metabolism; <br>Sialic Acid Metabolism

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Beta-lactamase

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -
- none -
- none -
- none -

TRAP Transporter unknown substrate 9

TRAP Transporter unknown substrate 9

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -





Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis  
Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Chorismate: Intermedi  
Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis  
Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

- none -

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

CBSS-211586.9.peg.2729; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial

Zinc regulated enzymes; <br>Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis;

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

- none -

- none -

DNA repair, bacterial DinG and relatives

- none -

DNA-replication

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

- none -
- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Hfl operon

- none -

Persister Cells

- none -
- none -

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Potassium homeostasis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

tRNA aminoacylation, Asp and Asn

tRNAmodification position 34

tRNAmodification position 34

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, UvrABC system

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Met

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

Lactose utilization

Lactose utilization

Lactose utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

- none -

- none -

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-208964.1.peg.1768

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine

Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Threonine and Homoserine Biosynthesis

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

DNA repair, bacterial

Uracil-DNA glycosylase; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Pentose phosphate pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-ribose utilization  
Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein  
Bacterial Cytoskeleton  
CBSS-87626.3.peg.3639  
Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639  
Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
Universal GTPases; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
CBSS-176299.4.peg.1292; <br>Signal peptidase  
RNA processing and degradation, bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system  
BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>RNA methylation  
Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>CBSS-176299.4.peg.1292  
Flagellum  
Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG  
pyrimidine conversions; <br>CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster  
Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Dehydrogenase complexes  
Bacterial Cytoskeleton  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
tRNA processing  
Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases  
Ton and Tol transport systems  
- none -  
Transcription initiation, bacterial sigma factors  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
Methionine Biosynthesis  
- none -  
- none -  
Lysine degradation  
- none -  
Lysine degradation  
Lysine degradation

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -

- none -

- none -

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Purine nucleotide synthesis regulator

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

- none -

- none -

Acyl-CoA thioesterase II

- none -

Cysteine Biosynthesis

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

- none -

N-linked Glycosylation in Bacteria

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-linked Glycosylation in Bacteria

N-linked Glycosylation in Bacteria

- none -

CMP-N-acetylneuraminate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

CMP-N-acetylneuraminate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

- none -

- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

Vibrio Core Oligosaccharide Biosynthesis

LOS core oligosaccharide biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-266117.6.peg.1260

- none -

DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

DNA repair, bacterial

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Coenzyme A Biosynthesis

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>CBSS-243265.1.peg.198



- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>CBSS-216591.1.peg.168

- none -

Xanthine Metabolism in Bacteria; <br>Purine Utilization

- none -

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

tRNA processing; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-323097.3.peg.2594

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

Purine conversions; <br>CBSS-323097.3.peg.2594

RNA polymerase bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>CBSS-176299.4.peg.1292; <br>CBSS-176

RNA methylation

- none -

CBSS-342610.3.peg.283; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase

tRNA processing; <br>CBSS-342610.3.peg.283

Universal GTPases

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Glutamine synthetases; <br>Peptidoglycan

- none -

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation

- none -

Purine conversions

- none -

Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Universal stress protein family

- none -

Universal stress protein family

CBSS-342610.3.peg.1536

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Universal GTPases

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

cAMP signaling in bacteria

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

Ubiquinone Biosynthesis

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

Ubiquinone Biosynthesis

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Phosphate metabolism

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes

YcfH

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

Twin-arginine translocation system

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Copper homeostasis

- none -

CBSS-87626.3.peg.3639; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -
- none -
- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

- none -
- none -
- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -
- none -

Single-Rhodanese-domain proteins

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Beta-lactamase

- none -
- none -

CBSS-279010.5.peg.587

EC699-706; <br>CBSS-279010.5.peg.587

EC699-706; <br>CBSS-279010.5.peg.587

EC699-706; <br>CBSS-279010.5.peg.587

- none -

CBSS-521098.4.peg.1460

CBSS-521098.4.peg.1460

- none -
- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

Formate hydrogenase

- none -

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as

Formate hydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Formate hydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Anaerobic respiratory reductases; <br>Formate hydrogenase

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

CBSS-326442.4.peg.1852

Universal stress protein family

Oxidative stress

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Persister Cells; <br>Ribosome activity modulation

- none -

- none -

- none -

RNA methylation

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

Glutamate dehydrogenases; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

CBSS-211586.1.peg.2357

CBSS-211586.1.peg.2357; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

CBSS-211586.1.peg.2357

- none -

Oxidative stress; <br>Hemin transport system

Oxidative stress; <br>Hemin transport system

RNA methylation

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate

DNA repair, bacterial UmuCD system

DNA repair, bacterial UmuCD system

- none -

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

Biphenyl Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

- none -

- none -

- none -

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -

- none -

- none -

Phage packaging machinery

cAMP signaling in bacteria

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

Luciferases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CMP-N-acetylneuraminate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria  
Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions  
Purine Utilization; <br>Purine conversions

- none -

Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system  
Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system  
Siderophore assembly kit; <br>Hemin transport system

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Entner-Doudoroff Pathway

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Sialic Acid Metabolism

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization

- none -



- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

Dipeptidases (EC 3.4.13.-)

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Trp

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Tolerance to colicin E2

Tolerance to colicin E2

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

- none -

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

- none -

Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Flavo-haemoglobin

Copper homeostasis: copper tolerance

Glutathione: Redox cycle

DNA processing cluster

Protein degradation

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway

Lysine Biosynthesis DAP Pathway

- none -

- none -

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Triacylglycerol metabolism

Flagellar motility

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>CBSS-584.1.peg.3382; <br>Serine-glyoxylate cycle

CBSS-584.1.peg.3382

CBSS-584.1.peg.3382; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage tail proteins 2; <br>Phage tail proteins

Flavo-haemoglobin

RNA methylation; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>mm5U34 biosynthesis bacteria

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

Glutaredoxins; <br>Protein chaperones; <br>Flavo-haemoglobin

Alanine biosynthesis; <br>Glutaredoxins; <br>Protein chaperones

Alanine biosynthesis; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

pyrimidine conversions; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Purine conversions

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>RNA methylation

CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>CBSS-498211.3.peg.1415

tRNA aminoacylation, His; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Histidine Biosynthesis

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Universal GTPases; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

Purine conversions

Purine conversions

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Muconate lactonizing enzyme family; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

Purine conversions

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA processing cluster; <br>DNA-replication

DNA processing cluster

DNA processing cluster; <br>DNA-replication

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>cAMP signaling in bacteria; <br>Purine conversions

- none -

DNA-binding regulatory proteins, strays

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

- none -

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

Threonine degradation; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Glycine Biosynthesis

- none -

- none -

Purine conversions

Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Integrans

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Lysine degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Arginine Biosynthesis extended



Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -
- none -
- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -
- none -
- none -
- none -

Cold shock, CspA family of proteins

- none -
- none -
- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

Folate Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis

- none -
- none -

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

Phage packaging machinery

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

DNA-replication

DNA-replication

- none -
- none -
- none -
- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

DNA Repair Base Excision

Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

pyrimidine conversions; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -
- none -

CBSS-326442.4.peg.1852

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>RNA methylation

- none -
- none -

pyrimidine conversions; <br>pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism

- none -
- none -
- none -
- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -
- none -
- none -

pyrimidine conversions

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -

Type IV pilus

Resistance to chromium compounds

- none -

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

- none -

Arginine Biosynthesis extended

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>mnM5U34 biosynthesis bacteria

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

D-ribose utilization

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Leucine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate U

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Bile hydrolysis

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization  
Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization; <br>Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Transport of Iron

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

DNA repair, bacterial

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

- none -

- none -

- none -

CBSS-316057.3.peg.659

CBSS-316057.3.peg.659

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit; <br>Ton and Tol transport systems; <br>Ton and Tol transport systems

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin; <br>Siderophore assembly kit

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

RuvABC plus a hypothetical

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA phosphorothioation

DNA phosphorothioation

DNA phosphorothioation

DNA phosphorothioation

- none -

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage shock protein (psp) operon

Proton-dependent Peptide Transporters

EC699-706; <br>Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -
- none -
- none -
- none -

Mannose Metabolism

- none -
- none -
- none -
- none -

Single-Rhodanese-domain proteins

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

- none -

DedA family of inner membrane proteins

- none -
- none -
- none -
- none -

Purine Utilization

Bacterial Chemotaxis

- none -
- none -
- none -
- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Ton and Tol transport systems

- none -
- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavohaemoglobin

- none -

Universal GTPases

- none -

DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>C

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

- none -

tRNAmodification position 34

tRNAmodification position 34

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavodoxin; <br>Flavodoxin

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Nitrosative stress

Nitrosative stress

Nitrosative stress; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -

Arsenic resistance

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Isoprenoid Biosynthesis

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -
- none -
- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -
- none -
- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline, 4-

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -
- none -
- none -
- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

CBSS-326442.4.peg.1852; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

Transport of Iron

Hemin transport system; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-345074.3.peg.1627

CBSS-345074.3.peg.1627

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -
- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

- none -
- none -
- none -
- none -

EC699-706; <br>DNA repair, bacterial photolyase

EC699-706

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to c

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -
- none -
- none -
- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

- none -  
- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis  
Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -  
- none -

DNA processing cluster

- none -  
- none -

Murein hydrolase regulation and cell death

- none -  
- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>Flavohaemoglobin

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>DNA repair, UvrABC system

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminy transferase

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminy transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial

A predicted deacylase that co-occurs with Ribosomal protein S6 glutaminy transferase; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -  
- none -  
- none -

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Sialic Acid Metabolism

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

tRNA aminoacylation, Pro; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Serine Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Serine-glyoxylate cycle

Accessory colonization factor

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

tRNA processing; <br>Methylthiotransferases

Phosphate metabolism

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism; <br>Lipoprotein Biosynthesis

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism; <br>Lipoprotein Biosynthesis

- none -

CBSS-208964.1.peg.3988; <br>tRNA aminoacylation, Leu



Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
CBSS-208964.1.peg.3988; <br>DNA-replication  
NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan Biosynthesis  
Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Lipoic acid metabolism  
Lipoic acid metabolism; <br>Dehydrogenase complexes  
Lipoic acid metabolism  
Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis  
Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis  
- none -  
Purine conversions  
Purine Utilization  
Dipeptidases (EC 3.4.13.-); <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions  
DNA repair, bacterial  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes  
Broadly distributed proteins not in subsystems; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-339671.5.peg.589; <br>Glutaredoxins  
RNA methylation  
CBSS-339671.5.peg.589  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
- none -  
Coenzyme A Biosynthesis; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
- none -  
- none -  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
DNA repair, bacterial  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis  
CBSS-1085.1.peg.1363  
- none -  
Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)  
Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
Transcription factors bacterial  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>riboflavin to FAD  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism  
Ribonucleotide reduction  
- none -  
- none -  
Phosphate metabolism  
- none -  
- none -  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
Broadly distributed proteins not in subsystems  
KDO2-Lipid A biosynthesis  
MukBEF Chromosome Condensation  
MukBEF Chromosome Condensation  
MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial  
MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial  
MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial  
- none -  
Orphan regulatory proteins; <br>Lipid A modifications  
- none -  
- none -  
Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>  
Nitrosative stress; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin  
- none -  
- none -  
- none -  
Cobalt-zinc-cadmium resistance  
Cobalt-zinc-cadmium resistance  
Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
Histidine Degradation  
Histidine Degradation  
Histidine Degradation  
Histidine Degradation  
Histidine Degradation  
- none -  
Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin  
Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin  
- none -  
DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster  
- none -  
Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly  
Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pentose phosphate pathway; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Uptake of selenate and selenite; <br>DedA family of inner membrane proteins

Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

- none -

- none -

Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars

Murein Hydrolases; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>Recycling of Peptidoglycan

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Queuosine-Archaosine Biosynthesis

Maltose and Maltodextrin Utilization

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Flavo-haemoglobin

Tolerance to colicin E2

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Fermentations: Mixed acid

Zinc regulated enzymes

tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaosine Biosynthesis

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

Folate Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes

- none -

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

TCA Cycle; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-lik

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Polyamine Metabolism; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Zinc regulated enzymes; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

GroEL GroES

GroEL GroES

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

DNA-replication

Ribosome biogenesis bacterial

Translation termination factors bacterial

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>YcfH

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Lipid A modifications

Lipid A modifications

Lipid A modifications

Lipid A modifications

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>DNA repair, bacterial

Translation elongation factor G family

- none -

pyrimidine conversions; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Creatine and Creatinine Degradation

Creatine and Creatinine Degradation

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein; <br>DNA repair, bacterial MutL-MutS system

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial; <br>DNA

tRNA aminoacylation, Ala

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Carbon storage regulator; <br>Carbon Starvation

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein; <br>Methionine D

Dehydrogenase complexes

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Type IV pilus

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>Type IV pilus

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-562.2.peg.633

- none -

CBSS-349966.3.peg.197

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-349966.3.peg.197; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

cell division core of larger cluster; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division cluster containing FtsQ

Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome

Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome

CBSS-160492.1.peg.550; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

CBSS-160492.1.peg.550

CBSS-160492.1.peg.550

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>CBSS-160492.1.peg.550; <br>Capsular heptose biosynthesis  
CBSS-160492.1.peg.550

Carbon Starvation

Carbon Starvation

- none -

Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes

Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes

Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

- none -

Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent

CBSS-342610.3.peg.1794

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>

Multidrug Resistance Efflux Pumps; <br>Ton and Tol transport systems

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>LOS core oligosaccharide biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>CBSS-316057.3.peg.3521

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

cAMP signaling in bacteria; <br>Potassium homeostasis

cAMP signaling in bacteria

Phosphate metabolism

Phosphate metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

- none -

Folate Biosynthesis

Folate Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

Ribosome SSU bacterial

- none -

DNA-replication

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

- none -

- none -

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

Leucine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Threonine and Homose

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

Ribosome LSU bacterial

DNA-replication

CytR regulation

Bacterial Cytoskeleton

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CytR regulation

A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clu

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions

2-phosphoglycolate salvage; <br>Pentose phosphate pathway

DNA repair, bacterial; <br>Shikimate kinase containing cluster

Bile hydrolysis; <br>Shikimate kinase containing cluster

Type IV pilus; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <b

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Shikimate kinase

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Phage tail fiber proteins; <br>Phage tail proteins

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

CBSS-246196.1.peg.364

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Lipoic acid metabolism

- none -

- none -

- none -



Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization  
Mannose Metabolism

- none -

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization  
16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Universal GTPases

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

- none -

Lysine degradation

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Orphan regulatory proteins

Orphan regulatory proteins

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins; <br>Glycerol and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxins

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

Universal stress protein family

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

CBSS-1085.1.peg.1363; <br>cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-316057.3.peg.659

Respiratory dehydrogenases 1

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

Quinate degradation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

De Novo Purine Biosynthesis

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

- none -

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

Curli production

RNA polymerase bacterial

RNA polymerase bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial  
LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial  
LSU ribosomal proteins cluster; <br>Transcription factors bacterial  
LSU ribosomal proteins cluster  
Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine conversions  
cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions  
cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions  
- none -  
- none -  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
- none -  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
Oxidative stress; <br>Zinc regulated enzymes  
Bacterial Chemotaxis  
Glycolysis and Gluconeogenesis  
- none -  
- none -  
Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions  
DNA-replication  
- none -  
- none -  
Multidrug Resistance Efflux Pumps  
Multidrug Resistance Efflux Pumps  
- none -  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis  
- none -

EC49-61

EC49-61; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>EC49-61; <br>Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7

EC49-61; <br>ECSIG4-SIG7; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>ECSIG4-SIG7; <br>RNA methylation

EC49-61

EC49-61; <br>Folate Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

CBSS-316275.9.peg.382

CBSS-316275.9.peg.382

Universal GTPases; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation

TRAP Transporter unknown substrate 9

TRAP Transporter unknown substrate 9

Universal stress protein family

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial

EC49-61; <br>CBSS-326442.4.peg.1852

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

Ribosome LSU bacterial

RNA polymerase bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

- none -

- none -

Phage tail proteins 2

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

DNA Repair Base Excision

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

tRNA processing

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Ba

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

Peptide methionine sulfoxide reductase

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

Purine conversions

- none -

- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>tRNA aminoacylation, Ser

- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Pyruvate Alanine Serine Interconversions

pyrimidine conversions; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Flagellar motility

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

Glutaredoxins

- none -

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System; <br>AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

tRNA aminoacylation, Arg

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

Glutaredoxins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

EC699-706

SeqA and Co-occurring Genes; <br>Glycogen metabolism

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes

- none -

Flavodoxin

- none -

Oxidative stress; <br>Transport of Iron

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Transcription factors bacterial

Proton-dependent Peptide Transporters

- none -

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

DNA structural proteins, bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial; <br>cAMP signaling in bacteria

Bacterial Cell Division

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Purine conversions

Protein chaperones

- none -

- none -

- none -

Persister Cells

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

Copper homeostasis

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Glutaredoxins

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

Pentose phosphate pathway; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>De Novo Purine Biosynthesis

Translation termination factors bacterial; <br>Sporulation-associated proteins with broader functions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins

Universal GTPases

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

- none -

Ribosome biogenesis bacterial

Lipopolysaccharide assembly

Ribosome activity modulation

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthesis

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Murein Hydrolases

- none -



- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase  
Chorismate Synthase; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Ribosome LSU bacterial

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation

Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome SSU bacterial

Universal GTPases; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

- none -

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon); <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

Ribosome SSU bacterial

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Glutaredoxins; <br>riboflavin to FAD; <br>riboflavin to  
tRNA aminoacylation, Ile

Lipoprotein Biosynthesis; <br>Signal peptidase

Lipoprotein Biosynthesis; <br>Signal peptidase

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Bacterial Cell Division

Bacterial Cell Division; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Folate Biosynthesis

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

NusA-TFII Cluster; <br>Transcription factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>Universal GTPases; <br>NusA-TFII Cluster; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>NusA-TFII Cluster; <br>RNA processing and degradation, bacterial; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>tRNA processing

Ribosome SSU bacterial

Polyadenylation bacterial

- none -

- none -

Glutaredoxins

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathionylspermidine and Trypanothione

- none -

- none -

- none -

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

- none -

Triacylglycerol metabolism

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly  
YjeE

Murein Hydrolases; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

DNA repair, bacterial MutL-MutS system

tRNA processing

Hfl operon; <br>Polyadenylation bacterial

Universal GTPases; <br>Hfl operon

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin  
Nitrosative stress; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin  
RNA processing and degradation, bacterial  
RNA methylation  
Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
DNA-replication; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
Ribosome SSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
Ribosome LSU bacterial; <br>Primosomal replication protein N clusters with ribosomal proteins  
One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Methionine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein  
Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Fermentations: Mixed acid  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended  
Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine Biosynthesis extended  
- none -  
Glycine cleavage system; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein  
- none -  
DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase  
- none -  
Heme and Siroheme Biosynthesis  
Potassium homeostasis  
- none -  
Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism  
- none -  
- none -  
- none -  
mnm5U34 biosynthesis bacteria  
- none -  
Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism  
tRNA aminoacylation, Gly  
tRNA aminoacylation, Gly  
Alanine biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions  
Alanine biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions  
- none -  
- none -  
DNA replication cluster 1; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits  
DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA replication cluster 1; <br>Cell Division Subsystem including YidCD  
DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD  
DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD  
- none -  
- none -  
CBSS-326442.4.peg.1852  
RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD; <br>Ribosome LSU bacterial  
tRNA processing; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD  
CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD  
Universal GTPases; <br>mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>RNA modification  
Flavodoxin

mm5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD;

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>

Cold shock, CspA family of proteins

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis; <br>Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversion

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

CBSS-360102.4.peg.4134

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

RNA methylation

Folate Biosynthesis; <br>Translation initiation factors bacterial

Translation termination factors bacterial; <br>Dehydrogenase complexes

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Serine-glyoxylate cycle; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

DNA repair, UvrABC system

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cell Division; <br>RNA processing and degradation, bacterial

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Putative TldE-TldD proteolytic complex

Putative TldE-TldD proteolytic complex

Putative TldE-TldD proteolytic complex

- none -

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Glutaredoxins

- none -

Lipopolysaccharide assembly cluster

Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Ribosome activity modulation

Flagellum; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>Lipopolysaccharide assembly cluster  
Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
Lipopolysaccharide assembly cluster; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems  
CBSS-12149.1.peg.3301; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions  
CBSS-176299.4.peg.1996A  
De Novo Pyrimidine Synthesis  
De Novo Pyrimidine Synthesis  
Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation  
Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation  
RNA processing and degradation, bacterial  
- none -  
CBSS-208964.1.peg.3826; <br>tRNA aminoacylation, Val  
DNA-replication; <br>CBSS-208964.1.peg.3826  
Aminopeptidases (EC 3.4.11.-); <br>CBSS-208964.1.peg.3826; <br>Dehydrogenase complexes  
CBSS-208964.1.peg.3826  
CBSS-208964.1.peg.3826  
- none -  
- none -  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
- none -  
Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
- none -  
Coenzyme B12 biosynthesis  
RNA methylation  
- none -  
- none -  
- none -  
Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global  
- none -  
- none -  
DNA repair, bacterial UmuCD system; <br>DNA repair, bacterial  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
Ubiquinone Biosynthesis  
Ubiquinone Biosynthesis  
Flagellum  
Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization  
Single-Rhodanese-domain proteins; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization  
Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
Bacterial Cell Division  
Bacterial Cell Division  
Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

Mannose-sensitive hemagglutinin type 4 pilus

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Folate Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -

- none -

Flagellar motility

KDO2-Lipid A biosynthesis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

tRNA aminoacylation, Cys; <br>Zinc regulated enzymes

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation



Arginine and Ornithine Degradation

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

DNA repair, bacterial

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Murein Hydrolases

Heat shock dnaK gene cluster extended

DNA repair, bacterial

RNA methylation

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Queuosine-Archaeosine B

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphata

- none -

CBSS-630.2.peg.3360

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Phosphate metabolism

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis; <br>A Hypothetical Protein Related to Pr

CBSS-630.2.peg.3360; <br>A Hypothetical Protein Related to Proline Metabolism

Type IV pilus

Type IV pilus

- none -

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Natural DNA Transformation in Vibrio

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Pentose phosphate pathway

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Glycolysis and Gluconeogenesis

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

Flavodoxin

- none -

Periplasmic disulfide interchange

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

Translation termination factors bacterial; <br>Programmed frameshift; <br>Programmed frameshift

tRNA aminoacylation, Lys

- none -

DNA repair, bacterial

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-364106.7.peg.3204

CBSS-364106.7.peg.3204

- none -

Lipoprotein Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

- none -

Ribonuclease H

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -

- none -

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

Lipopolysaccharide assembly

DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation

- none -

DNA repair, bacterial

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Accessory colonization factor

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Serine-glyoxylate cycle; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Glyoxylate bypass

Serine-glyoxylate cycle; <br>Glyoxylate bypass

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNAmodification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNAmodification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

Ammonia assimilation; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Ribosome SSU bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

CBSS-312309.3.peg.1965

CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

- none -

Lipopolysaccharide assembly

Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly

KDO2-Lipid A biosynthesis

Fatty Acid Biosynthesis FASII

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Ribonuclease H

DNA-replication

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

tRNA processing; <br>tRNAmodification position 34; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

Murein Hydrolases; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Glutathione: Non-redox reactions

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Ribonuclease H

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536

- none -

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

De Novo Purine Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

Arsenic resistance; <br>Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-316057.3.peg.3521; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

Lysine Biosynthesis DAP Pathway

Lipopolysaccharide assembly

- none -

CBSS-584.1.peg.1352

CBSS-584.1.peg.1352; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>A Glutathione-dependent Thiol Reductase Associated with a Step in Lysine Biosynthesis

CBSS-584.1.peg.1352; <br>A Glutathione-dependent Thiol Reductase Associated with a Step in Lysine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton

DNA Repair Base Excision; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Flagellum

Flagellum

Flagellum  
Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility  
Bacterial Chemotaxis  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Carbon storage regulator  
Flagellum; <br>Carbon storage regulator  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
- none -  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
- none -  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter  
Flagellum  
Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
- none -  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Flagellar motility  
Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility  
Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate meta

Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhyd

DNA repair, bacterial RecBCD pathway

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

- none -

Chorismate Synthesis; <br>CBSS-584.1.peg.2497; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to choris

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Flavo-haemoglobin

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

Orphan regulatory proteins; <br>CitAB

Orphan regulatory proteins; <br>CitAB

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Tricarboxylate transport cassette; <br>Tricarboxylate transport system

Tricarboxylate transport cassette; <br>Tricarboxylate transport system

Tricarboxylate transport cassette; <br>Tricarboxylate transport system

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>Purine conversions

CBSS-354.1.peg.876

mm5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-354.1.peg.876; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876

TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glycine

Selenoprotein O; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Translation initiation factors bacterial

Protein degradation

Protein degradation

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

pyrimidine conversions

Ribosome SSU bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

tRNA aminoacylation, Met; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

pyrimidine conversions; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Cysteine Biosynthesis

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA processing and degradation, bacterial

2-phosphoglycolate salvage; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

CBSS-323097.3.peg.2594

pyrimidine conversions

DNA-replication; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

YcfH

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Tyr

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>5-FCL-like protein

DNA repair, bacterial DinG and relatives

Ribosome biogenesis bacterial; <br>YjeE

- none -

Carbon Starvation

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

tRNA processing

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-243277.1.peg.4359

Murein Hydrolases; <br>CBSS-243277.1.peg.4359; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

mnm5U34 biosynthesis bacteria; <br>tRNAmodification position 34

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -



- none -

- none -

Phage packaging machinery

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Hemin transport system

- none -

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway

Translation termination factors bacterial

- none -

RNA methylation

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

Tolerance to colicin E2

Polyamine Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>CBSS-196164.1.peg.461

- none -

RNA methylation

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycine and S

TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Translation initiation factors bacterial

- none -

- none -

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

Sugar-phosphate stress regulation

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

Universal GTPases

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Alanine biosynthesis

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification position 34

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Copper homeostasis

- none -

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

CBSS-87626.3.peg.3639; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Copper homeostasis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum

Flagellum

- none -

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

- none -

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

Copper homeostasis; <br>Biogenesis of c-type cytochromes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoleucine degradation; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>

Isoleucine degradation; <br>Isoleucine degradation; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>

DNA repair, bacterial RecBCD pathway

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

CBSS-584.1.peg.2497

Chorismate Synthesis; <br>CBSS-584.1.peg.2497; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>nmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>tRNA modification position 34

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria; <br>Colicin V and Bacteriocin Production Cluster

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Colicin V and Bacteriocin Production Cluster; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-de

Folate Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Colicin V and Bacteriocin Production Cluster; <br>Colicin V and Bacteriocin Production Cl

Colicin V and Bacteriocin Production Cluster

Colicin V and Bacteriocin Production Cluster

Colicin V and Bacteriocin Production Cluster; <br>De Novo Purine Biosynthesis

DNA-binding regulatory proteins, strays

- none -

- none -

- none -

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>cAMP signaling in bacteria; <br>Purine conversions

DNA processing cluster; <br>DNA-replication

DNA processing cluster

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA processing cluster; <br>DNA-replication

Osmoregulation

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

CBSS-176299.4.peg.1996A

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Phosphate metabolism

- none -

- none -

- none -

RNA methylation

- none -

Purine conversions; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Redox-dependent regulation of nucleus processes; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glutaredoxins; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Peptide methionine sulfoxide reductase

- none -

Translation initiation factors bacterial

- none -

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

- none -

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization

- none -

EC699-706

EC699-706

EC699-706

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

- none -

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

Sugar-phosphate stress regulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial



Fatty Acid Biosynthesis FASII

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

2-phosphoglycolate salvage

- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon)

- none -

- none -

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

- none -

- none -

- none -

Redox-dependent regulation of nucleus processes; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Creatine and Creatinine Degradation

pyrimidine conversions; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Creatine and Creatinine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

Glutathione: Redox cycle

- none -

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Anaerobic respiratory reductases

- none -

Zinc regulated enzymes; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Maltose and Maltodextrin Utilization

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Exopolysaccharide Biosynthesis

Exopolysaccharide Biosynthesis

- none -

- none -

Exopolysaccharide Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerate metabolism

- none -

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

- none -

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Mannose Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glycine cleavage system; <br>Lipoic acid metabolism; <br>Dehydrogenase complexes

- none -
- none -
- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

PA0057 cluster

PA0057 cluster

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

- none -
- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

- none -
- none -

Translation termination factors bacterial

- none -
- none -

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

A Hypothetical that Clusters with PEP Synthase

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>A Hypothetical that Clusters with PEP Synthase; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -
- none -

tRNA aminoacylation, Tyr

- none -
- none -
- none -
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

Mannose Metabolism

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Phage shock protein (psp) operon

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Multidrug Resistance Efflux Pumps

CBSS-326442.4.peg.1852; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Cardiolipin synthesis

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

Nitrosative stress

Nitrosative stress

- none -

Nitrosative stress; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

DedA family of inner membrane proteins

- none -

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Single-Rhodanese-domain proteins

- none -

- none -

- none -

Cysteine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Choline Transport

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Galactosylceramide and Sulfatide metabolism; <br>Melibiose Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Lactose utilization

- none -

- none -

AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System; <br>AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

- none -

Isoleucine degradation

- none -

Glutaredoxins

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Flagellar motility

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine and Serine Utilization

Glycine and Serine Utilization

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

pyrimidine conversions; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

CBSS-345074.3.peg.1627

CBSS-345074.3.peg.1627

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Flagellar motility

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

- none -

- none -

- none -

- none -

Siderophore Aerobactin

- none -

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

Siderophore Aerobactin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

Anaerobic respiratory reductases

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase



Nitrate and nitrite ammonification

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Methionine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Lipoic acid metabolism; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-lip  
Glycine cleavage system; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>TCA Cycle; <br>TCA Cycle; <br>Pyruvate metabolism I

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

Purine conversions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Zinc regulated enzymes

- none -
- none -
- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis

Folate Biosynthesis

tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial

tRNA modification Bacteria; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Zinc regulated enzymes

Fermentations: Mixed acid

- none -

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

16S rRNA modification within P site of ribosome

16S rRNA modification within P site of ribosome

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Propionate-CoA to Succinate Module; <br>TCA Cycle; <br>Methylcitrate cycle; <br>Methylcitrate

- none -

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

Ammonia assimilation

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

(GlcNAc)<sub>2</sub> Catabolic Operon

RNA methylation

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>CBSS-196164.1.peg.461

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Bacterial Cell Division; <br>RNA methylation

Bacterial Cell Division; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Folate Biosynthesis

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

NusA-TFII Cluster; <br>Transcription factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>Universal GTPases; <br>NusA-TFII Cluster; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>NusA-TFII Cluster; <br>RNA processing and degradation, bacterial; <br>Translation initiation factors bacterial

CBSS-138119.3.peg.2719; <br>tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria

Ribosome SSU bacterial

Polyadenylation bacterial

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA-replication

Ribosome biogenesis bacterial

- none -

Translation termination factors bacterial

- none -

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>YcfH

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

- none -

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>DNA repair, bacterial

Translation elongation factor G family; <br>Translation elongation factors bacterial

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

- none -

- none -

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Resistance to chromium compounds

- none -

- none -

Lactose utilization

Lactose utilization

Lactose utilization

- none -

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>

Rhamnose containing glycans; <br>Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Lactose and Galactose Uptake and Utilization

tRNA aminoacylation, Met

- none -

- none -

Nitrosative stress; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

Murein Hydrolases

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Respiratory dehydrogenases 1; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization; <br>Osmoregulation

- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

DNA repair, bacterial RecBCD pathway; <br>DNA-replication

- none -

Arginine Biosynthesis extended

- none -

- none -

Murein Hydrolases

- none -

- none -

Alanine biosynthesis; <br>mn5U34 biosynthesis bacteria

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome

- none -

Proteasome bacterial

- none -

- none -

- none -

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

CBSS-339671.5.peg.589

RNA methylation

Broadly distributed proteins not in subsystems; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-339671.5.peg.589; <br>Glutaredoxins

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial RecFOR pathway

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Pro; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

tRNA modification Bacteria

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

CBSS-280355.3.peg.2323

CBSS-280355.3.peg.2323

CBSS-280355.3.peg.2323

CBSS-280355.3.peg.2323

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria

DNA structural proteins, bacterial

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -

- none -

- none -

Purine conversions

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

- none -

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Muconate lactonizing enzyme family; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

Cysteine Biosynthesis

- none -

- none -

Acyl-CoA thioesterase II

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

pyrimidine conversions

- none -

Bacterial Chemotaxis

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

Thiamin biosynthesis; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>A Cluster-Based

A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase

- none -

Respiratory dehydrogenases 1

- none -

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

- none -

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

Broadly distributed proteins not in subsystems

KDO2-Lipid A biosynthesis

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

CBSS-188.1.peg.6720

- none -

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

DNA-replication

- none -

DNA repair, bacterial DinG and relatives

- none -

- none -

CBSS-354.1.peg.876

TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Cold shock, CspA family of proteins

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>ClpAS cluster

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Leucine Biosynthesis

- none -

- none -

Accessory colonization factor

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage packaging machinery

Phage packaging machinery

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phage capsid proteins

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-393011.11.peg.386; <br>CBSS-393011.11.peg.386

CBSS-393011.11.peg.386

Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -
- none -
- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Universal GTPases

Glutaredoxins

- none -
- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Colicin V and Bacteriocin Production Cluster; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-de

DNA-binding regulatory proteins, strays

- none -
- none -

DNA-replication

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-316057.3.peg.563; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome oxidases; <br>Terminal cytochrome O ubiquinol oxidase; <br>Flavo-haemoglobin

Terminal cytochrome oxidases; <br>Terminal cytochrome O ubiquinol oxidase; <br>Flavo-haemoglobin

Terminal cytochrome oxidases; <br>Terminal cytochrome O ubiquinol oxidase; <br>Flavo-haemoglobin

Terminal cytochrome oxidases; <br>Terminal cytochrome O ubiquinol oxidase; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

Valine degradation

Isoleucine degradation; <br>Valine degradation

Valine degradation

Isoleucine degradation; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>Valine degradation

Inositol catabolism; <br>Valine degradation

Isoleucine degradation

HMG CoA Synthesis

HMG CoA Synthesis; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism

HMG CoA Synthesis; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>Serine-glyoxylate cycle

HMG CoA Synthesis; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism

HMG CoA Synthesis; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Copper homeostasis; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins

- none -

VieSAB signal transduction system of Vibrio

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrio ferrin synthesis

Vibrioferrin synthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

Arginine and Ornithine Degradation; <br>A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

A hypothetical that clusters with arginine and ornithine degradation

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CytR regulation

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Protein degradation

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>nmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

tRNA modification Bacteria; <br>nmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

tRNA modification Bacteria; <br>nmn5U34 biosynthesis bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Universal GTPases; <br>Translation elongation factor G family; <br>Translation elongation factors bacterial

Universal GTPases; <br>Translation elongation factors bacterial

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP

Methionine Biosynthesis

L-Cystine Uptake and Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Methionine Biosynthesis

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Methionine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

CBSS-1352.1.peg.856

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Fermentations: Mixed acid

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

Arginine Biosynthesis extended

- none -

Glycine cleavage system; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein

- none -

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Type IV pilus; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Shikimate kinase containing cluster

Type IV pilus; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate); <br>Shikimate kinase containing cluster

Bile hydrolysis; <br>Shikimate kinase containing cluster

DNA repair, bacterial; <br>Shikimate kinase containing cluster

2-phosphoglycolate salvage; <br>Pentose phosphate pathway

Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

DNA-replication

Alanine biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

Bacterial Chemotaxis

Oxidative stress; <br>Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria

- none -

- none -

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phosphate metabolism

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

CBSS-12149.1.peg.3301

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

CBSS-12149.1.peg.3301; <br>Lipopolysaccharide assembly

KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly

Lipopolysaccharide assembly; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Lipopolysaccharide assembly; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Ribosome activity modulation

- none -

- none -

Glutaredoxins

- none -

Putative TldE-TldD proteolytic complex

Putative TldE-TldD proteolytic complex

Glycerate metabolism; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions

EC49-61; <br>tRNA modification Bacteria; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

EC49-61; <br>CBSS-326442.4.peg.1852

Phosphate metabolism

CBSS-316057.3.peg.563; <br>CBSS-354.1.peg.2917; <br>Putative TldE-TldD proteolytic complex

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cell Division; <br>RNA processing and degradation, bacterial

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

CBSS-354.1.peg.2917; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA repair, bacterial

- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule; <br>Glycogen metabolism

DNA repair, UvrABC system

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Methionine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis; <br>Orphan regulatory proteins; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Phosphate metabolism; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2); <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-208964.1.peg.1768

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria

CoA disulfide thiol-disulfide redox system

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Hexose Phosphate Uptake System

Mannose Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Siderophore Aerobactin; <br>Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

- none -

- none -

Integrans

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to c

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

A conserved operon linked to TyrR and possibly involved in virulence

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

- none -

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Bacterial Chemotaxis

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

- none -

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline



- none -

- none -

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

TRAP Transporter unknown substrate 6

TRAP Transporter unknown substrate 6

TRAP Transporter unknown substrate 6

- none -

- none -

Glutathione: Non-redox reactions; <br>CBSS-228400.4.peg.1623

CBSS-228400.4.peg.1623

CBSS-228400.4.peg.1623

- none -

Transport of Iron

- none -

Transport of Iron

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

- none -

Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits; <br>Cell Division Subsystem

Ubiquinone Biosynthesis

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Dehydrogenase complexes; <br>5-FCL-like protein; <br>Methionine D

Dehydrogenase complexes

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Type IV pilus

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>CBSS-562.2.peg.633

Type IV pilus; <br>Type IV pilus

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

CBSS-562.2.peg.633

Ribosome LSU bacterial

tRNA modification Bacteria; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation

Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome SSU bacterial

Universal GTPases; <br>Bacterial signal recognition particle (SRP)

- none -

- none -

Autoinducer 2 (AI-2) transport and processing (IsrACDBFGE operon); <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

- none -

- none -

NADPH:quinone oxidoreductase 2

- none -

- none -

Protection from Reactive Oxygen Species

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Ectoine biosynthesis and regulation

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

Synthesis of osmoregulated periplasmic glucans

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

TCA Cycle; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

TCA Cycle; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

TCA Cycle; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

TCA Cycle; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes; <br>Prolin

Orphan regulatory proteins; <br>CitAB; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Orphan regulatory proteins; <br>CitAB; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

- none -

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Homogentisate pathway of aromatic compound degradation; <br>

Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Homogentisate pathway of aromatic compound degradation

Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Homogentisate pathway of aromatic compound degradation

Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Homogentisate pathway of aromatic compound degradation; <br>Aromatic amino acid degradation

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

CBSS-87626.3.peg.3639; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

- none -

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Metalloendopeptidases (EC 3.4.24.-)

- none -

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Uptake of selenate and selenite

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

Polyamine Metabolism

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Threonine degradation; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

RNA methylation

RNA methylation

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavohaemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Coenzyme B12 biosynthesis

Coenzyme B12 biosynthesis

Arginine and Ornithine Degradation

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Cobalamin synthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Cobalamin synthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

L-Cystine Uptake and Metabolism

- none -

DNA Repair Base Excision

Murein hydrolase regulation and cell death

Murein hydrolase regulation and cell death

tRNA modification Bacteria; <br>pyrimidine conversions; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria

tRNA aminoacylation, Phe

tRNA aminoacylation, Phe

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Biphenyl Degradation

- none -

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Translation initiation factors bacterial

tRNA aminoacylation, Thr

- none -

- none -

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation

Histidine Degradation; <br>Hydantoin metabolism

Histidine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-216591.1.peg.168

- none -

- none -

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

Phd-Doc, YdcE-YdcD toxin-antitoxin (programmed cell death) systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Multidrug Resistance Efflux Pumps

CBSS-211586.1.peg.1859

CBSS-211586.1.peg.1859

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Orphan regulatory proteins; <br>CitAB; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Orphan regulatory proteins; <br>CitAB; <br>Citrate Metabolism, Transport, and Regulation

Transport of Iron

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pentose phosphate pathway; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Pentose phosphate pathway; <br>D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D

Universal stress protein family

- none -

- none -

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Metalloendopeptidases (EC 3.4.24.-)

- none -

- none -

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Lactate utilization

Lactate utilization

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Flagellum; <br>Flagellar motility

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

- none -

- none -

- none -

Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

tRNA processing

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Isoleucine degradation; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Valine degradation

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glutaredoxins

- none -
- none -
- none -

SigmaB stress response regulation

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -
- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

- none -
- none -
- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Nitrate and nitrite ammonification

- none -
- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Phosphate metabolism

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -
- none -
- none -
- none -

Isoleucine degradation; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>Valine degradation; <br>Dehydrogenase complexes

Isoleucine degradation; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>Valine degradation; <br>Dehydrogenase complexes

Isoleucine degradation; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>Valine degradation; <br>Lipoic acid metabolism; <br>Deh

- none -
- none -
- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -
- none -

Bile hydrolysis

- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -
- none -

cAMP signaling in bacteria

- none -

Lactose utilization

- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly  
YjeE

Murein Hydrolases; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids  
DNA repair, bacterial MutL-MutS system

tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria

Hfl operon; <br>Polyadenylation bacterial

Universal GTPases; <br>Hfl operon

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Hfl operon

Purine conversions; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

Nitrosative stress; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Oxidative stress; <br>Flavo-haemoglobin

RNA processing and degradation, bacterial

RNA methylation

2-phosphoglycolate salvage; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions

tRNA aminoacylation, Trp

- none -

- none -

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

Beta-Glucoside Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-208964.1.peg.3826

CBSS-208964.1.peg.3826

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-); <br>CBSS-208964.1.peg.3826; <br>Dehydrogenase complexes

DNA-replication; <br>CBSS-208964.1.peg.3826

CBSS-208964.1.peg.3826; <br>tRNA aminoacylation, Val

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Persister Cells

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

CBSS-176299.4.peg.1996A

- none -

- none -

Hydantoin metabolism

Polyamine Metabolism; <br>Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

tRNA aminoacylation, Trp

- none -

- none -

- none -

- none -

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Metalloendopeptidases (EC 3.4.24.-)

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria

- none -

- none -

- none -

Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly

- none -

Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>tRNA aminoacylation, Ser

- none -

- none -

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly; <br>CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

CBSS-291331.3.peg.3674

- none -

CBSS-354.1.peg.876; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>Purine conversions

CBSS-354.1.peg.876

tRNA modification Bacteria; <br>mnM5U34 biosynthesis bacteria; <br>CBSS-354.1.peg.876; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA m

- none -

Purine conversions

- none -

- none -

Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Homogentisate pathway of aromatic compound degradation; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

Histidine Biosynthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PABA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis;

Histidine Biosynthesis

Zinc regulated enzymes; <br>Histidine Biosynthesis; <br>Histidine Biosynthesis

- none -

Flagellar motility

KDO2-Lipid A biosynthesis

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

tRNA aminoacylation, Cys; <br>Zinc regulated enzymes

pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Broadly distributed proteins not in subsystems

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyo

- none -

DNA repair, bacterial

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division

tRNA processing

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

- none -

Carbon Starvation

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>YjeE

DNA repair, bacterial DinG and relatives

One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>5-FCL-like protein

- none -

tRNA aminoacylation, Arg

- none -

- none -

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism; <br>TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

TCA Cycle; <br>Dehydrogenase complexes

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

EC699-706; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

- none -

SeqA and Co-occurring Genes; <br>Glycogen metabolism

SeqA and Co-occurring Genes

SeqA and Co-occurring Genes

- none -

Flavodoxin

- none -

Oxidative stress; <br>Transport of Iron

- none -

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>tRNA aminoacylation, Asp and Asn

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Sialic Acid Metabolism; <br>Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutamate and Aspartate uptake in Bacteria; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Transcription factors bacterial

Proton-dependent Peptide Transporters

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Purine conversions

Protein chaperones

Cholera toxin

Cholera toxin

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Persister Cells

- none -  
- none -  
- none -

CBSS-316057.3.peg.659

CBSS-316057.3.peg.659

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

DNA Repair Base Excision; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Bacterial Cytoskeleton

- none -

Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Trehalose Uptake and Utilization

Flagellum

Flagellum

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

tRNA modification Bacteria; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Methylcitrate cycle

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Methylcitrate cycle

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Methylcitrate cycle

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Methylcitrate cycle

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Methylcitrate cycle

Propionate-CoA to Succinate Module; <br>Methylcitrate cycle

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

Type VI secretion systems

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7

- none -

Type VI secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Tricarboxylate transport cassette; <br>Tricarboxylate transport system

Tricarboxylate transport cassette; <br>Tricarboxylate transport system

Tricarboxylate transport cassette; <br>Tricarboxylate transport system; <br>CBSS-49338.1.peg.459

- none -

TRAP Transporter unknown substrate 9

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing orphans

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

Bacterial Cytoskeleton

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Ton and Tol transport systems

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein; <br>DNA repair, bacterial MutL-MutS system



DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>RecA and RecX; <br>DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial; <br>DNA repair system including

RecA and RecX; <br>DNA repair system including RecA, MutS and a hypothetical protein

tRNA aminoacylation, Ala

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>

Carbon storage regulator; <br>Carbon Starvation

- none -

- none -

Putative TldE-TldD proteolytic complex

CBSS-316057.3.peg.563; <br>CBSS-354.1.peg.2917; <br>Putative TldE-TldD proteolytic complex

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Ton and Tol transport systems

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -
- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -
- none -

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Oxidative stress; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

- none -

Thioredoxin-disulfide reductase

Thioredoxin-disulfide reductase

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

DNA Repair Base Excision

Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -
- none -

tRNA processing

- none -
- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -
- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Ba

- none -

Potassium homeostasis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis

- none -
- none -

- none -

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

CBSS-211586.1.peg.1979

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA processing cluster

- none -

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

- none -

Alanine biosynthesis

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Bacterial Chemotaxis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

EC699-706; <br>DNA repair, bacterial photolyase

CBSS-291331.3.peg.3674

EC699-706

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

Methionine Biosynthesis; <br>ECF class transporters

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

- none -

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis

Bacterial Chemotaxis

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

Lactate utilization

Lactate utilization

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Lactate utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

Muconate lactonizing enzyme family; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

Translation elongation factor G family; <br>Translation elongation factors bacterial

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

- none -

Universal stress protein family

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Redox-dependent regulation of nucleus processes; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

Redox-dependent regulation of nucleus processes; <br>cAMP signaling in bacteria; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

- none -

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

Serine-glyoxylate cycle

Alpha-Amylase locus in Streptocococcus

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Mannose Metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter

- none -

- none -

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

- none -

Glycine and Serine Utilization

- none -

Phage shock protein (psp) operon

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione: Non-redox reactions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

CBSS-399599.3.peg.3584

CBSS-399599.3.peg.3584

CBSS-399599.3.peg.3584

CBSS-399599.3.peg.3584

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

Pentose phosphate pathway

- none -

- none -

Tolerance to colicin E2

Tolerance to colicin E2

Tolerance to colicin E2

- none -

- none -

CBSS-216591.1.peg.168

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribonucleotide reduction

Ribonucleotide reduction

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Glutaredoxins

- none -

DNA repair, bacterial photolyase

- none -

- none -

- none -

L-fucose utilization

L-fucose utilization

L-fucose utilization

L-fucose utilization

L-fucose utilization

L-fucose utilization

L-fucose utilization

- none -

- none -

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

Capsular Polysaccharides Biosynthesis and Assembly

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Peptidoglycan Biosynthesis

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Universal GTPases

- none -

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

Inositol catabolism

- none -

- none -

Inositol catabolism

Isoleucine degradation; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>

Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Acetyl-CoA fermentation to Butyrate

Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Acetyl-CoA fermentation to Butyrate

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glycine and S

D-galactarate, D-glucarate and D-glycerate catabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

- none -

- none -



- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Heme and Siroheme Biosynthesis

tRNA modification Bacteria

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Dehydrogenase complexes

Folate Biosynthesis; <br>Translation initiation factors bacterial

RNA methylation

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-360102.4.peg.4134

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

CBSS-360102.4.peg.4134

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>CBSS-360102.4.peg.4134

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Isoleucine degradation; <br>Alanine biosynthesis; <br>Leucine Biosynthesis; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism; <br>Valine

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

F0F1-type ATP synthase

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>mnM5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

Flavodoxin

Universal GTPases; <br>tRNA modification Bacteria; <br>mnM5U34 biosynthesis bacteria; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem

CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

tRNA processing; <br>RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

RNA modification cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD; <br>Ribosome LSU bacterial

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

- none -

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>DNA-replication; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA replication cluster 1; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

DNA replication cluster 1; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent; <br>DNA gyrase subunits

- none -

Alanine biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

tRNA aminoacylation, Gly

tRNA aminoacylation, Gly

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>mnM5U34 biosynthesis bacteria

- none -

- none -

- none -

Isoleucine degradation; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>

Isoleucine degradation; <br>Isoleucine degradation; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis

- none -

Potassium homeostasis

Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial UvrD and related helicases

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

Lysine degradation

- none -

- none -

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication

- none -

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Phosphate metabolism

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Transcription factors bacterial

- none -

Ubiquinone Biosynthesis

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Inorganic Sulfur Assimilation

Ubiquinone Biosynthesis

CBSS-323850.3.peg.3269

- none -

- none -

- none -

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

- none -

- none -

- none -

Pentose phosphate pathway; <br>D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-gluconate and ketogluconates metabolism

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-Galacturonate

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione: Redox cycle

- none -

DNA processing cluster

Protein degradation

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536

- none -

- none -

- none -

Universal stress protein family

- none -

Universal stress protein family

- none -

- none -

- none -

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

DNA repair, bacterial

Ubiquinone Biosynthesis; <br>Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Ubiquinone Biosynthesis

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

Twin-arginine translocation system

Twin-arginine translocation system; <br>Cluster-based Subsystem Grouping Hypotheticals - perhaps Proteosome Related

- none -

YcfH

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes

- none -

DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

Universal GTPases

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

A cluster based subsystem relating to DUF414

Heme and Siroheme Biosynthesis

Purine conversions

- none -

Ammonia assimilation

Ammonia assimilation

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Glutamine synthetases; <br>Peptidoglycan  
Universal GTPases

- none -

- none -

tRNA processing; <br>CBSS-342610.3.peg.283; <br>LMPTP YfkJ cluster

CBSS-342610.3.peg.283; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>D-tyrosyl-tRNA(Tyr) deacylase

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>CBSS-584.1.peg.3382; <br>Serine-glyoxylate cycle

CBSS-584.1.peg.3382

CBSS-584.1.peg.3382; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

General Secretion Pathway

Inorganic Sulfur Assimilation

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

- none -

Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>CBSS-216591.1.peg.168

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

Cell division-ribosomal stress proteins cluster; <br>CBSS-243265.1.peg.198

- none -

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription factors bacterial; <br>CBSS-243265.1.peg.198

- none -

- none -

Xanthine Metabolism in Bacteria; <br>Purine Utilization

- none -

DNA-replication; <br>Transcription factors bacterial

tRNA modification Bacteria; <br>RNA methylation

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>CBSS-176299.4.peg.1292; <br>CBSS-176

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>CBSS-176299.4.peg.1292; <br>CBSS-176

RNA polymerase bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Purine conversions; <br>CBSS-323097.3.peg.2594

- none -

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Persister Cells

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribonuclease H

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-323097.3.peg.2594

tRNA processing; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

De Novo Pyrimidine Synthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

Coenzyme A Biosynthesis; <br>Coenzyme A Biosynthesis

- none -

DNA repair, bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

- none -

- none -

DNA Repair Base Excision

Coenzyme A Biosynthesis; <br>CBSS-266117.6.peg.1260

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

dTDP-rhamnose synthesis; <br>Rhamnose containing glycans

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

Rhamnose containing glycans

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Lipoic acid metabolism

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization

Glycine cleavage system; <br>Serine Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Serine-glyoxylate cycle

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

- none -

- none -

- none -

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

Fructose utilization; <br>Fructose utilization

Fructose utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

Purine conversions

Tolerance to colicin E2

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Protein chaperones

tRNA modification Bacteria

Ribosome biogenesis bacterial

Lipopolysaccharide assembly

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate; <br>Chorismate Synthase

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Murein Hydrolases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



Murein Hydrolases; <br>A Cluster-Based Subsystem that is Probably a Salvage Pathway Containing Thiamin Kinase; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars  
Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars  
UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Sugars  
- none -  
- none -  
Carbon Starvation; <br>Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A  
Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A  
Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A  
Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
Lipoprotein Biosynthesis; <br>Signal peptidase  
tRNA aminoacylation, Ile  
Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Glutaredoxins; <br>riboflavin to FAD; <br>riboflavin to  
- none -  
Ribosome SSU bacterial  
NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters  
NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters  
Phosphate metabolism; <br>NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters  
pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis  
- none -  
Type VI secretion systems; <br>USS-DB-7  
- none -  
- none -  
Persister Cells  
Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification  
Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification  
Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification  
- none -  
- none -  
pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
pyrimidine conversions; <br>Folate Biosynthesis  
Lipoprotein Biosynthesis  
- none -  
CBSS-364106.7.peg.3204  
Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-364106.7.peg.3204  
DNA repair, bacterial  
- none -  
- none -  
- none -  
Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis  
tRNA aminoacylation, Lys  
Translation termination factors bacterial; <br>Programmed frameshift; <br>Programmed frameshift  
DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision  
Periplasmic disulfide interchange  
- none -

Flavodoxin

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Uracil-DNA glycosylase; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

DNA repair, bacterial

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Threonine and Homoserine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>CBSS-269482.1.peg.1294

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Threonine and H

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

Ammonia assimilation; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>CBSS-562.2.peg.633

- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division core of larger cluster; <br>cell division cluster containing FtsQ

cell division cluster containing FtsQ; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

cell division core of larger cluster; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>cell division cluster containing FtsQ  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Peptidoglycan biosynthesis--gjo; <br>Peptidoglycan Biosynthesis  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>Flagellum in Campylobacter; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>  
Bacterial Cytoskeleton; <br>Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
Bacterial Cell Division; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome  
CBSS-160492.1.peg.550; <br>16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended  
CBSS-160492.1.peg.550  
CBSS-160492.1.peg.550  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>CBSS-160492.1.peg.550; <br>Capsular heptose biosynthesis  
CBSS-160492.1.peg.550  
Carbon Starvation  
Carbon Starvation  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ubiquinone Menaquinone-cytochrome c reductase complexes  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
- none -  
Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Periplasmic Stress Response; <br>Proteolysis in bacteria, ATP-dependent  
Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent  
CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Resistance to fluoroquinolones; <br>DNA topoisomerases, Type II, ATP-dependent  
CBSS-342610.3.peg.1794  
CBSS-342610.3.peg.1794; <br>cAMP signaling in bacteria  
- none -  
CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>  
Multidrug Resistance Efflux Pumps; <br>Ton and Tol transport systems  
LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>LOS core oligosaccharide biosynthesis  
Ammonia assimilation; <br>CBSS-316057.3.peg.3521  
Chitin and N-acetylglucosamine utilization  
cAMP signaling in bacteria; <br>Potassium homeostasis  
cAMP signaling in bacteria  
Phosphate metabolism  
Phosphate metabolism  
Galactosylceramide and Sulfatide metabolism  
General Secretion Pathway  
General Secretion Pathway  
tRNA nucleotidyltransferase; <br>Polyadenylation bacterial  
- none -  
Folate Biosynthesis  
Folate Biosynthesis  
Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria  
- none -  
- none -  
Ribosome SSU bacterial

- none -

DNA-replication; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>CBSS-349161.4.peg.2417

- none -

- none -

- none -

- none -

Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization

- none -

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Copper homeostasis; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

Control of Swarming in Vibrio and Shewanella species

- none -

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Fatty acid metabolism cluster

Leucine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

Leucine Biosynthesis; <br>Branched-Chain Amino Acid Biosynthesis

- none -

EC49-61

EC49-61; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>EC49-61; <br>Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>ECSIG4-SIG7

EC49-61; <br>ECSIG4-SIG7; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

EC49-61; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>ECSIG4-SIG7; <br>RNA methylation

EC49-61

EC49-61

EC49-61; <br>Folate Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

CBSS-316275.9.peg.382

CBSS-316275.9.peg.382

Universal GTPases; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Ribosome LSU bacterial; <br>CBSS-176279.3.peg.868

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

- none -

Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>Glyoxylate bypass

Arginine Deiminase Pathway; <br>Arginine Biosynthesis extended; <br>Arginine and Ornithine Degradation

TRAP Transporter unknown substrate 9  
TRAP Transporter unknown substrate 9; <br>CBSS-49338.1.peg.459  
Universal stress protein family  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Thiamin biosynthesis  
Ubiquinone Biosynthesis  
Recycling of Peptidoglycan Amino Acids; <br>Peptidoglycan biosynthesis--gjo  
Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Phosphate metabolism  
- none -  
- none -  
Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Cluster Ytf and putative sugar transporter  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Inorganic Sulfur Assimilation; <br>Cysteine Biosynthesis  
Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis  
pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine conversions  
cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions  
ATP-dependent RNA helicases, bacterial  
cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions  
- none -  
- none -  
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase  
- none -  
Ribosome LSU bacterial  
RNA polymerase bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
- none -  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial; <br>Ribosomal protein S5p acylation  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome LSU bacterial  
Ribosome SSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

Ribosome SSU bacterial

Ribosome LSU bacterial

DNA-replication

CytR regulation

Bacterial Cytoskeleton

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

- none -

Menaquinone and Phylloquinone Biosynthesis

RNA processing and degradation, bacterial

- none -

Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Aromatic amino acid degradation

CBSS-331978.3.peg.2915; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

- none -

Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule; <br>Glycogen metabolism

Teichuronic acid biosynthesis; <br>Streptococcal Hyaluronic Acid Capsule

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Comp

- none -

- none -

Rhamnose containing glycans

LOS core oligosaccharide biosynthesis

- none -

- none -

Teichuronic acid biosynthesis

- none -

Rhamnose containing glycans

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -

LOS core oligosaccharide biosynthesis

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Acetyl-CoA fermentation to Butyrate

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Acetyl-CoA fermentation to Butyrate; <br>Hemin transport system

Acetyl-CoA fermentation to Butyrate; <br>Anaerobic respiratory reductases

- none -
- none -

Succinate dehydrogenase

- none -
- none -

Copper homeostasis; <br>Orphan regulatory proteins; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -
- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -
- none -

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

Arginine and Ornithine Degradation

- none -
- none -

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

RNA processing and degradation, bacterial

- none -

- none -

- none -

CBSS-246196.1.peg.364

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Thioredoxin-disulfide reductase

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

Homogentisate pathway of aromatic compound degradation

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

Bacterial hemoglobins; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

D-ribose utilization

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

D-ribose utilization

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis



- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Uptake of selenate and selenite; <br>DedA family of inner membrane proteins; <br>Colicin V and Bacteriocin Production Cluster

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Protection from Reactive Oxygen Species

VieSAB signal transduction system of Vibrio

VieSAB signal transduction system of Vibrio

VieSAB signal transduction system of Vibrio

VieSAB signal transduction system of Vibrio

- none -

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial

Proteolysis in bacteria, ATP-dependent; <br>Proteasome bacterial; <br>cAMP signaling in bacteria

Bacterial Cell Division

- none -

- none -

TRAP Transporter collection; <br>CBSS-49338.1.peg.459

Sialic Acid Metabolism

TRAP Transporter collection; <br>CBSS-49338.1.peg.459

Selenoprotein O; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase

- none -

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

Hyperosmotic potassium uptake; <br>Potassium homeostasis

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.

- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

- none -

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster; <br>Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

Phospholipid and Fatty acid biosynthesis related cluster

- none -

- none -

- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

Heme and Siroheme Biosynthesis

cAMP signaling in bacteria

Biogenesis of cytochrome c oxidases

- none -

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>CBSS-323850.3.peg.3269

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>CBSS-323850.3.peg.3269

CBSS-323850.3.peg.3269

CBSS-323850.3.peg.3269

CBSS-323850.3.peg.3269

- none -

- none -

- none -

- none -

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

Triacylglycerol metabolism

- none -

Flagellar motility

cAMP signaling in bacteria



- none -

tRNA modification Bacteria; <br>RNA methylation

Coenzyme B12 biosynthesis

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

Ammonia assimilation; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

Ribosome SSU bacterial; <br>CBSS-312309.3.peg.1965

CBSS-312309.3.peg.1965; <br>Translation elongation factors bacterial

CBSS-312309.3.peg.1965

Translation termination factors bacterial

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis

- none -

Lipopolysaccharide assembly

Periplasmic Stress Response; <br>Lipopolysaccharide assembly

KDO2-Lipid A biosynthesis

Fatty Acid Biosynthesis FASII

KDO2-Lipid A biosynthesis

- none -

KDO2-Lipid A biosynthesis

Ribonuclease H

DNA-replication

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Na<sup>+</sup> translocating decarboxylases and related biotin-dependent enzymes

tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria; <br>tRNA modification position 34; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

Ammonia assimilation; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

Murein Hydrolases; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Glutathione

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Glutathione: Non-redox reactions

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Ribonuclease H

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

CBSS-342610.3.peg.1536

- none -

Isoleucine degradation

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

De Novo Purine Biosynthesis

pyrimidine conversions; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

- none -

- none -

Arsenic resistance; <br>Anaerobic respiratory reductases

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-316057.3.peg.3521; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch

Lipopolysaccharide assembly

- none -

CBSS-584.1.peg.1352

CBSS-584.1.peg.1352; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway; <br>Lysine Biosynthesis DAP Pathway, GJO scratch; <br>A Glutathione-dep

CBSS-584.1.peg.1352; <br>A Glutathione-dependent Thiol Reductase Associated with a Step in Lysine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Melibiose Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Galactosylceramide and Sulfatide metabolism; <br>Melibiose Utilization

Melibiose Utilization

Flagellum

Translation initiation factors bacterial

Protein degradation

Protein degradation

- none -

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

CBSS-272943.3.peg.1367

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

- none -

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

Purine nucleotide synthesis regulator

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

MukBEF Chromosome Condensation

MukBEF Chromosome Condensation

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

MukBEF Chromosome Condensation; <br>DNA structural proteins, bacterial

- none -

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

CBSS-208964.1.peg.1768

tRNA modification Bacteria; <br>tRNAmodification position 34

tRNA modification Bacteria; <br>tRNAmodification position 34

- none -

tRNA aminoacylation, Asp and Asn

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

- none -

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

RuvABC plus a hypothetical; <br>DNA-replication

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

Terminal cytochrome d ubiquinol oxidases; <br>Terminal cytochrome oxidases

- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathionylspermidine and Trypanothione

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>CBSS-326442.4.peg.1852; <br>RNA methylation

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

CBSS-326442.4.peg.1852

CBSS-326442.4.peg.1852

CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

Glutamate and Aspartate uptake in Bacteria

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

- none -

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

RNA methylation

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

CBSS-211586.1.peg.2357

CBSS-211586.1.peg.2357; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

CBSS-211586.1.peg.2357

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

Glutamate dehydrogenases; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

RNA methylation

- none -

- none -

- none -

Persister Cells; <br>Ribosome activity modulation

Fatty Acid Biosynthesis FASII

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Glycogen metabolism

Bacterial Chemotaxis; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization; <br>Alpha-Amylase locus in Streptococcus

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Trehalose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

- none -

- none -

ATP-dependent RNA helicases, bacterial

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Threonine and Homoserine Biosynthesis; <br>Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis; <br>Proline, 4-hydroxyproline

- none -

- none -

- none -

Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

TRAP Transporter collection; <br>CBSS-49338.1.peg.459

Sialic Acid Metabolism

TRAP Transporter collection; <br>CBSS-49338.1.peg.459

Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-Galacturonate

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-Galacturonate

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

- none -

- none -

Trehalose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>cAMP signaling in bacteria

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

- none -

- none -

- none -

- none -

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Arginine and Ornithine Degradation; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline, 4-

- none -

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

CBSS-323850.3.peg.3284

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>tRNA modification position 34

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

Bacterial Cytoskeleton; <br>RNA modification and chromosome partitioning cluster; <br>Cell Division Subsystem including YidCD

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Two-component sensor regulator linked to Carbon Starvation Protein A

- none -

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

Persister Cells

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Potassium homeostasis

- none -
- none -

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

Transcription factors bacterial

- none -

Urea decomposition; <br>G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Urease subunits

- none -

Zinc regulated enzymes

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

- none -

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

L-ascorbate utilization (and related gene clusters)

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

DNA repair, bacterial

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System; <br>AttEFGH ABC Transport System

AttEFGH ABC Transport System

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Sialic Acid Metabolism

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

NhaA, NhaD and Sodium-dependent phosphate transporters

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Trehalose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -
- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

Lactose and Galactose Uptake and Utilization; <br>Lactose utilization; <br>Galactosylceramide and Sulfatide metabolism

Maltose and Maltodextrin Utilization

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

- none -
- none -

CBSS-251221.1.peg.1863; <br>CBSS-316057.3.peg.659

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -
- none -
- none -

Glutathione-dependent pathway of formaldehyde detoxification

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

TRAP Transporter unknown substrate 9

TRAP Transporter unknown substrate 9; <br>CBSS-49338.1.peg.459

- none -
- none -

Transcription factors bacterial

- none -
- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Prophage-encoded Rst operon

Prophage-encoded Rst operon

- none -

- none -

- none -

Cholera toxin

Cholera toxin

- none -

Threonine degradation; <br>Glycine Biosynthesis

Threonine degradation; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Glycine Biosynthesis

Control of Swarming in Vibrio and Shewanella species

Control of Swarming in Vibrio and Shewanella species

Control of Swarming in Vibrio and Shewanella species

Potassium homeostasis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methylglyoxal Metabolism

Transport of Iron

- none -

Soluble cytochromes and functionally related electron carriers

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

- none -

- none -

- none -

Flagellum; <br>Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

- none -

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

- none -

Flagellum

Flagellum

- none -

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

- none -

Aromatic amino acid degradation

- none -

- none -

- none -

Phenylalanine and Tyrosine Branches from Chorismate

- none -

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

- none -

Bacterial Cell Division

- none -

- none -

Transport of Iron

Transport of Iron

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions

- none -

- none -

- none -

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum

- none -

- none -

Murein Hydrolases; <br>CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>Methylglyoxal Metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Osmoregulation

- none -

Methionine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Phosphonate metabolism

Iron acquisition in Streptococcus; <br>Transport of Iron

- none -

- none -

Phosphonate metabolism

- none -

Phosphonate metabolism

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

CBSS-342610.3.peg.1794; <br>Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases); <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global; <br>

- none -

- none -

Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Putative sugar ABC transporter (ytf cluster); <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>Peptide methionine sulfoxide reductase; <br>

- none -

- none -

DNA repair, bacterial photolyase

- none -

Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycogen metabolism cluster; <br>Glycogen metabolism

Deoxyribose and Deoxynucleoside Catabolism; <br>Xanthine Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

Aromatic amino acid degradation

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

- none -

- none -

TRAP Transporter unknown substrate 9; <br>CBSS-49338.1.peg.459

TRAP Transporter unknown substrate 9

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ribosome biogenesis bacterial

Ribosome biogenesis bacterial

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

Polyamine Metabolism; <br>Arginine and Ornithine Degradation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Ton and Tol transport systems

Transport of Iron

- none -

Orphan regulatory proteins

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Mixed acid

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Glycolysis and Gluconeogenesis

CBSS-316407.3.peg.2816

- none -

CBSS-316407.3.peg.2816

- none -

CBSS-316407.3.peg.2816

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Pentose phosphate pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-ribose utilization

Folate Biosynthesis; <br>One-carbon metabolism by tetrahydropterines; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>5-FCL-like protein

Bacterial Cytoskeleton

CBSS-87626.3.peg.3639

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

Ubiquinone Biosynthesis; <br>CBSS-87626.3.peg.3639

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

Periplasmic Stress Response; <br>Transcription initiation, bacterial sigma factors

Transcription initiation, bacterial sigma factors

Universal GTPases; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Translation elongation factors bacterial; <br>Heat shock dnaK gene cluster

CBSS-176299.4.peg.1292; <br>Signal peptidase

RNA processing and degradation, bacterial; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Universal GTPases; <br>Bacterial Cell Division; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

DNA repair, bacterial RecFOR pathway; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>RNA methylation

Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>CBSS-176299.4.peg.1292

Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG

pyrimidine conversions; <br>CTP synthase (EC 6.3.4.2) cluster

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Dehydrogenase complexes

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

- none -

Natural DNA Transformation in Vibrio

RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle; <br>Glutaredoxins; <br>Glutathione: Non-redox reactions; <br>Heat shock dnaK gene

- none -

- none -

Type IV pilus

Type IV pilus

CBSS-630.2.peg.3360; <br>A Hypothetical Protein Related to Proline Metabolism

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis; <br>A Hypothetical Protein Related to Pr

CBSS-630.2.peg.3360; <br>Phosphate metabolism

CBSS-630.2.peg.3360

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Housecleaning nucleoside triphosphate pyrophosphatase  
CBSS-630.2.peg.3360; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis  
Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>RNA methylation

DNA repair, bacterial

Heat shock dnaK gene cluster extended

Murein Hydrolases

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -
- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

- none -

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Aerotolerance operon in Bacteroides and potentially orthologous operons in other organisms

Bacterial Chemotaxis

- none -

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

- none -
- none -

- none -

- none -

Osmoregulation

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

Respiratory dehydrogenases 1

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

cAMP signaling in bacteria; <br>Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Flavodoxin; <br>Flavodoxin

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Purine conversions

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

- none -

- none -

Oxidative stress; <br>Zinc regulated enzymes

Zinc regulated enzymes; <br>De Novo Pyrimidine Synthesis

Zinc regulated enzymes

G3E family of P-loop GTPases (metallocenter biosynthesis); <br>Zinc regulated enzymes

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

CBSS-176299.4.peg.1996A; <br>Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

Universal stress protein family

- none -

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Serine endopeptidase (EC 3.4.21.-)

- none -

Polyamine Metabolism; <br>Ribosomal protein S5p acylation

- none -

Protection from Reactive Oxygen Species

CBSS-216591.1.peg.168

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

Beta-lactamase

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

- none -

- none -
- none -
- none -
- none -

Glycerol and Glycerol-3-phosphate Uptake and Utilization

- none -

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>D-Galacturonate and D-Glucuronate Utilization

D-gluconate and ketogluconates metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>D-Galacturonate

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

Heme and Siroheme Biosynthesis; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

cAMP signaling in bacteria

- none -
- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.

- none -
- none -

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Potassium homeostasis

- none -
- none -
- none -
- none -

Arsenic resistance

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Mannose Metabolism

Mannose Metabolism

- none -
- none -
- none -

TCA Cycle

Mannitol Utilization

Mannitol Utilization; <br>Mannitol Utilization

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Arginine Biosynthesis extended

- none -
- none -
- none -

Glutaredoxins

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

- none -
- none -
- none -

Fermentations: Lactate; <br>Biphenyl Degradation

- none -
- none -
- none -

Lysine degradation

- none -
- none -

CBSS-316057.3.peg.563; <br>Terminal cytochrome C oxidases

Terminal cytochrome C oxidases

CBSS-316057.3.peg.563; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

CBSS-316057.3.peg.563; <br>Terminal cytochrome C oxidases

- none -

CBSS-316057.3.peg.563; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

Biogenesis of cytochrome c oxidases

CBSS-316057.3.peg.563; <br>Flavohaemoglobin; <br>Biogenesis of cytochrome c oxidases

Osmoregulation

Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

- none -

- none -

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria; <br>Methylthiotransferases

Phosphate metabolism

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Phosphate metabolism; <br>Lipoprotein Biosynthesis

A hypothetical protein that co-occurs with Leucyl-tRNA synthetase

A hypothetical protein that co-occurs with Leucyl-tRNA synthetase; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>tRNA aminoacylation, Leu

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-208964.1.peg.3988; <br>KDO2-Lipid A biosynthesis

CBSS-208964.1.peg.3988; <br>DNA-replication

tRNA modification Bacteria; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

tRNA modification Bacteria; <br>Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>NAD and NADP cofactor biosynthesis global

16S rRNA modification within P site of ribosome; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Bacterial Cytoskeleton; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Peptidoglycan Biosynthesis

Murein Hydrolases; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Lipoic acid metabolism

Lipoic acid metabolism; <br>Dehydrogenase complexes

Lipoic acid metabolism

Glycine cleavage system; <br>Serine Biosynthesis; <br>Folate Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Serine-glyoxylate cycle

- none -

- none -

- none -

Trehalose Uptake and Utilization

Trehalose Uptake and Utilization; <br>Trehalose Uptake and Utilization

Trehalose Uptake and Utilization

LOS core oligosaccharide biosynthesis; <br>Capsular heptose biosynthesis

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

pyrimidine conversions; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -



DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycine cleavage system; <br>Orphan regulatory proteins

- none -

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum; <br>Flagellar motility

DNA repair, bacterial

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis; <br>Isoprenoid Biosynthesis: Interconversions; <br>Polyprenyl Diphosphate Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Thiamin biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

Transcription factors bacterial

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>riboflavin to FAD

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>riboflavin to FAD

Riboflavin, FMN and FAD metabolism; <br>Riboflavin, FMN and FAD metabolism

Ribonucleotide reduction

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis

Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization; <br>Proline Synthesis

- none -

- none -

Purine conversions

Purine Utilization

Dipeptidases (EC 3.4.13.-); <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis

- none -

- none -

tRNA processing; <br>tRNA modification Bacteria; <br>tRNA modification position 34

- none -

Type IV pilus

- none -

Type IV pilus

Type IV pilus

Type IV pilus

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

Glutamate and Aspartate uptake in Bacteria

Protein chaperones; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

NAD and NADP cofactor biosynthesis global

- none -

DNA-replication; <br>DNA repair, bacterial

Lipopolysaccharide assembly

- none -

- none -

Translation termination factors bacterial; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

- none -

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis Experimental

- none -

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>Alanine biosynthesis; <br>mm5U34 biosynthesis bacteria

tRNA modification Bacteria

tRNA modification Bacteria

tRNA modification Bacteria

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Biosynthesis

Potassium homeostasis

- none -

Respiratory dehydrogenases 1; <br>Pyruvate Alanine Serine Interconversions; <br>Proline, 4-hydroxyproline uptake and utilization

- none -

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

Purine conversions

Purine conversions

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

Universal GTPases; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

Lipopolysaccharide assembly; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>CBSS-290633.1.peg.1906

tRNA aminoacylation, His; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Stringent Response, (p)ppGpp metabolism; <br>Histidine Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415

CBSS-498211.3.peg.1415; <br>RNA methylation

pyrimidine conversions; <br>CBSS-498211.3.peg.1415; <br>Purine conversions

Aminopeptidases (EC 3.4.11.-)

tRNA modification Bacteria

tRNA modification Bacteria; <br>Alanine biosynthesis; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Biogenesis of

tRNA modification Bacteria; <br>Alanine biosynthesis; <br>Glutaredoxins; <br>Protein chaperones

tRNA modification Bacteria; <br>Glutaredoxins; <br>Protein chaperones; <br>Flavo-haemoglobin

tRNA modification Bacteria; <br>Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin  
tRNA modification Bacteria; <br>Alanine biosynthesis; <br>Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin  
tRNA modification Bacteria; <br>Alanine biosynthesis; <br>mnm5U34 biosynthesis bacteria  
Alanine biosynthesis; <br>Rrf2 family transcriptional regulators; <br>Flavo-haemoglobin  
tRNA modification Bacteria; <br>RNA methylation; <br>Flavo-haemoglobin  
Inositol catabolism; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNA modification Bacteria; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

CBSS-211586.1.peg.2832; <br>tRNA modification Bacteria; <br>tRNA modification position 34; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glyoxylate bypass

Glyoxylate bypass cluster; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Glycolate, glyoxylate interconversions; <br>Glyoxylate bypass

DNA-binding regulatory proteins, strays; <br>Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Oxidative stress; <br>Thioredoxin-disulfide reductase

Copper homeostasis: copper tolerance

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon; <br>Purine conversions

Phosphate metabolism; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

Phosphate metabolism; <br>PhoR-PhoB two-component regulatory system; <br>High affinity phosphate transporter and control of PHO regulon

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type III secretion systems

- none -

- none -

Type III secretion systems

Type III secretion systems

- none -

Type III secretion systems

- none -

- none -

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Methylglyoxal Metabolism; <br>Entner-Doudoroff Pathway; <br>Pyruvate

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

- none -

Type III secretion systems

- none -

- none -

- none -

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

Type III secretion systems

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance

- none -

- none -

Trehalose Uptake and Utilization; <br>Maltose and Maltodextrin Utilization

Sucrose utilization

Sucrose utilization; <br>Sucrose utilization

Sucrose utilization; <br>Sucrose utilization

Sucrose utilization; <br>Mannitol Utilization; <br>Fructose utilization

Sucrose utilization

- none -

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system; <br>Ton and Tol transport systems

cAMP signaling in bacteria

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

- none -

- none -

- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Na(+)-translocating NADH-quinone oxidoreductase and rnf-like group of electron transport complexes

Butanol Biosynthesis; <br>Formate hydrogenase; <br>Fermentations: Mixed acid

DNA repair, UvrABC system

- none -

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

Glutathione: Non-redox reactions

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

Fermentations: Lactate; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Fermentations: Mixed acid

- none -

- none -

- none -

- none -

Methionine Biosynthesis; <br>Methionine Degradation

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

tRNA modification Bacteria; <br>Murein hydrolase regulation and cell death

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Met; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

pyrimidine conversions; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster assembly (MRP family)

- none -

Cobalamin synthesis; <br>Coenzyme B12 biosynthesis

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>LMPTP YfkJ cluster

Cysteine Biosynthesis

- none -

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA processing and degradation, bacterial

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Ribosome biogenesis bacterial

- none -

- none -

Ribosome LSU bacterial

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Folate Biosynthesis; <

tRNA modification Bacteria; <br>CBSS-323097.3.peg.2594

pyrimidine conversions

DNA-replication; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

YcfH

Trehalose Uptake and Utilization; <br>Trehalose Uptake and Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism I: anaplerotic reactions, PEP; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Glycerate metabolism; <br>Entner-Doudoroff

Maltose and Maltodextrin Utilization

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

DNA-replication

DNA repair, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

pyrimidine conversions

Ribosome SSU bacterial; <br>Cell division-ribosomal stress proteins cluster

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

De Novo Pyrimidine Synthesis

- none -

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

Oxidative stress; <br>Heme, hemin uptake and utilization systems in GramNegatives; <br>Hemin transport system

- none -

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance

Copper homeostasis: copper tolerance; <br>Flavo-haemoglobin

- none -
- none -

CBSS-216591.1.peg.168

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps; <br>Ton and Tol transport systems

- none -
- none -

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Methionine Biosynthesis

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PABA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.

- none -
- none -
- none -

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

CBSS-176299.4.peg.1996A

- none -

Respiratory dehydrogenases 1

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Methionine Biosynthesis

Methionine Biosynthesis

- none -

CBSS-211586.9.peg.2729; <br>Broadly distributed proteins not in subsystems

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

Intracellular septation in Enterobacteria; <br>CBSS-211586.9.peg.2729

- none -
- none -
- none -
- none -
- none -

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Chorismate: Intermedi

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

Chorismate: Intermediate for synthesis of Tryptophan, PAPA antibiotics, PABA, 3-hydroxyanthranilate and more.; <br>Tryptophan synthesis

- none -

tRNA modification Bacteria

- none -
- none -
- none -
- none -

Translation elongation factors bacterial

- none -

EC49-61; <br>DNA-replication; <br>DNA Repair Base Excision

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system

BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system; <br>DNA repair, UvrABC system

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>BarA-UvrY(SirA) two-component regulatory system



Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

UDP-N-acetylmuramate from Fructose-6-phosphate Biosynthesis; <br>Peptidoglycan Biosynthesis

Biotin biosynthesis; <br>Biotin biosynthesis; <br>Lipoic acid metabolism

Coenzyme A Biosynthesis

Universal GTPases; <br>Translation elongation factors bacterial

LSU ribosomal proteins cluster

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Transcription factors bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

LSU ribosomal proteins cluster; <br>Ribosome LSU bacterial

RNA polymerase bacterial

RNA polymerase bacterial

- none -

- none -

Nudix proteins (nucleoside triphosphate hydrolases)

- none -

- none -

Heme and Siroheme Biosynthesis

VC0266

Serine Biosynthesis; <br>Glycine and Serine Utilization; <br>Pyridoxin (Vitamin B6) Biosynthesis

- none -

- none -

DNA structural proteins, bacterial

Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis

De Novo Purine Biosynthesis; <br>De Novo Purine Biosynthesis; <br>5-FCL-like protein

- none -

Lysine degradation

Lysine degradation

Lysine degradation

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Phosphate metabolism

Pterin carbinolamine dehydratase

Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Aromatic amino acid degradation

HMG CoA Synthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Leucine Degradation and HMG-CoA Metabolism

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

- none -

- none -

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

- none -

Murein Hydrolases; <br>Recycling of Peptidoglycan Amino Acids

- none -

Oxidative stress; <br>Oxidative stress; <br>Oxidative stress

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Transcription initiation, bacterial sigma factors

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Cold shock, CspA family of proteins

- none -

- none -

Maltose and Maltodextrin Utilization

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Fatty Acid Biosynthesis FASII; <br>CBSS-246196.1.peg.364

- none -

DNA repair, bacterial

Fermentations: Lactate; <br>Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>5-FCL-like protein; <br>Fermentations: Mixed

- none -

- none -

- none -

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter oligopeptide (TC 3.A.1.5.1)

ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

Bacterial Chemotaxis; <br>ABC transporter dipeptide (TC 3.A.1.5.2)

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Pterin carbinolamine dehydratase; <br>Homogentisate pathway of aromatic compound degradation

- none -

CBSS-216591.1.peg.168

- none -

- none -

- none -

- none -

Glutaredoxins; <br>Glutathione: Redox cycle; <br>Phage DNA synthesis; <br>Flavo-haemoglobin

Flavo-haemoglobin

Glutaredoxins; <br>Flavo-haemoglobin

Flavo-haemoglobin; <br>Flavo-haemoglobin

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

2-phosphoglycolate salvage

Translation termination factors bacterial

Bacterial Chemotaxis

Multidrug Resistance Efflux Pumps

Multidrug Resistance Efflux Pumps

- none -

Glutathione: Biosynthesis and gamma-glutamyl cycle

- none -

- none -

- none -

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification

Nitrate and nitrite ammonification; <br>trimethylamine N-oxide (TMAO) reductase

- none -

- none -

Polyhydroxybutyrate metabolism

- none -

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Butyrate metabolism cluster; <br>Butanol Biosynthesis; <br>Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Serine-glyoxylate cycle

Polyhydroxybutyrate metabolism; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>Acetyl-CoA fermentation to Butyrate

- none -

- none -

Accessory colonization factor

- none -

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

Symbiotic colonization and sigma-dependent biofilm formation gene cluster

- none -

- none -

- none -

- none -

Riboflavin, FMN and FAD metabolism

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

ABC transporter tungstate (TC 3.A.1.6.2)

- none -

- none -

Potassium homeostasis

- none -

- none -

Formate hydrogenase

- none -

- none -

2-phosphoglycolate salvage; <br>Soluble cytochromes and functionally related electron carriers; <br>Scaffold proteins for [4Fe-4S] cluster as

Formate hydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase

A protein believed to be a subunit or accessory protein of the formate dehydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Formate hydrogenase; <br>Formate hydrogenase

Anaerobic respiratory reductases; <br>Formate hydrogenase

- none -

Redox-dependent regulation of nucleus processes; <br>Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>NAD and NAD

Pentose phosphate pathway

- none -

Chitin and N-acetylglucosamine utilization

- none -

Single-Rhodanese-domain proteins

- none -

- none -

Molybdenum cofactor biosynthesis

Molybdenum cofactor biosynthesis

tRNA modification Bacteria; <br>Folate Biosynthesis; <br>Zinc regulated enzymes; <br>Molybdenum cofactor biosynthesis; <br>Queuosine-

- none -

- none -

Flavohaemoglobin

- none -

- none -

- none -

Bacterial Chemotaxis; <br>CBSS-323850.3.peg.3142

- none -

YjeE

Purine conversions

- none -

- none -

- none -

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -

- none -

Restriction-Modification System; <br>Type I Restriction-Modification

- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

Widespread colonization island

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline uptake and conversion to betaine clusters; <br>Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

Choline and Betaine Uptake and Betaine Biosynthesis

- none -

- none -

- none -

- none -

Polyamine Metabolism

- none -

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

Polyamine Metabolism

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

SS from gene cluster: Bax gene locus

tRNA modification Bacteria; <br>CBSS-326442.4.peg.1852

- none -

- none -

Oxidative stress

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

Terminal cytochrome C oxidases; <br>Biogenesis of cbb3-type cytochrome c oxidases

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

RNA processing and degradation, bacterial

Universal GTPases

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

- none -

- none -

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Queuosine-Archaeosine Biosynthesis

Glycolysis and Gluconeogenesis; <br>Entner-Doudoroff Pathway

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins

Glycerolipid and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria; <br>Glutaredoxin 3 containing cluster; <br>Glutaredoxins; <br>Glycerol and Glycerophospholipid Metabolism in Bacteria

Vibrio Polysaccharide (VPS) Biosynthesis; <br>Methionine Biosynthesis; <br>Cysteine Biosynthesis

Glutaredoxins

- none -

- none -

- none -

- none -

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle

Succinate dehydrogenase; <br>Serine-glyoxylate cycle; <br>TCA Cycle; <br>5-FCL-like protein

Succinate dehydrogenase

Succinate dehydrogenase

- none -

- none -

Translation elongation factors bacterial

Lysine degradation

- none -

- none -

GroEL GroES

GroEL GroES

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Glycolysis and Gluconeogenesis

Cobalt-zinc-cadmium resistance; <br>Glutathione-regulated potassium-efflux system and associated functions

Cobalt-zinc-cadmium resistance

Orphan regulatory proteins

Orphan regulatory proteins

Oxidative stress; <br>Protection from Reactive Oxygen Species

tRNA modification Bacteria; <br>Biotin biosynthesis Experimental; <br>Glutaredoxins; <br>tRNA modification position 34; <br>RNA methylation

- none -

Glutamine, Glutamate, Aspartate and Asparagine Biosynthesis

- none -

Biogenesis of c-type cytochromes; <br>Periplasmic disulfide interchange

- none -

- none -

- none -

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate

- none -

- none -

TCA Cycle

- none -

Flavo-haemoglobin

- none -

CBSS-342610.3.peg.1536; <br>CBSS-228410.1.peg.134; <br>DNA-replication

Pyruvate metabolism II: acetyl-CoA, acetogenesis from pyruvate; <br>Methylcitrate cycle

Quinate degradation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Compounds (DAHP synthase to chorismate)

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Fatty Acid Biosynthesis FASII

Ribosome biogenesis bacterial; <br>RNA methylation; <br>Heat shock dnaK gene cluster extended

tRNA modification Bacteria

DNA structural proteins, bacterial

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

Universal GTPases

Translation termination factors bacterial; <br>Sporulation-associated proteins with broader functions; <br>Cell division-ribosomal stress proteins

Pentose phosphate pathway; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>De Novo Purine Biosynthesis

Isoprenoid Biosynthesis; <br>Nonmevalonate Branch of Isoprenoid Biosynthesis; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

Lipoprotein sorting system; <br>Lipopolysaccharide assembly; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Translation termination factors bacterial; <br>A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Glutaredoxins



- none -

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation

A Gammaproteobacteria Cluster Relating to Translation; <br>Chorismate Synthesis; <br>Common Pathway For Synthesis of Aromatic Comp

- none -

pyrimidine conversions; <br>Purine conversions

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

N-Acetyl-Galactosamine and Galactosamine Utilization; <br>Chitin and N-acetylglucosamine utilization; <br>Purine Utilization

- none -

Copper homeostasis

Copper homeostasis; <br>Terminal cytochrome C oxidases

- none -

- none -

tRNA aminoacylation, Glu and Gln; <br>Heme and Siroheme Biosynthesis

Osmoregulation

- none -

Additional flagellar genes in Vibrionales

- none -

Additional flagellar genes in Vibrionales

Additional flagellar genes in Vibrionales

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Bacterial Chemotaxis; <br>Flagellar motility

Bacterial Chemotaxis

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum; <br>Flagellum in Campylobacter

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Flagellar motility

Flagellum

Flagellum

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

Flagellum; <br>Carbon storage regulator

Flagellum

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -

- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNAs  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNAs  
tRNAs  
tRNAs  
- none -  
tRNAs  
tRNAs  
tRNAs  
tRNAs  
tRNAs  
- none -  
tRNAs  
- none -  
tRNAs  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
tRNAs  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -  
- none -



- none -  
- none -  
- none -



Fatty acid metabolism cluster































































































































Fatty acid metabolism cluster



















Fatty acid metabolism cluster





















































































Fatty acid metabolism cluster













Fatty acid metabolism cluster  
Fatty acid metabolism cluster  
Fatty acid metabolism cluster































































































































































































































Fatty acid metabolism cluster



































Fatty acid metabolism cluster



















































































































































































Fatty acid metabolism cluster























Fatty acid metabolism cluster

















I-CoA fermentation to Butyrate; <br>Fatty acid metabolism cluster; <br>Fatty acid metabolism cluster; <br>Fatty acid metabolism cluster



















































































































I-CoA fermentation to Butyrate; <br>Fatty acid metabolism cluster; <br>Fatty acid metabolism cluster; <br>Fatty acid metabolism cluster





































































































































Supplementary Table V. – Patterns of GC content in *Vibrio* genomes sequenced in this study. Clusters of open reading frames (ORFs) that deviate from mean GC content are provided in blocks separated by spaces. Clusters are defined as 3 or more ORFs in proximity. High or low GC content is defined as GC proportions that fall more the 2 standard deviations from the mean for that genome.

ETJB5C		SA1G		EM17		CB37	
Below mean GC content	Above mean GC content	Below mean GC content	Above mean GC content	Below mean GC content	Above mean GC content	Below mean GC content	Above mean GC content
ETJB5C_317	ETJB5C_2105	SA1G_270	none	EM17_435	none	CB37_15	none
ETJB5C_318	ETJB5C_2106	SA1G_271		EM17_436		CB37_16	
ETJB5C_319	ETJB5C_2107	SA1G_272		EM17_437		CB37_17	
ETJB5C_320	ETJB5C_2108					CB37_18	
ETJB5C_321	ETJB5C_2109	SA1G_284		EM17_613		CB37_19	
	ETJB5C_2110	SA1G_285		EM17_614		CB37_20	
ETJB5C_494	ETJB5C_2111	SA1G_286		EM17_615		CB37_21	
ETJB5C_495	ETJB5C_2112					CB37_22	
ETJB5C_496	ETJB5C_2113	SA1G_292		EM17_636		CB37_23	
ETJB5C_497	ETJB5C_2114	SA1G_293		EM17_637		CB37_24	
	ETJB5C_2115	SA1G_294		EM17_638			
ETJB5C_581	ETJB5C_2116	SA1G_295		EM17_639		CB37_382	
ETJB5C_582	ETJB5C_2117	SA1G_296		EM17_640		CB37_383	
ETJB5C_583	ETJB5C_2118	SA1G_297				CB37_384	
ETJB5C_584	ETJB5C_2119			EM17_1429		CB37_385	
ETJB5C_585	ETJB5C_2120	SA1G_540		EM17_1430			
	ETJB5C_2121	SA1G_541		EM17_1431		CB37_1325	
ETJB5C_598	ETJB5C_2122	SA1G_542				CB37_1326	
ETJB5C_599	ETJB5C_2123			EM17_1498		CB37_1327	
ETJB5C_600	ETJB5C_2124	SA1G_952		EM17_1499			
ETJB5C_601	ETJB5C_2125	SA1G_953		EM17_1500		CB37_1610	
ETJB5C_602	ETJB5C_2126	SA1G_954				CB37_1611	
ETJB5C_603	ETJB5C_2127			EM17_1713		CB37_1612	
ETJB5C_604		SA1G_1113		EM17_1714			
ETJB5C_605		SA1G_1114		EM17_1715		CB37_1634	
ETJB5C_606		SA1G_1115		EM17_1716		CB37_1635	
						CB37_1636	
ETJB5C_658		SA1G_1216		EM17_1828		CB37_1637	
ETJB5C_659		SA1G_1217		EM17_1829		CB37_1638	
ETJB5C_660		SA1G_1218		EM17_1830		CB37_1639	
		SA1G_1219		EM17_1831			
ETJB5C_2070						CB37_1662	
ETJB5C_2071		SA1G_2057		EM17_2351		CB37_1663	
ETJB5C_2072		SA1G_2058		EM17_2352		CB37_1664	
ETJB5C_2073		SA1G_2059		EM17_2353		CB37_1665	
ETJB5C_2074				EM17_2354			
ETJB5C_2075		SA1G_2909				CB37_1814	
ETJB5C_2076		SA1G_2910		EM17_3114		CB37_1815	
ETJB5C_2077		SA1G_2911		EM17_3115		CB37_1816	
ETJB5C_2078				EM17_3116		CB37_1817	

ETJB5C\_2079

ETJB5C\_2244

ETJB5C\_2245

ETJB5C\_2246

ETJB5C\_2247

ETJB5C\_2578

ETJB5C\_2579

ETJB5C\_2580

ETJB5C\_2581

ETJB5C\_2616

ETJB5C\_2617

ETJB5C\_2618

ETJB5C\_2619

ETJB5C\_3209

ETJB5C\_3210

ETJB5C\_3211

ETJB5C\_3316

ETJB5C\_3317

ETJB5C\_3318

CB37\_2536

CB37\_2537

CB37\_2538

CB37\_2542

CB37\_2543

CB37\_2544

CB37\_2673

CB37\_2674

CB37\_2675

CB37\_2834

CB37\_2835

CB37\_2836

CB37\_2955

CB37\_2956

CB37\_2957

CB37\_2958

CB37\_2959

CB37\_3206

CB37\_3207

CB37\_3208

CB37\_3210

CB37\_3211

CB37\_3212

CB37\_3213

CB37\_3214

CB37\_3215

CB37\_3216

CB37\_3217

CB37\_4277

CB37\_4278

CB37\_4279

CB37\_4548

CB37\_4549

CB37\_4550

CB37\_4551

CB37\_4964

CB37\_4965

CB37\_4966

CB37\_5322

CB37\_5323

CB37\_5324

CB37\_5325

CB37\_5326

CB37\_5327

Supplementary Table VI. – Gene duplication within symbiotic *Vibrio fischeri* and the non-symbiotic *V. cf. campbe*. sequences demonstrating closest-match sequence similarity to other genes within the sequence dataset are listed below with nucleotide number. Similarities to most closely-matched reference genomes are shown, as well as putative gene function.

#### SUMMARY

	Duplicates	Triples	Quadruplets
ES114	6	0	0
EM17	32	0	0
ETJB5C	19	1	1
MJ11	30	0	0
SA1G	2	1	1
CB37	57	1	1

#### QUADRUPLETS

Strain	Length	Similarity	Function
CB37	314	96%	conserved hypothetical protein
ETJB5C	45	89%	hypothetical protein VFMJ11_A0682
SA1G	92	100%	anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C

#### TRIPLETS

Strain	Length	Similarity	Function
CB37	272	100%	phosphate ABC transporter, ATP-binding protein
CB37	157	96%	DNA repair protein RadC
CB37	209	98%	2-keto-3-deoxy-6-phosphogluconate aldolase
CB37	376	99%	Flagellin A
EM17	65	83%	hypothetical protein VF_2024
ES114	92	100%	anaerobic glycerol-3-phosphate dehydrogenase subunit C
ETJB5C	48	84%	hypothetical protein VFMJ11_A0682
MJ11	243	100%	conserved hypothetical protein
SA1G	586	89%	putative transporter

#### DUPLICATES

Strain	Length	Similarity	Function
CB37	466	100%	PTS system D-fructose-specific transporter subunit IIBC
CB37	394	100%	elongation factor Tu
CB37	286	100%	ATP synthase F1, gamma subunit
CB37	253	100%	vibriobactin and enterobactin ABC transporter, ATP-binding protein
CB37	249	100%	amino acid ABC transporter, ATP-binding protein
CB37	204	100%	urease accessory protein
CB37	114	100%	nitrogen regulatory protein P-II
CB37	90	100%	DNA-binding protein HU-beta
CB37	82	100%	putative stability protein StbD
CB37	224	40%	hypothetical protein Sfri_0871
CB37	278	51%	hypothetical protein VMC_27220
CB37	500	52%	VCBS
CB37	53	58%	hypothetical protein VEx25_A1073
CB37	603	80%	oxaloacetate decarboxylase
CB37	459	80%	FOG: GGDEF domain protein
CB37	531	82%	sensor protein TorS
CB37	232	83%	putative membrane protein

CB37	559	86% oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein
CB37	208	88% hypothetical protein VIBHAR_02373
CB37	615	91% ABC-type dipeptide transport system, periplasmic component
CB37	433	92% oxaloacetate decarboxylase, beta subunit
CB37	348	92% UDP-glucose 4-epimerase
CB37	239	92% conserved hypothetical protein
CB37	618	94% conserved hypothetical protein
CB37	289	94% acetyl-CoA carboxylase, carboxyl transferase, beta subunit
CB37	107	94% diacylglycerol kinase
CB37	438	95% agglutination protein
CB37	395	95% conserved hypothetical protein
CB37	142	96% acetyltransferase
CB37	53	96% hypothetical protein VCHE39_1687
CB37	51	96% bacteriophage f237
CB37	321	96% outer membrane protein OmpA
CB37	765	97% pyruvate-formate lyase
CB37	220	97% Flagellin D
CB37	166	98% hypothetical protein VIA_002796
CB37	186	98% conserved hypothetical protein
CB37	421	98% CpaF
CB37	524	98% conserved hypothetical protein
CB37	414	98% Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B
CB37	327	99% peptide ABC transporter, ATP-binding protein
CB37	718	99% conserved hypothetical protein
CB37	531	99% cytochrome d ubiquinol oxidase, subunit I
CB37	526	99% ABC transporter ATP-binding protein
CB37	512	99% ATP synthase F1, alpha subunit
CB37	445	99% NAD-dependent aldehyde dehydrogenase
CB37	461	99% ATP synthase F1, beta subunit
CB37	460	99% K+ transport system protein
CB37	434	99% inosine-guanosine kinase
CB37	350	99% sodium/glutamate symporter
CB37	298	99% conserved hypothetical protein
CB37	323	99% immunogenic protein
CB37	270	99% UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase
CB37	138	99% lactoylglutathione lyase
CB37	107	99% putative transcriptional regulator
CB37	96	99% putative relE protein
EM17	172	100% BfdA
EM17	382	100% alcohol dehydrogenase
EM17	350	100% chitoporin ChiP
EM17	64	34% hypothetical protein VIBHAR_02826
EM17	242	49% DNA replication protein dnaC
EM17	137	49% Phage tail protein I
EM17	79	49% hypothetical protein 1103602000595_AND4_07864
EM17	122	50% hypothetical protein 1103602000595_AND4_07979
EM17	70	51% conserved domain protein
EM17	100	59% hypothetical protein V12B01_24079
EM17	43	59% hypothetical protein V12B01_23899

EM17	175	61% putative phage lysozyme
EM17	127	61% hypothetical protein V12B01_23859
EM17	72	62% hypothetical protein 1103602000595_AND4_07999
EM17	181	64% hypothetical protein 1103602000595_AND4_07889
EM17	187	65% hypothetical protein V12B01_23914
EM17	158	65% hypothetical protein V12B01_23949
EM17	71	68% hypothetical protein VF_A0719
EM17	475	72% phosphoglucomutase/phosphomannomutase alpha/beta/subunit
EM17	66	73% hypothetical protein V12B01_23944
EM17	695	73% hypothetical protein 1103602000595_AND4_07994
EM17	235	74% putative replication protein
EM17	240	74% putative endonuclease I
EM17	503	75% surface protein
EM17	363	75% lipoprotein
EM17	475	78% mannose-1-phosphate guanylyltransferase
EM17	243	84% hypothetical protein VFMJ11_1315
EM17	58	91% transcriptional regulator
EM17	208	97% lipoprotein
EM17	541	98% methyl-accepting chemotaxis protein
EM17	664	99% transketolase
ES114	664	100% transketolase
ES114	350	100% chitoporin ChiP
ES114	205	100% lipoprotein
ES114	352	100% methyl-accepting chemotaxis protein
ES114	291	99% lipoprotein
ETJB5C	172	100% BfdA
ETJB5C	183	28% Ribosomal protein L2, bacterial and organelle form (ISS)
ETJB5C	212	40% prophage protein
ETJB5C	56	70% hypothetical protein VIS19158_13912
ETJB5C	608	72% surface protein
ETJB5C	349	80% chitoporin
ETJB5C	266	81% lipoprotein
ETJB5C	404	82% lipoprotein, putative
ETJB5C	55	85% DNA repair protein RadC
ETJB5C	228	86% hypothetical protein VF_A0627
ETJB5C	155	88% hypothetical protein VF_A0520
ETJB5C	145	88% lipoprotein
ETJB5C	63	90% DNA-binding protein
ETJB5C	154	90% ribonuclease H
ETJB5C	296	91% hypothetical protein VF_A0519
ETJB5C	147	97% hypothetical protein VF_A0521
ETJB5C	541	99% methyl-accepting chemotaxis protein
ETJB5C	160	99% transketolase
MJ11	172	100% BfdA
MJ11	664	100% transketolase
MJ11	541	100% methyl-accepting chemotaxis protein
MJ11	363	100% chitoporin
MJ11	266	100% lipoprotein
MJ11	242	100% hypothetical protein VFMJ11_1313

MJ11	69	100% cold shock protein
MJ11	179	100% multidrug ABC transporter ATPase and permease
MJ11	542	100% methyl-accepting chemotaxis protein
MJ11	379	100% flagellin
MJ11	515	100% methyl-accepting chemotaxis protein
MJ11	327	100% dipeptide transport ATP-binding protein DppD
MJ11	249	100% phosphate ABC transporter ATP-binding protein
MJ11	154	100% asch domain superfamily protein
MJ11	55	100% hypothetical protein VFMJ11_A0666
MJ11	765	100% formate acetyltransferase
MJ11	464	100% pts system, fructose-specific iibc component
MJ11	528	100% ABC transporter ATP-binding protein
MJ11	523	100% sulfatase family protein
MJ11	434	100% inosine-guanosine kinase
MJ11	363	100% chitoporin
MJ11	336	100% UDP-glucose 4-epimerase
MJ11	249	100% general L-amino acid transport ATP-binding protein AapP
MJ11	663	100% transketolase
MJ11	138	100% glyoxalase I, Ni-dependent
MJ11	112	100% regulatory protein P-II for glutamine synthetase
MJ11	100	100% hypothetical protein VFMJ11_A0702
MJ11	90	100% HU, DNA-binding transcriptional regulator subunit alpha
MJ11	216	100% khg/kdpg aldolase
SA1G	664	100% transketolase
SA1G	179	100% ABC-type multidrug transport system, ATPase and permease componen
SA1G	41	100% S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase/class III alcohol dehydroge
SA1G	45	62% hypothetical protein VF_2645
SA1G	243	84% hypothetical protein VFMJ11_1312
SA1G	48	91% hypothetical protein VFSR5_2739
SA1G	207	91% Putative KHG/KDPG aldolase
SA1G	76	92% hypothetical protein VF_2033
SA1G	48	98% Orfc668-3
SA1G	541	98% methyl-accepting chemotaxis protein
SA1G	350	99% chitoporin ChiP

*lil* strains. From the orthology analysis, amino acid  
low. Lengths of the sequences are denoted by  
actions for these duplicated gene sequences.

---

**Matched Species**

---

[*Vibrio harveyi* 1DA3]  
[*Vibrio fischeri* MJ11]  
[*Vibrio fischeri* ES114]

---

**Matched Species**

---

[*Vibrio harveyi* HY01]  
[*Vibrio* sp. RC341]  
[*Vibrio harveyi* 1DA3]  
[*Vibrio harveyi* 1DA3]  
[*Vibrio fischeri* ES114]  
[*Vibrio fischeri* ES114]  
[*Vibrio fischeri* MJ11]  
[*Vibrio fischeri* MJ11]  
[Vibrionales bacterium SWAT-3]

---

**Matched Species**

---

[*Vibrio campbellii* ATCC BAA-1116]  
[*Vibrio campbellii* ATCC BAA-1116]  
[*Vibrio harveyi* HY01]  
[*Vibrio harveyi* 1DA3]  
[*Vibrio harveyi* 1DA3]  
[*Vibrio rotiferianus* DAT722]  
[*Vibrio parahaemolyticus* RIMD 2210633]  
[*Vibrio harveyi* HY01]  
[*Vibrio harveyi* HY01]  
[*Shewanella frigidimarina* NCIMB 400]  
[*Vibrio alginolyticus* 40B]  
[*Vibrio* sp. AND4]  
[*Vibrio* sp. Ex25]  
[*Photobacterium profundum* SS9]  
[*Photobacterium* sp. SKA34]  
[*Vibrio rotiferianus* DAT722]  
[*Vibrio parahaemolyticus*]



[Vibrio shilonii AK1]  
[Vibrio campbellii ATCC BAA-1116]  
[Vibrio harveyi HY01]  
[Vibrio sp. EJY3]  
[Vibrio parahaemolyticus AQ3810]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio parahaemolyticus RIMD 2210633]  
[Vibrio cholerae HE39]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio harveyi HY01]  
[Vibrio harveyi ATCC BAA-1116]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio orientalis CIP 102891 = ATCC 33934]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio parahaemolyticus AQ3810]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio rotiferianus DAT722]  
[Vibrio harveyi HY01]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio rotiferianus DAT722]  
[Vibrio harveyi HY01]  
[Vibrio rotiferianus DAT722]  
[Vibrio harveyi HY01]  
[Vibrio rotiferianus DAT722]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio harveyi HY01]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio parahaemolyticus RIMD 2210633]  
[Vibrio rotiferianus DAT722]  
[Vibrio sp. RC586]  
[Vibrio alginolyticus 12G01]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio campbellii ATCC BAA-1116]  
[Photobacterium damsela subsp. damsela CIP 102761]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Vibrio cholerae AM-19226]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio splendidus 12B01]

[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Psychromonas ingrahamii 37]  
[Vibrio splendidus 12B01]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Vibrio sp. AND4]  
[Photobacterium profundum SS9]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Pseudoalteromonas haloplanktis ANT/505]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio ichthyenteri ATCC 700023]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Ostreococcus tauri]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio scophthalmi LMG 19158]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio scophthalmi LMG 19158]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]

[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri MJ11]  
[Vibrio fischeri SR5]  
[Vibrio harveyi 1DA3]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Aliivibrio fischeri]  
[Vibrio fischeri ES114]  
[Vibrio fischeri SR5]