

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 625 773**

51 Int. Cl.:

C07K 14/365 (2006.01)

C12N 15/11 (2006.01)

C12P 19/26 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **01.08.2011 PCT/EP2011/063243**

87 Fecha y número de publicación internacional: **09.02.2012 WO12016960**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **01.08.2011 E 11741187 (6)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **01.03.2017 EP 2601209**

54 Título: **Genómica de Actinoplanes utahensis**

30 Prioridad:

04.08.2010 EP 10171831

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
20.07.2017

73 Titular/es:

**BAYER INTELLECTUAL PROPERTY GMBH
(100.0%)
Alfred-Nobel-Strasse 10
40789 Monheim, DE**

72 Inventor/es:

**SELBER, KLAUS;
WEINGÄRTNER, BERNHARD;
WEHLMANN, HERMANN;
ROSEN, WINFRIED;
PÜHLER, ALFRED;
SCHWIENTEK, PATRICK;
KALINOWSKI, JÖRN y
WEHMEIER, UDO**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

Observaciones :

Véase nota informativa (Remarks, Remarques o Bemerkungen) en el folleto original publicado por la Oficina Europea de Patentes

ES 2 625 773 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Genómica de *Actinoplanes utahensis*

Descripción de la invención

El procariota Gram-positivo *Actinoplanes utahensis* se describió por primera vez por John Couch en 1963 (Couch, J. N., Elisha Mitchell Sci. Soc., 1963, 79:53-70). A partir de aquí, en el año 1977, se encontraron por primera vez la acarbosa y sus homólogos en el sobrenadante de un cultivo de *Actinoplanes utahensis* (Schmidt et al., Naturwissenschaften, 1977, 64:535-536). Dos años después, se descubrió el efecto médico de la acarbosa como inhibidor de la α -glucosidasa dentro del intestino humano (Caspary et al., Res. Exp. Med., 1979, 175:1-6) y en el mismo año se propagó su posible aplicación para el tratamiento de diabetes mellitus de tipo 2 (Frommer et al., J. Med. Plant Res., 1979, 35:195-217).

Desde 1990 se produce el inhibidor de la α -glucosidasa, acarbosa, y se comercializa para el tratamiento de diabetes mellitus de tipo 2. A partir de la cepa no mutante de *A. utahensis*, la producción se ha mejorado continuamente con respecto a un rendimiento de acarbosa cada vez mayor por optimización del proceso de fermentación, además de la propia cepa de producción. El desarrollo de cepas ha sido conducido por una multitud de experimentos de mutagénesis, que son principalmente responsables del aumento de la producción de acarbosa.

Las modificaciones genéticas en el organismo, desencadenadas por los experimentos de mutagénesis, solo han sido reconocibles hasta la fecha por las características fenotípicas (por ejemplo, el aumento del rendimiento de acarbosa). Con más precisión, las bases genéticas para el aumento de los rendimientos de producción han sido, hasta ahora, completamente desconocidas, mientras que los documentos DE10021667A1 y DE19708127 desvelan fragmentos de la genómica de cepas de *Actinoplanes utahensis* parcialmente asociadas a la síntesis de acarbosa según Hyun Chang-Gu et al., "Molecular detection of alpha-glucosidase inhibitor-producing actinomycetes", Journal of Microbiology 43(3), 313-318.

Sin embargo, este conocimiento es de interés fundamental para el entendimiento de los mecanismos, que conducen al aumento en la producción. Además, forma el requisito previo más importante para el proceso de modificación genética dirigida adicional del organismo, optimizando *A. utahensis* a un grado incluso mayor.

La presente invención describe una secuencia de ADN mutada de genoma no mutante (SEQ ID 16053) de *A. utahensis*.

Con el conocimiento de la secuencia según la presente invención, es factible la mutagénesis dirigida de cepas de *A. utahensis* no mutantes para obtener rendimientos más altos de acarbosa. Tecnologías disponibles para efectuar tales mutagénesis dirigidas son, por ejemplo, tecnologías TALEN como se describen en Christian et al., "Targeting double-Strand Breaks con TAL Effector Nucleases", Genetics. 2010 Oct; 186(2): 757-761

Material y procedimientos

Como se ha descrito brevemente anteriormente, se ha realizado una serie de experimentos de mutagénesis en la cepa no mutante de *Actinoplanes utahensis* SE50-100, originalmente aislada de una muestra de tierra.

Dicha cepa es obtenible bajo KCTC9162 de la Colección Coreana de Cultivos Tipo (KCTC), como se explicó por Hyun et al., "Molecular Detection of α -Glucosidase Inhibitor-producing Actinomycetes", The Journal of Microbiology, Junio de 2005, 43(3) 313-318.

Estos experimentos tuvieron como objetivo la identificación de mutantes con una producción mejorada de acarbosa, además de otros parámetros, relevantes para la producción industrial por fermentación tales como alta velocidad de crecimiento, necesidades y consumo de nutrientes optimizadas, además de baja formación de subproductos difíciles de manipular. Basándose inicialmente en la cepa no mutante, se realizaron continuamente experimentos de mutagénesis adicionales en las cepas mutantes seleccionadas de los experimentos previos. Durante el transcurso del desarrollo de cepas, se seleccionaron varios mutantes con atributos espectaculares como nuevas cepas de producción y se transfirieron a la producción a gran escala. De estas, se seleccionaron siete cepas, que incluyen la última cepa de producción, además de la cepa no mutante, para ser secuenciadas por el Centro Biotecnológico de la Universidad de Bielefeld (CeBiTec) Universitätsstrasse 27, 33615 Bielefeld, Alemania. La Tabla 1 enumera las siete cepas que se han usado durante este proyecto en el orden cronológico de su desarrollo.

La Tabla 1 enumera todas las cepas de *A. utahensis* usadas en este estudio en su orden cronológico.

<i>Símbolo de cepa</i>	<i>Orden de desarrollo</i>	<i>Observación</i>
SE50-100	(1)	Cepa no mutante
SN223-29-47	2	
C445-P47	3	
SN12755-48	4	
SC3687-18-43	5	

(continuación)

Símbolo de cepa	Orden de desarrollo	Observación
SC7177-40-17	6	
SN19910-37-21	7	Última cepa de producción

Cultivo de cepas

5 El cultivo de cepas con el fin de comprobar su productividad de acarbosa se hizo como se ha descrito previamente (Schmidt et al., Naturwissenschaften, 1977, 64:535-536). Con el fin de aislar ADN, se cultivaron cepas de *Actinoplanes* en un sistema de matraces oscilantes de dos etapas. Además de sales inorgánicas, el medio contuvo hidrolizado de almidón como fuente de carbono y extracto de levadura como fuente de nitrógeno. Se realizaron precultivo y cultivo principal durante 3 días y 4 días, respectivamente, en un agitador rotatorio a 28 °C. Entonces se recogió la biomasa por centrifugación.

10 Mutagénesis de cepas

15 El desarrollo de cepas del productor de acarbosa se realizó por el procedimiento de selección escalonada de cepas productoras superiores. Este procedimiento usa el proceso de mutación aleatoria por medios químicos o físicos. Los productos químicos usados para inducir mutaciones fueron tanto agentes alquilantes como colorantes intercalantes que sirven de mutágenos del marco de lectura. El tratamiento físico de las células para inducir la mutagénesis se hizo con luz UV de 365 nm. Se usaron fragmentos del micelio para el tratamiento de mutagénesis en sistemas de tampón apropiados. Después del tratamiento, el material biológico se cultivó durante un periodo en medio líquido para permitir la expresión fenotípica de las alteraciones inducidas y entonces se sembraron en placas de agar. Se comprobó una selección aleatoria de clones que sobrevivieron al tratamiento de mutagénesis para su productividad de acarbosa en experimentos de matraz oscilante a pequeña escala. Los mejores clones mutantes obtenidos durante un ciclo de mutación de este tipo se eligieron para la siguiente etapa de mutación. Varias de tales etapas de mutación y selección produjeron un aumento gradual de la productividad.

Preparación de ADN genómico

25 La preparación de ADN genómico de la cepa de *A. utahensis* SE50-110 se realizó por una modificación del procedimiento descrito general (Maniatis T., Fritsch E.F., Sambrook J., Molecular Cloning - A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Press, 1982). Se recogió la micela de 50 ml de cultivo recién cultivada por centrifugación (10 min, 4.000 rpm, 4 °C) en una centrífuga Christ. El sedimento se lavó 4 veces en un tampón que contenía 15 % de sacarosa (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 7651), Tris-HCl 25 mM a pH 7,2 (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.08382.1000) y EDTA 25 mM (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 8418) bajo las mismas condiciones. Finalmente, el sedimento se resuspendió en 4,5 ml del mismo tampón y se añadieron lisozima (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.05281.0010) y RNasa (Qiagen, Hilden, Alemania, cat. 19101) a concentraciones finales de 5 mg/ml y 50 µg/ml, respectivamente, y la mezcla se incubó a 37 °C durante 45 minutos. Después de la adición de SDS (Serva, Heidelberg, Alemania, cat. 20767) y proteinasa K (Qiagen, Hilden, Alemania, cat. 19133) a concentraciones finales de 0,5 % y 2 µg/ml, respectivamente, la incubación continuó a 50 °C durante 5 minutos. Se añadió NaCl (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.06404.1000) a una concentración final de 300 mM y el volumen se ajustó con WFI a 8 ml. El lisado se sometió a tres extracciones sucesivas en fenol/SEVAG (SEVAG es una mezcla de 24 partes de cloroformo [Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.02445.1000] y 1 parte de alcohol isoamílico [Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.979.1000]) y el fenol se eliminó lavando la solución de ADN con 10 ml de SEVAG. El ADN se precipitó mediante la adición de 0,1 volúmenes de acetato sódico 3 M (pH 4,8) (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 6268) y 1 volumen de isopropanol frío (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.09634.1011). El ADN se sedimentó por centrifugación (25 minutos, 4.000 rpm, 4 °C; centrífuga Christ) y el sedimento de ADN se lavó minuciosamente (5 x) con 70 % de etanol (Merck KGaA, Darmstadt, Alemania, cat. 1.00983.1011) (10 minutos, 4000 rpm, 4 °C; centrífuga Christ) y se secó al aire. Finalmente, el sedimento se resuspendió en 200 µl de Tris a pH 8,5 durante la noche a 4 °C y se determinó la concentración de ADN midiendo la densidad óptica a 260 nm y 280 nm. El tamaño del ADN preparado se analizó sometiendo una alícuota (10 µl) de la solución de ADN a electroforesis a través de un gel de agarosa al 1 % como comprobación de calidad.

Construcción de bibliotecas de fósmidos

50 Se usan fósmidos comúnmente para preparar bibliotecas genómicas cuando se desea un tamaño de inserto más pequeño. Los insertos tienen un tamaño promedio de 40 kb y se producen por cizallamiento aleatorio, dando una cobertura más uniforme del genoma que otros tipos de bibliotecas. Los fósmidos son candidatos excelentes para cerrar huecos en un proyecto de secuenciación del genoma completo debido a su cobertura uniforme. La construcción de bibliotecas de fósmidos para *Actinoplanes utahensis* no mutante se ha llevado a cabo en ADN genómico por IIT Biotech GmbH, Universitätsstr. 25, 33615 Bielefeld, Alemania. Para la construcción en células EPI300 de *E. coli*, se ha usado el sistema de clonación CopyControl™ (EPICENTRE Biotechnologies, 726 Post Road, Madison, WI 53713, EE.UU.). El kit se obtuvo de Biozym Scientific GmbH, Steinbrinksweg 27, 31840 Hessisch Oldendorf, Alemania.

Secuenciación de bibliotecas de fósmidos

- Se ha llevado a cabo la secuenciación de las bibliotecas de fósmidos para *Actinoplanes utahensis* no mutante en un analizador de ADN 3730xl (Applied Biosystems, 850 Lincoln Centre Drive, Foster City, CA 94404, EE.UU.) por IIT Biotech GmbH, Universitätsstr. 25, 33615 Bielefeld, Alemania. El dispositivo realiza secuenciación de Sanger en paralelo en 96 capilares (Sanger et al., J. Mol. Biol., 1975, 94 (3):441-448). Los archivos flowgram resultantes se llamaron por bases y se guardaron en formato en FASTA. Ambos archivos se usaron después para el cierre de huecos y la evaluación de calidad.

Secuenciación del genoma de alto rendimiento

Secuenciador del genoma FLX

- Se ha usado el sistema Genome Sequencer FLX (GS FLX) (454 Life Sciences, 15 Commercial Street, Branford, CT 06405, EE.UU.) para la pirosecuenciación de la cepa no mutante de *A. utahensis* SE50-100, además de la última cepa de producción SN19910-37-21. Se usaron dos protocolos diferentes y series de reactivos en la plataforma GS FLX:
- 1) Series estándar con protocolo de extremos emparejados largos (PE). El tamaño del fragmento de ADN del genoma para la construcción de la biblioteca de PE fue 2,5 - 3,0 kb. El protocolo da una longitud de lectura promedio de 2 x 100 bases y un número total de bases secuenciadas de aproximadamente 100 Mb.
 - 2) Series Titanium con protocolo de secuenciación del genoma completo (WGS). El tamaño del fragmento de ADN del genoma para la construcción de la biblioteca de WGS fue 500 - 800 pb. El protocolo da una longitud de lectura de 400 - 500 bases y un número total de bases secuenciadas que oscila de 400 - 600 Mb.
- Detalles sobre los protocolos se proporcionan en los manuales de los fabricantes, concretamente el Manual del procedimiento de secuenciación GS FLX (Diciembre de 2007), Manual del procedimiento de preparación de bibliotecas de ADN de extremos emparejados GS FLX (Diciembre 2007), Manual del procedimiento de secuenciación GS FLX Titanium (Octubre de 2008) y el Manual del procedimiento de preparación de bibliotecas generales GS FLX Titanium (Octubre de 2008).
- Analizador del genoma Ilx
- Se ha usado el sistema Genome Analyzer Ilx (GA Ilx) (Illumina, Inc., 9885 Towne Centre Drive, San Diego, CA 92121, EE.UU.) que incluye estación de agrupaciones y el módulo de extremos emparejados para la secuenciación por síntesis de las cinco primeras cepas de producción SN223-29-47, C445-P47, SN12755-48, SC3687-18-43 y SC7177-40-17. Para las cinco cepas, se usó el protocolo de extremos emparejados con un tamaño de fragmento de ADN del genoma de aproximadamente 330 pb y una longitud de lectura de 2 x 36 bases. Se realizaron preparación de bibliotecas, generación de agrupaciones y secuenciación según los manuales de los fabricantes Guía de preparación de muestras de secuenciación de extremos emparejados (Parte N.º 1005063 Rev. B Septiembre de 2009), Uso del kit de generación de agrupaciones de extremos emparejados v2 en la estación de agrupaciones y módulo de extremos emparejados (Parte N.º 1005629 Rev. C Febrero de 2009) y Uso del kit de secuenciación de SBS v3 en el analizador del genoma (Parte N.º 1005637 Rev. A Noviembre de 2008).

Ensamblaje del genoma borrador no mutante

- El ensamblaje automatizado de todas las lecturas de *Actinoplanes utahensis* no mutante generadas por la plataforma GS FLX se realizó con el software ensamblador Newbler (gsAssembler versión 2.0.00.22, 454 Life Science). Para información detallada sobre el algoritmo de ensamblaje véase el manual de software del sistema Genome Sequencer FLX Parte C, versión 2.3 (octubre de 2009).

Acabado del genoma no mutante

- Con el fin de cerrar los huecos restantes entre secuencias contiguas (cóntigos) todavía presentes después del ensamblaje *de novo* automatizado por el programa Newbler, se utilizó el paquete de software de ensamblaje visual Consed (Gordon et al., Genome Research, 1998, 8:195-202). Dentro de la interfaz de usuario gráfica, se seleccionaron pares de cebadores en los extremos de cóntigos contiguos. Estos pares de cebadores se usaron entonces para amplificar secuencias deseadas a partir de los clones que se originan a partir de la biblioteca de fósmidos previamente construida con el fin de unir los huecos entre los cóntigos contiguos.

- Después de haberse determinado la secuencia de ADN de estas lecturas de fósmidos, se realizó el ensamblaje manual de todas las lecturas aplicables con la ayuda de diferentes características de programa. En detalle, se alinea primero una lectura de fósmino con el extremo 5' de un cóntigo, extendiéndolo por su resto de 5'. Después, el extremo 3' del cóntigo vecino se alinea hasta su extensión, abarcando el hueco previamente existente y uniendo los dos cóntigos.

En casos en los que la longitud o calidad de una lectura de fósmino no fuera suficiente para abarcar el hueco, se realizaron múltiples rondas de primera selección, secuenciación y ensamblaje manual.

Anotación del genoma no mutante

Identificación de secuencias codificantes (CDS)

Se identificaron los posibles genes y secuencias parciales de los genes en el genoma no mutante (véase el apéndice) por una serie de análisis computacionales. Todos los programas utilizados son parte del canal de anotación de GenDB (Meyer et al., *Nucleic Acids Research*, 2003, 31 (8):2187-95). Para la identificación de CDS se aplicaron procedimientos intrínsecos, extrínsecos y combinados con el fin de lograr resultados óptimos.

El programa responsable de la predicción intrínseca de CDS es Glimmer (Delcher et al., *Nucleic Acids Research*, 1999, 27:4636-41). Primero construye un conjunto de entrenamiento de CDS con características óptimas tomadas del genoma que va a analizarse. Basándose en este conjunto, se calcula un modelo de Markov interpolado, que se usa en la actual serie de búsquedas para identificar todas las CDS de la secuencia genómica. Glimmer tiende a calcular más CDS que en realidad aquí.

La predicción extrínseca de CDS se ha llevado a cabo por CRITICA (Badger et al., *Mol. Biol. Evol.*, 1999, 16:512-24). CRITICA hace primero uso del algoritmo BLASTN (Altschul et al., *J. Mol. Biol.*, 1990, 215(3):403-10) con el fin de determinar una lista de secuencias genómicas que muestran al menos una ligera similitud con secuencias de bases de datos de ADN públicas. Si la secuencia de aminoácidos traducida posee una similitud más alta de la que cabría esperar basándose en las similitudes de ADN, esto se interpreta como evidencia por ser una secuencia codificante conservada. CRITICA combina estos resultados con análisis intrínsecos basados en la distribución de hexanucleótidos para mejorar la predicción de secuencias previamente desconocidas. A pesar de esto, CRITICA todavía tiende a predecir menos CDS en casos en los que ninguna secuencia homóloga ya está almacenada en una base de datos pública.

Se ha usado el software Reganor (McHardy et al., *Bioinformatics*, 2004, 20(10):1622-31) para optimizar los resultados calculados por Glimmer y CRITICA. Combina los resultados de ambos programas y así minimiza sus limitaciones respectivas. Además, las CDS predichas por CRITICA forman la base de los resultados combinados, complementados por las predicciones intrínsecas calculadas por Glimmer.

Anotación y predicción funcional

Se analizaron los marcos de lectura abiertos identificados mediante una variedad de diferentes paquetes de software con el fin de sacar conclusiones de sus secuencias de ARN y/o aminoácidos con respecto a su posible función. Además de su predicción funcional, también se han calculado características adicionales y características estructurales.

Se aplicaron búsquedas basadas en homología para identificar secuencias conservadas por medio de comparación con bases de datos de nucleótidos y proteínas públicas y/o patentadas. Si se encontró una similitud de secuencias significativa en toda la sección principal de un gen, se llegó a la conclusión de que el gen debía tener una función similar en *A. utahensis*. El procedimiento basado en homología, que se usó para anotar la lista de genes de *Actinoplanes utahensis*, se llama BLASTX (Coulson, *Trends in Biotechnology*, 1994, 12:76-80). BLASTX traduce una secuencia de nucleótidos dada en tres marcos de lectura complementarios directos y tres inversos antes de compararlos con bases de datos de proteínas (por ejemplo, la base de datos de proteínas no redundante pública (nr-aa) en el Centro Nacional para Información Biotecnológica (NCBI)).

Se ha realizado clasificación enzimática basándose en los números de la Comisión de enzimas (EC) (Webb, Edwin C., San Diego: publicado para la Unión Internacional de Bioquímica y Biología Molecular por Academic Press, 1992, ISBN 0-12-227164-5. Para la predicción de genes funcional adicional, se ha aplicado el sistema de clasificación de la agrupación de grupos ortólogos de proteínas (COG) (Tatusov et al., *Science*, 1997, 278(5338):631-7 y Tatusov et al., *Nucleic Acids Res.* 2001, 29(1):22-8).

Para identificar posibles proteínas transmembranarias, se ha utilizado el software TMHMM (Krogh et al., *J. Mol. Biol.*, 2001, 305(3):567-80 y Sonnhammer et al., *Proc. Int. Conf. Intell. Syst. Mol. Biol.*, 1998, 6:175-82). Hace uso de modelos ocultos de Markov para predecir hélices transmembranarias y otras características de proteínas transmembranarias. Con información obtenida de las mismas, predicciones funcionales asociadas a membrana obtienen carácter concluyente significativamente más fuerte.

Se usó el software SignalP (Bendtsen et al., *J. Mol. Biol.*, 2004, 340:783-95 y Nielsen et al., *Protein Engineering*, 1997, 10:1-6) para predecir la capacidad de secreción de las CDS identificadas. Esto se hace por medio de modelos ocultos de Markov y redes neurales, buscando la aparición y posición de posibles sitios de escisión de péptidos señal dentro de la secuencia de aminoácidos. La puntuación resultante puede interpretarse como una medida de probabilidad de la secreción de la proteína traducida. SignalP recupera solo aquellas proteínas que son secretadas por los mecanismos de unión a péptidos señal.

Con el fin de identificar proteínas adicionales de *Actinoplanes utahensis* que no son secretadas mediante la forma clásica, se ha aplicado el software SecretomeP (Bendtsen et al., *BMC Microbiology*, 2005, 5:58). La red neural subyacente ha sido entrenada con proteínas secretadas, que se sabe que carecen de péptidos señal a pesar de su

aparición en el exoproteoma. La capacidad de secreción final de los genes traducidos se derivó por los resultados combinados de las predicciones de SignalP y de SecretomeP.

Para revelar unidades transcripcionales policistrónicas, se ha desarrollado software patentado que predice genes conjuntamente transcritos por su orientación y proximidad a genes vecinos (adoptados de Salgado et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 2000, 97(12):6652-7). En vista de estas predicciones, pueden determinarse estructuras de operón y basándose en ellas pueden derivarse regiones de secuencia adicionales con alta probabilidad de elementos de promotor y de operador contenidos.

Se calcularon estructuras secundarias de moléculas de ADN monocatenario, ARN respectivo, por el software RNAshapes (Steffen et al., Bioinformatics, 2006, 22(4):500-503). Los resultados se usaron para la predicción intrínseca de terminadores transcripcionales que indican operón y extremos de genes, respectivamente.

Ensamblaje de referencia de cepas de producción

Se ha logrado el ensamblaje de lecturas obtenidas para las seis cepas de producción mapeándolas en el genoma de referencia no mutante. Para esta tarea, se utilizaron dos programas de software diferentes, teniendo los dos tipos de lectura en cuenta que se originaron del sistema Genome Sequencer FLX (longitud de lectura 400 - 500 bases WGS) y Genome Analyzer Ix (longitud de lectura 2x36 bases PE), respectivamente.

Se usó el software gsMapper (versión 2.3, 454 Life Science) para alinear las lecturas de la plataforma Genome Sequencer FLX contra el genoma de referencia no mutante. El programa implementa una heurística para encontrar la mejor posición de alineamiento para lectura dentro de la secuencia de referencia. Después de haberse alineado todas las lecturas, se realizan múltiples alineamientos para las lecturas que se alinean contiguamente con la referencia con el fin de formar cóntigos. A partir de los múltiples alineamientos de cóntigos, se producen secuencias de llamada de bases consenso usando las señales de flujo de las lecturas en los múltiples alineamientos, produciendo valores de calidad y confianza para cada base. Para información detallada sobre el algoritmo de mapeo véase el manual de software del sistema Genome Sequencer FLX Parte C, versión 2.3 (octubre de 2009).

Como parte del CLC Genomics Workbench (CLC bio, Finlandsgade 10-12, Katrinebjerg, 8200 Aarhus N, Dinamarca), se ha usado el algoritmo de ensamblaje de lecturas cortas con información de PE para alinear lecturas de la plataforma Genome Analyzer Ix frente al genoma de referencia. Para información detallada sobre el algoritmo de mapeo véase el Manual de usuario de CLC Genomics Workbench 3.7.1.

Identificación de mutaciones en las cepas de producción

Se han determinado automáticamente variaciones genéticas entre la cepa no mutante SE50-100 y la última cepa de producción SN19910-37-2 durante el proceso de ensamblaje de referencia por medio del software gsAssembler (versión 2.3, 454 Life Science). Los detalles del algoritmo, determinación de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), además de variaciones estructurales, pueden encontrarse en el manual de software del sistema Genome Sequencer FLX Parte C, versión 2.3 (octubre de 2009).

Se han determinado mutaciones entre la cepa no mutante y las cinco cepas de producción anteriores usando CLC Genomics Workbench (CLC bio, Finlandsgade 10-12 Katrinebjerg, 8200 Aarhus N, Dinamarca). Se han usado algoritmos especializados para el análisis de datos de alto rendimiento de SNP y polimorfismos de delección/inserción (DIP), descritos en detalle en el Manual de usuario de CLC Genomics Workbench 3.7.1.

Secuenciación, ensamblaje y anotación de la cepa no mutante de *Actinoplanes utahensis*

Se ha determinado la secuencia del genoma borrador de la cepa no mutante de *Actinoplanes utahensis* SE50-100 por una combinación de información de secuenciación de tres series de alto rendimiento. Éstas se llevaron a cabo en un sistema Genome Sequencer FLX, usando dos enfoques de extremos emparejados (PE) y uno de secuenciación del genoma completo (WGS). Las secuenciaciones produjeron la determinación de la secuencia de nucleótidos satisfactoria de aproximadamente 2 millones de lecturas, representando aproximadamente 407 millones de bases secuenciadas en total (véase la Tabla 2 para información detallada sobre los resultados de cada serie).

La Tabla 2 muestra los resultados de las tres series de secuenciación de alto rendimiento para la cepa no mutante de *A. utahensis* SE50-100. Se realizaron dos series de extremos emparejados (PE) y una de secuenciación del genoma completo (WGS).

Serie	Tecnología 454	Lecturas	Lecturas emparejadas	Bases
1	Estándar, PE	742.169	259.260	103.840.588
2	Estándar, PE	751.570	265.457	105.329.378
3	Titanium, WGS	481.602	-	197.732.895
Total		1.975.341	524.717	406.902.861

Las lecturas de secuenciadas se ensamblaron entonces satisfactoriamente (99,65 %) en 476 secuencias contiguas (cóntigos) que superaron las 500 bases en longitud. Considerando el tamaño del genoma borrador resultante de 9.122.632 bases, se ha llevado a cabo una cobertura del genoma de 43,88 veces. Debido a que se mapearon satisfactoriamente 480.030 (91,48 %) lecturas de extremos emparejados, estos cóntigos ya pudieron ordenarse y orientarse en once supercóntigos (múltiples cóntigos cuyo orden y orientación son conocidos de la información de extremos emparejados). La Tabla 3 da más adelante las tasas de éxito y error del proceso de ensamblaje que conduce a la secuencia de genoma borrador preliminar de la cepa no mutante de *Actinoplanes utahensis* SE50-100.

La Tabla 3 muestra los resultados de lecturas satisfactoriamente ensambladas, bases y el error de lectura deducido. El error de lectura deducido se calcula a partir de incompatibilidades entre las lecturas y la secuencia consenso de los cóntigos ensamblados finales y mide la frecuencia de bases incorrectamente llamadas.

Serie	Tecnología 454	Lecturas ensambladas	Bases ensambladas	Error de lectura deducido
1	Estándar, PE	99,58 % (739.079)	98,08 % (101.847.643)	0,36 % (370.520)
2	Estándar, PE	99,59 % (748.526)	98,18 % (103.411.267)	0,35 % (364.397)
3	Titanium, WGS	99,85 % (480.863)	99,33 % (196.416.109)	0,52 % (1.018.256)
Total		99,65 % (1.968.468)	98,72 % (401.675.019)	0,44 % (1.753.173)

De forma interesante, la secuencia del genoma de la agrupación de acarbosa previamente publicada (Wehmeier, Biocat. Biotrans., 2003, 21:279-285 y Wehmeier y Piepersberg, Appl. Microbiol. Biotechnol., 2004, 63:613-625) no fue idéntica a los resultados de secuenciación descritos anteriormente. En total, se encontró que 37 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y 24 polimorfismos de delección/inserción (DIP) se introdujeron artificialmente en la secuencia no mutante por el primer intento de secuenciación (véase la Figura 1). La corrección de estas secuenciaciones con fallos conduce a un alargamiento menor (42 bases) del gen *acbC*, además de a la corrección de varios marcos de lectura temporales dentro del gen *acbE*. Esto, sin embargo, no tuvo consecuencia sobre la anotación global del gen y la agrupación de acarbosa completa.

La Figura 1 muestra las primeras secuenciaciones falsas de la agrupación de acarbosa que se corrigieron por la secuenciación de alto rendimiento realizada descrita aquí.

Acabado de la secuencia del genoma borrador por secuenciación de bibliotecas de fósmidos

Con el fin de obtener un supercóntigo de genoma completo de la cepa no mutante SE50-100, se han determinado secuencias de inserción terminales de 999 clones de fósido seleccionados al azar (Figura 2). No se encontraron incoherencias entre los once supercóntigos basados en extremos emparejados y el supercóntigo de genoma completo basado en la biblioteca de fósidos, corroborando la calidad de las series de secuenciación, además de la exactitud del proceso de ensamblaje. En total, se derivaron 600 lecturas de Sanger de clones seleccionados que cubrían la mayoría de los huecos restantes del genoma borrador. Por ensamblaje manual de estas lecturas, pudieron unirse 411 huecos entre cóntigos y cerrarse, respectivamente. Los 64 cóntigos restantes forman un único supercóntigo circular y no pudo ser unido con este procedimiento debido a secuencias de ADN repetitivas largas y/o regiones no cubiertas dentro de la biblioteca de fósidos. Lo resultante mejoró la secuencia del genoma de la cepa no mutante de *A. utahensis* SE50-100 y está depositado en el apéndice de este documento.

La Figura 2 representa el mapeo circular de los clones de fósido (gris) usados para construir el supercóntigo genómico. Los once supercóntigos, que se basaron en información de extremos emparejados, están marcados en negro.

Basándose en la secuencia del genoma mejorada, se ha calculado un contenido de guanina-citosina (G+C) del 71,29 % que es típico para actinobacterias estrechamente relacionadas con el género *Actinoplanes* (Ventura et al., Microbiol. Mol. Biol. Rev., 2007, 71 (3): 495-548).

Anotación del genoma no mutante de *Actinoplanes utahensis*

Basándose en la secuencia del genoma mejorada, se ha realizado una anotación de genoma completo, produciendo la determinación de 8.027 supuestas secuencias codificantes (CDS) con una longitud de gen promedio de 985 nucleótidos. Basándose en esto, *Actinoplanes utahensis* presenta una densidad codificante del 86,35 % con una notable diferencia de contenido de G+C de aproximadamente el 3 % entre regiones de ADN codificantes (71,68 %) y no codificantes (68,70 %). Examinando la composición de genes estructurales, se predijeron 1.793 supuestas unidades transcripcionales policistrónicas, alojando 5.980 genes (74,50 %) con un número promedio de 3,34 genes por operón. Todas las secuencias de nucleótidos, además de sus traducciones de aminoácidos, están depositadas en el apéndice de este documento. La Tabla 4 resume los resultados del proceso de predicción de genes.

La Tabla 4 muestra los resultados del software de predicción de genes para la cepa no mutante de *A. utahensis*.

Parámetro de predicción de genes	Valor
Secuencias codificantes	8.027
Bases codificantes	7.904275 (86,35 %)
Longitud de gen promedio (pb)	985
Contenido de G+C codificante (%)	71,68
Contenido de G+C no codificante (%)	68,70
Supuestas unidades transcripcionales monocistrónicas	2.047
Supuestas unidades transcripcionales policistrónicas (PTU)	1.793
Número de genes promedio por PTU	3,34

Se usó una variedad de diferentes programas para realizar la anotación funcional de los marcos de lectura abiertos identificados. Debido a comparaciones de bases de datos de proteínas extrínsecas, 2.839 CDS (35,67 %) pudieron ser enzimáticamente caracterizadas con un número de la Comisión de enzimas (EC). Además, 701 CDS (8,73 %), que poseen regiones que atraviesan la transmembrana típicas, se han identificado y clasificado como proteínas asociadas a la membrana. Para un número total de 600 proteínas se han predicho péptidos señal, y así una alta probabilidad de ser secretadas en el medio extracelular. Para 657 proteínas adicionales, se propusieron otros mecanismos de secreción. Sin embargo, estas predicciones producirían un número inusualmente alto de proteínas secretadas. Además, se ha aplicado el sistema de clasificación de *agrupación de grupos de proteínas ortólogas* (COG) y reveló una asignación de 3.983 (49,62 %) CDS a una o múltiples categorías de COG. La Tabla 9 del apéndice ofrece una descripción más completa de las categorías de COG y sus subdivisiones, mientras que los resultados de la anotación general se resumen en la Tabla 5. Después de la anotación completa, 2.684 genes (33,44 %) no tenían todavía función asociada. Sin embargo, se encontraron similitudes remotas a otras secuencias en bases de datos públicas. Para 434 (5,41 %) genes huérfanos, ni incluso secuencias relacionadas remotas se encontraron en las bases de datos.

La Tabla 5 enumera los resultados de la anotación de genes funcionales para la cepa no mutante de *A. utahensis*.

Parámetro de anotación funcional	Valor
CDS con función anotada	4.909 (61,16 %)
↳ CDS con número de EC	2.839 (35,67 %)
↳ CDS con categoría de COG	3.983 (49,62 %)
CDS con función desconocida	2.684 (33,44 %)
CDS huérfanas	434 (5,41 %)
Proteínas asociadas a membrana	701 (8,73 %)
Péptido señal predicho (75 % de confianza)	600 (7,47 %)
Otro mecanismo de secreción predicho (95 % de conf.)	657 (8,18 %)

El genoma no mutante anotado se muestra como una representación circular en la Figura 3. Además de los genes representados en la hebra directa (círculo más remoto) e inversa (segundo círculo), están dibujados el contenido de G+C (tercer círculo), además del sesgo de G+C (cuarto círculo). Además, están marcados varios sitios de alta importancia, que incluyen el origen de replicación, la trehalosa previamente descrita (Lee et al., Appl. Microbiol. Biotechnol., 2008, 80:767-778) y agrupaciones de acarbosa, una agrupación de proteínas interesante que consiste en aproximadamente 25 proteínas ribosómicas contiguas, además de la localización de un elemento integrativo y conjugativo (ICE). La Tabla 6 enumera las características generales del genoma no mutante de *Actinoplanes utahensis*.

La Figura 3 muestra una representación del genoma circular del cromosoma no mutante de *Actinoplanes utahensis* SE50-100. En el círculo más remoto, se representan genes en orientación directa. El segundo círculo aloja genes en la hebra inversa. El contenido de G+C y el sesgo de G+C se muestran en el tercer y cuarto círculo, respectivamente.

La Tabla 6 enumera las características generales del genoma de *A. utahensis* SE50-100.

Característica	Genoma
Tamaño total (pb)	9.122.632
Contenido de G+C (%)	71,29

(continuación)

Característica	Genoma
N.º de CDS	8.027
N.º de huérfanos	434
Densidad de codificación (%)	86,35
Longitud de gen promedio (pb)	985
N.º de ARNr	4 x 16S-23S-5S
N.º de genes de transposasa	39

Por medio de búsquedas de bases de datos extrínsecas adicionales, el gen más homólogo y el organismo del que se origina se han asignado a cada marco de lectura abierto. Junto con las anotaciones detalladas descritas anteriormente, esta información se enumera para cada CDS en el Tabla 10 del apéndice.

Para muchos genes, se ha añadido una anotación manual incluso más detallada a la información (semi)automatizada descrita anteriormente. Estos genes incluyen, pero no se limitan a, todos los elementos de la agrupación de acarboxa (Wehmeier y Pipersberg, Appl. Microbiol. Biotechnol., 2004, 63: 613-625), la agrupación de trehalosa (Lee et al., Appl. Microbiol. Biotechnol., 2008, 80:767-778), además de ciertas clases de proteínas tales como enzimas degradadoras y sintetizadoras de almidón, epimerasas de azúcar, genes implicados en la captación, transporte y metabolismo de maltosa, proteínas secretadas, celulasas y genes implicados en el metabolismo del nitrógeno, y los genes asociados a la esporulación y sus traducciones de proteína.

Potencial metabólico de la cepa no mutante de *A. utahensis*

Mediante el uso de números de EC anotados, fue posible analizar las capacidades metabólicas de *Actinoplanes utahensis*. El mapeo de los números de EC sobre vías canónicas de Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) reveló la disponibilidad de todas las vías importantes con respecto al metabolismo central tal como la glucólisis, el ciclo de TCA y la vía de pentosa-fosfato. Para la utilización de la vía de Entner-Dudoroff, sin embargo, la enzima clave fosfogluconato deshidratasa está ausente para la catálisis de 6-fosfo-D-gluconato a 2-deshidro-3-desoxi-D-gluconato-6P.

Secuenciación del genoma de las cepas de producción de *A. utahensis*

Además de la cepa no mutante SE50-100, se secuenciaron la última cepa de producción SN19910-37-21, además de cinco cepas anteriores, con el fin de revelar diferencias genéticas responsables de la elevada producción de acarboxa en estas cepas. La última cepa se ha secuenciado en el sistema Genome Sequencer FLX (GS FLX), mientras que las primeras cepas se secuenciaron usando la plataforma Genome Analyzer IIX (GA IIX) basándose únicamente en datos de extremos emparejados. Los resultados se resumen en la Tabla 7. En total, se secuenciaron 5,6 billones de bases.

La Tabla 7 enumera todas las cepas de producción de *A. utahensis* secuenciadas en el orden de su producción de acarboxa.

Símbolo de cepa	Plataforma	Protocolo	Lecturas	Bases	Cobertura
SN223-29-47	GA IIX	PE	34.571.040	1.209.986.400	132,64
C445-P47	GA IIX	PE	30.360.960	1.062.633.600	116,48
SN12755-48	GA IIX	PE	29.292.960	1.025.253.600	112,39
SC3687-18-43	GA IIX	PE	28.105.200	983.682.000	107,83
SC7177-40-17	GA IIX	PE	27.332.400	956.634.000	104,86
SN19910-37-21	GS FLX	Titanium, WGS	776.085	297.036.826	32,56

Identificación de variaciones genéticas entre las cepas mutadas y no mutadas

Los consecuentes mapeos de referencia contra el genoma no mutante previamente acabado conducen al ensamblaje de las seis cepas de producción. Además, podrían determinarse todas las variaciones genéticas entre las cepas de producción y la cepa no mutante. De forma interesante, no habían tenido lugar mutaciones de delección importantes, ya que el genoma no mutante está generalmente completamente cubierto por las lecturas que se originan de las cepas de producción. Sin embargo, se descubrieron 1.826 polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y 128 polimorfismos de delección/inserción (DIP) entre el genoma no mutante y la última cepa de producción. El número de SNP introducidos en cada genoma, como se enumera en la Tabla 8, aumenta con el desarrollo

cronológico de la cepa. Todas las mutaciones y sus transiciones exactas se enumeran en la Tabla 11 del apéndice, junto con las cepas de producción, que muestran su primera aparición.

La Tabla 8 enumera el número de polimorfismos de un solo nucleótido (SNP) y polimorfismos de delección/inserción (DIP) que se detectaron entre la cepa de producción correspondiente y el genoma no mutante de *A. utahensis*.

<i>Símbolo de cepa</i>	<i>SNP</i>	<i>DIP</i>
SN223-29-47	428	7
C445-P47	1.040	6
SN12755-48	1.204	6
SC3687-18-43	1.331	5
SC7177-40-17	1.533	7
SN19910-37-21	1.826	128

5

Las transiciones de nucleótidos basadas en SNP no estuvieron distribuidas de forma gaussiana, pero muestran una preferencia superior a 100 veces para las dos transiciones G→A y C→T. La Figura 4 representa estos hallazgos.

La Figura 4 muestra la frecuencia de transición de mutaciones de SNP entre la cepa de producción no mutante y la última.

- 10 Por comparación de loci de genes anotados con las posiciones donde se introdujeron SNP y DIP, se encontró que 1.896 genes (23,62 %) estuvieron afectados por estas mutaciones al nivel de nucleótido como puede apreciarse en la Figura 5. De estos, 376 genes estuvieron todavía codificando la secuencia de proteínas idéntica, manteniendo solo mutaciones silenciosas. Por otra parte, la secuencia de proteínas de 816 genes cambió en posiciones individuales, dejando la secuencia de aminoácidos sin cambiar en general. Sin embargo, los 704 genes residuales
- 15 estuvieron afectados por mutaciones que cambiaron su longitud y/o marco de lectura. En detalle, se predijo que 429 genes tenían un aumento de la longitud en comparación con los no mutantes, mientras que 275 genes se acortaron.

La Figura 5 visualiza solo los 1.896 genes que fueron afectados por un evento de mutación. En el círculo más remoto, se enumeran los genes orientados hacia adelante. En el segundo círculo, se representan genes hacia atrás. El tercer y cuarto círculos representan el contenido de G+C y el sesgo de G+C, respectivamente.

20 Modificaciones del metabolismo central

- Es probable que los genes que codifican enzima que estuvieron afectados por los eventos de mutagénesis tengan un impacto sobre el metabolismo global, además de vías especiales como la que codifica la formación de acarbosa. Por este motivo, estos genes se mapearon según sus números de EC en vías canónicas de la base de datos KEGG para identificar la pérdida de funcionalidad introducida por los experimentos de mutagénesis. Mientras que varias
- 25 enzimas del metabolismo central estuvieron afectadas por SNP, solo algunos genes estuvieron afectados por mutaciones que condujeron a una pérdida probable de función. Además, para cada uno de estos genes gravemente cambiados, al menos otro gen, anotado con el mismo número de EC, estuvo todavía disponible, ayudando probablemente en la versión inactivada.

Modificaciones de la agrupación de acarbosa y el uso de las primeras cepas de producción

- 30 Por secuenciación de las primeras cepas de producción, fue posible rastrear el origen de mutaciones mediante el tiempo con respecto a la cepa en la que se introdujeron por primera vez. Este análisis fue especialmente revelador sobre la secuencia de la agrupación de acarbosa como se representa en la Figura 6. Los 13 SNP que afectan la agrupación se introdujeron secuencialmente a medida que se ejecutaron experimentos de mutación. Se introdujeron dos SNP en la región intragénica entre los genes *acbW* y *acbV*. Además, se introdujeron dos SNP al gen *acbD*. Se cree que la proteína que codifica *acbD*, una acarviosiltransferasa, carga acarbosa con maltodextrinas en el espacio extracelular antes de la reimportación mediante el complejo importador de acarbosa. Otra mutación se localiza en el gen *acbH*, que codifica la proteína de unión al sujeto del complejo importador de acarbosa.
- 35

La Figura 6 muestra la agrupación de acarbosa conjuntamente con las mutaciones que se introdujeron en ella durante el desarrollo de las primeras cepas de producción representadas.

40

LISTA DE TODAS LAS MUTACIONES

La Tabla 9 enumera todas las mutaciones introducidas en la cepa no mutante de *Actinoplanes utahensis* SE50-100 por las cepas de producción correspondientes.

Posición en la cepa no mutante de referencia	Base en la cepa de referencia	Aparición en la cepa						ID de gen afectado
		SN223-29-47	C445-P47	SN12755-48	SC3687-18-43	SC7177-40-17	SN19910-37-21	
SE50-100								
7102	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4
11919	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7
12285	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7
12651	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7
13511	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7
46974	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_41
62542	C		T	T	T	T	T	cds_wt_52
64957	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_54
65055	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_54
65455	C	C/T					T/C	-
65460	C	C/T					T	-
65882	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_55
72685	A						A/G	-
72693	A						A/G	-
72701	A						A/G	-
73373	C		T	T	T	T	T	cds_wt_61
73467	C		T	T	T	T	T	cds_wt_61
76845	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_64
78965	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_66
80653	G		A	A	A	A	A	cds_wt_67
85503	G		A	A	A	A	A	cds_wt_70
88269	G		A	A	A	A	A	cds_wt_72
88369	G		A	A	A	A	A	cds_wt_72
89368	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_72
89901	C		T	T	T	T	T	cds_wt_72
90029	C		T	T	T	T	T	cds_wt_72
91949	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_74

ES 2 625 773 T3

93427	C	T	T	T	T	T	T	-
101351	G		A	A	A	A	A	cds_wt_82
103967	C						T	cds_wt_84
104063	C	T		T	T	T	T	cds_wt_84
110857	C		T	T	T	T	T	cds_wt_88
112637	G		A	A	A	A	A	cds_wt_90
114499	G		A	A	A	A	A	cds_wt_90
115250	G		A	A	A	A	A	cds_wt_92
115873	C		T	T	T	T	T	cds_wt_92
115983	C			T			T	cds_wt_93
117494	C		T	T	T	T	T	cds_wt_93
119344	G		A	A	A	A	A	cds_wt_94
134489	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_106
139515	C		T	T	T	T	T	-
146767	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_119
161035	G		A	A	A	A	A	cds_wt_133
172303	G		A	A	A	A	A	cds_wt_143
176176	G					A	A	cds_wt_146
178880	G						G/A	cds_wt_148
180754	C			T	T		T	cds_wt_150
180925	C			T			T	cds_wt_150
184674	G			A	A	A	A	cds_wt_154
190568	C		T	T	T	T	T	cds_wt_159
190644	C		T	T	T	T	T	cds_wt_159
191971	C		T	T	T	T	T	cds_wt_161
193584	G		A	A	A	A	A	cds_wt_162
196028	C		T	T	T	T	T	cds_wt_164
196338	C		T	T	T	T	T	-
214992	G		A	A	A	A	A	-
222841	G					A	A	cds_wt_187
222924	C					T	T	cds_wt_187
228543	C						T	cds_wt_193
247200	C				T	T	T	cds_wt_205
248952	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_206
253299	G						A	cds_wt_209
254551	G						A	cds_wt_210
259829	C			T	T		T	-
268705	C		T	T	T	T	T	cds_wt_224
270822	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_227
273723	G	A		A	A		A	cds_wt_229
276430	C		T	T	T	T	T	cds_wt_232
276561	C			T	T	T	T	cds_wt_232
283007	G	A	A	A	A	A	A	-
283062	G	A	A	A	A	A	A	-
287132	C				T	T	T	cds_wt_247
294767	G					A	A	cds_wt_253

ES 2 625 773 T3

295356	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_254
300028	C						T	cds_wt_256
303810	G					A	A	cds_wt_259
313837	C					T	T	cds_wt_271
316698	G					A	A	cds_wt_273
316929	G		A	A	A	A	A	cds_wt_273
325503	C		T	T	T	T	T	cds_wt_283
331088	G				A	A	A	-
340040	G			A	A		A	cds_wt_297
342987	G		A	A	A	A	A	cds_wt_299
343915	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_300
352688	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_308
353668	G		A	A	A	A	A	cds_wt_308
361019	G		A	A	A	A	A	cds_wt_314
362742	G		A	A	A	A	A	cds_wt_315
375835	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_329
381358	G			A	A		A	cds_wt_335
382029	G		A	A	A	A	A	cds_wt_335
391677	C	T		T	T	T	T	cds_wt_345
400166	C		T	T	T	T	T	cds_wt_350
406413	G				A	A	A	cds_wt_355
409544	G		A	A	A	A	A	cds_wt_358
416199	G						A	cds_wt_364
419938	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_369
425067	G					A	A	cds_wt_374
425419	G					A	A	cds_wt_374
426464	G		A	A	A	A	A	cds_wt_376
438324	C		T	T	T	T	T	cds_wt_385
446368	G		A	A	A	A	A	cds_wt_390
446984	G		A	A	A	A	A	cds_wt_392
447392	G		A	A	A	A	A	-
450492	G						A	cds_wt_395
458678	C		T	T	T	T	T	cds_wt_403
459753	C						T	-
459833	A	G		G		G	G	cds_wt_405
466505	G		A	A	A	A	A	cds_wt_416
474923	G						A	cds_wt_423
482599	G			A	A	A	A	cds_wt_430
494993	G		A	A	A	A	A	cds_wt_445
500358	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_449
510408	C			T	T	T	T	cds_wt_459
511515	G		A	A	A	A	A	cds_wt_460
512816	G						A	cds_wt_463
513902	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_464
515197	G						A	cds_wt_465
518156	G		A	A	A	A	A	cds_wt_468

ES 2 625 773 T3

533618	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_485
536327	C	T		T	T		T	cds_wt_488
542891	G		A	A	A	A	A	cds_wt_493
548989	C		T	T	T	T	T	cds_wt_496
553081	G		A	A	A	A	A	cds_wt_500
553332	G		A	A	A	A	A	cds_wt_500
557884	G						A	cds_wt_502
557907	G						A	cds_wt_502
567026	C	T	T	T	T	T	T	-
587166	A	G	G	G	G	G	G	cds_wt_528
590721	G						A	cds_wt_530
602225	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_543
604184	C						T	cds_wt_544
605918	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_546
621774	C					T	T	-
624361	C	T	T	T	T	T	T	-
625600	C	T	T	T	T	T	T	-
626283	G		A	A	A	A	A	-
629283	G		A	A	A	A	A	cds_wt_565
636108	C					T	T	-
648981	G		A	A	A	A	A	cds_wt_582
684062	G		A	A	A	A	A	cds_wt_613
702171	C					T	T	cds_wt_627
702650	C					T	T	cds_wt_627
703452	C			T	T	T	T	cds_wt_628
706109	C						T	cds_wt_631
711168	G			A	A	A	A	-
712462	A						A/G	cds_wt_637
714678	G			A	A	A	A	cds_wt_639
714785	G		A	A	A	A	A	cds_wt_639
717602	G			A	A	A	A	cds_wt_641
719600	G			A	A	A	A	cds_wt_643
724097	G			A	A	A	A	cds_wt_646
738525	C					T	T	cds_wt_655
744594	G						A	cds_wt_662
746362	G			A	A	A	A	cds_wt_664
750285	C		T	T	T	T	T	cds_wt_667
752663	G		A	A	A	A	A	cds_wt_670
763762	C						C/G	-
763785	G						G/C	-
763792	C						C/G	-
763951	C						C/G	-
765635	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_682
766073	G		A	A	A	A	A	cds_wt_682
769289	G		A	A	A	A	A	cds_wt_686
776043	C			T	T	T	T	cds_wt_692

ES 2 625 773 T3

780677	C					T	T	-
781916	C			T	T	T	T	cds_wt_698
783900	C			T	T	T	T	cds_wt_699
786653	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_702
795572	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_709
796824	G			A	A	A	A	cds_wt_710
798663	G			A	A	A	A	cds_wt_712
810530	G						A	cds_wt_724
810533	C						G	-
810556	T						T/C	cds_wt_725
810557	G						G/C	cds_wt_725
810563	C						C/T	cds_wt_725
810576	A						A/G	cds_wt_725
819250	G		A	A	A	A	A	cds_wt_730
829153	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_739
830171	C						T	cds_wt_740
831404	G		A	A	A	A	A	cds_wt_741
838352	G						A	cds_wt_748
842068	G		A	A	A	A	A	cds_wt_750
847887	G					A	A	cds_wt_753
861775	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_768
870304	G		A	A	A	A	A	cds_wt_776
880820	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_785
897424	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_794
907842	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_799
908987	C	T	T	T	T	T	T	-
921289	G		A	A	A	A	A	cds_wt_813
941088	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_829
945666	G				A	A	A	cds_wt_834
959932	C						T	cds_wt_847
964504	G		A	A	A	A	A	cds_wt_850
964558	C					T	T	cds_wt_850
970334	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_857
972781	C		T	T	T		T	cds_wt_860
995285	G		A	A	A	A	A	cds_wt_879
1004653	C						T	-
1006503	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_889
1008680	G						A	cds_wt_890
1009674	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_893
1009813	G						A	cds_wt_893
1023301	C		T	T	T	T	T	cds_wt_902
1028963	G		A	A	A	A	A	cds_wt_908
1030345	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_910
1030822	G		A	A	A	A	A	cds_wt_911
1037262	G		A	A	A	A	A	cds_wt_917
1041811	C		T	T	T	T	T	cds_wt_919

ES 2 625 773 T3

1054013	C		T	T	T	T	T	-
1055406	C	T	T	T	T	T	T	-
1082623	G			A	A		A	cds_wt_952
1085482	C					T	T	cds_wt_953
1085499	C		T	T	T	T	T	cds_wt_953
1088995	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_956
1097530	C			T	T	T	T	cds_wt_967
1107807	T						A	-
1117905	C					T	T	-
1119169	G					A	A	cds_wt_987
1120103	G	A					A	cds_wt_989
1120852	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_990
1122832	C					T	T	cds_wt_990
1123080	C		T	T	T	T	T	cds_wt_990
1128153	G		A	A	A	A	A	cds_wt_993
1130585	G		A	A	A	A	A	cds_wt_999
1145784	C					T	T	cds_wt_1014
1146897	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1015
1153166	C						T	cds_wt_1021
1163219	C					T	T	cds_wt_1027
1163309	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1027
1163538	G			A	A		A	cds_wt_1027
1169629	C				T	T	T	cds_wt_1032
1169882	C					T	T	cds_wt_1032
1170591	C				T	T	T	cds_wt_1032
1172808	C					T	T	cds_wt_1035
1172940	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1035
1173551	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1035
1179238	C		T	T	T	T	T	-
1192548	C					T	T	cds_wt_1050
1194346	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1051
1194637	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1051
1196403	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1053
1208932	C						T	cds_wt_1065
1221399	C					T	T	cds_wt_1081
1222202	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1083
1225212	C					T	T	cds_wt_1086
1242677	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1101
1249095	C					T	T	cds_wt_1105
1250477	G						A	-
1255855	C	T	T	T	T	T	T	-
1260719	C	T		T	T		T	cds_wt_1114
1261347	C						T	cds_wt_1114
1261926	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1115
1262307	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1115
1262367	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1115

ES 2 625 773 T3

1267545	C					T	T	cds_wt_1120
1270664	C					T	T	cds_wt_1122
1272928	C					T	T	cds_wt_1123
1273797	C					T	T	cds_wt_1124
1277491	G	A		A	A		A	cds_wt_1127
1282245	G						A	cds_wt_1131
1284346	C					T	T	cds_wt_1134
1285883	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1136
1291340	C					T	T	cds_wt_1144
1300654	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1155
1306705	C					T	T	-
1307526	C	T	T	T	T	T	T	-
1308200	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1161
1315876	C					T	T	cds_wt_1170
1317961	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1172
1321981	C				T	T	T	cds_wt_1176
1322304	C					T	T	cds_wt_1176
1325473	C				T	T	T	cds_wt_1179
1325983	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1180
1327837	C					T	T	cds_wt_1183
1329364	C				T	T	T	cds_wt_1185
1330802	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1186
1335338	C		T	T	T		T	cds_wt_1189
1342390	C					T	T	cds_wt_1195
1343472	A				C	C	C	cds_wt_1196
1344261	C					T	T	cds_wt_1196
1346995	C					T	T	-
1348395	G					A	A	cds_wt_1202
1351344	C					T	T	cds_wt_1204
1352745	C				T	T	T	cds_wt_1206
1356389	C				T	T	T	-
1359105	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1210
1359182	C					T	T	cds_wt_1210
1362032	C					T	T	cds_wt_1212
1370065	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1221
1370088	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1221
1379821	C						T	cds_wt_1228
1382638	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1232
1388800	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1238
1404278	C	T					T	cds_wt_1248
1409508	G					A	A	cds_wt_1254
1410045	G					A	A	-
1413757	G					A	A	cds_wt_1259
1415711	G					A	A	cds_wt_1262
1415773	G					A	A	cds_wt_1262
1418132	C					T	T	cds_wt_1264

ES 2 625 773 T3

1419671	G					A	A	cds_wt_1265
1420016	C					T	T	cds_wt_1265
1428228	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1270
1428233	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1270
1435884	C					T	T	cds_wt_1279
1438355	C					T	T	cds_wt_1282
1440872	G				A	A	A	cds_wt_1282
1443149	C						T	cds_wt_1285
1450678	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1294
1453590	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1296
1454075	C						T	cds_wt_1297
1455191	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1298
1463521	C			T	T	T	T	cds_wt_1303
1473239	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1311
1474775	G					A	A	cds_wt_1312
1482297	C				T	T	T	cds_wt_1318
1494980	G					A	A	cds_wt_1326
1502729	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1332
1514463	C	T					T	-
1525258	G						A	cds_wt_1357
1533361	C						T	cds_wt_1364
1545597	T						T/C	-
1563822	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1394
1563854	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1394
1565818	C						T	cds_wt_1396
1566866	C					T	T	cds_wt_1397
1570236	G					A	A	cds_wt_1398
1570636	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1399
1581033	T		C	C	C	C	C	cds_wt_1411
1594972	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1426
1614616	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1441
1615586	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1441
1616152	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1442
1616981	C			T	T	T	T	cds_wt_1443
1617561	C			T		T	T	cds_wt_1443
1617928	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1444
1622589	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1447
1641656	C	T					T	cds_wt_1457
1641711	C						T	cds_wt_1457
1641953	C			T		T	T	cds_wt_1458
1648653	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1466
1648676	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1466
1649444	C					T	T	-
1650400	G	A	A	A	A	A	A	-
1658589	G					A	A	cds_wt_1467
1661376	G						A	cds_wt_1469

ES 2 625 773 T3

1664324	C					T	T	cds_wt_1474
1680524	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1485
1682349	G			A	A	A	A	cds_wt_1485
1682842	C					T	T	cds_wt_1486
1686608	C				T	T	T	cds_wt_1490
1695571	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1495
1699167	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1499
1700705	G						A	cds_wt_1501
1715788	T						C	cds_wt_1517
1727072	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1526
1747963	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1546
1748448	C					T	T	cds_wt_1547
1778278	C					T	T	cds_wt_1569
1779396	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1570
1779723	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1570
1792608	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1583
1793069	C					T	T	cds_wt_1584
1795610	C					T	T	cds_wt_1588
1803172	C		T	T	T	T	T	-
1805902	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1595
1815104	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1601
1848170	G						A	cds_wt_1640
1858054	C				T	T	T	cds_wt_1649
1874864	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1664
1878368	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1669
1878456	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1669
1881797	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1671
1881821	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1671
1883780	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1673
1886024	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1677
1886177	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1677
1886499	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1677
1888003	G						A	cds_wt_1678
1888277	G		A	A	A	A	A	-
1891012	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1680
1891205	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1681
1891493	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1682
1891608	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1682
1895230	C						T	cds_wt_1683
1896121	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1684
1898465	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1686
1904126	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1689
1904415	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1689
1918600	G					A	A	cds_wt_1702
1926767	G					A	A	cds_wt_1710
1930239	G	A	A	A	A	A	A	-

ES 2 625 773 T3

1933689	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1718
1935111	G			A	A	A	A	cds_wt_1721
1938524	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1725
1941158	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1729
1950155	C				T		T	cds_wt_1737
1961896	C				T	T	T	cds_wt_1749
1964247	C						T	-
1971635	A					C	C	cds_wt_1755
1973884	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1756
1985968	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1769
1986215	C						T	cds_wt_1769
1987891	C					T	T	cds_wt_1770
1987907	C					T	T	cds_wt_1770
1993612	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1778
1997079	C		T	T	T	T	T	cds_wt_1783
2043866	G					A	A	cds_wt_1830
2043889	G					A	A	cds_wt_1830
2048938	C						T	cds_wt_1835
2058063	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1841
2058998	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1841
2060664	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1843
2060796	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1843
2067415	G						A	-
2067911	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1851
2071535	G						A	cds_wt_1854
2077305	A						G/A	-
2077309	T						C/T	-
2077321	A						G/A	-
2077324	G						A/G	-
2077336	A						G/A	-
2077351	C						T/C	-
2077353	A						G/A	-
2077369	C						T/C	-
2077383	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G	-
2077384	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	G/C	-
2077398	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	-
2077432	T						C/T	-
2077603	A						G/A	cds_wt_1862
2077615	C						A/C	cds_wt_1862
2077618	G						A/G	cds_wt_1862
2077636	T						C/T	cds_wt_1862
2077645	G						C/G	cds_wt_1862
2077651	G						C/G	cds_wt_1862
2077652	A						G/A	cds_wt_1862
2077654	A						G/A	cds_wt_1862
2077663	C						A/C	cds_wt_1862

ES 2 625 773 T3

2077669	G						C/G	cds_wt_1862
2077671	T						C/T	cds_wt_1862
2077682	C						G/C	cds_wt_1862
2077688	G						A/G	cds_wt_1862
2077691	C						G/C	cds_wt_1862
2077694	A						C/A	cds_wt_1862
2077697	G						C/G	cds_wt_1862
2077703	T						G/T	cds_wt_1862
2077715	G						A/G	cds_wt_1862
2077724	A						G/A	cds_wt_1862
2077726	C						T/C	cds_wt_1862
2077730	G						C/G	cds_wt_1862
2077733	G						A/G	cds_wt_1862
2077736	C						C/T	cds_wt_1862
2077742	G						C/G	cds_wt_1862
2077745	A						G/A	cds_wt_1862
2077751	G						A/G	cds_wt_1862
2077762	T						C/T	cds_wt_1862
2077769	T						C/T	cds_wt_1862
2077772	A						G/A	cds_wt_1862
2077775	G						A/G	cds_wt_1862
2077793	G						C/G	cds_wt_1862
2077794	A						G/A	cds_wt_1862
2077795	C						T/C	cds_wt_1862
2077805	C						T/C	cds_wt_1862
2080486	C						T	cds_wt_1864
2086608	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1866
2096915	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1878
2098836	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1880
2099830	G						A	cds_wt_1880
2126265	C		T	T	T	T	T	-
2131730	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1909
2135109	C						T	cds_wt_1912
2136848	C		T	T	T	T	T	-
2144528	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1918
2147486	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1921
2154132	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1927
2154136	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1927
2188490	C				T	T	T	cds_wt_1959
2191494	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_1960
2199567	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1969
2208975	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_1977
2212324	G				A	A	A	cds_wt_1979
2212659	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1980
2230643	G		A	A	A	A	A	cds_wt_1996
2235434	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2000

ES 2 625 773 T3

2250499	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2012
2259118	C			T	T		T	cds_wt_2019
2260582	G						A	cds_wt_2019
2266821	C	T	T		T	T	T	cds_wt_2023
2271223	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2027
2273696	C	T	T	T	T	T	T	-
2277990	C	T					T	cds_wt_2031
2291798	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2032
2293101	C						C/T	cds_wt_2033
2293102	G						G/T	cds_wt_2033
2293121	G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	G/C	cds_wt_2033
2293139	A	C/A	C/A	C/A	C/A	C/A	A/C	cds_wt_2033
2293157	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	cds_wt_2033
2293169	G						G/C	cds_wt_2033
2293175	G						G/A	cds_wt_2033
2293176	A						A/T	cds_wt_2033
2293184	C						C/G	cds_wt_2033
2293185	G						G/A	cds_wt_2033
2293187	A						A/G	cds_wt_2033
2293196	G						A/G	cds_wt_2033
2293202	G						G/C	cds_wt_2033
2293205	G						C/G	cds_wt_2033
2293214	G						G/C	cds_wt_2033
2293219	A						A/T	cds_wt_2033
2293220	G						G/C	cds_wt_2033
2293226	G						C/G	cds_wt_2033
2293228	G						G/A	cds_wt_2033
2293234	A						A/T	cds_wt_2033
2293235	G						G/C	cds_wt_2033
2293238	G						G/C	cds_wt_2033
2293244	G						G/C	cds_wt_2033
2293247	G						A/G	cds_wt_2033
2293253	G	G/A	A	G/A	G/A	A/G	A/G	cds_wt_2033
2293268	G	G/C	C	C	C	C	C/G	cds_wt_2033
2293310	G						G/A	cds_wt_2033
2293313	G						G/C	cds_wt_2033
2293316	G						G/A	cds_wt_2033
2293319	G						G/A	cds_wt_2033
2293328	G						G/C	cds_wt_2033
2293337	G						G/C	cds_wt_2033
2293346	G						G/C	cds_wt_2033
2293352	C						C/G	cds_wt_2033
2293367	G	G/C	C/G	G/C			G/C	cds_wt_2033
2293376	C	G/C	G/C	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_2033
2293403	C						C/G	cds_wt_2033
2293463	C						C/G	cds_wt_2033

ES 2 625 773 T3

2302130	G						A	cds_wt_2039
2312744	C					T	T	cds_wt_2051
2313183	G			A	A		A	cds_wt_2051
2315988	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2052
2323085	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2057
2329242	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2063
2332081	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2066
2341627	C				T		T	cds_wt_2073
2347673	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2076
2348681	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2077
2359598	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2088
2362060	A						G	cds_wt_2091
2368326	G					A	A	cds_wt_2097
2376154	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2107
2380176	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2113
2382542	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2115
2382567	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2115
2382748	C		T	T	T	T	T	-
2389975	C				T	T	T	-
2392147	C				T	T	T	cds_wt_2122
2396255	G					A	A	cds_wt_2123
2415101	G		A	A	A		A	cds_wt_2140
2422620	C				T	T	T	cds_wt_2147
2437185	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2158
2448470	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2169
2452760	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2173
2456608	C				T	T	T	cds_wt_2175
2459347	C				T	T	T	cds_wt_2177
2459641	G					A	A	cds_wt_2178
2460824	C				T	T	T	cds_wt_2180
2463427	C						T	cds_wt_2182
2482048	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2197
2482381	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2197
2483453	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2199
2487377	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2203
2489641	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2206
2492054	G					A	A	-
2502775	G					A	A	-
2515457	G					A	A	cds_wt_2228
2518872	G			A	A	A	A	cds_wt_2232
2530466	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2252
2532233	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2256
2533237	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2259
2536306	G		A	A	A	A	A	-
2538874	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2265
2542087	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2270

ES 2 625 773 T3

2544720	C					T	T	cds_wt_2270
2553277	G						A	cds_wt_2277
2556662	C					T	T	cds_wt_2283
2559280	G	A	A	A	A	A	A	-
2562212	G					A	A	cds_wt_2288
2564253	G					A	A	-
2564620	G					A	A	-
2566353	G					A	A	cds_wt_2290
2572994	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2297
2573153	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2297
2575327	G				A		A	cds_wt_2299
2599645	G					A	A	cds_wt_2323
2599894	G					A	A	cds_wt_2324
2601319	G					A	A	cds_wt_2324
2606340	G					A	A	cds_wt_2330
2608948	G					A	A	cds_wt_2334
2610422	C					T	T	-
2614778	G						A	cds_wt_2339
2617082	G					A	A	cds_wt_2340
2618776	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2342
2618805	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2342
2620558	G					A	A	cds_wt_2344
2626414	A			G	G	G	G	cds_wt_2350
2636037	C					T	T	cds_wt_2357
2639682	G					A	A	cds_wt_2361
2642753	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2364
2644984	C					T	T	cds_wt_2364
2651718	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2367
2652733	C					T	T	cds_wt_2368
2653074	C					T	T	cds_wt_2368
2653159	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2368
2653337	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2369
2655271	C						T	cds_wt_2371
2655308	C						T	cds_wt_2371
2657059	C					T	T	cds_wt_2371
2658261	G					A	A	cds_wt_2372
2659295	C					T	T	cds_wt_2373
2663775	C					T	T	cds_wt_2376
2670944	C					T	T	cds_wt_2378
2671043	C					T	T	cds_wt_2378
2672551	C					T	T	cds_wt_2380
2676880	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2382
2677056	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2382
2677196	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2382
2678066	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2382
2679900	C					T	T	cds_wt_2383

ES 2 625 773 T3

2686364	C					T	T	cds_wt_2390
2687028	C					T	T	cds_wt_2391
2688632	C					T	T	cds_wt_2392
2694405	G						A	cds_wt_2396
2701281	G					A	A	cds_wt_2403
2712327	G					A	A	-
2720850	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2418
2728435	G					A	A	cds_wt_2425
2731397	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2428
2735550	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	-
2735576	G						G/C	-
2738768	C			T	T	T	T	cds_wt_2433
2744600	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2438
2748694	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2442
2756873	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2449
2760595	G					A	A	-
2762887	G			A	A	A	A	cds_wt_2453
2763137	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2453
2764279	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2454
2766645	C			T	T	T	T	cds_wt_2456
2770562	C					T	T	-
2773173	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2462
2774095	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2464
2774734	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2465
2774874	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2465
2776314	C					T	T	cds_wt_2466
2776919	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2467
2778598	G					A	A	cds_wt_2468
2779539	G					A	A	-
2782696	C					T	T	cds_wt_2473
2783578	C					T	T	-
2783738	C					T	T	cds_wt_2474
2785372	C					T	T	cds_wt_2475
2785531	C					T	T	cds_wt_2475
2787379	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2476
2788015	C					T	T	cds_wt_2477
2788247	C					T	T	cds_wt_2477
2789216	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2478
2790626	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2479
2791577	C					T	T	cds_wt_2480
2792510	C					T	T	cds_wt_2481
2792715	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2481
2797814	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2487
2799953	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2489
2800033	C					T	T	cds_wt_2489
2802765	C					T	T	-

ES 2 625 773 T3

2803789	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2493
2804694	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2494
2806670	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2496
2814611	G						A	-
2815199	C						C/T	cds_wt_2502
2816239	G						A	cds_wt_2503
2821693	G				A	A	A	cds_wt_2509
2838356	C					T	T	-
2841171	T						T/A	cds_wt_2526
2841177	C						C/G	cds_wt_2526
2841183	C						C/G	cds_wt_2526
2841213	T						T/C	cds_wt_2526
2841228	C						C/G	cds_wt_2526
2841237	G						G/C	cds_wt_2526
2841251	G						G/T	cds_wt_2526
2841255	C						C/G	cds_wt_2526
2841258	G						G/T	cds_wt_2526
2841276	C	G/C		G	G	G	C/G	cds_wt_2526
2841293	C						C/G	cds_wt_2526
2841297	C						C/A	cds_wt_2526
2841303	C						C/T	cds_wt_2526
2841306	G						G/A	cds_wt_2526
2841312	T						C/T	cds_wt_2526
2841315	C						G/C	cds_wt_2526
2841322	A						A/T	cds_wt_2526
2841323	G						G/T	cds_wt_2526
2841327	C						G/C	cds_wt_2526
2841335	G						C/G	cds_wt_2526
2841357	G						C/G	cds_wt_2526
2841360	G						C/G	cds_wt_2526
2841369	G						C/G	cds_wt_2526
2841376	T						T/C	cds_wt_2526
2841377	G						T/G	cds_wt_2526
2841384	G						C/G	cds_wt_2526
2841389	T						T/C	cds_wt_2526
2841397	G						G/T	cds_wt_2526
2841398	A						C/A	cds_wt_2526
2841402	G						A/G	cds_wt_2526
2841403	G						C/G	cds_wt_2526
2841409	T						A/T	cds_wt_2526
2841413	G						T/G	cds_wt_2526
2841423	C						G/C	cds_wt_2526
2841444	G						C/G	cds_wt_2526
2841451	C						T/C	cds_wt_2526
2841477	C						G/C	cds_wt_2526
2841514	G						T/G	cds_wt_2526

ES 2 625 773 T3

2841531	A						G/A	cds_wt_2526
2841534	G						C/G	cds_wt_2526
2841536	T						A/T	cds_wt_2526
2841540	C						C/G	cds_wt_2526
2841546	G						C/G	cds_wt_2526
2841552	G						C	cds_wt_2526
2841554	T						C/T	cds_wt_2526
2841555	C						T/C	cds_wt_2526
2841562	C						T/C	cds_wt_2526
2841563	A						C/A	cds_wt_2526
2841569	A						C/A/T	cds_wt_2526
2841575	C						T/C	cds_wt_2526
2841585	C						C/G	cds_wt_2526
2841588	G						C/G	cds_wt_2526
2841594	G						A/G	cds_wt_2526
2841605	C						C/A	cds_wt_2526
2841609	C						C/G	cds_wt_2526
2841617	T						G/T	cds_wt_2526
2841636	G	C		C	C		C/G	cds_wt_2526
2841656	A						C/A	cds_wt_2526
2841660	G						C/G	cds_wt_2526
2841668	C						T/C	cds_wt_2526
2841690	G						C/G	-
2841700	G						T	-
2841701	C						T	-
2841708	G						A/G	-
2841734	T						C	-
2841735	C						T	-
2841738	G						C	-
2841744	C						G/C	-
2841747	G						A	-
2841756	C						G	-
2841759	G						C	-
2841762	C						G	-
2841776	G						T	-
2841778	T						G	-
2841783	G						C	-
2841786	A						T	-
2841789	C						T	-
2845157	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2528
2850318	G			A	A	A	A	cds_wt_2533
2851372	G						A	cds_wt_2534
2853353	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2535
2853817	G						A	cds_wt_2535
2868405	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2548
2874011	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2551

ES 2 625 773 T3

2875055	G		A	A	A	A	A	-
2875488	G				A	A	A	-
2876911	G	A					A	cds_wt_2553
2882407	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2558
2888545	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2562
2890510	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2565
2892791	G						A	cds_wt_2566
2896239	G	A					A	cds_wt_2568
2896828	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2568
2896833	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2568
2899845	C	T	T	T	T	T	T	-
2899865	C	T	T	T	T	T	T	-
2901123	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2572
2905469	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2574
2912026	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2580
2921100	C					T	T	cds_wt_2587
2934976	G	A	A	A	A	A	A	-
2935134	G						A	-
2935223	G				A	A	A	-
2945715	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2611
2953167	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2616
2956464	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2620
2965167	G						A	cds_wt_2630
2971031	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2633
2971761	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2633
2973653	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2634
2976296	C	T					T	cds_wt_2637
2978371	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2638
2983351	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2644
2986416	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2649
2987675	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2650
2988967	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2650
2992035	C					T	T	cds_wt_2651
2993614	A						G	cds_wt_2652
2994097	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2652
3000921	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2658
3002748	G				A	A	A	cds_wt_2659
3003382	G					A	A	-
3005352	G				A	A	A	cds_wt_2662
3006201	C				T		T	cds_wt_2662
3021497	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2674
3026718	C					T	T	-
3027132	G				A	A	A	-
3031683	C		T	T	T	T	T	-
3032969	C		T	T	T	T	T	-
3044082	G						A	cds_wt_2679

ES 2 625 773 T3

3045579	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2679
3049857	G						A	cds_wt_2681
3066905	C					T	T	cds_wt_2697
3079916	T						A/T	-
3079923	C						C/T	-
3079936	G						A/G	-
3079950	A	T/A					T/A	-
3080004	C						C/T	-
3080006	A						T/A	-
3080035	C	C/T					C/T	cds_wt_2713
3080043	A	C/A	C/A	C/A	C/A	C/A	C/A	cds_wt_2713
3080063	G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_2713
3080084	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	cds_wt_2713
3080087	G	G/C/T	G/C/T	C/G/T	G/C/T	G/T/C	C/T/G	cds_wt_2713
3080098	C					C/A	C/A	cds_wt_2713
3080128	C					T/C	T/C	cds_wt_2713
3080136	A					G/A	G/A	cds_wt_2713
3080160	C						G/C	cds_wt_2713
3080161	T						C/T	cds_wt_2713
3080163	T						C/T	cds_wt_2713
3080183	T	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_2713
3080192	G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_2713
3080204	G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_2713
3080237	G						C/G	cds_wt_2713
3080288	G						C/G	cds_wt_2713
3080294	G						T/G	cds_wt_2713
3080316	C						C/T	-
3080321	T		T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	-
3080325	G	G/T	G/T	G/T	G/T	G/T	T/G	-
3080326	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	T/C	-
3080355	A	A/T	A/T	A/T	A/T	A/T	T/A	-
3080356	A						A/G	-
3080357	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	-
3080359	A						A/G	-
3080372	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	-
3080375	A						A/C	-
3080382	G						G/A	-
3080391	A						A/G	-
3080393	C						C/T	-
3080394	G						G/A	-
3080402	A						A/G	-
3080406	A						A/G	-
3080418	A						A/G	-
3080447	C						C/T	-
3080465	T						T/C	-
3080472	C						C/T	-

ES 2 625 773 T3

3080482	A						A/G	-
3080485	C						C/T	-
3080496	T						T/C	-
3082062	G						A	-
3084014	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2717
3087970	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2721
3089578	G			A	A	A	A	-
3090231	G						G/C	cds_wt_2723
3101153	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2729
3120006	C			T	T	T	T	-
3121040	C		T	T	T	T	T	-
3125035	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2746
3125407	C						T	cds_wt_2746
3128098	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2749
3131738	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2753
3133651	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2755
3133766	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2755
3137673	C					T	T	cds_wt_2759
3138173	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2760
3147694	C				T	T	T	cds_wt_2765
3148142	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2766
3148342	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2766
3148452	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2766
3148777	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2766
3148960	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2766
3149335	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2766
3151547	C						T	-
3152279	C		T	T	T	T	T	-
3153365	G	A	A	A	A	A	A	-
3156844	C				T	T	T	cds_wt_2777
3175067	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2796
3176311	C			T		T	T	cds_wt_2797
3180510	C			T	T	T	T	cds_wt_2801
3181134	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2803
3196810	C						T	cds_wt_2815
3198674	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2817
3203788	G						A	cds_wt_2823
3204764	G						A	cds_wt_2823
3208464	G			A	A	A	A	cds_wt_2826
3213080	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2831
3214059	C					T	T	cds_wt_2832
3216019	C			T	T		T	cds_wt_2834
3216133	C						T	cds_wt_2834
3218109	C			T	T	T	T	cds_wt_2834
3226281	C					T	T	cds_wt_2841
3229241	G				A	A	A	cds_wt_2845

ES 2 625 773 T3

3230387	G				A	A	A	cds_wt_2847
3235932	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2851
3237109	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2851
3238700	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2854
3241279	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2857
3241643	G				A	A	A	cds_wt_2857
3245145	C				T	T	T	cds_wt_2860
3247705	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2861
3248186	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2862
3249319	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2862
3251559	G		A	A	A	A	A	-
3253347	C		T	T	T	T	T	-
3253453	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2867
3253884	G				A	A	A	-
3254464	G				A	A	A	-
3258028	G			A	A	A	A	cds_wt_2872
3258094	G			A	A		A	-
3258637	C		T	T	T	T	T	-
3259667	C			T	T		T	cds_wt_2874
3261792	G			A	A	A	A	cds_wt_2876
3262978	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2876
3266668	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2879
3266806	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2879
3267341	G			A	A	A	A	cds_wt_2880
3267927	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2880
3268140	T		C	C	C	C	C	cds_wt_2880
3269676	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2882
3270548	G			A	A	A	A	cds_wt_2882
3275254	A		G	G	G	G	G	cds_wt_2885
3276870	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2888
3277187	C	T	T	T	T	T	T	-
3279932	C		T	T	T	T	T	-
3285105	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2902
3289175	C						T	cds_wt_2903
3289533	C			T	T	T	T	cds_wt_2903
3290417	G				A		A	cds_wt_2904
3290880	C			T	T	T	T	-
3291408	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2906
3294618	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2909
3295292	C		T	T	T	T	T	-
3296150	C		T	T	T	T	T	-
3296689	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2910
3297254	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2910
3297593	G						A	cds_wt_2910
3297802	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2910
3297816	G						A	cds_wt_2910

ES 2 625 773 T3

3299219	C		T	T	T	T	T	-
3300457	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2914
3300838	C	T		T	T	T	T	cds_wt_2914
3300849	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_2914
3307410	G		A	A	A	A	A	-
3307738	G		A	A	A	A	A	-
3309205	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2919
3309441	G						A	cds_wt_2919
3313410	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2923
3314734	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2925
3315483	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2925
3316995	C						T	cds_wt_2926
3318906	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2927
3319964	C			T	T	T	T	cds_wt_2928
3321895	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2929
3326784	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2933
3327191	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2934
3328753	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2934
3336319	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2941
3337206	G					A	A	cds_wt_2941
3338688	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2943
3345311	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2947
3346757	G					A	A	cds_wt_2947
3347355	C				T	T	T	cds_wt_2947
3347540	C				T	T	T	cds_wt_2947
3347560	C				T	T	T	cds_wt_2947
3348860	C		T	T	T	T	T	-
3349015	C				T	T	T	cds_wt_2949
3349651	C				T	T	T	cds_wt_2949
3350820	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2951
3351613	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2953
3353030	C			T	T	T	T	cds_wt_2954
3354271	C				T	T	T	cds_wt_2954
3354637	C				T	T	T	cds_wt_2955
3358411	G						G/A	-
3358883	G					A	A	-
3361525	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2960
3363657	C		T	T	T	T	T	-
3368167	C		T	T	T	T	T	-
3368381	C						C/T	cds_wt_2966
3375301	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2971
3381507	C						T	cds_wt_2978
3383846	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2982
3386322	C			T	T	T	T	cds_wt_2985
3386914	G		A	A	A	A	A	cds_wt_2986
3388650	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2988

ES 2 625 773 T3

3388663	C			T	T	T	T	cds_wt_2988
3388840	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_2988
3390202	G			A	A	A	A	cds_wt_2990
3391187	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2991
3394129	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2995
3395838	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2996
3396692	C						T	cds_wt_2997
3397717	C		T	T	T	T	T	cds_wt_2998
3400152	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3000
3402866	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3004
3403044	C					T	T	cds_wt_3004
3403253	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3004
3404959	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3006
3405078	C	T	T	T	T	T	T	-
3409620	G				A		A	cds_wt_3009
3412544	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3012
3415574	A	G	G	G	G	G	G	cds_wt_3016
3418558	C			T	T	T	T	-
3418906	G		A	A	A	A	A	-
3420004	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3019
3420345	C					T	T	cds_wt_3019
3429994	C					T	T	cds_wt_3030
3430020	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3030
3431269	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3032
3432683	G				A	A	A	-
3433788	G				A	A	A	-
3434662	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3034
3435439	G				A	A	A	cds_wt_3035
3435661	G				A	A	A	cds_wt_3035
3440357	G				A	A	A	cds_wt_3039
3441404	C					T	T	-
3453288	C						T	cds_wt_3048
3454769	G				A	A	A	cds_wt_3048
3456480	C		T	T	T	T	T	-
3457161	C				T	T	T	cds_wt_3050
3461043	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3053
3461116	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3053
3464902	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3057
3469479	C		T	T	T	T	T	-
3473066	G	A		A	A		A	cds_wt_3065
3474749	C		T	T	T	T	T	-
3484337	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3076
3484696	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3077
3490633	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3080
3511395	C			T	T	T	T	-
3517523	G	A	A	A	A	A	A	-

ES 2 625 773 T3

3518338	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3100
3519210	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3102
3519280	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3102
3526212	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3108
3526229	G	A	A				A	cds_wt_3108
3532172	C					T	T	cds_wt_3117
3532281	C			T	T	T	T	cds_wt_3117
3539856	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3124
3540438	C				T	T	T	cds_wt_3124
3540952	C			T	T	T	T	cds_wt_3125
3553678	G					A	A	cds_wt_3135
3558780	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3138
3559503	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3139
3560298	T		C	C	C	C	C	cds_wt_3140
3572036	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3152
3587529	C		T	T	T	T	T	-
3590513	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3168
3590937	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3168
3596971	C						T	cds_wt_3175
3601304	C		T	T	T	T	T	-
3610733	G			A	A	A	A	-
3613460	C						T	cds_wt_3186
3617806	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3189
3618063	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3189
3618082	G						A	cds_wt_3189
3621113	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3191
3625554	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3196
3626449	C				T	T	T	cds_wt_3198
3626548	C				T	T	T	cds_wt_3198
3627377	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3199
3627686	C				T	T	T	cds_wt_3199
3628977	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3199
3632788	C					T	T	cds_wt_3200
3647003	C			T	T	T	T	cds_wt_3215
3650159	G						A	cds_wt_3219
3658514	C					T	T	cds_wt_3227
3659174	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3228
3672218	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3242
3695232	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3263
3702963	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3268
3704185	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3269
3704278	G						G/C	cds_wt_3269
3704281	T						T/G	cds_wt_3269
3704282	C						C/T	cds_wt_3269
3704293	T						T/G	cds_wt_3269
3704327	G						A/G	cds_wt_3269

ES 2 625 773 T3

3704335	C						T/C	cds_wt_3269
3704338	C						G/C	cds_wt_3269
3704340	A						C/A	cds_wt_3269
3704371	G						C/G	cds_wt_3269
3704386	T						C/T	cds_wt_3269
3704389	C						G/C	cds_wt_3269
3704395	G						C/G	cds_wt_3269
3704404	G						C/G	cds_wt_3269
3704415	C						T/C	cds_wt_3269
3704427	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G	cds_wt_3269
3704428	C	C/T	T/C	C/T	C/T	C/T	T/C	cds_wt_3269
3704464	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	T/C	cds_wt_3269
3704484	A						C/A	cds_wt_3269
3704485	C						G/C	cds_wt_3269
3704491	G						C/G	cds_wt_3269
3704512	G						C/G	cds_wt_3269
3704519	A						G/A	cds_wt_3269
3704531	A						G/A	cds_wt_3269
3704534	G						C/G	cds_wt_3269
3704536	C						G/C	cds_wt_3269
3704543	C						G/C	cds_wt_3269
3704544	T						C/T	cds_wt_3269
3704554	T						T/G	cds_wt_3269
3704563	C						G/C	cds_wt_3269
3704573	A						G/A	cds_wt_3269
3704574	A						G/A	cds_wt_3269
3704577	G						C/G	cds_wt_3269
3704584	C						G/C	cds_wt_3269
3704587	G						A/G	cds_wt_3269
3704590	G						C/G	cds_wt_3269
3704605	T						C/T	cds_wt_3269
3704608	C						G/C	cds_wt_3269
3704617	T						G/T	cds_wt_3269
3704619	A						C/A	cds_wt_3269
3704620	C						A/C	cds_wt_3269
3704629	C						G/C	cds_wt_3269
3704638	C						G/C	cds_wt_3269
3704641	G						C/G	cds_wt_3269
3704647	C						G/C	cds_wt_3269
3704650	G						C/G	cds_wt_3269
3704660	C						A/C	cds_wt_3269
3704662	G						A/G	cds_wt_3269
3704668	T						C/T	cds_wt_3269
3704669	G						A/G	cds_wt_3269
3704670	T						C/T	cds_wt_3269
3704680	C						G/C	cds_wt_3269

ES 2 625 773 T3

3704684	C						G/C	cds_wt_3269
3704686	G						C/G	cds_wt_3269
3704746	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	C/G	cds_wt_3269
3704755	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_3269
3704767	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	cds_wt_3269
3704782	T						T/C	cds_wt_3269
3704789	A						A/G	cds_wt_3269
3704791	C						C/G	cds_wt_3269
3704806	C						C/T	cds_wt_3269
3704815	T						T/C	cds_wt_3269
3704822	C						C/G	cds_wt_3269
3704844	C						C/A	cds_wt_3269
3704851	A						A/G	cds_wt_3269
3704852	C						C/A	cds_wt_3269
3704866	T						T/C	cds_wt_3269
3704869	C						C/G	cds_wt_3269
3704875	C						C/G	cds_wt_3269
3704906	G					A	A	cds_wt_3269
3706589	C						C/G	cds_wt_3270
3706625	G						G/C	cds_wt_3270
3706641	G						G/T	cds_wt_3270
3706652	G						G/A	cds_wt_3270
3706655	C						C/G	cds_wt_3270
3706679	T						T/C	cds_wt_3270
3706715	C						C/G	cds_wt_3270
3706735	C						C/G	cds_wt_3270
3706737	A						A/G	cds_wt_3270
3706739	G						G/C	cds_wt_3270
3706784	C						C/T	cds_wt_3270
3706790	T						T/C	cds_wt_3270
3706794	A						A/G	cds_wt_3270
3706805	G						G/C	cds_wt_3270
3706822	A						A/G	cds_wt_3270
3706862	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_3270
3706926	G						G/T	cds_wt_3270
3706932	A						A/C	cds_wt_3270
3706940	G						G/A	cds_wt_3270
3706945	G						G/C	cds_wt_3270
3706950	T						T/A	cds_wt_3270
3706951	C						C/G	cds_wt_3270
3706958	T						T/C	cds_wt_3270
3706960	A						A/G	cds_wt_3270
3706967	C						C/G	cds_wt_3270
3706983	C						C/G	cds_wt_3270
3706985	G						G/C	cds_wt_3270
3706994	G						G/C	cds_wt_3270

ES 2 625 773 T3

3706996	A						A/C	cds_wt_3270
3707006	G						G/C	cds_wt_3270
3707012	C						C/A	cds_wt_3270
3707013	A						A/G	cds_wt_3270
3707036	C						C/G	cds_wt_3270
3711369	G					A	A	cds_wt_3273
3713575	C						T	cds_wt_3274
3724878	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3284
3724955	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3285
3727102	G						A	cds_wt_3287
3727130	G						A	cds_wt_3287
3727909	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3288
3732046	C					T	T	cds_wt_3292
3733052	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3293
3740023	G					A	A	cds_wt_3297
3741710	G					A	A	cds_wt_3299
3744813	G					A	A	cds_wt_3301
3750360	G					A	A	cds_wt_3306
3756113	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3312
3762328	G						A	cds_wt_3318
3763755	G					A	A	cds_wt_3319
3764788	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3320
3771690	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3327
3775098	G						A	cds_wt_3331
3775718	G					A	A	cds_wt_3332
3776484	G					A	A	cds_wt_3333
3783703	T		C	C	C	C	C	cds_wt_3342
3786947	G					A	A	cds_wt_3346
3788243	C					T	T	-
3798429	G					A	A	cds_wt_3363
3799202	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3364
3799222	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3364
3802171	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3368
3806580	C					T	T	cds_wt_3371
3825163	C						T	cds_wt_3394
3828141	G					A	A	-
3831054	G					A	A	cds_wt_3401
3831114	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3401
3831589	C					T	T	-
3831701	G					A	A	-
3837175	G					A	A	cds_wt_3406
3841387	G					A	A	cds_wt_3410
3843222	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3413
3843509	G					A	A	cds_wt_3414
3843815	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3414
3844238	G					A	A	cds_wt_3414

ES 2 625 773 T3

3846121	G						A	cds_wt_3417
3846452	G					A	A	cds_wt_3417
3852914	T			C	C	C	C	cds_wt_3423
3873931	G						A	cds_wt_3442
3879758	G					A	A	cds_wt_3449
3883035	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3453
3905636	C					T	T	cds_wt_3478
3919216	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3488
3920191	G					A	A	cds_wt_3489
3928659	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3496
3935704	C						C/T	cds_wt_3503
3941486	G				A	A	A	cds_wt_3508
3964297	G					A	A	cds_wt_3529
3965972	G			A	A	A	A	cds_wt_3530
3968608	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3533
3983198	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3545
3993744	G						G/A	cds_wt_3554
4002370	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3560
4004770	C			T	T	T	T	cds_wt_3562
4006580	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3562
4006932	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3562
4013932	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3571
4014337	T				C	C	C	cds_wt_3572
4017638	C				T	T	T	cds_wt_3574
4019106	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3576
4020770	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3577
4025302	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3582
4027304	G				A	A	A	cds_wt_3584
4034139	G						G/T	cds_wt_3588
4043320	A					G	G	cds_wt_3599
4063459	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3621
4072648	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3630
4073198	C						T	cds_wt_3630
4073446	G						A	cds_wt_3630
4074524	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3631
4081747	C				T	T	T	cds_wt_3639
4086210	A	G	G	G	G	G	G	cds_wt_3643
4089001	C			T	T		T	cds_wt_3647
4102977	C					T	T	cds_wt_3657
4104004	C					T	T	cds_wt_3658
4114649	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3670
4117981	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3673
4118234	C		T	T	T	T	T	-
4121337	G		A	A	A	A	A	-
4124406	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3680
4130087	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3683

ES 2 625 773 T3

4148633	C					T	T	cds_wt_3698
4150599	C					T	T	cds_wt_3700
4152842	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3703
4156366	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3707
4156524	G					A	A	cds_wt_3707
4157742	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3708
4157795	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3708
4158022	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3708
4160265	G	A		A	A		A	-
4170648	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3719
4186914	C				T		T	cds_wt_3734
4187188	G				A		A	cds_wt_3735
4192330	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3740
4192395	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3740
4194086	C	T		T	T		T	cds_wt_3741
4196729	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3743
4205330	C						T	cds_wt_3752
4218066	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3764
4220842	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3768
4231722	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3782
4251577	C		T	T	T	T	T	-
4253562	G				A	A	A	-
4255089	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3798
4268915	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3809
4284264	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3820
4285070	G						A	cds_wt_3821
4286615	G						A	cds_wt_3823
4299670	C		T	T	T	T	T	-
4302785	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3840
4302812	C						T	cds_wt_3840
4312528	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3851
4312875	C					T	T	cds_wt_3851
4314885	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3852
4314896	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3852
4314899	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3852
4316350	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_3853
4318874	C		T	T	T	T	T	-
4319625	C				T	T	T	-
4324089	G			A	A	A	A	cds_wt_3859
4325174	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3860
4325955	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3860
4327176	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3861
4328372	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3861
4329685	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3862
4329867	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3862
4331851	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3862

ES 2 625 773 T3

4331916	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3862
4334253	C						T	-
4335755	C				T	T	T	-
4340706	C					T	T	-
4343282	T						C	cds_wt_3868
4347901	C				T	T	T	cds_wt_3875
4352755	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3879
4360959	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_3884
4361293	C				T	T	T	cds_wt_3884
4362371	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3885
4365880	G					A	A	cds_wt_3888
4376161	C			T	T	T	T	cds_wt_3893
4376238	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3893
4378853	G		A	A	A	A	A	-
4395837	G					A	A	cds_wt_3904
4396016	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3904
4402736	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3911
4406151	G					A	A	cds_wt_3914
4414580	G	A	A	A	A	A	A	-
4414632	C		T	T	T	T	T	-
4420655	C					T	T	cds_wt_3928
4433146	G						A	cds_wt_3940
4438071	G		A	A	A	A	A	-
4440571	T		C	C	C	C	C	cds_wt_3948
4440772	G					A	A	cds_wt_3949
4443633	G					A	A	cds_wt_3952
4444731	C						T	cds_wt_3953
4446487	T		C	C	C	C	C	cds_wt_3954
4463567	C	T			T		T	cds_wt_3967
4463766	G			A			A	cds_wt_3967
4467838	G						A	cds_wt_3969
4474494	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3976
4481185	G				A	A	A	cds_wt_3981
4486135	C		T	T	T	T	T	cds_wt_3985
4487769	G						A	cds_wt_3986
4490385	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3989
4496083	G		A	A	A	A	A	cds_wt_3998
4499876	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4002
4503563	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4006
4504062	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4006
4517204	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4018
4524639	G				A		A	cds_wt_4025
4524706	G						A	cds_wt_4025
4529241	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4028
4529778	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4029
4531772	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4032

ES 2 625 773 T3

4532547	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4032
4532943	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4033
4533824	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4034
4535251	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4035
4537480	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4036
4537859	G	A	A	A	A	A	A	-
4543587	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4041
4547764	C					T	T	cds_wt_4046
4558815	C		T	T	T	T	T	-
4558914	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4060
4564648	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4064
4564991	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4064
4573497	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4073
4573536	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4073
4575408	C					T	T	cds_wt_4075
4577334	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4076
4580403	G						A	cds_wt_4079
4582642	T				C	C	C	-
4588387	C	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4086
4588663	G			A	A	A	A	cds_wt_4087
4597434	C					T	T	-
4598262	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4091
4601247	G						G/C	cds_wt_4093
4601248	T						T/C	cds_wt_4093
4603166	C					T	T	cds_wt_4094
4611131	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4099
4614475	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4103
4616665	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4104
4617801	G						A	cds_wt_4106
4619989	C			T	T		T	cds_wt_4108
4621439	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4109
4626601	G	A		A	A	A	A	cds_wt_4114
4630752	C			T	T	T	T	cds_wt_4116
4649811	A						A/G	cds_wt_4135
4650590	C				T	T	T	cds_wt_4136
4669551	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4157
4670815	G						A	cds_wt_4158
4674426	G			A	A	A	A	cds_wt_4162
4677968	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4168
4688341	C						T	cds_wt_4174
4697092	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4179
4700003	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4181
4702254	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4183
4704691	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4185
4704704	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4185
4713174	C		T	T	T	T	T	-

ES 2 625 773 T3

4727776	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4209
4736024	C						T	cds_wt_4219
4766839	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4240
4769655	C	T		T	T	T	T	cds_wt_4243
4776927	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4247
4788381	C					T	T	cds_wt_4255
4794373	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4264
4799012	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4268
4812357	C						T	cds_wt_4277
4813704	G						G/T	-
4813710	G						G/T	-
4813711	A						A/C	-
4814060	C				T/C		C/T	-
4814078	C						C/T	-
4814081	C						C/T	-
4814082	G						G/C	-
4814087	T						T/C	-
4818340	G					A	A	-
4820651	C					T	T	cds_wt_4283
4821863	G	A	A	A	A	A	A	-
4852073	T						T/C	-
4852080	T						C/T	cds_wt_4318
4852093	T						C/T	cds_wt_4318
4852131	G						A/G	cds_wt_4318
4852238	T				C/T	C/T	C/T	cds_wt_4318
4852271	T						T/C	cds_wt_4318
4852348	G		G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	cds_wt_4318
4852373	T						T/C	cds_wt_4318
4858842	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4320
4859921	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4321
4860949	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4321
4872907	G				A	A	A	cds_wt_4325
4879205	C					T	T	cds_wt_4332
4886810	C					T	T	cds_wt_4337
4889101	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4340
4891956	C					T	T	cds_wt_4341
4896797	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4345
4903124	G						A	cds_wt_4350
4904325	A						A/G	-
4904344	C						C/G	-
4904345	C						C/T	-
4904355	A						G	-
4904359	G						G/C	-
4904360	T						T/C	-
4908341	C		T	T	T	T	T	-
4908687	C						T	-

ES 2 625 773 T3

4911304	C						T	cds_wt_4356
4916472	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4359
4920831	C						T	cds_wt_4362
4924034	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4363
4924484	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4363
4927068	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4367
4927798	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4367
4929941	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4370
4930693	C			T	T	T	T	cds_wt_4370
4932671	C						T	cds_wt_4373
4933447	T						T/C	cds_wt_4374
4948234	G					A	A	cds_wt_4390
4950870	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4393
4951932	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4394
4953821	C	T			T		T	-
4978515	G	A					A	cds_wt_4414
4981742	C						T	cds_wt_4416
4984320	A		G	G	G	G	G	cds_wt_4417
4987021	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4421
4987606	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4421
4991441	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4424
4992870	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4425
5014441	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4442
5016187	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4443
5016773	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4443
5025119	G						A	cds_wt_4454
5030757	C						T	cds_wt_4459
5053257	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4482
5056010	C		T	T	T	T	T	-
5056241	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4487
5058845	C					T	T	-
5058850	C					T	T	-
5060436	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4489
5061245	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4489
5062621	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4490
5063656	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4492
5063753	A						A/G	cds_wt_4492
5063759	T						T/G	cds_wt_4492
5063766	C						C/T	cds_wt_4492
5063772	A						A/G	cds_wt_4492
5063775	T						T/C	cds_wt_4492
5063777	A						A/G	cds_wt_4492
5063883	T						T/C	cds_wt_4492
5063900	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	cds_wt_4492
5063967	T						C/T	cds_wt_4492
5063994	C						C/G	cds_wt_4492

ES 2 625 773 T3

5063997	T						C/T	cds_wt_4492
5064000	G						C/G	cds_wt_4492
5064054	C	C/G	C/G		C/G	C/G	C/G	cds_wt_4492
5064140	T	T/A	T/A	T/A		T/A	A/T	cds_wt_4492
5064188	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	-
5064199	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G	-
5064223	T	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	-
5064318	G	G/A		G/A	G/A	G/A	G/A	-
5064363	G						G/A	-
5064364	C						C/G	-
5064368	T	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	C/T	-
5066806	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4496
5079654	C						T	cds_wt_4505
5080712	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4505
5080760	G		A	A	A	A	A	-
5083716	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4508
5085149	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4509
5087053	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4509
5089288	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4511
5095356	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4517
5096131	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4517
5099106	C					T	T	cds_wt_4520
5099331	C					T	T	cds_wt_4521
5099501	C						T	cds_wt_4521
5104316	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4525
5104896	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4525
5105840	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4526
5107273	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4528
5107438	G						A	cds_wt_4528
5110964	G						A	cds_wt_4534
5111341	G			A			A	cds_wt_4534
5111525	G	A		A			A	cds_wt_4534
5113971	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4535
5114926	C						T/C	-
5114933	C						T/C	-
5116995	G				A	A	A	cds_wt_4538
5117622	G				A	A	A	cds_wt_4538
5126463	G				A	A	A	-
5128522	G				A	A	A	cds_wt_4545
5131328	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4547
5132598	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4548
5133033	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4548
5134996	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4551
5136119	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4552
5139533	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4555
5141709	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4556

ES 2 625 773 T3

5147647	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4560
5158997	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4571
5171223	G	A	A	A	A	A	A	-
5189948	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4598
5196838	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4603
5203530	G						A	cds_wt_4610
5204859	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4612
5213315	G						A	cds_wt_4621
5216015	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4624
5221083	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4628
5229965	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4633
5233924	G						A	cds_wt_4635
5246591	G				A	A	A	cds_wt_4645
5247914	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4646
5253451	C	T					T	cds_wt_4650
5255901	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4652
5259871	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4654
5270798	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4667
5277822	G	A		A	A		A	cds_wt_4674
5280936	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4680
5283902	G					A	A	cds_wt_4682
5292603	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4692
5309793	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4713
5317263	G				A	A	A	cds_wt_4720
5323245	G					A	A	cds_wt_4725
5323289	C					T	T	cds_wt_4725
5323708	G					A	A	cds_wt_4726
5326705	G						A	cds_wt_4730
5339380	G	A					A	cds_wt_4742
5349635	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4752
5350111	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4752
5356868	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4756
5363828	C					T	T	cds_wt_4763
5385564	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4780
5391456	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4787
5404805	G					A	A	cds_wt_4798
5415953	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4808
5416207	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4808
5419045	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4811
5438747	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4833
5457995	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4849
5465469	C					T	T	cds_wt_4855
5481386	G					A	A	cds_wt_4866
5485106	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4869
5500846	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4887
5514802	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4901

ES 2 625 773 T3

5516464	C						T	cds_wt_4902
5530664	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4914
5537010	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_4920
5540526	G	A					A	-
5541233	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4926
5543634	C		T	T	T	T	T	cds_wt_4929
5545010	C						T	cds_wt_4929
5545574	G					A	A	cds_wt_4929
5548499	C				T	T	T	cds_wt_4933
5557711	G	A		A	A		A	cds_wt_4941
5574966	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_4961
5576016	C		T	T	T	T	T	-
5579654	C				T	T	T	cds_wt_4970
5582215	C						C/T	cds_wt_4972
5590781	T						T/A	-
5590796	C						C/T	-
5590809	T						T/C	-
5590810	G						G/A	-
5590823	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	-
5590828	A						A/G	-
5590847	G	G/T	G/T	G/T	G/T	G/T	G/T	-
5590861	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	-
5590867	A	A/C	A/C	A/C	A/C	A/C	A/C	-
5590868	A						A/G	-
5590886	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G	cds_wt_4977
5590889	T	T/C	T/C	T/C		T/C	C/T	cds_wt_4977
5590903	A						G/A	cds_wt_4977
5590909	G						T/G	cds_wt_4977
5590910	C						G/C	cds_wt_4977
5590912	G						T/G	cds_wt_4977
5590918	G						A/G	cds_wt_4977
5590923	A						G/A	cds_wt_4977
5590927	T						G/T	cds_wt_4977
5590933	G						A/G	cds_wt_4977
5590945	C						G/C	cds_wt_4977
5590960	T						C/T	cds_wt_4977
5590961	C						T/C	cds_wt_4977
5590972	T						C/T	cds_wt_4977
5590978	T						C/T	cds_wt_4977
5590981	G						C/G	cds_wt_4977
5590987	T						C/T	cds_wt_4977
5590993	C	C/G					G/C	cds_wt_4977
5591002	G						G/A	cds_wt_4977
5591008	T	C/T	T/C	T/C	C/T	T/C	C/T	cds_wt_4977
5591026	C						G/C	cds_wt_4977
5591035	C						G/C	cds_wt_4977

ES 2 625 773 T3

5591054	C	A/C	C/A	C/A	C/A	C/A	A/C	cds_wt_4977
5591063	T						C/T	cds_wt_4977
5591065	C						G/C	cds_wt_4977
5591069	A						A/G	cds_wt_4977
5591074	A						G/A	cds_wt_4977
5591077	C						A/C	cds_wt_4977
5591092	A						G/A	cds_wt_4977
5591095	G						C/G	cds_wt_4977
5591098	T						C/T	cds_wt_4977
5591115	G						A/G	cds_wt_4977
5591158	G	T/G	T/G	T/G	T/G	T/G	T/G	cds_wt_4977
5591179	G						T/G	cds_wt_4977
5591220	C			G/C	G/C	G/C	G/C	cds_wt_4977
5591226	A				G/A	G/A	G/A	cds_wt_4977
5591268	T						C/T	cds_wt_4977
5591361	C						G/C	cds_wt_4977
5591442	G						A/G	cds_wt_4977
5591445	C						T/C	cds_wt_4977
5591457	G						C/G	cds_wt_4977
5591458	A						C/A	cds_wt_4977
5591466	G						C/G	cds_wt_4977
5591469	G						A/G	cds_wt_4977
5591472	C						G/C	cds_wt_4977
5591476	A						A/G	cds_wt_4977
5591496	G						C/G	cds_wt_4977
5591499	A						C/A	cds_wt_4977
5591505	G						C/G	cds_wt_4977
5591508	T						G/T	cds_wt_4977
5591520	A						G/A	cds_wt_4977
5591532	C						T/C	cds_wt_4977
5591541	C						T/C	cds_wt_4977
5591553	G						A/G	cds_wt_4977
5591562	G						T/G	cds_wt_4977
5591565	G						C/G	cds_wt_4977
5591571	A						G/A	cds_wt_4977
5591577	A						C/A	cds_wt_4977
5591596	C						T/C	cds_wt_4977
5591598	G						C/G	cds_wt_4977
5591607	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	T/C	cds_wt_4977
5591613	T	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_4977
5591632	C						A/C	cds_wt_4977
5591635	G						G/T	cds_wt_4977
5591640	T						T/C	cds_wt_4977
5591643	C						C/T	cds_wt_4977
5591654	A						A/C	cds_wt_4977
5591656	A						A/G	-

ES 2 625 773 T3

5604643	G		A	A	A	A	A	cds_wt_4993
5612009	C				T	T	T	cds_wt_5000
5626626	C		T	T	T	T	T	-
5629121	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5011
5631426	C					T	T	cds_wt_5015
5636810	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5021
5657449	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5035
5659036	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5036
5692125	C			T	T	T	T	cds_wt_5065
5694507	C			T	T	T	T	cds_wt_5069
5696833	C					T	T	cds_wt_5070
5698190	C		T	T	T	T	T	-
5705110	C			T	T	T	T	cds_wt_5076
5708625	C			T	T	T	T	cds_wt_5079
5709728	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5079
5724677	C			T	T		T	cds_wt_5088
5727195	C						T	cds_wt_5090
5728510	C					T	T	cds_wt_5091
5732980	C			T	T	T	T	cds_wt_5094
5738712	G						A	cds_wt_5097
5738846	C						T	cds_wt_5097
5745077	C						T	cds_wt_5099
5751489	C			T	T	T	T	cds_wt_5101
5751716	C						T	cds_wt_5101
5753910	C			T	T	T	T	cds_wt_5103
5755351	C						T	cds_wt_5105
5756752	C						T	cds_wt_5107
5756803	C						T	cds_wt_5107
5760058	C						G	cds_wt_5110
5760301	C						T	cds_wt_5110
5763377	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5111
5764363	C			T	T	T	T	cds_wt_5111
5765100	C			T	T	T	T	cds_wt_5111
5765446	C			T	T	T	T	cds_wt_5111
5767623	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5113
5779664	C					T	T	cds_wt_5122
5780052	C					T	T	cds_wt_5122
5781808	C			T	T	T	T	cds_wt_5123
5783477	G		A	A	A	A	A	-
5788208	C			T	T	T	T	cds_wt_5131
5790337	C			T	T	T	T	cds_wt_5133
5791404	C			T	T	T	T	cds_wt_5133
5793414	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5134
5795059	C			T	T	T	T	-
5795465	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5136
5799803	G						A	cds_wt_5140

ES 2 625 773 T3

5803395	C			T	T	T	T	cds_wt_5141
5803716	G			A	A	A	A	cds_wt_5141
5805398	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5143
5805735	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5143
5807160	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5145
5809295	G						A	cds_wt_5147
5810587	G					A	A	-
5811908	C						T	cds_wt_5148
5813504	C			T			T	cds_wt_5149
5813556	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5149
5834083	C						T	cds_wt_5170
5842153	G						C	cds_wt_5173
5843698	T						T/C	cds_wt_5173
5843724	C						C/A	cds_wt_5173
5843727	C						C/T	cds_wt_5173
5843751	G						G/A	cds_wt_5173
5843752	G						G/C	cds_wt_5173
5843766	A						A/G	cds_wt_5173
5843783	A						A/G	cds_wt_5173
5843786	G						G/C	cds_wt_5173
5843787	C						C/G	cds_wt_5173
5843795	G						G/C	cds_wt_5173
5843796	T						T/A	cds_wt_5173
5843797	G						G/T	cds_wt_5173
5843804	C						C/G	cds_wt_5173
5843810	C						C/T	cds_wt_5173
5843818	T						T/C	cds_wt_5173
5843819	T						T/G	cds_wt_5173
5843831	C						C/T	cds_wt_5173
5843863	G						G/T	cds_wt_5173
5843878	C						C/T	cds_wt_5173
5843881	G						G/T	cds_wt_5173
5843888	G						G/A	cds_wt_5173
5843890	G						G/C	cds_wt_5173
5843897	C						C/G	cds_wt_5173
5843899	G						G/T	cds_wt_5173
5843902	C						C/T	cds_wt_5173
5843942	C						C/T	cds_wt_5173
5843965	G						G/C	cds_wt_5173
5843980	C						C/G	cds_wt_5173
5843981	C						C/T	cds_wt_5173
5843987	C						C/G	cds_wt_5173
5843988	C						C/T	cds_wt_5173
5843992	C						C/T	cds_wt_5173
5857131	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5188
5858663	C				T	T	T	cds_wt_5190

ES 2 625 773 T3

5879695	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5201
5880188	T						T/C	cds_wt_5201
5880203	G						G/C	cds_wt_5201
5880223	C						C/T	cds_wt_5201
5880241	A						A/C	cds_wt_5201
5880306	C						C/T	cds_wt_5201
5880307	T						T/C	cds_wt_5201
5880349	A						A/T	cds_wt_5201
5880412	G						G/A	cds_wt_5201
5880421	C						C/T	cds_wt_5201
5880430	A						A/G	cds_wt_5201
5880517	T	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	cds_wt_5201
5882826	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5202
5887657	G						C/G	cds_wt_5205
5887660	G						C/G	cds_wt_5205
5887684	T						C/T	cds_wt_5205
5887693	T						C/T	cds_wt_5205
5887696	G						C/G	cds_wt_5205
5887718	G						G/A	cds_wt_5205
5887732	G						G/C	cds_wt_5205
5887734	G						G/A	cds_wt_5205
5887765	A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G/C	cds_wt_5205
5887771	G						G/C	cds_wt_5205
5887774	G						G/A	cds_wt_5205
5887775	C	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_5205
5887784	T				T/C		T/C	cds_wt_5205
5887792	T	T/C	T/C		T/C		T/C	cds_wt_5205
5887810	G						G/C	cds_wt_5205
5887813	G						G/C	cds_wt_5205
5887816	G						G/C	cds_wt_5205
5887820	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	cds_wt_5205
5887824	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_5205
5887831	G						G/C	cds_wt_5205
5887837	C						C/T	cds_wt_5205
5887843	C						C/G	cds_wt_5205
5887892	G		A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	cds_wt_5205
5887931	G	G/A/C	A/G	G/A	G/A	G/A	G/A/C	cds_wt_5205
5887937	G						G/C	cds_wt_5205
5887938	C						C/G	cds_wt_5205
5887942	C						C/G	cds_wt_5205
5887945	G						G/C	cds_wt_5205
5887951	G						C/G	cds_wt_5205
5887960	G						G/C	cds_wt_5205
5887969	G						G/C	cds_wt_5205
5887970	C						C/G	cds_wt_5205
5887971	A						A/G	cds_wt_5205

ES 2 625 773 T3

5887974	G						G/T	cds_wt_5205
5887975	C						C/T	cds_wt_5205
5887977	T						T/A	cds_wt_5205
5887982	C						C/A/T	cds_wt_5205
5887988	G						G/T	cds_wt_5205
5887990	C						C/G	cds_wt_5205
5888003	A						A/C	cds_wt_5205
5888004	A						A/G	cds_wt_5205
5888005	A						A/G	cds_wt_5205
5888026	C						C/T	cds_wt_5205
5888050	G						G/C	cds_wt_5205
5888053	G						G/C	cds_wt_5205
5888056	G						G/C	cds_wt_5205
5888083	G						G/C	cds_wt_5205
5888092	C						C/G	cds_wt_5205
5888095	C						C/G	cds_wt_5205
5888102	G						G/A	cds_wt_5205
5888103	T						T/C	cds_wt_5205
5888122	C						C/T	cds_wt_5205
5888143	G						G/C	cds_wt_5205
5890782	G						G/C	cds_wt_5206
5890839	T	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_5206
5890849	T						A/T	cds_wt_5206
5890851	C						G/C	cds_wt_5206
5890863	C						G/C	cds_wt_5206
5890864	G						A/G	cds_wt_5206
5890869	G						T/G	cds_wt_5206
5890872	C						T/C	cds_wt_5206
5890893	C						T/C	cds_wt_5206
5890899	C						T/C	cds_wt_5206
5890906	G						A/G	cds_wt_5206
5890908	G						G/A	cds_wt_5206
5890914	C						T/C	cds_wt_5206
5890920	C						G/C	cds_wt_5206
5890923	C						T/C	cds_wt_5206
5890926	C						G/C	cds_wt_5206
5890971	C		C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	cds_wt_5206
5890992	C	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_5206
5891058	G						C/G	cds_wt_5206
5891061	G						C/G	cds_wt_5206
5891070	C						T/C	cds_wt_5206
5891094	T						C/T	cds_wt_5206
5891097	C						C/G	cds_wt_5206
5891100	C						C/T	cds_wt_5206
5891121	C						T/C	cds_wt_5206
5891142	G						G/C	cds_wt_5206

ES 2 625 773 T3

5891145	C						C/G	cds_wt_5206
5891148	G						C/G	cds_wt_5206
5891187	G		G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	cds_wt_5206
5891220	G						G/C	cds_wt_5206
5891247	T						T/C	cds_wt_5206
5891250	C						C/T	cds_wt_5206
5891263	T						T/C	cds_wt_5206
5892300	C						C/T	cds_wt_5206
5892304	A						A/C	cds_wt_5206
5892312	C						C/G	cds_wt_5206
5892330	C						C/T	cds_wt_5206
5892370	A						A/G	cds_wt_5206
5892413	C						C/T	cds_wt_5206
5892414	T						T/C	cds_wt_5206
5892456	A						A/T	cds_wt_5206
5892519	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	cds_wt_5206
5894264	G						A	cds_wt_5207
5894322	G						A	cds_wt_5207
5894986	A						A/G	cds_wt_5207
5894989	T						T/C	cds_wt_5207
5895041	G						G/A	cds_wt_5207
5895043	C						C/G	cds_wt_5207
5895049	C						C/G	cds_wt_5207
5895054	T						T/C	cds_wt_5207
5895058	G						G/C	cds_wt_5207
5895073	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_5207
5895100	G	G/C	G/C	G/C			G/C	cds_wt_5207
5895106	C						G/C	cds_wt_5207
5895108	T						C/T	cds_wt_5207
5895115	C						G/C	cds_wt_5207
5895118	A						C/A	cds_wt_5207
5895127	C						G/C	cds_wt_5207
5895130	C						G/C	cds_wt_5207
5895137	A						T/A	cds_wt_5207
5895142	T						C/T	cds_wt_5207
5895147	G						C/G	cds_wt_5207
5895181	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	T/C	cds_wt_5207
5895254	A						G/A	cds_wt_5207
5895280	T	T/C	C/T	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_5207
5895283	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	C/G	cds_wt_5207
5895298	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	G/C	cds_wt_5207
5895299	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G	cds_wt_5207
5895319	C						G/C	cds_wt_5207
5895328	C						T/C	cds_wt_5207
5895334	C						T/C	cds_wt_5207
5895340	G						C/G	cds_wt_5207

ES 2 625 773 T3

5895346	G						G/C	cds_wt_5207
5895349	C						T/C	cds_wt_5207
5895358	C						T/C	cds_wt_5207
5895361	C						G/C	cds_wt_5207
5895370	C						C/T	cds_wt_5207
5895391	C						T/C	cds_wt_5207
5895436	G						C/G	cds_wt_5207
5895437	A						G/A	cds_wt_5207
5895439	C						G/C	cds_wt_5207
5895493	G		G/C	G/C	G/C	G/C	C/G	cds_wt_5207
5895496	G		G/C	G/C	G/C	G/C	C/G	cds_wt_5207
5895505	C						T/C	cds_wt_5207
5895529	T	T/C	C/T	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_5207
5895532	C	C/G	G/C	C/G	C/G	C/G	G/C	cds_wt_5207
5895577	G						C/G	cds_wt_5207
5895580	C						G/C	cds_wt_5207
5895628	T						C/T/G	cds_wt_5208
5895629	T						C/T	cds_wt_5208
5895661	C						C/G	cds_wt_5208
5895847	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_5208
5895878	G	G/A		G/A	G/A	G/A	G/A	cds_wt_5208
5895898	C		C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	cds_wt_5208
5895899	A		A/C	A/C		A/C	A/C	cds_wt_5208
5895915	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	G/A	cds_wt_5208
5895949	C						T/C	cds_wt_5208
5896081	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	G/C	cds_wt_5208
5896085	C	C/T	C/T	C/T	C/T		T/C	cds_wt_5208
5896090	C	C/T	C/T	C/T	C/T		T/C	cds_wt_5208
5896115	C						C/T	cds_wt_5208
5896120	A						A/G	cds_wt_5208
5896123	G						G/C	cds_wt_5208
5896126	T						T/C	cds_wt_5208
5896147	T						T/G	cds_wt_5208
5896148	T						T/C	cds_wt_5208
5896154	T						T/C	cds_wt_5208
5896156	G						G/C	cds_wt_5208
5896159	G						G/C	cds_wt_5208
5896246	T						T/C	cds_wt_5208
5896279	C						T/C	cds_wt_5208
5896312	A						A/G	cds_wt_5208
5896324	A						A/G	cds_wt_5208
5896333	G						G/A	cds_wt_5208
5896381	G						G/C	cds_wt_5208
5900925	C						C/G	cds_wt_5209
5900943	G						G/T	cds_wt_5209
5900949	C						C/G	cds_wt_5209

ES 2 625 773 T3

5900955	C						C/T	cds_wt_5209
5900958	C						C/G	cds_wt_5209
5900965	T						T/C	cds_wt_5209
5900971	G						G/C	cds_wt_5209
5900972	C						C/G	cds_wt_5209
5900997	C						C/T	cds_wt_5209
5901000	C						C/T	cds_wt_5209
5901015	A						A/C	cds_wt_5209
5901034	C						C/A	cds_wt_5209
5901048	C						C/T	cds_wt_5209
5901050	G						G/A	cds_wt_5209
5901057	C						C/T	cds_wt_5209
5901068	G						G/A	cds_wt_5209
5901071	A						A/G	cds_wt_5209
5901078	G	G/T	G/T			G/T	G/T	cds_wt_5209
5901099	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	cds_wt_5209
5901123	T						T/A	cds_wt_5209
5901135	G						C/G	cds_wt_5209
5901172	G						A/G	cds_wt_5209
5901186	G						G/A	cds_wt_5209
5901195	T						T/C	cds_wt_5209
5901204	G						G/A	cds_wt_5209
5901219	C						A/C	cds_wt_5209
5901342	T	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	C/T	cds_wt_5209
5901345	T						T/G	cds_wt_5209
5901346	T						T/C	cds_wt_5209
5901354	C						C/G	cds_wt_5209
5901615	C	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	T/C	cds_wt_5209
5901617	G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_5209
5901660	C						C/G	cds_wt_5209
5901664	T	T/G	T/G	T/G	T/G	T/G	T/G	cds_wt_5209
5901669	C	C/A	C/A		C/A	C/A	A/C	cds_wt_5209
5901673	T						A/T	cds_wt_5209
5901675	C						G/C	cds_wt_5209
5901679	C						C/T	cds_wt_5209
5901688	C						T/C	cds_wt_5209
5901689	T						A/T	cds_wt_5209
5901690	G						C/G	cds_wt_5209
5901698	C						A/C	cds_wt_5209
5901712	G						A/G	cds_wt_5209
5901713	T						A/T	cds_wt_5209
5901714	T						T/C	cds_wt_5209
5901719	G						G/C	cds_wt_5209
5901726	G						G/C	cds_wt_5209
5901729	C						C/G	cds_wt_5209
5901732	C						C/T	cds_wt_5209

ES 2 625 773 T3

5901733	G						G/A	cds_wt_5209
5901738	C						C/G	cds_wt_5209
5901752	C						C/T	cds_wt_5209
5901757	G						G/A	cds_wt_5209
5901764	T						C/T	cds_wt_5209
5901767	C						G/C	cds_wt_5209
5901771	G						C/G	cds_wt_5209
5901790	C						G/C	cds_wt_5209
5901791	G						C/G	cds_wt_5209
5901793	G						A/G	cds_wt_5209
5901807	G						C/G	cds_wt_5209
5901824	G						A/G	cds_wt_5209
5901826	G						G/A	cds_wt_5209
5901830	T						T/G	cds_wt_5209
5901840	A						A/C	cds_wt_5209
5902914	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5209
5905708	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5211
5925008	C	T	T	T	T	T	T	-
5925517	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5227
5926357	G						A	cds_wt_5228
5928875	C					T	T	cds_wt_5231
5930205	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5232
5933164	G	A	A	A	A	A	A	-
5947433	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5246
5957471	G			A	A	A	A	-
5960825	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5274
5961809	T	G/T			G/T	G/T	G/T	cds_wt_5275
5961866	T						T/A	-
5970914	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5279
5975910	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	G/A	cds_wt_5283
5975911	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	G/A	-
5975926	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	G/A	-
5978267	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5286
6005749	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5311
6009383	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5315
6010024	C			T	T	T	T	cds_wt_5316
6026234	C		T	T	T	T	T	-
6033950	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5324
6042035	C						T	-
6050103	C					C/T	C/T	cds_wt_5343
6050112	A						C/A	cds_wt_5343
6050115	G						G/C	cds_wt_5343
6050116	C						C/G	cds_wt_5343
6050118	G						G/A	cds_wt_5343
6050509	G	G/A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	cds_wt_5343
6050536	G						G/C	cds_wt_5343

ES 2 625 773 T3

6050556	G						C/G	cds_wt_5343
6050557	C						A/C	cds_wt_5343
6050584	T						T/A	cds_wt_5343
6050694	T						T/C	cds_wt_5343
6050727	A			G/A	G/A	G/A	G/A	cds_wt_5343
6050730	G		C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_5343
6050769	G						G/A	cds_wt_5343
6050820	A						A/C	cds_wt_5343
6050822	T						T/C	cds_wt_5343
6050824	C						C/T	cds_wt_5343
6050947	T						C/T	cds_wt_5343
6050949	A						G/A	cds_wt_5343
6050952	T						T/C	cds_wt_5343
6050958	G						A/G	cds_wt_5343
6050965	A						C/A	cds_wt_5343
6050971	T						C/T	cds_wt_5343
6051079	A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	A/G	cds_wt_5343
6051571	G	A	A	A	A	A	A	-
6072579	C				T	T	T	-
6074412	G	A	A	A	A	A	A	-
6075058	G	A	A	A	A	A	A	-
6083188	C					T	T	-
6085177	C					T	T	cds_wt_5373
6090298	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5376
6094419	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5383
6095825	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5386
6098808	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5388
6099142	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5388
6099801	C	T	T	T	T	T	T	-
6100131	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5389
6100928	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5389
6114598	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5399
6129757	G	A	A	A	A	A	A	-
6151020	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5451
6157309	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5456
6157376	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5456
6178150	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5472
6188180	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5481
6191683	G	A			A		A	cds_wt_5487
6207945	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5501
6216366	C			T	T		T	cds_wt_5511
6230439	A			G	G	G	G	cds_wt_5526
6251389	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5542
6251652	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5542
6255100	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5546
6264179	G			A	A	A	A	cds_wt_5554

ES 2 625 773 T3

6265855	G		A	A	A	A	A	-
6267856	G			A	A		A	cds_wt_5556
6278700	G	A	A	A	A	A	A	-
6281103	C					T	T	cds_wt_5566
6282875	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5567
6286620	C						T	cds_wt_5571
6288364	C			T	T	T	T	cds_wt_5571
6291716	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5574
6297821	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5578
6303632	G					A	A	cds_wt_5583
6306219	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5586
6309112	G					A	A	cds_wt_5588
6322894	G						A	-
6328731	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5605
6331035	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5607
6338677	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5615
6339429	C					T	T	-
6344180	C				T	T	T	cds_wt_5619
6346415	C				T		T	cds_wt_5622
6361477	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5639
6362282	G			A	A	A	A	cds_wt_5639
6366940	C	T			T		T	cds_wt_5641
6368217	G					A	A	cds_wt_5643
6369699	G					A	A	cds_wt_5644
6375315	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5648
6381431	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5654
6401947	G	A	A			A	A	-
6403645	C				T	T	T	cds_wt_5675
6437676	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5697
6439389	G					A	A	cds_wt_5698
6450624	C		T	T	T	T	T	-
6454248	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5708
6454843	C					T	T	-
6456678	C					T	T	cds_wt_5711
6456912	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5712
6459047	G						A	cds_wt_5715
6460584	T		C	C	C	C	C	-
6471884	G					A	A	cds_wt_5729
6485358	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5741
6499172	G				A	A	A	cds_wt_5757
6500551	G						A	cds_wt_5760
6507389	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5765
6517707	C			T	T		T	-
6525706	G					A	A	cds_wt_5775
6538378	C					T	T	cds_wt_5786
6542765	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5790

ES 2 625 773 T3

6543445	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5791
6543579	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5791
6545779	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5792
6550507	C					T	T	cds_wt_5797
6553219	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5800
6553546	G			A			A	cds_wt_5800
6553589	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5800
6555594	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5804
6556192	C						T	cds_wt_5804
6560301	C		T	T	T	T	T	-
6561416	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5810
6563658	C			T	T		T	cds_wt_5812
6564054	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5812
6564511	C			T	T	T	T	cds_wt_5813
6564827	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5813
6567102	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5815
6567313	C					T	T	cds_wt_5816
6568360	C				T		T	cds_wt_5817
6569524	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5819
6569696	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5819
6570943	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5820
6572188	C			T	T		T	cds_wt_5821
6572441	C			T	T		T	cds_wt_5821
6580904	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5830
6581219	G						G/A	cds_wt_5830
6589934	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5837
6595494	C	T		T	T		T	-
6604343	C						T	cds_wt_5851
6615272	C						T	cds_wt_5859
6617190	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5861
6619058	C						T	cds_wt_5862
6622561	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_5864
6629950	C				T	T	T	cds_wt_5870
6632292	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_5872
6656015	C	T				T	T	cds_wt_5891
6669477	G					A	A	cds_wt_5901
6690831	C		T	T	T	T	T	cds_wt_5923
6690855	G					A	A	cds_wt_5923
6696960	G					A	A	-
6705369	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5935
6716231	G		A	A	A	A	A	-
6729998	G		A	A	A	A	A	cds_wt_5955
6734341	C				T	T	T	cds_wt_5960
6758247	G					A	A	cds_wt_5984
6759384	C						T	cds_wt_5985
6767085	G					A	A	cds_wt_5990

ES 2 625 773 T3

6769984	C				T	T	T	cds_wt_5994
6780798	A			G	G	G	G	cds_wt_6005
6801699	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6025
6805336	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6026
6805990	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6026
6808471	C		T	T	T	T	T	-
6818998	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6038
6830990	G					A	A	cds_wt_6049
6843179	C						T	cds_wt_6061
6847192	G						A	cds_wt_6063
6854404	C						T	cds_wt_6068
6858684	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6073
6883984	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6092
6884717	G					A	A	cds_wt_6092
6890659	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6098
6892977	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6100
6898871	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6107
6902839	A	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6112
6911746	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6117
6916561	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6122
6916943	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6122
6927456	G	A		A	A		A	cds_wt_6133
6960103	G			A	A	A	A	cds_wt_6158
6961070	C					T	T	cds_wt_6159
6968534	C	T	T	T	T	T	T	-
6973392	G		A	A	A	A	A	-
6987945	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6176
6993597	G				A	A	A	cds_wt_6181
6995391	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6182
6996621	C						T	cds_wt_6183
6999127	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6187
6999520	C					T	T	cds_wt_6187
6999817	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6188
7000264	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6188
7002458	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6190
7003486	G					A	A	cds_wt_6192
7003496	G					A	A	cds_wt_6192
7004068	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6193
7009952	C					T	T	-
7010119	C					T	T	cds_wt_6198
7010712	C					T	T	cds_wt_6199
7015917	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6203
7019067	C		T	T	T	T	T	-
7019437	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6206
7020227	C			T	T	T	T	cds_wt_6207
7021026	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6209

ES 2 625 773 T3

7023202	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6212
7024113	C					T	T	cds_wt_6213
7026584	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6217
7028273	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6218
7028622	C					T	T	cds_wt_6218
7029812	C						T	cds_wt_6219
7031076	C						T	cds_wt_6219
7040546	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6233
7053643	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6243
7065316	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6252
7075215	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6264
7098642	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6283
7099792	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6284
7100617	C			T	T	T	T	cds_wt_6285
7101023	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6285
7103392	C		T	T	T	T	T	-
7104098	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6288
7109594	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6291
7110600	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6293
7110641	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6293
7112833	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6295
7116801	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6297
7135624	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6314
7135635	G	A					A	cds_wt_6314
7146220	G		A	A	A	A	A	-
7160415	C		T	T	T		T	-
7161529	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6338
7162249	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6338
7165660	C				T	T	T	-
7176091	G	A	A	A	A		A	cds_wt_6348
7177869	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6350
7185280	G						A	cds_wt_6354
7186525	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6355
7211965	G						G/C	cds_wt_6378
7211966	A						A/T	cds_wt_6378
7211975	C						C/T	cds_wt_6378
7211983	G						G/T	cds_wt_6378
7211992	G						G/T	cds_wt_6378
7211994	G						G/A	cds_wt_6378
7212006	T						T/C	cds_wt_6378
7212047	C						C/G	cds_wt_6378
7212067	T						T/A	cds_wt_6378
7212068	G						G/C	cds_wt_6378
7212075	G						G/C	cds_wt_6378
7212088	A						A/T	cds_wt_6378
7212097	T						T/C	cds_wt_6378

ES 2 625 773 T3

7212113	T						T/C	cds_wt_6378
7212121	G						G/T	cds_wt_6378
7212122	T						T/C	cds_wt_6378
7212142	T						T/C	cds_wt_6378
7212144	C						C/G	cds_wt_6378
7212151	T						T/G	cds_wt_6378
7212156	G						G/C	cds_wt_6378
7212180	C						C/G	cds_wt_6378
7212182	G						G/C	cds_wt_6378
7212183	T						T/C	cds_wt_6378
7212206	T						T/C	cds_wt_6378
7216330	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6380
7218939	G	A	A	A	A	A	A	-
7219494	G					A	A	-
7224067	G						A	cds_wt_6388
7228023	G						A	-
7240925	G	A		A	A		A	cds_wt_6398
7241497	C			T	T		T	cds_wt_6399
7264121	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6416
7266647	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6419
7283171	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6434
7294161	A		G	G	G	G	G	-
7303836	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6454
7310019	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6461
7314132	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6463
7314146	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6463
7319151	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6467
7319658	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6467
7321495	G						A	cds_wt_6470
7329181	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6478
7330808	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6480
7362245	C					T	T	cds_wt_6510
7369374	C					T	T	cds_wt_6518
7371536	C					T	T	cds_wt_6520
7377855	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6527
7384932	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6533
7385124	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6533
7386113	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6533
7389303	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6535
7394213	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6540
7394997	C					T	T	cds_wt_6540
7400636	C					T	T	-
7401592	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6544
7422484	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6563
7446288	G						A	-
7451085	C		T	T	T	T	T	-

ES 2 625 773 T3

7452627	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6589
7453489	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6590
7453910	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6591
7460642	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6600
7462223	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6601
7484067	C	T	T	T	T	T	T	-
7490770	G					A	A	cds_wt_6634
7492384	G						A	cds_wt_6634
7498836	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6639
7511194	G						A	cds_wt_6648
7517188	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6653
7518982	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6654
7524203	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6659
7525798	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6660
7546077	C		T	T	T	T	T	-
7583090	G			A	A	A	A	-
7588792	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6730
7598819	G		A	A	A	A	A	-
7600514	G					A	A	cds_wt_6738
7604996	G						A	cds_wt_6743
7607903	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6746
7622689	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6763
7627683	G						G/T	cds_wt_6770
7630530	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6772
7639840	G					A	A	cds_wt_6784
7641043	G						A	cds_wt_6785
7646004	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6788
7648704	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6791
7652691	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6794
7654254	G	A	A	A	A	A	A	-
7655513	G	A	A	A	A	A	A	-
7662521	G		A		A		A	-
7671626	C				T	T	T	cds_wt_6808
7672126	G						A	cds_wt_6808
7687061	G						A	cds_wt_6826
7689723	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6829
7714246	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6856
7718521	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6860
7719226	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6861
7719430	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6861
7720998	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6862
7731353	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6874
7733376	G					A	A	cds_wt_6876
7736672	C						C/T	cds_wt_6879
7740086	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6883
7740896	G				A	A	A	cds_wt_6884

ES 2 625 773 T3

7765137	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6902
7772239	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6912
7789263	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6933
7790304	G						A	cds_wt_6933
7801751	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6947
7802623	T						T/C	-
7802638	T						T/C	-
7802639	C						C/T	-
7802682	A		T	T	T	T	T	-
7809752	G					A	A	cds_wt_6953
7809834	G					A	A	cds_wt_6953
7823754	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_6968
7825882	G				A	A	A	cds_wt_6969
7832540	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_6976
7838339	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6980
7841392	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6983
7841997	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6983
7842274	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6984
7844241	G		A	A	A	A	A	cds_wt_6985
7855301	C		T	T	T	T	T	cds_wt_6993
7864327	G	A	A	A	A	A	A	-
7874843	C						T	cds_wt_7008
7883195	A						G	cds_wt_7018
7889441	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7022
7909245	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7036
7912017	A						G	cds_wt_7038
7917279	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7040
7926998	G	A		A	A	A	A	cds_wt_7045
7931764	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7049
7934819	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7051
7948630	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7068
7963950	G			A	A	A	A	cds_wt_7082
7967045	G			A	A	A	A	cds_wt_7086
7969374	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7089
7984213	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7101
7984254	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7101
7985275	G	A		A			A	cds_wt_7103
8009877	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7127
8026754	C	T					T	cds_wt_7145
8036245	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7152
8042744	G				A	A	A	cds_wt_7156
8051051	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7165
8053700	C						T	cds_wt_7169
8062905	A						T	-
8062911	C						T	-
8075410	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7189

ES 2 625 773 T3

8077440	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7191
8087405	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7205
8094018	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7211
8095401	G	A					A	cds_wt_7213
8096270	C	T					T	cds_wt_7214
8122172	G						A	cds_wt_7240
8123295	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7241
8123721	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7241
8136640	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7254
8161493	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7274
8165695	A						A/T	cds_wt_7279
8165703	A						A/G	cds_wt_7279
8165704	C						C/G	cds_wt_7279
8167086	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7280
8171741	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7283
8179169	G				A	A	A	cds_wt_7288
8181933	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7290
8186618	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7297
8193241	C			T	T	T	T	cds_wt_7306
8195170	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7307
8195310	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7307
8199221	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7312
8202704	C						C/T	cds_wt_7315
8205853	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7319
8212158	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7324
8212583	G					A	A	cds_wt_7324
8214951	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7328
8221459	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7335
8227017	G						A	cds_wt_7340
8233448	C					T	T	cds_wt_7347
8237580	G						A	cds_wt_7349
8239310	G						A	cds_wt_7349
8240439	G					A	A	cds_wt_7350
8241289	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7350
8243590	G	A	A	A	A	A	A	-
8247542	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7357
8248207	C						T	cds_wt_7357
8256006	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7367
8263792	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7373
8267543	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7377
8272330	G						A	cds_wt_7379
8273351	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7380
8278809	G				A	A	A	cds_wt_7384
8282707	G						A	cds_wt_7387
8298405	T	T/A	T/A		T/A		T/A	cds_wt_7401
8298413	C	C/G		C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_7401

ES 2 625 773 T3

8302281	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7405
8311927	T		C	C	C	C	C	cds_wt_7413
8323622	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7423
8325049	G						G/C	cds_wt_7424
8325050	A						G/A	cds_wt_7424
8325073	C	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	C/G	cds_wt_7424
8325095	G						G/C	cds_wt_7424
8325096	G						G/T	cds_wt_7424
8325102	C						C/G	cds_wt_7424
8325109	T						C/T	cds_wt_7424
8325115	C						G/C	cds_wt_7424
8325118	C						C/G	cds_wt_7424
8325121	G						G/C	cds_wt_7424
8325127	G						G/C	cds_wt_7424
8325133	C						G/C	cds_wt_7424
8325203	T				T/C		T/C	cds_wt_7424
8325210	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	G/A	cds_wt_7424
8325277	C						C/G	cds_wt_7424
8325286	C						C/G	cds_wt_7424
8349257	G				A	A	A	cds_wt_7444
8351616	G				A	A	A	cds_wt_7445
8355565	C					T	T	cds_wt_7448
8355924	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7448
8363036	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7452a
8364757	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7454
8365293	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7454
8368404	G			A	A	A	A	cds_wt_7457
8378911	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7464
8379977	G			A	A	A	A	-
8380006	C						T	-
8381094	G			A	A	A	A	cds_wt_7465
8384806	G				A	A	A	cds_wt_7468
8389000	C					T	T	cds_wt_7470
8389283	A	G	G	G	G	G	G	cds_wt_7470
8393915	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7472
8396831	G						A	cds_wt_7476
8397563	G				A	A	A	cds_wt_7476
8402662	G		A	A	A	A	A	-
8411820	C			T	T	T	T	cds_wt_7490
8413318	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7491
8414872	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7491
8431655	T	A/T	A/T	A/T	A/T	A/T	T/A	-
8441210	C	T			T	T	T	cds_wt_7510
8449495	G						G/A	cds_wt_7513
8453858	G				A		A	cds_wt_7514
8463714	G					A	A	cds_wt_7525

ES 2 625 773 T3

8466767	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7529
8491536	G	A	A	A	A	A	A	-
8497636	C						T	cds_wt_7552
8506267	G			A	A	A	A	cds_wt_7561
8509227	G						A	cds_wt_7562
8515828	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7566
8529144	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7572
8544731	G		A	A	A	A	A	-
8546526	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7591
8556565	G		A				A	-
8559522	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7602
8560241	C						T	cds_wt_7603
8567608	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7607
8572238	C					T	T	-
8576774	G	A		A	A	A	A	-
8582623	C					T	T	cds_wt_7615
8589455	C					T	T	cds_wt_7621
8589459	C					T	T	cds_wt_7621
8595339	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7627
8610015	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7640
8622039	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7652
8631175	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7660
8640526	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7667
8646416	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7674
8647802	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7675
8648408	G				A	A	A	cds_wt_7676
8655581	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7683
8658688	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7685
8668191	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7693
8668196	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7693
8669919	G	A	A	A	A	A	A	-
8674137	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7700
8678961	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7704
8682722	G	A	A	A	A	A	A	-
8690364	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7711
8691972	C						T	cds_wt_7712
8699652	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7716
8699708	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7716
8709561	C		T	T	T	T	T	-
8720459	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7731
8731485	G					A	A	cds_wt_7745
8737851	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7749
8737859	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7749
8742265	C		T		T	T	T	cds_wt_7750
8743148	C			T	T		T	cds_wt_7751
8754468	G		A	A	A	A	A	-

ES 2 625 773 T3

8754501	G		A	A	A	A	A	-
8759529	G						A	cds_wt_7757
8761290	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7757
8769464	T					C	C	-
8792629	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7788
8793001	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7788
8809351	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7801
8813761	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7803
8813866	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7803
8816396	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7805
8821923	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7810
8825490	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7813
8828064	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7815
8841828	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7827
8842797	G					A	A	cds_wt_7828
8843541	G						A	cds_wt_7828
8845199	T		C	C	C	C	C	cds_wt_7829
8848419	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7832
8849052	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7833
8854017	C			T	T	T	T	cds_wt_7839
8854256	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7839
8858030	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7843
8859328	G						A	cds_wt_7844
8860995	G			A			A	cds_wt_7846
8861382	G		A	A	A	A	A	-
8871894	C	T	T	T	T	T	T	-
8872344	C						C/T	cds_wt_7854
8875526	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7858
8881555	G				A	A	A	cds_wt_7864
8889242	G						A	cds_wt_7871
8893686	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7877
8894581	G	A	A	A	A	A	A	-
8896018	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7879
8901982	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7883
8902511	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7883
8902844	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7884
8902903	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7884
8907784	G	A	A	A	A	A	A	-
8927137	G						A	-
8929703	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7911
8931762	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7914
8934108	G					A	A	cds_wt_7916
8937518	C						T	cds_wt_7919
8943513	C						T	cds_wt_7925
8943676	C						T	cds_wt_7925
8944024	C						T	-

8945415	C			T	T	T	T	-
8946251	C			T	T	T	T	cds_wt_7927
8948806	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7930
8950622	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_7931
8951908	C		T	T	T	T	T	cds_wt_7932
8953417	G	A		A	A		A	cds_wt_7935
8955117	G					A	A	cds_wt_7936
8956021	C						T	cds_wt_7937
8956608	C						T	cds_wt_7937
8958843	C	T			T	T	T	cds_wt_7939
8959688	G			A	A	A	A	cds_wt_7940
8974326	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7953
8979884	C			T	T	T	T	cds_wt_7957
8982938	G	G/C	G/C				G/C	cds_wt_7963
8982956	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	cds_wt_7963
8982975	G						G/C	cds_wt_7963
8983002	G	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	G/A	-
8983053	C	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	C/T	cds_wt_7964
8983087	G						A/G	cds_wt_7964
8983088	G						G/C	cds_wt_7964
8983102	A	A/G	A/G	A/G	A/G	A/G	G/A	cds_wt_7964
8983134	G	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	G/C	cds_wt_7964
9008254	C						T	cds_wt_7977
9028349	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_7991
9029056	C					T	T	cds_wt_7991
9045846	G		A	A	A	A	A	cds_wt_7996
9049564	C						T	cds_wt_7998
9052240	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_8000
9052265	G			A	A	A	A	cds_wt_8000
9053107	G	A	A	A	A	A	A	-
9058239	G	A	A	A	A	A	A	cds_wt_8006
9060181	C		T	T	T	T	T	cds_wt_8008
9064090	C	T	T	T	T	T	T	cds_wt_8011
9072129	C						C/T	cds_wt_8017

Sumario de categorías de COG identificadas

La Tabla 10 muestra detalles sobre los genes clasificados con COG de la cepa no mutante de *A. utahensis* SE50-100. Para cada categoría de COG y sus subcategorías, se enumeran el número de genes anotados y el porcentaje absoluto.

5

Categorías de COG	Población
CDS con categoría de COG	3.983 (49,62 %)
↳ Información, almacenamiento y procesamiento	1240 (15,45 %)
↳ Traducción, estructura ribosómica y biogénesis	200 (2,49 %)
↳ Procesamiento y modificación de ARN	2 (0,02 %)
↳ Transcripción	771 (9,61 %)
↳ Replicación, recombinación y reparación	266 (3,31 %)
↳ Estructura de cromatina y dinámica	1 (0,01 %)
↳ Procesos celulares y señalización	1398 (17,42 %)
↳ Control del ciclo celular. División celular. Reparto cromosómico	49 (0,61 %)
↳ Estructura nuclear	0 (0,00 %)
↳ Mecanismos de defensa	84 (1,05 %)
↳ Mecanismos de transducción de señales	592 (7,38 %)
↳ Biogénesis de pared celular/membrana/envoltura	302 (3,76 %)

(continuación)

Categorías de COG	Población
↳ Motilidad celular	104 (1,30 %)
↳ Citoesqueleto	8 (0,10 %)
↳ Estructuras extracelulares	0 (0,00 %)
↳ Tráfico intracelular, secreción y transporte vesicular	89 (1,11 %)
↳ Modificación post-traducciona. Renovación de proteínas. Chaperonas	170 (2,12 %)
↳ Metabolismo	2409 (30,01 %)
↳ Producción y conversión de energía	308 (3,84 %)
↳ Transporte y metabolismo de hidratos de carbono	575 (7,16 %)
↳ Transporte y metabolismo de aminoácidos	521 (6,49 %)
↳ Transporte y metabolismo de nucleótidos	82 (1,02 %)
↳ Transporte y metabolismo de coenzimas	187 (2,33 %)
↳ Transporte y metabolismo de lípidos	234 (2,92 %)
↳ Transporte y metabolismo de iones inorgánicos	257 (3,20 %)
↳ Biosíntesis de metabolitos secundarios. Transporte y catabolismo	245 (3,05 %)

Todos los genes con anotación

La Tabla 11 enumera todos los genes anotados de la cepa no mutante de *Actinoplanes utahensis* SE50-100.

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_0	-	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_1	smpB	Proteína de unión a SsrA;
cds_wt_2	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3	-	Supuesta proteína de membrana actII-3;
cds_wt_4	glcF	proteína de subunidad de glicolato oxidasa (Fe-S)
cds_wt_5	glcE	subunidad de glicolato oxidasa
cds_wt_6	dlcD	subunidad de glicolato oxidasa GlcD
cds_wt_7	ppdk	piruvato, ortofosfato dicinasa
cds_wt_8	-	Proteína phnB;
cds_wt_9	-	Acetilhidrolasa de factor activante de plaquetas; acetilhidrolasa de PAF; 2-acilhidrolasa de PAF; fosfolipasa A2 asociada a LDL; LDL-PLA
cds_wt_10	-	Acetilhidrolasa de factor activante de plaquetas; acetilhidrolasa de PAF; 2-acilhidrolasa de PAF; fosfolipasa A2 asociada a LDL; LDL-PLA
cds_wt_11	recQ	ADN helicasa
cds_wt_12	rsbU	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_13	toxB	Ciclohrolasa II de GTP
cds_wt_14	ribG	desaminasa específica de riboflavina
cds_wt_15	-	proteína hipotética
cds_wt_16	-	proteína hipotética
cds_wt_17	lpg2	Glucógeno sintasa 2; almidón
cds_wt_18	-	6-piruvil tetrahidrobiopterina sintasa; PTP sintasa; PTPS; sepiapterina sintasa A; proteína púrpura;
cds_wt_19	adh7	proteína hipotética
cds_wt_20	-	proteína hipotética
cds_wt_21	potD	Proteína de unión a vitamina B12;
cds_wt_22	estA	hidrolasa, familia de pliegues alfa/beta
cds_wt_23	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_24	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_25	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_26	htpG	Proteína chaperona htpG; proteína de choque térmico htpG; proteína de alta temperatura G;
cds_wt_27	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_28	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_29	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_30	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_31	-	Proteína de resistencia multifármaco B; regulador transcripcional tipo HTH tcmR;
cds_wt_32	tcmR	Represor transcripcional de tetracenomicina C;
cds_wt_33	sitS	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_34	acpD	proteína fosfodiesterasa transportadora de acilo, supuesta
cds_wt_35	-	Regulador transcripcional tipo HTH mhqR;
cds_wt_36	gntP	Permeasa no caracterizada yojA;
cds_wt_37	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_38	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_39	-	proteína citosólica hipotética
cds_wt_40	-	represor de LexA;
cds_wt_41	tetV	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_42	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_43	-	Homólogo de proteína B de resistencia multifármaco;
cds_wt_44	folP	dihidropteroato sintasa
cds_wt_45	tlpB	Proteína III de quimiotaxia aceptora de metilo; MCP-III; proteína quimiorreceptora de ribosa y galactosa;
cds_wt_46	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_47	cydC	proteína de unión a ATP de transporte CydC
cds_wt_48	cydD	Transportador ABC, proteína de unión a ATP
cds_wt_49	cydA	supuesta subunidad I de citocromo oxidasa
cds_wt_50	-	proteína hipotética
cds_wt_51	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_52	-	Proteína no caracterizada yibP;
cds_wt_53	ruvB	Homólogo de la proteína 48 del ciclo de división celular AF_1297;
cds_wt_54	-	proteína hipotética
cds_wt_55	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_56	-	proteína hipotética
cds_wt_57	-	Tirosina-proteína fosfatasa;
cds_wt_58	yvoA	Represor del sistema de transporte/metabolismo de manosil-D-glicerato mngR; regulador sensible a acilo graso; proteína P30;
cds_wt_59	trpB	cadena beta de triptófano sintasa
cds_wt_60	lolA	proteína hipotética
cds_wt_61	tcrA	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_62	tcrE	histidina cinasa sensora
cds_wt_63	ycnI	Proteína no caracterizada ycnI;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_64	-	proteína hipotética
cds_wt_65	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_66	xysA	endo-1,4-beta-xilanasasa
cds_wt_67	-	proteína hipotética
cds_wt_68	celD	celulasa, celulosa 1,4-beta-celobiosidasa
cds_wt_69	xysA	endo-1,4-beta-xilanasasa
cds_wt_70	aglA	supuesta alfa-galactosidasa
cds_wt_71	xynD	Arabinoxilano arabinofuranohidrolasa; AXH; AXH-m2,3; AXH-m23; alfa-L-arabinofuranosidasa; AF;
cds_wt_72	GlgI	Glucano endo-1,3-beta-glucosidasa;
cds_wt_73	abfB	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_74	-	Factor sigma-H de ARN polimerasa; sigma-30;
cds_wt_75	xylI	Arabinofuranosidasa/B-xilosidasa; Incluye: Alfa-N-arabinofuranosidasa; arabinosidasa; Incluye: Beta-xilosidasa; 1,4-beta-D-xilanoxilohidrolasa; xilano 1,4-beta-xilosidasa;
cds_wt_76	xysA	endo-1,4-beta-xilanasasa
cds_wt_77	abfB	Alfa-N-arabinofuranosidasa B; arabinosidasa B; ABF B;
cds_wt_78	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_79	-	proteína hipotética
cds_wt_80	-	Proteína no caracterizada yhdN;
cds_wt_81	-	beta-galactosidasa
cds_wt_82	-	Otogelina;
cds_wt_83	-	supuesta colesterol esterasa
cds_wt_84	hpkA	histidina cinasa de transducción sensorial
cds_wt_85	lctP	L-lactato permeasa;
cds_wt_86	lldP	L-lactato permeasa;
cds_wt_87	aepA	proteína hipotética
cds_wt_88	-	Proteína Pcf11 del complejo 2 de escisión de pre-ARNm; proteína Pcf11 del complejo II de escisión de pre-ARNm;
cds_wt_89	-	Probable transposasa para elemento de secuencia de inserción similar a ISRM3;
cds_wt_90	-	Cadena pesada H3 de inhibidor de inter-alfa-tripsina; cadena pesada 3 de inhibidor de inter-alfa-tripsina; cadena pesada H3 de ITI; ITI-HC3;
cds_wt_91	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_92	-	proteína hipotética
cds_wt_93	shpl	Metaloproteasa neutra;
cds_wt_94	-	Importador de putrescina;
cds_wt_95	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_96	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_97	-	dipeptidasa 1 (renal)
cds_wt_98	-	Endoglucanasa H; endo-1,4-beta-glucanasa H; EgH; celulasa H;
cds_wt_99	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_100	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_101	yycA	Undecaprenil fosfato-alfa-4-amino-4-desoxi-L-arabinosa arabinosil transferasa; undecaprenil fosfato-alfa-L-Ara4N transferasa; 4-amino-4-desoxi-L-arabinosa lípido A transferasa;
cds_wt_102	pgi	glucosa-6-fosfato isomerasa
cds_wt_103	-	proteína hipotética
cds_wt_104	chiA	exoquitinasa extracelular Chi36
cds_wt_105	-	Proteína de la biosíntesis de riboflavina ribD; Incluye: Diaminohidroxifosforribosilaminopirimidina desaminasa; DRAP desaminasa; desaminasa específica de riboflavina; Incluye: 5-amino-6-
cds_wt_106	sps1	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_107	-	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH ₂ ;
cds_wt_108	msuE	supuesta oxidoreductasa
cds_wt_109	-	Hemaglutinina filamentosa;
cds_wt_110	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_111	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_112	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_113	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_114	ybjK	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ybjK;
cds_wt_115	emrE	Proteína de resistencia multifármaco mmr;
cds_wt_116	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_117	-	Proteína bifuncional NCOAT; O-GlcNAcase y acetiltransferasa citoplásmica nuclear; antígeno 5 expresado en meningioma; Incluye: Beta-hexosaminidasa; N-acetil-beta-glucosaminidasa; beta-N-acetilhexosaminidasa; hexosaminidasa C; N-acetil-beta-D-glucosaminidasa; O-GlcNAcase; Incluye: Histona acetiltransferasa; HAT;
cds_wt_118	-	Subunidad alfa-1A de canal de calcio tipo P/Q dependiente de voltaje; subunidad alfa Cav2.1 de canal de calcio controlado por voltaje; canal de calcio, tipo L, isoforma 4 de alfa-1 polipéptido; canal I de calcio cerebral; BI;
cds_wt_119	kaiC	Proteína cinasa de reloj circadiano kaiC;
cds_wt_120	chey	Proteína reguladora transcripcional resD;
cds_wt_121	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_122	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_123	dppA	Proteína de unión a glutatión gsiB;
cds_wt_124	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de níquel nikB;
cds_wt_125	dppC	Proteína permeasa del sistema de transporte de oligopéptidos appC;
cds_wt_126	-	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de fosfato ABC;
cds_wt_127	-	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de fosfato ABC;
cds_wt_128	-	proteína hipotética
cds_wt_129	-	Proteína no caracterizada Mb1584;
cds_wt_130	-	proteína hipotética
cds_wt_131	-	proteína hipotética
cds_wt_132	-	regulador transcripcional, familia ROK
cds_wt_133	manB	beta-manosidasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_134	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_135	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_136	-	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_137	-	beta-glucosidasa
cds_wt_138	gpm2	supuesta proteína de la familia fosfoglicerato mutasa
cds_wt_139	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_140	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_141	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_142	Hexb	Subunidad beta de beta-hexosaminidasa; subunidad beta de N-acetil-beta-glucosaminidasa; subunidad beta de beta-N-acetilhexosaminidasa; subunidad B de hexosaminidasa;
cds_wt_143	-	triacylglicerol lipasa
cds_wt_144	acrA	Proteína de entrada específica de macróido macA;
cds_wt_145	phoP	Regulador de respuesta mprA; regulador A de persistencia micobacteriana;
cds_wt_146	phoR	histidina cinasa sensora
cds_wt_147	macA	Proteína de entrada específica de macróido macA;
cds_wt_148	-	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_149	-	Proteína de unión a ATP/permeasa de exportación de macróido macB;
cds_wt_150	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_151	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_152	-	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_153	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_154	terC	Proteína de membrana no caracterizada STKORF319;
cds_wt_155	DODA	4,5-DOPA dioxigenasa extradiol;
cds_wt_156	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_157	iolC	supuesta carbohidrato cinasa
cds_wt_158	iolB	5-desoxi-glucuronato isomerasa; 5DG isomerasa; EC=5.3.1.n1;
cds_wt_159	iolD	supuesta acetolactato sintasa
cds_wt_160	iolE	Inososa deshidratasa; 2-ceto-mio-inositol deshidratasa; 2KMI deshidratasa;
cds_wt_161	-	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_162	-	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 lsrC; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 lsrC;
cds_wt_163	-	supuesta proteína de unión a ATP del transportador ABC de azúcar
cds_wt_164	iolG	mio-inositol 2-deshidrogenasa
cds_wt_165	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yvaF;
cds_wt_166	paaZ	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_167	paaA	Proteína de degradación de ácido fenilacético paaA;
cds_wt_168	paaC	Proteína de degradación de ácido fenilacético paaC;
cds_wt_169	paaD	Proteína de degradación de ácido fenilacético paaD;
cds_wt_170	paaE	Probable NADH oxidorreductasa de degradación de ácido fenilacético paaE;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_171	-	supuesta metiltransferasa
cds_wt_172	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_173	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_174	pepD	supuesta proteasa
cds_wt_175	ywjA	Proteína de resistencia multifármaco 3; miembro 1A de la subfamilia B del casete de unión a ATP; P-glucoproteína 3; MDR1A;
cds_wt_176	-	Supuesto homólogo de metalofosfoesterasa FLJ45032;
cds_wt_177	-	proteína hipotética
cds_wt_178	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_179	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_180	-	Heparan sulfato N-desacetilasa/N-sulfotransferasa 3 bifuncional; glucosaminil N-desacetilasa/N-sulfotransferasa 3; NDST-3; hNDST-3; N-heparan sulfato sulfotransferasa 3; N-HSST 3; Incluye: Heparan sulfato N-desacetilasa 3; Incluye: Heparan sulfato N-sulfotransferasa 3;
cds_wt_181	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_182	pknA	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_183	-	Permeasa de aminoácido no caracterizada yfnA;
cds_wt_184	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_185	-	proteína hipotética
cds_wt_186	biol	probable citocromo p450 140 CYP140
cds_wt_187	egl2	celulasa
cds_wt_188	-	D-alanina-D-alanina ligasa; D-alanilalanina sintetasa; D-Ala-D-Ala ligasa;
cds_wt_189	-	Enteroquelina esterasa; esterasa de enterobacterina férrica;
cds_wt_190	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_191	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_192	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_193	helZ	probable helicasa HelZ
cds_wt_194	helZ	probable helicasa HelZ
cds_wt_195	-	proteína hipotética
cds_wt_196	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_197	-	Proteína no caracterizada R665;
cds_wt_198	-	Supuesta proteína de membrana mmpL3;
cds_wt_199	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_200	fkBP	proteína 4 de unión a FK506; peptidil-prolil cis-trans isomerasa; PPlasa; rotamasa;
cds_wt_201	-	proteína UPF0246 W1_0535;
cds_wt_202	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_203	lanR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado MJ0272;
cds_wt_204	-	proteína hipotética
cds_wt_205	copD	Proteína de resistencia a cobre D;
cds_wt_206	pgm	fosfoglucomutasa
cds_wt_207	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_208	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_209	glnH	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_210	-	proteína hipotética
cds_wt_211	prpF	Fosfoserina fosfatasa rsbP;
cds_wt_212	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_213	gng	6-fosfogluconato deshidrogenasa
cds_wt_214	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_215	-	Probable proteína de resistencia a enfermedad At5g43740;
cds_wt_216	PDR1	Proteína 1 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; NtPDR1;
cds_wt_217	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_218	nrdG	proteína activadora de ribonucleósido-trifosfato reductasa anaerobia
cds_wt_219	-	Proteína 1 que contiene el dominio de la familia de endonucleasa/exonucleasa/fosfatasa;
cds_wt_220	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_221	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_222	-	Proteína que contiene el dominio AAA no caracterizada ycf46;
cds_wt_223	-	proteína hipotética
cds_wt_224	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_225	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_226	-	Cianoglobina; hemoglobina; Hb;
cds_wt_227	ereB	proteína hipotética
cds_wt_228	LIP6	Lipasa 6;
cds_wt_229	mocA	Subunidad beta de canales de K ⁺
cds_wt_230	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_231	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_232	glgX	supuesta glucosil hidrolasa
cds_wt_233	-	Amino-ácido acetiltransferasa; N-acetilglutamato sintasa; AGS; NAGS;
cds_wt_234	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_235	-	proteína hipotética
cds_wt_236	scrB	Beta-fructofuranosidasa, isoenzima 1 insoluble; sacarosa hidrolasa 1; invertasa 1; beta-fructosidasa 1 de la pared celular; OsCIN1;
cds_wt_237	-	proteína hipotética
cds_wt_238	-	Proteína no caracterizada yecE;
cds_wt_239	-	proteína hipotética
cds_wt_240	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_241	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_242	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_243	-	proteína hipotética
cds_wt_244	-	Proteína no caracterizada Mb2600;
cds_wt_245	CutA	Proteína CutA; supuesto anclaje a membrana de acetilcolinesterasa cerebral;
cds_wt_246	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_247	phoD	fosfodiesterasa/fosfatasa alcalina D

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_248	-	proteína hipotética
cds_wt_249	-	proteína de membrana hipotética
cds_wt_250	lamA	Proteína de unión a beta-1,3-glucano; BGBP; proteína de reconocimiento de beta-1,3-glucano; BetaGRP;
cds_wt_251	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_252	-	monooxigenasa, familia DszC
cds_wt_253	-	Proteína no caracterizada ML0378;
cds_wt_254	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_255	PHOA	fosfatasa ácida
cds_wt_256	-	Transportador tipo MFS no caracterizado MJ1317;
cds_wt_257	-	Proteína tolB;
cds_wt_258	-	Proteína no caracterizada DR_1314;
cds_wt_259	fabG	3-oxoacil-
cds_wt_260	polA	supuesta 5'-3' exonucleasa
cds_wt_261	bcd1	butiril-CoA deshidrogenasa
cds_wt_262	lrp	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado PH1519;
cds_wt_263	-	proteína hipotética
cds_wt_264	-	proteína hipotética
cds_wt_265	-	Subunidad beta-2 de laminina; S-laminina; cadena B3 de laminina;
cds_wt_266	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_267	-	proteína hipotética
cds_wt_268	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_269	-	proteína hipotética
cds_wt_270	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_271	kamA	lisina 2,3-aminomutasa
cds_wt_272	-	L-treonina 3-deshidrogenasa;
cds_wt_273	aepA	Supuesta amidohidrolasa ytcJ;
cds_wt_274	kamD	D-lisina 5,6-aminomutasa, subunidad alfa
cds_wt_275	kamE	D-lisina 5,6-aminomutasa, subunidad beta
cds_wt_276	-	proteína hipotética
cds_wt_277	mutL	metilaspártato mutasa
cds_wt_278	ppm1	supuesta apolipoproteína N-aciltransferasa
cds_wt_279	Ppm1	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_280	-	proteína UPF0716 ytzA;
cds_wt_281	-	proteína hipotética
cds_wt_282	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_283	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_284	Ttn	Titina; conectina;
cds_wt_285	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_286	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_287	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_288	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_289	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_290	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado MJ1325;
cds_wt_291	-	proteína hipotética
cds_wt_292	-	proteína hipotética
cds_wt_293	-	supuesta nitrorreductasa
cds_wt_294	ssuD	alcanosulfonato monooxigenasa
cds_wt_295	-	Supuesta proteína transductora sensorial;
cds_wt_296	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_297	xylR	Represor de xilosa;
cds_wt_298	araG	Proteína de unión a ATP de transportador ABC de ribosa
cds_wt_299	araH	Proteína permeasa del sistema de transporte de xilosa xylH;
cds_wt_300	chvE	Receptor periplásmico de unión a múltiples azúcares chvE;
cds_wt_301	-	proteína hipotética
cds_wt_302	-	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_303	-	Supuesta subunidad de unión a FAD de xantina deshidrogenasa yagS;
cds_wt_304	pucE	oxidorreductasa
cds_wt_305	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_306	-	proteína sensora fixL;
cds_wt_307	-	Subunidad beta-1 de laminina; cadena B1 de laminina;
cds_wt_308	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_309	-	proteína hipotética
cds_wt_310	-	supuesta deshidrogenasa de cadena corta
cds_wt_311	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica Poliproteína de replicasa 1ab; pplab; poliproteína ORF1ab; Contiene: Proteína 1 no estructural; nsp1; p28; Contiene: Proteína 2 no estructural; nsp2; p65; Contiene: Proteína 3 no estructural; nsp3; proteinasas 1/2 similares a papaína; PL1-PRO/PL2-PRO; p210; Contiene: Proteína 4 no estructural; nsp4; péptido HD2; p44; Contiene: Proteinasa similar a 3C; 3CL-PRO; 3CLp; M-PRO; p27; nsp5; Contiene: Proteína 6 no estructural; nsp6; Contiene: Proteína 7 no estructural; nsp7; p10; Contiene: Proteína 8 no estructural; nsp8; p22; Contiene: Proteína 9 no estructural; nsp9; p12; Contiene: Proteína 10 no estructural; nsp10; péptido similar al factor de crecimiento; GFL; p15; Contiene: ARN polimerasa dirigida a ARN; RdRp; Pol; p100; nsp12; Contiene: Helicasa; Hel; p67; nsp13; Contiene: Exorribonucleasa; ExoN; nsp14; Contiene: Endorribonucleasa específica de uridilato; NendoU; nsp15; p35; Contiene: Supuesta 2'-O-metiltransferasa; nsp16;
cds_wt_312	-	
cds_wt_313	fhuF	proteína hipotética
cds_wt_314	tse	Transductor de serina de la quimiotaxia aceptora de metilo;
cds_wt_315	pfpl	Pfpl
cds_wt_316	tspO	Proteína translocadora; receptor de benzodiazepinas tipo periférico; PBR; PKBS; receptor de benzodiazepinas mitocondrial;
cds_wt_317	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_318	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_319	-	Alanina racemasa 1;
cds_wt_320	hspX	Proteína de choque térmico de clase I de 17,5 KDa; HSP 17.5-E;
cds_wt_321	-	Supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC TTE1589;
cds_wt_322	-	Catecol 1,2-dioxigenasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_323	stmR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ywbl;
cds_wt_324	pcaF	beta-cetoadipil CoA tiolasa
cds_wt_325	pcaI	subunidad A de 3-oxoadipato CoA-transferasa
cds_wt_326	pcaJ	subunidad B de 3-oxoadipato CoA-transferasa
cds_wt_327	ssuD	proteína hipotética
cds_wt_328	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de aminoácidos de cadena ramificada de alta afinidad livM; proteína M de LIV-I;
cds_wt_329	livH	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 IsrC; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 IsrC;
cds_wt_330	livF	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de fosfato ABC;
cds_wt_331	livG	Proteína de unión a ATP de importación de sulfato/tiosulfato cysA; ATPasa transportadora de sulfato;
cds_wt_332	-	Homólogo 2 de proteína de unión a Leu/Ile/Val;
cds_wt_333	bdhA	D-beta-hidroxibutirato deshidrogenasa
cds_wt_334	-	hidrolasa, familia de pliegues alfa/beta
cds_wt_335	tetV	Transportador de glucosa de alta afinidad SNF3;
cds_wt_336	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_337	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_338	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_339	abfB	Alfa-N-arabinofuranosidasa B; arabinosidasa B; ABF B;
cds_wt_340	gntR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydfH;
cds_wt_341	kipA	proteína hipotética
cds_wt_342	kipl	proteína hipotética
cds_wt_342	-	Supuesto transportador de prolina/betaína;
cds_wt_344	-	Virginiamicina B liasa; estreptogramina B liasa;
cds_wt_345	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeS;
cds_wt_346	ramA	alfa-L-ramnosidasa
cds_wt_347	cheB	proteína-glutamato metilesterasa
cds_wt_348	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_349	cheB	proteína-glutamato metilesterasa
cds_wt_350	cheR	metiltransferasa
cds_wt_351	-	proteína de UPF0718 ycgR;
cds_wt_352	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_353	rtcB	proteína de UPF0027 TK0358;
cds_wt_354	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_355	-	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-70;
cds_wt_356	-	Proteína similar a fitocromo cph2; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_357	-	supuesta aldehído deshidrogenasa dependiente de glutatión
cds_wt_358	topI	ADN topoisomerasa 1B; TopIB; ADN topoisomerasa tipo IB;
cds_wt_359	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_360	-	Metiltransferasa no caracterizada C25B8.09;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_361	-	Posible enzima bifuncional: 2-hidroxihepta-2,4-dieno-1,7-dioato isomerasa (HhdD isomerasa) + ciclasa/deshidrasa
cds_wt_362	aspC	aspartato aminotransferasa
cds_wt_363	-	proteína hipotética
cds_wt_364	ctaD	supuesta subunidad I de citocromo c oxidasa
cds_wt_365	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_366	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_367	ltrA	Proteína no caracterizada RA0937;
cds_wt_368	-	Flavoproteína A 1 de diflavina; NADH:oxígeno oxidorreductasa; SsATF573;
cds_wt_369	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_370	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_371	def2	polipéptido deformilasa
cds_wt_372	catA	Transportador 9 de cinc; ZnT-9; miembro 9 de la familia 30 de transportadores de soluto;
cds_wt_373	pel1	pectato liasa II
cds_wt_374	-	oxidorreductasa, familia de deshidrogenasa/reductasa de cadena corta
cds_wt_375	dps	Protección de ADN durante la proteína de inanición;
cds_wt_376	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_377	oxyR	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_378	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_379	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_380	-	piruvato oxidasa
cds_wt_381	-	proteína hipotética
cds_wt_382	-	proteína hipotética
cds_wt_383	-	proteína hipotética
cds_wt_384	-	proteína hipotética estrechamente conservada con duf54
cds_wt_385	moxR	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvB;
cds_wt_386	-	Factor IF-2 de iniciación de la traducción;
cds_wt_387	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_388	-	Miosina-1; miosina no convencional de clase I; miosina tipo I;
cds_wt_389	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_390	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_391	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_392	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_393	-	Permeasa P7G5.06 de aminoácidos no caracterizada;
cds_wt_394	amdA	proteína hipotética
cds_wt_395	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_396	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_397	-	Proteína no caracterizada ydfG;
cds_wt_398	abnA	Proteína no caracterizada yxiA;
cds_wt_399	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_400	-	Helicasa IV;
cds_wt_401	-	Proteína no caracterizada ypaA;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_402	-	Proteína de UPF0061 MAP_3154;
cds_wt_403	lipI	Colinesterasa; acilcolina acilhidrolasa; colina esterasa II; butirilcolina esterasa; pseudocolinesterasa;
cds_wt_404	-	Regulador 1 de la elongación de la transcripción; factor 2S asociado a la proteína de unión a la caja TATA; factor de transcripción CA150;
cds_wt_405	-	Supuesta transposasa para elemento de secuencia de inserción IS6501;
cds_wt_406	-	supuesta transposasa
cds_wt_407	-	Proteína no caracterizada y4sN;
cds_wt_408	-	proteína de dominio de nucleotidiltransferasa
cds_wt_409	-	proteína hipotética
cds_wt_410	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_411	ssuD	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH ₂ ;
cds_wt_412	phaB	Poli
cds_wt_413	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_414	-	Subunidad Rieske del complejo de citocromo b-c1, mitocondrial; subunidad de hierro-azufre de la ubiquinol-citocromo c reductasa; proteína de hierro-azufre de Rieske; RISP; subunidad 5 del complejo III; Contiene: subunidad 11 del complejo de citocromo b-c1; proteína de 8 kDa de ubiquinol-citocromo c reductasa; subunidad IX del complejo III;
cds_wt_415	-	proteína hipotética
cds_wt_416	-	factor sigma de ARN polimerasa rpoD;
cds_wt_417	pimH	transportador tipo MFS no caracterizado yfml;
cds_wt_418	-	Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 1; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 1; UDP-GalNAc:polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 1; polipéptido GalNAc transferasa 1; pp-GaNTasa 1; GalNAc-T1; Contiene: Forma soluble del polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 1;
cds_wt_419	betB	familia 1 de la aldehído deshidrogenasa, subfamilia A3
cds_wt_420	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_421	-	carbamoiltransferasa
cds_wt_422	-	Proteína de 55,3 kDa no caracterizada en la región 5' de thcA; ORF1;
cds_wt_423	-	Epóxido hidrolasa 2; epóxido hidrolasa soluble; SEH; epóxido hidratasa; epóxido citosólico hidrolasa; CEH;
cds_wt_424	rfaG	glucosiltransferasa
cds_wt_425	-	supuesta transferasa
cds_wt_426	lpcA	fosfoheptosa isomerasa
cds_wt_427	rfaE	ADP-heptosa sintasa
cds_wt_428	-	3-oxoacil-
cds_wt_429	-	ADP-heptosa-LPS heptosiltransferasa 2; ADP-heptosa-LPS heptosiltransferasa II;
cds_wt_430	-	Canal de potasio controlado por calcio mthK;
cds_wt_431	-	proteína hipotética
cds_wt_432	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_433	-	proteína hipotética
cds_wt_434	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_435	-	fosfoglicerato mutasa dependiente de 2,3-bisfosfoglicerato; fosfogliceromutasa; PGAM; PGAM dependiente de BPG; dPGM;
cds_wt_436	prt1	supuesta metaloproteasa
cds_wt_437	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_438	-	Proteína de membrana UPF0118 sll0063;
cds_wt_439	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_440	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_441	spcT	Proteína no caracterizada Mb1288c;
cds_wt_442	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_443	-	Proteína no caracterizada ycf39; ORF319;
cds_wt_444	-	proteína hipotética
cds_wt_445	-	Regulador transcripcional tipo HTH betl;
cds_wt_446	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_447	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_448	-	posible peroxidasa, supuesta
cds_wt_449	sgcA	supuesta adenilato ciclasa
cds_wt_450	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_451	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_452	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_453	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_454	yjfF	Proteína de membrana UPF0060 Mmwyl1_1139;
cds_wt_455	potD	Proteína periplásmico de unión a espermidina/putrescina; SPBP;
cds_wt_456	yhfO	N-acetiltransferasa no caracterizada MJ1207;
cds_wt_457	-	Subunidad gamma-3 de laminina; subunidad gamma 3 de laminina 12;
cds_wt_458	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_459	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_460	-	Probable polifosfato inorgánico/ATP-NAD cinasa; Poli
cds_wt_461	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_462	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_463	-	proteína hipotética
cds_wt_464	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_465	lysX	lisil-ARNt sintetasa
cds_wt_466	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_467	-	Proteína no caracterizada Cgl0967/cg1104; ORF2;
cds_wt_468	srfJ	glucosil hidrolasa
cds_wt_469	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_470	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_471	-	proteína hipotética
cds_wt_472	map	metionina aminopeptidasa
cds_wt_473	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_474	-	Proteína no caracterizada yegE;
cds_wt_475	-	Proteína no caracterizada MJ1623;
cds_wt_476	biol	supuesto citocromo P450

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_477	luxA	Cadena alfa de alcanal monooxigenasa; cadena alfa de luciferasa bacteriana;
cds_wt_478	-	Proteína no caracterizada Mb1292c;
cds_wt_479	fliQ	Proteína biosintética fragelar fliQ;
cds_wt_480	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_481	-	Transportador no caracterizado yoaV;
cds_wt_482	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_483	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_484	-	miembro 22 de la subfamilia C del homólogo de DnaJ;
cds_wt_485	-	Supuesta metiltransferasa MAV_4444 dependiente de S-adenosil-L-metionina;
cds_wt_486	-	Beta-lactamasa ROB-1;
cds_wt_487	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_488	-	Proteína de choque térmico 1A de 70 kDa; HSP70.1;
cds_wt_489	hibD	proteína que contiene el dominio de unión a NAD de 6-fosfogluconato deshidrogenasa
cds_wt_490	-	Supuesto factor de maduración de ribosomas rimN;
cds_wt_491	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_492	cpbD	proteína A de unión a GlcNAc;
cds_wt_493	celY	Exoglucanasa-2; exoglucanasa II; exocelobiohidrolasa II; 1,4-beta-celobiohidrolasa II; avicelasa II;
cds_wt_494	celD	Endoglucanasa E-4; endo-1,4-beta-glucanasa E-4; celulasa E-4; celulasa E4;
cds_wt_495	ugd	UDP-glucosa deshidrogenasa
cds_wt_496	aglE	Proteína periplasmática de unión a alfa-glucósidos aglE;
cds_wt_497	aglF	Proteína permeasa del sistema de transporte de alfa-glucósido aglF;
cds_wt_498	aglG	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurM;
cds_wt_499	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_500	lolD	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_501	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_502	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_503	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_504	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_505	bag	receptor de FC de IgA; antígeno beta; antígeno B;
cds_wt_506	narK	Probable transportador de nitrato narT;
cds_wt_507	CAO	Clorofilida a oxigenasa, cloroplástica;
cds_wt_508	nirB	Clorofila a oxigenasa; clorofila b sintasa;
cds_wt_509	sirB	nitrito reductasa
cds_wt_510	yjjA	Sirohidroclorina ferroquelatasa;
cds_wt_511	-	proteína hipotética
cds_wt_512	-	Proteína no caracterizada Rv0885/MT0908;
cds_wt_513	ethA	Proteína reguladora del metabolismo de ácidos grasos;
cds_wt_514	-	monooxigenasa, familia de unión a flavina
		probable deshidrogenasa de cadena corta

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_515	acoC	supuesta hidrolasa
cds_wt_516	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_517	-	Iodotirosina deshalogenasa 1; IYD-1;
cds_wt_518	cisZ	citrato sintasa
cds_wt_519	citA	citrato sintasa
cds_wt_520	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_521	novA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_522	yusO	Proteína de resistencia a múltiples antibióticos marR;
cds_wt_523	-	Probable UDP-N-acetilglucosamina--péptido N-acetilglucosaminiltransferasa SEC; Proteína SECRET AGENT;
cds_wt_524	-	Regulador transcripcional tipo HTH hpr; proteína reguladora de la producción de proteasa hpr;
cds_wt_525	-	Supuesta proteína de membrana actII-3;
cds_wt_526	ssuD	alcanosulfonato monooxigenasa
cds_wt_527	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_528	rbsR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_529	aglA	supuesta alfa-glucosidasa
cds_wt_530	-	Proteína no caracterizada Mb1389c;
cds_wt_531	tauB	Proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_532	tauA	Proteína periplásmica de unión a taurina; proteína 1 inducida por la privación de sulfato; SS11;
cds_wt_533	tauC	Proteína permeasa de transporte de nitrato nrtB;
cds_wt_534	-	Transportador ABC de aminoácidos, proteína permeasa
cds_wt_535	atrC	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_536	fliY	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_537	-	Proteína no caracterizada ml0378;
cds_wt_538	-	Nefrocistina-3;
cds_wt_539	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_540	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_541	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_542	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_543	-	Subunidad beta-1 de canales de potasio controlados por voltaje; K
cds_wt_544	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_545	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_546	-	Proteína de 36,0 kDa no caracterizada en la región 5' de kdgK; K1 ORF;
cds_wt_547	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_548	adh	NADPH:quinona reductasa
cds_wt_549	yvbT	Proteína no caracterizada yddN;
cds_wt_550	luxA	supuesta monooxigenasa
cds_wt_551	-	supuesta oxigenasa que utiliza FMNH ₂
cds_wt_552	-	Supuesta monooxigenasa yxeK;
cds_wt_553	oppD	Proteína de unión a ATP de importación de glutatión gsiA;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_554	oppC	Proteína permeasa del sistema de transporte de dipéptido dppC;
cds_wt_555	oppB	Proteína permeasa del sistema de transporte de glutatión gsiC;
cds_wt_556	oppA	Proteína de unión a oligopéptido periplásmico;
cds_wt_557	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_558	prpE	posible acil-CoA sintetasa
cds_wt_559	-	Proteína sensora vraS;
cds_wt_560	-	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_561	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_562	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_563	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_564	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_565	-	Proteína 28 de repetición de tetratricopéptido; proteína 28 de repetición de TPR;
cds_wt_566	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_567	pcrA	proteína de la familia UvrD/REP helicasa
cds_wt_568	-	proteína hipotética
cds_wt_569	-	proteína hipotética
cds_wt_570	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_571	-	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_572	fadA	acetil-CoA aciltransferasa
cds_wt_573	fadB	enol-CoA hidratasa / 3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa / 3-hidroxiacil-CoA epimerasa
cds_wt_574	mcr	alfa-metilacil-CoA racemasa
cds_wt_575	-	Proteína no caracterizada yneF;
cds_wt_576	tlpB	Proteína mcpB de quimiotaxia aceptora de metilo; H3;
cds_wt_577	-	proteína hipotética
cds_wt_578	ytfH	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_579	ytfG	Proteína A de diferenciación de Prestalk A;
cds_wt_580	-	Prolil-ARNt sintetasa; prolina--ARNt ligasa; ProRS;
cds_wt_581	-	proteína hipotética
cds_wt_582	-	proteína hipotética
cds_wt_583	-	Proteína no caracterizada ML1167;
cds_wt_584	-	Proteína no caracterizada ML1167;
cds_wt_585	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpA; H1;
cds_wt_586	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_587	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_588	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_589	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_590	-	Factor 1 modificador de sulfatasa; enzima 1 generadora de C-alfa-formilglicina;
cds_wt_591	-	proteína hipotética
cds_wt_592	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_593	-	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurM;
cds_wt_594	ugpA	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurN;
cds_wt_595	-	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_596	-	supuesta beta-xilosidasa
cds_wt_597	-	Proteína reguladora específica de Nif;
cds_wt_598	-	supuesta aldehído deshidrogenasa
cds_wt_599	gabT	4-aminobutirato aminotransferasa
cds_wt_600	asnC	Proteína reguladora sensible a leucina;
cds_wt_601	-	Dimetilglicina deshidrogenasa, mitocondrial; ME2GLYDH;
cds_wt_602	PHYB	Fitocromo B;
cds_wt_603	yqjL	Proteína no caracterizada yqjL;
cds_wt_604	soxR	Regulador transcripcional tipo HTH hmrR; regulador de salida de cobre;
cds_wt_605	bioA	regulador de exportación de cobre;
cds_wt_606	-	supuesta aminotransferasa
cds_wt_607	potC	Gamma-glutamylputrescina oxidoreductasa; gamma-glutamylputrescina oxidasa; gamma-Glu-Put oxidasa;
cds_wt_608	potH	Proteína permeasa del sistema de transporte de espermidina/putrescina potC;
cds_wt_609	potD	Proteína permeasa del sistema de transporte de espermidina/putrescina potB;
cds_wt_610	potA	Proteína 2 periplásmica de unión a espermidina/putrescina; SPBP;
cds_wt_611	-	Subunidad de unión a ATP de transportador ABC de espermidina/putrescina
cds_wt_612	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_613	-	aldehído deshidrogenasa
cds_wt_614	-	supuesta aminotransferasa
cds_wt_615	mmsA	metilmalonato-semialdehído deshidrogenasa
cds_wt_616	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_617	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_618	suhB	inositol-1-monofosfatasa
cds_wt_619	-	Guanilato ciclasa asociada a membrana, proteína 3 que contiene los dominios WW y PDZ; guanilato cinasa invertida 3 asociada a membrana;
cds_wt_620	-	MAGI-3; proteína similar a supercántigo;
cds_wt_621	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_622	lbsA	Proteína lbsB de unión a autoinductor 2; proteína de unión a AI-2-lbsB;
cds_wt_623	lbsC	Sistema de transporte de azúcar tipo ABC (aldosis), componente de ATPasa
cds_wt_624	lbsC	Proteína permeasa lbsC del sistema de importación del autoinductor 2; proteína permeasa lbsC del sistema de importación AI-2;
cds_wt_625	lbsC	Proteína permeasa lbsC del sistema de importación del autoinductor 2; proteína permeasa lbsC del sistema de importación AI-2;
cds_wt_626	xylA	supuesta azúcar isomerasa
cds_wt_627	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_628	cyaC	regulador de respuesta de dos componentes
cds_wt_629	PHYB	sensor y regulador híbrido de dos componentes
cds_wt_630	-	Proteína III de quimiotaxia aceptora de metilo; MCP-III; proteína quimiorreceptora de ribosa y galactosa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_629	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_630	-	proteína hipotética
cds_wt_631	phoR	histidina cinasa de caja sensora PhoR
cds_wt_632	cbiM	Proteína cbiM;
cds_wt_633	cbiM	supuesta proteína de membrana
cds_wt_634	cbiQ	Proteína no caracterizada MJ1089;
cds_wt_635	cbiO	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de fosfato ABC;
cds_wt_636	-	Probable N-acetilmuramoi-L-alanina amidasa; hidrolasa de pared celular; autolisina; ORFL3;
cds_wt_637	xpk	supuesta fosfocetolasa
cds_wt_638	-	proteína de la familia enoil-CoA hidratasa/isomerasa
cds_wt_639	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_640	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_641	yicl	supuesta glucosil hidrolasa
cds_wt_642	-	proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpE;
cds_wt_643	lacF	proteína permeasa del sistema de transporte sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_644	-	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_645	malR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_646	-	glucano 1,4-beta-glucosidasa
cds_wt_647	nox	NADH oxidasa
cds_wt_648	TPP2	similar a tripeptidil-peptidasa II (TPP-II) (tripeptidil aminopeptidasa)
cds_wt_649	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_650	nodB	Quitoooligosacárido desacetilasa; proteína de nodulación B;
cds_wt_651	-	Activador transcripcional tipo HTH tipA;
cds_wt_652	-	Transportador tipo MFS no caracterizado y4rN;
cds_wt_653	-	proteína hipotética
cds_wt_654	-	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_655	fabG	3-oxoacil-
cds_wt_656	acdA	supuesta acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_657	tetR	Clase E de proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_658	-	proteína hipotética
cds_wt_659	pfkB	Proteína bifuncional hldE; Incluye: D-beta-D-heptosa 7-fosfato cinasa; D-beta-D-heptosa 7-fosfotransferasa; Incluye: D-beta-D-heptosa 1-fosfato adenosiltransferasa;
cds_wt_660	-	ARNt
cds_wt_661	-	HAD-hidrolasa no caracterizada PH 1655;
cds_wt_662	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_663	yggC	proteína hipotética
cds_wt_664	luxA	Cadena alfa de alcanal monooxigenasa; cadena alfa de luciferasa bacteriana;
cds_wt_665	-	Homólogo de la proteína ykuD de esporas;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_666	rho	Subunidad beta de ATP sintasa; subunidad beta de F-ATPasa; subunidad beta del sector F1 de ATP sintasa;
cds_wt_667	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_668	-	Proteína no caracterizada Rv1996/MT2052;
cds_wt_669	GLN1	glutamina sintetasa
cds_wt_670	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_671	prsR	proteína hipotética
cds_wt_672	prpF	Fosfoerina fosfatasa rsbP;
cds_wt_673	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_674	phoB	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_675	sidE	Proteína de utilización de vibriobactina viuB;
cds_wt_676	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_677	-	proteína hipotética
cds_wt_678	hemN	Coproporfirinógeno III oxidasa independiente de oxígeno
cds_wt_679	TRIO	Proteína de dominio funcional triple; proteína de interacción con PTPRF;
cds_wt_680	-	Inosina-5'-monofosfato deshidrogenasa; IMP deshidrogenasa; IMPDH; IMPD;
cds_wt_681	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_682	-	supuesta monooxigenasa
cds_wt_683	-	taurina dioxigenasa
cds_wt_684	-	Supuesta proteína permeasa de transporte de sulfonatos alifáticos ssuC;
cds_wt_685	ssuB	supuesta proteína de unión a ATP del sistema de transporte de taurina
cds_wt_686	-	Proteína de unión a ATP de transporte de nitrato nrtC;
cds_wt_687	-	Proteína de control de la esporulación spoOM; proteína M de esporulación de estadio 0;
cds_wt_688	-	proteína hipotética
cds_wt_689	mdh	malato deshidrogenasa
cds_wt_690	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_691	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_692	cckA	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_693	expR	Proteína de activador transcripcional expR;
cds_wt_694	-	Proteína tipo hemeritina no caracterizada C869.06c;
cds_wt_695	-	Supuesta proteína de membrana SC05905;
cds_wt_696	-	Miembro 2 de la superfamilia de transmembrana 9;
cds_wt_697	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_698	plcN	Precursor de fosfolipasa C no hemolítico
cds_wt_699	pcaC	4-carboximuconolactona descarboxilasa
cds_wt_700	pcaB	3-carboxi-cis,cis-muconato cicloisomerasa
cds_wt_701	pcaG	subunidad alfa de protocatechuato 3,4-dioxigenasa
cds_wt_702	pcaH	protocatechuato 3,4-dioxigenasa, subunidad beta
cds_wt_703	allR	Represor transcripcional tipo HTH allR; regulador negativo de operones de utilización de alantoína y glioxilato;
cds_wt_704	pobA	p-hidroxibenzoato hidroxilasa

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_705	-	Proteína de membrana no caracterizada bbp_130;
cds_wt_706	-	proteína hipotética
cds_wt_707	-	Metiltransferasa no caracterizada MJ1487;
cds_wt_708	-	proteína hipotética
cds_wt_709	-	proteína hipotética
cds_wt_710	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_711	kdgR	Proteína represora de la degradación de pectina kdgR;
cds_wt_712	tauC	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_713	ssuC	Proteína permeasa del sistema de transporte de bicarbonato cmpB;
cds_wt_714	ssuB	Transportador ABC, proteína de unión a ATP
cds_wt_715	-	Proteína no caracterizada Mb2247c;
cds_wt_716	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_717	padR	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_718	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_719	PDR1	Proteína 1 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; NtPDRI;
cds_wt_720	-	Proteína piccolo; aczonina; proteína de citomatrix presináptica multidominio; proteína HLMN derivada del cerebro;
cds_wt_721	-	Dinamina-3; dinamina, testicular; T-dinamina;
cds_wt_722	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_723	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_724	CHD4	Proteína 4 de unión a ADN de cromodominio-helicasa; CHD-4; helicasa CHD4 dependiente de ATP; proteína de 218 kDa de autoantígeno Mi-2; Mi2-beta;
cds_wt_725	-	ADN polimerasa IV; Pol IV;
cds_wt_726	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_727	aap	Colágeno alfa-4
cds_wt_728	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_729	-	glutamato-1-semialdehído 2,1-aminomutasa, supuesta
cds_wt_730	-	Proteína que contiene repeticiones WD no caracterizada alr2800;
cds_wt_731	-	Glucoproteína 1 de la superficie celular; proteína B de la capa externa; proteína 1 de capa S;
cds_wt_732	menC	Racemasa de N-acilaminoácido
cds_wt_733	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado CPE0189;
cds_wt_734	-	proteína hipotética
cds_wt_735	cpg2	supuesta peptidasa
cds_wt_736	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_737	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_738	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_739	macB	Proteína de union a ATP de exportación de macrófido/permeasa macB;
cds_wt_740	-	Transportador ABC, proteína de unión a ATP
cds_wt_741	hlyD	Subunidad beta de ARN polimerasa dirigida a ADN; subunidad beta de ARNP; subunidad beta de transcriptasa; subunidad beta de ARN polimerasa;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_742	ybjY	Proteína de resistencia multifármaco mdtA; transportador multifármaco mdtA;
cds_wt_743	-	histidina cinasa A de transducción de señales híbrida;
cds_wt_744	rpaA	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_745	-	histidina cinasa de transducción de señales
cds_wt_746	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_747	-	proteína de UPF0707 yvbY;
cds_wt_748	ykgF	Proteína de transporte de electrones no caracterizada ykgF;
cds_wt_749	rhaB	supuesta ramnosa cinasa
cds_wt_750	yuxG	Oxidorreductasa no caracterizada yuxG; ORF2;
cds_wt_751	Fn1	Fibronectina; FN;
cds_wt_752	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_753	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_754	-	Proteína nirD;
cds_wt_755	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_756	rbsR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_757	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_758	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_759	gshA	supuesta glutamilcisteína sintetasa
cds_wt_760	-	proteína SON; SON3; proteína de unión a elemento regulador negativo; proteína de unión a NRE; DBP-5; antagonista Bax seleccionado en saccharomyces 1; BASS1;
cds_wt_761	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_762	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_763	-	proteína hipotética
cds_wt_764	-	proteína hipotética
cds_wt_765	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_766	fbp	peptidil-prolil cis-trans isomerasa tipo FKBP
cds_wt_767	yjdF	Proteína no caracterizada yjdF;
cds_wt_768	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_769	-	NADPH:quinona reductasa
cds_wt_770	arsR	Represor del operón de Resistencia a arsénico;
cds_wt_771	-	proteína hipotética
cds_wt_772	-	3-oxoacil-
cds_wt_773	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_774	-	transposasa, IS4
cds_wt_775	-	transposasa, IS4
cds_wt_776	-	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_777	-	proteína hipotética
cds_wt_778	csd1	supuesta aminotransferasa
cds_wt_779	-	proteína hipotética
cds_wt_780	dapE	succinil-diaminopimelato desuccinilasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_781	-	2',3'-cíclico-nucleótido 2'-fosfodiesterasa;
cds_wt_782	-	Probable transportador de salida de azúcar;
cds_wt_783	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_784	eglA	Endoglucanasa; endo-1,4-beta-glucanasa; celulasa;
cds_wt_785	-	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_786	-	proteína híbrida de histidina cinasa/regulador de respuesta
cds_wt_787	-	histidina cinasa sensora malK; sensor de malato cinasa;
cds_wt_788	-	proteína hipotética
cds_wt_789	Pclo	Proteína piccolo; aczonina; proteína de citomatrix presináptica multidominio;
cds_wt_790	-	Proteína 3 homóloga a Notch de sitio neurogénico; Notch 3; Contiene: Truncación extracelular de Notch 3; Contiene: Dominio intracelular de Notch 3;
cds_wt_791	-	proteína hipotética
cds_wt_792	moxR	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvB;
cds_wt_793	TTN	Molécula de adhesión de células neuronales; Nr-CAM; molécula de adhesión a células relacionadas con NgCAM; relacionada con Ng-CAM; h Bravo;
cds_wt_794	-	Colágeno alfa-2
cds_wt_795	-	Proteína no caracterizada y4bA/y4pH;
cds_wt_796	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_797	rsbU	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_798	cyaC	histidina cinasa sensora/regulador de respuesta del sistema de dos componentes, híbrido ('sistema de un componente')
cds_wt_799	sigF	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD;
cds_wt_800	-	Dipeptidasa no específica citosólica; CNDP dipeptidasa 2;
cds_wt_801	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_802	rsbU	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_803	xylS	Activador transcripcional del operón XylIDLEGF;
cds_wt_804	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_805	cheB	proteína-glutamato metilesterasa
cds_wt_806	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_807	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_808	-	proteína hipotética
cds_wt_809	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_810	-	Carboxilato-amina ligasa Bcep1808_0078;
cds_wt_811	-	supuesta recombinasa
cds_wt_812	-	Proteína sensora gacS;
cds_wt_813	-	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_814	-	Metilasa BabI de modificación; M.BabI; metiltransferasa específica de adenina BabI; ADN metiltransferasa ccrM; ortólogo de M.CcrMI;
cds_wt_815	-	Proteína grpE; HSP-70 cofactor;
cds_wt_816	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_817	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_818	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_819	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_820	-	proteína hipotética
cds_wt_821	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_822	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_823	-	proteína hipotética
cds_wt_824	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_825	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_826	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_827	-	Proteína STU1;
cds_wt_828	-	Proteína no caracterizada yebA;
cds_wt_829	-	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvB;
cds_wt_830	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_831	-	Proteína de transporte de proteínas Sec24D; proteína D relacionada con SEC24;
cds_wt_832	-	proteína hipotética
cds_wt_833	-	proteína hipotética
cds_wt_834	-	proteína hipotética
cds_wt_835	-	proteína hipotética
cds_wt_836	-	proteína hipotética
cds_wt_837	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_838	-	proteína hipotética
cds_wt_839	Lys;	Proteína no caracterizada DR_0888;
cds_wt_840	-	proteína hipotética
cds_wt_841	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_842	W	Proteína de ensamblaje de placa de base W; GpW;
cds_wt_843	-	proteína hipotética
cds_wt_844	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_845	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_846	-	Proteína no caracterizada X;
cds_wt_847	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_848	arlS	histidina cinasa sensora
cds_wt_849	tcrA	Regulador de respuesta mprA; regulador A de resistencia micobacteriana;
cds_wt_850	-	proteína hipotética
cds_wt_851	cheW	Proteína de quimiotaxia cheW;
cds_wt_852	luxB	monooxigenasa
cds_wt_853	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_854	-	proteína hipotética
cds_wt_855	-	histidina cinasa sensora yvfT;
cds_wt_856	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína de regulación de nitrógeno C;
cds_wt_857	mmyE	12-oxofitodienoato reductasa 1; 12-oxofitodienoato-10,11-reductasa 1; OPDA-reductasa 1; AtOPRI; FS-AT-I;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_858	mmyE	NADPH deshidrogenasa; reductasa xenobiótica;
cds_wt_859	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_860	tcaB	Proteína de resistencia a biciclomicina; proteína de resistencia a sulfonamida;
cds_wt_861	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpB; H3;
cds_wt_862	-	Represor transcripcional tipo HTH acnR;
cds_wt_863	tcsA	Proteína A del sistema de dos componentes;
cds_wt_864	oppA	Proteína de unión al oligopéptido periplásmico;
cds_wt_865	oppD	Proteína de unión a ATP de importación de glutatión gsiA;
cds_wt_866	oppC	Proteína permeasa del sistema de transporte de oligopéptidos appC;
cds_wt_867	oppB	Proteína permeasa del sistema de transporte de oligopéptidos appB;
cds_wt_868	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_869	butB	Proteína relacionada con la capa S;
cds_wt_870	-	L-asparagina oxigenasa; EC=1,14,11.n1; L-asparagina 3-hidroxilasa;
cds_wt_871	Hao1	(S)-2-hidroxi-ácido oxidasa, peroxisómica, supuesta / glicolato oxidasa, supuesta / alfa-hidroxi ácido oxidasa de cadena corta, supuesta
cds_wt_872	cyc	Citocromo P450 2C39; CYP11C39;
cds_wt_873	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_874	spcT	Transportador tipo MFS no caracterizado y4rN;
cds_wt_875	yusZ	3-oxoacil-
cds_wt_876	-	Supuesto transportador no caracterizado ygaY;
cds_wt_877	-	Proteína hipotética
cds_wt_878	ntaB	Flavoproteína A 1 de diflavina; NADH:oxígeno oxidoreductasa; SsATF573;
cds_wt_879	otsA	alfa,alfa-trehalosa-fosfato sintasa
cds_wt_880	tdh	L-treonina 3-deshidrogenasa;
cds_wt_881	mmfH	Acil-CoA deshidrogenasa específica de cadena corta, mitocondrial; SCAD;
cds_wt_882	-	butiril-CoA deshidrogenasa;
cds_wt_883	-	Probable transposasa para elemento de secuencia de inserción IS701;
cds_wt_884	pepN	glucosa-metanol-colina oxidoreductasa
cds_wt_885	-	supuesta metalopeptidasa
cds_wt_886	-	proteína hipotética
cds_wt_887	WWWP2	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_888	nodB	Ubiquitina E3-proteína ligasa WWP2 similar a NEDD4; proteína 2 que contiene el dominio WW; proteína 2 de interacción con atrofina-1; AIP2;
cds_wt_889	-	Quitooligosacárido desacetilasa; proteína de nodulación B;
cds_wt_890	PHYB	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_891	-	Fitocromo B;
cds_wt_892	-	Clase 3 de alcohol deshidrogenasa; clase III de alcohol deshidrogenasa;
cds_wt_893	-	alcohol deshidrogenasa 5; S-
cds_wt_894	-	proteína hipotética
cds_wt_895	-	Supuesta metalofosfoesterasa MTH_1774;
		proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
		Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_896	-	Neuropilin-1; A5 proteína;
cds_wt_897	tas	Transductor de aspartato de la quimiotaxia aceptora de metilo;
cds_wt_898	Cpa1	similar al precursor A2 de carboxipeptidasa
cds_wt_899	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_900	-	Transportador tipo MFS no caracterizado ydeE;
cds_wt_901	NAGK	proteína hipotética
cds_wt_902	celF	6-fosfo-beta-glucosidasa
cds_wt_903	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de L-arabinosa araQ;
cds_wt_904	malF	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_905	-	Proteína de unión a maltotriosa; MMBP; proteína de unión a maltodextrina;
cds_wt_906	xylR	Supuesto represor de xilosa;
cds_wt_907	csn	Supuesta quitosanasa
cds_wt_908	lexA	Proteína reguladora de SOS
cds_wt_909	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_910	bfrA	Bacterioferritina; BFR; citocromo b-1; citocromo b-557;
cds_wt_911	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_912	celA	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_913	cypA	Citocromo P450 2C39; CYP11C39;
cds_wt_914	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_915	-	Regulador de diácido de carbohidrato; regulador de diácido de azúcar;
cds_wt_916	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_917	hemL	glutamato-1-semialdehído 2,1-aminomutasa
cds_wt_918	xylB	xilulosa cinasa
cds_wt_919	-	Homólogo 1 de regulador de transcritos antisentido;
cds_wt_920	-	Proteína de unión a GTP lepA;
cds_wt_921	-	proteína hipotética
cds_wt_922	-	proteína hipotética
cds_wt_923	-	Fitocromo A1;
cds_wt_924	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_925	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_926	-	proteína hipotética
cds_wt_927	-	Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 3; polipéptido GalNAc transferasa 3; pp-GaNTasa 3; GalNAc-T3; Proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 3; UDP-GalNAc: polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 3;
cds_wt_928	wbpH	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_929	rfaG	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_930	-	proteína hipotética
cds_wt_931	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_932	acd3	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_933	-	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_934	-	Lisofosfolipasa NTE1; homólogo de esterasa diana de neuropatía; fosfolipasa B intracelular;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_935	-	oxidorreductasa, unión a molidopterina
cds_wt_936	pdxH	piridoxamina 5'-fosfato oxidasa
cds_wt_937	-	Supuesta tirosina-proteína fosfatasa H16_A0669;
cds_wt_938	-	Alanina acetiltransferasa de proteína ribosómica; enzima acetilante para el extremo N de la proteína ribosómica S5;
cds_wt_939	merR	Regulador transcripcional tipo HTH hmrR; regulador de salida de cobre; regulador de exportación de cobre;
cds_wt_940	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_941	comA	Cardiolipina sintetasa; cardiolipina sintasa; CL sintasa;
cds_wt_942	-	Metaloproteasa no caracterizada HI0409;
cds_wt_943	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_944	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_945	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_946	-	Serina acetiltransferasa de proteína ribosómica; enzima acetilante para el extremo N de la proteína ribosómica L7/L12;
cds_wt_947	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_948	-	1 similar a YME1 (S. cerevisiae)
cds_wt_949	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_950	-	Proteína transmembranaria de UPF0721 HI0198;
cds_wt_951	-	Nigrina b; aglutinina V; SNAV; Contiene: Cadena A de nigrina b; N-glucosidasa de ARNr; Contiene: Cadena B de nigrina B;
cds_wt_952	yjiZ	Probable transportador de glucarato; D-glucarato permeasa;
cds_wt_953	-	proteína hipotética
cds_wt_954	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_955	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_956	-	Proteína activada por luz azul; Incluye: histidina cinasa activada por luz azul; Incluye: Regulador de respuesta;
cds_wt_957	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_958	moaA	Proteína E de la síntesis de coenzima PQQ; proteína E de la biosíntesis de pirroloquinolina quinona E;
cds_wt_959	ppe2	Proteína no caracterizada Rv2577/MT2654;
cds_wt_960	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_961	-	proteína hipotética
cds_wt_962	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_963	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_964	-	Mediador de la subunidad 14 de la transcripción de ARN polimerasa II; subunidad 14 del complejo de mediador;
cds_wt_965	-	Nucleoporina NUP159; proteína de poro nuclear NUP159;
cds_wt_966	ag84	Subunidad beta-2 de laminina; S-laminina; S-LAM;
cds_wt_967	ltrA	Proteína no caracterizada RA0937;
cds_wt_968	pitA	Probable transportador de fosfato inorgánico de baja afinidad;
cds_wt_969	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_970	-	proteína hipotética
cds_wt_971	purU	formiltetrahidrofolato deformilasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_972	aes2	proteína hipotética Poliproteína de replicasa 1a; pplA; ORF1a poliproteína; Contiene: Proteína 1 no estructural; nsp1; p28; Contiene: Proteína 2 no estructural; nsp2; p65; Contiene: Proteína 3 no estructural; nsp3; proteinasas 1/2 similares a papaína; PL1-PRO/PL2-PRO; p210; Contiene: Proteína 4 no estructural; nsp4; Péptido HD2; p44; Contiene: proteinasa similar a 3C; 3CL-PRO; 3CLp; M-PRO; p27; nsp5; Contiene: Proteína 6 no estructural; nsp6; Contiene: Proteína 7 no estructural; nsp7; p10; Contiene: Proteína 8 no estructural; nsp8; p22; Contiene: Proteína 9 no estructural; nsp9; p12; Contiene: Proteína 10 no estructural; nsp10; péptido similar a factor de crecimiento; GFL; p15; Contiene: Proteína 11 no estructural; nsp11;
cds_wt_973	cbp	
cds_wt_974	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_975	yndN	supuesta aldo/ceto reductasa
cds_wt_976	-	proteína hipotética
cds_wt_977	nodB	Quitooligosacárido desacetilasa; proteína de nodulación B;
cds_wt_978	-	Proteína no caracterizada Rv0966c/MT0994;
cds_wt_979	-	3-oxoacil-
cds_wt_980	-	aminotransferasa, clase I
cds_wt_981	-	Proteína de membrana de UPF0118 Rv0205/MT0215; homogentisato 1,2-dioxigenasa proteína hipotética
cds_wt_982	-	homogentisato 1,2-dioxigenasa
cds_wt_983	-	proteína hipotética
cds_wt_984	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_985	hmgB	supuesta fumarilacetoacetasa
cds_wt_986	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_987	-	proteína hipotética
cds_wt_988	pra	Antígeno rico en prolina; antígeno de 36 kDa;
cds_wt_989	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_990	hstK	serina/treonina cinasa con dominio sensor de dos componentes
cds_wt_991	-	proteína hipotética
cds_wt_992	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_993	yjhE	proteína hipotética
cds_wt_994	-	proteína hipotética
cds_wt_995	-	Proteína no caracterizada yrhO;
cds_wt_996	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_997	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_998	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_999	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1000	czcD	Transportador 8 de cinc; ZnT-8; miembro 8 de la familia 30 de transportadores de soluto;
cds_wt_1001	-	proteína hipotética
cds_wt_1002	-	Proteína no caracterizada Mb0093;
cds_wt_1003	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1004	mprF	Probable lisilfosfatidilglicerol sintetasa; LPG sintetasa; factor de resistencia a múltiples péptidos;
cds_wt_1005	lpd	dihidrolipoamida deshidrogenasa

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1006	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_1007	-	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_1008	-	Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5; pp-GaNTasa 5; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 5; UDP-GalNAc: polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5;
cds_wt_1009	-	Proteína unida a la membrana lytR;
cds_wt_1010	-	proteína relacionada con la selenoproteína W
cds_wt_1011	-	Arginina descarboxilasa dependiente de piruvoilo; PvlArgDC; Contiene: subunidad beta de arginina descarboxilasa dependiente de piruvoilo; Contiene: subunidad alfa de arginina descarboxilasa dependiente de piruvoilo;
cds_wt_1012	marR	proteína de resistencia a múltiples antibióticos marR;
cds_wt_1013	-	Supuesta esterasa yheT;
cds_wt_1014	rbsC	Proteína permeasa lsrC del sistema de importación del autoinductor 2; proteína permeasa lsrC del sistema de importación AI-2;
cds_wt_1014	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de ribosa rbsC;
cds_wt_1016	rbsA	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC de captación de azúcar
cds_wt_1017	rbsB	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_1018	ptlJ	Proteína no caracterizada yetH;
cds_wt_1019	ptlR	Activador transcripcional tipo HTH rhaS; proteína reguladora de operón de L-ramnosa rhaS;
cds_wt_1020	yagE	supuesta dihidrodipicolinato sintasa
cds_wt_1021	-	proteína hipotética
cds_wt_1022	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1023	nolO	supuesta carbamoil transferasa
cds_wt_1024	-	proteína rica en prolina (supuesta proteína de membrana)
cds_wt_1025	-	Enzima ramificadora de 1,4-alfa-glucano; enzima ramificadora de glucógeno; BE; 1,4-alfa-D-glucano:1,4-alfa-D-glucano 6-glucosil-transferasa;
cds_wt_1026	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1027	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1028	-	proteína hipotética
cds_wt_1029	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1030	tas1	supuesta aldo/ceto reductasa
cds_wt_1031	-	Proteína no caracterizada yhjA;
cds_wt_1032	-	Proteína no caracterizada C4H3.03c;
cds_wt_1033	-	supuesta metiltransferasa
cds_wt_1034	-	Canfeno sintasa, cloroplástica; EC=4.2.3.n4;
cds_wt_1035	srpl	Proteína I de membrana importante; MMP-I; antígeno de 35 kDa;
cds_wt_1036	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1037	ETR1	histidina cinasa sensora
cds_wt_1038	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1039	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_1040	tetX	Proteína de resistencia a tetraciclina de transposón Tn4351/Tn4400;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1041	PHYB	proteína híbrida de histidina cinasa/regulador de respuesta
cds_wt_1042	-	proteína hipotética
cds_wt_1043	-	3-metil-2-oxobutanoato hidroximetiltransferasa; cetopantoato hidroximetiltransferasa; KPHMT;
cds_wt_1044	-	cinasa sensora /fosfatasa de autoinductor 2 luxQ;
cds_wt_1045	phy	Proteína sensora cinasa walk;
cds_wt_1046	phy	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_1047	yurO	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_1048	yurN	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_1049	msmG	Probable proteína permeasa de transportador ABC yesQ;
cds_wt_1050	-	proteína hipotética
cds_wt_1051	fdhF	cadena A de formiato deshidrogenasa
cds_wt_1052	-	proteína hipotética
cds_wt_1053	-	Proteína A de diferenciación de Prestalk A;
cds_wt_1054	-	Proteínas de esporulación de 55,6 kDa y 49,5 kDa; ORF1590 y ORF1422;
cds_wt_1055	-	proteína hipotética
cds_wt_1056	-	Proteína no caracterizada y4IL;
cds_wt_1057	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1058	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1059	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1060	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1061	-	Sialidasa; neuraminidasa;
cds_wt_1062	-	Subunidad beta-2 de laminina; S-laminina; cadena B3 de laminina;
cds_wt_1063	ysiA	Proteína de UPF0053 yrkA;
cds_wt_1064	arsB	Proteína de membrana de la bomba de arsénico; proteína de la bomba de salida de arsénico;
cds_wt_1065	mtrR	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_1066	-	Proteína no caracterizada C2A9.02;
cds_wt_1067	-	Proteína no caracterizada ILL056C;
cds_wt_1068	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1069	-	Proteína no caracterizada yuxI;
cds_wt_1070	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_1071	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1072	fabH	3-oxoacil- Glucomanano 4-beta-manosiltransferasa 9; glucomanano sintasa; manano sintasa 9; proteína A9 similar a celulosa sintasa; AtCslA9; proteína RESISTENTE A TRANSFORMACIÓN POR AGROBACTERIUM 4;
cds_wt_1073	-	Acetil-coenzima A sintetasa; acetato-CoA ligasa; enzima activante de acilo;
cds_wt_1074	-	Acetil-coenzima A sintetasa; acetato-CoA ligasa; enzima activante de acilo;
cds_wt_1075	-	Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5; pp-GaNTasa 5; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 5; UDP-GalNAc: polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5;
cds_wt_1076	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1077	-	Citocromo P450 3A5; CYP11A5; P450-PCN3; HLP2;
cds_wt_1078	-	

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1079	cdh	UDP-N-acetilglucosamina 4-epimerasa; UDP-GlcNAc 4-epimerasa;
cds_wt_1080	srpR	Regulador transcripcional tipo HTH srpR; corepresor de operón srpABC de bomba de salida de disolvente
cds_wt_1081	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1082	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1083	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_1084	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1085	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1086	ctaD	subunidad I de citocromo c oxidasa
cds_wt_1087	dinX	ADN polimerasa IV
cds_wt_1088	llda	proteína hipotética
cds_wt_1089	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_1090	-	Proteína no caracterizada TM_0929;
cds_wt_1091	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1092	-	Proteína de membrana interna yccF;
cds_wt_1093	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_1094	-	proteína hipotética
cds_wt_1095	X	Proteína no caracterizada X;
cds_wt_1096	-	proteína de membrana, supuesta
cds_wt_1097	phoB	Proteína reguladora transcripcional srrA; proteína A de respuesta respiratoria estafilocócica;
cds_wt_1098	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1099	trpE	antranilato sintasa
cds_wt_1100	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1101	-	Proteína no caracterizada Rv2286c/MT2344;
cds_wt_1102	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1103	-	Proteína no caracterizada YMR196W;
cds_wt_1104	malQ	enzima desramificadora de glucógeno
cds_wt_1105	pleD	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_1106	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_1107	-	Regulador de respuesta uvrY;
cds_wt_1108	-	Histidina cinasa sensora yvfT;
cds_wt_1109	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_1110	mtrR	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_1111	-	proteína hipotética
cds_wt_1112	idnK	supuesta gluconocinasa
cds_wt_1113	metH	5-metiltetrahidrofolato--homocisteína metiltransferasa
cds_wt_1114	polA	ADN polimerasa I
cds_wt_1115	malG	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpE;
cds_wt_1116	msmF	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurN;
cds_wt_1117	-	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_1118	malG	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurM;
cds_wt_1119	palF	Proteína permeasa del sistema de transporte de maltosa malF;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1120	malE	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_1121	rpiR	Glucosamina--fructosa-6-fosfato aminotransferasa
cds_wt_1122	murD	UDP-N-acetilmuramoilalanina-D-glutamato ligasa
cds_wt_1123	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1124	-	proteína hipotética
cds_wt_1125	fhbA	supuesta flavohemoproteína
cds_wt_1126	spoU	supuesta ARNr metilasa
cds_wt_1127	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1128		Proteína no caracterizada MTH_692;
cds_wt_1129	-	proteína hipotética
cds_wt_1130	pbp	Proteína similar a Fmta
cds_wt_1131	-	transportador no caracterizado yyaM;
cds_wt_1132	-	supuesto regulador transcripcional de la familia GntR
cds_wt_1133	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1134	-	proteína hipotética
cds_wt_1135	-	Proteína no caracterizada ML1804;
cds_wt_1136	-	NADH pirofosfatasa;
cds_wt_1137		supuesta proteína de la familia MutT
cds_wt_1138		ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_1139		Subunidad catalítica SEC11C del complejo de peptidasa señal; homólogo C de SEC11; proteína 3 similar a SEC11; subunidad de 21 kDa de peptidasa señal microsómica; subunidad de 21 kDa de SPasa; SPC21;
cds_wt_1140	nagD	Región 5' de la proteína de 45,4 kDa no caracterizada en tiaminasa I;
cds_wt_1141	hemH	ferroquelatasa
cds_wt_1142	inhA	supuesta enoil-ACP reductasa
cds_wt_1143	fabG	3-oxoacil-
cds_wt_1144	-	Proteína sensora vraS;
cds_wt_1145	-	Proteína reguladora transcripcional liaR;
cds_wt_1146	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1147	-	Proteína de UPF0353 MAP_3434;
cds_wt_1148	-	Proteína no caracterizada Mb1516;
cds_wt_1149	moxR	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvB;
cds_wt_1150	-	proteína hipotética
cds_wt_1151	ydbS	Proteína transmembranaria de UPF0699 ydbS;
cds_wt_1152	-	Proteína transmembranaria de UPF0699 ydbT;
cds_wt_1153	-	proteína hipotética
cds_wt_1154	-	fructocinasa
cds_wt_1155	-	Superóxido dismutasa
cds_wt_1156	pepP	Xaa-Pro aminopeptidasa
cds_wt_1157	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1158	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1159	acnA	aconitato hidratasa 1
cds_wt_1160	-	Proteína no caracterizada Mb0922c;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1161	-	Proteína de la familia R101 /ZK632.3/MJ0444
cds_wt_1162	-	3-oxoacil-
cds_wt_1163	-	HAD-hidrolasa no caracterizada PH 1655;
cds_wt_1164	acnR	Represor transcripcional tipo HTH acnR;
cds_wt_1165	-	proteína hipotética
cds_wt_1166	-	Supuesta proteína reguladora transcripcional tipo HTH Memar_2347;
cds_wt_1167	-	3-oxoacil-(proteína transportadora de acilo)reductasa
cds_wt_1168	ygfF	ADN glucosilasa específica de desapareamiento G/U
cds_wt_1169	novA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_1170	ech4	3-hidroxibutiril-CoA deshidratasa
cds_wt_1171	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_1172	ybiT	Supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC MA_1747;
cds_wt_1173	ypfJ	Proteína no caracterizada ypfJ;
cds_wt_1174	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1175	alkD	proteína hipotética
cds_wt_1176	-	Proteína no caracterizada Mb1288c;
cds_wt_1177	-	proteína hipotética
cds_wt_1178	-	Supuesto transportador de amino-ácidos yisU;
cds_wt_1179	pip	supuesta hidrolasa
cds_wt_1180	-	proteína hipotética
cds_wt_1181	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1182	-	proteína hipotética
cds_wt_1183	-	Proteína de UPF0195 yitW;
cds_wt_1184	nifU	Proteína 1 de supercántigo de la agrupación de hierro-azufre, mitocondrial; proteína 1 de supercántigo de la agrupación de hierro-azufre;
cds_wt_1185	csd	supuesta cisteína desulfurasa
cds_wt_1186	sufC	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_1187	sufD	Proteína de UPF0051 ML0594;
cds_wt_1188	sufB	Proteína de UPF0051 slr0074;
cds_wt_1189	ctaA	Hemo A sintasa; HAS; proteína de control de citocromo aa3;
cds_wt_1190	-	proteína hipotética
cds_wt_1191	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1192	ctaB	protohemo IX farnesiltransferasa
cds_wt_1193	tkl	transcetolasa
cds_wt_1194	tal	supuesta transaldolasa
cds_wt_1195	zwf2	glucosa-6-fosfato 1-deshidrogenasa
cds_wt_1196	opcA	Supuesta proteína del ciclo de OxPP opcA;
cds_wt_1197	devB	6-fosfogluconolactonasa
cds_wt_1198	-	Proteína bifuncional NCOAT; O-GlcNAcase citoplásmico nuclear y acetiltransferasa; antígeno 5 expresado en meningioma; Incluye: Beta-hexosaminidasa; N-acetil-beta-glucosaminidasa; beta-N-acetilhexosaminidasa; hexosaminidasa C; N-acetil-beta-D-glucosaminidasa; O-GlcNAcase; Incluye: Histona acetiltransferasa; HAT;
cds_wt_1199	-	supuesta proteína de transporte de electrones

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1200	secG	proteína de membrana de exportación de proteína secG;
cds_wt_1201	tpi	triosafosfato isomerasa
cds_wt_1202	pgk	fosfoglicerato cinasa
cds_wt_1203	pgk	gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_1204	gap	proteína hipotética
cds_wt_1205	whiA	Proteína de UPF0052 sII0154;
cds_wt_1206	-	Proteína de UPF0042 RBAM_031990;
cds_wt_1207	uvrC	Proteína C del sistema UvrABC; proteína uvrC; subunidad C de excinucleasa ABC;
cds_wt_1208	-	Subunidad de hierro-azufre del complejo de citocromo b6-f; proteína de hierro-azufre de Rieske; proteína de hierro-azufre de plastohidroquinona:plastocianina oxidorreductasa; ISP; RISP;
cds_wt_1209	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1210	uvrA	Proteína A del sistema UvrABC; proteína UvrA; subunidad A de excinucleasa ABC;
cds_wt_1211	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_1212	-	proteína hipotética conservada TIGR00157
cds_wt_1213	-	proteína hipotética
cds_wt_1214	-	Hidroxiacilglutación hidrolasa; glioxalasa II; Glx II;
cds_wt_1215	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1216	sigE	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_1217	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1218	clpP	subunidad proteolítica de proteasa Clp dependiente de ATP; endopeptidasa Clp;
cds_wt_1219	rplK	proteína ribosómica de 50S L11;
cds_wt_1220	-	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_1221	typA	Factor G de elongación; EF-G;
cds_wt_1222	terC	Proteína de membrana no caracterizada RF_1252;
cds_wt_1223	-	Proteína no caracterizada yczJ;
cds_wt_1224	-	Supuesta proteína 6 similar al miembro 6 de la subfamilia A de golgina;
cds_wt_1225	uvrB	Proteína B del sistema UvrABC; proteína uvrB; subunidad B de excinucleasa ABC;
cds_wt_1226	coaE	defosfo-CoA cinasa
cds_wt_1227	rpsA	Proteína ribosómica de 30S S1;
cds_wt_1228	-	metiltransferasa de la biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_1229	-	proteína hipotética
cds_wt_1230	-	posible proteína de unión a ADN
cds_wt_1231	arsR	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio; proteína reguladora de resistencia a cadmio;
cds_wt_1232	polA	ADN polimerasa I
cds_wt_1233	atrC	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_1234	occM	Proteína permeasa del sistema de transporte de octopina occM;
cds_wt_1235	otJ	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1236	livF	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de fosfato ABC;
cds_wt_1237	livG	proteína de unión a ATP de transportador ABC de aminoácidos de cadena ramificada
cds_wt_1238	livM	Proteína permeasa del sistema de transporte de aminoácidos de cadena ramificada de alta afinidad livM; proteína de LIV-I M;
cds_wt_1239	braD	Homólogo de proteína permeasa mglC del sistema de transporte de galactósido;
cds_wt_1240	livA	Proteína de unión a Leu/Ile/Val; LIV-BP;
cds_wt_1241	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_1242	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1243	tesB	acil-CoA tioesterasa II
cds_wt_1244	pykA	piruvato cinasa
cds_wt_1245	gltD	cadena pequeña de glutamato sintasa (NADPH)
cds_wt_1246	gltB	glutamato sintasa, subunidad grande
cds_wt_1247	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_1248	nahG	Salicilato hidroxilasa; salicilato 1-monooxigenasa;
cds_wt_1249	-	Escualeno monooxigenasa; escualeno epoxidasa; SE;
cds_wt_1250	lgt	diacilgliceril transferasa de prolipoproteína
cds_wt_1251	pdxH	piridoxamina 5'-fosfato oxidasa
cds_wt_1252	trpA	cadena alfa de triptófano sintasa
cds_wt_1253	trpB	cadena beta de triptófano sintasa
cds_wt_1254	trpC	indol-3-glicerol fosfato sintasa
cds_wt_1255	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1256	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1257	trpE	componente I de antranilato sintasa
cds_wt_1258	hisl	fosforribosil-AMP ciclohrolasa
cds_wt_1259	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_1260	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1261	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_1262	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1263	rpsD	Proteína ribosómica de 30S S4;
cds_wt_1264	yknV	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_1265	ywjA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_1266	-	Subunidad 2 pequeña de transportador de aminoácidos neutros grandes; transportador 2 de aminoácido de tipo L; hLAT2; miembro 8 de la familia 7 de transportadores de soluto;
cds_wt_1267	mocR	regulador transcripcional, familia GntR
cds_wt_1268	-	CoA ligasa de ácido graso de cadena larga
cds_wt_1269	-	Proteína no caracterizada HI0522;
cds_wt_1270	aro8	Serina hidroximetiltransferasa; serina metilasa; SHMT;
cds_wt_1271	-	proteína hipotética
cds_wt_1272	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1273	hisF	imidazolglicerol-fosfato sintasa ciclase

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1274	hisA	fosforribosilformimino-5-aminoimidazol carboxamida ribótido isomerasa
cds_wt_1275	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1276	hisH	amidotransferasa hisH
cds_wt_1277	hisB	imidazoleglicerol-fosfato deshidratasa
cds_wt_1278	hisC	histidinol-fosfato aminotransferasa
cds_wt_1279	hisD	histidinol deshidrogenasa
cds_wt_1280	-	proteína hipotética
cds_wt_1281	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1282	dnaE	cadena alfa de ADN polimerasa III
cds_wt_1283	-	proteína hipotética
cds_wt_1284	-	Factor de elongación de la transcripción SPT5; hSPT5; subunidad grande del factor inductor de sensibilidad de DRB; subunidad grande de DSIF; DSIF p160; proteína 1 cotransactivadora de Tat; proteína Tat-CT1;
cds_wt_1285	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1286	rluD	supuesta pseudouridina sintasa de subunidad grande ribosómica
cds_wt_1287	lspA	peptidasa señal de lipoproteína
cds_wt_1288	-	Proteína de UPF0235 Sbal_3028;
cds_wt_1289	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1290	Ag84	Antígeno 84;
cds_wt_1291	-	proteína hipotética
cds_wt_1292	-	Proteína de división celular sepF;
cds_wt_1293	-	Proteína de UPF0001 PM0112;
cds_wt_1294	ftsZ	Proteína de división celular ftsZ;
cds_wt_1295	ftsQ	Homólogo de proteína de división celular ftsQ;
cds_wt_1296	murC	UDP-N-acetilmuramato--alanina ligasa
cds_wt_1297	murG	UDP-N-acetilglucosamina--N-acetilmuramil-(pentapéptido) pirofosforil-undecaprenol N-acetilglucosamina transferasa
cds_wt_1298	ftsW	Homólogo de proteína de división celular ftsW;
cds_wt_1299	mraY	fosfo-N-acetilmuramoil-pentapéptido-transferasa
cds_wt_1300	murF	UDP-N-acetilmuramoilalanil-D-glutamato-2,6-diaminopimelato-D-alanil-D-alanina ligasa
cds_wt_1301	murE	supuesta UDP-N-acetilmuramoilalanil-D-glutamato-2,6-diaminopimelato ligasa
cds_wt_1302	pbpB	proteína de unión a penicilina
cds_wt_1303	mraW	S-adenosil-metiltransferasa
cds_wt_1304	mraZ	Proteína mraZ;
cds_wt_1305	iap	Endopeptidasa ykfC;
cds_wt_1306	-	supuesta ligasa
cds_wt_1307	cobQ	Sintasa de ácido cobárico;
cds_wt_1308	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1309	-	Proteína de membrana de la familia TVP38/TMEM64 slr0305;
cds_wt_1310	leuS	leucil-ARNt sintetasa
cds_wt_1311	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_1312	-	Péptido-N

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1313	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_1314	-	proteína hipotética
cds_wt_1315	-	supuesta metiltransferasa
cds_wt_1316	smtA	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_1317	sti1	Inhibidor de la proteasa SIL-V3;
cds_wt_1318	dnaE	ADN polimerasa III, subunidad alfa
cds_wt_1319	-	ADN polimerasa IV 1; Pol IV 1;
cds_wt_1320	-	Proteína no caracterizada Rv3395c/MT3502;
cds_wt_1321	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1322	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_1323	-	proteína hipotética
cds_wt_1324	-	proteína hipotética
cds_wt_1325	fabG	Retinol deshidrogenasa 13;
cds_wt_1326	crtA	Esferoideno monooxigenasa;
cds_wt_1327	-	proteína hipotética
cds_wt_1328	-	Probable manano sintasa 15; proteína A15 similar a celulosa sintasa; AtCslA15;
cds_wt_1329	carB	supuesta proteína relacionada con fitoeno deshidrogenasa
cds_wt_1330	-	Proteína no caracterizada Rv1836c/MT1884;
cds_wt_1331	-	proteína hipotética
cds_wt_1332	cynR	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_1333	sdhC	supuesta subunidad B de citocromo
cds_wt_1334	frdA	subunidad de succinato deshidrogenasa flavoproteína
cds_wt_1335	sdhB	fumarato reductasa, proteína de hierro-azufre
cds_wt_1336	-	proteína similar a phzA/B no caracterizada PA3332;
cds_wt_1337	-	Regulador transcripcional tipo HTH bet1;
cds_wt_1338	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1339	spcT	proteína hipotética
cds_wt_1340	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1341	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1342	tetR	Clase A de proteína represora de tetraciclina de transposón 1721;
cds_wt_1343	-	proteína de membrana, supuesta
cds_wt_1344	cmcT	Proteína de exportación de cefamicina cmcT;
cds_wt_1345	manR	Proteína de la familia de la enzima lactonizante de mandelato racemasa/muconato
cds_wt_1346	-	Proteína de UPF0214 yfeW;
cds_wt_1347	-	proteína hipotética
cds_wt_1348	metF	supuesta 5,10-metilentetrahidrofolato reductasa
cds_wt_1349	gds	geranilgeranil pirofosfato sintasa
cds_wt_1350	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1351	-	proteína hipotética
cds_wt_1352	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1353	pknL	supuesta proteína serina/treonina cinasa tipo eucariota
cds_wt_1354	nfo	endonucleasa IV
cds_wt_1355	-	Fibrocistina-L; proteína 1 similar a 1 de riñón poliquístico y enfermedad hepática; proteína similar a PKHD1; proteína D86;
cds_wt_1356	MET	Receptor del factor de crecimiento de hepatocitos; receptor de HGF; receptor del factor de dispersión; receptor de SF; receptor de HGF/SF; tirosina cinasa del proto-oncogén Met; c-Met;
cds_wt_1357	gly1	L-alo-treonina aldolasa
cds_wt_1358	aroG	fosfo-2-dehidro-3-desoxiheptonato aldolasa
cds_wt_1359	chiD	quitinasa
cds_wt_1360	gpo	glutación peroxidasa
cds_wt_1361	-	proteína hipotética
cds_wt_1362	-	proteína hipotética
cds_wt_1363	-	proteína 2 de unión a nucleótido; NBP 2;
cds_wt_1364	-	proteína hipotética
cds_wt_1365	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_1366	-	proteína hipotética
cds_wt_1367	aaO	D-aminoácido oxidasa
cds_wt_1368	-	proteína hipotética
cds_wt_1369	proC	pirrolina-5-carboxilato reductasa
cds_wt_1370	pfkA	6-fosfofructocinasa
cds_wt_1371	pur8	Proteína de resistencia a puromicina pur8;
cds_wt_1372	-	Regulador transcripcional tipo HTH uidR; represor de operón Uid;
cds_wt_1373	-	proteína hipotética
cds_wt_1374	-	Homoserina cinasa; HSK; HK;
cds_wt_1375	-	Proteína reguladora anaerobia;
cds_wt_1376	plsC	1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa
cds_wt_1377	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1378	otsA	alfa,alfa-trehalosa-fosfato sintasa
cds_wt_1379	-	proteína hipotética
cds_wt_1380	pedG	proteína similar a monooxigenasa de unión a flavina
cds_wt_1381	-	proteína hipotética
cds_wt_1382	glk	supuesta azúcar cinasa
cds_wt_1383	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_1384	-	proteína hipotética
cds_wt_1385	narQ	Histidina cinasa similar a sensor no caracterizada Caur_0899;
cds_wt_1386	degU	Proteína reguladora transcripcional degU;
cds_wt_1387	-	proteína hipotética
cds_wt_1388	hosA	Regulador transcripcional hosA;
cds_wt_1389	tetV	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_1390	thiX	Tiorredoxina; Trx;
cds_wt_1391	msbA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_1392	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1393	-	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_1394	yhfN	peptidasa, familia M48
cds_wt_1395	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1396	-	Proteína no caracterizada yacP;
cds_wt_1397	polC	ADN polimerasa III, subunidad épsilon
cds_wt_1398	relA	GTP pirofosfocinasa
cds_wt_1399	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_1400	galF	Manosa-1-fosfato guaniltransferasa; GTP-manosa-1-fosfato guaniltransferasa; GDP-manosa pirofosforilasa;
cds_wt_1401	-	Proteína reguladora sensible a leucina;
cds_wt_1402	-	Esterasa frsA;
cds_wt_1403	mobC	Diamina acetiltransferasa 1; espermidina/espermina N
cds_wt_1404	phaN	represor en la vía catabólica de ácido fenilacético
cds_wt_1405	qcrB	subunidad b de citocromo del complejo bc
cds_wt_1406	qcrA	Probable subunidad de hierro-azufre de menaquinol-citocromo c reductasa; proteína de hierro-azufre de Rieske; proteína de hierro-azufre de Rieske del complejo bc1 de citocromo;
cds_wt_1407	qcrC	Subunidad de menaquinol-citocromo c reductasa citocromo c; subunidad de citocromo c del complejo bc1 de citocromo; citocromo cc;
cds_wt_1408	ctaE	subunidad III de citocromo c oxidasa
cds_wt_149	-	Proteína no caracterizada ML1998;
cds_wt_1410	-	proteína hipotética
cds_wt_1411	trpD	antranilato fosforibosiltransferasa
cds_wt_1412	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1413	-	Probable polipéptido 4 de citocromo c oxidasa; polipéptido IV de citocromo c oxidasa; subunidad 4 de citocromo aa3;
cds_wt_1414	ctaC	supuesta cadena II de citocromo c oxidasa
cds_wt_1415	nifS	supuesta aminotransferasa
cds_wt_1416	-	Sulfurtransferasa tusA; proteína A sintetizadora de ARNt 2;
cds_wt_1417	-	Adenilil-sulfato cinasa; APS cinasa; adenosina-5'-fosfosulfato cinasa; ATP adenosina-5'-fosfosulfato 3'-fosfotransferasa;
cds_wt_1418	cbhK	supuesta carbohidrato cinasa
cds_wt_1419	-	Supuesta proteína de inserción de agrupación de hierro-azufre erpA;
cds_wt_1420	glxK	glicerato cinasa
cds_wt_1421	nadA	Quinolinato sintetasa A;
cds_wt_1422	murA	UDP-N-acetilglucosamina 1-carboxiviniltransferasa
cds_wt_1423	-	Proteína no caracterizada Mb2229;
cds_wt_1424	lamA	Endo-1,3-1,4-beta-glicanasa eglC; proteína de biosíntesis de succinoglicano eglC;
cds_wt_1425	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN 1;
cds_wt_1426	-	supuesta proteína permeasa del sistema de transporte tipo ABC-2
cds_wt_1427	-	Proteína de núcleo de agrecano; proteína de núcleo de proteoglicano específica de cartílago; CSPCP;
cds_wt_1428	-	subunidad beta de canales de K+
cds_wt_1429	-	Supuesta metaloproteasa de cinc ywhC;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1430	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1431	cobU	supuesta cobinamida cinasa/cobinamida fosfato guanililtransferasa
cds_wt_1432	cobT	Nicotinato-nucleótido-dimetilbencimidazol fosforribosiltransferasa; NN:DBI PRT; N
cds_wt_1433	gcvT	aminometiltransferasa
cds_wt_1434	-	Probable aminopeptidasa de citosol; leucina aminopeptidasa; LAP; leucil aminopeptidasa;
cds_wt_1435	pepB	supuesta aminopeptidasa
cds_wt_1436	-	proteína hipotética
cds_wt_1437	acoL	dihidrolipoamida deshidrogenasa
cds_wt_1438	sucB	supuesta dihidrolipoamida succiniltransferasa
cds_wt_1439	sucB	dihidrolipoamida aciltransferasa
cds_wt_1440	-	Proteína de UPF0105 SH2119;
cds_wt_1441	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_1442	lipB	lipoato-proteína ligasa B
cds_wt_1443	-	Lipoproteína yfgL;
cds_wt_1444	aspS	aspartil-ARNt sintetasa
cds_wt_1445	lipA	supuesta sintetasa de ácido lipoico
cds_wt_1446	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1447	-	Proteína no caracterizada R02095;
cds_wt_1448	-	Proteína no caracterizada Rv2219/MT2276;
cds_wt_1449	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_1450	cfxQ	Homólogo de proteína cfxQ;
cds_wt_1451	-	proteína hipotética
cds_wt_1452	iga	Inmunoglobulina A1 proteasa; IgA1 proteasa; metaloproteínasa de cinc específica de IgA;
cds_wt_1453	-	proteína hipotética
cds_wt_1454	-	Proteína essC;
cds_wt_1455	-	proteína hipotética
cds_wt_1456	-	proteína hipotética
cds_wt_1457	-	Proproteína convertasa subtilisina/kexina tipo 6; enzima 4 que escinde aminoácidos básicos emparejados; proteasa PACE4 similar a subtilisina/kexina; proproteína convertasa 4 similar a subtilisina; SPC4;
cds_wt_1458	-	proteína hipotética
cds_wt_1459	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1460	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1461	-	Subunidad beta' de ARN polimerasa dirigida a ADN; subunidad beta' de ARNP; subunidad beta' de transcriptasa; subunidad beta' de ARN polimerasa;
cds_wt_1462	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1463	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1464	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1465	-	proteína hipotética
cds_wt_1466	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1467	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1468	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1469	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1470	-	Proteína de UPF0133 ESA_02800;
cds_wt_1471	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1472	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1473	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1474	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_1475	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1476	-	proteína hipotética
cds_wt_1477	glaA	glutamina sintetasa
cds_wt_1478	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1479	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_1480	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_1481	-	proteína hipotética
cds_wt_1482	-	proteína hipotética
cds_wt_1483	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1484	marR	Regulador transcripcional de resistencia a hidroperóxido orgánico;
cds_wt_1485	glnE	glutamato-amoniaco-ligasa adenililtransferasa
cds_wt_1486	guaA	GMP sintasa
cds_wt_1487	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1488	ltrA	Proteína no caracterizada RA0937;
cds_wt_1489	-	Proteína transmembranaria de UPF0719 MAP_1032c;
cds_wt_1490	glnA	glutamina sintetasa
cds_wt_1491	nadE	NAD(+) sintetasa dependiente de glutamina
cds_wt_1492	panB	3-metil-2-oxobutanoato hidroximetiltransferasa
cds_wt_1493	rnr	supuesta ribonucleasa R
cds_wt_1494	-	3 similar a proteína renal de enfermedad poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_1495	MUC4	Mucina-4; MUC-4; mucina de adenocarcinoma pancreático; mucina de testículo; sialoglucoproteína de ascitis; ASGP; mucina traqueobronquial; Contiene: cadena alfa de mucina-4; sialoglucoproteína de ascitis 1; ASGP-1; Contiene cadena beta de mucina-4; sialoglucoproteína de ascitis 2; ASGP-2;
cds_wt_1496	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1497	asd	aspartato-semialdehído deshidrogenasa
cds_wt_1498	-	proteína hipotética
cds_wt_1499	vanY	D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa; DD-peptidasa; DD-carboxipeptidasa;
cds_wt_1500	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_1501	iluA	treonina deshidratasa
cds_wt_1502	gapA	gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_1503	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1504	-	Proteína transmembranaria de UPF0721 HI0198;
cds_wt_1505	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1506	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1507	-	Cotransportador 1 de sodio/glucosa; Na
cds_wt_1508	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1509	yvbX	quitinasa
cds_wt_1510	-	Isozimas de hígado/músculo 6PF-2-K/Fru-2,6-P2ASE; Incluye: 6-fosfofructo-2-cinasa; Incluye: Fructosa-2,6-bisfosfatasa;
cds_wt_1511	-	1 similar a sustrato 15 de receptor de factor de crecimiento epidérmico; proteína relacionada con Eps15; Eps15R; secuencia relacionada con el sustrato 15 de la vía de factor de crecimiento epidérmico; Eps15-rs;
cds_wt_1512	-	Proteína de UPF0135 CPE2004;
cds_wt_1513	-	Proteína de UPF0135 yqfO;
cds_wt_1514	dfp	proteína hipotética
cds_wt_1515	-	Regulador transcripcional tipo HTH immR;
cds_wt_1516	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_1517	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1518	-	Proteína de UPF0374 lwe1705;
cds_wt_1519	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1520	ahpE	supuesta proteína antioxidante específica de tiol
cds_wt_1521	-	Proteína no caracterizada Mb2263c;
cds_wt_1522	phdB	subunidad beta del componente E1 de piruvato deshidrogenasa
cds_wt_1523	-	2-oxoisovalerato deshidrogenasa
cds_wt_1524	-	Proteína de UPF0047 Mb2586c;
cds_wt_1525	aceE	componente E1 de piruvato deshidrogenasa
cds_wt_1526	gltX	glutamil-ARNt sintetasa
cds_wt_1527	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1528	-	Represor transcripcional tipo HTH fabR;
cds_wt_1529	-	Proteína no caracterizada Mb2266;
cds_wt_1530	fabD	proteína transacilasa transportadora de malonil CoA-acilo
cds_wt_1531	fabH	3-oxoacil-
cds_wt_1532	acpM	Proteína transportadora de acilo; ACP;
cds_wt_1533	fabF	3-oxoacil-
cds_wt_1534	pccB	cadena beta de propionil-CoA carboxilasa
cds_wt_1535	ybbD	beta-N-acetilglucosaminidasa (supuesta proteína secretada)
cds_wt_1536	-	proteína hipotética
cds_wt_1537	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1538	ecaB	anhidrasa carbónica
cds_wt_1539	-	Homoserina O-acetiltransferasa; homoserina O-trans-acetilasa; homoserina transacetilasa; HTA;
cds_wt_1540	-	helicasa IV;
cds_wt_1541	pfkB	Proteína bifuncional hldE; Incluye: D-beta-D-heptosa 7-fosfato cinasa; D-beta-D-heptosa 7-fosfotransferasa; Incluye: D-beta-D-heptosa 1-fosfato adenosiltransferasa;
cds_wt_1542	surE	fosfatasa ácida

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1543	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_1544	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1545	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1546	pknA	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_1547	merE	Regulador del transportador 1 de entrada multifármaco;
cds_wt_1548	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1549	cpdB	2',3'-cíclico-nucleótido 2'-fosfodiesterasa
cds_wt_1550	argS	arginil-ARNt sintetasa
cds_wt_1551	-	Proteína tirosina fosfatasa de tipo receptor S; R-PTP-S; proteína tirosina fosfatasa sigma de tipo receptor; R-PTP-sigma;
cds_wt_1552	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1553	-	Probable proteína de unión a transportador ABC DR_1438;
cds_wt_1554	-	proteína hipotética
cds_wt_1555	-	Nefrocistina-3;
cds_wt_1556	-	Homólogo de la enzima de maduración de sulfatasa anaerobia asIB; homólogo de AnSME;
cds_wt_1557	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1558	-	Nefrocistina-3;
cds_wt_1559	-	proteína hipotética
cds_wt_1560	ydeM	Homólogo de la enzima de maduración de sulfatasa anaerobia asIB; homólogo de AnSME;
cds_wt_1561	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1562	yokD	aminoglucósido N3-acetiltransferasa
cds_wt_1563	-	Transportador tipo MFS no caracterizado ykuC;
cds_wt_1564	PLB1	Fosfolipasa B1, asociada a membrana; Fosfolipasa B; fosfolipasa B/lipasa; PLB/LIP; fosfolipasa AdRab-B; Incluye: Fosfolipasa A2; Incluye: Lisofosfolipasa;
cds_wt_1565	-	Proteína E3 ubiquitina ligasa UHRF1; proteína 1 que contiene dominio de PHD y de dedo RING similar a ubiquitina; proteína 1 de dominios de PHD y de dedo RING que contiene similar a ubiquitina; proteína de unión a la caja CCAAT invertida de 90 kDa; factor de transcripción ICBP90; proteína de dedos de cinc nuclear Np95; proteína nuclear 95; HuNp95; proteína de dedo RING 106;
cds_wt_1566	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1567	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1568	mcpA	Proteína de dispersión de biopelícula bdIA; regulador de la quimiotaxia bdIA;
cds_wt_1569	-	Proteína de quimiotaxia cheW;
cds_wt_1570	cpo	proteína hipotética
cds_wt_1571	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1572	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1573	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1574	lacZ	beta-galactosidasa
cds_wt_1575	Ces7	Carboxilesterasa 7; homólogo de proteína eliminada urinaria similar a carboxilesterasa; cauxina; proteína del gen 615 específico de epididimitis;
cds_wt_1576	chiC	supuesta azúcar hidrolasa secretada

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1577	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1578	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1579	-	Proteína no caracterizada Rv1290c/MT1328;
cds_wt_1580	-	Regulador transcripcional tipo HTH hmrR; regulador de salida de cobre; regulador de exportación de cobre;
cds_wt_1581	sitS	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_1582	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1583	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1584	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1585	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1586	yefM	Proteína no caracterizada SC02235; ORFU1E;
cds_wt_1587	yoeB	Toxina yoeB;
cds_wt_1588	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1589	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1590	pcrA	supuesta ADN helicasa
cds_wt_1591	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1592	POX2	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_1593	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1594	-	proteína hipotética
cds_wt_1595	-	ribonucleasa BN
cds_wt_1596	nodJ	proteína de nodulación J;
cds_wt_1597	nodJ	proteína de nodulación J;
cds_wt_1598	nodI	Transportador ABC de nodulación NodI
cds_wt_1599	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica ADN primasa
cds_wt_1600	dnaG	ADN primasa
cds_wt_1601	dgt	desoxiguanosinetrifosfato trifosfohidrolasa
cds_wt_1602	-	proteína hipotética
cds_wt_1603	-	proteína hipotética
cds_wt_1604	-	ADAM 12; dominio 12 de desintegrina A y metaloproteína; meltrina-alfa;
cds_wt_1605	-	proteína hipotética
cds_wt_1606	-	proteína hipotética
cds_wt_1607	-	proteína del gen 77; Gp77;
cds_wt_1608	dus	Probable ARNt-dihidrouridina sintasa;
cds_wt_1609	-	Proteína no caracterizada yqeB;
cds_wt_1610	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_1611	glyS	glicil-ARNt sintetasa
cds_wt_1612	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1613	-	proteína hipotética
cds_wt_1614	scbA	Lipoproteína de unión a sustrato de transportador ABC de metal;
cds_wt_1615	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1616	zurA	Proteína de unión a ATP de importación de sulfato/tiosulfato cysA; ATPasa transportadora de sulfato;
cds_wt_1617	yceA	Proteína de membrana del sistema de transporte de hierro quelado yfeD;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1618	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado MJ1325;
cds_wt_1619	fur	Proteína de regulación de captación férrica; regulador de captación férrica;
cds_wt_1620	-	proteína hipotética
cds_wt_1621	-	proteína hipotética
cds_wt_1622	yfhM	hidrolasa, familia de pliegues alfa/beta
cds_wt_1623	ykoD	Proteína de unión a ATP de importación de ribosa rbsA;
cds_wt_1624	ykoC	Supuesta permeasa ybaF;
cds_wt_1625	-	proteína hipotética
cds_wt_1626	-	proteína hipotética
cds_wt_1627	-	Proteína de UPF0045 sII0230;
cds_wt_1628	-	hidrolasa, familia similar a haloácido deshalogenasa
cds_wt_1629	-	Miembro 5 de la familia de fosfoglicerato mutasa;
cds_wt_1630	uppS	supuesta undecaprenil pirofosfato sintetasa
cds_wt_1631	recO	Proteína de reparación de ADN recO; proteína de recombinación O;
cds_wt_1632	-	Proteína liaG;
cds_wt_1633	-	Supuesta O-acetiltransferasa SAV0974;
cds_wt_1634	era	homólogo era de proteína de unión a GTP;
cds_wt_1635	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1636	-	proteína hipotética
cds_wt_1637	-	Proteína de UPF0053 Mb2387c;
cds_wt_1638	phoH	Proteína similar a PhoH;
cds_wt_1639	adp	proteína hipotética
cds_wt_1640	-	beta-glucosidasa
cds_wt_1641	matE	Proteína de resistencia multifármaco mdtK; transportador de entrada de multifármaco;
cds_wt_1642	-	Proteína no caracterizada yqjI;
cds_wt_1643	sdrD	Metiltransferasa E de subunidad pequeña de ARN ribosómico; metiltransferasa m3U1498de 16S ARNr;
cds_wt_1644	dnaJ	Proteína chaperona dnaJ;
cds_wt_1645	hrcA	Represor de la transcripción inducible por calor hrcA;
cds_wt_1646	-	supuesta proteína de membrana interna
cds_wt_1647	hemN	supuesta coproporfinógeno III oxidasa independiente de oxígeno
cds_wt_1648	-	enoil-CoA hidratasa
cds_wt_1649	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_1650	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1651	-	Proteína de UPF0410 yeaQ;
cds_wt_1652	lepA	Factor de elongación de unión a GTP
cds_wt_1653	-	proteína hipotética
cds_wt_1654	-	proteína hipotética
cds_wt_1655	-	proteína hipotética
cds_wt_1656	-	proteína hipotética
cds_wt_1657	rpsT	Proteína ribosómica de 30S S20;
cds_wt_1658	-	Colágeno alfa-5

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1659	holA	supuesta ADN polimerasa III, subunidad delta
cds_wt_1660	-	Proteína 3 de operón ComE;
cds_wt_1661	-	Proteína 1 de operón ComE;
cds_wt_1662	hemK	supuesta metiltransferasa
cds_wt_1663	-	proteína hipotética
cds_wt_1664	degV	Proteína de UPF0230 lin2658;
cds_wt_1665	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1666	gpm2	supuesta fosfoglicerato mutasa
cds_wt_1667	-	Homólogo de proteína no caracterizada C7orf30;
cds_wt_1668	nadD	supuesta nicotinato-nucleótido adenililtransferasa
cds_wt_1669	tcsA	Proteína A del sistema de dos componentes;
cds_wt_1670	pepN	supuesta aminopeptidasa
cds_wt_1671	trpS	triptofanoil-ARNt sintetasa
cds_wt_1672	-	N-acetiltransferasa no caracterizada ysnE;
cds_wt_1673	obg	Proteína de unión a GTP no caracterizada yhbZ;
cds_wt_1674	rpmA	proteína ribosómica de 50S L27, cloroplástica; CL27;
cds_wt_1675	rplU	proteína ribosómica de 50S L21;
cds_wt_1676	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1677	rne	posible ribonucleasa
cds_wt_1678	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1679	-	proteína hipotética
cds_wt_1680	-	proteína hipotética
cds_wt_1681	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1682	rsbU	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_1683	yvfQ	supuesta hidrolasa
cds_wt_1684	-	Supuesta ADN helicasa ino80;
cds_wt_1685	plsC	1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa
cds_wt_1686	ileS	isoleucil-ARNt sintetasa
cds_wt_1687	ndk	nucleósido difosfato cinasa
cds_wt_1688	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_1689	Ttn	Titina; conectina;
cds_wt_1690	-	proteína hipotética
cds_wt_1691	folC	folilpoliglutamato sintasa / dihidrofolato sintasa
cds_wt_1692	valS	valil-ARNt sintetasa
cds_wt_1693	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1694	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1695	Nit1	nitrilasa 1
cds_wt_1696	-	proteína hipotética
cds_wt_1697	clpX	Subunidad de unión a ATP de proteasa clp dependiente de ATP dpX
cds_wt_1698	-	Subunidad 2 proteolítica de proteasa Clp dependiente de ATP
cds_wt_1699	clpP	Factor Trigger de la subunidad 1 proteolítica de proteasa Clp dependiente de ATP; TF;
cds_wt_1700	tig	Factor desencadenante; TF;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1701	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_1702	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1703	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1704	pfpl	Proteasa 1 intracelular; proteasa I intracelular;
cds_wt_1705	pfpl	Pfpl
cds_wt_1706	adhC	supuesta alcohol deshidrogenasa
cds_wt_1707	fdh	superfamilia de alcohol deshidrogenasa que contiene cinc
cds_wt_1708	-	proteína de 17,2 kDa no caracterizada en la región intergénica melC2-rnhH; ORF3;
cds_wt_1709	-	Proteína no caracterizada HI0828;
cds_wt_1710	vpr	Proteasa 2 similar a furina; furina-2;
cds_wt_1711	yceJ	Transportador tipo MFS no caracterizado yceJ;
cds_wt_1712	sigK	Factor sigma de ARN polimerasa sigK; factor sigma-K
cds_wt_1713	-	Factor anti-sigma-K rskA; regulador de sigK;
cds_wt_1714	-	Proteína inducida por el factor beta de crecimiento transformante ig-h3; beta ig-h3; querato-epitelina; proteína asociada a colágeno que contiene RGD; RGD-CAP;
cds_wt_1715	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1716	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1717	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1718	cadC	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio;
cds_wt_1719	-	proteína hipotética
cds_wt_1720	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1721	-	Probable manano sintasa 9; proteína A9 similar a celulosa sintasa; OsCslA9;
cds_wt_1722	-	Subunidad RPB1 de ARN polimerasa II dirigida a ADN; subunidad B1 de ARN polimerasa II; subunidad A de ARN polimerasa II dirigida a ADN; subunidad más grande de ARN polimerasa III dirigida a ADN;
cds_wt_1723	eis	Proteína de UPF0256 SAV_4024;
cds_wt_1724	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1725	rpiA	ribosa 5-fosfato isomerasa A
cds_wt_1726	estA	esterasa/lipasa/tioesterasa
cds_wt_1727	-	proteína hipotética
cds_wt_1728	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1729	pepN	aminopeptidasa N
cds_wt_1730	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1731	-	proteína hipotética
cds_wt_1732	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1733	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1734	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_1735	-	proteína hipotética
cds_wt_1736	mscS	Canal mecanosensible de pequeña conductancia;
cds_wt_1737	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yuxJ; ORF1;
cds_wt_1738	glbO	Proteína similar a hemoglobina HbO; hemoglobina truncada; trHbO;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1739	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1740	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1741	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1742	-	Supuesta acil-CoA tioéster hidrolasa ybaW;
cds_wt_1743	-	probable transportador ABC de proteína de unión a ATP de transporte de macrólidos
cds_wt_1744	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1745	otsA	alfa,alfa-trehalosa-fosfato sintasa
cds_wt_1746	cysG	uroporfirina-III C-metiltransferasa / precorrina-2 oxidasa / ferroquelatasa
cds_wt_1747	cobT	nicotinato-nucleótido--dimetilbencimidazol fosforribosiltransferasa
cds_wt_1748	cobC	supuesta aminotransferasa
cds_wt_1749	ponA	supuesta proteína de unión a penicilina
cds_wt_1750	-	proteína hipotética
cds_wt_1751	cobB	a,c-diamida sintasa de ácido cobirínico
cds_wt_1752	-	proteína hipotética
cds_wt_1753	ligB	ADN ligasa
cds_wt_1754	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1755	pcpB	monooxigenasa, que se une a FAD
cds_wt_1756	-	Dipeptidasa no específica citosólica; dipeptidasa CNBP 2; proteína 1 similar a glutamato carboxipeptidasa; peptidasa A;
cds_wt_1757	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_1758	cobQ	sintasa de ácido cobirínico
cds_wt_1759	cobD	proteína biosintético de cobalamina
cds_wt_1760	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1761	Ssb1	Proteína de unión a ADN monocatenario; SSB; proteína desestabilizante de la hélice;
cds_wt_1762	-	Probable serina hidrolasa C5E4.05c;
cds_wt_1763	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1764	-	proteína hipotética
cds_wt_1765	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1766	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1767	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1768	serA	D-3-fosfoglicerato deshidrogenasa
cds_wt_1769	-	Desintegrina A y metaloproteinasas con motivos 7 de trombospondina; ADAMTS-7; ADAM-TS 7; ADAM-TS7; COMPasa;
cds_wt_1770	yhcZ	Glutamato metilesterasa 1 de proteína reguladora de la respuesta de quimiotaxia;
cds_wt_1771	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1772	-	proteína hipotética
cds_wt_1773	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yxaD;
cds_wt_1774	-	Transportador tipo MFS no caracterizado C16A3.17c;
cds_wt_1775	-	Monooxigenasa degradadora de hemo isdG; determinante de la superficie regulado por hierro isdG; determinante de la superficie sensible a hierro isdG; hemo oxigenasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1776	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1777	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1778	-	Proteína de UPF0713 yngL;
cds_wt_1779	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1780	-	Proteína no caracterizada ML1177;
cds_wt_1781	ydzA	Proteína no caracterizada Rv1342c/MT1383;
cds_wt_1782	-	Proteína no caracterizada Mb2213c;
cds_wt_1783	hrdB	Factor sigma principal de ARN polimerasa hrdB;
cds_wt_1784	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1785	ywfD	deshidrogenasa/reductasa de cadena corta SDR
cds_wt_1786	-	Timidilato cinasa; dTMP cinasa;
cds_wt_1787	-	proteína hipotética
cds_wt_1788	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1789	-	proteína hipotética
cds_wt_1790	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1791	-	proteína de señalización ykoW;
cds_wt_1792	-	Probable GTP pirofosfocinasa; ATP:GTP 3'-pirofosfotransferasa; ppGpp sintetasa I;
cds_wt_1793	aglA	supuesta alfa-glucosidasa
cds_wt_1794	proP	Homólogo 1 de spinster de proteína;
cds_wt_1795	xylB	xilulosa cinasa
cds_wt_1796	xylA	xilosa isomerasa
cds_wt_1797	xylR	Supuesto represor de xilosa;
cds_wt_1798	xylR	represor transcripcional del operón de xilosa
cds_wt_1799	-	Proteína no caracterizada Rv1836c/MT1884;
cds_wt_1800	-	6-fosfogluconolactonasa; 6-P-gluconolactonasa;
cds_wt_1801	-	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_1802	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_1803	-	proteína hipotética
cds_wt_1804	-	proteína hipotética
cds_wt_1805	PHY1	Fitocromo 1;
cds_wt_1806	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_1807	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1808	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1809	-	Metaloproteasa de cinc zmpB;
cds_wt_1810	nahB	beta-N-acetilhexosaminidasa
cds_wt_1811	paiA	N-acetiltransferasa no caracterizada Mb2688;
cds_wt_1812	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yobV;
cds_wt_1813	corA	Proteína de transporte de cinc zntB;
cds_wt_1814	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1815	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1816	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1817	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_1818	phoB	Glutamato metilesterasa de proteína reguladora de la respuesta de quimiotaxia;
cds_wt_1819	-	probable oxidorreductasa
cds_wt_1820	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1821	-	Factor de transcripción de silenciamiento de RE-1; factor silenciador restrictivo neural;
cds_wt_1822	ftrA	regulador transcripcional, familia AraC
cds_wt_1823	-	Proteína de UPF0176 sII0765;
cds_wt_1824	-	supuesta proteína de unión a ATP/GTP secretada
cds_wt_1825	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica;
cds_wt_1826	-	Proteína de entrada de leucina;
cds_wt_1827	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1828	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1829	pac	Puromicina N-acetiltransferasa;
cds_wt_1830	-	Importador de putrescina;
cds_wt_1831	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1832	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_1833	-	proteína hipotética
cds_wt_1834	-	proteína hipotética
cds_wt_1835	-	Nucleoporina NUP159; proteína de poro nuclear NUP159;
cds_wt_1836	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1837	-	Proteína no caracterizada y4IL;
cds_wt_1838	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_1839	yqiK	Proteína de membrana interna yqiK;
cds_wt_1840	-	proteína hipotética
cds_wt_1841	-	proteína hipotética
cds_wt_1842	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1843	cypA	supuesta citocromo P450
cds_wt_1844	-	Supuesta citocromo P450 141;
cds_wt_1845	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1846	-	proteína sensora vraS;
cds_wt_1847	-	Regulador de respuesta proteína vraR;
cds_wt_1848	azr	NADPH azoreductasa;
cds_wt_1849	-	Endoglucanasa 6; Endo-1,4-beta glucanasa 6;
cds_wt_1850	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1851	lppS	Proteína no caracterizada Mb0493;
cds_wt_1852	lppS	Proteína no caracterizada Mb0493;
cds_wt_1853	-	Amino-ácido acetiltransferasa; N-acetilglutamato sintasa; AGS; NAGS;
cds_wt_1854	ymcC	proteína hipotética
cds_wt_1855	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1856	-	proteína hipotética
cds_wt_1857	rpoD	Factor sigma de ARN polimerasa sigZ;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1858	celB	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_1859	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1860	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1861	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1862	istA	Probable transposasa para elemento de inserción secuencia IS701;
cds_wt_1863	orn	supuesta oligorribonucleasa
cds_wt_1864	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_1865	copC	Proteína de membrana interna yebZ;
cds_wt_1866	sigC	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_187	-	proteína hipotética
cds_wt_1868	pknE	Na
cds_wt_1869	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1870	-	Proteína de replicación y reparación de ADN recF;
cds_wt_1871	-	proteína hipotética
cds_wt_1872	-	Proteína de choque alcalina 23;
cds_wt_1873	-	Proenzima de S-adenosilmetionina descarboxilasa; AdoMetDC; SAMDC; Contiene: cadena beta de S-adenosilmetionina descarboxilasa; Contiene: cadena alfa de S-adenosilmetionina descarboxilasa;
cds_wt_1874	bcp	Probable peroxirredoxina;
cds_wt_1875	yoaJ	Expansina-A8; AtEXPA8; alfa-expansina-8; At-EXP8; AtEx8; Ath-ExpAlfa-1.11;
cds_wt_1876	-	Sulfurasa de cofactor de molibdeno; sulfurasa de MoCo; MOS;
cds_wt_1877	rpiR	Glucosamina-fructosa-6-fosfato aminotransferasa
cds_wt_1878	hutU	urocanato hidratasa
cds_wt_1879	allC	alantoato amidohidrolasa
cds_wt_1880	hutF	supuesta clorohidrolasa
cds_wt_1881	hutI	imidazolonpropionasa
cds_wt_1882	hutH	histidina amoniaco-liasa
cds_wt_1883	-	Proteína HAM1
cds_wt_1884	rphA	ribonucleasa PH
cds_wt_1885	-	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_1886	-	Ribonucleasa Z; RNasa Z; tRNasa Z; endonucleasa 3 de ARNt;
cds_wt_1887	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1888	cysM	supuesta cisteína sintasa
cds_wt_1889	-	Proteína de UPF0084 slr0821;
cds_wt_1890	-	Proteína no caracterizada Mb1369;
cds_wt_1891	-	Proteína no caracterizada Mb1367;
cds_wt_1892	pncB	proteína hipotética
cds_wt_1893	pnaA	pirazinamidasa / nicotinamidasa
cds_wt_1894	-	L-azetidina-2-ácido carboxílico acetiltransferasa;
cds_wt_1895	ssuD	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH2;
cds_wt_1896	-	Proteína 1 de transcrito abundante en el hipocampo;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1897	JNA2	Poligalacturonasa; PG; pectinasa; principal alérgeno del polen Jun a 2; Nombre alternativo: Alérgeno=Jun a 2;
cds_wt_1898	ctaD	citocromo-c oxidasa
cds_wt_1899	ABA2	Zeaxantina epoxidasa, cloroplástica;
cds_wt_1900	lig3	proteína hipotética
cds_wt_1901	ygjK	Proteína no caracterizada ygjK;
cds_wt_1902	-	formaldehído deshidrogenasa dependiente de NAD/factor
cds_wt_1903	marR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yetL;
cds_wt_1904	-	Proteína no caracterizada y4IL;
cds_wt_1905	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1906	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1907	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1908	-	Helicasa similar a 2 de ADN; homólogo similar a helicasa dependiente de ATP de replicación de ADN;
cds_wt_1909	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1910	-	Fosfoserina fosfatasa rsbP;
cds_wt_1911	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1912	-	proteína hipotética
cds_wt_1913	-	proteína hipotética
cds_wt_1914	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1915	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1916	-	proteína hipotética 2SC7G11.36
cds_wt_1917	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_1918	-	Nefrocistina-3;
cds_wt_1919	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_1920	-	Transportador 2 de monocarboxilato; MCT 2; miembro 7 de la familia 16 de transportadores de soluto;
cds_wt_1921	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_1922	tapB	Proteína de ensamblaje del pilo tipo IV;
cds_wt_1923	pilT	Proteína de motilidad por contracciones;
cds_wt_1924	tapC	Proteína de ensamblaje del pilo tipo IV tapC;
cds_wt_1925	fimA	Proteína fimbrial; pilina; serogrupo B1/AC293; peptidasa conductora (prepilina peptidasa) / N-metiltransferasa
cds_wt_1926	pilD	Proteína chaperona dnaK; proteína de choque térmico 70;
cds_wt_1927	pilM	Proteína de choque térmico de 70 kDa; HSP70;
cds_wt_1928	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1929	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1930	-	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH ₂ ;
cds_wt_1931	mtaP	5'-metiltioadenosina fosforilasa
cds_wt_1932	-	Proteína de UPF0301 VC_0467;
cds_wt_1933	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1934	-	supuesta proteína de membrana

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1935	pntB	piridina nucleótido transhidrogenasa, subunidad beta
cds_wt_1936	pntA	subunidad alfa de NAD(P) transhidrogenasa
cds_wt_1937	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1938	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1939	rpoE	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;
cds_wt_1940	-	Regulador transcripcional tipo HTH immR;
cds_wt_1941	-	supuesta proteína reguladora
cds_wt_1942	-	Termolisina; proteinasa neutra termoestable;
cds_wt_1943	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1944	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1945	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1946	-	Proteína no caracterizada Rv2079/MT2140;
cds_wt_1947	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1948	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1949	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1950	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1951	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1952	-	proteína hipotética
cds_wt_1953	-	2',3'-cíclico-nucleótido 2'-fosfodiesterasa;
cds_wt_1954	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1955	-	supuesta proteína similar a MutT
cds_wt_1956	-	proteína hipotética
cds_wt_1957	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1958	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1959	ftsK	ADN translocasa ftsK;
cds_wt_1960	-	Proteína no caracterizada y4bA/y4pH;
cds_wt_1961	cenB	Endoglucanasa B; endo-1,4-beta-glucanasa B; celulasa B;
cds_wt_1962	smpB	Proteína de unión a SsrA;
cds_wt_1963	-	proteína hipotética
cds_wt_1964	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1965	ftsX	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_1966	ftsE	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_1967	prfB	Factor 2 de liberación de la cadena de péptidos; RF-2;
cds_wt_1968	padR	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_1969	-	Proteína 17 que contiene dominio de dedos de cinc y BTB; proteína 151 de dedos de cinc; proteína Z13 de dedos de cinc; Banderas: Fragmento;
cds_wt_1970	-	proteína hipotética
cds_wt_1971	-	Subunidad alfa-1A de canal de calcio tipo P/Q dependiente de voltaje; subunidad alfa Cav2.1 de canal de calcio controlado por voltaje; canal de calcio, tipo L, isoforma 4 de polipéptido alfa-1; canal I de calcio cerebral; BI;
cds_wt_1972	secA	Subunidad de translocasa de proteína secA;
cds_wt_1973	hat2	Probable GMP sintasa
cds_wt_1974	-	Proteína no caracterizada SH2139;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_1975	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1976	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_1977	-	Lipoproteína lpqB;
cds_wt_1978	mtrB	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_1979	mtrA	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_1980	-	proteína hipotética
cds_wt_1981	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_1982	manA	supuesta manosa-6-fosfato isomerasa
cds_wt_1983	tp37	Transportador 9 de cinc; ZnT-9; miembro 9 de la familia 30 de transportadores de soluto;
cds_wt_1984	-	proteína hipotética
cds_wt_1985	-	Tetraacildisacárido 4'-cinasa; 4'-cinasa de lípido A;
cds_wt_1986	pmmA	fosfomanomutasa
cds_wt_1987	nfi	endonucleasa V
cds_wt_1988	-	Proteína de 47,3 kDa no caracterizada en la región 5' de thcA; ORF3;
cds_wt_1989	aldA	aldehído deshidrogenasa
cds_wt_1990	-	proteína hipotética
cds_wt_1991	nodB	supuesta desacetilasa
cds_wt_1992	-	proteína hipotética
cds_wt_1993	-	proteína hipotética
cds_wt_1994	whiB	probable WhiB2 similar a WhiB de proteína reguladora transcripcional
cds_wt_1995	fbiC	proteína hipotética
cds_wt_1996	-	proteína piccolo; aczonina;
cds_wt_1997	fbiA	LPPG:FO 2-fosfo-L-lactato transferasa
cds_wt_1998	-	Proteína de 45,4 kDa no caracterizada en la región 5' de tiaminasa;
cds_wt_1999	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2000	manC	manosa-1-fosfato guanililtransferasa
cds_wt_2001	rfbW	probable glucosiltransferasa
cds_wt_2002	-	proteína hipotética
cds_wt_2003	-	supuesta acil-CoA hidrolasa
cds_wt_2004	Trio	Proteína de dominio funcional triple;
cds_wt_2005	-	Proteína relacionada con patógenos;
cds_wt_2006	megL	metionina gamma-liasa
cds_wt_2007	aro8	Glutamato-1-semialdehído 2,1-aminomutasa; GSA; Glutamato-1-semialdehído aminotransferasa; GSA-AT;
cds_wt_2008	srfJ	glucosil hidrolasa
cds_wt_2009	-	supuesta hidrolasa secretada
cds_wt_2010	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_2011	-	Proteína no caracterizada Rv2079/MT2140;
cds_wt_2012	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_2013	AMID	proteína similar a NADH deshidrogenasa SAS0811;
cds_wt_2014	leuA	2-isopropilmalato sintasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2015	-	Enzima de maduración de sulfatasa anaerobia; AnSME; enzima de activación de sulfatasa tipo Ser; proteína de regulación de la utilización de sulfato de condroitina/heparina;
cds_wt_2016	-	Proteína tolB;
cds_wt_2017	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_2018	-	Proteína tolB;
cds_wt_2019	dhbF	Subunidad D de plipastatina sintetasa; péptido sintetasa 4; Incluye: prolina adenilasa dependiente de ATP; ProA 1; Prolina activasa 1; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa 2 dependiente de ATP; TyrA 2; Tirosina activasa 2;
cds_wt_2020	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_2021	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado MJ0229;
cds_wt_2022	lgrC	Subunidad C de gramicidina sintetasa lineal; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: D-valina adenilasa dependiente de ATP; D-ValA; D-valina activasa; Incluye: Valina racemasa
cds_wt_2023	-	Gramicidina S sintetasa 2; gramicidina S sintetasa II; Incluye: prolina adenilasa dependiente de ATP; ProA; Prolina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; Leucina activasa;
cds_wt_2024	mbtH	Proteína mbtH;
cds_wt_2025	olmC	S-acil ácido graso sintasa tioesterasa, cadena media; oleoil-ACP hidrolasa; tioesterasa II; proteína 1 que contiene el dominio de tioesterasa;
cds_wt_2026	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2027	-	Supuesta proteína de membrana mmpL11;
cds_wt_2028	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2029	spcT	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_2030	pbp	proteína de unión a penicilina, supuesta
cds_wt_2031	tycC	Tirocidina sintetasa 3; tirocidina sintetasa III; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; Asparagina activasa; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa dependiente de ATP; TyrA; Tirosina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; Leucina activasa;
cds_wt_2032	tycC	Tirocidina sintetasa 3; tirocidina sintetasa III; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; Asparagina activasa; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa dependiente de ATP; TyrA; Tirosina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; Leucina activasa;
cds_wt_2033	tycC	Tirocidina sintetasa 3; tirocidina sintetasa III; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; Asparagina activasa; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa dependiente de ATP; TyrA; Tirosina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; Leucina activasa;
cds_wt_2034	-	Proteína mbtH;
cds_wt_2035	-	supuesta proteína similar a SyrP

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2036	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_2037	abcA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_2038	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2039	-	Proteína de resistencia multifármaco 2; P-glucoproteína 2;
cds_wt_2040	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2041	-	supuesta asparagina sintetasa
cds_wt_2042	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2043	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_2044	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_205	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2046	ocd	supuesta ornitina ciclodesaminasa
cds_wt_2047	-	Proteína de familia de enzima dependiente de piridoxal-fosfato/familia de onitina ciclodesaminasa
cds_wt_2048	argF	ornitina carbamoiltransferasa
cds_wt_2049	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2050	-	4'-fosfopanteteinil transferasa entD; componente D de enterobactina sintetasa; sintasa D de enteroquelina;
cds_wt_2051	aveR	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_2052	leuA	2-isopropilmalato sintasa
cds_wt_2053	urah	5-hidroxiisourato hidrolasa; HIU hidrolasa; HIUasa; proteína relacionada con transtirretina;
cds_wt_2054	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2055	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_2056	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2057	lolD	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_2058	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2059	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2060	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2061	-	Proteína cph2 similar a fitocromo; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_2062	-	proteína hipotética
cds_wt_2063	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2064	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2065	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2066	-	Proteína 71 que contiene motivo tripartito; homólogo de Lin-41;
cds_wt_2067	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2068	-	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_2069	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2070	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2071	purE	subunidad catalítica de fosforribosilaminoimidazol carboxilasa
cds_wt_2072	purK	supuesta subunidad de ATPasa de fosforribosilaminoimidazol carboxilasa
cds_wt_2073	yyaL	proteína 20 asociada a la espermatogénesis; proteína 411 específica de espermatozoides; Ssp411;
cds_wt_2074	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2075	-	Proteína no caracterizada y4IL;
cds_wt_2076	mca	Probable N-acetilglucosaminil-fosfatidilinositol des-N-acetilasa;
cds_wt_2077	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2078	greA	Factor de elongación de la transcripción greA; factor de escisión de transcrito greA;
cds_wt_2079	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_2080	ilvA	treonina deshidratasa
cds_wt_2081	nylA	amidasa
cds_wt_2082	metB	cistationina gamma-sintasa
cds_wt_2083	msrA	metionina sulfoxido reductasa A
cds_wt_2084	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2085	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2086	-	Proteína no caracterizada Rv2226/MT2285;
cds_wt_2087	ppk2	Proteína no caracterizada en la región 3' de chlN; URF2; Banderas: Fragmento;
cds_wt_2088	elaC	ribonucleasa Z
cds_wt_2089	-	N-acetiltransferasa no caracterizada yual;
cds_wt_2090	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2091	hrtA	serina proteasa
cds_wt_2092	cbs	cistationina beta-sintasa
cds_wt_2093	-	proteína hipotética
cds_wt_2094	-	proteína hipotética
cds_wt_2095	-	proteína hipotética
cds_wt_2096	-	supuesta tiolasa
cds_wt_2097	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2098	-	proteína hipotética
cds_wt_2099	ndh3	proteína hipotética supuesta oxidoreductasa
cds_wt_2100	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2101	-	Proteína no caracterizada yeaD;
cds_wt_2102	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2103	-	Proteína no caracterizada yeaC;
cds_wt_2104	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2105	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2106	-	supuesta proteína transmembranaria
cds_wt_2107	-	Proteína no caracterizada ML1105;
cds_wt_2108	-	Factor de elongación de la transcripción SPT5; hSPT5; subunidad grande del factor inductor de sensibilidad de DRB; subunidad grande de DSIF; DSIF p160; proteína 1 cotransactivadora de Tat; proteína Tat-CT1;
cds_wt_2109	gppA	proteína hipotética
cds_wt_2110	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_2111	-	proteína hipotética
cds_wt_2112	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_2113	eno	enolasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2114	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2115	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2116	-	proteína hipotética
cds_wt_2117	-	Homólogo mazG de proteína;
cds_wt_2118	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2119	mfd	Factor de acoplamiento de reparación de la transcripción; TRCF; helicasa dependiente de ATP mfd;
cds_wt_2120	hoxX	probable sensor proteína
cds_wt_2121	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2122	ppc	fosfoenolpiruvato carboxilasa
cds_wt_2123	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2124	qor	quinona oxidoreductasa
cds_wt_2125	arsR	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_2126	-	posible proteína de membrana integral
cds_wt_2127	-	Transportador ABC, proteína de unión a ATP
cds_wt_2128	-	posible proteína de membrana integral
cds_wt_2129	bcrA	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_2130	-	Endoglucanasa H; endo-1,4-beta-glucanasa H; EgH; celulasa H;
cds_wt_2131	cysD	sulfato adenililtransferasa
cds_wt_2132	etk	Proteína tirosina-cinasa etk;
cds_wt_2133	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2134	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2135	-	similar a N-desacetilasa/N-sulfotransferasa (heparan glucosaminil) 4
cds_wt_2136	tp56	Proteína de membrana no caracterizada MJ1068;
cds_wt_2137	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2138	-	Endoglucanasa H; endo-1,4-beta-glucanasa H; EgH; celulasa H;
cds_wt_2139	-	proteína hipotética
cds_wt_2140	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2141	tagA	glucosil transferasa WecB/TagA/CpsF
cds_wt_2142	-	Carbohidrato sulfotransferasa 4; N-acetilglucosamina 6-O-sulfotransferasa 2; GlcNAc6ST-2; N-acetilglucosamina 6-O-sulfotransferasa de células endoteliales superiores; HEC-GlcNAc6ST; sulfotransferasa de ligando de L-selectina; LSST; galactosa/N-acetilglucosamina/N-acetilglucosamina 6-O-sulfotransferasa 3; GST-3;
cds_wt_2143	-	Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 10; polipéptido GalNAc transferasa 10; pp-GaNTasa 10; GalNAc-T10; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 10; UDP-GalNAc: polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 10;
cds_wt_2144	ygbI	Supuesto represor transcripcional de operón aga;
cds_wt_2145	galT	galactosa-1-fosfato uridililtransferasa
cds_wt_2146	icd1	isocitrato deshidrogenasa
cds_wt_2147	hglK	proteína que contiene dominio BTB/POZ KCTD9;
cds_wt_2148	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2149	purH	fosforribosilaminoimidazolcarboxamida formiltransferasa / IMP ciclohidrolasa
cds_wt_2150	purN	fosforribosilglicinamida formiltransferasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2151	-	Proteína no caracterizada Mb0980;
cds_wt_2152	sucD	supuesta subunidad alfa de succinil-CoA sintetasa
cds_wt_2153	sucC	cadena beta de succinil-CoA sintetasa
cds_wt_2154	icmB	metilmalonil-CoA mutasa, subunidad alfa, cadena B
cds_wt_2155	nlpD	Lipoproteína no caracterizada ygeR;
cds_wt_2156	nlpD	Transglucosilasa no caracterizada derivada de profago SPBc2 yomI;
cds_wt_2157	uvrD	ADN helicasa II
cds_wt_2158	-	5'-nucleotidasa
cds_wt_2159	-	3-deshidroquinato deshidratasa; 3-deshidroquinasa; DHQasa tipo I;
cds_wt_2160	appF	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_2161	dppD	Proteína de unión a ATP de transporte de dipéptido dppD;
cds_wt_2162	dppC	Proteína permeasa del sistema de transporte de oligopéptidos oppC;
cds_wt_2163	dppB	Proteína permeasa del sistema de transporte de níquel nikB;
cds_wt_2164	dppA	Proteína de unión al oligopéptido periplásmico;
cds_wt_2165	narL	Proteína reguladora de la respuesta nitrato/nitrito narP;
cds_wt_2166	-	Histidina cinasa similar a sensor no caracterizada Caur_0899;
cds_wt_2167	Pclo	Proteína piccolo; aczonina; proteína de citomatrix presináptica multidominio;
cds_wt_2168	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2169	psd	fosfatidilserina descarboxilasa CDP-diacilglicerol--serina O-
cds_wt_2170	pssA	fosfatidiltransferasa; fosfatidilserina sintasa;
cds_wt_2171	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_2172	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_2173	guaA	GMP sintasa
cds_wt_2174	lytR	Proteína unida a la membrana lytR;
cds_wt_2175	-	Leucotrieno A-4 hidrolasa; leucotrieno A
cds_wt_2176	guaB	supuesta inosina-5'-monofosfato deshidrogenasa
cds_wt_2177	guaB	inosina-5'-monofosfato deshidrogenasa
cds_wt_2178	-	Proteína no caracterizada ML0386;
cds_wt_2179	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2180	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yxjL;
cds_wt_2181	wblB	WhiB3 similar a WhiB de proteína reguladora transcripcional
cds_wt_2182	soxC	probable sulfito oxidasa
cds_wt_2183	-	Proteasa de cinc no caracterizada Rv2782c/MT2852;
cds_wt_2184	-	proteína hipotética
cds_wt_2185	xylR	Represor de xilosa;
cds_wt_2186	lscC	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 lscC;
cds_wt_2187	-	proteína permeasa del sistema de importación AI-2 lscC;
cds_wt_2188	xylF	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_2189	ybaK	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de
cds_wt_2190	-	nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
		Prolil-ARNt sintetasa; Prolina--ARNt ligasa; ProRS;
		23S ARNr
		Chaperonina de 10 kDa; proteína Cpn10; proteína groES;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2191	-	Chaperonina de 60 kDa; proteína Cpn60; proteína groEL;
cds_wt_2192	-	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_2193	yfiC	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_2194	yhel	supuesta glucoproteasa
cds_wt_2195	gcp	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_2196	riml	Probable O-sialoglucoproteína endopeptidasa;
cds_wt_2197	-	Glucoproteasa;
cds_wt_2198	ung	uracil-ADN glucosilasa
cds_wt_2199	-	Proteína de unión a ATP de UPF0079 RF_0017;
cds_wt_2200	hpx	supuesta hidrolasa
cds_wt_2201	alr	alanina racemasa
cds_wt_2202	-	Proteína no caracterizada yjeF;
cds_wt_2203	acpS	Holo-
cds_wt_2204	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2205	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2206	-	Proteína no caracterizada Rv2079/MT2140;
cds_wt_2207	glmS	supuesta L-glutamina-D-fructosa-6-fosfato amidotransferasa
cds_wt_2208	-	Supuesta proteína de membrana mmpS4; PGB14T-X;
cds_wt_2209	dapC	N-succinildiaminopimelato aminotransferasa
cds_wt_2210	mrsA	supuesta fosfoglucomutasa/fosfomanomutasa
cds_wt_2211	rpsl	Proteína ribosómica de 30S S9;
cds_wt_2212	rplM	Proteína ribosómica de 50S L13;
cds_wt_2213	yjjA	Supuesta uroporfirinógeno-III sintasa; UROS; hidroximetilbilano hidrolasa
cds_wt_2214	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_2215	-	proteína hipotética
cds_wt_2216	-	proteína hipotética
cds_wt_2217	virA	Proteína virA de amplio intervalo de huéspedes; WHR virA;
cds_wt_2218	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_2219	-	Ribonucleasa; barnasa; RNasa Ba;
cds_wt_2220	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica;
cds_wt_2221	Zan	Zonadhesina;
cds_wt_2222	thiC	Proteína de biosíntesis tiamina thiC;
cds_wt_2223	thiD	fosfometilpirimidina cinasa
cds_wt_2224	-	Tiamina-fosfato pirofosforilasa; TMP pirofosforilasa; TMP-PPasa; tiamina-fosfato sintasa;
cds_wt_2225	thiG	Proteína de la biosíntesis de tiazol thiG;
cds_wt_2226	thiO	Subunidad pequeña de D-aminoácido deshidrogenasa;
cds_wt_2227	thiE	tiamina-fosfato pirofosforilasa
cds_wt_2228	-	Supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC MA_1747;
cds_wt_2229	-	L11 metiltransferasa de proteína ribosómica; L11 Mtasa;
cds_wt_2230	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2231	truA	ARNt pseudouridina sintasa A
cds_wt_2232	rplQ	Proteína ribosómica de 50S L17;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2233	rpoA	Cadena alfa de ARN polimerasa dirigida a ADN
cds_wt_2234	rpsD	Proteína ribosómica de 30S S4;
cds_wt_2235	rpsK	Proteína ribosómica de 30S S11;
cds_wt_2236	rpsM	Proteína ribosómica de 30S S13;
cds_wt_2237	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2238	infA	Factor de iniciación de la traducción IF-1;
cds_wt_2239	-	Proteína no caracterizada Rv0966c/MT0994;
cds_wt_2240	map	metionina aminopeptidasa
cds_wt_2241	adk	adenilato cinasa
cds_wt_2242	secY	Subunidad secY de preproteína translocasa;
cds_wt_2243	rplO	Proteína ribosómica de 50S L15;
cds_wt_2244	rpmD	Proteína ribosómica de 50S L30;
cds_wt_2245	rpmE	Proteína ribosómica de 30S S5;
cds_wt_2246	rplR	Proteína ribosómica de 50S L18; BL22;
cds_wt_2247	rplF	Proteína ribosómica de 50S L6; BL10;
cds_wt_2248	rpsH	Proteína ribosómica de 30S S8;
cds_wt_2249	rpsN	Proteína ribosómica de 30S S14, cloroplástica;
cds_wt_2250	rplE	Proteína ribosómica de 50S L5;
cds_wt_2251	rplX	Proteína ribosómica de 50S L24;
cds_wt_2252	rplN	Proteína ribosómica de 50S L14;
cds_wt_2253	rpsQ	Proteína ribosómica de 30S S17;
cds_wt_2254	rpmC	Proteína ribosómica de 50S L29;
cds_wt_2255	rplP	Proteína ribosómica de 50S L16;
cds_wt_2256	rpsC	Proteína ribosómica de 30S S3;
cds_wt_2257	rplV	Proteína ribosómica de 50S L22, cloroplástica;
cds_wt_2258	rpsS	Proteína ribosómica de 30S S19;
cds_wt_2259	rplB	Proteína ribosómica de 50S L2;
cds_wt_2260	rplW	Proteína ribosómica de 50S L23;
cds_wt_2261	rplD	Proteína ribosómica de 50S L4; BL4;
cds_wt_2262	rplC	Proteína ribosómica de 50S L3;
cds_wt_2263	rpsJ	Proteína ribosómica de 30S S10;
cds_wt_2264	tuf	Factor de elongación EF-Tu
cds_wt_2265	fusA	Factor de elongación G
cds_wt_2266	rpsG	Proteína ribosómica de 30S S7;
cds_wt_2267	rpsL	Proteína ribosómica de 30S S12;
cds_wt_2268	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2269	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2270	rpoC	cadena beta' de ARN polimerasa dirigida a ADN
cds_wt_2271	rpoB	cadena beta' de ARN polimerasa dirigida a ADN
cds_wt_2272	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2273	rplL	Proteína ribosómica de 50S L7/L12;
cds_wt_2274	rplJ	proteína ribosómica de 50S L10;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2275	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2276	nosF	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_2277	rplA	proteína ribosómica de 50S L1;
cds_wt_2278	nusG	Proteína anti-terminación de la transcripción nusG;
cds_wt_2279	secE	Probable subunidad secE de preproteína translocasa;
cds_wt_2280	-	Proteína de UPF0336 SACE_6876;
cds_wt_2281	-	Proteína de UPF0336 Mb0656;
cds_wt_2282	-	Proteína ribosómica de 50S L33;
cds_wt_2283	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_2284	-	proteína hipotética
cds_wt_2285	sseB	3-mercaptopiruvato sulfurtransferasa
cds_wt_2286	rhtB	Proteína de salida de leucina;
cds_wt_2287	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2288	-	Proteína de UPF0234 Sde_0533;
cds_wt_2289	-	proteína hipotética
cds_wt_2290	-	proteína hipotética
cds_wt_2291	-	Proteína no caracterizada yjdJ;
cds_wt_2292	-	Proteína no caracterizada yfIK;
cds_wt_2293	-	acetiltransferasa, familia GNAT
cds_wt_2294	yvbT	Proteína de la familia de luciferasa bacteriana
cds_wt_2295	-	Proteína no caracterizada Rv0048c/MT0054;
cds_wt_2296	thpX	supuesta peptidasa
cds_wt_2297	nuoN	NADH deshidrogenasa I, subunidad N
cds_wt_2298	nuoM	cadena M de NADH deshidrogenasa I
cds_wt_2299	nuoL	NADH-ubiquinona oxidorreductasa, cadena L
cds_wt_2300	ndhE	NAD
cds_wt_2301	ndhG	NAD
cds_wt_2302	Nuol	NADH deshidrogenasa I, subunidad I
cds_wt_2303	nuoH	NADH deshidrogenasa I, subunidad H
cds_wt_234	fpoC	F(420)H(2) deshidrogenasa, subunidad FpoC
cds_wt_2305	sigV	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;
cds_wt_2306	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2307	-	proteína hipotética
cds_wt_2308	ndhH	NADH deshidrogenasa (ubiquinona), subunidad de 20 kDa
cds_wt_2309	-	Proteína que contiene dominio FIC;
cds_wt_2310	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2311	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2312	ggt	gamma-glutamyltranspeptidasa
cds_wt_2313	-	proteína hipotética
cds_wt_2314	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb1846;
cds_wt_2315	-	Supuesta metiltransferasa dependiente de S-adenosil-L-metionina MAV_4444;
cds_wt_2316	-	Proteína no caracterizada ybaZ;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2317	proB	glutamato 5-cinasa
cds_wt_2318	proA	gamma-glutamyl fosfato reductasa
cds_wt_2319	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2320	moeZ	Probable proteína de biosíntesis molidopterina moeB;
cds_wt_2321	-	Proteína 2 de unión a cortactina; CortBP2;
cds_wt_2322	-	proteína hipotética
cds_wt_2323	-	2-hidroxi-6-oxononadienodioato/2-hidroxi-6-oxononatrienedioato hidrolasa; EC=3.7.1.n1; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-cetonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4,7-trieno-1,9-dioico;
cds_wt_2324	-	Proteína Daple; proteína que se asocia a Dvl con una alta frecuencia de restos de leucina; hDaple; proteína 88C que contiene dominio de bobina en espiral; proteína 2 relacionada con Hook; HkRP2;
cds_wt_2325	-	Proteína slmA tipo HTH;
cds_wt_2326	-	proteína hipotética
cds_wt_2327	rhIE	ARN helicasa dependiente de ATP DBP2;
cds_wt_2328	pbsA	Hemo oxigenasa;
cds_wt_2329	hmuO	Hemo oxigenasa 1; HO-1;
cds_wt_2330	-	Proteína que contiene el dominio del extremo C de glutatión S-transferasa;
cds_wt_2331	-	proteína hipotética
cds_wt_2332	-	ATPasa transportadora de cationes pacS;
cds_wt_2333	-	Represor transcripcional de detección de cobre csoR; represor de operón sensible a cobre;
cds_wt_2334	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2335	-	acetiltransferasa, familia GNAT
cds_wt_2336	-	supuesta ADN helicasa dependiente de ATP
cds_wt_2337	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2338	fabG	3-oxoacil-
cds_wt_2339	prkC	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_2340	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_2341	gno	gluconato 5-deshidrogenasa
cds_wt_2342	cbbF	supuesta inositol monofosfatasa
cds_wt_2343	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_2344	PHYB	Fitocromo B;
cds_wt_2345	-	Glutamato metilesterasa de proteína reguladora de la respuesta de quimiotaxia;
cds_wt_2346	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2347	Fxna	Metalopeptidasa 1 de retículo endoplásmico; Felix-ina;
cds_wt_2348	-	proteína hipotética
cds_wt_2349	Ogt	subunidad de 110 kDa de UDP-N-acetilglucosamina--péptido N-acetilglucosaminiltransferasa; subunidad de 110 kDa de N-acetilglucosamina transferasa unida a O; subunidad p110 de O-GlcNAc transferasa;
cds_wt_2350	trcR	Proteína reguladora transcripcional de la síntesis de fosfatasa alcalina sphR;
cds_wt_2351	-	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2352	aroG	fosfo-2-deshidro-3-desoxiheptonato aldolasa, sensible a Phe
cds_wt_2353	yycA	Undecaprenil fosfato-alfa-4-amino-4-desoxi-L-arabinosa arabinosil transferasa; undecaprenil fosfato-alfa-L-Ara4N transferasa; 4-amino-4-desoxi-L-arabinosa lípido A transferasa; proteína de resistencia a polimixina pmrK;
cds_wt_2354	DPM1	Dolicol-fosfato manosiltransferasa; Dolicol-fosfato manosa sintasa; DPM sintasa; doliquil-fosfato beta-D-manosiltransferasa; manosa-P-dolicol sintasa; MPD sintasa;
cds_wt_2355	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2356	-	proteína hipotética
cds_wt_2357	-	proteína hipotética
cds_wt_2358	-	Alanil-ARNt sintetasa; Alanina-ARNt ligasa; AlaRS;
cds_wt_2359	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_2360	-	Enoil reductasa que actúa en trans;
cds_wt_2361	rpfE	supuesta proteína secretada
cds_wt_2362	-	proteína hipotética
cds_wt_2363	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_2364	nuc2	proteína hipotética
cds_wt_2365	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_2366	yheB	quitinasa
cds_wt_2367	-	Proteína cph2 similar a fitocromo; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_2368	toxB	Ciclohidrolasa de GTP II
cds_wt_2369	ribG	5-amino-6-(5-fosforribosilamino)uracil reductasa
cds_wt_2370	-	Represor transcripcional mprA; proteína emrR;
cds_wt_2371	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_2372	BCHE	Colinesterasa; acilcolina acilhidrolasa; colina esterasa II; butirilcolina esterasa; pseudocolinesterasa;
cds_wt_2373	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_2374	ydfJ	Proteína de membrana ydfJ;
cds_wt_2375	pip	Proteína de infección de fago;
cds_wt_2376	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2377	-	Teneurina-3; Ten-3; Tenascina-M3; Ten-m3; homólogo 3 de proteína Odd Oz/ten-m;
cds_wt_2378	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2379	-	Factor sigma-H de ARN polimerasa; sigma-30;
cds_wt_2380	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2381	-	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_2382	-	Bacilolisina; proteasa neutra;
cds_wt_2383	pleD	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_2384	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2385	-	Receptor CG5315 similar a ADIPOR;
cds_wt_2386	-	GPI manosiltransferasa 2; GPI manosiltransferasa II; GPI-MT-II; proteína 18 de biosíntesis de anclaje de glucosilfosfatidilinositol;
cds_wt_2387	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2388	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2389	gntR	Represor transcripcional tipo HTH yvoA;
cds_wt_2390	deoC	desoxirribosa-fosfato aldolasa
cds_wt_2391	ywmD	Cadena pesada H5 del inhibidor de inter-alfa-tripsina; cadena pesada 5 del inhibidor inter-alfa; cadena pesada H5 de ITI;
cds_wt_2392	-	proteína hipotética
cds_wt_2393	nrdB	ribonucleósido-difosfato reductasa, subunidad beta
cds_wt_2394	nrdA	cadena alfa de ribonucleósido-difosfato reductasa
cds_wt_2395	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2396	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2397	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2398	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2399	-	supuesta hidrolasa (supuesta proteína secretada)
cds_wt_2400	-	Proteína de UPF0309 GTNG_1302;
cds_wt_2401	rpiR	Glucosamina--fructosa-6-fosfato aminotransferasa
cds_wt_2402	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2403	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_2404	modC	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_2405	cysT	Probable proteína permeasa del sistema de transporte de sulfato cysT;
cds_wt_2406	modA	Proteína de unión a molibdato/tungstato wtpA;
cds_wt_2407	-	Proteína de unión a ATP de importación de molibdeno modC;
cds_wt_2408	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2409	KHT2	Transportador de hexosa 2;
cds_wt_2410	rfaD	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_2411	-	Poli
cds_wt_2412	tipB	Supuesta proteína transductora sensorial;
cds_wt_2413	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_2414	celR	Regulador transcripcional tipo HTH celR;
cds_wt_2415	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2416	sahH	supuesta S-adenosil-L-homocisteína hidrolasa
cds_wt_2417	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2418	-	Intercambiador 2 de sodio/hidrógeno; Na
cds_wt_2419	yjjD	supuesta proteína permeasa del sistema de transporte tipo ABC-2
cds_wt_2420	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_2421	mtrR	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_2422	aotJ	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_2423	-	proteína hipotética
cds_wt_2424	-	proteína hipotética
cds_wt_2425	frcA	supuesta proteína de transportador ABC de unión a ATP
cds_wt_2426	lsrC	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 lsrC; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 lsrC;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2427	rbsB	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_2428	nedA	Sialidasa; neuraminidasa;
cds_wt_2429	glyA	serina hidroximetiltransferasa
cds_wt_2430	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2431	sigF	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-70;
cds_wt_2432	-	Proteína de membrana no caracterizada Mb2670;
cds_wt_2433	-	probable deshidrogenasa/reductasa de tipo cadena corta
cds_wt_2434	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_2435	chiD	quitinasa
cds_wt_2436	-	Subunidad alfa-1 B de canal de calcio tipo N dependiente de voltaje; subunidad alfa Cav2.2 de canal de calcio controlado por voltaje; canal de calcio, tipo L, isoforma 5 de alfa-1 polipéptido; canal III de calcio cerebral; Bill;
cds_wt_2437	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ML2140;
cds_wt_2438	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yusP;
cds_wt_2439	-	Proteína 4 transmembranaria y que contiene repetición de TPR;
cds_wt_2440	Ogt	Subunidad de 110 kDa de UDP-N-acetilglucosamina--péptido N-acetilglucosaminiltransferasa; subunidad de 110 kDa de N-acetilglucosamina transferasa unida a O; subunidad p110 de O-GlcNAc transferasa;
cds_wt_2441	-	proteína hipotética
cds_wt_2442	-	Proteína transmembranaria 165; proteína transmembranaria TPARG; proteína transmembranaria PT27;
cds_wt_2443	sipD	supuesta peptidasa secretada
cds_wt_2444	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2445	-	Proteína de resistencia multifármaco mdtL;
cds_wt_2446	mcbR	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_2447	-	Proteína de membrana de UPF0104 MJ1078;
cds_wt_2448	dnh3	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_2449	-	Glutamina permeasa de alta afinidad;
cds_wt_2450	-	proteína hipotética
cds_wt_2451	yhdV	Homólogo de proteína crcB;
cds_wt_2452	crcB	Homólogo de proteína crcB;
cds_wt_2453	-	Proteína de membrana ydfJ;
cds_wt_2454	-	Regulador de respuesta gacA; activador global;
cds_wt_2455	-	Proteína sensora kdpD;
cds_wt_2456	-	quinona oxidoreductasa
cds_wt_2457	ETR1	receptor de etileno;
cds_wt_2458	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_2459	mccF	Proteína de auto-inmunidad de microcina C7 mccF;
cds_wt_2460	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2461	sigL	Factor sigma de ARN polimerasa sigX;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
		Liprina-alfa-3; proteína alfa-3 que interacciona con el polipéptido de tipo f de receptor de tirosina fosfatasa de proteína; proteína alfa-3 que interacciona con PTPRF;
cds_wt_2462	-	
cds_wt_2463	CDO1	Cisteína dioxigenasa tipo 1; cisteína dioxigenasa tipo I; CDO-I; CDO;
cds_wt_2464	-	Proteína de UPF0176 Ava_2825;
cds_wt_2465	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_2466	-	Probable transportador de actinorrodina;
cds_wt_2467	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2468	nadR	regulador transcripcional NadR
cds_wt_2469	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2470	ydeS	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeS;
cds_wt_2471	rfaA	Proteína permeasa del sistema de exportación de O-antígeno rfaA;
cds_wt_2472	tagH	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_2473	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_2474	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2475	-	supuesta trehalosa/maltosa hidrolasa
cds_wt_2476	-	probable hidrolasa
cds_wt_2477	-	proteína hipotética
cds_wt_2478	msmK	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_2479	-	proteína hipotética
cds_wt_2480	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_2481	-	glutaril-CoA deshidrogenasa
cds_wt_2482	-	proteína hipotética
cds_wt_2483	-	oxidorreductasa dependiente de NADPH;
cds_wt_2484	yihR	supuesta aldosa-1-epimerasa
cds_wt_2485	-	Exportador de enterobactina entS;
cds_wt_2486	pdxH	piridoxamina 5'-fosfato oxidasa
cds_wt_2487	citA	citrato sintasa
cds_wt_2488	serC	fosfoserina aminotransferasa
cds_wt_2489	-	Proteína no caracterizada Mb0907c;
cds_wt_2490	-	Proteína de UPF0477 BT9727_1129;
cds_wt_2491	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2492	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2493	pimH	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_2494	marR	Proteína de resistencia a múltiples antibióticos marR;
cds_wt_2495	pbuG	Supuesta xantina/uracil permeasa C887.17;
cds_wt_2496	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2497	tetV	Probable transportador de glucosa HXT5;
cds_wt_2498	-	Proteína no caracterizada Mb0901;
cds_wt_2499	-	Proteína no caracterizada ML2143;
cds_wt_2500	-	Nucleósido fosforilasa de purina deoD-tipo 2; PNP 2;
cds_wt_2501	mosC	Proteína de membrana mosC;
cds_wt_2502	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI; supuesta beta-glucosidasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2503	bglA	supuesta beta-glucosidasa
cds_wt_2504	-	proteína hipotética
cds_wt_2505	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2506	-	proteína hipotética
cds_wt_2507	cspB	Proteína 2 de unión a caja Y; proteína de unión a caja Y específica de células germinales; contrina; homólogo de MSY2; proteína C de unión a ADN; Dbpc;
cds_wt_2508	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2509	-	proteína hipotética
cds_wt_2510	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2511	xpbC	Helicasa de reparación de ADN RAD25; subunidad RAD25 del factor IIH de transcripción general y reparación de ADN; subunidad RAD25 de TFIIH;
cds_wt_2512	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2513	X	Proteína no caracterizada X;
cds_wt_2514	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_2515	mutT	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_2516	ku2	Proteína asociada a la acumulación;
cds_wt_2517	ligD	proteína hipotética
cds_wt_2518	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_2519	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2520	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2521	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_2522	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2523	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2524	-	Digeranilgeranilglicerofosfolípido reductasa 2; DGGGPL reductasa 2; 2,3-di-O-geranilgeranilgliceril fosfato reductasa 2; geranilgeranil reductasa 2; GGR 2;
cds_wt_2525	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2526	lh	Proteína de erizo indio; IHH; HHG-2; Contiene: N-producto de proteína de erizo indio; Contiene: C-producto de proteína de erizo indio;
cds_wt_2527	-	Subunidad beta-1 de laminina; cadena B1 de laminina;
cds_wt_2528	aprX	serina proteasa alcalina
cds_wt_2529	-	proteína hipotética
cds_wt_2530	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2531	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2532	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2533	-	Proteína de esporulación de estadio 0 yaaT;
cds_wt_2534	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2535	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2536	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2537	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2538	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2539	holB	ADN polimerasa III, subunidad delta'
cds_wt_2540	xynA	supuesta glucosil hidrolasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2541	tmk	timidilato cinasa
cds_wt_2542	-	Proteína no caracterizada YGL196W;
cds_wt_2543	-	Regulador transcripcional tipo HTH betl;
cds_wt_2544	GULO	probable oxidorreductasa
cds_wt_2545	topA	ADN topoisomerasa I
cds_wt_2546	-	proteína hipotética
cds_wt_2547	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2548	ppa	H+ pirofosfatasa inorgánica
cds_wt_2549	-	supuesta factor anti-sigma
cds_wt_2550	rsbV	antagonista del factor B anti-sigma; factor anti-anti-sigma-B;
cds_wt_2551	-	Supuesta helicasa dependiente de ATP HRQ1; homólogo a proteína 1 de recQ;
cds_wt_2552	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2553	-	proteína hipotética
cds_wt_2554	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_2555	cpaF	Proteína chaperona dpB 1;
cds_wt_2556	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_2557	ssgB	proteína hipotética
cds_wt_2558	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2559	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2560	-	proteína hipotética
cds_wt_2561	acoE	acetil-coenzima A sintetasa
cds_wt_2562	ina	Metaloproteasa del inhibidor A inmunitario
cds_wt_2563	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2564	ephE	supuesta hidrolasa
cds_wt_2565	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2566	-	Colágeno alfa-2
cds_wt_2567	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2568	-	Proteína 2 de unión a cortactina; CortBP2;
cds_wt_2569	-	Proteína no caracterizada SC03922;
cds_wt_2570	rarD	Proteína rarD;
cds_wt_2571	-	proteína hipotética
cds_wt_2572	yagl	Represor de operón de acetato;
cds_wt_2573	grgC	geranilgeranil pirofosfato sintasa
cds_wt_2574	nuoN	Cadena N de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2575	nuoL	Cadena L de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2576	nuoK	Cadena K de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2577	nuoJ	Cadena J de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2578	nuoI	Cadena I de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2579	nuoH	Cadena H de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2580	nuoG	Cadena G de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2581	nuoF	Cadena F de NADH deshidrogenasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2582	nuoE	Cadena E de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2583	nuoD	Cadena D de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2584	nuoC	Cadena C de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2585	nuoB	Cadena B de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2586	nuoA	Cadena A de NADH deshidrogenasa
cds_wt_2587	-	supuesta oxidorreductasa de transferencia de electrones
cds_wt_2588	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2589	ubiE	supuesta metiltransferasa de ubiquinona/menaquinona
cds_wt_2590	-	subunidad 2 1 FO sintasa; subunidad 2 1 de 7,8-didemetil-8-hidroxi-5-deazariboflavin sintasa;
cds_wt_2591	tetR	Clase E de proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_2592	-	proteína hipotética
cds_wt_2593	helZ	Similar a helicasa de caja DEAD/DEAH
cds_wt_2594	-	proteína hipotética
cds_wt_2595	mocA	oxidorreductasa
cds_wt_2596	-	proteína hipotética
cds_wt_2597	mef	Proteína de resistencia multifármaco mdtG;
cds_wt_2598	-	supuesto regulador transcripcional de la familia ArsR
cds_wt_2599	mer	N5,N10-metilen-tetrahidrometanopterín reductasa dependiente de F420
cds_wt_2600	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2601	dnrV	Antígeno de 27 kDa Cfp30B;
cds_wt_2602	-	Acetiltransferasa ECA0875;
cds_wt_2603	fliQ	Proteína biosintética flagelar fliQ;
cds_wt_2604	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2605	fhuC	Proteína de unión a ATP de transportador ABC de hierro (III)
cds_wt_2606	fecD	Proteína permeasa del sistema de importación de vitamina B12 btuC;
cds_wt_2607	yvrC	Proteína de unión a vitamina B12;
cds_wt_2608	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2609	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2610	-	subunidad 2 1 de FO sintasa; subunidad 2 1 de 7,8-didemetil-8-hidroxi-5-deazariboflavin sintasa;
cds_wt_2611	-	ADN ligasa; polidesoxirribonucleótido sintasa
cds_wt_2612	-	Dedo 1 de cinc endotelial vascular; proteína 161 de dedos de cinc; supuesto factor de transcripción DB1;
cds_wt_2613	DDX5	Probable ARN helicasa DDX5 dependiente de ATP; proteína 5 de caja DEAD;
cds_wt_2614	-	proteína hipotética
cds_wt_2615	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2616	lrp	Proteína reguladora sensible a leucina;
cds_wt_2617	-	Proteína racA de anclaje a cromosoma;
cds_wt_2618	ubiX	3-octaprenil-4-hidroxibenzoato carboxi-liasa
cds_wt_2619	ubiA	4-hidroxibenzoato octapreniltransferasa
cds_wt_2620	yigC	3-octaprenil-4-hidroxibenzoato carboxi-liasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2621	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2622	ccsA	Proteína ccsA de biogénesis de citocromo c;
cds_wt_2623	ccsB	Proteína de biogénesis de citocromo c
cds_wt_2624	ccdA	Proteína de intercambio de tiol:disulfuro dsbD; disulfuro reductasa de proteína; disulfuro reductasa;
cds_wt_2625	-	proteína hipotética
cds_wt_2626	-	fosfoglicerato mutasa dependiente de 2,3-bisfosfoglicerato; fosfogliceromutasa; PGAM; PGAM dependiente de BPG; dPGM;
cds_wt_2627	hemL	glutamato-1-semialdehído 2,1-aminomutasa
cds_wt_2628	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_2629	-	proteína hipotética
cds_wt_2630	sigE	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;
cds_wt_2631	yvpA	Alfa-N-arabinofuranosidasa 1; alfa-N-arabinofuranosidasa I; arabinosidasa I; alfa-N-AFasa I;
cds_wt_2632	-	Glutamato metilesterasa de proteína reguladora de la respuesta de quimiotaxia;
cds_wt_2633	dhkJ	Histidina cinasa híbrida sensora de GAF
cds_wt_2634	prpK	Fosfoserina fosfatasa rsbll; proteína regulación del factor sigma sigB rsbll;
cds_wt_2635	yudH	Proteína no caracterizada ywjB;
cds_wt_2636	-	Proteína no caracterizada ywjB;
cds_wt_2637	-	Alquildihidroxiacetonafofato sintasa; alquil-DHAP sintasa; alquilglicerona-fosfato sintasa;
cds_wt_2638	ptrB	proteasa II
cds_wt_2639	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2640	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/
cds_wt_2641	-	Proteína no caracterizada Rv0093c/MT0102;
cds_wt_2642	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2643	mscL	Canal mecanosensible de gran conductancia;
cds_wt_2644	rsbV	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_2645	rsbR	Regulador positivo de sigma-B
cds_wt_2646	rsbS	Regulador negativo de sigma-B
cds_wt_2647	rsbT	Factor F anti-sigma; proteína AB de esporulación de estadio II;
cds_wt_2648	-	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína de regulación del factor sigma sigB rsbU;
cds_wt_2649	-	Histidina cinasa sensora mtrB;
cds_wt_2650	prpD	Proteína reguladora del metabolismo de acetoacetato atoC; inhibidor de ornitina/arginina descarboxilasa; antizima de ornitina descarboxilasa;
cds_wt_2651	-	Integrina alfa-V; subunidad alfa de receptor de vitronectina; Nombre alternativo: CD_antígeno=CD51; Contiene: cadena pesada de integrina alfa-V; Contiene: cadena ligera de integrina alfa-V;
cds_wt_2652	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2653	-	proteína hipotética
cds_wt_2654	lolD	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_2655	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2656	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2657	thrS	treonil-ARNt sintetasa
cds_wt_2658	tetA	Proteína de resistencia a tetraciclina, clase B; TetA
cds_wt_2659	-	Gamma-butirotetrahidroglutamil transferasa; gamma-butirotetrahidroglutamil transferasa; gamma-butirotetrahidroglutamil transferasa; gamma-BBH;
cds_wt_2660	mocD	Ácido graso omega-3 desaturasa, cloroplástica;
cds_wt_2661	Prr6	proteína hipotética
cds_wt_2662	-	proteína hipotética
cds_wt_2663	-	proteína hipotética
cds_wt_2664	-	Carboxilato-amina ligasa Mmcs_0573;
cds_wt_2665	-	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-42;
cds_wt_2666	rsbU	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_2667	-	Carboxilato-amina ligasa RoseRS_2615;
cds_wt_2668	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2669	-	Proteína no caracterizada DR_0705;
cds_wt_2670	rmd	supuesta NDP-hexosa 4-cetoreductasa
cds_wt_2671	mpg2	Proteína de la familia supuesta nucleotidiltransferasa
cds_wt_2678	-	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_2673	-	proteína hipotética
cds_wt_2674	icsA	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_2675	-	proteína hipotética
cds_wt_2676	-	proteína hipotética 2SCK36.03c
cds_wt_2677	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2678	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2679	-	Abrina-b; Contiene: cadena A de abrina-b; ARNr N-glucosidasa; Contiene: péptido conector; Contiene: cadena B de abrina-b;
cds_wt_2680	int7	ICEBs1 integrasa;
cds_wt_2681	int7	Tirosina recombinasa xerC;
cds_wt_2682	copB	Proteína de resistencia a cobre B;
cds_wt_2683	-	Proteína no caracterizada L153;
cds_wt_2684	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2685	Cbs	cisteína sintasa
cds_wt_2686	yceL	Proteína de resistencia multifármaco mdhH;
cds_wt_2687	-	Proteína no caracterizada Rv2715/MT2788;
cds_wt_2688	-	Glicil-glicina endopeptidasa ALE-1; enzima estafilolítica ALE-1;
cds_wt_2689	-	Lipoproteína no caracterizada yafL;
cds_wt_2690	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2691	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_2692	merR	Regulador transcripcional tipo HTH hmrR; regulador de salida de cobre; regulador de exportación de cobre;
cds_wt_2693	-	histidina cinasa sensora
cds_wt_2694	tcrA	Regulador de respuesta mprA; regulador A de persistencia micobacteriana;
cds_wt_2695	bcrC	Proteína no caracterizada ywoA;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2696	yhcH	Proteína de unión a ATP de importación de ribosa rbsA;
cds_wt_2697	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2698	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2699	tnp	Transposasa para elemento de secuencia de inserción ISRM3;
cds_wt_2700	-	proteína de membrana, supuesta
cds_wt_2701	-	proteína hipotética
cds_wt_2702	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2703	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2704	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2705	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2706	-	proteína hipotética
cds_wt_2707	-	Proteína cph2 similar a fitocromo; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_2708	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2709	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2710	-	proteína hipotética
cds_wt_2711	-	flavina oxidoreductasa dependiente de NADH, familia Oye
cds_wt_2712	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_2713	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2714	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2715	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2716	prsR	Serina-proteína cinasa rsbW; factor B anti-sigma; efector negativo sigma-B rsbW;
cds_wt_2717	PHYB	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_2718	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2719	cbp	Poliproteína de replicasa 1ab; pplab; poliproteína ORF1ab; Contiene: Proteína 1 no estructural; nsp1; p28; Contiene: Proteína 2 no estructural; nsp2; p65; Contiene: Proteína 3 no estructural; nsp3; proteinasas 1/2 similares a papaína; PL1-PRO/PL2-PRO; p210; Contiene: Proteína 4 no estructural; nsp4; péptido HD2; p44; Contiene: proteinasa similar a 3C; 3CL-PRO; 3CLp; M-PRO; p27; nsp5; Contiene: Proteína 6 no estructural; nsp6; Contiene: Proteína 7 no estructural; nsp7; p10; Contiene: Proteína 8 no estructural; nsp8; p22; Contiene: Proteína 9 no estructural; nsp9; p12; Contiene: Proteína 10 no estructural; nsp10; péptido similar a factor de crecimiento; GFL; p15; Contiene: ARN polimerasa dirigida a ARN; RdRp; Pol; p100; nsp12; Contiene: Helicasa; Hel; p67; nsp13; Contiene: Exorribonucleasa; ExoN; nsp14; Contiene: endorribonucleasa específica de uridilato; NendoLI; nsp15; p35; Contiene: Supuesta 2'-O-metil transferasa; nsp16;
cds_wt_2720	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2721	-	proteína hipotética
cds_wt_2722	-	Proteína de membrana de UPF0059 ECA2389;
cds_wt_2723	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2724	-	Transposasa B de transposón Tn554;
cds_wt_2725	-	Proteína no caracterizada F42H10.9;
cds_wt_2726	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2727	-	Proteína no caracterizada y4kF;
cds_wt_2728	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2729	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2730	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2731	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2732	-	Transposasa para elemento de secuencia de inserción IS1106; ORF 1;
cds_wt_2733	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2734	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2735	xerC	Tirosina recombinasa xerC;
cds_wt_2736	-	Recombinasa específica de sitio, familia de integrasa de fago
cds_wt_2737	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2738	-	Tirosina recombinasa xerC;
cds_wt_2739	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2740	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2741	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2742	sodA	superóxido dismutasa
cds_wt_2743	-	D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa; DD-peptidasa; DD-carboxipeptidasa;
cds_wt_2744	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_2745	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2746	-	proteína hipotética
cds_wt_2747	NAS3	proteína hipotética
cds_wt_2748	-	Subunidad alfa de ureasa; subunidad alfa de urea amidohidrolasa;
cds_wt_2749	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2750	-	Proteína de UPF0703 ycgQ;
cds_wt_2751	ycgR	Proteína de UPF0718 ycgR;
cds_wt_2752	cadC	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio;
cds_wt_2753	mtsB	Proteína de membrana del sistema de transporte de hierro quelado yfeD;
cds_wt_2754	mntD	Proteína de membrana del sistema de transporte de hierro quelado yfeD;
cds_wt_2755	mntB	Proteína de unión a ATP de importación de sulfato/tiosulfato cysA; ATPasa transportadora de sulfato;
cds_wt_2756	psaA	Lipoproteína de unión al sustrato de transportador ABC de manganeso; adhesina A de superficie neumocócica;
cds_wt_2757	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2758	int7	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_2759	sigY	Factor sigma-E de ARN polimerasa; sigma-24;
cds_wt_2760	pknB	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_2761	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2762	phy	probable fitasa
cds_wt_2763	phrB	desoxirribodipirimidina fotoliasa
cds_wt_2764	crtB	fitoeno sintasa
cds_wt_2765	-	supuesta poliprenil sintasa
cds_wt_2766	crtl	supuesta fitoeno desaturasa
cds_wt_2767	mvaD	supuesta isopentenil-difosfato delta-isomerasa
cds_wt_2768	-	Histona desacetilasa 1; HD1;
cds_wt_2769	-	supuesto regulador transcripcional

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2770	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2771	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2772	-	Proteína de UPF0152 PM0788;
cds_wt_2773	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2774	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_2775	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2776	kptA	probable ARN 2'-fosfotransferasa
cds_wt_2777	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_2778	-	Proteína no caracterizada MJ0014;
cds_wt_2779	-	Proteína no caracterizada SCO4090;
cds_wt_2780	dhIE	Leucina deshidrogenasa
cds_wt_2781	-	proteína hipotética
cds_wt_2782	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2783	aslB	Proteína no caracterizada sll1766;
cds_wt_2784	purM	fosforribosilformilglicinamidina ciclo-ligasa
cds_wt_2785	purF	amidofosforribosiltransferasa
cds_wt_2786	-	proteína hipotética
cds_wt_2787	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2788	-	proteína Glutamato
cds_wt_2789	purL	fosforribosilformilglicinamidina sintasa II
cds_wt_2790	purQ	fosforribosilformilglicinamidina sintasa I
cds_wt_2791	purS	proteína hipotética
cds_wt_2792	purB	adenilosuccinato liasa
cds_wt_2793	-	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_2794	-	Proteína 2 similar a hidroxiesteroide deshidrogenasa;
cds_wt_2795	purD	fosforribosilamina-glicina ligasa
cds_wt_2796	purA	adenilosuccinato sintetasa
cds_wt_2797	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2798	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2799	-	proteína hipotética
cds_wt_2800	yegU	supuesta ADP-ribosilglicohidrolasa
cds_wt_2801	-	proteína hipotética
cds_wt_2802	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2803	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2804	fba	fructosa-bisfosfato aldolasa
cds_wt_2805	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2806	-	Proteína de UPF0486 C1orf59;
cds_wt_2807	prpA	supuesta fosfatasa
cds_wt_2808	-	Proteína de membrana no caracterizada Rv0364/MT0380;
cds_wt_2809	fucA	fuculosa-1-fosfato aldolasa
cds_wt_2810	arsR	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio; proteína reguladora de resistencia al cadmio;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2811	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2812	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_2813	-	Proteína 2 de unión a cortactina; CortBP2;
cds_wt_2814	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2815	clpB	ATPasa
cds_wt_2816	setA	Transportador B de salida de azúcar;
cds_wt_2817	-	Subunidad antiportadora de K(+)/H(+) khtT;
cds_wt_2818	-	Proteína kefB del sistema salida de potasio regulado por glutatión; K
cds_wt_2819	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2820	hspR	Probable regulador transcripcional dependiente de metal pesado HI0293;
cds_wt_2821	dnaJ	Proteína chaperona dnaJ;
cds_wt_2822	grpE	Proteína grpE; cofactor de HSP-70;
cds_wt_2823	dnaK	Proteína chaperona dnaK; proteína de choque térmico 70; proteína de 70 kDa de choque térmico; HSP70;
cds_wt_2824	-	Supuesto transportador ABC
cds_wt_2825	-	Supuesta proteína de membrana de unión a ATP
cds_wt_2826	-	Supuesto transportador ABC
cds_wt_2827	-	proteína hipotética
cds_wt_2828	-	Supuesta proteína bigA de virulencia expuesta en la superficie; FERM, RhoGEF y proteína 1 que contiene dominio de pleckstrina;
cds_wt_2829	-	componente E1 de piruvato deshidrogenasa, subunidad alfa
cds_wt_2830	pdhA	supuesta alfa ceto ácido cadena ramificada
cds_wt_2831	pdhB	subunidad beta de deshidrogenasa E1
cds_wt_2832	pdhC	supuesto componente de dihidrolipoamida aciltransferasa
cds_wt_2833	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2834	-	Colágeno alfa-2
cds_wt_2835	-	Proteína 2 que contiene repeticiones NHL;
cds_wt_2836	brpL	Factor sigma-E de ARN polimerasa; sigma-24;
cds_wt_2837	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2838	-	Proteína de UPF0271 PYRAB09930;
cds_wt_2839	-	Receptor similar a ADIPOR CG5315;
cds_wt_2840	sixA	Homólogo del miembro 5 de la familia de fosfoglicerato mutasa;
cds_wt_2841	-	supuesta acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_2842	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2843	-	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína regulación del factor sigma sigB rsbU;
cds_wt_2844	-	Adenina fosforribosiltransferasa; APRT;
cds_wt_2845	-	proteína conservada no caracterizada, familia YCII
cds_wt_2846	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2847	dcd	desoxicitidina trifosfato desaminasa
cds_wt_2848	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica;
cds_wt_2849	-	Proteína de UPF0053 yugS;
cds_wt_2850	-	Proteína de UPF0053 yugS;
cds_wt_2851	-	supuesta reductasa de unión a hierro-azufre

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2852	whiP	Proteína de membrana de UPF0233 whiP;
cds_wt_2853	-	Proteína no caracterizada ylxX;
cds_wt_2854	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2855	Zan	Zonadhesina;
cds_wt_2856	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2857	pabA	componente II de para-aminobenzoato sintetasa
cds_wt_2858	pknB	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_2859	pknA	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_2860	pbpA	supuesta proteína de unión a penicilina
cds_wt_2861	rodA	Probable proteína de división celular ftsW;
cds_wt_2862	ppp	posible serina/treonina fosfatasa ppp
cds_wt_2863	-	Inhibidor de oxoglutarato deshidrogenasa;
cds_wt_2864	-	Inhibidor de oxoglutarato deshidrogenasa;
cds_wt_2865	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2866	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2867	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2868	-	proteína hipotética
cds_wt_2869	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2870	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2871	-	Proteína 1 resistente a la toxina destructora de MRAKII de Hansenula;
cds_wt_2872	-	Proteína ycel;
cds_wt_2873	marR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ykoM;
cds_wt_2874	luxR	Proteína no caracterizada Mb0918;
cds_wt_2875	-	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_2876	yngE	proteína de dominio de carboxil transferasa
cds_wt_2877	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2878	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina 1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_2879	yngG	hidroximetilglutaril-CoA liasa
cds_wt_2880	pcc	piruvato carboxilasa, subunidad A
cds_wt_2881	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_2882	-	proteína hipotética
cds_wt_2883	htpG	Proteína chaperona htpG; proteína de choque térmico htpG; proteína G de alta temperatura;
cds_wt_2884	sseA	tiosulfato sulfurtransferasa
cds_wt_2885	-	Arilesterasa; aril-éster hidrolasa;
cds_wt_2886	-	Probable fosfoazúcar isomerasa H11678;
cds_wt_2887	sufE	Proteína de desulfuración de cisteína sufE;
cds_wt_2888	frnE	Policétido sintasa
cds_wt_2889	-	proteína hipotética
cds_wt_2890	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2891	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2892	-	ARN pirofosfohidrolasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2893	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2894	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2895	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2896	-	histidina cinasa sensora comP;
cds_wt_2897	-	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_2898	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2899	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2900	-	Proteína no caracterizada Rv0007/MT0007;
cds_wt_2901	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2902	gyrA	Subunidad A de ADN girasa
cds_wt_2903	gyrB	Subunidad B de ADN girasa
cds_wt_2904	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2905	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2906	-	Proteína de UPF0232 ML0004;
cds_wt_2907	recF	Proteína de replicación y reparación de ADN recF;
cds_wt_2908	gnd	6-fosfogluconato deshidrogenasa
cds_wt_2909	dnaN	ADN polimerasa III, cadena beta
cds_wt_2910	dnaA	Proteína iniciadora de la replicación cromosómica dnaA;
cds_wt_2911	rpmH	proteína ribosómica de 50S L34;
cds_wt_2912	mpA	componente de proteína de ribonucleasa P
cds_wt_2913	-	Proteína de membrana interna oxaA;
cds_wt_2914	jag	Proteína jag;
cds_wt_2915	gidB	Proteína B de división inhibida por glucosa
cds_wt_2916	parA	Proteína inhibidora de la iniciación de la esporulación soj;
cds_wt_2917	parB	Probable proteína de reparto de cromosoma parB;
cds_wt_2918	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_2919	-	Serina/treonina-proteína cinasa hal4; proteína de halotolerancia 4; proteína serina/treonina-cinasa ppk10;
cds_wt_2920	ddlB	D-alanina--D-alanina ligasa
cds_wt_2921	avtA	valina-piruvato aminotransferasa
cds_wt_2922	-	proteína hipotética
cds_wt_2923	cwlM	supuesta hidrolasa
cds_wt_2924	trxA	Tiorredoxina-1; Trx-1; Tiorredoxina-M;
cds_wt_2925	trxB	tiorredoxina reductasa
cds_wt_2926	sigM	Factor sigma-H de ARN polimerasa; sigma-30;
cds_wt_2927	pkaF	proteína hipotética
cds_wt_2928	-	Factor de virulencia mviN;
cds_wt_2929	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2930	pcnA	supuesta ARNt nucleotidiltransferasa
cds_wt_2931	-	Proteína que contienen repetición de WB no caracterizada alr3466;
cds_wt_2932	sigE	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_2933	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_2934	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2935	ogt	ADN metilado--proteína-cisteína metiltransferasa
cds_wt_2936	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2937	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_2938	-	Proteína de biosíntesis de la cápsula capC;
cds_wt_2939	capB	PGA sintasa capB; ácido gamma-poliglutámico sintasa;
cds_wt_2940	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2941	capA	Proteína de biosíntesis de proteína capA;
cds_wt_2942	ino1	mio-inositol-1-fosfato sintasa
cds_wt_2943	-	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_2944	-	Proteína no caracterizada Mb0050;
cds_wt_2945	mrcB	proteína de unión a penicilina
cds_wt_2946	-	GPI manosiltransferasa 1; GPI Manosiltransferasa I; GPI-MT-I; proteína 14 de biosíntesis del anclaje de glucosilfosfatidilinositol 14;
cds_wt_2947	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_2948	end	endonucleasa IV
cds_wt_2949	-	Cinasa 2 de cadena ligera de miosina, músculo esquelético/cardíaco; mlCK2;
cds_wt_2950	rpsF	Proteína ribosómica de 30S S6;
cds_wt_2951	ssb	Proteína de unión a ADN monocatenario; SSB; proteína desestabilizante de la hélice;
cds_wt_2952	rpsR	Proteína ribosómica de 30S S18;
cds_wt_2953	rplI	Proteína ribosómica de 50S L9;
cds_wt_2954	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_2955	-	Subunidad A del factor 3 de iniciación de la traducción eucariota; eIF3a; subunidad 10 del factor 3 de iniciación de la traducción eucariota; eIF-3-theta; eIF3 p167; eIF3 p180; eIF3 p185; p162; centrosomina;
cds_wt_2956	dnaB	supuesta ADN helicasa replicativa
cds_wt_2957	-	Proteína de UPF0133 VF_1686;
cds_wt_2958	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2959	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_2960	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_2961	moaC	Proteína C de la biosíntesis de cofactor de molibdeno;
cds_wt_2962	mog	Supuesta proteína inducible por daño por competencia;
cds_wt_2963	moaE	Proteína moeA de biosíntesis de molibdopterina;
cds_wt_2964	-	Subunidad grande de la proteína 2 de síntesis de cofactor de molibdeno; subunidad grande de MPT sintasa; subunidad grande de molibdopterina sintasa; MOCS2B; MOCO1-B;
cds_wt_2965	-	probable proteína de membrana integral conservada
cds_wt_2966	-	proteína hipotética
cds_wt_2967	-	proteína hipotética
cds_wt_2968	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
		Enzima de procesamiento de péptidos conductores de proteínas similares a prepilina tipo 4; Incluye: peptidasa conductora; prepilina peptidasa; Incluye: N-metiltransferasa;
cds_wt_2969	pilD	
cds_wt_2970	pcrA	ADN helicasa dependiente de ATP, familia de UvrD/REP
cds_wt_2971	-	Supuesto homólogo de metalofosfoesterasa FLJ45032;
cds_wt_2972	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2973	moaA	Probable proteína A de síntesis de cofactor de molidopterina;
cds_wt_2974	-	Proteína no caracterizada W1_2562;
cds_wt_2975	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2976	-	proteína hipotética
cds_wt_2977	fdhD	Homólogo de proteína fdhD;
		Proteína bifuncional glmU; Incluye: UDP-N-acetilglucosamina pirofosforilasa; N-acetilglucosamina-1-fosfato uridiltransferasa; Incluye: Glucosamina-1-fosfato N-acetiltransferasa;
cds_wt_2978	mobA	
cds_wt_2979	-	supuesta proteína de biosíntesis de dinucleótidos molibdopterina-guanina
cds_wt_2980	-	proteína hipotética
cds_wt_2981	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado PH1519;
cds_wt_2982	-	Arginina deiminasa; ADI; arginina dihidrolasa; AD;
cds_wt_2983	-	Proteína no caracterizada Mb3809;
cds_wt_2984	-	HMP-PP fosfatasa;
cds_wt_2985	-	HMP-PP fosfatasa; seril-ARNt sintetasa
cds_wt_2986	serS	seril-ARNt sintetasa
cds_wt_2987	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2988	osmC	Peroxiirredoxina osmC; Proteína C inducible osmóticamente;
cds_wt_2989	-	proteína hipotética
cds_wt_2990	pheA	prefenato deshidratasa
		Probable activador de la transcripción global SNF2L2; helicasa SMARCA2 dependiente de ATP; SNF2-alfa; regulador dependiente de actina asociado a matriz relacionada con SWI/SNF del miembro 2 de la subfamilia A de cromatina; hBRM;
cds_wt_2991	-	
cds_wt_2992	-	proteína hipotética
cds_wt_2993	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2994	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_2995	arcA	arginina deiminasa
cds_wt_2996	-	proteína hipotética
cds_wt_2997	PHY1	Fitocromo 1;
cds_wt_2998	glpQ	glicerofosforil diéster fosfodiesterasa
cds_wt_2999	-	Proteína unida a la membrana lytR;
cds_wt_3000	-	symporter no caracterizada ywcA;
cds_wt_3001	-	proteína hipotética
cds_wt_3002	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3003	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3004	-	supuesta proteína de transporte de membrana
cds_wt_3005	natA	supuesta proteína de transporte de membrana integral

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3006	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3007	-	Proteína de 23,9 kDa no caracterizada en región glnII; ORF2;
cds_wt_3008	-	proteína hipotética
cds_wt_3009	-	proteína hipotética
cds_wt_3010	resE	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_3011	mtrA	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_3012	algR	Proteína regulador de respuesta no caracterizada VC_0693;
cds_wt_3013	lytS	histidina cinasa sensora de dos componente
cds_wt_3014	lytS	proteína sensora lytS; cinasa sensora de autolisina;
cds_wt_3015	-	Proteína de incompatibilidad vegetativa HET-E-1;
cds_wt_3016	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3017	cpsD	probable glucosiltransferasa
cds_wt_3018	-	supuesta formamidopirimidina-ADN glucosilasa
cds_wt_3019	assT	proteína hipotética conservada
cds_wt_3020	-	Colinafosfotransferasa 1; diacilglicerol colinafosfotransferasa 1;
cds_wt_3021	gldA	supuesta glicerol 1-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_3022	rfbF	supuesta nucleótido azúcar-1-fosfato transferasa
cds_wt_3023	-	aminotransferasa de sustrato múltiple
cds_wt_3024	corA	proteína de transporte de magnesio corA;
cds_wt_3025	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3026	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3027	ppiA	peptidil-prolil cis-trans isomerasa
cds_wt_3028	yggP	Miembro q de la familia romboide;
cds_wt_3029	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3030	-	Región del extremo C de transcetolasa
cds_wt_3031	tktB	transcetolasa, subunidad del extremo N
cds_wt_3032	soxR	Activador transcripcional sensible a redox soxR;
cds_wt_3033	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3034	qor	supuesta quinona oxidorreductasa
cds_wt_3035	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_3036	iap	Proteína no caracterizada ydhO;
cds_wt_3037	ybcL	Proteína de UPF0098 ybcL;
cds_wt_3038	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_3039	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_3040	-	proteína hipotética
cds_wt_3041	def	Péptido deformilasa; PDF; polipéptido deformilasa;
cds_wt_3042	fhbA	supuesta flavohemoproteína
cds_wt_3043	-	proteína hipotética
cds_wt_3044	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_3045	-	Subunidad C de nucleasa sbcCD;
cds_wt_3046	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3047	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3048	-	Proteína 1 que contiene dedos de cinc de tipo NFX1;
cds_wt_3049	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3050	pcm	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_3051	-	Probable DHNTP pirofosfohidrolasa; dihidroneopterina trifosfato pirofosfohidrolasa;
cds_wt_3052	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_3053	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3054	-	Proteína no caracterizada Rv2079/MT2140;
cds_wt_3055	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3056	-	Transposasa insF para la secuencia de inserción IS3fB;
cds_wt_3057	orfB	Transposasa para elemento de secuencia de inserción IS629;
cds_wt_3058	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3059	rsbV	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_3060	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3061	cckA	Proteína cinasa/fosfatasa de histidina de transducción de señales mprB; regulador de la persistencia micobacteriana B;
cds_wt_3062	-	Glucoproteína 1 de la superficie celular; proteína B de la capa externa; proteína a de la capa S;
cds_wt_3063	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3064	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3065	thcR	Probable proteína reguladora de operón thc;
cds_wt_3066	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3067	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3068	bcpB	Supuesta peroxirredoxina Q, cloroplástica; tiorredoxina reductasa;
cds_wt_3069	eno	enolasa
cds_wt_3070	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3071	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3072	-	proteína hipotética
cds_wt_3073	-	Glucano sintasa 2 asociada a mixto; 1,3;1,4-beta-D-glucano sintasa 2; proteína F2c similar a celulosa sintasa; OsCslF2;
cds_wt_3074	yheB	quitinasa
cds_wt_3075	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3076	-	proteína hipotética
cds_wt_3077	-	Flotilina-2a; Reggie-1 a; REG-1;
cds_wt_3078	PLG	supuesta proteína secretada
cds_wt_3079	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3080	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3081	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3082	-	proteína hipotética
cds_wt_3083	-	Tirosina-proteína fosfatasa delta de tipo receptor; Proteína-tirosina fosfatasa delta; R-PTP-delta;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3084	dnaK	Proteína chaperona dnaK; proteína de choque térmico 70; proteína de 70 kDa de choque térmico; HSP70;
cds_wt_3085	tdk	Timidina cinasa;
cds_wt_3086	adp	D-peptidasa alcalina
cds_wt_3087	katG	catalasa/peroxidasa HPI
cds_wt_3088	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3089	fdhF	nitrato reductasa
cds_wt_3090	-	Trans-1,2-dihidrobenceno-1,2-diol deshidrogenasa; dihidrodiol deshidrogenasa dimérica; D-xilosa-NADP deshidrogenasa; D-xilosa 1-deshidrogenasa; JMO2DD;
cds_wt_3091	-	Supuesta hexulosa-6-fosfato isomerasa; HUMPI;
cds_wt_3092	-	proteína hipotética
cds_wt_3093	sigE	Factor sigma-E de ARN polimerasa; sigma-24;
cds_wt_3094	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_3095	-	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de ABC fosfato;
cds_wt_3096	-	proteína hipotética
cds_wt_3097	-	proteína hipotética
cds_wt_3098	PGFS	Proteína similar al miembro C23 de la familia 1 de aldo-ceto reductasa; supuesta prostaglandina F sintasa;
cds_wt_3099	arsR	Represor asociado al crecimiento de biopelícula;
cds_wt_3100	-	proteína hipotética
cds_wt_3101	p20	serina acetiltransferasa de proteína ribosómica
cds_wt_3102	-	proteína hipotética
cds_wt_3103	bioY	Probable transportador de biotina bioY;
cds_wt_3104	-	supuesta metaloproteasa de cinc neutra;
cds_wt_3105	-	proteína de reparación de desapareamiento de ADN mutL;
cds_wt_3106	phoP	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_3107	cpxA	cinasa sensora de dos componentes
cds_wt_3108	chb	Proteína A de unión a GlcNAc A;
cds_wt_3109	-	proteína hipotética
cds_wt_3110	-	Proteína no caracterizada MJEC23;
cds_wt_3111	purC	fosforribosilaminoimidazol-succinocarboxamida sintasa
cds_wt_3112	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3113	-	nitrorreductasa
cds_wt_3114	yodB	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_3115	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3116	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3117	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_3118	-	supuesto regulador
cds_wt_3119	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3120	-	proteína hipotética
cds_wt_3121	pleD	Diguanilato ciclasa yddV; DGC;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3122	-	transportador no caracterizado C3H1.06c; Regulador transcripcional tipo HTH tcmR;
cds_wt_3123	tcmR	Represor transcripcional de tetracenomicina C;
cds_wt_3124	chiC	supuesta azúcar hidrolasa
cds_wt_3125	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_3126	-	supuesta hidrolasa
cds_wt_3127	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3128	-	Proteína no caracterizada ydaL;
cds_wt_3129	mnaA	UDP-GlcNAc 2-epimerasa
cds_wt_3130	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3131	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3132	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_3133	-	proteína hipotética
cds_wt_3134	-	Histidina cinasa sensora resE;
cds_wt_3135	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3136	-	proteína hipotética
cds_wt_3137	-	Supuesta hidrolasa Shewmr7_2686;
cds_wt_3138	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_3139	gcn3	Factor de iniciación eIF-2B
cds_wt_3140	-	Proteína de 19,1 kDa no caracterizada de mini-círculo;
cds_wt_3141	tyrA	prefenato deshidrogenasa
cds_wt_3142	-	L-Ala--D-Glu endopeptidasa; peptidoglicano hidrolasa; endopeptidasa específica de la esporulación;
cds_wt_3143	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3144	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3145	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_3146	cdd3	proteína hipotética
cds_wt_3147	deoD	purina nucleósido fosforilasa
cds_wt_3148	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3149	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_3150	dnaX	ADN polimerasa III gamma y subunidad tau
cds_wt_3151	-	Proteína de UPF0133 ESA_02800;
cds_wt_3152	recR	Proteína de recombinación recR;
cds_wt_3153	dppC	Proteína permeasa del sistema de transporte de dipéptidos dppC;
cds_wt_3154	-	Proteína de unión al oligopéptido periplásmico;
cds_wt_3155	dppB	Supuesta proteína permeasa BOV_A0351 de péptido;
cds_wt_3156	-	Proteína de unión a ATP de importación de fosfato pstB; ATPasa transportadora de fosfato; transportador de fosfato ABC;
cds_wt_3157	dppD	Oligopéptido proteína de unión a ATP de transporte appF;
cds_wt_3158	appF	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3159	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_3160	-	2-isopropilmalato sintasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3161	leuA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3162	-	aspartato cinasa
cds_wt_3163	ask	aspartato-semialdehído deshidrogenasa
cds_wt_3164	asd	orotato fosforribosiltransferasa
cds_wt_3165	pyrE	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3166	-	Metalofosfoesterasa no caracterizada CPn_0578/CP_0170/CPj0578/CpB0602;
cds_wt_3167	-	Aspartil/glutamil-ARNt
cds_wt_3168	ponA	proteína de unión a penicilina
cds_wt_3169	wblA	supuesta proteína reguladora
cds_wt_3170	-	supuesta ATPasa de transporte de iones
cds_wt_3171	-	supuesta ATPasa de transporte de iones
cds_wt_3172	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3173	-	Proteína de UPF0076 PH0854;
cds_wt_3174	-	supuesta hidrolasa
cds_wt_3175	-	adenilil ciclase clase-3/4/guanilil ciclase:tetratricopéptido TPR_4
cds_wt_3176	pknK	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_3177	MCCA	cadena alfa de propionil-CoA carboxilasa
cds_wt_3178	-	supuesta acetil/propionil CoA carboxilasa, subunidad beta
cds_wt_3179	hlyX	Proteína reguladora hlyX;
cds_wt_3180	capA	Proteína de biosíntesis de la cápsula capA;
cds_wt_3181	nth	supuesta endonucleasa III
cds_wt_3182	resA	Proteína dsbE de intercambio de tiol:disulfuro; proteína de biogénesis de citocromo ccmG;
cds_wt_3183	-	Coenzima A difosfatasa NUDT7 peroxisomal; Motivo 7 del resto X unido al nucleósido difosfato;motivo 7 de Nudix;
cds_wt_3184	-	supuesta serina proteasa asociada a membrana
cds_wt_3185	-	serina proteasa
cds_wt_3186	-	Proteína essC; proteína hipotética
cds_wt_3187	-	proteína hipotética
cds_wt_3188	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3189	ppa	supuesta pirofosfatasa inorgánica
cds_wt_3190	dacE	D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa
cds_wt_3191	-	proteína hipotética
cds_wt_3192	mesJ	proteína del ciclo celular MesJ
cds_wt_3193	-	ARNt
cds_wt_3194	hpt	supuesta hipoxantina fosforribosiltransferasa
cds_wt_3195	ftsH	proteína de división celular
cds_wt_3196	folE	Ciclohidrolasa de GTP I
cds_wt_3197	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3198	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3199	-	ADN translocasa ftsK 2;
cds_wt_3200	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3201	-	proteína hipotética
cds_wt_3202	-	Obscurina; cinasa de cadena ligera de obscurina-miosina; obscurina-MLCK; Obscurina-RhoGEF;
cds_wt_3203	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3204	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3205	folP	dihidropteroato sintasa
cds_wt_3206	folB	dihidroneopterin aldolasa
cds_wt_3207	folK	supuesta 7,8-dihidro-6-hidroximetilpterin-pirofosfocinasa
cds_wt_3208	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3209	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3210	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3211	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3212	-	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_3213	proW	Supuesta proteína permeasa del sistema de captación de osmoprotector yehY;
cds_wt_3214	proZ	Proteína permeasa de transporte de nitrato nrtB;
cds_wt_3215	proX	Proteína de unión de glicina betaína/carnitina/colina; proteína de unión de osmoprotector;
cds_wt_3216	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3217	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3218	nuoD	NADH deshidrogenasa I, subunidad D
cds_wt_3219	-	proteína hipotética
cds_wt_3220	-	proteína hipotética
cds_wt_3221	panC	pantoato--beta-alanina ligasa
cds_wt_3222	panD	aspartato 1-descarboxilasa
cds_wt_3223	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3224	nadB	L-aspartato oxidasa
cds_wt_3225	nadC	nicotinato-mononucleótido pirofosforilasa
cds_wt_3226	-	Pantotenato cinasa de tipo III; ácido pantoténico cinasa; PanK-III;
cds_wt_3227	lysS	supuesta lisil-ARNt sintetasa
cds_wt_3228	lsr2	Proteína lsr2; antígeno de 15 kDa; A15;
cds_wt_3229	clpB	Proteína chaperona dpB;
cds_wt_3230	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3231	-	proteína hipotética
cds_wt_3232	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3233	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_3234	mutY	supuesta adenina glucosilasa específica de A/G
cds_wt_3235	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3236	-	Sustancia de agregación;
cds_wt_3237	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3238	-	Probable hemoglobina y proteína 3 de unión a hemoglobina-haptoglobina;
cds_wt_3239	-	Proteína de barrido de integridad de ADN disA;
cds_wt_3240	radA	Proteína de reparación de ADN

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3241	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3242	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3243	menA	ProtoHemo IX farnesiltransferasa; hemo O sintasa; hemo B farnesiltransferasa;
cds_wt_3244	chsA	proteína hipotética
cds_wt_3245	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3246	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3247	-	Supuesto factor de transcripción
cds_wt_3248	ispD	4-difosfocitidil-2C-metil-D-eritritol sintasa
cds_wt_3249	ispF	supuesta 2-C-metil-D-eritritol 2,4-ciclodifosfato sintasa
cds_wt_3250	-	Proteína 4 transmembranaria y que contiene repeticiones TPR;
cds_wt_3251	-	proteína hipotética
cds_wt_3252	-	Serina/treonina-proteína cinasa afsK;
cds_wt_3253	xylR	Regulador de la transcripción tipo NagC/XylR
cds_wt_3254	ydeA	Probable transportador de salida de azúcar;
cds_wt_3255	-	supuesta histidinol-fosfato aminotransferasa
cds_wt_3256	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3257	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3258	hppD	4-hidroxifenilpiruvato dioxigenasa
cds_wt_3259	asnC	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado PH1519;
cds_wt_3260	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3261	fumB	fumarato hidratasa, clase I
cds_wt_3262	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3263	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_3264	fum	fumarato hidratasa C
cds_wt_3265	ssp	supuesta proteasa similar a subtilisina
cds_wt_3266	cysS	supuesta cisteinil-ARNt sintetasa
cds_wt_3267	-	supuesta ARNt/ARNr metiltransferasa
cds_wt_3268	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3269	-	Subunidad beta-2 de laminina; S-laminina; cadena de laminina B1s;
cds_wt_3270	-	supuesta proteína secretada grande
cds_wt_3271	-	proteína hipotética
cds_wt_3272	-	Repeticiones similares a intergina del dominio del extremo N y dominio de hidrolasa asociado a la pared celular del extremo C
cds_wt_3273	msiK	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3274	-	Sinaptojanina-2; inositol-1,4,5-trisfosfato 5-fosfatasa 2; sináptico
cds_wt_3275	-	proteína hipotética
cds_wt_3276	Gak	Cinasa asociada a ciclina G;
cds_wt_3277	-	Proteína del sistema de salida de potasio regulado por glutatión kefC; K
cds_wt_3278	-	proteína hipotética
cds_wt_3279	-	Glutamil endopeptidasa; serina proteinasa estafilocócica; V8 proteasa; V8 proteinasa; endoproteinasa Glu-C;
cds_wt_3280	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3281	-	Hidrolasa dependiente de metal de UPF0173 Smar_0891;
cds_wt_3282	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína de regulación de nitrógeno C;
cds_wt_3283	moxY	Proteína sensora de control de la utilización de moxY;
cds_wt_3284	-	supuesta proteína de membrana integral de transportador ABC
cds_wt_3285	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3286	nagA	N-acetilglucosamina-6-fosfato desacetilasa,
cds_wt_3287	glcK	Glucocinasa, supuesta
cds_wt_3288	glmS	proteína hipotética
cds_wt_3289	agaR	Represor de glicerol-3-fosfato regulon;
cds_wt_3290	yhcH	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN 2;
cds_wt_3291	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3292	-	proteína hipotética
cds_wt_3293	-	supuesta ATPasa conservada
cds_wt_3294	bcrA	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3295	-	supuesta proteína de membrana de transportador ABC
cds_wt_3296	thrC	treonina sintasa
cds_wt_3297	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3298	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3299	-	Chaperonina de 60 kDa; proteína Cpn60; groEL proteína;
cds_wt_3300	bcpB	Peroxiredoxina-1;
cds_wt_3301	glpD	glicerol-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_3302	-	proteína hipotética
cds_wt_3303	-	Supuesto homólogo de permeasa;
cds_wt_3304	-	Chaperonina 5 de 10 kDa; proteína Cpn10 5; proteína 5 groES;
cds_wt_3305	-	Proteasa prsW; Proteasa responsable de activar sigma-W;
cds_wt_3306	-	Proteína no caracterizada Cgl2769/cg3067;
cds_wt_3307	-	proteína hipotética
cds_wt_3308	sseC	proteína hipotética
cds_wt_3309	-	tiosulfato sulfurtransferasa
cds_wt_3310	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3311	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3312	glnR	Proteína reguladora transcripcional glnR;
cds_wt_3313	mshD	N-acetiltransferasa no caracterizada MJ1207;
cds_wt_3314	pstS	Proteína de unión a fosfato pstS; PBP;
cds_wt_3315	pstC	Proteína permeasa del sistema de transporte de fosfato pstC;
cds_wt_3316	pstA	Proteína permeasa del sistema de transporte de fosfato pstA;
cds_wt_3317	pstB	Transportador ABC, proteína de unión a ATP
cds_wt_3318	dhdh	supuesta oxidoreductasa
cds_wt_3319		Probable transportador de fosfato inorgánico de baja afinidad;
cds_wt_3320		Supuesta proteína accesoria pit;
cds_wt_3321	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;
cds_wt_3322	-	Proteína de UPF0374 SMIM781;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3323	dinG	supuesta helicasa dependiente de ATP
cds_wt_3324	mutT	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_3325	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3326	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3327	-	Proteína 4 que contiene el dominio THAP;
cds_wt_3328	-	hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3329	pabC	supuesta aminotransferasa
cds_wt_3330	fur	Proteína de regulación de captación férrica; regulador de captación férrica;
cds_wt_3331	-	Aminometiltransferasa; proteína T del sistema de escisión de glicina;
cds_wt_3332	-	proteína hipotética
cds_wt_3333	-	proteína hipotética
cds_wt_3334	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydcN;
cds_wt_3335	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3336	-	Proteína no caracterizada ML2453;
		2-hidroxi-6-oxononadienodioato/2-hidroxi-6-oxononatrienodioato hidrolasa; EC=3.7.1.n1; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-cetonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4,7-trieno-1,9-dioico;
cds_wt_3337	-	
cds_wt_3338	-	Supuesta ADN helicasa INO80;
cds_wt_3339	cysZ	Homólogo de proteína cysZ;
cds_wt_3340	-	Proteína de UPF0189 XAC3343;
		Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon
cds_wt_3341	lacI	
cds_wt_3342	bglA	beta-glucosidasa
cds_wt_3343	-	proteína hipotética
cds_wt_3344	murB	UDP-N-acetilmuramato deshidrogenasa
cds_wt_3345	-	proteína hipotética
cds_wt_3346	phoP	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_3347	cheA	Proteína de quimiotaxia cheA;
cds_wt_3348	cheA	proteína de quimiotaxia CheA
cds_wt_3349	creW	Proteína de quimiotaxia cheW;
cds_wt_3350	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3351	cheB	glutamato metilesterasa
cds_wt_3352	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3353	cheB	glutamato metilesterasa
cds_wt_3354	cheR	proteína de quimiotaxia metiltransferasa CheR
cds_wt_3355	cheY	regulador de respuesta
cds_wt_3356	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3357	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_3358	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3359	flgD	Proteína de modificación en varilla de cuerpos basales flgD;
cds_wt_3360	flgE	Proteína de gancho flagelar flgE;
cds_wt_3361	fliO	proteína de motilidad

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3362	motA	Proteína de quimiotaxia motA; proteína de motilidad A;
cds_wt_3363	motB	Proteína de quimiotaxia motB; proteína de motilidad B;
cds_wt_3364	fliL	Proteína fliL flagelar;
cds_wt_3365	fliM	Proteína de cambio de motor flagelar fliM;
cds_wt_3366	fliY	Proteína de cambio de motor flagelar fliM;
cds_wt_3367	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3368	fliP	Proteína biosintética flagelar fliP;
cds_wt_3369	fliR	Proteína biosintética flagelar fliR;
cds_wt_3370	flhB	Proteína biosintética flagelar flhB;
cds_wt_3371	flhA	Proteína biosintética flagelar flhA;
cds_wt_3372	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3373	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3374	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3375	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3376	yjbJ	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_3377	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3378	fliI	ATP sintasa específica de flagelar
cds_wt_3379	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3380	fliG	Proteína de cambio de motor flagelar fliG;
cds_wt_3381	fliF	Proteína de anillo M flagelar;
cds_wt_3382	-	Proteína compleja de cuerpo basal de gancho flagelar fliE;
cds_wt_3383	flgC	Proteína de varilla de cuerpo basal flagelar flgC;
cds_wt_3384	-	Proteína de varilla de cuerpo basal flagelar flgB; supuesta proteína de varilla proximal;
cds_wt_3385	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3386	fliS	Proteína flagelar fliS;
cds_wt_3387	fliD	Proteína 2 asociada a gancho flagelar; HAP2; proteína de tapa de filamento; proteína de tapa flagelar;
cds_wt_3388	flaD	Flagelina A; proteína de núcleo de flagelina;
cds_wt_3389	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3390	flgK	Proteína 1 asociada a gancho flagelar; HAP1;
cds_wt_3391	flgL	Proteína núcleo de 33 kDa de filamento flagelar; clase B;
cds_wt_3392	yviF	Factor de ensamblaje flagelar fliW;
		Homólogo de regulador de almacenamiento de carbono;
cds_wt_3393	csrA	
cds_wt_3394	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3395	-	Proteína de 17,2 kDa no caracterizada en la región intergénica melC2-rnhH; ORF3;
cds_wt_3396	-	Histidina cinasa sensora yycG;
cds_wt_3397	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3398	PRB1	supuesta peptidasa tipo subtilasa
cds_wt_3399	cheY	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_3400	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3401	-	supuesta oxidorreductasa tipo cadena corta
cds_wt_3402	-	supuesta glucosiltransferasa
cds_wt_3403	-	Proteína no caracterizada ML2442;
cds_wt_3404	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yhjO;
cds_wt_3405	-	Proteína de resistencia multifármaco mdtH;
cds_wt_3406	gpm1	fosfoglicerato mutasa
cds_wt_3407	phoU	Homólogo 2 de proteína de sistema de transporte de fosfato phoU homólogo 2;
cds_wt_3408	phoR	supuesta cinasa sensora de sistema de dos componentes;
cds_wt_3409	phoP	Proteína de transducción sensorial regX3;
cds_wt_3410	-	Proteína no caracterizada Mb0506c;
cds_wt_3411	-	Proteína no caracterizada Mb0509;
cds_wt_3412	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3413	ycgM	proteína hipotética
cds_wt_3414	-	prolina deshidrogenasa
cds_wt_3415	-	Proteína no caracterizada yvgK;
cds_wt_3416	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3417	-	Proteína no caracterizada ML2427;
cds_wt_3418	-	Proteína similar a Nipped-B; homólogo de delangina; homólogo de SCC2;
cds_wt_3419	sigX	Factor sigma-H de ARN polimerasa; sigma-30;
cds_wt_3420	yhfL	sinetasa y ligasa dependiente de AMP
cds_wt_3421	-	Proteína no caracterizada Mb0520;
cds_wt_3422	-	supuesta fosfatasa
cds_wt_3423	-	Represor transcripcional de la detección redox;
cds_wt_3424	hemA	glutamil-ARNt reductasa
cds_wt_3425	hemC	porfobilinógeno desaminasa
cds_wt_3426	hemD	Uroporfirina I II C-metiltransferasa / uroporfirinógeno-III sintasa
cds_wt_3427	hemB	porfobilinógeno sintasa
cds_wt_3428	-	Supuesta transposasa de mini-círculo para IS117;
cds_wt_3429	-	Supuesta transposasa de mini-círculo para IS117;
cds_wt_3430	-	proteína hipotética
cds_wt_3431	lpqU	Nucleoporina NUP159; proteína de poro nuclearNUP159;
cds_wt_3432	-	proteína hipotética
cds_wt_3433	-	Proteína de resistencia a enfermedad RPS5; resistencia a proteína 5 de Pseudomonas syringae; pNd3/pNd10;
cds_wt_3434	-	Miembro 2 de la subfamilia T de canales de potasio; secuencia como una subunidad de canal de potasio de conductancia intermedia; canal de potasio sensible a ATP activado por sodio y cloruro s Slo2.1;
cds_wt_3435	korB	2-oxoglutarato ferredoxina oxidorreductasa, subunidad beta
cds_wt_3436	korA	2-oxoglutarato ferredoxina oxidorreductasa, subunidad alfa
cds_wt_3437	ndhC	subunidad 3 de NADH
cds_wt_3438	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3439	tagA	ADN-3-metiladenina glucosidasa I

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3440	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3441	paaB	enoil-CoA hidratasa
cds_wt_3442	paaX	Proteína reguladora negativa de operón de degradación de ácido fenilacético degradación paaX;
cds_wt_3443	-	proteína hipotética
cds_wt_3444	pepA	leucil aminopeptidasa
cds_wt_3445	-	probable metiltransferasa
cds_wt_3446	-	serina proteasas similares a tripsina normalmente periplásmicas contienen dominio PDZ del extremo C
cds_wt_3447	-	homólogo de proteína translocasa de proteína independiente de Sec tatB;
cds_wt_3448	mrp	homólogo de proteína mrp;
cds_wt_3449	-	proteína hipotética
cds_wt_3450	-	proteína hipotética
cds_wt_3451	phzF	Diaminopimelato epimerasa; DAP epimerasa;
cds_wt_3452	-	proteína hipotética
cds_wt_3453	-	HAD-hidrolasa no caracterizada MJ1437;
cds_wt_3454	yxxF	transportador no caracterizado AF_0510;
cds_wt_3455	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3456	fabG	3-oxoacil-
cds_wt_3457	-	proteína hipotética
cds_wt_3458	-	Proteína no caracterizada Mb2609c;
cds_wt_3459	trxA	tiorredoxina
cds_wt_3460	spoU	23S ARNr
cds_wt_3461	-	proteína hipotética
cds_wt_3462	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3463	-	proteína hipotética
cds_wt_3464	-	proteína trpH;
cds_wt_3465	yehE	Proteína de membrana de UPF0056 BUsg_257;
cds_wt_3466	recB	supuesta exonucleasa de la familia RecB
cds_wt_3467	-	proteína hipotética
cds_wt_3468	fur	Proteína de regulación de captación férrica; regulador de captación férrica;
cds_wt_3469	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3470	-	proteína FAM75A2;
cds_wt_3471	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3472	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3473	-	proteína hipotética
cds_wt_3474	-	proteína hipotética
cds_wt_3475	pleD	proteína hipotética
cds_wt_3476	galF	UTP-glucosa-1-fosfato uridililtransferasa
cds_wt_3477	moeA	Gefirina;
cds_wt_3478	rimJ	alanina acetiltransferasa de proteína ribosómica
cds_wt_3479	-	hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3480	-	hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3481	-	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_3482	-	proteína hipotética
cds_wt_3483	-	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_3484	-	Probable xiloglucano glucosiltransferasa 8; proteína C8 similar a celulosa sintasa; AtCslC8;
cds_wt_3485	-	Proteína no caracterizada Rv1002c/MT1031;
cds_wt_3486	-	Proteína de UPF0011 yraL;
cds_wt_3487	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3488	metG	metionil-ARNt sintetasa
cds_wt_3489	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3490	tatD	supuesta desoxirribonucleasa
cds_wt_3491	ksgA	supuesta dimetiladenosina transferasa
cds_wt_3492	-	Supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC VV2_1533;
cds_wt_3493	-	proteína hipotética
cds_wt_3494	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_3495	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3496	glmU	glucosamina-1-fosfato N-acetiltransferasa / UDP-N-acetilglucosamina pirofosforilasa
cds_wt_3497	prsA	ribosa-fosfato pirofosfocinasa
cds_wt_3498	rplY	proteína ribosómica de 50S L25; proteína de estrés general CTC;
cds_wt_3499	pth	peptidil-ARNt hidrolasa
cds_wt_3500	cpsD	azúcar transferasa
cds_wt_3501	IMP3	Inositol monofosfatasa 3; Inositol-1
cds_wt_3502	cysD	subunidad 2 de sulfato adenililtransferasa
cds_wt_3503	cysN	subunidad 1 de sulfato adenililtransferasa
cds_wt_3504	-	supuesta proteína fosfatasa dependiente de magnesio o manganeso
cds_wt_3505	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3506	galE	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_3507	trpS	triptofanil-ARNt sintetasa
cds_wt_3508	-	Proteína de UPF0477 yjcG;
cds_wt_3509	yhjD	Proteína de 36,0 kDa no caracterizada en la región 5' de kdgK; K1 ORF;
cds_wt_3510	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3511	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3512	tmpC	Proteína A2 de membrana básica; antígeno P39 inmunodominante;
cds_wt_3513	rbsA	supuesta transportador ABC de azúcar (proteína de unión a ATP)
cds_wt_354	-	Proteína permeasa de transportador ABC no caracterizada yufP;
cds_wt_3515	rbsC	Proteína no caracterizada MG121;
cds_wt_3516	cdd	citidina desaminasa
cds_wt_3517	deoA	timidina fosforilasa
cds_wt_3518	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3519	mmA	supuesta ARN metiltransferasa ribosómica
cds_wt_3520	add	supuesta adenosina desaminasa
cds_wt_3521	-	Proteína sensora torS;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3522	-	proteína hipotética
cds_wt_3523	-	proteína hipotética
cds_wt_3524	-	Factor G de elongación; EF-G; Subunidad alfa-1 B de canal de calcio tipo N dependiente de voltaje; subunidad alfa Cav2.2 de canal de calcio controlado por voltaje; canal de calcio, tipo L, isoforma 5 de alfa-1 polipéptido; canal III de calcio cerebral; Bill;
cds_wt_3525	-	
cds_wt_3526	-	Supuesta transposasa y4uE;
cds_wt_3527	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3528	dhaS	aldehído deshidrogenasa
cds_wt_3529	dhaS	aldehído deshidrogenasa
cds_wt_3530	deoC	supuesta desoxirribosa-fosfato aldolasa
cds_wt_3531	upp	uracil fosforribosiltransferasa
cds_wt_3532	mutT	7,8-dihidro-8-oxoguanina-trifosfatasa
cds_wt_3533	degT	UDP-4-amino-4-desoxi-L-arabinosa--oxoglutarato aminotransferasa; EC=2.6.1.n1; UDP-
cds_wt_3534	-	mio-inositol 2-deshidrogenasa
cds_wt_3535	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3536	rfaG	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_3537	-	glucosil transferasa, proteína de la familia del grupo 1
cds_wt_3538	-	Glucosiltransferasa MJ1607 no caracterizada;
cds_wt_3539	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3540	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_3541	-	deshidrogenasa de ácido UDP-N-acetil-D-manosaminurónico
cds_wt_3542	wbpD	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_3543	-	Proteína no caracterizada C5D6.13;
cds_wt_3544	yhxB	fosfomanomutasa
cds_wt_3545	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_3546	Sbm5	Metilmalonil-CoA mutasa, dominio/subunidad del extremo N
cds_wt_3547	amiA	amidasa/aminoacilasa/carboxipeptidasa dependiente de metal
cds_wt_3548	-	proteína hipotética
cds_wt_3549	-	Hidrolasa dependiente de metal de UPF0173 CHY_0920;
cds_wt_3550	-	Isoforma 5A de cadena pesada de kinesina;
cds_wt_3551	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3552	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3553	Ggct	Gamma-glutamil ciclotransferasa;
cds_wt_3554	lpdA	dihidrolipoamida deshidrogenasa
cds_wt_3555	-	Proteína dedA; proteína DSG-1;
cds_wt_3556	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_3557	-	biotina carboxilasa
cds_wt_3558	maf	Proteína similar a Maf Pfl01_0841;
cds_wt_3559	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina 1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_3560	-	Forma gamma de receptor Duffy; proteína de unión a eritrocitos;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3561	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_3562	-	Proteína 2 de unión a cortactina; CortBP2;
cds_wt_3563	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3564	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_3565	pccB	cadena beta de propionil-CoA carboxilasa
cds_wt_3566	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica;
cds_wt_3567	-	Halomucina;
cds_wt_3568	birA	biotina acetil-CoA carboxilasa ligasa
cds_wt_3569	-	Separina; separasa; proteína ESPL1 similar a caspasa; proteína 1 similar a polos de husillo adicionales;
cds_wt_3570	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_3571	-	Proteína no caracterizada ML0110;
cds_wt_3572	-	Factor sigma de ARN polimerasa ylaC;
cds_wt_3573	pckA	fosfoenolpiruvato carboxicinas
cds_wt_3574	-	supuesta undecaprenil pirofosfato sintetasa
cds_wt_3575	otsB	Trehalosa-fosfatasa; trehalosa-6-fosfato fosfatasa; TPP;
cds_wt_3576	phoH	Proteína chaperona dpB;
cds_wt_3577	-	proteína hipotética
cds_wt_3578	-	serina proteasa transmembrana 9
cds_wt_3579	-	Proteasa romboide gluP; serina proteasa intramembrana;
cds_wt_3580	glpX	proteína glpX
cds_wt_3581	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_3582	xseB	Subunidad pequeña de exodesoxirribonucleasa 7; subunidad pequeña de exodesoxirribonucleasa VII; subunidad pequeña de exonucleasa VII
cds_wt_3583	xseA	Exonucleasa VII, subunidad
cds_wt_3584	lytB	Proteína lytB
cds_wt_3585	-	Homólogo rmuC de proteína de recombinación ADN;
cds_wt_3586	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3587	yteT	proteína 1 de la familia 109 de glucosil hidrolasa;
cds_wt_3588	valS	valil-ARNt sintetasa
cds_wt_3589	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3590	-	At1g19270 que contiene dominio de LIM y UIM;
cds_wt_3591	ogt	Metiltransferasa de proteína de O-6-alkilguanina-ADN/cisteína
cds_wt_3592	alkA	supuesta proteína reguladora similar a ADA
cds_wt_3593	-	Tropinesterasa; atropinesterasa; atropina acilhidrolasa;
cds_wt_3594	ychF	Supuesta proteína tag-210 de unión a GTP;
cds_wt_3595	-	proteína hipotética
cds_wt_3596	-	proteína hipotética
cds_wt_3597	-	Proteína no caracterizada MJ0611.1;
cds_wt_3598	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_3599	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yetL;
cds_wt_3600	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3601	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3602	-	proteína hipotética
cds_wt_3603	ygaJ	Peptidasa E; alfa-aspartil dipeptidasa; dipeptidasa específica de Asp; dipeptidasa E;
cds_wt_3604	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3605	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3606	-	proteína hipotética
cds_wt_3607	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3608	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_3609	-	supuesta acil-CoA sintetasa, ácido graso:CoA ligasa de cadena larga
cds_wt_3610	tetR	Clase B de proteína represora de tetraciclina de transposón Tn10;
cds_wt_3611	aldA	aldehído deshidrogenasa
cds_wt_3612	adhC	supuesta alcohol deshidrogenasa (unión a cinc)
cds_wt_3613	pteR	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_3614	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb2936c;
cds_wt_3615	-	supuesta acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_3616	-	supuesta fosfotransferasa
cds_wt_3617	ptlF	3-oxoacil-
cds_wt_3618	-	supuesta deshidrogenasa de cadena corta
cds_wt_3619	ilvJ	homólogo 1 de proteína de unión a Leu/Ile/Val;
cds_wt_3620	livC	Proteína permeasa del sistema de transporte de aminoácidos de cadena ramificada de alta afinidad livM; LIV-I proteína M;
cds_wt_3621	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de aminoácidos de cadena ramificada de alta afinidad livH; LIV-I proteína H;
cds_wt_3622	livF	supuesta proteína de unión a ATP de transportador de aminoácidos de cadena ramificada de alta afinidad
cds_wt_3623	livG	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3624	-	Miosina-1; miosina poco convencional de clase I; miosina de tipo I;
cds_wt_3625	-	homólogo 3 de dioxigenasa alkB dependiente de alfa-cetoglutarato; homólogo 3 de la proteína alkB de reparación de ADN alquilado;
cds_wt_3626	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_3627	sdhb	supuesta subunidad de hierro-azufre de succinato deshidrogenasa
cds_wt_3628	sdhA	subunidad de flavoproteína de succinato deshidrogenasa
cds_wt_3629	-	proteína hipotética
cds_wt_3630	tldD	proteína pmbA;
cds_wt_3631	-	Proteína no caracterizada MJ0996;
cds_wt_3632	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3633	pepX	supuesta peptidasa
cds_wt_3634	mshB	N-acetilglucosaminil-fosfatidilinositol des-N-acetilasa; proteína de clase L de biosíntesis de fosfatidilinositol-glicano; PIG-L;
cds_wt_3635	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3636	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3637	-	N-acetiltransferasa no caracterizada yobR;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3638	yxnA	supuesta aminotransferasa
cds_wt_3639	-	proteína hipotética
cds_wt_3640	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3641	-	deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta
cds_wt_3642	-	cadena proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3643	-	cadena proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3644	-	cadena proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3645	-	cadena proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3646	-	cadena proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3647	-	cadena proteína
cds_wt_3648	prpH	subunidad beta de ADN polimerasa III;
cds_wt_3649	yggA	Proteína exportadora de arginina;
cds_wt_3650	-	Inhibidor de la iniciación del cromosoma; inhibidor de la replicación de OriC;
cds_wt_3651	dapD	2,3,4,5-tetrahidropiridina-2-carboxilato N-succiniltransferasa
cds_wt_3652	dapE	succinil-diaminopimelato desuccinilasa
cds_wt_3653	-	Proteína de UPF0717 yvdD;
cds_wt_3654	-	Proteína de UPF0717 At5g11950;
cds_wt_3655	-	supuesta ADN helicasa dependiente de ATP
cds_wt_3656	-	supuesta ADN helicasa dependiente de ATP
cds_wt_3657	-	supuesta ADN helicasa dependiente de ATP
cds_wt_3658	-	proteína hipotética
cds_wt_3659	cspG	Proteína cspG similar a choque frío; CPS-G;
cds_wt_3660	-	proteína hipotética
cds_wt_3661	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3662	ssuC	Proteína permeasa de transporte de nitrato nrtB;
cds_wt_3663	ssuB	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3664	ssuA	Proteína de transporte de nitrato nrtA;
cds_wt_3665	iscR	Regulador transcripcional tipo HTH iscR;
cds_wt_3666	pqqL	Subunidad beta de peptidasa de procesamiento mitocondrial; Beta-MPP;
cds_wt_3667	pqqL	Proteasa de cinc no caracterizada Rv2782c/MT2852;
cds_wt_3668	nudC	Proteína de la familia MutT/nudix;
cds_wt_3669	-	Ectoína hidroxilasa;
cds_wt_3670	glrX	Glutarredoxina-C6; homólogo 1 de glutarredoxina-C2;
cds_wt_3671	-	supuesta ADN helicasa dependiente de ATP
cds_wt_3672	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3673	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_3674	-	Probable proteína de biosíntesis de ubiquinona ubiB; regulador de aminoglucósido acetiltransferasa;
cds_wt_3675	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3676	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3677	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3678	-	proteína hipotética
cds_wt_3679	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3680	-	proteína hipotética
cds_wt_3681	-	Proteasa La 1 dependiente de ATP;
cds_wt_3682	-	Proteína de UPF0182 Strop_3729;
cds_wt_3683	-	Proteína de dominio de repetición de lectina
cds_wt_3684	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizada ydcN;
cds_wt_3685	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_3686	-	Proteína de resistencia multifármaco B;
cds_wt_3687	-	Proteína que contiene repeticiones WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_3688	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3689	yrfE	Oroteína unida a la membrana lytR;
cds_wt_3690	-	supuesta lipasa
cds_wt_3691	-	Supuesta peptidoglicano O-acetiltransferasa yrhL;
cds_wt_3692	ybgG	Proteína no caracterizada ybgG;
cds_wt_3693	terC	Proteína de membrana no caracterizada Rv2723/MT2795;
cds_wt_3694	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_3695	-	Espermidina sintasa; putrescina aminopropiltransferasa; PAPT; SPDSY;
cds_wt_3696	-	proteína hipotética
cds_wt_3697	-	proteína hipotética
cds_wt_3698	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3699	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3700	malQ	supuesta 4-alfa-glucanotransferasa
cds_wt_3701	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3702	csn	supuesta proteína secretada
cds_wt_3703	bglA	supuesta hidrolasa secretada
cds_wt_3704	-	Proteína de xiloglucano endotransglucosilasa/hidrolasa 2; At-XTH2; XTH-2;
cds_wt_3705	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3706	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3707	-	Inositol-1-monofosfatasa; IMPasa; Inositol-1-fosfatasa; I-1-Pasa;
cds_wt_3708	-	proteína hipotética
cds_wt_3709	aroA	3-fosfohistidinato 1-carboxiviniltransferasa
cds_wt_3710	-	proteína hipotética
cds_wt_3711	sigH	Factor sigma-E de ARN polimerasa; sigma-24;
cds_wt_3712	-	supuesta factor anti-sigma
cds_wt_3713	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3714	accB	Piruvato carboxilasa; pirúvico carboxilasa; PCB;
cds_wt_3715	-	Proteína At1g62910 que contiene repetición de pentatricopéptido;
cds_wt_3716	-	proteína de dominio SIS
cds_wt_3717	PHYB	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_3718	nirA	supuesta nitrito/sulfito reductasa
cds_wt_3719	cysH	fosfoadenosina fosfosulfato reductasa
cds_wt_3720	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_3721	-	Probable similar a yegS de cinasa de lípido;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3722	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3723	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3724	gntR	Regulador de operón Uxu;
cds_wt_3725	rsbW	Serina-proteína cinasa rsbW; factor B anti-sigma; efector negativo sigma-B rsbW;
cds_wt_3726	sodN	supuesto precursor de superóxido dismutasa que contiene níquel (NISOD)
cds_wt_3727	-	subunidad 1 de proteasa de membrana interna mitocondrial; proteína similar a IMP1;
cds_wt_3728	me	enzima málica
cds_wt_3729	badC	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_3730	ackA	acetato cinasa
cds_wt_3731	pta	fosfato acetiltransferasa
cds_wt_3732	-	proteína hipotética
cds_wt_3733	sucA	componente E1 de 2-oxoglutarato deshidrogenasa;
cds_wt_3734	invs	Inversina;
cds_wt_3735	-	proteína hipotética
cds_wt_3736	plsC	proteína hipotética
cds_wt_3737	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3738	phoP	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_3739	phoR	histidina cinasa sensora
cds_wt_3740	pepD	las serina proteasas similares a tripsina normalmente periplásmicas contienen dominio PDZ del extremo C
cds_wt_3741	-	Supuesta metaloproteasa de cinc sII0528;
cds_wt_3742	-	Proteína de Polyposis coli denomatosa; proteína APC; delecionada en poliposis 2,5;
cds_wt_3743	-	Proteína que contiene dominio de fosfolipasa similar a patatina ACLA_029670;
cds_wt_3744	-	1-acil-sn-glicerol-3-fosfato aciltransferasa delta; 1-AGP aciltransferasa 4; 1-AGPA 4; aciltransferasa delta de ácido lisofosfatítico; LPAAT-delta; 1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa 4;
cds_wt_3745	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3746	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3747	rocD	ornitina aminotransferasa
cds_wt_3748	-	Arginina deiminasa 1; ADI 1; Arginina dihidrolasa 1; AD 1;
cds_wt_3749	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3750	clpP	subunidad 1 proteolítica de la proteasa Clp dependiente de ATP
cds_wt_3751	nei2	formamidopirimidina-ADN glucosilasa
cds_wt_3752	nodB	polisacárido desacetilasa, supuesta
cds_wt_3753	-	Carboxilato-amina ligasa Arth_2891;
cds_wt_3754	-	Proteína de membrana interna oxaA;
cds_wt_3755	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3756	bglA	Beta-glucanasa; endo-beta-1,3-1,4 glucanasa; 1,3-1,4-beta-D-glucano 4-glucanohidrolasa; liquenasa
cds_wt_3757	chiA	exoquitinasa extracelular Chi36
cds_wt_3758	chiC	quitinasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3759	X	Proteína no caracterizada X;
cds_wt_3760	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3761	treS	Trehalosa sintasa; maltosa alfa-D-glucosiltransferasa;
cds_wt_3762	-	supuesta deshidrogenasa de cadena corta
cds_wt_3763	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3764	ygiC	Proteína no caracterizada yjiC;
cds_wt_3765	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3766	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_3767	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3768	-	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_3769	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3770	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3771	-	activador 3 transcripcional del operón XylDLEGF;
cds_wt_3772	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_3773	ycjY	Proteína no caracterizada ycjY;
cds_wt_3774	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_3775	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3776	-	proteína hipotética
cds_wt_3777	cocE	similar a acilasa y diesterasa
cds_wt_3778	prkC	proteína cinasa
cds_wt_3779	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3780	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3781	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_3782	-	proteína hipotética
cds_wt_3783	-	proteína hipotética
cds_wt_3784	sipY	supuesta señal peptidasa
cds_wt_3785	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3786	-	Cadena larga de carbamoil-fosfato sintasa, sección del extremo N; cadena de amonio de carbamoil-fosfato sintetasa;
cds_wt_3787	rimK	Proteína 1 de modificación de proteína ribosómica S6;
cds_wt_3788	degT	Serina hidroximetiltransferasa; serina metilasa; SHMT;
cds_wt_3789	argC	N-acetil-gamma-glutamyl-fosfato reductasa
cds_wt_3790	argE	acetil-lisina desacetilasa
cds_wt_3791	tktC	transcetolasa
cds_wt_3792	hpbA	Proteína de unión al oligopéptido periplásmico;
cds_wt_3793	-	Proteína de resistencia multifármaco mdtH;
cds_wt_3794	-	proteína hipotética
cds_wt_3795	pepN	aminopeptidasa N
cds_wt_3796	ywqN	Supuesta NAD
cds_wt_3797	-	proteína hipotética
cds_wt_3798	argS	arginil-ARNt sintetasa
cds_wt_3799	lysA	diaminopimelato descarboxilasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3800	thrA	homoserina deshidrogenasa
cds_wt_3801	gloA	proteína hipotética
cds_wt_3802	thrC	treonina sintasa
cds_wt_3803	marR	Regulador transcripcional tipo HTH hpr; proteína reguladora de la producción de proteasa hpr;
cds_wt_3804	yerP	Proteína de resistencia multifármaco mdtC; transportador multifármaco mdtC;
cds_wt_3805	bacE	Supuesto exportador de bacilisina bacE;
cds_wt_3806	thrB	homoserina cinasa
cds_wt_3807	-	Factor de terminación de la transcripción rho; helicasa dependiente de ATP rho;
cds_wt_3808	rho	Subunidad beta de ATP sintasa; subunidad beta de F-ATPasa; subunidad beta del sector F1 de ATP sintasa;
cds_wt_3809	nos	óxido nítrico sintasa
cds_wt_3810	-	proteína hipotética
cds_wt_3811	pseT	Polinucleótido cinasa; PNK; Polinucleótido 5'-hidroxil-cinasa;
cds_wt_3812	-	Supuesta cinasa/ARN ligasa de polinucleótido bifuncional; Incluye: cinasa de polinucleótido; PNK; 5'-hidroxil-cinasa de polinucleótido; Incluye: ARN ligasa;
cds_wt_3813	rpmE	proteína ribosómica de 50S L31;
cds_wt_3814	prfA	Factor 1 de liberación de cadena de péptido; RF-1;
cds_wt_3815	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3816	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_3817	sua5	Carbamoiltransferasa hypF; enzima convertidora de carbamoil fosfato hypF;
cds_wt_3818	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3819	tdcF	Proteína de UPF0076 PH0854;
cds_wt_3820	-	Proteína no caracterizada ybjT;
cds_wt_3821	glyA	serina hidroximetiltransferasa
cds_wt_3822	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3823	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3824	atpB	Cadena A de ATP sintasa
cds_wt_3825	atpE	Proteína de unión a lípido de ATP sintasa, mitocondrial; proteolípido P2 de ATP sintasa; proteína 9 de ATPasa; subunidad c de ATPasa;
cds_wt_3826	atpF	cadena B de ATP sintasa
cds_wt_3827	atpH	cadena delta / B de ATPasa transportadora de H ⁺ de tipo F
cds_wt_3828	atpA	Cadena alfa de ATP sintasa
cds_wt_3829	atpG	Cadena gamma de ATP sintasa
cds_wt_3830	atpD	F1 de ATP sintasa F1, subunidad beta
cds_wt_3831	-	Proteína unida a la membrana lytR;
cds_wt_3832	atpC	Cadena épsilon de ATP sintasa; subunidad épsilon del sector F1 de ATP sintasa; subunidad épsilon de F-ATPasa;
cds_wt_3833	-	Proteína no caracterizada ML1147;
cds_wt_3834	phzF	Diaminopimelato epimerasa; DAP epimerasa;
cds_wt_3835	pduO	proteína hipotética
cds_wt_3836	murA	UDP-N-acetilglucosamina 1-carboxiviniltransferasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3837	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3838	hbd2	3-hidroxiacil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_3839	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3840	-	ADN translocasa ftsK;
cds_wt_3841	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_3842	-	Proteína de UPF0286 Mvan_4308;
cds_wt_3843	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3844	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3845	-	Proteína no caracterizada RP471;
cds_wt_3846	-	Proteína no caracterizada Mb1356;
cds_wt_3847	gabD	supuesta aldehído deshidrogenasa
cds_wt_3848	-	Transportador ABC, proteína de unión a ATP
cds_wt_3849	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3850	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3851	phr2	Criptocromo DASH;
cds_wt_3852	-	Subunidad beta-1 de laminina; cadena B1 de laminina;
cds_wt_3853	-	Subunidad alfa-3 de laminina; subunidad de 170 kDa de epiligrina; E170; subunidad alfa de niceína;
cds_wt_3854	MCEE	Metilmalonil-CoA epimerasa, mitocondrial; DL-metilmalonil-CoA racemasa;
cds_wt_3855	phbA	acetil-CoA acetiltransferasa
cds_wt_3856	-	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_3857	-	proteína hipotética
cds_wt_3858	icmA	metilmalonil-CoA mutasa, extremo N de subunidad grande
cds_wt_3859	trxA	supuesta tioredoxina
cds_wt_3860	arc	arginasa
cds_wt_3861	pbp	supuesta proteína de unión a penicilina
cds_wt_3862	gdh	proteína hipotética;
cds_wt_3863	-	Represor de xilosa;
cds_wt_3864	-	supuesta proteína de unión a ATP del sistema de transporte de hierro
cds_wt_3865	pfkB	ribocinasa
cds_wt_3866	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3867	crt2	supuesta enoil-coA hidratasa
cds_wt_3868	ilvG	Subunidad grande de acetolactato sintasa
cds_wt_3869	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_3870	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3871	-	proteína de membrana
cds_wt_3872	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3873	yidH	Proteína de membrana interna yidH;
cds_wt_3874	fixA	Proteína fixA;
cds_wt_3875	fixB	Proteína fixB;
cds_wt_3876	iscS	supuesta aminotransferasa dependiente de piridoxal-fosfato
cds_wt_3877	trmU	ARNt (5-metilaminometil-2-tiouridilato)-metiltransferasa
cds_wt_3878	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3879	ligA	ADN ligasa
cds_wt_3880	-	supuesta fosfodiesterasa
cds_wt_3881	gatC	Glutamil-ARNt
cds_wt_3882	gatA	glutamil-ARNt(Gln) amidotransferasa, subunidad A
cds_wt_3883	-	Aminopeptidasa 2, mitocondrial; aminopeptidasa II; AP-II; YscII;
cds_wt_3884	gatB	subunidad B de glutamil-ARNt(Gln) amidotransferasa
cds_wt_3885	-	Metalofosfoesterasa no caracterizada aq_1054;
cds_wt_3886	-	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_3887	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3888	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3889	rtn	Proteína no caracterizada AZC_3085;
cds_wt_3890	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_3891	-	Transportador tipo MFS no caracterizado C16A3.17c;
cds_wt_3892	-	proteína hipotética
cds_wt_3893	SFI1	Homólogo de proteína SFI1;
cds_wt_3894	cotA	proteína de envoltura de espora (externa)
cds_wt_3895	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3896	mpx	bacteriocina de union a calcio de tipo homolisina secretada, supuesta
cds_wt_3897	ilvD	dihidroxi-ácido deshidratasa
cds_wt_3898	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_3899	ilvB	subunidad grande de acetolactato sintasa
cds_wt_3900	ilvN	subunidad pequeña de acetolactato sintasa
cds_wt_3901	ilvC	cetol-ácido reductoisomerasa
cds_wt_3902	serA	D-3-fosfoglicerato deshidrogenasa
cds_wt_3903	-	hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3904	leuB	3-isopropilmalato deshidrogenasa
cds_wt_3905	ilvE	aminotransferasa de aminoácido de cadena ramificada
cds_wt_3906	-	proteína hipotética
cds_wt_3907	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3908	prfB	Factor 1 de liberación de cadena de péptido; RF-1;
cds_wt_3909	pqqL	Subunidad beta de peptidasa de procesamiento mitocondrial; beta-MPP; P-52;
cds_wt_3910	pqqL	Proteasa de cinc no caracterizada ML0855;
cds_wt_3911	-	proteína hipotética
cds_wt_3912	rimJ	proteína ribosómica alanina acetiltransferasa
cds_wt_3913	thrS	treonil-ARNt sintetasa
cds_wt_3914	leuA	2-isopropilmalato sintasa
cds_wt_3915	-	proteína hipotética
cds_wt_3916	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_3917	-	proteína hipotética
cds_wt_3918	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_3919	-	supuesto transportador

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3920	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado MJ0272;
cds_wt_3921	-	Posible 2-hidroxihepta-2,4-dieno-1,7-dioato isomerasa (HhdD isomerasa)
cds_wt_3922	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3923	icIR	Represor transcripcional tipo HTH allR; regulador negativo de operones de utilización de alantoína y glioxilato;
cds_wt_3924	leuC	subunidad grande de 3-isopropilmalato deshidratasa
cds_wt_3925	leuD	subunidad pequeña de 3-isopropilmalato deshidratasa
cds_wt_3926	hupB	Subunidad beta del factor huésped de integración; IHF-beta;
cds_wt_3927	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3928	-	proteína hipotética
cds_wt_3929	ppK	polifosfato cinasa
cds_wt_3930	plsC	supuesta aciltransferasa
cds_wt_3931	gpsA	glicerol-3-fosfato deshidrogenasa (NAD(P)+)
cds_wt_3932	cthI	cistationina gamma-liasa
cds_wt_3933	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3934	ddlA	D-alanina-D-alanina ligasa
cds_wt_3935	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3936	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado PH1916;
cds_wt_3937	thiL	tiamina monofosfato cinasa
cds_wt_3938	-	IAA acetiltransferasa;
cds_wt_3939	rpmB	proteína ribosómica de 50S L28;
cds_wt_3940	degV	Proteína no caracterizada SAS1160;
cds_wt_3941	recG	ADN helicasa dependiente de ATP RecG
cds_wt_3942	-	proteína hipotética
cds_wt_3943	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3944	-	proteína hipotética
cds_wt_3945	kdtB	panteteína fosfato adenililtransferasa
cds_wt_3946	ntpF	Proteína no caracterizada ML1661;
cds_wt_3947	-	Proteína no caracterizada ML1660;
cds_wt_3948	rpmF	proteína ribosómica de 50S L32;
cds_wt_3949	plsX	Proteína de síntesis de ácido graso/fosfolípido plsX;
cds_wt_3950	mc	ribonucleasa III
cds_wt_3951	Pigv	GPI manosiltransferasa 2; GPI manosiltransferasa II; GPI-MT-II; proteína de clase V de biosíntesis de fosfatidilinositol-glicano; PIG-V;
cds_wt_3952	fpg	formamidopirimidina-ADN glucosilasa
cds_wt_3953	-	Esferulina-4;
cds_wt_3954	-	Histona-lisina N-metiltransferasa MLL3; proteína 3 de leucemia de linaje mieloide/linfóide o mixto; homólogo para ALR proteína; lisina N-metiltransferasa 2C;
cds_wt_3955	icsA	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_3956	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3957	smc	Proteína de reparto de cromosoma smc;
cds_wt_3958	smc	Proteína de reparto de cromosoma smc;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_3959	-	Fosfoglicolato fosfatasa; PGPasa; PGP;
cds_wt_3960	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3961	-	Proteína de 19,1 kDa no caracterizada de mini-círculo;
cds_wt_3962	-	proteína hipotética
cds_wt_3963	ftsY	Homólogo de ftsY proteína de división celular;
cds_wt_3964	tfxG	Proteína de inmunidad trifolitoxina;
cds_wt_3965	amt	Miembro 2 del transportador 1 de amonio; LeAMT1;2;
cds_wt_3966	glnB	Proteína P-II reguladora de nitrógeno;
cds_wt_3967	glnD	PII uridilil-transferasa
cds_wt_3968	pglA	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_3969	-	Proteína-L-isoaspartato O-metiltransferasa; proteína-beta-aspartato metiltransferasa; PIMT; Proteína L-isoaspartil metiltransferasa; L-isoaspartil proteína carboxil metiltransferasa;
cds_wt_3970	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3971	-	proteína hipotética
cds_wt_3972	pglA	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_3973	-	UDP-N-acetilglucosamina--N-acetilmuramil-
cds_wt_3974	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3975	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3976	wbpC	Supuesto peptidoglicano O-acetiltransferasa yrhL;
cds_wt_3977	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3978	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_3979	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3980	wbpA	supuesta UDP-glucosa/GDP-manosa deshidrogenasa
cds_wt_3981	cpsY	proteína hipotética
cds_wt_3982	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3983	ffh	Proteína de 54 kDa de señal de reconocimiento; SRP54;
cds_wt_3984	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3985	-	Proteína no caracterizada Rv2915c/MT2982.1;
cds_wt_3986	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_3987	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;
cds_wt_3988	proS	prolil-ARNt sintetasa
cds_wt_3989	-	proteína hipotética
cds_wt_3990	rpsP	Proteína ribosómica de 30S S16;
cds_wt_3991	-	Proteína de UPF0109 Mb2932c;
cds_wt_3992	rimM	Factor de maduración de ribosomas rimM;
cds_wt_3993	trmD	ARNt (guanina-NI)-metiltransferasa
cds_wt_3994	rplS	proteína ribosómica de 50S L19;
cds_wt_3995	lepB	peptidasa señal I
cds_wt_3996	lepB	peptidasa señal I
cds_wt_3997	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_3998	mhB	ribonucleasa HII
cds_wt_3999	-	Proteína no caracterizada Mb2925c;

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4000	-	Proteína no caracterizada Rv2891/MT2958.2;
cds_wt_4001	cefD	isopenicilina N epimerasa;
cds_wt_4002	xerC	Tirosina recombinasa xerC;
cds_wt_4003	-	Supuesto regulador transcripcional de operones de degradación de 2-aminoetilfosfonato; proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica Proteína no caracterizada Rv2896c/MT2964; Proteína no caracterizada Mb2921c;
cds_wt_4004	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4005	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4006	smf	Proteína no caracterizada Rv2896c/MT2964;
cds_wt_4007	-	Proteína no caracterizada Mb2921c;
cds_wt_4008	-	Proteína de UPF0102 Gmet_2864;
cds_wt_4009	rpsB	Proteína ribosómica de 30S S2;
cds_wt_4010	tsf	Factor de elongación Ts; EF-Ts;
cds_wt_4011	pyrH	uridilato cinasa
cds_wt_4012	frr	Factor de recirculación de ribosomas; RRF; factor liberador de ribosomas;
cds_wt_4013	cdsA	fosfatidato citidililtransferasa
cds_wt_4014	-	Metiltransferasa N de subunidad grande de ARN ribosómico; metiltransferasa m2A2503 de 23S ARNr;
cds_wt_4015	-	Proteína piccolo; aczonina; Banderas: Fragmento;
cds_wt_4016	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4017	CMAH	Citidina hidroxilasa de ácido monofosfato-N-acetilneuramínico; hidroxilasa de ácido CMP-N-acetil neuramínico; CMP-Neu5Ac hidroxilasa; CMP-NeuAc hidroxilasa; CMP-N-acetilneuraminato monooxigenasa; Banderas: Fragmento;
cds_wt_4018	-	Probable oxidoreductasa C10orf33;
cds_wt_4019	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4020	dxr	1-desoxi-D-xilulosa 5-fosfato reductoisomerasa
cds_wt_4021	-	metaloproteasa de cinc hipotética
cds_wt_4022	ispG	supuesta 1-hidroxi-2-metil-2-(E)-butenil 4-difosfato sintasa
cds_wt_4023	-	Serotonina N-acetiltransferasa; serotonina acetilasa; aralkilamina N-acetiltransferasa; AA-NAT;
cds_wt_4024	-	Proteína no caracterizada yqjI;
cds_wt_4025	ydfF	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydfF;
cds_wt_4026	mer2	5,10-metilentetrahidrometanopterín reductasa; N dependiente de coenzima F420
cds_wt_4027	bag	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4028	pip	Proteína de infección de fago;
cds_wt_4029	acrH	Regulador transcripcional tipo HTH acrR; potencial represor de operón acrAB;
cds_wt_4030	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_4031	-	Probable regulador transcripcional dependiente de metal pesado HI0293;
cds_wt_4032	PHY1	Fitocromo 1;
cds_wt_4033	-	Proteína reguladora transcripcional ydfI;
cds_wt_4034	yhaQ	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4035	-	Proteína no caracterizada yhaP;
cds_wt_4036	-	Integrina alfa-8; Contiene: cadena pesada de integrina alfa-8; Contiene: cadena ligera de integrina alfa-8;
cds_wt_4037	-	Amino-ácido permeasa no caracterizada C1039.01;
cds_wt_4038	-	supuesta glutamina sintetasa
cds_wt_4039	aldC	aldehído deshidrogenasa
cds_wt_4040	-	probable deshidrogenasa de cadena corta
cds_wt_4041	-	proteína hipotética
cds_wt_4042	-	proteína hipotética
cds_wt_4043	cckA	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_4044	-	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_4045	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4046	mapB	metionina aminopeptidasa
cds_wt_4047	-	Fe
cds_wt_4048	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4049	-	proteína hipotética
cds_wt_4050	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4051	-	Proteína de UPF0090 VP2458;
cds_wt_4052	nusA	Proteína de elongación de la transcripción nusA;
cds_wt_4053	-	proteína hipotética
cds_wt_4054	infB	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_4055	infB	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_4056	-	proteína hipotética
cds_wt_4057	-	Proteína no caracterizada ylxP; ORF5;
cds_wt_4058	rbfA	Factor A de unión al ribosoma;
cds_wt_4059	mgpA	Probable pirofosfatasa inorgánica de dependiente manganeso; pirofosfato fosfohidrolasa; PPasa;
cds_wt_4060	dinF	Proteína de resistencia multifármaco mdtK; transportador de entrada de multifármaco;
cds_wt_4061	truB	pseudouridina sintasa B de ARNt
cds_wt_4062	kdpE	Proteína reguladora transcripcional resD;
cds_wt_4063	-	Proteína sensora de control de la respiración aerobia arcB;
cds_wt_4064	ribF	riboflavina cinasa / FMN adenililtransferasa
cds_wt_4065	rpsO	Proteína ribosómica de 30S S15;
cds_wt_4066	gpsI	polirribonucleótido nucleotidiltransferasa
cds_wt_4067	pepR	supuesta proteasa de cinc
cds_wt_4068	dapB	dihidrodipicolinato reductasa
cds_wt_4069	-	Regulador transcripcional tipo HTH hmrR; regulador de salida de cobre; regulador de exportación de cobre;
cds_wt_4070	-	Proteína de choque frío cspA; CSP-A; proteína de choque frío de 7,4 kDa; CS7.4;
cds_wt_4071	-	N-acetiltransferasa no caracterizada yual;
cds_wt_4072	yfbM	N-acetiltransferasa no caracterizada yual;
cds_wt_4073	-	Proteína no caracterizada ycaQ;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4074	-	proteína hipotética
cds_wt_4075	dapA	dihidrodipicolinato sintasa
cds_wt_4076	-	Ribonucleasa J 2; RNasa J2;
cds_wt_4077	sprB	Serina proteasa 1; Serina proteasa I; RPI;
cds_wt_4078	-	proteína hipotética
cds_wt_4079	ftsK	ADN translocasa ftsK;
cds_wt_4080	-	proteína hipotética
cds_wt_4081	-	proteína hipotética
cds_wt_4082	-	
cds_wt_4083	pgsA	CDP-diacilglicerol--glicerol-3-fosfato 3-fosfatidiltransferasa
cds_wt_4084	-	supuesta proteína inducible de daño por competencia;
cds_wt_4085	-	proteína hipotética
cds_wt_4086	-	Subunidad beta-1 de laminina; cadena B1 de laminina;
cds_wt_4087	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4088	nei	supuesta endonucleasa VIII
cds_wt_4089	-	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH2;
cds_wt_4090	lhr	miembro de superfamilia II de helicasa dependiente de ATP
cds_wt_4091	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_4092	-	Proteína de salida de leucina;
cds_wt_4093	-	Proteína no caracterizada YIR042C;
cds_wt_4094	ptsJ	Serina hidroximetiltransferasa; Serina metilasa; SHMT;
cds_wt_4095	dpoL	supuesta proteína relacionada con ADN polimerasa
cds_wt_4096	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4097	recA	supuesta proteína RecA
cds_wt_4098	recX	Proteína reguladora recX;
cds_wt_4099	-	2',3'-cíclico-nucleótido 2'-fosfodiesterasa;
cds_wt_4100	gluD	Proteína permeasa del sistema de transporte de arginina artQ;
cds_wt_4101	occM	Proteína permeasa del sistema de transporte de octopina occM;
cds_wt_4102	gluB	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_4103	gluA	Componente de ATPasa del sistema de transporte de aminoácidos polares tipo ABC
cds_wt_4104	miaB	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_4105	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4106	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_4107	-	treonina deshidratasa
cds_wt_4108	thd	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4109	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_4110	-	proteína hipotética
cds_wt_4111	-	delta(2)-isopentenilpirofosfato transferasa de ARNt
cds_wt_4112	miaA	diaminopimelato epimerasa
cds_wt_4113	dapF	enzima málica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4114	me	proteína de unión a GTP
cds_wt_4115	hflX	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4116	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4117	-	proteína reguladora de SOS
cds_wt_4118	lexA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4119	-	Represor transcripcional nrdR;
cds_wt_4120	-	cadena alfa de ribonucleósido-difosfato reductasa
cds_wt_4121	nrdA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4122	-	Proteína de membrana interna ybjJ;
cds_wt_4123	ybjJ	Proteína 7 que contiene dominio de abhidrolasa; proteína relacionada con epóxido hidrolasa;
cds_wt_4124	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4125	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4126	-	Represor dependiente de hierro ideR;
cds_wt_4127	ideR	supuesta acetoina deshidrogenasa
cds_wt_4128	acuC	proteína hipotética
cds_wt_4129	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_4130	-	Factor sigma principal de ARN polimerasa hrdB;
cds_wt_4131	sigA	Proteína de control de la esporulación spoOM; estadio 0
cds_wt_4132	-	proteína M de esporulación;
cds_wt_4133	dtd	D-tirosil-ARNt(Tyr) desacilasa
cds_wt_4134	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; Policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_4135	mcpA	Subunidad alfa-3de laminina; subunidad alfa de niceína;
cds_wt_4136	-	Proteína de quimiotaxia cheW;
cds_wt_4137	cheB	proteína-glutamato metilesterasa CheB
cds_wt_4138	-	proteína hipotética
cds_wt_4139	cheR	proteína de quimiotaxia metiltransferasa CheR
cds_wt_4140	cheY	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_4141	cheA	Proteína de quimiotaxia cheA;
cds_wt_4142	cheA	histidina cinasa
cds_wt_4143	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4144	cheY	Proteína reguladora transcripcional resD;
cds_wt_4145	mcpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo tlpB;
cds_wt_4146	-	proteína de dominio GAF / dominio GGDEF / dominio EAL
cds_wt_4147	-	proteína hipotética
cds_wt_4148	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4149	suk	supuesta cinasa de azúcar
cds_wt_4150	indA	Proteína de UPF0724 yeiN;
cds_wt_4151	-	proteína hipotética
cds_wt_4152	-	Proteína de membrana de UPF0126 HI1240;
cds_wt_4153	sdrA	Proteína no caracterizada Rv2917/MT2985;
cds_wt_4154	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4155	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_4156	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4157	sigA	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; Sigma-A;
cds_wt_4158	suhB	supuesta homólogo de proteína supresora extragénica
cds_wt_4159	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4160	-	proteína hipotética
cds_wt_4161	-	proteína hipotética
cds_wt_4162	dut	desoxiuridina 5'-trifosfato nucleotidohidrolasa
cds_wt_4163	-	proteína hipotética
cds_wt_4164	-	proteína hipotética
cds_wt_4165	-	proteína hipotética
cds_wt_4166	trkB	Homólogo de proteína de captación de potasio del sistema Trk trkA; K
cds_wt_4167	ceoB	Proteína de captación de potasio del sistema Trk trkA; K
cds_wt_4168	-	Proteína de transporte de aminoácidos aromáticos aroP; permeasa de aminoácidos aromáticos general;
cds_wt_4169	-	supuesta ARN metiltransferasa
cds_wt_4170	folD	metilentetrahidrofolato deshidrogenasa (NADP+) / meteniltetrahidrofolato ciclohidrolasa
cds_wt_4171	dctA	proteína de transporte de C4-dicarboxilato;
cds_wt_4172	dxs	supuesta 1-desoxi-D-xilulosa 5-fosfato sintasa
cds_wt_4173	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4174	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4175	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4176	cutR	Proteína reguladora transcripcional de la síntesis de fosfatasa alcalina phoP;
cds_wt_4177	cutS	histidina cinasa sensora
cds_wt_4178	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; Policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_4179	fadJ	subunidad alfa del complejo de oxidación de ácidos grasos
cds_wt_4180	atoB	acetil-CoA acetiltransferasa
cds_wt_4181	md	ribonucleasa D, supuesta
cds_wt_4182	htrB	4 similar a proteasa Do, mitocondrial;
cds_wt_4183	hemE	Uroporfirinógeno descarboxilasa
cds_wt_4184	hemY	protoporfirinógeno oxidasa
cds_wt_4185	-	Proteína de UPF0447 BU03998/BL03956;
cds_wt_4186	wrbA	Flavoproteína wrbA;
cds_wt_4187	thyA	timidilato sintasa
cds_wt_4188	folA	dihidrofolato reductasa
cds_wt_4189	-	péptido metionina sulfóxido reductasa
cds_wt_4190	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4191	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4192	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4193	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4194	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4195	-	N-acetiltransferasa no caracterizada MJ1207;
cds_wt_4196	-	Proteína no caracterizada Mb2247c;
cds_wt_4197	slpE	supuesta ADN ligasa
cds_wt_4198	ligC	proteína hipotética
cds_wt_4199	-	proteína hipotética
cds_wt_4200	-	Proteína no caracterizada Mb1296;
cds_wt_4201	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4202	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4203	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_4204	dgt	desoxiguanosintrifosfato trifosfohidrolasa
cds_wt_4205	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4206	romA	fosfolipasa D hidrolizante de N-acil-fosfatidiletanolamina; N-acil fosfatidiletanolamina fosfolipasa D; fosfolipasa D hidrolizante de NAPE; NAPE-PLD;
cds_wt_4207	linA	Proteína de resistencia a lincosamida;
cds_wt_4208	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4209	-	Probable similar a yegS de cinasa de lípido;
cds_wt_4210	-	ADN-3-metiladenina glucosilasa; 3-metiladenina-ADN glucosidasa;
cds_wt_4211	-	Proteína 1 de unión al ribosoma; proteína de receptor de ribosoma; homólogo de receptor de ribosoma de 180 kDa;
cds_wt_4212	-	Proteína relacionada con ES/130;
cds_wt_4213	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_4214	-	supuesta lipoproteína
cds_wt_4215	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4216	sigL	supuesta proteína de membrana
cds_wt_4217	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigK; factor Sigma-K;
cds_wt_4218	sbcC	proteína hipotética
cds_wt_4219	sbcC	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4220	sbcD	Proteína de replicación y reparación de ADN recF;
cds_wt_4221	-	Subunidad D de nucleasa sbcCD;
cds_wt_4222	ribD	proteína hipotética
cds_wt_4223	-	5-amino-6-(5-fosforribosilamino)uracil reductasa
cds_wt_4224	-	proteína hipotética
cds_wt_4225	-	Proteína no caracterizada Mb1616;
cds_wt_4226	bioB	biotina sintasa
cds_wt_4227	bioF	8-amino-7-oxononanoato sintasa
cds_wt_4228	bioD	detiobiotina sintetasa
cds_wt_4229	ppgK	polifosfato glucocinasa
cds_wt_4230	-	Proteína 3 que contiene dominio de hidrolasa similar a haloácido deshalogenasa;
cds_wt_4231	-	proteína hipotética
cds_wt_4232	-	proteína de señalización ykoW;
cds_wt_4233	galE	UDP-glucosa 4-epimerasa; UDP-galactosa 4-epimerasa; galactowaldenasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4234	lsr2	Proteína lsr2; antígeno de 15 kDa; A15;
cds_wt_4235	choD	supuesta colesterol oxidasa
cds_wt_4236	-	Doliquil-fosfato-manosa--proteína manosiltransferasa 1;
cds_wt_4237	acsA	supuesta acetil-coenzima A sintetasa
cds_wt_4238	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_4239	-	Supuesta proteína de membrana mmpL11;
cds_wt_4240	wcbT	supuesta policétido sintasa
cds_wt_4241	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4242	-	Proteína similar a ácido graso desaturasa;
cds_wt_4243	-	Histidina cinasa sensora liaS;
cds_wt_4244	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína de regulación de nitrógeno C;
cds_wt_4245	-	proteína similar a Ycf48;
cds_wt_4246	-	proteína hipotética
cds_wt_4247	-	Proteína de la familia acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_4248	-	proteína hipotética
cds_wt_4249	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4250	purR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_4251	abfA	alfa-L-arabinofuranosidasa
cds_wt_4252	celC	Endoglucanasa C; endo-1,4-beta-glucanasa C; EGC;
cds_wt_4253	glcI	Celulasa C; celodextrinasa C;
cds_wt_4254	-	Glucano endo-1,3-beta-glucosidasa;
cds_wt_4255	Bga7	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4256	-	beta-galactosidasa
cds_wt_4257	-	Proteína no caracterizada ybiU;
cds_wt_4258	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4259	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4260	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_4261	ftrA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4262	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_4263	slpD	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4264	-	Probable proteasa exportada
cds_wt_4265	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4266	alcB	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4267	-	Supuesta lisina N-aciltransferasa C17G9.06c;
cds_wt_4268	alcC	penicilina amidasa
cds_wt_4269	alcA	Proteína de biosíntesis de sideróforo de rizobactiana; enzima de biosíntesis de alcaligina;
cds_wt_4270	ysuJ	supuesta descarboxilasa
cds_wt_4271	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4272	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_4273	cobK	precorrin-6x reductasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4274	cobL	precocorrin-6Y C5,15-metiltransferasa (descarboxilante)
cds_wt_4275	-	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_4276	-	Fosfoinositida fosfolipasa C 6; fosfoinositida fosfolipasa PLC6; PI-PLC6; AtPLC6; AtPLC8;
cds_wt_4277	nosX	Lipoproteína de biosíntesis de tiamina apbE;
cds_wt_4278	-	Proteína de UPF0256 SAV_4024;
cds_wt_4279	tnpR	Transposón Tn552 ADN-invertasa binR;
cds_wt_4280	tnpR	ADN-invertasa de profago lambdoide e14;
cds_wt_4281	X	Proteína no caracterizada X;
cds_wt_4282	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4283	-	Cadena ligera de cinesina; KLC;
cds_wt_4284	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4285	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4286	-	proteína hipotética
cds_wt_4287	-	Lectina de semilla; LECSJASG;
cds_wt_4288	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yobV;
cds_wt_4289	lipH	proteína hipotética
cds_wt_4290	Klc2	Cadena ligera 2 de cinesina; KLC 2;
cds_wt_4291	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4292	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4293	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4294	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4295	-	proteína hipotética
cds_wt_4296	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4297	ydjl	proteína hipotética
cds_wt_4298	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4299	-	Factor sigma de ARN polimerasa ylaC;
cds_wt_4300	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4301	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4302	msbA	proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_4303	-	Peptidasa señal I T; SPasa I; peptidasa conductora I;
cds_wt_4304	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4305	-	Cinasa sensorial de respuesta adaptativa sasA; proteína sensora adaptativa de Synechococcus A;
cds_wt_4306	-	proteína hipotética
cds_wt_4307	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4308	-	Proteína de unión a GTP lepA;
cds_wt_4309	-	Subunidad pequeña de D-aminoácido deshidrogenasa;
cds_wt_4310	-	Proteína de UPF0353 Mvan_2751;
cds_wt_4311	-	Proteína de UPF0353 Mvan_2751;
cds_wt_4312	-	Proteína no caracterizada Mb1516;
cds_wt_4313	moxR	Subunidad dpX de unión a ATP de proteasa Clp dependiente de ATP;
cds_wt_4314	degP	peptidasa S1 y S6, quimotripsina/Hap

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4315	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_4316	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4317	-	Proteína 1 similar a tolloide;
cds_wt_4318	-	supuesta transposasa de la familia IS630
cds_wt_4319	-	proteína de dominio III tipo fibronectina
cds_wt_4320	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_4321	-	Teneurina-1; Ten-1; tenascina-M1; Ten-m1; homólogo 1 de la proteína Odd Oz/Ten-m;
cds_wt_4322	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4323	-	Proteína no caracterizada y4sN;
cds_wt_4324	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4325	-	Helicasa dependiente de ATP no caracterizada C29A10,10c;
cds_wt_4326	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4327	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa; sigma-24;
cds_wt_4328	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4329	-	Proteína no caracterizada yfaP;
cds_wt_4330	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4331	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4332	-	glutaril-CoA deshidrogenasa
cds_wt_4333	-	proteína hipotética
cds_wt_4334	Muc6	Mucina-6; MUC-6; mucina-6 gástrica; mucina-6 formada de gel secretada;
cds_wt_4335	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4336	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4337	drnC	proteína A del sistema UvrABC; proteína UvrA; subunidad A de excinucleasa ABC;
cds_wt_4338	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4339	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigZ;
cds_wt_4340	-	proteína 1 que contiene el dominio MANSC; pérdida de proteína de la región cromosómica 3 de heterocigidad 12;
cds_wt_4341	malP	glucógeno fosforilasa
cds_wt_4342	-	Subunidad de glutamina amidotransferasa pdxT; subunidad de glutamina amidotransferasa glutaminasa pdxT;
cds_wt_4343	-	Fosfoglicolato fosfatasa 1; PGPasa 1; PGP 1; 4'-fosfopanteteinil transferasa entD;
cds_wt_4344	-	Componente D de sintetasa de enterobactina; sintasa D de enteroquelina;
cds_wt_4345	-	Proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_4346	-	Proteína que contiene repetición WD no caracterizada all2124;
cds_wt_4347	-	proteína hipotética
cds_wt_4348	-	5,10-metilentetrahidrometanopterina reductasa; N dependiente de coenzima F420
cds_wt_4349	-	Transportador no caracterizado yycB;
cds_wt_4350	viuB	Proteína de utilización de vibriobactina viuB;
cds_wt_4351	14	Glucoproteína GPV;
cds_wt_4352	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4353	-	Lectina de semilla; LECSJASG;
cds_wt_4354	Dpm1	Dolicol-fosfato manosiltransferasa; dolicol-fosfato manosa sintasa; DPM sintasa; doliquil-fosfato beta-D-Manosiltransferasa; manosa-P-dolicol sintasa; MPD sintasa;
cds_wt_4355	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4356	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_4357	-	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_4358	-	glucosil transferasa
cds_wt_4359	-	Endoglucanasa; endo-1,4-beta-glucanasa; carboximetil-celulasa; CMCasa; celulasa;
cds_wt_4360	cobl	precorrina-2 C20-metiltransferasa / precorrina-3B C17-metiltransferasa
cds_wt_4361	cobH	precorrina-8X metilmutasa
cds_wt_4362	cobG	posible proteína de biosíntesis de cobalamina CobG
cds_wt_4363	cobN	proteína de biosíntesis de cobalamina
cds_wt_4364	ydfG	Proteína no caracterizada ydfG;
cds_wt_4365	-	supuesto factor sigma
cds_wt_4366	cobF	proteína de la familia tetrapirrol metilasa
cds_wt_4367	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4368	sigW	Factor sigma de ARN polimerasa sigW; factor sigma-W;
cds_wt_4369	-	Proteína de choque frío cspA; CSP-A; proteína de choque frío de 7,4 kDa; CS7.4;
cds_wt_4370	dinP	ADN polimerasa IV
cds_wt_4371	hspX	proteína de choque térmico de clase I de 17,5 kDa; HSP 17,5-M;
cds_wt_4372	-	Arabinoxilano arabinofuranohidrolasa; AXH; AXH-m2.3; AXH-m23; alfa-L-arabinofuranosidasa; AF;
cds_wt_4373	luxA	Cadena alfa de alcanal monooxigenasa; cadena alfa de luciferasa bacteriana;
cds_wt_4374	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_4375	-	Proteína reguladora de la respuesta de nitrato/nitrito narP;
cds_wt_4376	-	Proteína sensora vraS;
cds_wt_4377	-	proteína expresada
cds_wt_4378	ykoU	proteína hipotética
cds_wt_4379	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4380	-	proteína hipotética
cds_wt_4381	-	Proteína no caracterizada R02095;
cds_wt_4382	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4383	-	Proteína de Fimbriae Z;
cds_wt_4384	-	Proteína de interacción del receptor nuclear; NRIP; proteína 1 que contiene motivo IQ y repetición WD;
cds_wt_4385	-	proteína hipotética
cds_wt_4386	-	proteína hipotética
cds_wt_4387	-	Supuesta proteína reguladora transcripcional para operón hcr
cds_wt_4388	mhA	ribonucleasa H
cds_wt_4389	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4390	-	supuesta proteína de transporte de membrana integral
cds_wt_4391	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4392	-	Proteína 3 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; OsPDR9;
cds_wt_4393	-	Proteína sensora vraS;
cds_wt_4394	yvqC	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_4395	phoA	fosfatasa alcalina
cds_wt_4396	-	hemaglutinina
cds_wt_4397	pimB	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_4398	pimA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_4399	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_4400	-	proteína hipotética
cds_wt_4401	-	proteína hipotética
cds_wt_4402	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4403	ubiE	Metiltransferasa de biosíntesis de menaquinona ubiE;
cds_wt_4404	-	HMP-PP fosfatasa;
cds_wt_4405	ppnK	probable polifosfato inorgánico/ATP-NAD cinasa
cds_wt_4406	trxB	supuesta tiorredoxina reductasa
cds_wt_4407	ETR1	similar a histidina cinasa sensora de dos componentes
cds_wt_4408	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4409	-	Supuesta metiltransferasa dependiente de S-adenosil-L-metionina MAV_4444;
cds_wt_4410	-	proteína hipotética
cds_wt_4411	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4412	-	Probable transportador de glucarato; D-glucarato permeasa;
cds_wt_4413	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4414	pop	enzima liberadora de acilamino-ácido
cds_wt_4415	asnB	asparagina sintasa, hidrolizante de glutamina
cds_wt_4416	-	Carboxilato-amina ligasa Francci3_2911;
cds_wt_4417	rfbE	CDP-tivelsa-2-epimerasa
cds_wt_4418	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_4419	ST2	anhidrasa carbónica
cds_wt_4420	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_4421	-	proteína periplásmica de unión a sn-glicerol-3-fosfato ugpB;
cds_wt_4422	araP	Proteína permeasa del sistema de transporte de L-arabinosa araP;
cds_wt_4423	lacG	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpE;
cds_wt_4424	aglA	supuesta alfa-glucosidasa
cds_wt_4425	-	supuesta glucosil hidrolasa secretada
cds_wt_4426	chb	Tenascina; TN; tenascina-C; TN-C; hexabraquiona; citotactina; neuronectina; GLEM; JI; antígeno miotendinoso; antígeno de matriz extracelular asociado a glioma; GP 150-225; P230;
cds_wt_4427	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4428	mcpK	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo II; MCP-II; proteína de quimiorreceptor de aspartato;
cds_wt_4429	-	Proteína de UPF0225 CV_3559;
cds_wt_4430	-	triptófano 2,3-dioxigenasa
cds_wt_4431	kynU	cinureninasa
cds_wt_4432	-	Miosina-XVIIIb;
cds_wt_4433	yvaA	Oxidorreductasa no caracterizada yvaA;
cds_wt_4434	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4435	-	proteína hipotética
cds_wt_4436	-	proteína hipotética
cds_wt_4437	-	proteína hipotética
cds_wt_4438	rfaG	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_4439	-	supuesta glucosiltransferasa
cds_wt_4440	malL	oligo-1,6-glucosidasa
cds_wt_4441	-	supuesto regulador
cds_wt_4442	Psp5	Proteína LF de reconocimiento de peptidoglicanos; proteína similar a PGRP;
cds_wt_4443	-	Proteína no caracterizada Rv1260/MT1298;
cds_wt_4444	-	Proteína reguladora del metabolismo de los ácidos grasos;
cds_wt_4445	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4446	kdgA	2-dehidro-3-desoxifosfogluconato aldolasa / 4-hidroxi-2-oxoglutarato aldolasa
cds_wt_4447	kdgK	2-ceto-3-desoxigluconato cinasa
cds_wt_4448	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4449	-	proteína hipotética
cds_wt_4450	-	Regulador transcripcional tipo HTH cueR; regulador de salida de cobre; regulador de exportación de cobre;
cds_wt_4451	-	proteína hipotética
cds_wt_4452	-	proteína hipotética
cds_wt_4453	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_4454	-	proteína hipotética
cds_wt_4455	-	proteína hipotética
cds_wt_4456	-	proteína hipotética
cds_wt_4457	-	Histidina cinasa sensora de oxígeno nreB; proteína de regulación de nitrógeno B;
cds_wt_4458	-	Proteína reguladora de la respuesta de nitrato/nitrito narP;
cds_wt_4459	-	Proteína no caracterizada yehI;
cds_wt_4460	-	proteína hipotética
cds_wt_4461	isp6	supuesta peptidasa tipo subtilasa
cds_wt_4462	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4463	-	NADH-azoreductasa dependiente de FMN; oxidorreductasa de compuesto de NADH-azoico dependiente de FMN; reductasa de colorante azoico;
cds_wt_4464	mtrA	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_4465	sprD	Estreptogrisina-D; serina proteasa D; SGPD;
cds_wt_4466	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4467	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4468	-	Supuesta lipoproteína lppW;
cds_wt_4469	-	Proteína dedA; proteína DSG-1;
cds_wt_4470	-	Hidrolasa dependiente de metal de UPF0173 MTH_1902;
cds_wt_4471	bmrU	Probable cinasa de lípido yegS;
cds_wt_4472	yodM	Fosfato fosfohidrolasa 1 de lípido; fosfatasa ácida fosfatítica 2a; PAP2-alfa; PAP-2a; PAP2a; fosfatidato fosfohidrolasa tipo 2a;
cds_wt_4473	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4474	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4475	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4476	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4477	amt	Miembro 1 del transportador 1 de amonio; AtAMT1;1;
cds_wt_4478	-	Proteína de 19,1 kDa no caracterizada de mini-círculo;
cds_wt_4479	pleD	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_4480	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4481	-	Homólogo 1 de calnexina;
cds_wt_4482	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4483	-	proteína hipotética
cds_wt_4484	-	Regulador transcripcional tipo HTH iscR;
cds_wt_4485	araC	Activador transcripcional tipo HTH rhaR; activador transcripcional de operón de L-ramnosa rhaR;
cds_wt_4486	-	supuesta proteína de división celular, proteína reguladora
cds_wt_4487	-	proteína hipotética
cds_wt_4488	xerD	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_4489	-	proteína hipotética
cds_wt_4490	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4491	-	supuesta transposasa
cds_wt_4492	-	supuesta transposasa
cds_wt_4493	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4494	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4495	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4496	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4497	-	Proteína no caracterizada Cgl0967/cg1104; ORF2;
cds_wt_4498	lysX	Probable lisilfosfatidilglicerol sintetasa; LPG sintetasa; factor de resistencia a múltiples péptidos;
cds_wt_4499	-	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_4500	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4501	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4502	-	Proteína no caracterizada ypmR;
cds_wt_4503	phbZ	supuesta polihidroxialcanoato despolimerasa
cds_wt_4504	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4505	tetR	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_4506	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4507	ydcH	Regulador transcripcional slyA;
cds_wt_4508	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4509	-	proteína desconocida
cds_wt_4510	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4511	-	proteína Sonic hedgehog; SHH; HHG-1; Contiene: N-producto de proteína Sonic hedgehog; Contiene: C-producto de proteína Sonic hedgehog;
cds_wt_4512	-	Subunidad beta-2 de laminina; S-laminina; cadena de laminina B1s;
cds_wt_4513	yfbQ	supuesta aminotransferasa
cds_wt_4514	sigG	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-42;
cds_wt_4515	-	proteína hipotética
cds_wt_4516	tetR	Clase C de proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_4517	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_4518	benE	Proteína de transporte de membrana de benzoato
cds_wt_4519	pnuC	transportador de nicotinamida mononucleótido
cds_wt_4520	corA	Proteína de transporte de cinc zntB;
cds_wt_4521	ytrE	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4522	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_4523	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN 1;
cds_wt_4524	prs	ribosa-fosfato pirofosfocinasa
cds_wt_4525	ckkA	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_4526	pknA	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_4527	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4528	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4529	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_4530	-	Lipasa; lipasa extracelular; SRL; lipasa similar a GDLSL;
cds_wt_4531	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4532	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4533	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4534	-	Proteína permeasa de exportación de bacitracina bceB;
cds_wt_4535	-	Histidina cinasa sensora yfiJ;
cds_wt_4536	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína de regulación de nitrógeno C;
cds_wt_4537	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_4538	bga6	supuesta beta-galactosidasa
cds_wt_4539	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_4540	-	Probable proteína permeasa de transportador ABC yesQ;
cds_wt_4541	rafA	alfa-galactosidasa
cds_wt_4542	PRB1	proteasa B vacuolar
cds_wt_4543	phal	supuesta oxidoreductasa
cds_wt_4544	-	Proteína de UPF0190 yedY;
cds_wt_455	-	serina proteasa alcalina, familia subtilasa
cds_wt_4546	-	Proteína no caracterizada Mb1584;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4547	-	Homólogo D de la proteína 48 de control de la división celular; AtCDC48d; ATPasa D del retículo endoplásmico transicional;
cds_wt_4548	-	Lacasa-12; bencenodiol:oxígeno oxidoreductasa 12; urisiol oxidasa 12; difenol oxidasa 12;
cds_wt_4549	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4550	purA	adenilosuccinato sintetasa
cds_wt_4551	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4552	-	Proteína serina/treonina cinasa Sgk3; cinasa 3 regulada por suero/glucocorticoide; similar a cinasa regulada por suero/glucocorticoide; cinasa de supervivencia independiente de citocina;
cds_wt_4553	-	supuesta ADN hidrolasa
cds_wt_4554	-	proteína hipotética
cds_wt_4555	-	Fibrocistina-L; proteína 1 similar a 1 de enfermedad del riñón poliquístico y hepática; proteína 1 similar a PKHD1; proteína D86;
cds_wt_4556	-	Fibrocistina-L; proteína 1 similar a 1 de enfermedad del riñón poliquístico y hepática; proteína 1 similar a PKHD1;
cds_wt_4557	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4558	MET	Receptor del factor de crecimiento de hepatocitos; receptor de HGF; receptor del factor de dispersión; receptor de SF; receptor de HGF/SF; tirosina cinasa del proto-oncogén Met; c-Met;
cds_wt_4559	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4560	-	serina proteasa alcalina, familia subtilasa
cds_wt_4561	-	Subunidad alfa-4 del receptor de acetilcolina neuronal;
cds_wt_4562	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4563	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4564	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4565	yehP	Proteína no caracterizada yehP;
cds_wt_4566	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4567	-	Proteína no caracterizada yehM;
cds_wt_4568	yehL	Subunidad dpX de unión a ATP de proteasa Clp dependiente de ATP;
cds_wt_4569	-	proteína hipotética
cds_wt_4570	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_4571	pecM	Proteína pecM;
cds_wt_4572	pecS	Regulador transcripcional tipo HTH pecS;
cds_wt_4573	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4574	cho	ADN polimerasa III, subunidad épsilon
cds_wt_4575	yycF	Regulador de respuesta mprA; regulador de la persistencia micobacteriana A;
cds_wt_4576	baeS	proteína sensora para BaeR
cds_wt_4577	-	proteína hipotética
cds_wt_4578	-	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_4579	gyrB	Subunidad B de ADN
cds_wt_4580	gyrA	Subunidad A de ADN
cds_wt_4581	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4582	marR	Proteína de resistencia a múltiples antibióticos marR;
cds_wt_4583	-	proteína hipotética
cds_wt_4584	-	Homólogo del miembro C1 de la familia 1 de aldo-ceto reductasa; 20-alfa-hidroxiesteroide deshidrogenasa; 20-alfa-HSD; dihidrodiol deshidrogenasa 1; DD-1; DD1;
cds_wt_4585	-	proteína hipotética
cds_wt_4586	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_4587	bglA	supuesta beta-glucosidasa
cds_wt_4588	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN 1;
cds_wt_4589	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de dipéptido dppC;
cds_wt_4590	dppB	Proteína permeasa del sistema de transporte de oligopéptidos oppB;
cds_wt_4591	appF	proteína KB de esporulación de estadio 0;
cds_wt_4592	dppA	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_4593	cytR	Proteína de unión al oligopéptido periplásmico;
cds_wt_4594	-	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_4595	-	Desacetilasa dependiente de NAD; homólogo de proteína reguladora SIR2;
cds_wt_4596	-	Espartina; trans-activada por la proteína 1 del núcleo del virus de la hepatitis C;
cds_wt_4597	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4598	-	Proteína 1 de parche de actina;
cds_wt_4599	-	proteína hipotética
cds_wt_4600	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4601	rhIE	ARN helicasa dependiente de ATP de caja DEAD 42;
cds_wt_4602	fliA	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-70;
cds_wt_4603	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4604	-	Helicasa IV;
cds_wt_4605	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_4606	fliA	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-42;
cds_wt_4607	-	proteína hipotética
cds_wt_4608	dacF	supuesta D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa
cds_wt_4609	-	proteína hipotética
cds_wt_4610	lsr2	Proteína lsr2; antígeno de 15 kDa; A15;
cds_wt_4611	mer	proteína hipotética
cds_wt_4612	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ysmB;
cds_wt_4613	rsbU	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína rsbU de regulación del factor sigma sigB;
cds_wt_4614	rsbW	Proteína serina cinasa rsbW; factor B anti-sigma; efector negativo sigma-B rsbW;
cds_wt_4615	-	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD;
cds_wt_4616	fgd1	Glucosa-6-fosfato deshidrogenasa dependiente de F420
cds_wt_4617	-	Undecaprenil-fosfato 4-desoxi-4-formamido-L-arabinosa transferasa; EC=2.7.8.n1; undecaprenil-fosfato Ara4FN transferasa; Ara4FN transferasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4617	-	proteína hipotética
cds_wt_4618	-	Fosfoglicolato fosfatasa 1; PGPasa 1; PGP 1;
cds_wt_4619	-	supuesta monooxigenasa
cds_wt_4620	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_4621	-	Cotransportador de sodio/glucosa 1; Na
cds_wt_4622	-	proteína hipotética
cds_wt_4623	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4624	slpE	Proteína no caracterizada Mb2247c;
cds_wt_4625	ggt	gamma-glutamyltranspeptidasa
cds_wt_4626	-	Proteína de incompatibilidad vegetativa HET-E-1;
cds_wt_4627	trmB	proteína hipotética
cds_wt_4628	-	Hemaglutinina filamentosa;
cds_wt_4629	PHYB	histidina cinasa sensora de dos componentes
cds_wt_4630	-	Proteína 1 de unión a selenio;
cds_wt_4631	-	proteína hipotética
cds_wt_4632	ywfM	Transportador de membrana interna no caracterizado yicL;
cds_wt_4633	estA	tributirina esterasa
cds_wt_4634	-	Proteína 2 de unión a cortactina; CortBP2;
cds_wt_4635	nha	Intercambiador de sodio/hidrógeno 2; Na
cds_wt_4636	-	proteína hipotética
cds_wt_4637	apbA	2-deshidropantoato 2-reductasa
cds_wt_4638	-	proteína hipotética
cds_wt_4639	malQ	enzima desramificadora de glucógeno
cds_wt_4640	glgX	enzima desramificadora de glucógeno
cds_wt_4641	treY	maltooligosil trehalosa sintasa
cds_wt_4642	treZ	maltooligosil trehalosa trehalohidrolasa
cds_wt_4643	-	Proteína de UPF0161 Atu 1747;
cds_wt_4644	glnH	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_4645	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4646	ppp	posible serina/treonina fosfatasa ppp
cds_wt_4647	Rtn5	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_4648	smtA	3-demetilubiquinone-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_4649	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4650	hrpB	Helicasa dependiente de ATP HrpB
cds_wt_4651	TTR	Supuesta ARN helicasa dependiente de ATP de factor de corte y empalme de pre-ARNm DHX15; proteína 15 de caja DEAH;
cds_wt_4652	aceB	Transtirretina; prealbúmina; TBPA;
cds_wt_4653	-	malato sintasa A
cds_wt_4654	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_4655	-	supuesta O-metiltransferasa
cds_wt_4656	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4657	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína C de regulación de nitrógeno;
cds_wt_4658	-	Proteína sensora vraS;
cds_wt_4659	pldA	fosfolipasa D, supuesta
cds_wt_4660	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4661	ampS	aminopeptidasa
cds_wt_4662	-	proteína hipotética
cds_wt_4663	clpC	Homólogo de clpA de subunidad de unión a ATP de proteasa Clp dependiente de ATP;
cds_wt_4664	-	Proteína similar a pirina At1g50590;
cds_wt_4665	suhB	inositol-1 (o 4)-monofosfatasa
cds_wt_4666	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4667	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4668	RPGR	Regulador de GTPasa de retinitis pigmentosa asociada a X;
cds_wt_4669	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ykoM;
cds_wt_4670	-	Antígeno de 27 kDa Cfp30B;
cds_wt_4671	-	Fosfoserina fosfatasa rsbP;
cds_wt_4672	celD	Endoglucanasa E-4; endo-1,4-beta-glucanasa E-4; celulasa E-4; celulasa E4;
cds_wt_4673	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4674	-	proteína hipotética
cds_wt_4675	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4676	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4677	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4678	-	Proteína de 17,2 kDa no caracterizada en la región intergénica de melC2-rnhH; ORF3;
cds_wt_4679	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4680	-	Deshidroescualeno desaturasa; diapofitoeno desaturasa; 4,4'-diapofitoeno desaturasa;
cds_wt_4681	-	proteína hipotética
cds_wt_4682	-	supuesta transferasa
cds_wt_4683	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_4684	-	Supuesta proteína 7 de resistencia a fármacos pleiotrópicos;
cds_wt_4685	-	histidina cinasa sensora de dos componentes
cds_wt_4686	chrA	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yhcZ;
cds_wt_4687	-	proteína hipotética
cds_wt_4688	-	Proteína no caracterizada Mb0911c;
cds_wt_4689	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4690	-	hidrolasa, supuesta
cds_wt_4691	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4692	recQ	ADN helicasa dependiente de ATP RecQ
cds_wt_4693	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4694	nagA	glucosidasas relacionadas con beta-glucosidasa
cds_wt_4695	-	Proteína no caracterizada yjdJ;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4696	-	Proteína no caracterizada yxxB;
cds_wt_4697	-	Proteína de la familia mscS no caracterizada HP_0415;
cds_wt_4698	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_4699	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4700	-	proteína hipotética
cds_wt_4701	cspA	Proteína de choque frío cspA; CSP-A; proteína de choque frío de 7,4 kDa; CS7.4;
cds_wt_4702	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4703	gsp	Probable oxidorreductasa
cds_wt_4704	tam	trans-aconitato metiltransferasa
cds_wt_4705	add	adenosina desaminasa
cds_wt_4706	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4707	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4708	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4709	envZ	histidina cinasa sensora
cds_wt_4710	srrB	Proteína reguladora transcripcional de la síntesis de fosfatasa alcalina sphR;
cds_wt_4711	thrS	treonil-ARNt sintetasa
cds_wt_4712	-	Proteína similar a HIT no caracterizada MG132;
cds_wt_4713	mtrS	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_4714	-	3-
cds_wt_4715	-	Factor de elongación EF-G
cds_wt_4716	pgsA	fosfatidilglicerofosfato sintasa
cds_wt_4717	-	lauroil aciltransferasa de la biosíntesis de lípido A
cds_wt_4718	pimA	supuesta glucosiltransferasa
cds_wt_4719	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_4720	-	Liasa de biosíntesis de piridoxal pdxS;
cds_wt_4721	-	Subunidad pdxT de glutamina amidotransferasa; subunidad pdxT de glutamina amidotransferasa glutaminasa;
cds_wt_4722	-	Proteína de UPF0082 Sare_1779;
cds_wt_4723	ccrB	ADN-invertasa de transposón Tn552 binR;
cds_wt_4724	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4725	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4726	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4727	ruvC	Endodesoxirribonucleasa de intersección
cds_wt_4728	ruvA	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvA;
cds_wt_4729	ruvB	ADN helicasa de la unión de Holliday RuvB
cds_wt_4730	yrbF	Proteína de membrana de UPF0092 BB_0651;
cds_wt_4731	secD	Proteína de membrana de exportación de proteína secD;
cds_wt_4732	secD	Proteína de membrana de exportación de proteína secD;
cds_wt_4733	secF	Proteína de membrana de exportación de proteína secF;
cds_wt_4734	apt	adenina fosforribosiltransferasa
cds_wt_4735	rel	GTP pirofosfocinasa
cds_wt_4736	ppiB	peptidil-prolil cis-trans isomerasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4737	ppiB	supuesta peptidil-prolil cis-trans isomerasa
cds_wt_4738	-	supuesta hidrolasa
cds_wt_4739	hisS	histidil-ARNt sintetasa
cds_wt_4740	-	Proteína de UPF0152 SS02140;
cds_wt_4741	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Rv3095/MT3179;
cds_wt_4742	cphB	cianoficinas
cds_wt_4743	cphA	Cianoficina sintetasa
cds_wt_4744	pknB	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_4745	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; Policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_4746	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4747	fliA	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD;
cds_wt_4748	adh	alcohol deshidrogenasa
cds_wt_4749	ureC	subunidad alfa de ureasa
cds_wt_4750	ureB	subunidad beta de ureasa
cds_wt_4751	ureA	subunidad gamma de ureasa
cds_wt_4752	pknA	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_4753	yjgF	Proteína de UPF0076 PH0854;
cds_wt_4754	-	Subunidad alfa de ureasa; subunidad alfa de urea amidohidrolasa;
cds_wt_4755	-	proteína hipotética
cds_wt_4756	nahA	precursor de beta-hexosaminidasa
cds_wt_4757	strB	Estreptomicina 6-cinasa; estreptidina cinasa; estreptomicina 6-fosfotransferasa; APH
cds_wt_4758	dsd	proteína hipotética
cds_wt_4759	-	Homoserina cinasa; HSK; HK;
cds_wt_4760	-	proteína hipotética
cds_wt_4761	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4762	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4763	aspS	aspartil-ARNt sintetasa
cds_wt_4764	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4765	-	Dihidroorotato deshidrogenasa; dihidroorotato oxidasa; DHODehasa; DHODasa; DHOD;
cds_wt_4766	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4767	-	Proteína A de recombinación asociada a replicación;
cds_wt_4768	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_4769	-	Colágeno alfa-2
cds_wt_4770	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_4771	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_4772	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4773	alaS	alanil-ARNt sintetasa
cds_wt_4774	yqgF	supuesta resolvasa de unión de Holliday
cds_wt_4775	-	Proteína no caracterizada yceG;
cds_wt_4776	-	Proteína no caracterizada HI0457;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4777	aroE	shikimato 5-deshidrogenasa
cds_wt_4778	aroC	corismato sintasa
cds_wt_4779	aroK	shikimato cinasa
cds_wt_4780	aroB	3-deshidroquinato sintasa
cds_wt_4781	aroD	3-deshidroquinato deshidratasa
cds_wt_4782	efp	Factor de elongación P; EF-P;
cds_wt_4783	nusB	Homólogo de proteína B de sustancia de utilización de N; proteína nusB;
cds_wt_4784	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_4785	pyR	supuesta proteína reguladora de operón de pirimidina
cds_wt_4786	pyB	aspartato carbamoiltransferasa
cds_wt_4787	pyC	dihidoorotasa
cds_wt_4788	carA	cadena pequeña de carbamoil-fosfato sintasa
cds_wt_4789	carB	cadena grande de carbamoil-fosfato sintasa
cds_wt_4790	pyrD	dihidoorotato deshidrogenasa
cds_wt_4791	bioA	adenosilmetionina-8-amino-7-oxononanoato aminotransferasa
cds_wt_4792	pyrF	orotidina-5'-fosfato descarboxilasa
cds_wt_4793	mihF	proteína hipotética
cds_wt_4794	gmk	guanilato cinasa
cds_wt_4795	rpoZ	subunidad omega de ARN polimerasa dirigida a ADN
cds_wt_4796	dfp	supuesta flavoproteína del metabolismo de pantotenato
cds_wt_4797	metK	S-adenosilmetionina sintetasa
cds_wt_4798	priA	Proteína N' primosómica; helicasa priA dependiente de ATP; factor de replicación Y;
cds_wt_4799	def2	supuesta polipéptido deformilasa
cds_wt_4800	fnt	metionil-ARNt formiltransferasa
cds_wt_4801	fmu	Proteína del sol
cds_wt_4802	rpe	ribulosa-fosfato 3-epimerasa
cds_wt_4803	-	Glutamato metilesterasa 1 de proteína reguladora de la respuesta de quimiotaxia;
cds_wt_4804	plsC	1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa
cds_wt_4805	-	supuesta regulador transcripcional de la familia TetR
cds_wt_4806	-	probable aminotransferasa de clase V
cds_wt_4807	ribD	diaminohidroxifosforribosilaminopirimidina desaminasa / 5-amino-6-(5-fosforribosilamino)uracil reductasa
cds_wt_4808	ribA	Ciclohidrolasa de GTP II / 3,4-dihidroxi-2-butanona 4-fosfato sintasa (dhbp sintasa)
cds_wt_4809	ribH	cadena beta de riboflavina sintasa
cds_wt_4810	glnQ	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_4811	-	Transportador ABC de amino-ácidos de membrana interna
cds_wt_4812	hisE	proteína permeasa yecS;
cds_wt_4813	hisG	fosforribosil-ATP pirofosfatasa
cds_wt_4814	-	ATP fosforribosiltransferasa
cds_wt_4815	infC	Proteína no caracterizada Mb1452;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4816	rpml	Factor de iniciación de la traducción IF-3;
cds_wt_4817	rpIT	proteína ribosómica de 50S L35;
cds_wt_4818	tsnR	proteína ribosómica de 50S L20;
cds_wt_4819	pheS	supuesta ARNr metilasa
cds_wt_4820	PheT	cadena alfa de fenilalanil-ARNt sintetasa
cds_wt_4821	-	cadena beta de fenilalanil-ARNt sintetasa
cds_wt_4822	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4823	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4824	-	Proteína no caracterizada L662;
cds_wt_4825	apAC	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4826	-	aminopeptidasa
cds_wt_4827	yhjG	proteína hipotética
cds_wt_4828	-	supuesta rifampina monooxigenasa
cds_wt_4829	-	Proteína no caracterizada ygjQ;
cds_wt_4830	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4831	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4832	-	proteína hipotética
cds_wt_4833	bglX	Subunidad beta-2 de laminina; S-laminina; S-LAM; precursor de beta-glucosidasa periplásmica
cds_wt_4834	gshA	gamma-glutamilcisteína sintetasa
cds_wt_4835	-	Factor 1 modificador de sulfatasa; enzima 1 generadora de C-alfa-formilglicina;
cds_wt_4836	cbiN	Glucosamina--fructosa-6-fosfato aminotransferasa
cds_wt_4837	-	Proteína del gen 158 regulado por incremento meióticamente;
cds_wt_4838	-	proteína hipotética
cds_wt_4839	-	lipoproteína hipotética SCF55.31
cds_wt_4840	-	Inversina; inversión de homólogo de giro de embrión; nefrocistina-2;
cds_wt_4841	argG	argininosuccinato sintasa
cds_wt_4842	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4843	argR	Represor de arginina;
cds_wt_4844	argF	ornitina carbamoiltransferasa
cds_wt_4845	argD	acetilornitina aminotransferasa
cds_wt_4846	argJ	glutamato N-acetiltransferasa / amino-ácido N-acetiltransferasa
cds_wt_4847	argC	N-acetil-gamma-glutamyl-fosfato reductasa
cds_wt_4848	-	Acetilhidrolasa de factor activante de plaquetas; acetilhidrolasa de PAF; 2-acilhidrolasa de PAF; fosfolipasa A2 asociada a LDL; LDL-PLA
cds_wt_4849	-	Proteína reguladora del metabolismo de los ácidos grasos;
cds_wt_4850	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4851	-	Supuesta proteína de membrana mmpL3;
cds_wt_4852	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_4853	argH	argininosuccinato liasa
cds_wt_4854	dapE	succinil-diaminopimelato desuccinilasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4855	lacl	Regulador transcripcional tipo HTH malR; represor transcripcional del operón de maltosa;
cds_wt_4856	-	Proteína de unión a maltotriosa; MMBP; proteína de unión a maltodextrina;
cds_wt_4857	malF	Proteína permeasa del sistema de transporte de maltosa malF;
cds_wt_4858	malD	Proteína permeasa del sistema de transporte de maltosa malG;
cds_wt_4859	pulA	supuesto precursor de pululanasa
cds_wt_4860	morA	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_4861	yjnA	Proteína transmembranaria UPF0721 HI0198;
cds_wt_4862	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4863	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4864	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4865	phoD	fosfodiesterasa/fosfatasa alcalina D
cds_wt_4866	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4867	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4868	-	Hidrolasa dependiente de metal de UPF0173 PF1764;
cds_wt_4869	-	Helicasa IV;
cds_wt_4870	mag	supuesta 3-metilpurina ADN glucosilasa
cds_wt_4871	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4872	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4873	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_4874	-	proteína hipotética
cds_wt_4875	ykwD	relacionada con V5/TPX-1 de alérgeno
cds_wt_4876	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_4877	speB	agmatinasa
cds_wt_4878	-	proteína hipotética
cds_wt_4879	adk	adenilato cinasa
cds_wt_4880	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_4881	lysR	proteína de nodulación D 1;
cds_wt_4882	-	Represor del sistema de lactosa fosfotransferasa;
cds_wt_4883	fruB	1-fosfofructocinasa
cds_wt_4884	mtlA	Sistema PTS, componente IIABC específico de manitol Componente EIICB específico de manitol del sistema PTS; EIICB-Mtl; EII-Mtl; Incluye: componente de IIC manitol permeasa; componente EMC específico de manitol del sistema PTS; Incluye: componente MB de enzima fosfotransferasa específica de manitol; componente EI IB específico de manitol del sistema PTS;
cds_wt_4885	cmtA	
cds_wt_4886	fruB	Sistema de PTS, componente IIA/fpr específico de fructosa
cds_wt_4887	-	sorbitol deshidrogenasa
cds_wt_4888	ptsH	Fosfoproteína transportadora HPr; proteína que contiene histidina;
cds_wt_4889	ptsl	fosfoenolpiruvato-proteína fosfotransferasa
cds_wt_4890	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4891	-	Proteína no caracterizada en región 3' de chlN; URF2; Banderas: Fragmento;
cds_wt_4892	tyrS	tirosil-ARNt sintetasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
		Poliproteína de replicasa 1ab; pplab; poliproteína de ORFlab; Contiene: Proteína 1 no estructural; nsp1; p28; Contiene: Proteína 2 no estructural; nsp2; p65; Contiene: Proteína 3 no estructural; nsp3; proteinasas 1/2 similares a papaína; PL1-PRO/PL2-PRO; p210; Contiene: Proteína 4 no estructural; nsp4; péptido HD2; p44; Contiene: proteinasa similar a 3C; 3CL-PRO; 3CLp; M-PRO; p27; nsp5; Contiene: Proteína 6 no estructural; nsp6; Contiene: Proteína 7 no estructural; nsp7; p10; Contiene: Proteína 8 no estructural; nsp8; p22; Contiene: Proteína 9 no estructural; nsp9; p12; Contiene: Proteína 10 no estructural; nsp10; péptido similar al factor de crecimiento; GFL; p15; Contiene: ARN polimerasa dirigida a ARN; RdRp; Pol; p100; nsp12; Contiene: Helicasa; Hel; p67; nsp13; Contiene: Exorribonucleasa; ExoN; nsp14; Contiene: endorribonucleasa específica de uridilato; NendoU; nsp15; p35; Contiene: supuesta 2'-O-metil transferasa; nsp16;
cds_wt_4893	-	
cds_wt_4894	-	Homólogo de Proteína nagD;
cds_wt_4895	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4896	htr8	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo 4;
cds_wt_4897	-	proteína hipotética
cds_wt_4898	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4899	-	Proteína de UPF0182 Mjls_1469;
cds_wt_4900	tlyA	Proteína no caracterizada yqxG;
cds_wt_4901	ppnK	probable polifosfato inorgánico /ATP-NAD cinasa
cds_wt_4902	recN	Proteína de reparación de ADN recN; proteína de recombinación N;
cds_wt_4903	-	Proteína no caracterizada MTH_1600;
cds_wt_4904	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_4905	-	proteína hipotética
cds_wt_4906	mviN	Factor de virulencia mviN;
cds_wt_4907	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_4908	-	proteína hipotética
cds_wt_4909	pyrG	CTP sintetasa
cds_wt_4910	mutT	GDP-manosa pirofosfatasa nudK;
cds_wt_4911	slpE	probable proteasa exportada
cds_wt_4912	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4913	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4914	-	proteína hipotética
cds_wt_4915	ydeP	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_4916	-	Oxidorreductasa no caracterizada yesF;
cds_wt_4917	-	proteína hipotética
cds_wt_4918	celA	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_4919	-	proteína hipotética
cds_wt_4920	ald	alanina deshidrogenasa
cds_wt_4921	xerD	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_4922	parA	Proteína inhibidora de la iniciación de la esporulación soj;
cds_wt_4923	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4924	-	3-oxoacil-
cds_wt_4925	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4926	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4927	-	Regulador transcripcional tipo HTH hpr; proteína reguladora de la producción de proteasa hpr;
cds_wt_4928	thiJ	Proteína de la familia ThiJ/Pfpl
cds_wt_4929	darR	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_4930	-	Extremos fraccionados de proteína;
cds_wt_4931	scpA	Proteína A de segregación y condensación;
cds_wt_4932	scpB	Proteína B de segregación y condensación;
cds_wt_4933	rluB	pseudouridilato sintasa
cds_wt_4934	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4935	pacD	supuesta hidrolasa
cds_wt_4936	PAPL	Proteína similar a fosfatasa ácida púrpura de hierro/cinc;
cds_wt_4937	xcIC	acil-CoA sintasa
cds_wt_4938	ykfJ	Proteína de UPF0027 MMP1392;
cds_wt_4939	prfH	Factor de liberación de cadena de péptido 1; RF-1;
cds_wt_4940	relA	GTP pirofosfocinasa; ATP:GTP 3'-pirofosfotransferasa; ppGpp sintetasa I;
cds_wt_4941	LIP4	Lipasa 4;
cds_wt_4942	cmk	citidilato cinasa
cds_wt_4943	engA	Proteína de unión a GTP engA;
cds_wt_4944	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4945	ftsK	ADN translocasa ftsK;
cds_wt_4946	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4947	-	proteína hipotética
cds_wt_4948	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4949	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4950	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4951	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4952	-	Proteína iniciadora de la replicación;
cds_wt_4953	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4954	int	Integrasa;
cds_wt_4955	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4956	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4957	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4958	sap	Proteínas de esporulación 55,5 kDa y 49,5 kDa; ORF1590 y ORF1422;
cds_wt_4959	-	proteína hipotética
cds_wt_4960	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4961	int7	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_4962	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4963	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4964	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4965	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4966	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4967	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_4968	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4969	-	Proteína de 12,0 kDa no caracterizada del elemento de inserción IS6110;
cds_wt_4970	tnp	Transposasa para elemento de secuencia de inserción IS1086;
cds_wt_4971	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4972	-	proteína hipotética
cds_wt_4973	-	Teneurina-2; Ten-2; Tenascina-M2; Ten-m2; homólogo 2 de la proteína Odd Oz/Ten-m; neurestina;
cds_wt_4974	rhsA	Teneurina-1; Ten-1; Tenascina-M1; Ten-m1; homólogo 1 de la proteína Odd Oz/Ten-m;
cds_wt_4975	-	Teneurina-3; Ten-3; Tenascina-M3; Ten-m3; homólogo 3 de la proteína Odd Oz/Ten-m
cds_wt_4976	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
	-	
	466 aa	
cds_wt_4977	(51,3 kD)	Supuesta transposasa para elemento de secuencia de inserción IS402;
cds_wt_4978	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4979	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4980	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4981	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4982	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4983	-	transposasa
cds_wt_4984	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4985	-	proteína hipotética
cds_wt_4986	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4987	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4988	-	proteína hipotética
cds_wt_4989	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4990	-	proteína hipotética
cds_wt_4991	-	proteína hipotética
cds_wt_4992	-	proteína hipotética
cds_wt_4993	iap	Lipoproteína spr;
cds_wt_4994	-	L-treonina 3-deshidrogenasa;
cds_wt_4995	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4996	aroB	3-dehidroquinato sintasa
cds_wt_4997	-	N-acetil-D-glucosamina cinasa; GlcNAc cinasa;
cds_wt_4998	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_4999	-	proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
		L-glutamina:2-desoxi-scilo-inososa aminotransferasa; L-glutamina: DOI aminotransferasa; L-glutamina:3-amino-2,3-didesoxi-scilo-inososa aminotransferasa; L-glutamina:amino-DOI aminotransferasa;
cds_wt_5000	parS	Flavoproteína A 1 de diflavina; NADH:oxígeno oxidorreductasa; SsATF573;
cds_wt_5001	-	
cds_wt_5002	faD	Sintetasa y ligasa dependientes de AMP
cds_wt_5003	lysA	Orn/DAP/Arg descarboxilasa 2
cds_wt_5004	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5005	acd	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_5006	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5007	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
		Subunidad D de plipastatina sintetasa; péptido sintetasa 4; Incluye: prolina adenilasa dependiente de ATP; ProA 1; Prolina activasa 1; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa dependiente de ATP 2; TyrA 2; Tirosina activasa 2;
cds_wt_5008	-	
cds_wt_5009	-	proteína hipotética
cds_wt_5010	tetV	Exportador de enterobactina entS;
cds_wt_5011	asnB	asparagina sintetasa
cds_wt_5012	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5013	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5014	-	Proteína no caracterizada yxBa;
cds_wt_5015	-	proteína hipotética
cds_wt_5016	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5017	-	proteína hipotética
cds_wt_5018	-	proteína hipotética
cds_wt_5019	-	Probable arilformamidasa; kinurenina formamidasa; KF;
cds_wt_5020	-	Metionil-ARNt formiltransferasa;
cds_wt_5021	-	Nucleósido difosfato cinasa; NDK; NDP cinasa; nucleósido-2-P cinasa;
cds_wt_5022	rhbA	4-aminobutirato aminotransferasa
cds_wt_5023	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5024	-	proteína hipotética
cds_wt_5025	manA	manosa-6-fosfato isomerasa
cds_wt_5026	tetV	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_5027	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5028	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5029	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa; sigma-24;
cds_wt_5030	-	Poli
cds_wt_5031	-	Proteína no caracterizada ywoF;
cds_wt_5032	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5033	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5034	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5035	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5036	adp	D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa
cds_wt_5037	-	regulador de respuesta gacA; activador global;
		Histidina cinasa sensora de oxígeno nreB; proteína de regulación de nitrógeno B;
cds_wt_5038	-	
cds_wt_5039	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_5040	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5041	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5042	-	proteína de señalización ykoW;
cds_wt_5043	lcoR	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yclJ;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5044	yloQ	proteína hipotética conservada
cds_wt_5045	p20	N-acetiltransferasa no caracterizada p20;
cds_wt_5046	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yhjO;
cds_wt_5047	hisC	histidinol-fosfato aminotransferasa
cds_wt_5048	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5049	-	proteína hipotética
cds_wt_5050	lgrD	Subunidad D de gramicidina sintetasa lineal; Incluye: triptófano adenilasa dependiente de ATP; TrpA; Triptófano activasa; Incluye: D-leucina adenilasa dependiente de ATP; D-LeuA; D-Leucina activasa; Incluye: Leucina racemasa
cds_wt_5051	bacC	Bacitracina sintetasa 3; BA3; Incluye: isoleucina adenilasa dependiente de ATP; IleA; isoleucina activasa; Incluye: D-fenilalanina adenilasa dependiente de ATP; D-PheA; D-fenilalanina activasa; Incluye: histidina adenilasa dependiente de ATP; HisA; Histidina activasa; Incluye: D-aspartato adenilasa dependiente de ATP; D-AspA; D-aspartato activasa; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; Asparagina activasa; Incluye: Aspartato racemasa; Incluye: Fenilalanina racemasa
cds_wt_5052	-	Gramicidina S sintetasa 2; gramicidina S sintetasa II; Incluye: prolina adenilasa dependiente de ATP; ProA; Prolina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; Leucina activasa;
cds_wt_5053	dhbF	Adenilación de aminoácidos
cds_wt_5054	olmC	supuesta tioesterasa
cds_wt_5055	-	Cadena grande de carbamoil-fosfato sintasa, sección del extremo N; cadena de amoniaco de carbamoil-fosfato sintetasa;
cds_wt_5056	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5057	-	Triptófano 2,3-dioxigenasa; TDO; triptófano pirrolasa; triptofanasa; triptófano oxigenasa; TRPO; TO; triptamina 2,3-dioxigenasa;
cds_wt_5058	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5059	brpA	Proteína reguladora de la vía biosintética de bialafos;
cds_wt_5060	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5061	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5062	-	Proteína de membrana no caracterizada SSP1970;
cds_wt_5063	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5064	-	Proteína de membrana no caracterizada en la región 5' de lIm; ORF1;
cds_wt_5065	-	Diamina acetiltransferasa 2; espermidina/espermina N
cds_wt_5066	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5067	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5068	-	Proteína similar a receptor de manosa;
cds_wt_5069	bglC	proteína hipotética
cds_wt_5070	GALG	similar a precursor de galactocerebrosidasa (GALCERasa) (galactosilceramidasa) (galactosilceramida beta-galactosidasa) (galactocerebrosida beta-galactosidasa)
cds_wt_5071	abfB	supuesta alfa-galactosidasa secretada
cds_wt_5072	sigF	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-70;
cds_wt_5073	-	proteína hipotética
cds_wt_5074	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5075	rsbV	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_5076	orfY	oxidorreductasa
cds_wt_5077	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5078	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5079	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5080	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5081	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5082	-	proteína hipotética
cds_wt_5083	tetR	Clase B de proteína represora de tetraciclina de transposón Tn10;
cds_wt_5084	-	Homólogo B de proteína de resistencia multifármaco;
cds_wt_5085	-	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5086	ybtQ	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5087	pchE	sinetasa de péptido no ribosómico de yersiniabactina
cds_wt_5088	irp2	proteína biosintética de yersiniabactina
cds_wt_5089	pchC	supuesta tioesterasa
cds_wt_5090	dhbE	2,3-dihidroxibenzoato-AMP ligasa
cds_wt_5091	trpE	Componente 1 de antranilato sintasa; componente I de antranilato sintasa;
cds_wt_5092	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_5093	-	Metiltransferasa N de subunidad grande de ARN ribosómico; metiltransferasa de m2A2503 de 23S ARNr;
cds_wt_5094	pltA	oxidorreductasa, unión a FAD, supuesta
cds_wt_5095	-	Intercambiador 2 de sodio/hidrógeno; Na
cds_wt_5096	prnC	supuesta halogenasa
cds_wt_5097	pks5	Sintasa de ácido micocerósico
cds_wt_5098	-	policétido sintasa
cds_wt_5099	-	policétido sintasa modular
cds_wt_5100	pks5	similar a policétido sintasa
cds_wt_5101	-	policétido sintasa
cds_wt_512	-	Supuesta policétido sintasa pksM;
cds_wt_5103	pteH	S-acil ácido graso sintasa tioesterasa, cadena media; oleoil-ACP hidrolasa; tioesterasa II; proteína 1 que contiene dominio de tioesterasa;
cds_wt_5104	ntaB	componente de 4-hidroxifenilacetato 3-monooxigenasa reductasa; componente pequeño de 4-HPA 3-monooxigenasa; flavina: NADH reductasa;
cds_wt_5105	-	Proteína fixC;
cds_wt_5106	-	supuesta monooxigenasa
cds_wt_5107	ephA	epóxido hidrolasa
cds_wt_5108	cypA	citocromo P450
cds_wt_5109	tetR	Clase A de proteína represora de tetraciclina de transposón 1721;
cds_wt_5110	-	Enoil reductasa de acción en tras;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
		Tirocidina sintetasa 3; tirocidina sintetasa III; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; Asparagina activasa; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa dependiente de ATP; TyrA; Tirosina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; leucina activasa;
cds_wt_5111	tycC	
cds_wt_5112	-	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_5113	-	Citospina-A; proteína similar a SPECC1;
cds_wt_5114	resD	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_5115	-	Termolisina; proteinasa neutra termostable;
cds_wt_5116	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5117	-	Proteína similar a kinesina KIF13B; proteína similar a kinesina GAKIN;
cds_wt_5118	-	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_5119	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5120	-	proteína hipotética
cds_wt_5121	celC	familia 5 de endoglucanasa
cds_wt_5122	-	proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_5123	-	proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_5124	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5125	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5126	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5127	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5128	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5129	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5130	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5131	gdhB	Quinoproteína glucosa deshidrogenasa B; glucosa deshidrogenasa B
cds_wt_5132	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5133	-	Galactosa oxidasa; GAO; GOasa; GO;
cds_wt_5134	-	proteína hipotética
cds_wt_5135	-	glucosil transferasa, proteína de la familia del grupo 2
cds_wt_5136	amtR	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_5137	-	Permeasa de amino-ácido no caracterizada C74,04;
cds_wt_5138	-	proteína hipotética
cds_wt_5139	-	Proteína no caracterizada ycgI;
cds_wt_5140	DUR1	Subunidad 2 de alofanato hidrolasa
cds_wt_5141	-	amidasa
cds_wt_5142	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5143	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5144	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5145	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5146	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ykoM;
cds_wt_5147	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_5148	-	ADN translocasa ftsK;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5149	-	proteína hipotética
cds_wt_5150	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5151	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5152	-	Nucleoporina NUP159; proteína de poro nuclear NUP159;
cds_wt_5153	yurO	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_5154	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_5155	-	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurM;
cds_wt_5156	-	Proteína no caracterizada ywoF;
cds_wt_5157	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_5158	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_5159	linC	3-oxoacil-
cds_wt_5160	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5161	lldA	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_5162	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5163	grsT	Proteína de biosíntesis de gramicidina S grsT;
cds_wt_5164	-	Proteína de la familia kamA no caracterizada aq_1632;
cds_wt_5165	aatA	aspartato aminotransferasa A
cds_wt_5166	fabD	Proteína transacilasa transportadora de malonil CoA-acilo; MCT;
cds_wt_5167	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5168	-	adenilación de aminoácidos
cds_wt_5169	dhbF	Acetil-coenzima A sintetasa; acetato-CoA ligasa; enzima activante de acilo;
cds_wt_5170	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5171	Fasn	Ácido graso sintasa; Incluye: policétido sintasa de síntesis de fenolptiocerol
cds_wt_5172	-	ppsA;
cds_wt_5173	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5174	pip2	prolina imino-peptidasa
cds_wt_5175	-	oxidorreductasa, supuesta
cds_wt_5176	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5177	tcmR	Regulador transcripcional tipo HTH tcmR; Represor transcripcional de tetracenomicina C;
cds_wt_5178	-	proteína hipotética
cds_wt_5179	dnrl	Proteína reguladora dnrl;
cds_wt_5180	-	proteína hipotética
cds_wt_5181	-	proteína hipotética
cds_wt_5182	-	Zeaxantina epoxidasa, cloroplástica; xantofil epoxidasa; beta-ciclohexenil epoxidasa;
cds_wt_5183	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5184	-	Probable transposasa para ISRM3 similar a elemento de secuencia de inserción;
cds_wt_5185	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5186	-	proteína hipotética
cds_wt_5187	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5188	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5189	-	Proteína no caracterizada MJ0432;
cds_wt_5190	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5191	ttgR	Regulador transcripcional tipo HTH ttgR; represor del operón ttgABC de la bomba de salida de tolueno;
cds_wt_5192	qacA	Proteína de resistencia a antiséptico;
cds_wt_5193	aveR	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_5194	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5195	-	proteína hipotética
cds_wt_5196	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5197	eryA	eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5198	bacC	Bacitracina sintetasa 3; BA3; Incluye: adenilasa dependiente de ATP isoleucina; IleA; Isoleucina activasa; Incluye: D-fenilalanina adenilasa dependiente de ATP; D-PheA; D-fenilalanina activasa; Incluye: histidina adenilasa dependiente de ATP; HisA; Histidina activasa; Incluye: D-aspartato adenilasa dependiente de ATP; D-AspA; D-aspartato activasa; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; Asparagina activasa; Incluye: Aspartato racemasa; Incluye: Fenilalanina racemasa
cds_wt_5199	orfB	Oleandomicina policétido sintasa, módulos 5 y 6;
cds_wt_5200	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 5 y 6; ORF 3; 6-desoxieritronolida B sintasa III; DEBS 3;
cds_wt_5201	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 5 y 6; ORF 3; 6-desoxieritronolida B sintasa III; DEBS 3;
cds_wt_5202	-	Supuesta policétido sintasa pksJ; PKS;
cds_wt_5203	Fasn	Ácido graso sintasa; Incluye:
cds_wt_5204	-	Supuesta policétido sintasa pksJ; PKS;
cds_wt_5205	pks8	Policétido sintasa de síntesis de fenolptiocerol ppsA;
cds_wt_5206	Fasn	Ácido graso sintasa; Incluye:
cds_wt_5207	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 5 y 6; ORF 3; 6-desoxieritronolida B sintasa III; DEBS 3;
cds_wt_5208	orfB	Oleandomicina policétido sintasa, módulos 5 y 6;
cds_wt_5209	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5210	orfB	Oleandomicina policétido sintasa, módulos 5 y 6;
cds_wt_5211	orfB	Oleandomicina policétido sintasa, módulos 5 y 6;
cds_wt_5212	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5213	eryA	Eritronolida sintasa, módulos 3 y 4; ORF 2; 6-desoxieritronolida B sintasa II; DEBS 2;
cds_wt_5214	luxA	similar a luciferasa
cds_wt_5215	-	proteína hipotética
cds_wt_5216	aveR	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_5217	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5218	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5219	-	proteína hipotética
cds_wt_5220	pqqE	Proteína E de síntesis de coenzima PQQ; proteína E de biosíntesis de pirroloquinolina quinona;
cds_wt_5221	-	supuesta glucosiltransferasa
cds_wt_5222	-	proteína hipotética
cds_wt_5223	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5224	rbsR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5225	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5226	MEL	proteína hipotética
cds_wt_5227	pstI	Acualisina-1; acualisina I;
cds_wt_5228	lieE	Enzima inactivante de leupeptina 2; LIE2;
cds_wt_5229	DPOL	ADN polimerasa beta;
cds_wt_5230	aac	aminoglucósido 2'-N-acetiltransferasa
cds_wt_5231	-	Probable bomba de salida de metabolitos de amino-ácido;
cds_wt_5232	-	Péptido transportador PTR2; péptido permeasa PTR2;
cds_wt_5233	-	proteína hipotética
cds_wt_5234	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_5235	-	Proteína de 43,6 kDa no caracterizada de elemento de inserción IS110;
cds_wt_5236	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5237	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5238	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5239	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5240	-	Transposasa para elemento de secuencia de inserción IS1106; ORF 1;
cds_wt_5241	-	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_5242	-	Proteína inmunogénica de 31 kDa;
cds_wt_5243	-	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_5244	-	Aspartato carbamoiltransferasa; aspartato transcarbamilasa; ATCasa;
cds_wt_5245	-	Proteína de retraso de la esporulación sdpB;
cds_wt_5246	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5247	-	Tripeptidil-peptidasa 1; TPP-1; tripeptidil-peptidasa I; TPP-I; tripeptidil aminopeptidasa; proteasa insensible a pepstatina lisosómica; LPIC;
cds_wt_5248	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5249	-	Transposasa insH para elemento de secuencia de inserción IS5Y;
cds_wt_5250	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5251	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5252	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5253	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5254	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5255	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5256	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5257	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5258	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5259	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5260	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5261	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5262	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5263	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5264	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5265	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5266	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5267	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5268	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5269	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5270	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5271	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5272	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5273	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_5274	-	proteína hipotética
cds_wt_5275	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5276	-	Proteína no caracterizada yqjL;
cds_wt_5277	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5278	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5279	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_5280	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5281	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5282	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5283	-	Transposasa para elemento de secuencia de inserción ISRM3;
cds_wt_5284	iga	Inmunoglobulina A1 proteasa; IGA1 proteasa;
cds_wt_5285	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5286	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5287	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5288	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5289	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5290	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5291	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5292	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5293	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5294	-	Supuesta transposasa para elemento de secuencia de inserción IS6501;
cds_wt_5295	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5296	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5297	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5298	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5299	Son	Proteína SON;
cds_wt_5300	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5301	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5302	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5303	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_534	-	proteína hipotética
cds_wt_535	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5306	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5307	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5308	dnaG	ADN primasa
cds_wt_5309	traG	Proteína de transferencia conjugal traG;
cds_wt_5310	dnaB	proteína hipotética
cds_wt_5311	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5312	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5313	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5314	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5315	-	supuesta lipoproteína
cds_wt_5316	-	proteína hipotética
cds_wt_5317	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5318	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_5319	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5320	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5321	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5322	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5323	Cml2	Probable N-acetiltransferasa CML2; proteína 2 similar a camello;
cds_wt_5324	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5325	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5326	ligC	supuesta ADN ligasa
cds_wt_5327	yjhQ	Amino-ácido acetiltransferasa; N-acetilglutamato sintasa; AGS; NAGS;
cds_wt_5328	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5329	-	transposasa
cds_wt_5330	-	supuesta transposasa de la familia IS6
cds_wt_5331	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5332	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5333	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5334	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5335	-	proteína hipotética
cds_wt_5336	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5337	-	proteína hipotética
cds_wt_5338	-	morfinona reductasa
cds_wt_5339	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_5340	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo II; MCP-II; proteína quimiorreceptora de aspartato;
cds_wt_5341	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5342	-	proteína histidina cinasa sensorial

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5343	-	supuesta transposasa
cds_wt_5344	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5345	-	proteína hipotética
cds_wt_5346	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5347	-	Enzima procesadora de péptido conductor de proteínas similares a prepilina tipo 4; proteína de competencia tardía comC; Incluye: peptidasa conductora; Prepilina peptidasa; Incluye: N-metiltransferasa;
cds_wt_5348	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5349	-	proteína hipotética
cds_wt_5350	-	proteína hipotética
cds_wt_5351	-	proteína hipotética
cds_wt_5352	cpaF	Proteína no caracterizada MJ0900;
cds_wt_5353	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_5354	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_5355	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_5356	-	supuesta proteína de membrana;
cds_wt_5357	-	Otogelina;
cds_wt_5358	-	proteína hipotética
cds_wt_5359	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5360	-	Factor de iniciación de la traducción IF-2;
cds_wt_5361	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5362	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5363	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5364	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5365	-	Homoserina cinasa; HSK; HK;
cds_wt_5366	tfxG	Proteína de inmunidad a trifolitoxina;
cds_wt_5367	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5368	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5369	-	proteína hipotética
cds_wt_530	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5371	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5372	-	Proteína de UPF0133 Bcen_6253;
cds_wt_5373	-	proteína hipotética
cds_wt_5374	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5375	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5376	-	Colágeno alfa-4
cds_wt_5377	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5378	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5379	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5380	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5381	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5382	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5383	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5384	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5385	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5386	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5387	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5388	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_5389	-	proteína hipotética
cds_wt_5390	lysM	supuesto precursor de lisozima
cds_wt_5391	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5392	ycdB	Peroxidasa ycdB;
cds_wt_5393	rhs	Teneurina-4; Ten-4; Tenascina-M4; Ten-m4; homólogo 4 de la proteína Odd Oz/Ten-m;
cds_wt_5394	cgt	Ciclomaltodextrina glucanotransferasa; ciclodextrina-glucosiltransferasa; CGTasa; amilasa que digiere almidón crudo;
cds_wt_5395	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5396	-	Activador de la transcripción gutR;
cds_wt_5397	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_5398	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5399	-	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpA; H1;
cds_wt_5400	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5401	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5402	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5403	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5404	dnaB	ADN helicasa replicativa
cds_wt_5405	dnaB	ADN helicasa replicativa;
cds_wt_5406	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5407	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5408	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5409	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5410	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yxjL;
cds_wt_5411	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5412	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5413	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5414	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5415	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5416	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5417	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5418	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5419	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5420	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5421	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5422	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5423	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5424	-	Represor de LexA;
cds_wt_5425	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5426	ssb	Proteína de unión a ADN monocatenario; SSB; proteína desestabilizante de la hélice;
cds_wt_5427	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5428	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5429	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5430	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5431	-	proteína hipotética
cds_wt_5432	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5433	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5434	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5435	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5436	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5437	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5438	-	Metilasa de modificación Rho11sl; M.Rho11sl; metiltransferasa específica de citosina Rho11sl; Bsu P11s;
cds_wt_5439	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5440	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5441	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5442	-	Supuesta proteína reguladora transcripcional tipo HTHy MTH_967;
cds_wt_5443	-	proteína hipotética
cds_wt_5444	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5445	-	proteína hipotética
cds_wt_5446	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5447	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5448	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5449	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5450	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5451	-	proteína hipotética
cds_wt_5452	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5453	-	proteína hipotética
cds_wt_5454	-	Proteína no caracterizada y4bA/y4pH;
cds_wt_5455	yclF	Transportador de di-/tripéptido;
cds_wt_5456	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5457	-	Quitodextrinasa;
cds_wt_5458	-	Subunidad A del factor 3 de iniciación de la traducción eucariota; eIF3a; subunidad 10 del factor 3 de iniciación de la traducción eucariota; eIF-3-theta; eIF3 p167; eIF3 p180; eIF3 p185; p162; centrosomina;
cds_wt_5459	repC	Proteína no caracterizada YPL245W;
cds_wt_5460	deaD	Proteína A de la caja DEAD de choque frío; ARN helicasa dependiente de ATP deaD;
cds_wt_5461	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5462	-	Probable proteína relacionada con hemaglutinina

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5463	-	proteína hipotética
cds_wt_5464	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5465	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5466	Pclo	proteína piccolo; aczonina; proteína de citomatrix presináptica multidominio;
cds_wt_5467	fdnG	formiato deshidrogenasa, subunidad alfa, que contiene selenocisteína
cds_wt_5468	fdoG	subunidad alfa de formiato deshidrogenasa
cds_wt_5469	fdnH	formiato deshidrogenasa, subunidad de hierro-azufre
cds_wt_5470	-	proteína hipotética
cds_wt_5471	-	Glutamato
cds_wt_5472	selD	selenida, agua dicinasa
cds_wt_5473	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5474	-	Proteína C de la biosíntesis de glucanos;
cds_wt_5475	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5476	selA	selenocisteína sintasa
cds_wt_5477	RP11	subunidad RPB1 de ARN polimerasa II dirigida a ADN; subunidad B1 de ARN polimerasa II; subunidad más larga de ARN polimerasa III dirigida a ADN;
cds_wt_5478	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5479	selB	Factor de elongación de la traducción específico de selenocisteína
cds_wt_5480	-	Factor de elongación específico de selenocisteína; factor de traducción de SelB;
cds_wt_5481	-	Proteína de choque alcalina 23;
cds_wt_5482	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5483	-	proteína hipotética
cds_wt_5484	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5485	-	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_5486	mtrR	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_5487	-	proteína hipotética
cds_wt_5488	-	supuesta acil-CoA sintetasa
cds_wt_5489	zwf	glucosa-6-fosfato 1-deshidrogenasa
cds_wt_5490	-	Proteína no caracterizada Mb1584;
cds_wt_5491	-	3-oxoacil-
cds_wt_5492	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5493	-	Supuesta peptidoglicano O-acetiltransferasa yrhL;
cds_wt_5494	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5495	-	proteína hipotética
cds_wt_5496	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5497	wbpA	UDP-N-acetil-D-manosamina deshidrogenasa; EC=1.1.1.n3; UDP-ManNAc 6-deshidrogenasa;
cds_wt_5498	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5499	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5500	-	proteína hipotética
cds_wt_5501	-	supuesta proteína secretada

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5502	-	Represor transcripcional tipo HTH Bm3R1;
cds_wt_5503	-	supuesta colesterol esterasa
cds_wt_5504	-	proteína hipotética
cds_wt_5505	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5506	-	supuesta pectinesterasa
cds_wt_5507	Glb1	supuesta beta-galactosidasa secretada
cds_wt_5508	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5509	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5510	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5511	-	Proteína de resistencia multifármaco mdtH;
cds_wt_5512	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5513	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_5514	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5515	DPPV	Dipeptidil-peptidasa 5; dipeptidil-peptidasa V; DPP V; DppV; Nombre alternativo: Alérgeno=Tri s 4;
cds_wt_5516	pknA	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_5517	-	Proteína PS1;
cds_wt_5518	-	proteína hipotética
cds_wt_5519	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5520	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_5521	-	proteína hipotética
cds_wt_5522	yhjG	supuesta rifampina monooxigenasa
cds_wt_5523	novA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5524	-	Proteína sensora zraS;
cds_wt_5525	-	Regulador de respuesta gacA; activador global;
cds_wt_5526	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5527	-	Proteína no caracterizada yqjI;
cds_wt_5528	PHY1	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_5529	-	Proteasa sintasa y proteína reguladora negativa de la esporulación PAI 1;
cds_wt_5530	-	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5531	-	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5532	-	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5533	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5534	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5535	-	proteína hipotética
cds_wt_5536	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5537	plcN	Precursor de fosfolipasa C no hemolítica
cds_wt_5538	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5539	-	Proteína no caracterizada Mb0918;
cds_wt_5540	PDR1	Proteína 1 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; NtPDR1;
cds_wt_5541	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_5542	rtn	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_5543	erg3	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5544	-	proteína hipotética
cds_wt_5545	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_5546	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yhcA;
cds_wt_5547	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5548	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5549	cebE	Probable arabinosa-proteína de unión;
cds_wt_5550	araP	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurN;
cds_wt_5551	cebG	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpE;
cds_wt_5552	bglA	supuesta beta-glucosidasa
cds_wt_5553	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5554	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yxjL;
cds_wt_5555	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5556	fusA	Factor de elongación de la traducción EF-G
cds_wt_5557	-	probable proteína de membrana integral conservada
cds_wt_5558	emrB	Transportador tipo MFS no caracterizado yhcA;
cds_wt_5559	amfR	Proteína reguladora de la respuesta de nitrato/nitrito narP;
cds_wt_5560	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5561	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_5562	capD	biosíntesis de polisacárido capsular
cds_wt_5563	wbpA	UDP-N-acetil-D-manosaminuronato deshidrogenasa
cds_wt_5564	wcaJ	Transferasa de azúcar no caracterizada HI0872;
cds_wt_5565	-	proteína hipotética
cds_wt_5566	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_5567	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5568	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5569	sta	Acetiltransferasa de estreptotricina; STAT;
cds_wt_5570	-	Proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_5571	-	proteína hipotética
cds_wt_5572	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5573	-	Proteína 1 que contiene el dominio MOSC, mitocondrial;
cds_wt_5574	-	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_5575	-	proteína hipotética
cds_wt_5576	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5577	-	Supuesta proteína de biosíntesis de lipopolisacárido PA4999;
cds_wt_5578	ndhD	NAD
cds_wt_5579	yveL	proteína-tirosina cinasa
cds_wt_5580	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_5581	yvfE	UDP-4-amino-4-desoxi-L-arabinosa--oxoglutarato aminotransferasa; EC=2.6.1.n1; UDP-
cds_wt_5582	wcfH	supuesta polisacárido desacetilasa yxkH;
cds_wt_5583	-	Aminoaciltransferasa femX; factor X esencial para la expresión de resistencia a meticilina;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5584	-	Dinamina-3; dinamina, testicular; T-dinamina;
cds_wt_5585	-	Cetol-ácido reductoisomerasa; acetohidroxi-ácido isomerorreductasa; alfa-ceto-beta-hidroxilacil reductoisomerasa;
cds_wt_5586	-	proteína hipotética
cds_wt_5587	-	proteína hipotética
cds_wt_5588	glpK	glicerol cinasa
cds_wt_5589	hdgR	Represor transcripcional tipo HTH allR; regulador negativo de operones de utilización de alantoína y glioxilato;
cds_wt_5590	AQP4	Acuaporina-4; AQP-4;
cds_wt_5591	glpK	glicerol cinasa
cds_wt_5592	glpD	glicerol-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_5593	yljG	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_5594	betI	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_5595	-	Lipasa; lipasa extracelular; SRL; lipasa similar a GDLSL;
cds_wt_5596	Amy2	amilasa 2, pancreática
cds_wt_5597	asfB	Subunidades H/I de NADH-quinona oxidorreductasa; subunidades H/I de NADH deshidrogenasa I; subunidad H/I de NDH-1;
cds_wt_5598	nadB	proteína hipotética
cds_wt_5599	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5600	-	proteína yobA;
cds_wt_5601	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5602	-	Endoglucanasa H; endo-1,4-beta-glucanasa H; EgH; celulasa H;
cds_wt_5603	-	proteína hipotética
cds_wt_5604	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5605	hpbA	Proteína de unión al oligopéptido periplásmico;
cds_wt_5606	appC	Proteína permeasa del sistema de transporte de oligopéptidos appC;
cds_wt_5607	dppB	Probable proteína permeasa del sistema de transporte de D,D-dipéptido ddpB;
cds_wt_5608	dppD	Proteína de unión a ATP de importación de glutatión gsiA;
cds_wt_5609	-	proteína hipotética
cds_wt_5610	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5611	-	proteína hipotética
cds_wt_5612	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5613	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigM;
cds_wt_5614	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5615	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_5616	tuf	Factor de elongación EF-Tu
cds_wt_5617	ctpA	supuesta ATPasa de tipo P de transporte de cationes
cds_wt_5618	-	proteína hipotética
cds_wt_5619	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_5620	dlfE	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_5621	-	hidrolasa
cds_wt_5622	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5623	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5624	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5625	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5626	sigE	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_5627	-	supuesta dioxigenasa
cds_wt_5628	-	proteína hipotética
cds_wt_5629	-	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_5630	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5631	araP	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurN;
cds_wt_5632	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de L-arabinosa araQ;
cds_wt_5633	-	Probable proteína de unión a arabinosa;
cds_wt_5634	bga6	supuesta beta-galactosidasa
cds_wt_5635	xyl1	Arabinofuranosidasa/B-xilosidasa; Incluye: Alfa-N-arabinofuranosidasa; arabinosidasa; Incluye: Beta-xilosidasa; 1,4-beta-D-xilano xilohidrolasa; xilano 1,4-beta-xilosidasa;
cds_wt_5636	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5637	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5638	nodS	Supuesta fosfoetanolamina N-metiltransferasa 3;
cds_wt_5639	rtn5	Proteína no caracterizada AZC_3085;
cds_wt_5640	celA	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_5641	-	Probable serina/treonina-proteína cinasa pknK;
cds_wt_5642	PDR1	Proteína 1 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; NtPDR1;
cds_wt_5643	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_5644	-	proteína hipotética
cds_wt_5645	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_5646	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5647	-	Proteína transmembranaria 175;
cds_wt_5648	acx	proteína hipotética
cds_wt_5649	-	Subunidad RPB1 de ARN polimerasa II dirigida a ADN; subunidad B1 de ARN polimerasa II; subunidad A de ARN polimerasa II dirigida a ADN; subunidad más grande de ARN polimerasa III dirigida a ADN; subunidad RPB1 de ARN polimerasa II dirigida a ARN;
cds_wt_5650	-	ADP-ribosa T'-fosfato fosfatasa; EC=3.1.3.n2;
cds_wt_5651	yhjG	supuesta rifampina monooxigenasa
cds_wt_5652	yqiQ	carboxivinil-carboxifosfonato fosforilmutasa
cds_wt_5653	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5654	-	Esfingomielina fosfodiesterasa 2; esfingomielinasa neutra; nSMasa; N-SMasa; fosfolipasa C del factor activante de liso-plaquetas; liso-PAF-PLC;
cds_wt_5655	-	proteína hipotética
cds_wt_5656	-	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5657	yknU	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_5658	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5659	tdk	timidina cinasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5660	ndh	NADH deshidrogenasa
cds_wt_5661	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5662	tcbF	alcohol deshidrogenasa que contiene hierro
cds_wt_5663	-	proteína hipotética
cds_wt_5664	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5665	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5666	-	proteína hipotética
cds_wt_5667	lexA	Proteína reguladora SOS
cds_wt_5668	-	Proteína de UPF0189 en la región 5' de sno; ORF7;
cds_wt_5669	-	Transportador tipo MFS no caracterizado y4rN;
cds_wt_5670	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5671	yvfE	UDP-4-amino-4-desoxi-L-arabinosa--oxoglutarato aminotransferasa; EC=2.6.1.n1; UDP-
cds_wt_5672	pglB	Undecaprenil-fosfato galactosa fosfotransferasa; galactosil-P-P-undecaprenol sintetasa;
cds_wt_5673	pglB	acetiltransferasa
cds_wt_5674	-	glucosil transferasa, grupo 1
cds_wt_5675	ywqD	supuesta ATPasa implicada en el reparto de cromosomas
cds_wt_5676	capD	supuesta nucleósido-difosfato azúcar epimerasa
cds_wt_5677	-	Probable helicasa senataxina; homólogo de SEN1; homólogo de proteína 4 de esclerosis lateral amiotrófica;
cds_wt_5678	-	proteína hipotética
cds_wt_5679	ponA	supuesta proteína de unión a penicilina
cds_wt_5680	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5681	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5682	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5683	ydeS	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb1581;
cds_wt_5684	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yhcA;
cds_wt_5685	-	Proteína no caracterizada sll1895;
cds_wt_5686	-	
cds_wt_5687	-	regulador transcripcional, familia de Sir2
cds_wt_5688	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5689	acoC	supuesta hidrolasa
cds_wt_5690	choD	supuesta colesterol oxidasa
cds_wt_5691	hapE	proteína similar a monooxigenasa de unión a flavina
cds_wt_5692	add	adenosina desaminasa
cds_wt_5693	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5694	-	proteína de señalización ykoW;
cds_wt_5695	PHYA	Fitocromo A;
cds_wt_5696	abf2	Alfa-N-arabinofuranosidasa 2; alfa-N-arabinofuranosidasa II; arabinosidasa II; alfa-N-AFasa II;
cds_wt_5697	-	Alfa-N-arabinofuranosidasa 1; alfa-N-arabinofuranosidasa I; Arabinosidasa I; Alfa-N-AFasa I;
cds_wt_5698	crt2	3-hidroxibutiril-CoA deshidratasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5699	smrB	Proteína sensora cinasa walk;
cds_wt_5700	yugC	proteína de la familia de 2-hidroxiácido deshidrogenasa específica de D-isómero
cds_wt_5701	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydcN;
cds_wt_5702	-	Tiorredoxina reductasa; TRXR;
cds_wt_5703	-	proteína hipotética
cds_wt_5704	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5705	-	Proteína no caracterizada Mb2934c;
cds_wt_5706	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5707	bcd1	supuesta acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_5708	-	acil-CoA sintasa
cds_wt_5709	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5710	cpo	fosfoesterasa, relacionada con PA-fosfatasa
cds_wt_5711	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_5712	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizada yjgJ;
cds_wt_5713	qor	quinona oxidorreductasa
cds_wt_5714	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5715	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5716	-	supuesta deshidratasa
cds_wt_5717	-	proteína de la familia tiolasa
cds_wt_5718	yiaA	Proteína de membrana interna yiaA;
cds_wt_5719	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5720	xysA	Endo-1,4-beta-xilanas A; xilanas A; 1,4-beta-D-xilano xilanohidrolasa A;
cds_wt_5721	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5722	ptsH	Fosfoproteína transportadora HPr; proteína que contiene histidina;
cds_wt_5723	-	Dihidroxiacetona cinasa dependiente de PTS, subunidad dhaM de fosfotransferasa; componente IIA de la enzima fosfotransferasa; componente EIIA del sistema PTS;
cds_wt_5724	dak1	dihidroxiacetona cinasa
cds_wt_5725	dak1	supuesta dihidroxiacetona cinasa
cds_wt_5726	-	Transductor de serina de quimiotaxia aceptora de metilo;
cds_wt_5727	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5728	-	proteína hipotética
cds_wt_5729	recD	helicasa RecD/TraA
cds_wt_5730	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5731	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5732	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5733	xylC	benzaldehído deshidrogenasa II
cds_wt_5734	-	proteína hipotética
cds_wt_5735	menG	Regulador de actividad de ribonucleasa A;
cds_wt_5736	yqaB	Fosfoglicolato fosfatasa; PGPasa; PGP;
cds_wt_5737	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5738	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5739	putA	prolina deshidrogenasa
cds_wt_5740	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_5741	-	o-ftalil amidasa;
cds_wt_5742	-	autotransportador
cds_wt_5743	-	Proteína no caracterizada Mb0912;
cds_wt_5744	-	proteína hipotética
cds_wt_5745	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5746	-	Fosfoenolpiruvato-proteína fosfotransferasa; sistema de fosfotransferasa, enzima I;
cds_wt_5747	-	proteína hipotética
cds_wt_5748	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5749	-	proteína hipotética
cds_wt_5750	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5751	-	proteína hipotética
cds_wt_5752	-	proteína hipotética
cds_wt_5753	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_5754	PDR1	Proteína 1 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; NtPDR1;
cds_wt_5755	-	Regulador transcripcional tipo HTH betl;
cds_wt_5756	tas	Transductor de aspartato de la quimiotaxia aceptora de metilo;
cds_wt_5757	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5758	phy	Cinasa sensorial de respuesta adaptativa sasA;
cds_wt_5759	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5760	DPOL	ADN polimerasa beta;
cds_wt_5761	mmyQ	Glicerol-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_5762	yfmJ	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_5763	-	Factor de elongación de la transcripción spt5; factor de elongación de cromatina spt5;
cds_wt_5764	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5765	-	Regulador de transcritos antisentido 1; helicasa RENT1 dependiente de ATP; factor 1 reductor de ARNm antisentido; NORF1; homólogo del supresor 1 de desplazamiento de marco hacia arriba; mUpfl;
cds_wt_5766	-	Hidroxiaclilglutación hidrolasa; glioxalasa II; Glx II;
cds_wt_5767	sgaE	supuesta epimerasa/aldolasa
cds_wt_5768	-	Proteína 3 que contiene motivo IQ y dominio SEC7;
cds_wt_5769	lacl	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5770	ytfQ	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5771	ytfR	supuesto componente de unión a ATP de un sistema de transporte
cds_wt_5772	-	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 IsrC; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 IsrC;
cds_wt_5773	-	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 IsrC; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 IsrC;
cds_wt_5774	yjfF	L-arabinosa isomerasa
cds_wt_5775	araA	serina endopeptidasa específica de IgA; IgA proteasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5776	iga	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5777	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5778	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5779	-	Supuesta amidohidrolasa ytcJ;
cds_wt_5780	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5781	-	Proteína tipo HTH slmA;
cds_wt_5782	ydfJ	Supuesta proteína de membrana mmpL3;
cds_wt_5783	A	Proteína no caracterizada X;
cds_wt_5784	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5785	galA	supuesta galactosidasa
cds_wt_5786	yvfO	supuesta galactosidasa
cds_wt_5787	lal	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5788	araQ	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurM;
cds_wt_5789	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_5790	-	Probable proteína de unión a arabinosa;
cds_wt_5791	GLB1	precursor de beta-galactosidasa
cds_wt_5792	galT	galactosa-1-fosfato uridililtransferasa
cds_wt_5793	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5794	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_5795	-	Proteína no caracterizada en región 3' de chlN; URF2; Banderas: Fragmento;
cds_wt_5796	-	Proteína permeasa de transportador TRAP de ácido siálico siaT; permeasa de ácido N-acetilneuramínico; Neu5Ac permeasa; transportador de ácido N-acetilneuramínico;
cds_wt_5797	-	Proteína inmunogénica de 31 kDa;
cds_wt_5798	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigM;
cds_wt_5799	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5800	-	supuesta oxidoreductasa
cds_wt_5801	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5802	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5803	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5804	-	proteína hipotética
cds_wt_5805	-	Proteína de secreción de hemolisina;
cds_wt_5806	-	proteína hipotética
cds_wt_5807	-	proteína hipotética
cds_wt_5808	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5809	rbsK	supuesta carbohidrato cinasa
cds_wt_5810	uspA	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_5811	uspB	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpE;
cds_wt_5812	uspC	Proteína de unión a maltosa/maltodextrina;
cds_wt_5813	-	6-fosfo-beta-glucosidasa
cds_wt_5814	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5815	-	proteína hipotética
cds_wt_5816	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5817	-	proteína hipotética
cds_wt_5818	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5819	-	linoleoil-CoA desaturasa, supuesta
cds_wt_5820	vanB	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_5821	-	Proteína no caracterizada Mb2266;
cds_wt_5822	ETR2	Receptor de etileno 2; PhETR2;
cds_wt_5823	-	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_5824	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5825	-	Proteasa transmembranaria, serina 13; serina proteasa de mosaico tipo membrana; serina proteasa de mosaico;
cds_wt_5826	ald	alanina deshidrogenasa
cds_wt_5827	putR	Proteína reguladora sensible a leucina;
cds_wt_5828	Ttn	Titina; conectina;
cds_wt_5829	-	Proteína permeasa del sistema de transporte de maltosa malG;
cds_wt_5830	yesP	Probable proteína permeasa de transportador ABC yesP;
cds_wt_5831	-	Probable proteína de unión a arabinosa;
cds_wt_5832	yteT	Proteína de la familia 109 de glucosil hidrolasa;
cds_wt_5833	uxaC	isomerasa de ácido hexurónico
cds_wt_5834	uxuB	supuesta D-manonato oxidorreductasa
cds_wt_5835	-	Inositol 2-deshidrogenasa; mio-inositol 2-deshidrogenasa; MI 2-deshidrogenasa;
cds_wt_5836	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5837	pel	pectato liasa
cds_wt_5838	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5839	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5840	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_5841	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5842	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5843	-	glucoproteína 1 de superficie celular; proteína B de capa externa; proteína 1 de capa S;
cds_wt_5844	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5845	galS	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5846	gap	gliceraldehído-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_5847	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_5848	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_5849	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5850	-	Factor de elongación de la transcripción SPT5; subunidad grande del factor inductor de sensibilidad de DRB; subunidad grande de DSIF;
cds_wt_5851	-	Proteína no caracterizada yegE;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5852	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_5853	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5854	-	proteína hipotética
cds_wt_5855	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5856	pitA	Probable transportador de fosfato de baja afinidad;
cds_wt_5857	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5858	glpQ	glicerofosforil diéster fosfodiesterasa
cds_wt_5859	-	Histidina cinasa sensora liaS;
cds_wt_5860	-	Proteína reguladora transcripcional de fosfato regulon phoB;
cds_wt_5861	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5862	glyQ	aminoacil-t-ARN sintetasa,
cds_wt_5863	yhcW	supuesta fosfoglicolato fosfatasa; PGPasa; PGP;
cds_wt_5864	-	Proteína no caracterizada yegE;
cds_wt_5865	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5866	cbhA	1,4-beta-celobiosidasa proteína
cds_wt_5867	pphA	Proteína fosfatasa prpC;
cds_wt_5868	-	proteína hipotética
cds_wt_5869	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5870	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_5871	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5872	nuoF	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_5873	dsbF	Tiol-disulfuro oxidorreductasa resA;
cds_wt_5874	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5875	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5876	pkn7	Proteína cinasa 32 de interacción con CBL; OsCIPK32;
cds_wt_5877	-	proteína hipotética
cds_wt_5878	ppp	proteína hipotética
cds_wt_5879	ynaD	proteína-serina acetiltransferasa ribosómica
cds_wt_5880	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5881	glgB	Enzima ramificadora de 1,4-alfa-glucano
cds_wt_5882	pep2	proteína hipotética
cds_wt_5883	treS	supuesta trehalosa sintasa
cds_wt_5884	glgE	supuesta alfa-amilasa
cds_wt_5885	-	proteína hipotética
cds_wt_5886	-	proteína hipotética
cds_wt_5887	ppgK	polifosfato glucocinasa
cds_wt_5888	rpoD	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; Sigma-70;
cds_wt_5889	-	proteína hipotética
cds_wt_5890	-	posibles pre-pilina peptidasa
cds_wt_5891	resE	histidina cinasa sensora de dos componentes
cds_wt_5892	cheY	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_5893	-	Proteína unida a la membrana lytR;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5894	hrpA	Homólogo de ARN helicasa hrpA dependiente de ATP;
cds_wt_5895	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5896	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5897	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5898	-	Metionina sintasa; 5-metiltetrahidrofolato--homocisteína metiltransferasa; metionina sintasa, dependiente de vitamina-B12; MS;
cds_wt_5899	-	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína de regulación de factor sigma sigB rsbU;
cds_wt_5900	xthA	supuesta exonucleasa
cds_wt_5901	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5902	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_5903	-	Proteína no caracterizada Mb2028c;
cds_wt_5904	gltA	citrato sintasa
cds_wt_5905	arsR	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_5906	-	proteína hipotética
cds_wt_5907	-	Metalotiol transferasa fosB; proteína de resistencia a fosfomicina;
cds_wt_5908	chlI	subunidad de magnesio-quelataza
cds_wt_5909	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5910	cobO	cob(l)alamina adenosiltransferasa
cds_wt_5911	cobB	a,c-diamida sintasa de ácido cobirínico
cds_wt_5912	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5913	-	proteína hipotética
cds_wt_5914	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5915	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_5916	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5917	TRIO	Proteína de dominio funcional triple; proteína de interacción con PTPRF;
cds_wt_5918	-	proteína hipotética
cds_wt_5919	secA	Subunidad secA de proteína translocasa;
cds_wt_5920	yclJ	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yclJ;
cds_wt_5920	-	proteína hipotética
cds_wt_5922	-	Homólogo de proteína supresora de Dnak;
cds_wt_5923	yunF	proteína hipotética
cds_wt_5924	-	Proteína no caracterizada yecE;
cds_wt_5925	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5926	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5927	-	ADN translocasa ftsK;
cds_wt_5928	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5929	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5930	bag	Receptor de FC de IgA; antígeno beta; antígeno B;
cds_wt_5931	ckpB	Subunidad dpC de unión a ATP de proteasa Clp dependiente de ATP;
cds_wt_5932	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5933	-	Proteína reguladora transcripcional degII; Proteína potenciadora de la producción de proteasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5934	-	Homólogo E de proteína de control de la división celular; AtCDC48e; ATPasa E de retículo endoplásmico transicional E;
cds_wt_5935	-	proteína desconocida
cds_wt_5936	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_5937	-	Proteína similar a hemeritina no caracterizada C869.06c;
cds_wt_5938	-	Probable carboxipeptidasa PM20D1; proteína 1 que contiene el dominio M20 de peptidasa;
cds_wt_5939	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5940	-	proteína hipotética
cds_wt_5941	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yfiK;
cds_wt_5942	-	Proteína sensora vraS;
cds_wt_5943	-	Homólogo de miembro C1 de la familia 1 de aldo-ceto reductasa; 20-alfa-hidroxisteroide deshidrogenasa; 20-alfa- HSD; dihidrodiol deshidrogenasa 1; DD-1; DD1;
cds_wt_5944	-	proteína hipotética
cds_wt_5945	-	proteína hipotética
cds_wt_5946	-	proteína hipotética
cds_wt_5947	mshC	cisteinil-ARNt sintetasa
cds_wt_5948	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5949	-	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa
cds_wt_5950	-	hidrolasa, familia de pliegues alfa/beta, supuesta
cds_wt_5951	-	Regulador transcripcional tipo HTH frIR;
cds_wt_5952	-	Subunidad alfa-1 B de canal de calcio tipo N dependiente de voltaje; subunidad alfa Cav2.2 de canal de calcio controlado por voltaje; canal de calcio, tipo L, isoforma 5 de alfa-1 polipéptido; canal III de calcio cerebral; Bill;
cds_wt_5953	arsR	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_5954	-	proteína hipotética
cds_wt_5955	-	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_5956	hisE	supuesta hidrolasa
cds_wt_5957	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yxjL;
cds_wt_5958	69	Proteína del gen 69; Gp69;
cds_wt_5959	-	proteína hipotética
cds_wt_5960	-	supuesta proteína-L-isoaspartato metiltransferasa
cds_wt_5961	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5962	fdxG	supuesta ferredoxina
cds_wt_5963	-	supuesta ATPasa de la familia AAA
cds_wt_5964	-	Supuesta peptidoglicano O-acetiltransferasa yrhL;
cds_wt_5965	-	Proteína no caracterizada ML1328;
cds_wt_5966	-	proteína hipotética
cds_wt_5967	prcB	proteasoma, subunidad beta
cds_wt_5968	prcA	subunidad alfa del proteasoma 20S
cds_wt_5969	-	Proteína no caracterizada Mb2124c;
cds_wt_5970	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_5971	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5972	omt	O-metiltransferasa
cds_wt_5973	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_5974	-	Domino de helicasa;
cds_wt_5975	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5976	-	proteína hipotética
cds_wt_5977	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5978	-	proteína hipotética
cds_wt_5979	catA	Transportador de cinc 9; ZnT-9; miembro 9 de la familia transportadora de soluto;
cds_wt_5980	-	Proteína no caracterizada ML1329;
cds_wt_5981	-	Proteína no caracterizada ML1330;
cds_wt_5982	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5983	tatA	Homólogo de proteína translocasa tatA/E de proteína independiente de Sec;
cds_wt_5984	tatC	Homólogo de proteína translocasa tatC de proteína independiente de Sec;
cds_wt_5985	bmrU	Cinasa de lípido yegS;
cds_wt_5986	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5987	helY	supuesta helicasa
cds_wt_5988	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5989	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5990	glgB	Enzima ramificadora de 1,4-alfa-glucano;
cds_wt_5991	baiG	transportador de ácido biliar;
cds_wt_5992	-	Transportador tipo MFS no caracterizado ydeG;
cds_wt_5993	-	proteína hipotética
cds_wt_5994	-	Ácido graso de cadena larga:CoA ligasa
cds_wt_5995	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_5996	-	supuesta monofosfatasa
cds_wt_5997	-	proteína hipotética
cds_wt_5998	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_5999	-	Inhibidor de oxoglutarato deshidrogenasa;
cds_wt_6000	-	Colágeno alfa-1
cds_wt_6001	prpC	proteína hipotética
cds_wt_6002	pknG	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_6003	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6004	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6005	-	proteína hipotética
cds_wt_6006	-	supuesta acil-CoA sintetasa, ácido graso de cadena larga:CoA ligasa
cds_wt_6007	yuxH	Proteína no caracterizada yuxH;
cds_wt_6008	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6009	fimA	proteína hipotética
cds_wt_6010	-	proteína hipotética
cds_wt_6011	tcmR	Regulador transcripcional tipo HTH tcmR; represor transcripcional de tetracenomicina C;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6012	-	Hidroxiacilglutación hidrolasa; glioxalasa II; Glx II;
cds_wt_6013	lytR	Proteína unida a la membrana lytR;
cds_wt_6014	fhbA	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_6015	-	Proteína no caracterizada TP_0572;
cds_wt_6016	mprA	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_6017	mprB	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_6018	-	proteína hipotética
cds_wt_6019	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6020	fepC	Componentes de ATPasa de sistemas de transporte de sideróforos de cobalamina/Fe3+ tipo ABC
cds_wt_6021	fepG	Proteína permeasa del sistema de importación de vitamina B12 btuC;
cds_wt_6022	fepD	Proteína permeasa del sistema de importación de vitamina B12 btuC;
cds_wt_6023	sidF	Componente de unión a sustrato del sistema ABC de captación de hierro-sideróforo
cds_wt_6024	-	proteína hipotética
cds_wt_6025	ydeS	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb1581;
cds_wt_6026	-	Proteína rhsD;
cds_wt_6027	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6028	-	Proteína no caracterizada yjbR;
cds_wt_6029	-	Proteína no caracterizada yndB;
cds_wt_6030	-	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_6031	bglC	endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_6032	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6033	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6034	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6035	-	proteína hipotética
cds_wt_6036	smtA	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_6037	lpqL	probable aminopeptidasa
cds_wt_6038	-	Homólogo de la proteína 48 del ciclo de división celular AF_1297;
cds_wt_6039	aidB	supuesta acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_6040	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6041	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ywaE;
cds_wt_6042	acpD	proteína fosfodiesterasa transportadora de acilo
cds_wt_6043	-	Esfingosina-1-fosfato fosfatasa 1; SPPasal; Spp1; esfingosina-1-fosfatasa 1; hSPPasal;
cds_wt_6044	-	Supuesta lípido fosfato fosfatasa 3, cloroplástica; AtLPP3; fosfatasa ácida fosfatídica 3; fosfatidato fosfohidrolasa 3;
cds_wt_6045	-	arilsulfatasa A
cds_wt_6046	aslA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6047	-	Supuesta pterin-4-alfa-carbinolamina deshidratasa; PHS; 4-alfa-hidroxi-tetrahidropterin deshidratasa; pterina carbinolamina deshidratasa; PCD;
cds_wt_6048	-	Supuesta transposasa de mini-círculo para IS117;
cds_wt_6049	-	malato sintasa
cds_wt_6050	aceA	isocitrato liasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6051	hipB	Proteína represora de la inmunidad;
cds_wt_6052	-	ARNt
cds_wt_6053	-	N-acetilglucosaminiltransferasa; proteína C de nodulación;
cds_wt_6054	capD	biosíntesis de polisacárido capsular
cds_wt_6055	chb	Proteína A de unión a GlcNAc;
cds_wt_6056	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6057	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6058	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_6059	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6060	-	Proteína reguladora de la respuesta de nitrato/nitrito narP;
cds_wt_6061	-	Histidina cinasa sensora yxjM;
cds_wt_6062	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_6063	-	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB 1;
cds_wt_6064	ETR1	Receptor de etileno; MEETR1;
cds_wt_6065	-	CheB metilesterasa modulada por receptor de regulador de respuesta (similar a CheY)
cds_wt_6066	sthK	histidina cinasa sensora/regulador de respuesta
cds_wt_6067	pilJ	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo II; MCP-II; proteína quimiorreceptora de aspartato;
cds_wt_6068	-	Proteína de quimiotaxia cheW;
cds_wt_6069	cheR	MCP metiltransferasa, tipo CheR
cds_wt_6070	-	Proteína de quimiotaxia cheV;
cds_wt_6071	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6072	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_6073	ykwD	proteína hipotética
cds_wt_6074	-	proteína hipotética
cds_wt_6075	lktD	Proteína de secreción de leucotoxina D;
cds_wt_6076		Sistema de transporte de péptido antimicrobiano tipo ABC, componente de ATPasa
cds_wt_6077	salY	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_6078	ybiF	transportador no caracterizado ywfM;
cds_wt_6079	ycdT	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_6080	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6081	TRIO	Proteína de dominio funcional triple; proteína de interacción con PTPRF;
cds_wt_6082	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6083	-	Subunidad A del factor 3 de iniciación de la traducción eucariota; eIF3a; subunidad 10 del factor 3 de iniciación de la traducción eucariota; eIF-3-theta; eIF3 p167; eIF3 p180; eIF3 p185; p162; centrosomina;
cds_wt_6084	-	Proteína 1 inducible por daño de ADN; v-SNARE-master 1;
cds_wt_6085	pimB	glucosil transferasa
cds_wt_6086	-	proteína hipotética
cds_wt_6087	-	proteína hipotética
cds_wt_6088	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6089	araA	L-arabinosa isomerasa
cds_wt_6090	chvE	Receptor periplásmico de unión a múltiples azúcares chvE;
cds_wt_6091	gguA	Proteína de unión a ATP de transportador ABC de ribosa
cds_wt_6092	gguB	Proteína permeasa del sistema de transporte de xilosa xylH;
cds_wt_6093	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6094	-	proteína hipotética
cds_wt_6095	-	proteína hipotética
cds_wt_6096	glk	glucosa cinasa
cds_wt_6097	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_6098	zwf	glucosa-6-fosfato 1-deshidrogenasa
cds_wt_6099	-	proteína hipotética
cds_wt_6100	-	proteína hipotética
cds_wt_6101	yaaA	Proteína no caracterizada yaaA;
cds_wt_6102	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6103	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6104	fkb	peptidil-prolil cis-trans isomerasa
cds_wt_6105	cpbD	GlcNAc-proteína de unión A;
cds_wt_6106	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6107	-	proteína hipotética
cds_wt_6108	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6109	-	Activador 3 transcripcional del operón XylDLEGF;
cds_wt_6110	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_6111	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6112	chiA	quitinasa B
cds_wt_6113	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6114	glgC	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_6115	rtn	glucosa-1-fosfato adenililtransferasa
cds_wt_6116	fenI	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_6117	-	Lipoproteína no caracterizada yddW;
cds_wt_6118	cgt	Ciclomaltodextrina glucanotransferasa; ciclodextrina-glucosiltransferasa; CGTasa; amilasa que digiere almidón crudo;
cds_wt_6119	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6120	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6121	-	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_6122	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_6123	-	Diaminopimelato epimerasa; DAP epimerasa;
cds_wt_6124	chII	magnesio quelatasa, supuesta
cds_wt_6125	-	Proteína no caracterizada Rv0959/MT0986;
cds_wt_6126	arsR	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_6127	-	proteína hipotética
cds_wt_6128	-	Activador transcripcional tipo HTH rhaR; activador transcripcional de operón de L-ramnosa rhaR;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6129	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6130	sigG	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-43;
cds_wt_6131	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6132	pgsA	supuesta CDP-diacilglicerol--glicerol-3-fosfato 3-fosfatidil-transferasa
cds_wt_6133	-	Proteína no caracterizada ylxX;
cds_wt_6134	sbp	Proteína básica pequeña;
cds_wt_6135	-	Proteína no caracterizada Mb1856;
cds_wt_6136	gcvH	Proteína H del sistema de escisión de glicina;
cds_wt_6137	garA	Inhibidor de oxoglutarato deshidrogenasa;
cds_wt_6138	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb1859;
cds_wt_6139	-	Proteína no caracterizada Rv1829/MT1877;
cds_wt_6140	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb1861;
cds_wt_6141	drnC	proteína del sistema UvrABC A; proteína UvrA; subunidad A de excinucleasa ABC;
cds_wt_6142	asnB	asparagina sintasa
cds_wt_6143	-	Repetición TPR
cds_wt_6144	-	proteína hipotética
cds_wt_6145	kka	supuesta fosfotransferasa
cds_wt_6146	baeS	proteína sensora (para BaeR)
cds_wt_6147	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_6148	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6149	-	Nucleósido difosfato cinasa; NDK; NDP cinasa; nucleósido-2-P cinasa;
cds_wt_6150	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6151	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6152	ileS	isoleucil-ARNt sintetasa
cds_wt_6153	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6154	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_6155	-	Proteína de la matriz extracelular FRAS1;
cds_wt_6156	nhoA	N-hidroxiarilamina O-acetiltransferasa
cds_wt_6157	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6158	-	Proteasa de cinc no caracterizada ML0855;
cds_wt_6159	-	proteína hipotética
cds_wt_6160	mhpA	3-(3-hidroxifenil)propionato hidroxilasa
cds_wt_6161	-	proteína hipotética
cds_wt_6162	yehP	Proteína no caracterizada yehP;
cds_wt_6163	-	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvB;
cds_wt_6164	-	Proteína no caracterizada yegE;
cds_wt_6165	-	proteína hipotética
cds_wt_6166	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6167	-	proteína hipotética
cds_wt_6168	-	ADN translocasa ftsK;
cds_wt_6169	-	Proteína A de unión a inmunoglobulina G; proteína A de unión a IgG; proteína A estafilocócica;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6170	-	ADN helicasa dependiente de ATP de la unión de Holliday ruvB;
cds_wt_6171	-	Proteína no caracterizada TM_0929;
cds_wt_6172	-	regulador transcripcional, familia AraC con repetición de hélice beta paralela
cds_wt_6173	-	proteína hipotética
cds_wt_6174	phzA	Probable isocorismatasa; 2,3 dihidro-2,3 dihidroxibenzoato sintasa;
cds_wt_6175	-	Haloalcano deshalogenasa;
cds_wt_6176	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6177	-	proteína hipotética
cds_wt_6178	kasA	3-oxoacil-
cds_wt_6179	-	proteína reguladora transcripcional
cds_wt_6180	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6181	dac	supuesta D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa transportador no caracterizado yoaV;
cds_wt_6182	dcsA	Transportador no caracterizado yoaV;
cds_wt_6183	gntR	Kinurenina/alfa-aminoadipato aminotransferasa mitocondrial; KAT/AadAT; kinurenina aminotransferasa II; kinurenina-oxoglutarato aminotransferasa II; kinurenina-oxoglutarato transaminasa II; 2-aminoadipato transaminasa; 2-aminoadipato aminotransferasa; Alfa-aminoadipato aminotransferasa; AadAT;
cds_wt_6184	pknA	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_6185	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6186	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6187	pelB	pectato liasa
cds_wt_6188	-	pectinesterasa
cds_wt_6189	-	Homólogo C9orf21 de proteína de UPF0308;
cds_wt_6190	-	tirosinasa
cds_wt_6191	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6192	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6193	-	nucleósido hidrolasa que prefiere inosina-uridina
cds_wt_6194	-	supuesta proteína de transporte de membrana integral
cds_wt_6195	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_6196	-	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_6197	-	Homoserina cinasa; HSK; HK;
cds_wt_6198	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6199	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6200	-	Proteína no caracterizada yfeS;
cds_wt_6201	xyl1	Arabinofuranosidasa/B-xilosidasa; Incluye: Alfa-N-arabinofuranosidasa; arabinosidasa; Incluye: Beta-xilosidasa; 1,4-beta-D-xilano xilohidrolasa; xilano 1,4-beta-xilosidasa;
cds_wt_6202	sndH	L-sorbose deshidrogenasa
cds_wt_6203	-	Endoglucanasa; endo-1,4-beta-glucanasa; celulasa;
cds_wt_6204	-	proteína hipotética
cds_wt_6205	-	proteína hipotética
cds_wt_6206	-	Activador transcripcional tipo HTH rhaR; activador transcripcional de operón de L-ramnosa rhaR;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6207	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6208	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6209	-	Proteína A de diferenciación de Prestalk A;
cds_wt_6210	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6211	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6212	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_6213	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_6214	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_6215	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_6216	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6217	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6218	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6219	-	proteína hipotética
cds_wt_6220	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína de regulación de nitrógeno C;
cds_wt_6221	mmyF	probable oxidorreductasa
cds_wt_6222	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6223	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6224	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6225	-	Proteína similar a hemeritina no caracterizada C869.06c;
cds_wt_6226	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6227	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6228	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6229	-	Proteína de UPF0145 BVU_2335;
cds_wt_6230	-	Proteína de UPF0145 ECA2666;
cds_wt_6231	cutM	oxidorreductasa, medio cadena
cds_wt_6232	-	Xantina deshidrogenasa; XD; proteína rosy locus;
cds_wt_6233	nahB	beta-N-acetilhexosaminidasa
cds_wt_6234	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6235	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6236	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_6237	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6238	cbgA	supuesta proteína secretada
cds_wt_6239	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6240	-	proteína hipotética
cds_wt_6241	-	proteína hipotética
cds_wt_6242	-	Proteína tipo HTH slmA;
cds_wt_6243	-	Transportador tipo MFS no caracterizado C16A3.17c;
cds_wt_6244	splB	liasa de fotoproducto de esporas
cds_wt_6245	-	proteína hipotética
cds_wt_6246	-	acetiltransferasa, familia GNAT
cds_wt_6247	alsR	Regulador transcripcional tipo HTH benM; regulador transcripcional del operón de Ben y cat;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6248	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6249	-	Amina oxidasa
cds_wt_6250	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6251	csd	selenocisteína liasa
cds_wt_6252	mcpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpA; H1;
cds_wt_6253	tcmR	Regulador transcripcional tipo HTH tcmR; represor transcripcional de tetracenomicina C;
cds_wt_6254	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6255	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6256	-	posibles aciltransferasa transmembranaria
cds_wt_6257	-	posibles aciltransferasa transmembranaria
cds_wt_6258	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6259	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6260	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6261	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6262	xysA	endo-1,4-beta-xilanasasa
cds_wt_6263	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6264	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6265	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6266	galM	aldosis 1-epimerasa
cds_wt_6267	murX	fosfo-N-acetilmuramoil-pentapéptido-transferasa
cds_wt_6268	-	proteína hipotética
cds_wt_6269	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6270	-	proteína hipotética
cds_wt_6271	-	proteína hipotética
cds_wt_6272	SCD	Acil-CoA desaturasa; estearoil-CoA desaturasa; ácido graso desaturasa; Delta
cds_wt_6273	-	Activador de la transcripción gutR;
cds_wt_6274	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_6275	CPD	Carboxipeptidasa D; metalocarboxipeptidasa D; CPD-2; Banderas: Fragmento;
cds_wt_6276	xynB	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_6277	-	Probable oxidorreductasa ordL;
cds_wt_6278	tetR	Clase G de proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_6279	-	proteína hipotética
cds_wt_6280	-	proteína hipotética
cds_wt_6281	-	sulfotransferasa
cds_wt_6282	prpH	Regulador del transportador 1 de entrada de multifármaco;
cds_wt_6283	-	proteína hipotética
cds_wt_6284	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6285	-	O-acetiltransferasa oatA;
cds_wt_6286	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6287	lppS	Proteína no caracterizada Mb0493;
cds_wt_6288	npr	Bacilolisina; proteasa neutra termoestable;
cds_wt_6289	-	posibles proteína reguladora transcripcional (probablemente familia TetR)
cds_wt_6290	alkB	alcano-1 monooxigenasa
cds_wt_6291	-	Homólogo 1 de la proteína patched; PTC1; PTC;
cds_wt_6292	infA	Factor de iniciación de la traducción IF-1;
cds_wt_6293	-	Proteína similar a 8 de N-acetiltransferasa; proteína 3 similar a Camello;
cds_wt_6294	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; Policistina-1L3;
cds_wt_6295	ydhT	proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_6296	-	supuesta hidrolasa secretada
cds_wt_6297	-	Subunidad dpX de unión a ATP de proteasa Clp dependiente de ATP;
cds_wt_6298	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_6299	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6300	-	proteína hipotética
cds_wt_6301	-	Proteína no caracterizada yyaP;
cds_wt_6302	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6303	isp	Factor sigma-H de ARN polimerasa; sigma-30;
cds_wt_6304	-	Serina proteasa intracelular;
cds_wt_6305	-	Proteína 28 de repetición de tetratricopéptido; proteína 28 de repetición de TPR;
cds_wt_6306	tlpB	Proteína 28 de repetición de tetratricopéptido; proteína 28 de repetición de TPR;
cds_wt_6307	-	Supuesta proteína transductora sensorial;
cds_wt_6308	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6309	qacA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6310	tetR	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_6311	-	Clase B de proteína represora de tetraciclina de transposón Tn10;
cds_wt_6312	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6313	chrA	Serotonin N-acetiltransferasa; serotonina acetilasa; aralquilamina N-acetiltransferasa; AA-NAT;
cds_wt_6314	-	Probable proteína de transporte de cromato;
cds_wt_6315	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6316	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6317	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6318	-	Probable proteína de resistencia a enfermedad RDL5/RF45;
cds_wt_6319	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6320	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6321	-	proteína hipotética
cds_wt_6322	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_6323	ltaE	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6324	-	treonina aldolasa
cds_wt_6325	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6326	-	Proteína de UPF0548 At2g17695;
cds_wt_6327	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6328	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6329	-	proteína hipotética
cds_wt_6330	-	proteína hipotética
cds_wt_6331	asnC	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado PH1519;
cds_wt_6332	pdhA	Componente de piruvato deshidrogenasa E1, subunidad alfa
cds_wt_6333	pdhB	supuesta subunidad beta de alfa ceto ácido deshidrogenasa E1 cadena ramificada
cds_wt_6334	-	proteína hipotética
cds_wt_6335	-	proteína hipotética
cds_wt_6336	-	Fosfatasa delta de proteína tirosina tipo receptor; fosfatasa delta de proteína tirosina; R-PTP-delta;
cds_wt_6337	pecS	Regulador transcripcional tipo HTH pecS;
cds_wt_6338	Fmo3	Dimetilnilina monooxigenasa
cds_wt_6339	-	Proteína inmunomoduladora de linfocitos T; proteína TIP; proteína 1 que contiene repetición FG-GAP de integrina-alfa;
cds_wt_6340	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6341	-	Proteína de UPF0421 SAR1980;
cds_wt_6342	stuC	histidina cinasa sensora
cds_wt_6343	xlnB	Endo-1,4-beta-xilanasas B; xilanasas B; 1,4-beta-D-xilano xilanohidrolasa B;
cds_wt_6344	nodB	Quitooligosacárido desacetilasa; proteína de nodulación B;
cds_wt_6345	xlnB	endo-1,4-beta-xilanasas
cds_wt_6346	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6347	ubiE	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_6348	-	Proteína chaperona dpB;
cds_wt_6349	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6350	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6351	smvA	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_6352	tetR	Clase G de proteína represora de tetraciclina
cds_wt_6353	tlpB	Proteína de quimiotaxis aceptora de metilo mcpB; H3;
cds_wt_6354	prpD	Fosfoserina fosfatasa rsbP;
cds_wt_6355	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_6356	frnE	Proteína FrnE
cds_wt_6357	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6358	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6359	-	Proteína de UPF0272 SE_0371;
cds_wt_6360	-	Proteína no caracterizada MJ0165;
cds_wt_6361	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6362	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6363	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6364	-	Teneurina-3; Ten-3; tenascina-M3; Ten-m3; homólogo 3 de proteína Odd Oz/Ten-m;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6365	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6366	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_6367	-	proteína hipotética
cds_wt_6368	-	Proteína de incompatibilidad vegetativa HET-E-1;
cds_wt_6369	nodB	polisacárido desacetilasa, supuesta
cds_wt_6370	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6371	rhgB	Supuesta ramnogalacturonasa; ramnogalacturonano liasa; RGasa; proteína 1 de desarrollo de Ascus; Asd-I;
cds_wt_6372	yccK	supuesta oxidoreductasa
cds_wt_6373	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_6374	yusZ	deshidrogenasa de cadena corta
cds_wt_6375	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6376	-	proteína hipotética
cds_wt_6377	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6378	dnaB	ADN helicasa replicativa; Contiene: Endonucleasa PI-Rma43812IP; Rma dnaB inteína;
cds_wt_6369	-	receptor de aglutinina; SSP-5;
cds_wt_6380	-	proteína de membrana, supuesta
cds_wt_6381	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6382	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_6383	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6384	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6385	-	proteína sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_6386	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6387	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6388	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6389	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_6390	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6391	-	Glucógeno sintasa; almidón
cds_wt_6392	-	Neogenina; fragmento;
cds_wt_6393	aphA	histidina cinasa de caja sensorial
cds_wt_6394	-	proteína sensora de sistema de dos componentes
cds_wt_6395	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6396	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6397	phoA	tipo 5 de fosfatasa ácida resistente a tartrato; TR-AP; ATPasa ácida resistente a tartrato; TrATPasa; fosfatasa ácida 5, resistente a tartrato,
cds_wt_6398	PIGA	posible proteína conservada
cds_wt_6399	-	proteína conservada de membrana
cds_wt_6400	bcpB	Supuesta peroxirredoxina Q, cloroplástica; tiorredoxina reductasa;
cds_wt_6401	amo	monooxigenasa similar a luciferasa
cds_wt_6402	salE	proteína de la superfamilia AB hidrolasa yfhM;
cds_wt_6403	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_6404	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6405	-	transportador no caracterizado ywfM;
cds_wt_6406	ywaC	GTP pirofosfocinasa; ATP:GTP 3'-pirofosfotransferasa; ppGpp sintetasa I;
cds_wt_6407	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6408	Pkn4	Nefrocistina-3;
cds_wt_6409	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6410	marR	Proteína no caracterizada MJ0432;
cds_wt_6411	-	proteína hipotética
cds_wt_6412	-	Beta-agarasa AgaB34;
cds_wt_6413	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6414	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_6415	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6416	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6417	-	Supuesta proteína regulador transcripcional tipo HTHy UNCMA_15260;
cds_wt_6418	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6419	-	proteína hipotética
cds_wt_6420	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6421	-	proteína hipotética
cds_wt_6422	xylB	cinasa de azúcar, posible xilulosa cinasa
cds_wt_6423	-	supuesta esterasa secretada
cds_wt_6424	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6425	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6426	adhC	alcohol deshidrogenasa dependiente de NADP
cds_wt_6427	ydbM	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_6428	cbs	cistationina beta-sintasa
cds_wt_6429	-	NADH-azoreductasa 2 dependiente de FMN; oxidorreductasa 2 de compuesto NADH-azoico dependiente de FMN; reductasa 2 de colorante azoico;
cds_wt_6430	PRXQ	Peroxirredoxina Q, cloroplástica; tioredoxina reductasa; fragmento;
cds_wt_6431	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6432	-	Carboxilato-amina ligasa NFA_52970;
cds_wt_6433	-	supuesta peptidasa
cds_wt_6434	-	supuesta peptidasa
cds_wt_6435	-	Diamina acetiltransferasa 2; espermidina/espermina N
cds_wt_6436	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6437	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6438	-	proteína de función desconocida DUF1330
cds_wt_6439	-	Lipoproteína de unión a D-metionina metQ;
cds_wt_6440	proV	Proteína de unión a ATP de importación de metionina metN;
cds_wt_6441	-	Probable proteína permeasa del sistema de transporte de D-metionina metI;
cds_wt_6442	tetV	Transportador tipo MFS no caracterizado ykuC;
cds_wt_6443	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6444	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6445	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6446	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6447	dpm	similar a dolícil-fosfato manosa sintasa
cds_wt_6448	lpqM	posibles lipoproteína peptidasa LpqM
cds_wt_6449	abfB	Alfa-N-arabinofuranosidasa B; arabinosidasa B; ABF B;
cds_wt_6450	-	Alfa-N-arabinofuranosidasa B; arabinosidasa B; ABF B;
cds_wt_6451	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6452	pip	proteína hipotética
cds_wt_6453	-	proteína hipotética prolina iminopeptidasa
cds_wt_6454	lpqG	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6455	-	proteína inmunogénica periplásmica de 26 kDa; proteína de la membrana externa de 28 kDa; proteína citosoluble 28 kDa; CP28;
cds_wt_6456	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6457	fabH	proteína de la familia nitrorreductasa
cds_wt_6458	-	3-oxoacil-
cds_wt_6459	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6460	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6461	abfB	alfa-N-arabinofuranosidasa B; arabinosidasa B; ABF B;
cds_wt_6462	cad	lisina descarboxilasa
cds_wt_6463	-	fitocromo B;
cds_wt_6464	aprX	serina proteasa alcalina
cds_wt_6465	-	di-GMP cíclico regulado por hemo, AMP fosfodiesterasa cíclica; proteína sensora de oxígeno Direct; Ec DOS;
cds_wt_6466	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6467	-	proteína hipotética
cds_wt_6468	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6469	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6470	-	Proteína no caracterizada ML1998;
cds_wt_6471	-	proteína hipotética
cds_wt_6472	xylS	alfa-xilosidasa
cds_wt_6473	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6474	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6475	-	proteína hipotética
cds_wt_6476	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6477	-	proteína hipotética
cds_wt_6478	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6479	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6480	-	proteína hipotética
cds_wt_6481	-	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_6482	-	proteína hipotética
cds_wt_6483	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6484	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6485	NITA	Nitrato reductasa
cds_wt_6486	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6487	phoP	Proteína reguladora transcripcional de la síntesis de fosfatasa alcalina phoP;
cds_wt_6488	-	Proteína reguladora transcripcional yvrH;
cds_wt_6489	phoR	histidina cinasa de caja sensorial PhoR
cds_wt_6490	-	Proteína no caracterizada Mb1369;
cds_wt_6491	ttgR	Regulador transcripcional tipo HTH ttgR; represor de operón ttgABC de bomba de salida de tolueno;
cds_wt_6492	cyp7	Citocromo P450-SOY;
cds_wt_6493	-	Ferrredoxina fas2;
cds_wt_6494	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6495	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6496	-	Carboxilato-amina ligasa Mmcs_0573;
cds_wt_6497	hemK	proteína hipotética
cds_wt_6498	dltE	probable deshidrogenasa de cadena corta
cds_wt_6499	ftaA	Proteína DJ-1; homólogo de proteína 7 de enfermedad de Parkinson;
cds_wt_6500	-	proteína hipotética
cds_wt_6501	glgX	enzima desramificadora de glucógeno
cds_wt_6502	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6503	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_6504	-	Proteína reguladora del catabolismo de purina;
cds_wt_6505	ousA	Sistema A de captación de osmoprotector;
cds_wt_6506	-	supuesta proteína de salida transmembranaria
cds_wt_6507	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_6508	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6509	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6510	-	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_6511	-	proteína hipotética
cds_wt_6512	-	Proteína no caracterizada ml0378;
cds_wt_6513	-	proteína hipotética 2SC10A7.04c
cds_wt_6514	gluC	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_6515	-	Proteína no caracterizada YLL056C;
cds_wt_6516	sir2	supuesto regulador de la familia Sir2
cds_wt_6517	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6518	ino1	mio-inositol-1-fosfato sintasa
cds_wt_6519	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_6520	LYS1	sacaropina deshidrogenasa
cds_wt_6521	cfa	ciclopropano-ácido graso-fosfolípido sintasa
cds_wt_6522	-	proteína hipotética
cds_wt_6523	cspA	Proteína de choque frío cspA; CSP-A; proteína de choque frío de 7,4 kDa; CS7.4;
cds_wt_6524	frp	supuesta ferredoxina/ferredoxina-NADP reductasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6525	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_6526	-	proteína hipotética
cds_wt_6527	nudF	Represor de glicerol-3-fosfato regulon;
cds_wt_6528	degA	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_6529	14	Glucoproteína GPV;
cds_wt_6530	-	Proteína no caracterizada Rv1002c/MT1031;
cds_wt_6531	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6532	garD	hidrolasa, familia UxaA
cds_wt_6533	-	proteína desconocida
cds_wt_6534	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6535	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6536	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6537	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6538	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6539	-	proteína hipotética
cds_wt_6540	cyaC	proteína hipotética
cds_wt_6541	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6542	abfB	supuesta proteína secretada
cds_wt_6543	arsC	supuesta arseniato reductasa
cds_wt_6544	-	Probable acuaporina PIP1-2; proteína 1-2 intrínseca plasmática de membrana; OsPIP1;2;
cds_wt_6545	cadC	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio; proteína reguladora de resistencia al cadmio;
cds_wt_6546	-	Transportador 2 de monocarboxilato; MCT 2; miembro 7 de la familia 16 de transportadores de soluto;
cds_wt_6547	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6548	luxA	supuesta proteína oxidorreductasa
cds_wt_6549	-	metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_6550	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6551	-	proteína hipotética
cds_wt_6552	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6553	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6554	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6555	pcaD	Prolina iminopeptidasa; PIP; prolil aminopeptidasa; PAP;
cds_wt_6556	yxjI	Proteína de UPF0706 yxjI;
cds_wt_6557	-	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_6558	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yqjV;
cds_wt_6559	-	supuesto regulador transcripcional
cds_wt_6560	-	Proteína no caracterizada ML1329;
cds_wt_6561	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6562	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6563	-	Activador transcripcional tipo HTH tipA;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6564	malE	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_6565	palF	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_6566	malG	Probable proteína permeasa de transportador ABC yesQ;
cds_wt_6567	phoG	histidina cinasa de caja sensorial PhoR
cds_wt_6568	phoG	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_6569	-	3-oxoacil-
cds_wt_6570	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6571	-	Miembro G de la familia 4 del dominio de lectina tipo C;
cds_wt_6572	-	supuesta hidrolasa
cds_wt_6573	polA	ADN polimerasa I
cds_wt_6574	yneD	3-oxoacil-
cds_wt_6575	-	supuesta lipoproteína
cds_wt_6576	pelX	supuesta exopoligalacturonato liasa
cds_wt_6577	-	Homoserina cinasa; HSK; HK;
cds_wt_6578	PHY1	histidina cinasa sensora/regulador de respuesta
cds_wt_6579	dapA	dihidrodipicolinato sintasa
cds_wt_6580	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6581	arsR	Represor de operón de resistencia a arsénico;
cds_wt_6582	-	proteína hipotética
cds_wt_6583	-	Proteína no caracterizada Mb0911c;
cds_wt_6584	nadE	NAD sintasa
cds_wt_6585	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6586	-	fosfolipasa D hidrolizante de N-acil-fosfatidiletanolamina; N-acil fosfatidiletanolamina fosfolipasa D; fosfolipasa D hidrolizante de NAPE; NAPE-PLD;
cds_wt_6587	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6588	prpH	proteína hipotética
cds_wt_6589	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6590	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6591	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6592	ybcL	Proteína de UPF0098 ybhB;
cds_wt_6593	-	proteína hipotética
cds_wt_6594	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6595	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6596	-	Sulfurtransferasa tusA; proteína A de síntesis de ARNt 2-tiouridina;
cds_wt_6597	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6598	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6599	-	proteína hipotética
cds_wt_6600	mtrR	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_6601	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yobV;
cds_wt_6602	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6603	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6604	-	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH ₂ ;
cds_wt_6605	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6606	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_6607	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6608	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6609	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6610	adh	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_6611	ytfH	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_6612	p20	N-acetiltransferasa no caracterizada p20;
cds_wt_6613	fabG	proteína hipotética
cds_wt_6614	-	Proteína de resistencia a múltiples antibióticos marR;
cds_wt_6615	yvqC	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yxjL;
cds_wt_6616	-	dos-componente sistema, proteína sensora
cds_wt_6617	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6618	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6619	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6620	-	Proteína no caracterizada aq_1494;
cds_wt_6621	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6622	-	UPF0104 proteína de membrana MTH_1261;
cds_wt_6623	PDR1	Proteína 1 de resistencia a fármacos pleiotrópicos; NtPDR1;
cds_wt_6624	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_6625	-	proteína hipotética
cds_wt_6626	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6627	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6628	morA	Proteína no caracterizada Mb1389c;
cds_wt_6629	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6630	Pclo	Proteína piccolo; aczonina; proteína de citomatrix presináptica multidominio;
cds_wt_6631	-	acil-CoA sintasa
cds_wt_6632	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6633	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6634	-	Proteína 3 de quimiotaxia aceptora de metilo;
cds_wt_6635	-	proteína hipotética
cds_wt_6636	-	proteína hipotética
cds_wt_6637	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6638	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6639	-	proteína 2 de la familia de glucosil transferasa
cds_wt_6640	-	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_6641	nreC	Proteína reguladora de oxígeno nreC; proteína de regulación de nitrógeno C;
cds_wt_6642	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6643	amfT	Cinasa 1 similar a proteína serina/treonina cinasa SNF1; proteína serina/treonina cinasa SNF1LK; cinasa 1 inducible por sal; SIK-1; SIK1;
cds_wt_6644	DPPV	Dipeptidil-peptidasa 5; dipeptidil-peptidasa V; DPP V; DppV; Nombre alternativo: Alérgeno=Tri r4;
cds_wt_6645	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6646	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6647	amfB	proteína de resistencia multifármaco
cds_wt_6648	iroC	Supuesto transportador ABC
cds_wt_6649	-	Probable componente 6 transportador de salida de auxina; OsPIN6;
cds_wt_6650	betI	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_6651	nonF	ThiJ/Pfpl
cds_wt_6652	tetR	regulador transcripcional, familia TetR
cds_wt_6653	mmyQ	metallorreductasa STEAP3; antígeno 3 de próstata epitelial de seis-transmembrana; pHyde;
cds_wt_6654	-	Factor sigma de ARN polimerasa sigM;
cds_wt_6655	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6656	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6657	-	proteína hipotética
cds_wt_6658	-	celulasa, celulosa 1,4-beta-celobiosidasa
cds_wt_6659	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ywhA;
cds_wt_6660	sdaA	L-serina deshidratasa
cds_wt_6661	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6662	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6663	aceE	componente E1 de piruvato deshidrogenasa
cds_wt_6664	bhp	Protocadherina beta-6; PCDH-beta-6;
cds_wt_6665	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6666	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6667	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6668	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_6669	rcaC	Proteína rcaC;
cds_wt_6670	-	Colágeno alfa-3
cds_wt_6671	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6672	fadH	2,4-dienoil-CoA reductasa
cds_wt_6673	-	enoil-CoA hidratasa
cds_wt_6674	-	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_6675	MET	Receptor del factor de crecimiento de hepatocitos; receptor de HGF; receptor del factor de dispersión; receptor de SF; receptor de HGF/SF; tirosina cinasa del proto-oncogén Met; c-Met;
cds_wt_6676	-	supuesta enoil-CoA hidratasa/isomerasa
cds_wt_6677	-	Proteína tipo HTH slmA;
cds_wt_6678	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_6679	-	alfa amilasa
cds_wt_6680	-	Esterol 3-beta-glucosiltransferasa; proteína 26 relacionada con la autofagia; UDP-glucosiltransferasa 51;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6681	-	proteína hipotética
cds_wt_6682	-	Proteína de UPF0135 ybgl;
cds_wt_6683	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6684	ANK2	Anquirin-2; anquirina cerebral; anquirina-B; anquirina no eritroide;
cds_wt_6685	-	Proteína no caracterizada R665;
cds_wt_6686	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6687	NOD3	proteína NLRC3;
cds_wt_6688	-	proteína hipotética
cds_wt_6689	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6690	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6691	tas	Transductor de aspartato de la quimiotaxia aceptora de metilo;
cds_wt_6692	glnH	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_6693	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6694	yycE	Proteína no caracterizada yycE;
cds_wt_6695	-	Proteína de la biosíntesis de riboflavina ribD; Incluye: Diaminohidroxifosforribosilaminopirimidina desaminasa; DRAP desaminasa; desaminasa específica de riboflavina; Incluye: 5-amino-6-
cds_wt_6696	-	Proteína de membrana interna ybjJ;
cds_wt_6697	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_6698	-	proteína hipotética
cds_wt_6699	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6700	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6701	-	metalotiol transferasa fosB; proteína de resistencia a fosfomicina;
cds_wt_6702	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6703	-	Factor de elongación de la transcripción SPT5; subunidad grande del factor inductor de sensibilidad de DRB; subunidad grande de DSIF; proteína foggy;
cds_wt_6704	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6705	lipJ	2-hidroxi-6-oxononadienodioato/2-hidroxi-6-oxononatrienodioato hidrolasa 2; EC=3.7.1.n1; 5,6-hidrolasa 2 de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa 2 de ácido 2-hidroxi-6-cetonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa 2 de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4,7-trieno-1,9-dioico;
cds_wt_6706	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6707	hlyA	Proteína de UPF0161 MS0482;
cds_wt_6708	cspA	Proteína de choque frío cspA; CSP-A; proteína de choque frío de 7,4 kDa; CS7.4;
cds_wt_6709	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6710	mhpC	Carboxilesterasa bioH; proteína de síntesis de biotina bioH;
cds_wt_6711	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6712	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_6713	aarF	Probable proteína de biosíntesis de ubiquinona ubiB; regulador de aminoglucósido acetiltransferasa;
cds_wt_6714	-	fosfoglicerato mutasa dependiente de 2,3-bisfosfoglicerato; fosfogliceromutasa; PGAM; PGAM dependiente de BPG; dPGM;
cds_wt_6715	-	deshidrogenasa de cadena corta

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6716	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6717	-	Proteína no caracterizada Mb1292c;
cds_wt_6718	wecD	Similar a ycf52 de N-acetiltransferasa no caracterizada;
cds_wt_6719	pepA	probable serina proteasa secretada
cds_wt_6720	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6721	fdh	formaldehído deshidrogenasa dependiente de glutatión
cds_wt_6722	-	proteína hipotética
cds_wt_6723	-	Probable regulador transcripcional tipo HTH yttP; proteína de respuesta al estrés yttP;
cds_wt_6724	-	Zeaxantina epoxidasa, cloroplástica;
cds_wt_6725	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6726	-	Fosfoglicolato fosfatasa; PGPasa; PGP;
cds_wt_6727	-	Proteína similar a hemoglobina yjbl; BHb truncada; trBHb;
cds_wt_6728	-	Fosfolipasa C no hemolítica; PLC-N; fosfatidilcolina colinafosfohidrolasa; fosfolipasa C hidrolizante de fosfatidilcolina; PC-PLC;
cds_wt_6729	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6730	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_6731	tcmG	supuesta rifampina monooxigenasa
cds_wt_6732	tcmR	Regulador transcripcional tipo HTH tcmR; represor transcripcional de tetracenomicina C;
cds_wt_6733	TCNA	Sialidasa; neuraminidasa; NA; antígeno de superficie mayor;
cds_wt_6734	-	proteína hipotética
cds_wt_6735	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6736	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6737	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6738	-	ARN helicasa dependiente de ATP DBP10;
cds_wt_6739	-	Proteína no caracterizada Rv0966c/MT0994;
cds_wt_6740	-	proteína hipotética
cds_wt_6741	-	proteína hipotética
cds_wt_6742	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6743	-	Peroxidasa ycdB;
cds_wt_6744	ycdO	Proteína de UPF0409 ycdO;
cds_wt_6745	ycdN	Permeasa de hierro ferroso efeU; proteína de captación de de hierro ferroso;
cds_wt_6746	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6747	bacE	Supuesto exportador de bacilisina bacE;
cds_wt_6748	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6749	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6750	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6751	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6752	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6753	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6754	-	proteína hipotética
cds_wt_6755	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6756	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6757	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_6758	-	Proteína no caracterizada MJ0002;
cds_wt_6759	-	Proteína no caracterizada MJ0002;
cds_wt_6760	yghZ	Proteína no caracterizada yghZ;
cds_wt_6761	gcvP	glicina deshidrogenasa
cds_wt_6762	-	proteína hipotética
cds_wt_6763	pabB	para-aminobenzoato sintasa, componente I
cds_wt_6764	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_6765	-	proteína hipotética
cds_wt_6766	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6767	def	supuesta polipéptido deformilasa
cds_wt_6768	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_6769	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6770	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6771	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6772	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6773	-	proteína hipotética
cds_wt_6774	-	supuesta transposasa
cds_wt_6775	-	Probable serina proteasa similar a ctpA;
cds_wt_6776	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6777	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_6778	-	Metalotiol transferasa fosB; proteína de resistencia a fosfomicina;
cds_wt_6779	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6780	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6781	-	supuesta oxidoreductasa
cds_wt_6782	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6783	-	proteína hipotética
cds_wt_6784	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6785	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6786	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6787	-	Colágeno alfa-5
cds_wt_6788	-	proteína hipotética
cds_wt_6789	yycN	Amino-ácido acetiltransferasa; N-acetilglutamato sintasa; AGS; NAGS;
cds_wt_6790	ydbC	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_6791	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6792	hisK	Probable histidinol-fosfatasa; HolPasa;
cds_wt_6793	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_6794	-	Proteína cph2 similar a fitocromo; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_6795	-	Proteína no caracterizada MJ1623;
cds_wt_6796	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6797	arcB	ornitina ciclodesaminasa
cds_wt_6798	ereB	Eritromicina esterasa tipo II;
cds_wt_6799	-	descarboxilasa dependiente de piridoxal
cds_wt_6800	-	Proteína de biosíntesis de sideróforo de rizobactina rhbF;
cds_wt_6801	-	Proteína 1 de crecimiento osmótico;
cds_wt_6802	-	uridina cinasa
cds_wt_6803	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6804	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6805	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6806	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6807	-	Receptor de aerotaxis;
cds_wt_6808	-	Receptor de aglutinina; SSP-5;
cds_wt_6809	-	supuesta proteína de unión a ATP/GTP secretada
cds_wt_6810	ohr	2 similar a proteína de resistencia a hidroperóxido orgánico;
cds_wt_6811	ykmA	Regulador transcripcional tipo HTH mgrA;
cds_wt_6812	-	N-acetiltransferasa no caracterizada yjdG;
cds_wt_6813	-	Proteína transmembranaria de UPF0721 HI0198;
cds_wt_6814	-	Proteína de UPF0303 RHE_CH02903;
cds_wt_6815	-	proteína hipotética
cds_wt_6816	yjhP	ARNt
cds_wt_6817	tetX	Proteína de resistencia a tetraciclina de transposón Tn4351/Tn4400;
cds_wt_6818	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6819	-	Proteína 4 que contiene dominio de glioxalasa;
cds_wt_6820	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6821	sugE	Proteína sugE de resistencia a compuesto de amonio cuaternario;
cds_wt_6822	plsC	supuesta 1-acilglicerol-3-fosfato O-aciltransferasa
cds_wt_6823	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6824	-	acetiltransferasa, familia GNAT
cds_wt_6825	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6826	ytrA	Represor transcripcional tipo HTH yvoA;
cds_wt_6827	-	Proteína 22 relacionada con la autofagia;
cds_wt_6828	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6829	iniA	Proteína no caracterizada en la región 3' de xynA; ORF6; Banderas: Fragmento;
cds_wt_6830	iniC	Proteína de unión a GTP engA;
cds_wt_6831	-	Proteína que contiene el dominio AAA no caracterizada C16E9.10c;
cds_wt_6832	phzR	Proteína de activador transcripcional phzR;
cds_wt_6833	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6834	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6835	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6836	-	Otogelina;
cds_wt_6837	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6838	ydbC	supuesta deshidrogenasa
cds_wt_6839	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado sll1512;
cds_wt_6840	dhIE	leucina deshidrogenasa
cds_wt_6841	-	Proteína reguladora sensible a leucina;
cds_wt_6842	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6843	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_6844	sdr2	deshidrogenasa
cds_wt_6845	-	proteína hipotética
cds_wt_6846	qor	quinona oxidorreductasa
cds_wt_6847	-	proteína hipotética
cds_wt_6848	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6849	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6850	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6851	-	proteína hipotética
cds_wt_6852	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_6853	p20	N-acetiltransferasa no caracterizada p20;
cds_wt_6854	-	carboximetilenbutenolidasa
cds_wt_6855	xerD	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_6856	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_6857	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6858	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6859	bacA	undecaprenil-difosfatasa
cds_wt_6860	xerD	Tirosina recombinasa xerD;
cds_wt_6861	uup	Proteína de unión a ATP de importación de ribosa rbsA;
cds_wt_6862	avtA	supuesta aminotransferasa
cds_wt_6863	-	Proteína no caracterizada yyaP;
cds_wt_6864	fliA	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD;
cds_wt_6865	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yfiK;
cds_wt_6866	yvfT	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_6867	yvfS	supuesta permeasa de transporte yvfS;
cds_wt_6868	yvfR	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_6869	-	Proteína de UPF0477 RBAM_011910;
cds_wt_6870	-	proteína hipotética
cds_wt_6871	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6872	gph	Fosfoglicolato fosfatasa; PGPa; PGP;
cds_wt_6873	-	similar a metionina adenosiltransferasa
cds_wt_6874	dapA	dihidrodipicolinato sintasa
cds_wt_6875	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_6876	-	proteína hipotética
cds_wt_6877	-	Glutamil aminopeptidasa; EAP; aminopeptidasa A; APA; Nombre alternativo: CD_antígeno=CD249;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6878	-	Proteína no caracterizada Mb0510;
cds_wt_6879	-	tiolasa
cds_wt_6880	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_6881	terC	Proteína de membrana interna alx;
cds_wt_6882	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6883	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_6884	-	3-oxoacil-
cds_wt_6885	tnpA	Transposasa Tn5045
cds_wt_6886	tnpA	Transposasa Tn5045
cds_wt_6887	czcD	Bombas de salida de cationes fieF;
cds_wt_6888	cadC	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio; proteína reguladora de resistencia a cadmio;
cds_wt_6889	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6890	lppY	proteína hipotética
cds_wt_6891	chrA	Probable proteína de transporte de cromato;
cds_wt_6892	pin	ADN-invertasa de transposón Tn552 binR;
cds_wt_6893	-	proteína hipotética
cds_wt_6894	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6895	-	oxidorreductasa, cadena corta
cds_wt_6896	-	familia de deshidrogenasa/reductasa
cds_wt_6897	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6897	adh	sorbitol deshidrogenasa
cds_wt_6898	pin	ADN-invertasa de profago lambdoide e14;
cds_wt_6899	-	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_6900	rsbU	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_6901	-	Transposasa para transposón Tn1546;
cds_wt_6902	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6903	pspE	Proteína no caracterizada yibN;
cds_wt_6904	tetR	Clase B de proteína represora de tetraciclina de transposón Tn10;
cds_wt_6905	dmpI	Probable tautomerasa K2;
cds_wt_6906	-	proteína hipotética
cds_wt_6907	fabG	deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta
cds_wt_6908	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6909	metR	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_6910	lepB	peptidasa señal I
cds_wt_6911	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6912	-	proteína hipotética
cds_wt_6913	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_6914	-	Proteína no caracterizada R00369;
cds_wt_6915	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6916	-	supuesta hidrolasa
cds_wt_6917	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6918	-	proteína hipotética
cds_wt_6919	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6920	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6921	degU	Proteína reguladora transcripcional degU;
cds_wt_6922	-	proteína hipotética
cds_wt_6923	yezE	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yezE;
cds_wt_6924	-	Proteína piccolo; aczonina; proteína de citomatrix presináptica multidominio;
cds_wt_6925	-	proteína hipotética
cds_wt_6926	nodN	Proteína de UPF0336 SAV_4901;
cds_wt_6927	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6928	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6929	sdr2	Retinol deshidrogenasa 12; all-trans y 9-cis retinol deshidrogenasa;
cds_wt_6930	ycdF	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ycdT;
cds_wt_6931	-	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_6932	-	Proteína no caracterizada ycf39; ORF319;
cds_wt_6933	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_6934	-	Proteína no caracterizada R00369;
cds_wt_6935	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6936	-	GAF
cds_wt_6937	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6938	tlpA	Proteína I de quimiotaxia aceptora de metilo; MCP-I; proteína de quimiorreceptor de serina;
cds_wt_6939	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6940	-	proteína hipotética
cds_wt_6941	-	proteína hipotética
cds_wt_6942	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6943	-	Factor sigma-E de ARN polimerasa;
cds_wt_6944	-	proteína hipotética
cds_wt_6945	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6946	ubiE	supuesta metiltransferasa
cds_wt_6947	insA	transposasa
cds_wt_6948	p20	N-acetiltransferasa no caracterizada p20;
cds_wt_6949	-	Lectina 3 específica de beta-galactósido; lectina III específica de beta-galactósido; lectina II específica de beta-galactósido; Contiene: isoforma 1 de cadena A de lectina 3 específica de beta-galactósido; ML-3A: isoforma 1 de cadena A de lectina III específica de beta-galactósido; ML-III A; isoforma 2 de cadena A de lectina; ARNr N-glucosidasa; Contiene: cadena B de lectina 3 específica de beta-galactósido; ML-3 B; cadena B de lectina III específica de beta-galactósido; ML-III B;
cds_wt_6950	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6951	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6952	cadC	Homólogo de proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio;
cds_wt_6953	-	Bomba de salida de cationes fieF;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6954	-	N-acetiltransferasa no caracterizada C550,08;
cds_wt_6955	PAM	Monooxigenasa alfa-amidante de peptidil-glicina; PAM; Incluye: monooxigenasa alfa-hidroxilante de peptidilglicina; PHM; Incluye: liasa alfa-amidante de peptidil-alfa-hidroxiglicina; peptidilamidoglicolato liasa; PAL;
cds_wt_6956	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6957	salY	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_6958	phnL	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_6959	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6960	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6961	baeR	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_6962	baeS	histidina cinasa sensora
cds_wt_6963	-	2-hidroxi-6-oxononadienodioato/2-hidroxi-6-oxononatrienodioato hidrolasa; EC=3.7.1.n1; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-cetonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4,7-trieno-1,9-dioico;
cds_wt_6964	dgoR	Proteína reguladora del metabolismo de ácidos grasos;
cds_wt_6965	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_6966	-	epimerasa/deshidratasa dependiente de NAD : deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta
cds_wt_6967	-	proteína hipotética
cds_wt_6968	dgoR	Proteína reguladora del metabolismo de ácidos grasos;
cds_wt_6969	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6970	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_6971	-	Proteína inducible de AMP cíclico BP74;
cds_wt_6972	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6973	-	proteína hipotética
cds_wt_6974	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6975	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6976	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_6977	pleD	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_6978	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo II; MCP-II; proteína quimiorreceptora de aspartato;
cds_wt_6979	-	epimerasa/deshidratasa dependiente de NAD : deshidrogenasa/reductasa SDR de cadena corta
cds_wt_6980	dgoR	Proteína reguladora del metabolismo de ácidos grasos;
cds_wt_6981	yjiN	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_6982	pdhR	Proteína reguladora del metabolismo de ácidos grasos;
cds_wt_6983	-	Proteína IsrB de unión a autoinductor 2; proteína AI-2 de unión IsrB;
cds_wt_6984	ydeZ	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 IsrD; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 IsrD;
cds_wt_6985	IsrC	Proteína permeasa del sistema de importación del autoinductor 2 IsrC; proteína permeasa del sistema de importación AI-2 IsrC;
cds_wt_6986	rbsA	supuesta proteína de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_6987	-	supuesta proteína de la familia 2-hidroxiácido deshidrogenasa específica de D-isómero

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_6988	hpcE	Gen B430104H02 de ADNc de RIKEN
cds_wt_6989	ykgF	Proteína de transporte de electrones no caracterizada ykgF;
cds_wt_6990	-	Proteína de UPF0707 yvbY;
cds_wt_6991	rnm	Nurim; proteína rim nuclear; proteína de membrana de la envoltura nuclear;
cds_wt_6992	hpcE	supuesta 2-hidroxihepta-2,4-dieno-1,7-dioato isomerasa
cds_wt_6993	ponA	supuesta proteína de unión a penicilina
cds_wt_6994	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6995	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_6996	devR	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_6997	devS	sistema de dos componentes, familia NarL, cinasa sensora
cds_wt_6998	-	Proteína no caracterizada Rv1355c/MT1398;
cds_wt_6999	-	Proteína no caracterizada Mb0644c;
cds_wt_7000	-	di-GMP cíclico regulador por hemo, fosfodiesterasa de AMP cíclico; proteína sensora de oxígeno Direct; Ec DOS;
cds_wt_7001	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7002	gadB	glutamato descarboxilasa
cds_wt_7003	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7004	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7005	-	proteína hipotética
cds_wt_7006	dpm	dolicol-fosfato manosiltransferasa
cds_wt_7007	-	proteína hipotética
cds_wt_7008	-	proteína hipotética
cds_wt_7009	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7010	-	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; digma-42;
cds_wt_7011	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7012	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7013	-	2',3'-cíclico-nucleótido 2'-fosfodiesterasa;
cds_wt_7014	-	Supuesto regulador transcripcional tipo HTH yhjB;
cds_wt_7015	-	Proteína reguladora transcripcional no caracterizada yhcZ;
cds_wt_7016	ectB	diaminobutirato-2-oxoglutarato transaminasa
cds_wt_7017	argF	ornitina carbamoiltransferasa
cds_wt_7018	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yfiS;
cds_wt_7019	-	proteína hipotética
cds_wt_7020	-	Acetil-coenzima A sintetasa; acetato-CoA ligasa; enzima activante de acilo;
cds_wt_7021	-	Gramicidina S sintetasa 2; gramicidina S sintetasa II; Incluye: prolina adenilasa dependiente de ATP; ProA; Prolina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; leucina activasa;
cds_wt_7022	-	proteína hipotética
cds_wt_7023	-	proteína hipotética
cds_wt_7024	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7025	-	Proteína 6 de unión a ARN; proteína 6 de motivo de unión a ARN; proteína DEF-3 de unión a ARN; antígeno NY-LU-12 de cáncer de pulmón; proteína G16;
cds_wt_7026	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7027	sypC	supuesta péptido sintetasa no ribosómica
cds_wt_7028	CBS	enzima dependiente de piridoxal-fosfato
cds_wt_7029	-	supuesta ornitina ciclodesaminasa
cds_wt_7030	-	proteasa extracelular
cds_wt_7031	PRB1	supuesta peptidasa tipo subtilasa
cds_wt_7032	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7033	amfR	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_7034	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3; proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_7035	-	Proteína mbtH;
cds_wt_7036	-	clase-3/4 de adenilil ciclaza / guanilil ciclaza:tetratricopéptido TPR_4
cds_wt_7037	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7038	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7039	cylM	Lacticina 481/proteína de biosíntesis de lactococcina lcnDR2;
cds_wt_7040	lgrB	Subunidad B de gramicidina sintetasa lineal; Incluye: alanina adenilasa dependiente de ATP; AlaA; alanina activasa; Incluye: D-leucina adenilasa dependiente de ATP; D-LeuA; D-leucina activasa; Incluye: leucina racemasa
cds_wt_7041	G7c	Proteína G7c;
cds_wt_7042	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7043	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7044	ACF2	Endo-1,3
cds_wt_7045	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7046	bcsA	celulosa sintasa (formadora de UDP)
cds_wt_7047	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7048	-	proteína hipotética
cds_wt_7049	-	Proteína no caracterizada Mb1315;
cds_wt_7050	celD	Endoglucanasa E-4; endo-1,4-beta-glucanasa E-4; celulasa E-4; celulasa E4;
cds_wt_7051	celA	celulasa
cds_wt_7052	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7053	-	Activador transcripcional del operón de ureasa;
cds_wt_7054	-	proteína hipotética
cds_wt_7055	rsbU	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína de regulación del factor sigma sigB rsbU;
cds_wt_7056	-	proteína hipotética
cds_wt_7057	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7058	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7059	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7060	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7061	-	proteína hipotética
cds_wt_7062	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7063	-	Proteína de UPF0076 PH0854;
cds_wt_7064	-	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_7065	phnL	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_7066	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7067	-	proteína hipotética
cds_wt_7068	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7069	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7070	catR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ywbl;
cds_wt_7071	gabT	4-aminobutirato aminotransferasa
cds_wt_7072	gabD	supuesta succinato-semialdehído deshidrogenasa
cds_wt_7073	pknA	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_7074	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7075	Nat9	N-acetiltransferasa 9;
cds_wt_7076	-	3-
cds_wt_7077	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_7078	aph	AAC/APH bifuncional; Incluye: 6'-aminoglucósido N-acetiltransferasa; AAC
cds_wt_7079	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7080	pteR	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_7081	luxR	Regulador de respuesta proteína vraR;
cds_wt_7082	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7083	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7084	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7085	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7086	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7087	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7088	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7089	-	Zeaxantina epoxidasa, cloroplástica;
cds_wt_7090	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_7091	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_7092	-	proteína hipotética
cds_wt_7093	-	proteína hipotética
cds_wt_7094	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7095	-	Desoxihipusina hidroxilasa; desoxihipusina monooxigenasa;
cds_wt_7096	-	proteína hipotética
cds_wt_7097	yheG	Lisofosfolipasa NTE1; homólogo de esterasa diana de neuropatía;
cds_wt_7098	chiA	fosfolipasa B intracelular;
cds_wt_7099	-	exoquitinasa extracelular Chi36
cds_wt_7100	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7101	phoR	histidina cinasa de caja sensorial PhoR
cds_wt_7102	cheY	Proteína reguladora transcripcional yycF;
cds_wt_7103	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7104	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb2017c;
cds_wt_7105	yesE	Proteína PA3332 similar a phzA/B no caracterizada;
cds_wt_7106	-	proteína hipotética
cds_wt_7107	gltC	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_7108	-	Proteína de UPF0076 PH0854;
cds_wt_7109	-	Proteína de membrana de UPF0118 Rv0205/MT0215;
cds_wt_7110	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7111	mshB	3-fosfoshikimato 1-carboxiviniltransferasa; 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa; EPSP sintasa; EPSPS;
cds_wt_7112	-	Regulador 2 de la transcripción dependiente de metales pesados;
cds_wt_7113	pcaC	gamma-carboximuconolactona descarboxilasa
cds_wt_7114	-	Proteína no caracterizada yesE;
cds_wt_7115	dedA	Proteína de membrana no caracterizada Mb2670;
cds_wt_7116	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_7117	-	Proteína no caracterizada R00369;
cds_wt_7118	-	Fosfoglicerato mutasa dependiente de 2,3-bisfosfoglicerato; fosfogliceromutasa; PGAM; PGAM dependiente de BPG; dPGM;
cds_wt_7119	yjeF	Proteína no caracterizada R107.2;
cds_wt_7120	ykoW	Proteína no caracterizada Mb1389c;
cds_wt_7121	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7122	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7123	pepE	supuesta peptidasa
cds_wt_7124	-	Proteína de resistencia multifármaco B;
cds_wt_7125	-	Proteína no caracterizada C16A10,01;
cds_wt_7126	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7127	-	Antiportador de glutamato/gamma-aminobutirato;
cds_wt_7128	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7129	-	Proteína que contiene repetición WD YBR281C;
cds_wt_7130	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7131	-	proteína desconocida
cds_wt_7132	-	supuesta proteína de membrana
cds_wt_7133	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7134	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7135	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7136	-	Probable homólogo de proteasa htpX;
cds_wt_7137	-	Probable similar a yegS de cinasa de lípido;
cds_wt_7138	-	proteína hipotética
cds_wt_7139	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7140	-	proteína hipotética

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7141	varS	transportador no caracterizado C3H 1.06c;
cds_wt_7142	-	proteína rica en prolina (supuesta proteína de membrana)
cds_wt_7143	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7144	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7145	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7146	cpdA	Probable exonucleasa de reparación de ADN
cds_wt_7147	arcC	carbamato cinasa
cds_wt_7148	arcB	ornitina carbamoiltransferasa
cds_wt_7149	arca	arginina deiminasa
cds_wt_7150	yjdE	Amino-ácido permeasa P7G5.06no caracterizada;
cds_wt_7151	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7152	malT	Regulador transcripcional tipo HTH malT; activador transcripcional dependiente de ATP malT;
cds_wt_7153	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7154	luxR	regulador transcripcional, familia LuxR
cds_wt_7155	-	Enzima ramificadora de 1,4-alfa-glucano; enzima ramificadora de glucógeno; BE; 1,4-alfa-D-glucano:1,4-alfa-D-glucano 6-glucosil-transferasa;
cds_wt_7156	-	Proteína no caracterizada YMR196W;
cds_wt_7157	-	proteína hipotética
cds_wt_7158	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7159	yhhT	Proteína de membrana de UPF0118 HI0338;
cds_wt_7160	-	proteína hipotética
cds_wt_7161	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7162	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7163	-	proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_7164	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7165	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7166	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7167	-	proteína hipotética
cds_wt_7168	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7169	-	Carboxilato-amina ligasa Mmcs_0573;
cds_wt_7170	-	Proteína FAM8A1; proteína autosómica altamente conservada;
cds_wt_7171	pacL	ATPasa transportadora de cationes
cds_wt_7172	-	proteína hipotética
cds_wt_7173	cypC	alfa hidroxilasa de ácidos grasos
cds_wt_7174	-	Antígeno nuclear inducido por Myc;
cds_wt_7175	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7176	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7177	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_7178	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7179	yndH	Proteína no caracterizada yndH;
cds_wt_7180	yndG	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7181	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7182	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7183	-	Flavina reductasa; FR; diaforasa dependiente de NADPH; NADPH-flavina reductasa; FLR; biliverdina reductasa B; BVR-B; biliverdina-IX beta-reductasa; proteína de unión a hemo verde; GHBP;
cds_wt_7184	suhB	inositol-1-monofosfatasa
cds_wt_7185	lysR	Proteína de nodulación D 1;
cds_wt_7186	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7187	-	transportador 2 de aminoácidos Y+L; y
cds_wt_7188	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ycgE;
cds_wt_7189	-	Proteína de resistencia multifármaco Y;
cds_wt_7190	gds	geranilgeranil pirofosfato sintasa
cds_wt_7191	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7192	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7193	-	Regulador transcripcional tipo HTH glxA;
cds_wt_7194	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7195	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7196	-	Proteína de membrana no caracterizada SE_0528;
cds_wt_7197	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7198	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7199	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7200	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7201	-	Proteína A de diferenciación Prestalk A;
cds_wt_7202	-	Supuesta metiltransferasa dependiente de S-adenosil-L-metionina MAV_4444;
cds_wt_7203	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7204	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_7205	-	3-
cds_wt_7206	-	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_7207	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7208	-	proteína hipotética
cds_wt_7209	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_7210	-	proteína hipotética
cds_wt_7211	Abp1	amina oxidasa de cobre, supuesta
cds_wt_7212	-	proteína hipotética
cds_wt_7213	-	Proteína de la familia MutT/NUDIX
cds_wt_7214	livK	Homólogo 1 de proteína de unión a Leu/Ile/Val;
cds_wt_7215	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_7216	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7217	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7218	-	Probable deshidrogenasa/reductasa tipo cadena corta
cds_wt_7219	ethA	supuesta monooxigenasa
cds_wt_7220	-	regulador de carbohidrato diácido; regulador de azúcar diácido;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7221	-	Proteína no caracterizada R00369;
cds_wt_7222	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_7223	glpK	glicerol cinasa
cds_wt_7224	glpK	Glicerol cinasa; ATP:glicerol 3-fosfotransferasa; glicerocinasa; GK;
cds_wt_7225	kdgR	Proteína represora de la degradación de pectina kdgR;
cds_wt_7226	glpK	glicerol cinasa
cds_wt_7227	glpK	glicerol cinasa
cds_wt_7228	glpD	glicerol-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_7229	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7230	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7231	ycdH	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ycdH;
cds_wt_7232	-	Proteína de núcleo de agrecano; proteína de núcleo de proteoglicano específica de cartílago; CSPCP;
cds_wt_7233	nccH	Factor sigma de ARN polimerasa nccH;
cds_wt_7234	-	proteína hipotética
cds_wt_7235	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7236	ucpA	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_7237	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7238	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7239	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7240	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7241	estA	Esterasa;
cds_wt_7242	-	3-demetilubiquinona-9 3-metiltransferasa; 3,4-dihidroxi-5-hexaprenilbenzoato metiltransferasa; DHHB metiltransferasa;
cds_wt_7243	prsR	proteína hipotética
cds_wt_7244	prpD	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína de regulación del factor sigma sigB rsbU;
cds_wt_7245	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7246	yofA	Probable regulador transcripcional de RuBisCO;
cds_wt_7247	mmr	Homólogo B de proteína de resistencia multifármaco;
cds_wt_7248	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7249	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7250	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_7251	-	proteína hipotética
cds_wt_7252	-	proteína hipotética
cds_wt_7253	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7254	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7255	-	proteína hipotética
cds_wt_7256	doxX	Proteína no caracterizada HI0886;
cds_wt_7257	-	proteína hipotética de fusión
cds_wt_7258	ydhT	manano endo-1,4-beta-mannosidasa
cds_wt_7259	lpqC	polihidroxibutirato depolimerasa
cds_wt_7260	-	supuesta factor sigma de la subfamilia ECF de ARN polimerasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7261	msbA	Proteína de unión a ATP de exportación de lípido A/permeasa msbA;
cds_wt_7262	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7263	MAN1	manano endo-1,4-beta-manosidasa 1; beta-mananasa 1; endo-beta-1,4-mananasa 1; LeMAN1;
cds_wt_7264	manB	beta-manosidasa
cds_wt_7265	malG	Proteína permeasa del sistema de transporte de maltosa malG;
cds_wt_7266	yurN	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpA;
cds_wt_7267	msmE	Supuesta proteína de unión BruAb2_0484;
cds_wt_7268	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7269	glcK	glucosa cinasa
cds_wt_7270	cytR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_7271	yihS	Isomerasa de azúcar no caracterizada yihS;
cds_wt_7272	cscK	fructocinasa
cds_wt_7273	lpqC	polihidroxitbutirato despolimerasa
cds_wt_7274	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_7275	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7276	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7277	-	Peptidasa I W señal; SPasa I; peptidasa I conductora;
cds_wt_7278	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7279	-	Antígeno común de leucocitos; L-CA; antígeno 5 de linfocitos; Ly-5; T200; Nombre alternativo: CD_antígeno=CD45;
cds_wt_7280	-	Regulador de respuesta pleD; proteína de control de la diferenciación de células pediculadas; Incluye: Diguamilato ciclasa; DGC; Diguamilato cinasa;
cds_wt_7281	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7282	-	Probable proteína ubiquitina ligasa E3 HERC4; proteína 4 que contiene dominio HECT y dominio similar a RCC1;
cds_wt_7283	ydhT	supuesta hidrolasa secretada
cds_wt_7284	-	Proteína no caracterizada yegE;
cds_wt_7285	xylR	Represor de xilosa;
cds_wt_7286	-	Proteína sensora de nitrato/nitrito narQ;
cds_wt_7287	-	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_7288	-	Cisteína desulfurasa; selenocisteína liasa; selenocisteína reductasa; selenocisteína beta-liasa; SCL;
cds_wt_7289	-	Carboxilesterasa bioH; proteína de la síntesis de biotina bioH;
cds_wt_7290	ydcF	Proteína ydcF;
cds_wt_7291	-	N-acetiltransferasa no caracterizada yoaA;
cds_wt_7292	thrC	treonina sintasa
cds_wt_7293	hylP	Hialuronoglucosaminidasa; hialuronidasa;
cds_wt_7294	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7295	xysA	endo-1,4-beta-xilanasasa
cds_wt_7296	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7297	-	supuesta proteína de membrana

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7298	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7299	-	proteína hipotética
cds_wt_7300	-	Regulador del transportador de entrada de multifármaco 2;
cds_wt_7301	tfxG	Proteína de inmunidad de trifolitoxina;
cds_wt_7302	-	proteína hipotética
cds_wt_7303	-	Proteína de 17,2 kDa no caracterizada en la región intergénica melC2-rnhH; ORF3;
cds_wt_7304	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Rv1255c/MT1294;
cds_wt_7305	todF	Carboxilesterasa bioH; proteína de la síntesis de biotina síntesis bioH;
cds_wt_7306	-	N-acetiltransferasa no caracterizada ycf52;
cds_wt_7307	tetR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yuxN;
cds_wt_7308	-	proteína hipotética
cds_wt_7309	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7310	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_7311	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7312	-	proteína hipotética
cds_wt_7313	-	Regulador de la transcripción negativa padR;
cds_wt_7314	phnL	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7315	-	proteína hipotética
cds_wt_7316	lytE	Probable N-acetilmuramoil-L-alanina amidasa; hidrolasa de pared celular; autolisina; ORFL3;
cds_wt_7317	-	Proteína reguladora transcripcional uhpA;
cds_wt_7318	-	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_7319	-	proteína hipotética
cds_wt_7320	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7321	-	Supuesta esterasa ytxM;
cds_wt_7322	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7323	-	Carboxilesterasa bioH; proteína de síntesis de biotina bioH;
cds_wt_7324	nerA	GTN reductasa
cds_wt_7325	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7326	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7327	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7328	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7329	dppD	supuesta subunidad de unión a ATP de transportador ABC
cds_wt_7330	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7331	-	motivo de hélice-giro-hélice
cds_wt_7332	-	Proteína 11 que contiene dominio abhidrolasa;
cds_wt_7333	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7334	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7335	-	proteína hipotética
cds_wt_7336	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7337	-	Proteína de UPF0410 ymge; proteína de gen asociado a transglucosilasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7338	phr	Enzima de modificación ARNt uridina 5-carboximetilaminometilo mnmG; proteína A de división inhibida por glucosa;
cds_wt_7339	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7340	pleD	Probable diguanilato ciclasa yeaP; DGC;
cds_wt_7341	ydeS	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeS;
cds_wt_7342	-	Proteína no caracterizada MJ0531;
cds_wt_7343	-	cianoficina y similar a exopeptidasa relacionada;
cds_wt_7344	cphB	Cianoficina;
cds_wt_7345	-	Regulador transcripcional tipo HTH hexR; represor de Hex regulon;
cds_wt_7346	-	Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_7347	-	supuesta permeasa de transportador ABC
cds_wt_7348	-	carboxipeptidasa G2
cds_wt_7349	-	Proteína no caracterizada y4IL;
cds_wt_7350	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_7351	-	Supuesta flavoproteína A 1 de diflavina;
cds_wt_7352	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7353	-	proteína hipotética
cds_wt_7354	-	Arabinano endo-1,5-alfa-L-arabinosidasa; endo-1,5-alfa-L-arabinanasa; ABN; endo-arabinanasa;
cds_wt_7355	-	supuesta lipoproteína
cds_wt_7356	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7357	nhaA	Na
cds_wt_7358	-	Proteína epi-1 similar a laminina;
cds_wt_7359	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7360	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7361	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7362	-	proteína hipotética
cds_wt_7363	-	Histidina cinasa sensora yycG;
cds_wt_7364	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7365	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7366	albD	supuesta proteína de membrana
cds_wt_7367	-	Proteína At5g67130 que contiene dominio PI-PLC X;
cds_wt_7368	glpD	glicerol-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_7369	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Rv2250c/MT2310;
cds_wt_7370	adaS	alquil-dihidroxiacetonafofato sintasa, supuesta
cds_wt_7371	bmrU	Probable similar a yegS de cinasa de lípido;
cds_wt_7372	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7373	bchE	proteína hipotética
cds_wt_7374	-	proteína hipotética
cds_wt_7375	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7376	-	proteína de biosíntesis de lantibióticos
cds_wt_7377	-	proteína hipotética, supuesta proteína de biosíntesis de lantionina

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7378	-	Proteína de UPF0142 ycaO;
cds_wt_7379	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7380	-	proteína hipotética
cds_wt_7381	-	proteína hipotética
cds_wt_7382	-	proteína hipotética
cds_wt_7383	-	Proteína de UPF0142 MJ1094;
cds_wt_7384	bscv	Proteína asociados de membrana plasmática de adipocitos; BSCv proteína;
cds_wt_7385	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7386	-	Proteína de unión a matriz extracelular ebh; homólogo de proteína de unión a ECM;
cds_wt_7387	ydfJ	Proteína de membrana ydfJ;
cds_wt_7388	phoR	histidina cinasa sensora
cds_wt_7389	phoP	Regulador de respuesta arlR;
cds_wt_7390	adp	D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa
cds_wt_7391	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7392	sigG	Factor sigma-H de ARN polimerasa; sigma-30;
cds_wt_7393	chiC	supuesta hidrolasa de azúcar
cds_wt_7394	yheB	quitinasa
cds_wt_7395	-	Regulador transcripcional tipo HTH glnR;
cds_wt_7396	-	proteína hipotética
cds_wt_7397	cspD	Proteína de choque frío cspA; CSP-A; proteína de choque frío de 7,4 kDa; CS7.4;
cds_wt_7398	-	Proteína de transporte de hierro ferroso A;
cds_wt_7399	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7400	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7401	-	Proteína de resistencia a enfermedad RPP8; resistencia a proteína de Peronospora parasítica 8;
cds_wt_7402	-	proteína hipotética
cds_wt_7403	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7404	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7405	xylS	alfa-xilosidasa
cds_wt_7406	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7407	spaF	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7408	Rbp3	Proteína 3 de unión a retinol; proteína de unión a retinoide interfotorreceptor; IRBP; proteína de unión a retinol intersticial;
cds_wt_7409	-	proteína hipotética
cds_wt_7410	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7411	-	proteína hipotética
cds_wt_7412	-	proteína hipotética
cds_wt_7413	ctpD	supuesta ATPasa D de tipo P transportadora de cationes
cds_wt_7414	cadC	Proteína accesoria del sistema de entrada de cadmio;
cds_wt_7415	ctpA	supuesto transportador de cationes
cds_wt_7416	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7417	-	ATPasa transportadora de cationes pacS;
cds_wt_7418	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7419	gpsA	glicerol-3-fosfato deshidrogenasa (NAD(P)+)
cds_wt_7420	rbsB	Proteína A1 de membrana básica; antígeno inmunodominante P39;
cds_wt_7421	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpB; H3;
cds_wt_7422	sigF	Factor sigma de ARN polimerasa rpoD; sigma-70;
cds_wt_7423	-	supuesta cinasa sensora del sistema de dos componentes
cds_wt_7424	-	Histidina cinasa de transducción de señales híbrida J;
cds_wt_7425	-	proteína hipotética
cds_wt_7426	-	proteína hipotética
cds_wt_7427	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7428	ADH5	quinona reductasa
cds_wt_7429	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado yeaM;
cds_wt_7430	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7431	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7432	phy	histidina cinasa de transducción sensorial
cds_wt_7433	-	Proteína no caracterizada MJ0240;
cds_wt_7434	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7435	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7436	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7437	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7438	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7439	cadD	transportador de resistencia a cadmio
cds_wt_7440	-	proteína hipotética
cds_wt_7441	ykrU	Homólogo 2 de nitrilasa;
cds_wt_7442	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ydeP;
cds_wt_7443	ytfG	Oxidorreductasa no caracterizada ytfG; similar a precursor de galactocerebrosidasa (GALCERasa) (galactosilceramidasa) (galactosilceramida beta-galactosidasa) (galactocerebrósido beta-galactosidasa)
cds_wt_7444	GALC	
cds_wt_7445	acbH	Proteína de unión extracelular de transportador ABC no caracterizada yurO;
cds_wt_7446	acbF	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurN;
cds_wt_7447	acbG	Probable proteína permeasa de transportador ABC yurM;
cds_wt_7448	acbD	alfa-amilasa
cds_wt_7449	acbE	proteína de la familia alfa-amilasa
cds_wt_7450	acbA	glucosa-1-fosfato timidililtransferasa
cds_wt_7451	acbB	dTDP-glucosa 4,6-deshidratasa
cds_wt_7452a	acbC	Fe-A DH, alcohol deshidrogenasa que contiene hierro
cds_wt_7452b	acbO	Barril TIM similar a xilosa isomerasa
cds_wt_7453	acbN	3-oxoacil-
cds_wt_7454	acbL	L-treonina 3-deshidrogenasa;
cds_wt_7455	acbM	N-acetil-D-glucosamina cinasa; GlcNAc cinasa;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7456	acbK	cinasa de azúcar de la familia ribocinasa
cds_wt_7457	acbQ	supuesta 4-alfa-glucanotransferasa
cds_wt_7458	acbJ	HMP-PP fosfatasa;
cds_wt_7459	acbl	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7460	acbP	ADP-ribosa pirofosfatasa
cds_wt_7461	acbR	glucosa-1-fosfato adenililtransferasa
cds_wt_7462	acbS	Glucógeno sintasa 1; almidón
cds_wt_7463	acbU	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7464	acbV	4-aminobutirato aminotransferasa
cds_wt_7465	acbW	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7466	acbX	proteína hipotética conservada
cds_wt_7467	acbY	proteína hipotética conservada
cds_wt_7468	acbZ	Alfa-amilasa; 1,4-alfa-D-glucano glucanohidrolasa;
cds_wt_7469	-	Proteína cph2 similar a fitocromo; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_7470	-	Alfa-N-arabinofuranosidasa 2; alfa-N-arabinofuranosidasa II; arabinosidasa II; alfa-N-AFasa II;
cds_wt_7471	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_7472	-	Proteína no caracterizada C4H3,03c;
cds_wt_7473	marR	Regulador transcripcional tipo HTH hpr; proteína reguladora de la producción de proteasa hpr;
cds_wt_7474	prsR	Factor F anti-sigma; proteína AB de esporulación de estadio II;
cds_wt_7475	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7476	xylR	Represor de xilosa;
cds_wt_7477	rbsR	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_7478	ydhT	manano endo-1,4-beta-mannosidasa
cds_wt_7479	lpqC	polihidroxiobutirato depolimerasa
cds_wt_7480	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7481	-	Proteína no caracterizada Rv0048c/MT0054;
cds_wt_7482	pksA	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_7483	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo tlpB;
cds_wt_7484	-	Proteína adrA;
cds_wt_7485	-	proteína hipotética
cds_wt_7486	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7487	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7488	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7489	yokD	aminoglucósido N3-acetiltransferasa
cds_wt_7490	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7491	rhsA	proteína rhsC;
cds_wt_7492	-	proteína hipotética 2SCD4,09c
cds_wt_7493	-	proteína hipotética
cds_wt_7494	-	proteína hipotética
cds_wt_7495	-	Proteína essC;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7496	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7497	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7498	-	Proteína tipo HTH slmA;
cds_wt_7499	-	Proteína no caracterizada yndB;
cds_wt_7500	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7501	-	proteína hipotética
cds_wt_7502	-	proteína hipotética
cds_wt_7503	-	hidrolasa, familia de pliegues alfa/beta
cds_wt_7504	lacI	Represor transcripcional tipo HTH purR; represor de la síntesis de nucleótidos de purina; represor de Pur regulon;
cds_wt_7505	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7506	-	Proteína 2 transmembranaria y que contiene repeticiones TPR;
cds_wt_7507	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7508	-	proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_7509	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7510	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7511	-	proteína hipotética
cds_wt_7512	ppiB	peptidil-prolil cis-trans isomerasa
cds_wt_7513	-	proteína que contiene repetición WD no caracterizada alr3466;
cds_wt_7514	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_7515	-	Proteína 11 que contiene dominio de abhidrolasa; homólogo de proteína de la región cromosómica 21 del síndrome de de Williams-Beuren;
cds_wt_7516	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_7517	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7518	ANK3	supuesta proteína similar a anquirina
cds_wt_7519	tetR	Clase C de proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_7520	-	Aminoglucósido N
cds_wt_7521	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_7522	-	proteína de 43,6 kDa no caracterizada de elemento de inserción IS110;
cds_wt_7523	-	proteína hipotética
cds_wt_7524	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_7525	lipG	hidrolasa, familia de pliegue alfa/beta
cds_wt_7526	adh2	alcohol deshidrogenasa
cds_wt_7527	-	Proteína de la familia isocorismatasa no caracterizada ywoC;
cds_wt_7528	-	Homólogo de proteína supresora DnaK;
cds_wt_7529	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_7530	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7531	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7532	-	Proteína reguladora afsR;
cds_wt_7533	-	proteína hipotética
cds_wt_7534	metG	metionil-ARNt sintetasa
cds_wt_7535	-	sarcosina oxidasa

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7536	-	Transportador tipo MFS no caracterizado yttB;
cds_wt_7537	-	proteína hipotética
cds_wt_7538	-	Acil-CoA deshidrogenasa específica de cadena corta, mitocondrial; SCAD; Butiril-CoA deshidrogenasa;
cds_wt_7539	-	Acil-CoA deshidrogenasa específica de cadena corta, mitocondrial; SCAD; Butiril-CoA deshidrogenasa;
cds_wt_7540	-	Éster mono metílico de magnesio-protoporfirina IX anaerobia
cds_wt_7541	-	proteína hipotética
cds_wt_7542	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7543	BBE1	supuesta lipoproteína
cds_wt_7544	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7545	-	proteína hipotética
cds_wt_7546	-	Tiorredoxina reductasa; TRXR;
cds_wt_7547	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_7548	-	Proteína no caracterizada ydaM;
cds_wt_7549	-	Oxígeno histidina cinasa sensora nreB; proteína de regulación de nitrógeno B;
cds_wt_7550	-	Proteína loid de unión a ATP del sistema de liberación de lipoproteína;
cds_wt_7551	-	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7552	-	Proteína de unión a ATP de exportación de macrólidos/permeasa macB;
cds_wt_7553	draG	supuesta hidrolasa
cds_wt_7554	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7555	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7556	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_7557	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7558	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7559	orfA	Probable transposasa para elemento de secuencia de inserción IS1533
cds_wt_7560	-	Regulador de respuesta gacA; activador global;
cds_wt_7561	-	Fitocromo D;
cds_wt_7562	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_7563	-	Proteína de señalización ykoW;
cds_wt_7564	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_7565	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7566	-	Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 6; polipéptido GalNAc transferasa 6; pp-GaNTasa 6; GalNAc-T6; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 6; UDP-GalNAc: polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 6;
cds_wt_7567	hstK	proteína serina/treonina cinasa e histidina cinasa de transducción de señales (STHK) con sensor GAF
cds_wt_7568	tcmR	Regulador transcripcional tipo HTH tcmR; represor transcripcional de tetracenomicina C;
cds_wt_7569	-	Regulador de respuesta arlR;
cds_wt_7570	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_7571	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7572	-	Proteína A de diferenciación de Prestalk A;
cds_wt_7573	ydeS	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado Mb1581;
cds_wt_7574	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7575	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7576	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7577	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7578	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7579	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7580	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7581	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7582	tnp	Supuesta transposasa insK para elemento de secuencia de inserción IS150;
cds_wt_7583	-	proteína hipotética
cds_wt_7584	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7585	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7586	-	Proteína unc-89 de ensamblaje de la línea M de músculo; proteína 89 sin coordinar;
cds_wt_7587	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7588	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7589	-	proteína hipotética
cds_wt_7590	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7591	cad	lisina descarboxilasa
cds_wt_7592	-	sensor y regulador híbridos de dos componentes
cds_wt_7593	PHY1	histidina cinasa sensora de dos componentes
cds_wt_7594	ybiA	Proteína de motilidad en enjambre ybiA;
cds_wt_7595	-	proteína hipotética
cds_wt_7596	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7597	tlpB	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpB; H3;
cds_wt_7598	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7599	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7600	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7601	kdpD	proteína hipotética
cds_wt_7602	metG	histidina cinasa de transducción sensorial
cds_wt_7603	-	metionil-ARNt sintetasa
cds_wt_7604	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7605	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7606	-	Nefrocistina-3;
cds_wt_7607	-	di-GMP cíclico regulador por hemo, AMP fosfodiesterasa cíclica; proteína sensora de oxígeno Direct; Ec DOS;
cds_wt_7608	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7609	prsR	Factor F anti-sigma; proteína AB de esporulación de estadio II;
cds_wt_7610	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7611	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7612	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7613	smf	proteína smf;
cds_wt_7614	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7615	-	proteína hipotética
cds_wt_7616	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_7617	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7618	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7619	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7620	dnaK	Proteína chaperona dnaK; proteína de choque térmico 70; proteína de 70 kDa de choque térmico; HSP70;
cds_wt_7621	-	Otogelina;
cds_wt_7622	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7623	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7624	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7625	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7626	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7627	sulA	inhibidor de la división celular
cds_wt_7628	-	transposasa
cds_wt_7629	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7630	-	proteína hipotética
cds_wt_7631	traE	Proteína no caracterizada pX02-09/BXB0008/GBAA_pX02_0008;
cds_wt_7632	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7633	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7634	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7635	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7636	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7637	-	supuesta proteína de unión a ADN
cds_wt_7638	-	proteína hipotética
cds_wt_7639	-	Fosfoglicolato fosfatasa; PGPa; PGP;
cds_wt_7640	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7641	-	proteína hipotética
cds_wt_7642	marR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ykoM;
cds_wt_7643	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7644	-	Proteína 28 de repetición de tetratricopéptido; proteína 28 de repetición de TPR;
cds_wt_7645	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7646	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7647	-	Proteína no caracterizada Mb2601c;
cds_wt_7648	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7649	-	Proteína de membrana interna yrbG;
cds_wt_7650	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ywhA;
cds_wt_7651	rre7	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7652	kaiC	Proteína cinasa de reloj circadiano kaiC;
cds_wt_7653	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_7654	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7655	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_7656	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7657	NIA2	probable sulfito oxidasa
cds_wt_7658	-	Proteína ig-h3 inducida por factor de crecimiento beta-transformante; Beta ig-h3; Querato-epitelina; proteína asociada a colágeno que contiene RGD; RGD-CAP;
cds_wt_7659	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7660	stuC	histidina cinasa sensora
cds_wt_7661	-	Fitocromo cianobacteriano B;
cds_wt_7662	-	Beta-Ala-His dipeptidasa; dipeptidasa 1 de carnosina; dipeptidasa 1 de CNDP;
cds_wt_7663	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7664	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7665	-	Proteína de núcleo de neurocano; proteoglicano 3 de sulfato de condroitina;
cds_wt_7666	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_7667	-	Proteína no caracterizada DR_1314;
cds_wt_7668	-	Proteína no caracterizada DR_1314;
cds_wt_7669	tetR	Clase H de la proteína represora de tetraciclina;
cds_wt_7670	-	ribonucleasa BN, supuesta
cds_wt_7671	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7672	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7673	-	proteína hipotética
cds_wt_7674	-	Subunidad gamma-3 de laminina; subunidad gamma 3 de laminina 12;
cds_wt_7675	-	Antagonista del factor F anti-sigma; proteína AA de esporulación de estadio II;
cds_wt_7676	-	proteína hipotética
cds_wt_7677	ucpA	3-oxoacil-
cds_wt_7678	phoR	histidina cinasa PhoR de caja sensorial
cds_wt_7679	nodC	N-acetilglucosaminiltransferasa; proteína de nodulación C;
cds_wt_7680	nmoT	Transposasa;
cds_wt_7681	istB	Proteína iniciadora de la replicación cromosómica dnaA;
cds_wt_7682	-	Probable manano sintasa 9; proteína A9 similar a celulosa sintasa; OsCslA9;
cds_wt_7683	-	glucosil transferasa, proteína de la familia de grupo 2
cds_wt_7684	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7685	pleD	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_7686	-	Proteína de membrana interna yfiN;
cds_wt_7687	bhp	Proteína de unión a la matriz extracelular ebh; homólogo de proteína de unión a ECM;
cds_wt_7688	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
		Lectina 3 específica de beta-galactósido; lectina III específica de beta-galactósido; lectina II específica de beta-galactósido; Contiene: isoforma 1 de cadena A de lectina 3 específica de beta-galactósido; ML-3A: isoforma 1 de cadena A de lectina III específica de beta-galactósido; ML-III A; isoforma 2 de cadena A de lectina; ARNr N-glucosidasa; Contiene: cadena B de lectina 3 específica de beta-galactósido; ML-3 B; cadena B de lectina III específica de beta-galactósido; ML-III B;
cds_wt_7689	-	
cds_wt_7690	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7691	-	Proteína no caracterizada L153;
cds_wt_7692	-	Proteína no caracterizada L153;
cds_wt_7693	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7694	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7695	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7696	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7697	-	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_7698	ETR1	Receptor de etileno; MEETR1; Cm-ETR1;
cds_wt_7699	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_7700	phoR	proteína sensora de fosfato regulon
cds_wt_7701	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7702	mtrA	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_7703	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7704	dnaK	Proteína chaperona dnaK; proteína de choque térmico 70;
cds_wt_7705	-	proteína de 70 kDa de choque térmico; HSP70;
cds_wt_7706	cckA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7707	-	Proteína histidina-cinasa/fosfatasa de transducción de señales mprB; regulador de la persistencia micobacteriana B;
cds_wt_7708	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7709	-	proteína hipotética
cds_wt_7710	otsA	proteína hipotética
cds_wt_7711	-	alfa,alfa-trehalosa-fosfato sintasa
cds_wt_7712	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7713	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_7714	ybfG	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7715	-	Proteína no caracterizada fadG;
cds_wt_7716	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7717	-	proteína serina/treonina cinasa e histidina cinasa de transducción de señales (STHK) con sensor GAF
cds_wt_7718	-	Proteína no caracterizada yhcK;
cds_wt_7719	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_7720	-	proteína hipotética
cds_wt_7721	-	proteína hipotética
cds_wt_7722	-	Proteína no caracterizada Rv2667/MT2741;
cds_wt_7723	-	Proteína chaperona dpB;
cds_wt_7724	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

ES 2 625 773 T3

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7725	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7726	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7727	morA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7728	-	Proteína de señalización no caracterizada PA1727;
cds_wt_7729	-	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa; Transglucosilasa F de mureína lítica unida a membrana; EC=4.2.2.n1; liasa de mureína F;
cds_wt_7730	virA	histidina cinasa/regulador de respuesta de caja sensorial
cds_wt_7731	-	Supuesta Xaa-Pro dipeptidil-peptidasa; X-Pro dipeptidil-peptidasa; X-prolil-dipeptidil aminopeptidasa; X-PDAP;
cds_wt_7732	pat	fosfinotricina N-acetiltransferasa
cds_wt_7733	-	Proteína 1A asociada a microtúbulos; MAP-1A; proteína p80 relacionada con la proliferación; Contiene: cadena ligera LC2de MAP1;
cds_wt_7734	-	Oxidoreductasa no caracterizada yesF;
cds_wt_7735	-	proteína hipotética
cds_wt_7736	-	Proteína no caracterizada slr1717;
cds_wt_7737	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7738	-	proteína hipotética
cds_wt_7739	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7740	-	proteína hipotética
cds_wt_7741	-	proteína hipotética
cds_wt_7742	phoA	fosfatasa ácida
cds_wt_7743	-	Proteína de membrana interna de UPF0014 ybbM;
cds_wt_7744	-	proteína de membrana, supuesta
cds_wt_7745	-	Proteína icfG;
cds_wt_7746	phoB	Probable regulador transcripcional ycf27; proteína similar a OmpR;
cds_wt_7747	-	Proteína activada por luz azul; Incluye: histidina cinasa activada por luz azul; Incluye: Regulador de respuesta;
cds_wt_7748	-	proteína hipotética
cds_wt_7749	-	histidina cinasa híbrida multi-sensor
cds_wt_7750	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7751	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_7752	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7753	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7754	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7755	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7756	-	Enzima gusurobina similar a trombina;
cds_wt_7757	xynD	arabinosidasa
cds_wt_7758	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7759	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7760	-	Aminopeptidasa 2, mitocondrial; aminopeptidasa II; AP-II; YscII;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
		Bacitracina sintetasa 3; BA3; Incluye: isoleucina adenilasa dependiente de ATP; IleA; isoleucina activasa; Incluye: D-fenilalanina adenilasa dependiente de ATP; D-PheA; D-fenilalanina activasa; Incluye: histidina adenilasa dependiente de ATP; HisA; histidina activasa; Incluye: D-aspartato adenilasa dependiente de ATP; D-AspA; D-aspartato activasa; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; asparagina activasa; Incluye: aspartato racemasa; Incluye: Fenilalanina racemasa
cds_wt_7761	bacC	
cds_wt_7762	-	Proteína de 16,2 kDa no caracterizada de elemento de inserción IS402;
cds_wt_7763	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7764	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7765	PHY1	Fitocromo 1;
cds_wt_7766	-	Supuesta metiltransferasa dependiente de S-adenosil-L-metionina MAV_4444;
cds_wt_7767	-	proteína hipotética
cds_wt_7768	copG	proteína hipotética
cds_wt_7769	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7770	-	2-hidroxi-6-oxononadienodioato/2-hidroxi-6-oxononatrienodioato hidrolasa; EC=3.7.1.n1; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-cetonona-2,4-dieno-1,9-dioico; 5,6-hidrolasa de ácido 2-hidroxi-6-oxonona-2,4,7-trieno-1,9-dioico;
cds_wt_7771	-	proteína hipotética
cds_wt_7772	pobR	Activador transcripcional tipo HTH rhaS; proteína reguladora de operón de L-ramnosa rhaS;
cds_wt_7773	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7774	-	Proteína no caracterizada Rv1364c/MT1410;
cds_wt_7775	hspX	Proteína de choque térmico de clase I de 17,5 kDa; HSP 17.5-E;
cds_wt_7776	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7777	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7778	p20	N-acetiltransferasa no caracterizada p20;
cds_wt_7779	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7780	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7781	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7782	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7783	tcaB	Proteína de resistencia multifármaco mdtL;
cds_wt_7784	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7785	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7786	-	Histidina cinasa similar a sensor no caracterizada Caur_0899;
cds_wt_7787	pin	ADN-invertasa de transposón Tn552 binR;
cds_wt_7788	prpD	Fosfoserina fosfatasa rsbU; proteína de regulación del factor sigma sigB rsbU;
cds_wt_7789	-	Proteína no caracterizada AF_2041;
cds_wt_7790	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7791	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7792	mtrR	Regulador transcripcional tipo HTH mtrR;
cds_wt_7793	pepD	supuesta aminopeptidasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7794	tcrA	Regulador de respuesta mprA; regulador A de la persistencia micobacteriana;
cds_wt_7795	-	histidina cinasa sensora
cds_wt_7796	cheB	proteína-glutamato metilesterasa
cds_wt_7797	benR	Activador 1 transcripcional del operón XylDLEGF;
cds_wt_7798	-	Proteína 1 similar a tolloide; mTII;
cds_wt_7799	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7800	-	proteína hipotética
cds_wt_7801	-	Proteína 28 de repetición de tetratricopéptido; proteína 28 de repetición de;
cds_wt_7802	-	proteína hipotética
cds_wt_7803	-	Supuesta peptidoglicano O-acetiltransferasa yrhL;
cds_wt_7804	-	proteína hipotética
cds_wt_7805	Ogt	Subunidad de 110 kDa de UDP-N-acetilglucosamina--péptido N-acetilglucosaminiltransferasa; subunidad de 110 kDa de N-acetilglucosamina transferasa unida a O; subunidad p110 de O-GlcNAc transferasa;
cds_wt_7806	estA	supuesta hidrolasa secretada
cds_wt_7807	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7808	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7809	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7810	-	proteína hipotética
cds_wt_7811	lysX	lisil-ARNt sintetasa
cds_wt_7812	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7813	-	Endo-1,4-beta-xilanas Z; xilanas Z; 1,4-beta-D-xilano xilanhidrolasa Z;
cds_wt_7814	-	Proteína cinasa desrepresora de catabolitos de carbono;
cds_wt_7815	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica;
cds_wt_7816	-	ARN pirofosfohidrolasa;
cds_wt_7817	-	Proteína de señalización no caracterizada PA3311;
cds_wt_7818	-	supuesta proteína serina/treonina cinasa (supuesta proteína secretada)
cds_wt_7819	pepX	hidrolasa, familia de CocE/NonD
cds_wt_7820	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7821	APE3	probable aminopeptidasa
cds_wt_7822	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7823	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7824	-	proteína hipotética
cds_wt_7825	-	Proteína no caracterizada Rv2915c/MT2982,1;
cds_wt_7826	-	Proteína no caracterizada en la región 5' de ftr; ORFU; Banderas: Fragmento;
cds_wt_7827	-	Proteína de membrana no caracterizada Rv0364/MT0380;
cds_wt_7828	pdxY	piridoxal cinasa
cds_wt_7829	-	Fosfoglicolato fosfatasa; PGPa; PGP;
cds_wt_7830	-	Proteína cph2 similar a fitocromo; bacteriofitocromo cph2;
cds_wt_7831	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7832	bacA	undecaprenil-difosfatasa
cds_wt_7833	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7834	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7835	spaF	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7836	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7837	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7838	-	proteína hipotética
cds_wt_7839	-	proteína hipotética
cds_wt_7840	-	proteína hipotética
cds_wt_7841	-	proteína hipotética
cds_wt_7842	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7843	-	Aldo-ceto reductasa yakc
cds_wt_7844	-	histidina cinasa sensora
cds_wt_7845	phoB	Proteína reguladora transcripcional de fosfato regulon phoB;
cds_wt_7846	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7847	lysX	lisil-ARNt sintetasa
cds_wt_7848	-	Zeaxantina epoxidasa, cloroplástica;
cds_wt_7849	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7850	cax	Supuesto intercambiador vacuolar de cationes/protones 4; Ca
cds_wt_7851	-	Proteína no caracterizada Mb0911c;
cds_wt_7852	-	Supuesto regulador de la transcripción similar a araC;
cds_wt_7853	-	Proteína reguladora de la síntesis de celulosa;
cds_wt_7854	-	supuesta proteína secretada
cds_wt_7855	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7856	-	Proteína no caracterizada R00370;
cds_wt_7857	-	Proteína no caracterizada R00369;
cds_wt_7858	-	NADH-azoreductasa dependiente de FMN; oxidoreductasa de compuesto
cds_wt_7859	-	NADH-azoico dependiente de FMN; reductasa de colorante azoico;
cds_wt_7860	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7861	-	proteína hipotética
cds_wt_7862	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7863	-	supuesta glucosil transferasa
cds_wt_7864	celA	supuesta endo-1,4-beta-glucanasa
cds_wt_7865	-	Galactosa oxidasa; GAO; GOasa; GO;
cds_wt_7866	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7867	-	Factor F anti-sigma; proteína AB de esporulación de estadio II;
cds_wt_7868	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7869	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7870	lamA	supuesta hidrolasa secretada
cds_wt_7871	scoB	subunidad B de 3-oxoácido CoA-transferasa
cds_wt_7872	scoA	supuesta subunidad A de 3-oxoadipato CoA-transferasa

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7873	iclR	Represor del operón de acetato;
cds_wt_7874	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7875	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7876	-	Proteína de señalización no caracterizada CC_0091;
cds_wt_7877	RPII	Subunidad RPB1 de ARN polimerasa II dirigida a ADN; subunidad B1 de ARN polimerasa II; subunidad más grande de ARN polimerasa III dirigida a ADN
cds_wt_7878	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7879	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7880	-	proteína hipotética
cds_wt_7881	-	Otogelina;
cds_wt_7882	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7883	-	Glucógeno sintasa 2; almidón
cds_wt_7884	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7885	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7886	icsA	glucosiltransferasa
cds_wt_7887	ytCB	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_7888	caiB	Proteína de la familia CaiB/BaiF
cds_wt_7889	adp	D-alanil-D-alanina carboxipeptidasa
cds_wt_7890	-	proteína de nodulación V;
cds_wt_7891	-	Regulador de respuesta gacA; activador global;
cds_wt_7892	-	proteína hipotética
cds_wt_7893	-	Proteína de UPF0353 MAP_1207;
cds_wt_7894	-	Regulador transcripcional tipo HTH betI;
cds_wt_7895	aofH	supuesta monoamina oxidasa que contiene flavina
cds_wt_7896	-	Proteína de membrana no caracterizada MJ0091;
cds_wt_7897	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7898	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_7899	-	proteína hipotética conservada
cds_wt_7900	drA	Proteína de unión a ATP de importación de espermidina/putrescina potA;
cds_wt_7901	galE	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_7902	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7903	cut4	Cutinasa; cutina hidrolasa;
cds_wt_7904	-	transportador no caracterizado AF_1552;
cds_wt_7905	-	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ywbl;
cds_wt_7906	-	Probable activador transcripcional de la asimilación de nitrógeno;
cds_wt_7907	-	Enzima gusurobina similar a trombina;
cds_wt_7908	cutR	Proteína reguladora transcripcional de la síntesis de fosfatasa alcalina sphR;
cds_wt_7909	lip1	supuesta hidrolasa
cds_wt_7910	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7911	-	proteína de membrana, supuesta
cds_wt_7912	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7913	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7914	yurM	Proteína permeasa del sistema de transporte de sn-glicerol-3-fosfato ugpE;
cds_wt_7915	yurN	Proteína permeasa del sistema de transporte de maltosa malF; proteína periplásmica de unión a maltosa; MMBP;
cds_wt_7916	-	Proteína de unión a maltodextrina;
cds_wt_7917	ampC	supuesta beta-lactamasa
cds_wt_7918	ybbC	Proteína no caracterizada ybbC; ORF2;
cds_wt_7919	rpiR	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado CA_C0191;
cds_wt_7920	-	ácido 6-fosfato eterasa 1 de ácido N-acetilmurámico; MurNAc-6-P eterasa 1;
cds_wt_7921	-	Supuesta metaloproteasa de cinc MJ0611;
cds_wt_7922	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7923	-	Supuesta nitrorreductasa MJ1384;
cds_wt_7924	-	Supuesta nitrorreductasa MJ1384;
cds_wt_7925	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7926	-	Proteína de UPF0142 ycaO;
cds_wt_7927	-	proteína hipotética
cds_wt_7928	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7929	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7930	chiR	Proteína reguladora transcripcional degU; proteína potenciadora de la producción de proteasa;
cds_wt_7931	-	Proteína histidina cinasa divJ;
cds_wt_7932	rfbD	dTDP-4-deshidroramnosil reductasa
cds_wt_7933	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7934	-	Homoserina O-acetiltransferasa; homoserina O-trans-acetilasa; homoserina transacetilasa; HTA;
cds_wt_7935	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7936	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7937	abfB	supuesta proteína secretada
cds_wt_7938	-	proteína hipotética
cds_wt_7939	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7940	-	Supuesta proteína de resistencia multifármaco mdtD;
cds_wt_7941	ssuD	supuesta oxigenasa de utilización de FMNH2
cds_wt_7942	nrd	Alcanosulfonato monooxigenasa; sulfonato monooxigenasa alifática dependiente de FMNH2;
cds_wt_7943	-	Proteasa alfa-lítica; endopeptidasa alfa-lítica;
cds_wt_7944	-	supuesta proteína de membrana integral
cds_wt_7945	-	Proteína no caracterizada R617;
cds_wt_7946	-	proteína hipotética
cds_wt_7947	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7948	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7949	fprC	supuesta ferredoxina reductasa
cds_wt_7950	pteD	citocromo P450 hidroxilasa
cds_wt_7951	-	proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7952	pknL	proteína serina/treonina cinasa
cds_wt_7953	acdH	acil-CoA deshidrogenasa
cds_wt_7954	-	cadena alfa de propionil-CoA carboxilasa
cds_wt_7955	-	supuesta acetil/propionil CoA carboxilasa, subunidad beta
cds_wt_7956	-	proteína hipotética
cds_wt_7957	dhaR	Represor transcripcional tipo HTH dhaR;
cds_wt_7958	yqjF	Proteína no caracterizada yqjF;
cds_wt_7959	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7960	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7961	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7962	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7963	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7964	iga	Serina endopeptidasa específica de IgA; proteasa de IgA;
cds_wt_7965	katG	catalasa
cds_wt_7966	-	Glicerol-3-fosfato deshidrogenasa
cds_wt_7967	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7968	-	Supuesta proteína de resistencia a enfermedad At4g10780;
cds_wt_7969	-	Probable proteína de resistencia a enfermedad At1g61180;
cds_wt_7970	-	supuesta oxidorreductasa
cds_wt_7971	ypeA	Acetiltransferasa ECA0875;
cds_wt_7972	-	Proteína similar a mucina y cadherina; Mu-protocadherina; GP100;
cds_wt_7973	katE	catalasa
cds_wt_7974	lig	ADN ligasa
cds_wt_7975	-	3 similar a proteína 1 de enfermedad renal poliquística; policistina-1L3;
cds_wt_7976	-	proteína 3 similar a PC1;
cds_wt_7977	rhaR	Metiltransferasa de biosíntesis de ubiquinona/menaquinona ubiE;
cds_wt_7978	livS	Activador transcripcional tipo HTH rhaS; proteína reguladora de operón de L-ramnosa rhaS;
cds_wt_7979	gmg	L-glutamina:2-desoxi-escilo-inososa aminotransferasa; L-glutamina: DOI aminotransferasa;
cds_wt_7980	-	UDP-glucosa 4-epimerasa
cds_wt_7981	wbpD	proteína hipotética
cds_wt_7982	-	supuesta acetiltransferasa
cds_wt_7983	wbiA	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_7984	-	Supuesta peptidoglicano O-acetiltransferasa yrhL;
cds_wt_7985	wecE	Transportador tipo MFS no caracterizado MJ1317;
cds_wt_7986	pdhA	Proteína reguladora pleiotrópicas
cds_wt_7987	acoB	supuesta componente E1 de piruvato deshidrogenasa, subunidad alfa
cds_wt_7988	cysE	supuesta subunidad beta de piruvato deshidrogenasa E1
cds_wt_7989	lip	Proteína bifuncional glmU; Incluye: UDP-N-acetilglucosamina pirofosforilasa; N-acetilglucosamina-1-fosfato uridiltransferasa; Incluye: Glucosamina-1-fosfato N-acetiltransferasa;
		proteína hipotética

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_7990	mbtH	Proteína mbtH; Tirocidina sintetasa 3; tirocidina sintetasa III; Incluye: asparagina adenilasa dependiente de ATP; AsnA; asparagina activasa; Incluye: glutamina adenilasa dependiente de ATP; GlnA; Glutamina activasa; Incluye: tirosina adenilasa dependiente de ATP; TyrA; Tirosina activasa; Incluye: valina adenilasa dependiente de ATP; ValA; Valina activasa; Incluye: ornitina adenilasa dependiente de ATP; OrnA; Ornitina activasa; Incluye: leucina adenilasa dependiente de ATP; LeuA; Leucina activasa;
cds_wt_7991	tycC	
cds_wt_7992	dhbF	Adenilación de aminoácidos
cds_wt_7993	dhbF	supuesta péptido sintetasa no ribosómica
cds_wt_7994	-	permeasa, supuesta
cds_wt_7995	pssF	glucosil transferasa, familia 2
cds_wt_7996	-	Proteína piccolo; aczonina; Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5; pp-GaNTasa 5; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 5; UDP-GalNAc: polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 5;
cds_wt_7997	-	
cds_wt_7998	wzxC	Proteína de biosíntesis de lipopolisacárido wzxC;
cds_wt_7999	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_8000	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_8001	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_8002	-	glucosiltransferasa
cds_wt_8003	yxkH	Supuesta polisacárido desacetilasa yxkH;
cds_wt_8004	-	proteína hipotética
cds_wt_8005	lrp	Regulador transcripcional tipo HTH no caracterizado ybaO;
cds_wt_8006	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica Polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 6; polipéptido GalNAc transferasa 6; pp-GaNTasa 6; GalNAc-T6; proteína-UDP acetilgalactosaminiltransferasa 6; UDP-GalNAc:polipéptido N-acetilgalactosaminiltransferasa 6;
cds_wt_8007	wbbL	
cds_wt_8008	-	proteína hipotética
cds_wt_8009	udgA	UDP-glucosa 6-deshidrogenasa
cds_wt_8010	rfbP	transferasa de azúcar
cds_wt_8011	rmlC	dTDP-4-deshidroramnosa 3,5-epimerasa
cds_wt_8012	spsJ	dTDP-glucosa 4,6-deshidratasa
cds_wt_8013	rfbD	dTDP-4-deshidroramnosa reductasa
cds_wt_8014	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_8015	-	Proteína A de diferenciación de Prestalk A;
cds_wt_8016	cysE	acetiltransferasa, familia GNAT
cds_wt_8017	hstK	serina/treonina cinasa con dominio sensor de dos componentes
cds_wt_8018	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_8019	-	proteína hipotética predicha por Glimmer/Critica
cds_wt_8020	chvE	Receptor periplásmico de la unión a múltiples azúcares chvE;
cds_wt_8021	-	Proteína de quimiotaxia aceptora de metilo mcpB; H3;
cds_wt_8022	-	proteína hipotética
cds_wt_8023	-	Proteína chaperona dnaK; proteína de choque térmico 70; proteína de 70 kDa de choque térmico; HSP70;

(continuación)

ID de gen	Símbolo de gen	Anotación
cds_wt_8024	-	Represor LexA;
cds_wt_805	tetA	Proteína de resistencia a tetraciclina, clase H; TetA
cds_wt_8026	rsd	resolvasa

REIVINDICACIONES

1. La secuencia de ADN de SEQ ID 16053 en la que dicha secuencia tiene las siguientes mutaciones:

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7102	G	A
11919	G	A
12285	G	A
12651	G	A
13511	G	A
46974	C	T
62542	C	T
64957	C	T
65055	C	T
65455	C	T/C
65460	C	T
65882	G	A
72685	A	A/G
72693	A	A/G
72701	A	A/G
73373	C	T
73467	C	T
76845	C	T
78965	C	T
80653	G	A
85503	G	A
88269	G	A
88369	G	A
89368	C	T
89901	C	T
90029	C	T
91949	C	T
93427	C	T
101351	G	A
103967	C	T
104063	C	T
110857	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
112637	G	A
114499	G	A
115250	G	A
115873	C	T
115983	C	T
117494	C	T
119344	G	A
134489	C	T
139515	C	T
146767	c	T
161035	G	A
172303	G	A
176176	G	A
178880	G	G/A
180754	c	T
180925	C	T
184674	G	A
190568	C	T
190644	C	T
191971	C	T
193584	G	A
196028	C	T
196338	C	T
214992	G	A
222841	G	A
222924	C	T
228543	C	T
247200	C	T
248952	C	T
253299	G	A
254551	G	A
259829	C	T
268705	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
270822	G	A
273723	G	A
276430	C	T
276561	C	T
283007	G	A
283062	G	A
287132	C	T
294767	G	A
295356	C	T
300028	C	T
303810	G	A
313837	C	T
316698	G	A
316929	G	A
325503	C	T
331088	G	A
340040	G	A
342987	G	A
343915	G	A
352688	C	T
353668	G	A
361019	G	A
362742	G	A
375835	C	T
381358	G	A
382029	G	A
391677	C	T
400166	C	T
406413	G	A
409544	G	A
416199	G	A
419938	C	T
425067	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
425419	G	A
426464	G	A
438324	C	T
446368	G	A
446984	G	A
447392	G	A
450492	G	A
458678	C	T
459753	C	T
459833	A	G
466505	G	A
474923	G	A
482599	G	A
494993	G	A
500358	C	T
510408	C	T
511515	G	A
512816	G	A
513902	C	T
515197	G	A
518156	G	A
533618	G	A
536327	C	T
542891	G	A
548989	C	T
553081	G	A
553332	G	A
557884	G	A
557907	G	A
567026	c	T
587166	A	G
590721	G	A
602225	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
604184	C	T
605918	C	T
621774	C	T
624361	C	T
625600	C	T
626283	G	A
629283	G	A
636108	C	T
648981	G	A
684062	G	A
702171	C	T
702650	C	T
703452	C	T
706109	C	T
711168	G	A
712462	A	A/G
714678	G	A
714785	G	A
717602	G	A
719600	G	A
724097	G	A
738525	C	T
744594	G	A
746362	G	A
750285	C	T
752663	G	A
763762	C	C/G
763785	G	G/C
763792	C	C/G
763951	C	C/G
765635	G	A
766073	G	A
769289	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
776043	C	T
780677	C	T
781916	C	T
783900	C	T
786653	G	A
795572	C	T
796824	G	A
798663	G	A
810530	G	A
810533	C	G
810556	T	T/C
810557	G	G/C
810563	C	C/T
810576	A	A/G
819250	G	A
829153	C	T
830171	C	T
831404	G	A
838352	G	A
842068	G	A
847887	G	A
861775	C	T
870304	G	A
880820	C	T
897424	C	T
907842	G	A
908987	C	T
921289	G	A
941088	G	A
945666	G	A
959932	C	T
964504	G	A
964558	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
970334	C	T
972781	C	T
995285	G	A
1004653	C	T
1006503	C	T
1008680	G	A
1009674	G	A
1009813	G	A
1023301	C	T
1028963	G	A
1030345	C	T
1030822	G	A
1037262	G	A
1041811	C	T
1054013	C	T
1055406	C	T
1082623	G	A
1085482	C	T
1085499	C	T
1088995	C	T
1097530	C	T
1107807	T	A
1117905	C	T
1119169	G	A
1120103	G	A
1120852	G	A
1122832	C	T
1123080	C	T
1128153	G	A
1130585	G	A
1145784	C	T
1146897	G	A
1153166	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
1163219	C	T
1163309	G	A
1163538	G	A
1169629	C	T
1169882	C	T
1170591	C	T
1172808	C	T
1172940	C	T
1173551	C	T
1179238	C	T
1192548	C	T
1194346	C	T
1194637	G	A
1196403	C	T
1208932	C	T
1221399	C	T
1222202	C	T
1225212	C	T
1242677	G	A
1249095	C	T
1250477	G	A
1255855	C	T
1260719	C	T
1261347	C	T
1261926	C	T
1262307	G	A
1262367	G	A
1267545	C	T
1270664	C	T
1272928	C	T
1273797	C	T
1277491	G	A
1282245	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
1284346	C	T
1285883	C	T
1291340	C	T
1300654	G	A
1306705	C	T
1307526	C	T
1308200	C	T
1315876	C	T
1317961	G	A
1321981	C	T
1322304	C	T
1325473	C	T
1325983	G	A
1327837	C	T
1329364	C	T
1330802	G	A
1335338	C	T
1342390	C	T
1343472	A	C
1344261	C	T
1346995	C	T
1348395	G	A
1351344	C	T
1352745	C	T
1356389	C	T
1359105	G	A
1359182	C	T
1362032	C	T
1370065	G	A
1370088	C	T
1379821	C	T
1382638	G	A
1388800	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
1404278	C	T
1409508	G	A
1410045	G	A
1413757	G	A
1415711	G	A
1415773	G	A
1418132	C	T
1419671	G	A
1420016	C	T
1428228	C	T
1428233	C	T
1435884	C	T
1438355	C	T
1440872	G	A
1443149	C	T
1450678	G	A
1453590	G	A
1454075	C	T
1455191	G	A
1463521	C	T
1473239	C	T
1474775	G	A
1482297	C	T
1494980	G	A
1502729	G	A
1514463	C	T
1525258	G	A
1533361	C	T
1545597	T	T/C
1563822	C	T
1563854	C	T
1565818	C	T
1566866	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
1570236	G	A
1570636	C	T
1581033	T	C
1594972	G	A
1614616	C	T
1615586	C	T
1616152	C	T
1616981	C	T
1617561	C	T
1617928	C	T
1622589	G	A
1641656	C	T
1641711	C	T
1641953	C	T
1648653	G	A
1648676	G	A
1649444	C	T
1650400	G	A
1658589	G	A
1661376	G	A
1664324	C	T
1680524	C	T
1682349	G	A
1682842	C	T
1686608	C	T
1695571	C	T
1699167	G	A
1700705	G	A
1715788	T	C
1727072	G	A
1747963	C	T
1748448	C	T
1778278	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
1779396	C	T
1779723	C	T
1792608	G	A
1793069	C	T
1795610	C	T
1803172	C	T
1805902	C	T
1815104	C	T
1848170	G	A
1858054	C	T
1874864	G	A
1878368	C	T
1878456	C	T
1881797	G	A
1881821	G	A
1883780	G	A
1886024	G	A
1886177	G	A
1886499	G	A
1888003	G	A
1888277	G	A
1891012	G	A
1891205	C	T
1891493	G	A
1891608	G	A
1895230	C	T
1896121	G	A
1898465	G	A
1904126	G	A
1904415	G	A
1918600	G	A
1926767	G	A
1930239	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
1933689	G	A
1935111	G	A
1938524	G	A
1941158	G	A
1950155	C	T
1961896	C	T
1964247	C	T
1971635	A	C
1973884	G	A
1985968	G	A
1986215	C	T
1987891	C	T
1987907	C	T
1993612	G	A
1997079	C	T
2043866	G	A
2043889	G	A
2048938	C	T
2058063	G	A
2058998	G	A
2060664	G	A
2060796	G	A
2067415	G	A
2067911	G	A
2071535	G	A
2077305	A	G/A
2077309	T	C/T
2077321	A	G/A
2077324	G	A/G
2077336	A	G/A
2077351	C	T/C
2077353	A	G/A
2077369	C	T/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2077383	G	A/G
2077384	C	G/C
2077398	G	G/C
2077432	T	C/T
2077603	A	G/A
2077615	C	A/C
2077618	G	A/G
2077636	T	C/T
2077645	G	C/G
2077651	G	C/G
2077652	A	G/A
2077654	A	G/A
2077663	C	A/C
2077669	G	C/G
2077671	T	C/T
2077682	C	G/C
2077688	G	A/G
2077691	C	G/C
2077694	A	C/A
2077697	G	C/G
2077703	T	G/T
2077715	G	A/G
2077724	A	G/A
2077726	C	T/C
2077730	G	C/G
2077733	G	A/G
2077736	C	C/T
2077742	G	C/G
2077745	A	G/A
2077751	G	A/G
2077762	T	C/T
2077769	T	C/T
2077772	A	G/A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2077775	G	A/G
2077793	G	C/G
2077794	A	G/A
2077795	C	T/C
2077805	C	T/C
2080486	C	T
2086608	G	A
2096915	G	A
2098836	C	T
2099830	G	A
2126265	C	T
2131730	G	A
2135109	C	T
2136848	C	T
2144528	G	A
2147486	G	A
2154132	C	T
2154136	C	T
2188490	C	T
2191494	C	T
2199567	G	A
2208975	G	A
2212324	G	A
2212659	G	A
2230643	G	A
2235434	G	A
2250499	C	T
2259118	C	T
2260582	G	A
2266821	C	T
2271223	G	A
2273696	C	T
2277990	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2291798	C	T
2293101	C	C/T
2293102	G	G/T
2293121	G	G/C
2293139	A	A/C
2293157	G	G/A
2293169	G	G/C
2293175	G	G/A
2293176	A	A/T
2293184	C	C/G
2293185	G	G/A
2293187	A	A/G
2293196	G	A/G
2293202	G	G/C
2293205	G	C/G
2293214	G	G/C
2293219	A	A/T
2293220	G	G/C
2293226	G	C/G
2293228	G	G/A
2293234	A	A/T
2293235	G	G/C
2293238	G	G/C
2293244	G	G/C
2293247	G	A/G
2293253	G	A/G
2293268	G	C/G
2293310	G	G/A
2293313	G	G/C
2293316	G	G/A
2293319	G	G/A
2293328	G	G/C
2293337	G	G/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2293346	G	G/C
2293352	C	C/G
2293367	G	G/C
2293376	C	C/G
2293403	C	C/G
2293463	C	C/G
2302130	G	A
2312744	C	T
2313183	G	A
2315988	C	T
2323085	C	T
2329242	C	T
2332081	G	A
2341627	C	T
2347673	C	T
2348681	G	A
2359598	G	A
2362060	A	G
2368326	G	A
2376154	G	A
2380176	C	T
2382542	C	T
2382567	C	T
2382748	C	T
2389975	C	T
2392147	C	T
2396255	G	A
2415101	G	A
2422620	C	T
2437185	G	A
2448470	G	A
2452760	G	A
2456608	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2459347	C	T
2459641	G	A
2460824	C	T
2463427	C	T
2482048	C	T
2482381	G	A
2483453	C	T
2487377	G	A
2489641	G	A
2492054	G	A
2502775	G	A
2515457	G	A
2518872	G	A
2530466	G	A
2532233	G	A
2533237	G	A
2536306	G	A
2538874	G	A
2542087	G	A
2544720	C	T
2553277	G	A
2556662	C	T
2559280	G	A
2562212	G	A
2564253	G	A
2564620	G	A
2566353	G	A
2572994	G	A
2573153	C	T
2575327	G	A
2599645	G	A
2599894	G	A
2601319	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2606340	G	A
2608948	G	A
2610422	C	T
2614778	G	A
2617082	G	A
2618776	C	T
2618805	C	T
2620558	G	A
2626414	A	G
2636037	C	T
2639682	G	A
2642753	G	A
2644984	C	T
2651718	C	T
2652733	C	T
2653074	C	T
2653159	C	T
2653337	G	A
2655271	C	T
2655308	C	T
2657059	C	T
2658261	G	A
2659295	C	T
2663775	C	T
2670944	C	T
2671043	C	T
2672551	C	T
2676880	C	T
2677056	G	A
2677196	C	T
2678066	G	A
2679900	C	T
2686364	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2687028	C	T
2688632	C	T
2694405	G	A
2701281	G	A
2712327	G	A
2720850	C	T
2728435	G	A
2731397	G	A
2735550	G	G/A
2735576	G	G/C
2738768	C	T
2744600	C	T
2748694	C	T
2756873	C	T
2760595	G	A
2762887	G	A
2763137	G	A
2764279	C	T
2766645	C	T
2770562	C	T
2773173	C	T
2774095	G	A
2774734	G	A
2774874	G	A
2776314	C	T
2776919	C	T
2778598	G	A
2779539	G	A
2782696	C	T
2783578	C	T
2783738	C	T
2785372	C	T
2785531	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2787379	G	A
2788015	C	T
2788247	C	T
2789216	C	T
2790626	C	T
2791577	C	T
2792510	C	T
2792715	G	A
2797814	C	T
2799953	C	T
2800033	C	T
2802765	C	T
2803789	C	T
2804694	C	T
2806670	C	T
2814611	G	A
2815199	C	C/T
2816239	G	A
2821693	G	A
2838356	C	T
2841171	T	T/A
2841177	C	C/G
2841183	C	C/G
2841213	T	T/C
2841228	C	C/G
2841237	G	G/C
2841251	G	G/T
2841255	C	C/G
2841258	G	G/T
2841276	C	C/G
2841293	C	C/G
2841297	C	C/A
2841303	C	C/T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2841306	G	G/A
2841312	T	C/T
2841315	C	G/C
2841322	A	A/T
2841323	G	G/T
2841327	C	G/C
2841335	G	C/G
2841357	G	C/G
2841360	G	C/G
2841369	G	C/G
2841376	T	T/C
2841377	G	T/G
2841384	G	C/G
2841389	T	T/C
2841397	G	G/T
2841398	A	C/A
2841402	G	A/G
2841403	G	C/G
2841409	T	A/T
2841413	G	T/G
2841423	C	G/C
2841444	G	C/G
2841451	C	T/C
2841477	C	G/C
2841514	G	T/G
2841531	A	G/A
2841534	G	C/G
2841536	T	A/T
2841540	C	C/G
2841546	G	C/G
2841552	G	C
2841554	T	C/T
2841555	C	T/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2841562	C	T/C
2841563	A	C/A
2841569	A	C/A/T
2841575	C	T/C
2841585	C	C/G
2841588	G	C/G
2841594	G	A/G
2841605	C	C/A
2841609	C	C/G
2841617	T	G/T
2841636	G	C/G
2841656	A	C/A
2841660	G	C/G
2841668	C	T/C
2841690	G	C/G
2841700	G	T
2841701	C	T
2841708	G	A/G
2841734	T	C
2841735	C	T
2841738	G	C
2841744	C	G/C
2841747	G	A
2841756	C	G
2841759	G	C
2841762	C	G
2841776	G	T
2841778	T	G
2841783	G	C
2841786	A	T
2841789	C	T
2845157	G	A
2850318	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2851372	G	A
2853353	C	T
2853817	G	A
2868405	C	T
2874011	C	T
2875055	G	A
2875488	G	A
2876911	G	A
2882407	C	T
2888545	C	T
2890510	C	T
2892791	G	A
2896239	G	A
2896828	G	A
2896833	G	A
2899845	C	T
2899865	C	T
2901123	C	T
2905469	C	T
2912026	G	A
2921100	C	T
2934976	G	A
2935134	G	A
2935223	G	A
2945715	G	A
2953167	C	T
2956464	C	T
2965167	G	A
2971031	C	T
2971761	C	T
2973653	C	T
2976296	C	T
2978371	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
2983351	G	A
2986416	C	T
2987675	C	T
2988967	C	T
2992035	C	T
2993614	A	G
2994097	G	A
3000921	G	A
3002748	G	A
3003382	G	A
3005352	G	A
3006201	C	T
3021497	G	A
3026718	C	T
3027132	G	A
3031683	C	T
3032969	C	T
3044082	G	A
3045579	G	A
3049857	G	A
3066905	C	T
3079916	T	A/T
3079923	C	C/T
3079936	G	A/G
3079950	A	T/A
3080004	C	C/T
3080006	A	T/A
3080035	C	C/T
3080043	A	C/A
3080063	G	C/G
3080084	C	C/T
3080087	G	C/T/G
3080098	C	C/A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3080128	C	T/C
3080136	A	G/A
3080160	C	G/C
3080161	T	C/T
3080163	T	C/T
3080183	T	C/T
3080192	G	C/G
3080204	G	C/G
3080237	G	C/G
3080288	G	C/G
3080294	G	T/G
3080316	C	C/T
3080321	T	T/C
3080325	G	T/G
3080326	C	T/C
3080355	A	T/A
3080356	A	A/G
3080357	A	A/G
3080359	A	A/G
3080372	A	A/G
3080375	A	A/C
3080382	G	G/A
3080391	A	A/G
3080393	C	C/T
3080394	G	G/A
3080402	A	A/G
3080406	A	A/G
3080418	A	A/G
3080447	C	C/T
3080465	T	T/C
3080472	C	C/T
3080482	A	A/G
3080485	C	C/T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3080496	T	T/C
3082062	G	A
3084014	G	A
3087970	C	T
3089578	G	A
3090231	G	G/C
3101153	G	A
3120006	C	T
3121040	C	T
3125035	C	T
3125407	C	T
3128098	C	T
3131738	C	T
3133651	C	T
3133766	G	A
3137673	C	T
3138173	G	A
3147694	C	T
3148142	C	T
3148342	C	T
3148452	C	T
3148777	C	T
3148960	C	T
3149335	C	T
3151547	C	T
3152279	C	T
3153365	G	A
3156844	C	T
3175067	G	A
3176311	C	T
3180510	C	T
3181134	C	T
3196810	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3198674	G	A
3203788	G	A
3204764	G	A
3208464	G	A
3213080	C	T
3214059	C	T
3216019	C	T
3216133	C	T
3218109	C	T
3226281	C	T
3229241	G	A
3230387	G	A
3235932	C	T
3237109	C	T
3238700	C	T
3241279	C	T
3241643	G	A
3245145	C	T
3247705	G	A
3248186	G	A
3249319	C	T
3251559	G	A
3253347	C	T
3253453	C	T
3253884	G	A
3254464	G	A
3258028	G	A
3258094	G	A
3258637	C	T
3259667	C	T
3261792	G	A
3262978	C	T
3266668	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3266806	C	T
3267341	G	A
3267927	C	T
3268140	T	C
3269676	G	A
3270548	G	A
3275254	A	G
3276870	C	T
3277187	C	T
3279932	C	T
3285105	C	T
3289175	C	T
3289533	C	T
3290417	G	A
3290880	C	T
3291408	C	T
3294618	C	T
3295292	C	T
3296150	C	T
3296689	C	T
3297254	C	T
3297593	G	A
3297802	C	T
3297816	G	A
3299219	C	T
3300457	C	T
3300838	C	T
3300849	C	T
3307410	G	A
3307738	G	A
3309205	C	T
3309441	G	A
3313410	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3314734	C	T
3315483	C	T
3316995	C	T
3318906	C	T
3319964	C	T
3321895	G	A
3326784	G	A
3327191	G	A
3328753	C	T
3336319	C	T
3337206	G	A
3338688	C	T
3345311	C	T
3346757	G	A
3347355	C	T
3347540	C	T
3347560	C	T
3348860	C	T
3349015	C	T
3349651	C	T
3350820	C	T
3351613	C	T
3353030	C	T
3354271	C	T
3354637	C	T
3358411	G	G/A
3358883	G	A
3361525	G	A
3363657	C	T
3368167	C	T
3368381	C	C/T
3375301	C	T
3381507	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3383846	C	T
3386322	C	T
3386914	G	A
3388650	C	T
3388663	C	T
3388840	G	A
3390202	G	A
3391187	C	T
3394129	C	T
3395838	C	T
3396692	C	T
3397717	C	T
3400152	C	T
3402866	G	A
3403044	C	T
3403253	C	T
3404959	C	T
3405078	C	T
3409620	G	A
3412544	G	A
3415574	A	G
3418558	C	T
3418906	G	A
3420004	C	T
3420345	C	T
3429994	C	T
3430020	G	A
3431269	C	T
3432683	G	A
3433788	G	A
3434662	C	T
3435439	G	A
3435661	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3440357	G	A
3441404	C	T
3453288	C	T
3454769	G	A
3456480	C	T
3457161	C	T
3461043	C	T
3461116	G	A
3464902	C	T
3469479	C	T
3473066	G	A
3474749	C	T
3484337	G	A
3484696	C	T
3490633	G	A
3511395	C	T
3517523	G	A
3518338	C	T
3519210	C	T
3519280	C	T
3526212	G	A
3526229	G	A
3532172	C	T
3532281	C	T
3539856	C	T
3540438	C	T
3540952	C	T
3553678	G	A
3558780	G	A
3559503	G	A
3560298	T	C
3572036	C	T
3587529	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3590513	C	T
3590937	C	T
3596971	C	T
3601304	C	T
3610733	G	A
3613460	C	T
3617806	G	A
3618063	C	T
3618082	G	A
3621113	G	A
3625554	C	T
3626449	C	T
3626548	C	T
3627377	C	T
3627686	C	T
3628977	C	T
3632788	C	T
3647003	C	T
3650159	G	A
3658514	C	T
3659174	C	T
3672218	G	A
3695232	G	A
3702963	C	T
3704185	C	T
3704278	G	G/C
3704281	T	T/G
3704282	C	C/T
3704293	T	T/G
3704327	G	A/G
3704335	C	T/C
3704338	C	G/C
3704340	A	C/A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3704371	G	C/G
3704386	T	C/T
3704389	C	G/C
3704395	G	C/G
3704404	G	C/G
3704415	C	T/C
3704427	G	A/G
3704428	C	T/C
3704464	C	T/C
3704484	A	C/A
3704485	C	G/C
3704491	G	C/G
3704512	G	C/G
3704519	A	G/A
3704531	A	G/A
3704534	G	C/G
3704536	C	G/C
3704543	C	G/C
3704544	T	C/T
3704554	T	T/G
3704563	C	G/C
3704573	A	G/A
3704574	A	G/A
3704577	G	C/G
3704584	C	G/C
3704587	G	A/G
3704590	G	C/G
3704605	T	C/T
3704608	C	G/C
3704617	T	G/T
3704619	A	C/A
3704620	C	A/C
3704629	C	G/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3704638	C	G/C
3704641	G	C/G
3704647	C	G/C
3704650	G	C/G
3704660	C	A/C
3704662	G	A/G
3704668	T	C/T
3704669	G	A/G
3704670	T	C/T
3704680	C	G/C
3704684	C	G/C
3704686	G	C/G
3704746	G	C/G
3704755	C	C/G
3704767	A	A/G
3704782	T	T/C
3704789	A	A/G
3704791	C	C/G
3704806	C	C/T
3704815	T	T/C
3704822	C	C/G
3704844	C	C/A
3704851	A	A/G
3704852	C	C/A
3704866	T	T/C
3704869	C	C/G
3704875	C	C/G
3704906	G	A
3706589	C	C/G
3706625	G	G/C
3706641	G	G/T
3706652	G	G/A
3706655	C	C/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3706679	T	T/C
3706715	C	C/G
3706735	C	C/G
3706737	A	A/G
3706739	G	G/C
3706784	C	C/T
3706790	T	T/C
3706794	A	A/G
3706805	G	G/C
3706822	A	A/G
3706862	C	C/G
3706926	G	G/T
3706932	A	A/C
3706940	G	G/A
3706945	G	G/C
3706950	T	T/A
3706951	C	C/G
3706958	T	T/C
3706960	A	A/G
3706967	C	C/G
3706983	C	C/G
3706985	G	G/C
3706994	G	G/C
3706996	A	A/C
3707006	G	G/C
3707012	C	C/A
3707013	A	A/G
3707036	C	C/G
3711369	G	A
3713575	C	T
3724878	G	A
3724955	G	A
3727102	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3727130	G	A
3727909	C	T
3732046	C	T
3733052	G	A
3740023	G	A
3741710	G	A
3744813	G	A
3750360	G	A
3756113	C	T
3762328	G	A
3763755	G	A
3764788	G	A
3771690	C	T
3775098	G	A
3775718	G	A
3776484	G	A
3783703	T	C
3786947	G	A
3788243	C	T
3798429	G	A
3799202	G	A
3799222	G	A
3802171	C	T
3806580	C	T
3825163	C	T
3828141	G	A
3831054	G	A
3831114	G	A
3831589	C	T
3831701	G	A
3837175	G	A
3841387	G	A
3843222	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
3843509	G	A
3843815	G	A
3844238	G	A
3846121	G	A
3846452	G	A
3852914	T	C
3873931	G	A
3879758	G	A
3883035	C	T
3905636	C	T
3919216	C	T
3920191	G	A
3928659	C	T
3935704	C	C/T
3941486	G	A
3964297	G	A
3965972	G	A
3968608	C	T
3983198	C	T
3993744	G	G/A
4002370	G	A
4004770	C	T
4006580	C	T
4006932	G	A
4013932	G	A
4014337	T	C
4017638	C	T
4019106	G	A
4020770	C	T
4025302	C	T
4027304	G	A
4034139	G	G/T
4043320	A	G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4063459	G	A
4072648	C	T
4073198	C	T
4073446	G	A
4074524	C	T
4081747	C	T
4086210	A	G
4089001	C	T
4102977	C	T
4104004	C	T
4114649	G	A
4117981	G	A
4118234	C	T
4121337	G	A
4124406	G	A
4130087	C	T
4148633	C	T
4150599	C	T
4152842	C	T
4156366	G	A
4156524	G	A
4157742	G	A
4157795	G	A
4158022	G	A
4160265	G	A
4170648	C	T
4186914	C	T
4187188	G	A
4192330	C	T
4192395	C	T
4194086	C	T
4196729	C	T
4205330	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4218066	G	A
4220842	G	A
4231722	C	T
4251577	C	T
4253562	G	A
4255089	G	A
4268915	C	T
4284264	C	T
4285070	G	A
4286615	G	A
4299670	C	T
4302785	G	A
4302812	C	T
4312528	G	A
4312875	C	T
4314885	G	A
4314896	C	T
4314899	G	A
4316350	C	T
4318874	C	T
4319625	C	T
4324089	G	A
4325174	G	A
4325955	G	A
4327176	C	T
4328372	C	T
4329685	C	T
4329867	C	T
4331851	C	T
4331916	C	T
4334253	C	T
4335755	C	T
4340706	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4343282	T	C
4347901	C	T
4352755	G	A
4360959	G	A
4361293	C	T
4362371	C	T
4365880	G	A
4376161	C	T
4376238	C	T
4378853	G	A
4395837	G	A
4396016	C	T
4402736	C	T
4406151	G	A
4414580	G	A
4414632	C	T
4420655	C	T
4433146	G	A
4438071	G	A
4440571	T	C
4440772	G	A
4443633	G	A
4444731	C	T
4446487	T	C
4463567	C	T
4463766	G	A
4467838	G	A
4474494	G	A
4481185	G	A
4486135	C	T
4487769	G	A
4490385	G	A
4496083	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4499876	C	T
4503563	C	T
4504062	C	T
4517204	G	A
4524639	G	A
4524706	G	A
4529241	G	A
4529778	G	A
4531772	G	A
4532547	G	A
4532943	G	A
4533824	G	A
4535251	G	A
4537480	G	A
4537859	G	A
4543587	G	A
4547764	C	T
4558815	C	T
4558914	C	T
4564648	G	A
4564991	G	A
4573497	C	T
4573536	C	T
4575408	C	T
4577334	C	T
4580403	G	A
4582642	T	C
4588387	C	A
4588663	G	A
4597434	C	T
4598262	C	T
4601247	G	G/C
4601248	T	T/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4603166	C	T
4611131	C	T
4614475	C	T
4616665	G	A
4617801	G	A
4619989	C	T
4621439	G	A
4626601	G	A
4630752	C	T
4649811	A	A/G
4650590	C	T
4669551	C	T
4670815	G	A
4674426	G	A
4677968	C	T
4688341	C	T
4697092	C	T
4700003	G	A
4702254	C	T
4704691	C	T
4704704	C	T
4713174	C	T
4727776	G	A
4736024	C	T
4766839	C	T
4769655	C	T
4776927	G	A
4788381	C	T
4794373	C	T
4799012	G	A
4812357	C	T
4813704	G	G/T
4813710	G	G/T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4813711	A	A/C
4814060	C	C/T
4814078	C	C/T
4814081	C	C/T
4814082	G	G/C
4814087	T	T/C
4818340	G	A
4820651	C	T
4821863	G	A
4852073	T	T/C
4852080	T	C/T
4852093	T	C/T
4852131	G	A/G
4852238	T	C/T
4852271	T	T/C
4852348	G	G/A
4852373	T	T/C
4858842	C	T
4859921	G	A
4860949	G	A
4872907	G	A
4879205	C	T
4886810	C	T
4889101	G	A
4891956	C	T
4896797	C	T
4903124	G	A
4904325	A	A/G
4904344	C	C/G
4904345	C	C/T
4904355	A	G
4904359	G	G/C
4904360	T	T/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
4908341	C	T
4908687	C	T
4911304	C	T
4916472	C	T
4920831	C	T
4924034	C	T
4924484	C	T
4927068	C	T
4927798	C	T
4929941	C	T
4930693	C	T
4932671	C	T
4933447	T	T/C
4948234	G	A
4950870	C	T
4951932	C	T
4953821	C	T
4978515	G	A
4981742	C	T
4984320	A	G
4987021	G	A
4987606	G	A
4991441	G	A
4992870	G	A
5014441	C	T
5016187	C	T
5016773	C	T
5025119	G	A
5030757	C	T
5053257	C	T
5056010	C	T
5056241	C	T
5058845	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5058850	C	T
5060436	C	T
5061245	C	T
5062621	C	T
5063656	C	T
5063753	A	A/G
5063759	T	T/G
5063766	C	C/T
5063772	A	A/G
5063775	T	T/C
5063777	A	A/G
5063883	T	T/C
5063900	G	G/A
5063967	T	C/T
5063994	C	C/G
5063997	T	C/T
5064000	G	C/G
5064054	C	C/G
5064140	T	A/T
5064188	G	G/C
5064199	G	A/G
5064223	T	C/T
5064318	G	G/A
5064363	G	G/A
5064364	C	C/G
5064368	T	C/T
5066806	C	T
5079654	C	T
5080712	C	T
5080760	G	A
5083716	C	T
5085149	C	T
5087053	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5089288	G	A
5095356	C	T
5096131	C	T
5099106	C	T
5099331	C	T
5099501	C	T
5104316	C	T
5104896	C	T
5105840	C	T
5107273	C	T
5107438	G	A
5110964	G	A
5111341	G	A
5111525	G	A
5113971	C	T
5114926	C	T/C
5114933	C	T/C
5116995	G	A
5117622	G	A
5126463	G	A
5128522	G	A
5131328	G	A
5132598	C	T
5133033	C	T
5134996	G	A
5136119	C	T
5139533	C	T
5141709	G	A
5147647	C	T
5158997	C	T
5171223	G	A
5189948	C	T
5196838	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5203530	G	A
5204859	C	T
5213315	G	A
5216015	G	A
5221083	C	T
5229965	G	A
5233924	G	A
5246591	G	A
5247914	C	T
5253451	C	T
5255901	C	T
5259871	G	A
5270798	G	A
5277822	G	A
5280936	C	T
5283902	G	A
5292603	C	T
5309793	G	A
5317263	G	A
5323245	G	A
5323289	C	T
5323708	G	A
5326705	G	A
5339380	G	A
5349635	C	T
5350111	G	A
5356868	C	T
5363828	C	T
5385564	C	T
5391456	G	A
5404805	G	A
5415953	G	A
5416207	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5419045	C	T
5438747	G	A
5457995	G	A
5465469	C	T
5481386	G	A
5485106	C	T
5500846	G	A
5514802	C	T
5516464	C	T
5530664	C	T
5537010	G	A
5540526	G	A
5541233	C	T
5543634	C	T
5545010	C	T
5545574	G	A
5548499	C	T
5557711	G	A
5574966	C	T
5576016	C	T
5579654	C	T
5582215	C	C/T
5590781	T	T/A
5590796	C	C/T
5590809	T	T/C
5590810	G	G/A
5590823	G	G/A
5590828	A	A/G
5590847	G	G/T
5590861	G	G/C
5590867	A	A/C
5590868	A	A/G
5590886	G	A/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5590889	T	C/T
5590903	A	G/A
5590909	G	T/G
5590910	C	G/C
5590912	G	T/G
5590918	G	A/G
5590923	A	G/A
5590927	T	G/T
5590933	G	A/G
5590945	C	G/C
5590960	T	C/T
5590961	C	T/C
5590972	T	C/T
5590978	T	C/T
5590981	G	C/G
5590987	T	C/T
5590993	C	G/C
5591002	G	G/A
5591008	T	C/T
5591026	C	G/C
5591035	C	G/C
5591054	C	A/C
5591063	T	C/T
5591065	C	G/C
5591069	A	A/G
5591074	A	G/A
5591077	C	A/C
5591092	A	G/A
5591095	G	C/G
5591098	T	C/T
5591115	G	A/G
5591158	G	T/G
5591179	G	T/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5591220	C	G/C
5591226	A	G/A
5591268	T	C/T
5591361	C	G/C
5591442	G	A/G
5591445	C	T/C
5591457	G	C/G
5591458	A	C/A
5591466	G	C/G
5591469	G	A/G
5591472	C	G/C
5591476	A	A/G
5591496	G	C/G
5591499	A	C/A
5591505	G	C/G
5591508	T	G/T
5591520	A	G/A
5591532	C	T/C
5591541	C	T/C
5591553	G	A/G
5591562	G	T/G
5591565	G	C/G
5591571	A	G/A
5591577	A	C/A
5591596	C	T/C
5591598	G	C/G
5591607	C	T/C
5591613	T	C/T
5591632	C	A/C
5591635	G	G/T
5591640	T	T/C
5591643	C	C/T
5591654	A	A/C

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5591656	A	A/G
5604643	G	A
5612009	C	T
5626626	C	T
5629121	C	T
5631426	C	T
5636810	G	A
5657449	C	T
5659036	G	A
5692125	C	T
5694507	C	T
5696833	C	T
5698190	C	T
5705110	C	T
5708625	C	T
5709728	C	T
5724677	C	T
5727195	C	T
5728510	C	T
5732980	C	T
5738712	G	A
5738846	C	T
5745077	C	T
5751489	C	T
5751716	C	T
5753910	C	T
5755351	C	T
5756752	C	T
5756803	C	T
5760058	C	G
5760301	C	T
5763377	C	T
5764363	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5765100	C	T
5765446	C	T
5767623	C	T
5779664	C	T
5780052	C	T
5781808	C	T
5783477	G	A
5788208	C	T
5790337	C	T
5791404	C	T
5793414	G	A
5795059	C	T
5795465	G	A
5799803	G	A
5803395	C	T
5803716	G	A
5805398	G	A
5805735	G	A
5807160	C	T
5809295	G	A
5810587	G	A
5811908	C	T
5813504	C	T
5813556	C	T
5834083	C	T
5842153	G	C
5843698	T	T/C
5843724	C	C/A
5843727	C	C/T
5843751	G	G/A
5843752	G	G/C
5843766	A	A/G
5843783	A	A/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5843786	G	G/C
5843787	C	C/G
5843795	G	G/C
5843796	T	T/A
5843797	G	G/T
5843804	C	C/G
5843810	C	C/T
5843818	T	T/C
5843819	T	T/G
5843831	C	C/T
5843863	G	G/T
5843878	C	C/T
5843881	G	G/T
5843888	G	G/A
5843890	G	G/C
5843897	C	C/G
5843899	G	G/T
5843902	C	C/T
5843942	C	C/T
5843965	G	G/C
5843980	C	C/G
5843981	C	C/T
5843987	C	C/G
5843988	C	C/T
5843992	C	C/T
5857131	C	T
5858663	C	T
5879695	G	A
5880188	T	T/C
5880203	G	G/C
5880223	C	C/T
5880241	A	A/C
5880306	C	C/T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5880307	T	T/C
5880349	A	A/T
5880412	G	G/A
5880421	C	C/T
5880430	A	A/G
5880517	T	T/C
5882826	G	A
5887657	G	C/G
5887660	G	C/G
5887684	T	C/T
5887693	T	C/T
5887696	G	C/G
5887718	G	G/A
5887732	G	G/C
5887734	G	G/A
5887765	A	A/G/C
5887771	G	G/C
5887774	G	G/A
5887775	C	C/T
5887784	T	T/C
5887792	T	T/C
5887810	G	G/C
5887813	G	G/C
5887816	G	G/C
5887820	G	G/C
5887824	C	C/G
5887831	G	G/C
5887837	C	C/T
5887843	C	C/G
5887892	G	A/G
5887931	G	G/A/C
5887937	G	G/C
5887938	C	C/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5887942	C	C/G
5887945	G	G/C
5887951	G	C/G
5887960	G	G/C
5887969	G	G/C
5887970	C	C/G
5887971	A	A/G
5887974	G	G/T
5887975	C	C/T
5887977	T	T/A
5887982	C	C/A/T
5887988	G	G/T
5887990	C	C/G
5888003	A	A/C
5888004	A	A/G
5888005	A	A/G
5888026	C	C/T
5888050	G	G/C
5888053	G	G/C
5888056	G	G/C
5888083	G	G/C
5888092	C	C/G
5888095	C	C/G
5888102	G	G/A
5888103	T	T/C
5888122	C	C/T
5888143	G	G/C
5890782	G	G/C
5890839	T	C/T
5890849	T	A/T
5890851	C	G/C
5890863	C	G/C
5890864	G	A/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5890869	G	T/G
5890872	C	T/C
5890893	C	T/C
5890899	C	T/C
5890906	G	A/G
5890908	G	G/A
5890914	C	T/C
5890920	C	G/C
5890923	C	T/C
5890926	C	G/C
5890971	C	C/T
5890992	C	C/T
5891058	G	C/G
5891061	G	C/G
5891070	C	T/C
5891094	T	C/T
5891097	C	C/G
5891100	C	C/T
5891121	C	T/C
5891142	G	G/C
5891145	C	C/G
5891148	G	C/G
5891187	G	G/C
5891220	G	G/C
5891247	T	T/C
5891250	C	C/T
5891263	T	T/C
5892300	C	C/T
5892304	A	A/C
5892312	C	C/G
5892330	C	C/T
5892370	A	A/G
5892413	C	C/T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5892414	T	T/C
5892456	A	A/T
5892519	G	G/A
5894264	G	A
5894322	G	A
5894986	A	A/G
5894989	T	T/C
5895041	G	G/A
5895043	C	C/G
5895049	C	C/G
5895054	T	T/C
5895058	G	G/C
5895073	C	C/G
5895100	G	G/C
5895106	C	G/C
5895108	T	C/T
5895115	C	G/C
5895118	A	C/A
5895127	C	G/C
5895130	C	G/C
5895137	A	T/A
5895142	T	C/T
5895147	G	C/G
5895181	C	T/C
5895254	A	G/A
5895280	T	C/T
5895283	G	C/G
5895298	C	G/C
5895299	G	A/G
5895319	C	G/C
5895328	C	T/C
5895334	C	T/C
5895340	G	C/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5895346	G	G/C
5895349	C	T/C
5895358	C	T/C
5895361	C	G/C
5895370	C	C/T
5895391	C	T/C
5895436	G	C/G
5895437	A	G/A
5895439	C	G/C
5895493	G	C/G
5895496	G	C/G
5895505	C	T/C
5895529	T	C/T
5895532	C	G/C
5895577	G	C/G
5895580	C	G/C
5895628	T	C/T/G
5895629	T	C/T
5895661	C	C/G
5895847	C	C/G
5895878	G	G/A
5895898	C	C/T
5895899	A	A/C
5895915	A	G/A
5895949	C	T/C
5896081	C	G/C
5896085	C	T/C
5896090	C	T/C
5896115	C	C/T
5896120	A	A/G
5896123	G	G/C
5896126	T	T/C
5896147	T	T/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5896148	T	T/C
5896154	T	T/C
5896156	G	G/C
5896159	G	G/C
5896246	T	T/C
5896279	C	T/C
5896312	A	A/G
5896324	A	A/G
5896333	G	G/A
5896381	G	G/C
5900925	C	C/G
5900943	G	G/T
5900949	C	C/G
5900955	C	C/T
5900958	C	C/G
5900965	T	T/C
5900971	G	G/C
5900972	C	C/G
5900997	C	C/T
5901000	C	C/T
5901015	A	A/C
5901034	C	C/A
5901048	C	C/T
5901050	G	G/A
5901057	C	C/T
5901068	G	G/A
5901071	A	A/G
5901078	G	G/T
5901099	C	C/T
5901123	T	T/A
5901135	G	C/G
5901172	G	A/G
5901186	G	G/A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5901195	T	T/C
5901204	G	G/A
5901219	C	A/C
5901342	T	C/T
5901345	T	T/G
5901346	T	T/C
5901354	C	C/G
5901615	C	T/C
5901617	G	C/G
5901660	C	C/G
5901664	T	T/G
5901669	C	A/C
5901673	T	A/T
5901675	C	G/C
5901679	C	C/T
5901688	C	T/C
5901689	T	A/T
5901690	G	C/G
5901698	C	A/C
5901712	G	A/G
5901713	T	A/T
5901714	T	T/C
5901719	G	G/C
5901726	G	G/C
5901729	C	C/G
5901732	C	C/T
5901733	G	G/A
5901738	C	C/G
5901752	C	C/T
5901757	G	G/A
5901764	T	C/T
5901767	C	G/C
5901771	G	C/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
5901790	C	G/C
5901791	G	C/G
5901793	G	A/G
5901807	G	C/G
5901824	G	A/G
5901826	G	G/A
5901830	T	T/G
5901840	A	A/C
5902914	C	T
5905708	G	A
5925008	C	T
5925517	G	A
5926357	G	A
5928875	C	T
5930205	C	T
5933164	G	A
5947433	C	T
5957471	G	A
5960825	C	T
5961809	T	G/T
5961866	T	T/A
5970914	C	T
5975910	A	G/A
5975911	A	G/A
5975926	A	G/A
5978267	C	T
6005749	C	T
6009383	G	A
6010024	C	T
6026234	C	T
6033950	C	T
6042035	C	T
6050103	C	C/T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
6050112	A	C/A
6050115	G	G/C
6050116	C	C/G
6050118	G	G/A
6050509	G	A/G
6050536	G	G/C
6050556	G	C/G
6050557	C	A/C
6050584	T	T/A
6050694	T	T/C
6050727	A	G/A
6050730	G	C/G
6050769	G	G/A
6050820	A	A/C
6050822	T	T/C
6050824	C	C/T
6050947	T	C/T
6050949	A	G/A
6050952	T	T/C
6050958	G	A/G
6050965	A	C/A
6050971	T	C/T
6051079	A	A/G
6051571	G	A
6072579	C	T
6074412	G	A
6075058	G	A
6083188	C	T
6085177	C	T
6090298	C	T
6094419	C	T
6095825	C	T
6098808	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
6099142	C	T
6099801	C	T
6100131	C	T
6100928	C	T
6114598	C	T
6129757	G	A
6151020	G	A
6157309	C	T
6157376	C	T
6178150	G	A
6188180	C	T
6191683	G	A
6207945	G	A
6216366	C	T
6230439	A	G
6251389	G	A
6251652	G	A
6255100	G	A
6264179	G	A
6265855	G	A
6267856	G	A
6278700	G	A
6281103	C	T
6282875	C	T
6286620	C	T
6288364	C	T
6291716	C	T
6297821	C	T
6303632	G	A
6306219	C	T
6309112	G	A
6322894	G	A
6328731	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
6331035	G	A
6338677	G	A
6339429	C	T
6344180	C	T
6346415	C	T
6361477	C	T
6362282	G	A
6366940	C	T
6368217	G	A
6369699	G	A
6375315	G	A
6381431	C	T
6401947	G	A
6403645	C	T
6437676	C	T
6439389	G	A
6450624	C	T
6454248	C	T
6454843	C	T
6456678	C	T
6456912	C	T
6459047	G	A
6460584	T	C
6471884	G	A
6485358	C	T
6499172	G	A
6500551	G	A
6507389	C	T
6517707	C	T
6525706	G	A
6538378	C	T
6542765	C	T
6543445	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
6543579	C	T
6545779	C	T
6550507	C	T
6553219	G	A
6553546	G	A
6553589	G	A
6555594	G	A
6556192	C	T
6560301	C	T
6561416	G	A
6563658	C	T
6564054	C	T
6564511	C	T
6564827	C	T
6567102	C	T
6567313	C	T
6568360	C	T
6569524	C	T
6569696	G	A
6570943	C	T
6572188	C	T
6572441	C	T
6580904	G	A
6581219	G	G/A
6589934	C	T
6595494	C	T
6604343	C	T
6615272	C	T
6617190	G	A
6619058	C	T
6622561	G	A
6629950	C	T
6632292	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
6656015	C	T
6669477	G	A
6690831	C	T
6690855	G	A
6696960	G	A
6705369	G	A
6716231	G	A
6729998	G	A
6734341	C	T
6758247	G	A
6759384	C	T
6767085	G	A
6769984	C	T
6780798	A	G
6801699	G	A
6805336	G	A
6805990	G	A
6808471	C	T
6818998	G	A
6830990	G	A
6843179	C	T
6847192	G	A
6854404	C	T
6858684	G	A
6883984	C	T
6884717	G	A
6890659	G	A
6892977	G	A
6898871	C	T
6902839	A	T
6911746	G	A
6916561	G	A
6916943	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
6927456	G	A
6960103	G	A
6961070	C	T
6968534	C	T
6973392	G	A
6987945	G	A
6993597	G	A
6995391	C	T
6996621	C	T
6999127	C	T
6999520	C	T
6999817	C	T
7000264	C	T
7002458	G	A
7003486	G	A
7003496	G	A
7004068	C	T
7009952	C	T
7010119	C	T
7010712	C	T
7015917	G	A
7019067	C	T
7019437	C	T
7020227	C	T
7021026	C	T
7023202	C	T
7024113	C	T
7026584	C	T
7028273	C	T
7028622	C	T
7029812	C	T
7031076	C	T
7040546	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7053643	C	T
7065316	C	T
7075215	C	T
7098642	C	T
7099792	C	T
7100617	C	T
7101023	C	T
7103392	C	T
7104098	C	T
7109594	C	T
7110600	C	T
7110641	C	T
7112833	C	T
7116801	C	T
7135624	G	A
7135635	G	A
7146220	G	A
7160415	C	T
7161529	G	A
7162249	G	A
7165660	C	T
7176091	G	A
7177869	G	A
7185280	G	A
7186525	C	T
7211965	G	G/C
7211966	A	A/T
7211975	C	C/T
7211983	G	G/T
7211992	G	G/T
7211994	G	G/A
7212006	T	T/C
7212047	C	C/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7212067	T	T/A
7212068	G	G/C
7212075	G	G/C
7212088	A	A/T
7212097	T	T/C
7212113	T	T/C
7212121	G	G/T
7212122	T	T/C
7212142	T	T/C
7212144	C	C/G
7212151	T	T/G
7212156	G	G/C
7212180	C	C/G
7212182	G	G/C
7212183	T	T/C
7212206	T	T/C
7216330	G	A
7218939	G	A
7219494	G	A
7224067	G	A
7228023	G	A
7240925	G	A
7241497	C	T
7264121	G	A
7266647	G	A
7283171	C	T
7294161	A	G
7303836	C	T
7310019	G	A
7314132	C	T
7314146	C	T
7319151	G	A
7319658	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7321495	G	A
7329181	G	A
7330808	G	A
7362245	C	T
7369374	C	T
7371536	C	T
7377855	C	T
7384932	G	A
7385124	C	T
7386113	G	A
7389303	C	T
7394213	C	T
7394997	C	T
7400636	C	T
7401592	C	T
7422484	G	A
7446288	G	A
7451085	C	T
7452627	C	T
7453489	C	T
7453910	C	T
7460642	C	T
7462223	G	A
7484067	C	T
7490770	G	A
7492384	G	A
7498836	G	A
7511194	G	A
7517188	G	A
7518982	C	T
7524203	G	A
7525798	C	T
7546077	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7583090	G	A
7588792	C	T
7598819	G	A
7600514	G	A
7604996	G	A
7607903	G	A
7622689	G	A
7627683	G	G/T
7630530	G	A
7639840	G	A
7641043	G	A
7646004	G	A
7648704	G	A
7652691	G	A
7654254	G	A
7655513	G	A
7662521	G	A
7671626	C	T
7672126	G	A
7687061	G	A
7689723	G	A
7714246	C	T
7718521	G	A
7719226	G	A
7719430	G	A
7720998	G	A
7731353	G	A
7733376	G	A
7736672	C	C/T
7740086	C	T
7740896	G	A
7765137	G	A
7772239	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7789263	G	A
7790304	G	A
7801751	G	A
7802623	T	T/C
7802638	T	T/C
7802639	C	C/T
7802682	A	T
7809752	G	A
7809834	G	A
7823754	C	T
7825882	G	A
7832540	G	A
7838339	C	T
7841392	C	T
7841997	C	T
7842274	C	T
7844241	G	A
7855301	C	T
7864327	G	A
7874843	C	T
7883195	A	G
7889441	G	A
7909245	G	A
7912017	A	G
7917279	G	A
7926998	G	A
7931764	G	A
7934819	G	A
7948630	C	T
7963950	G	A
7967045	G	A
7969374	G	A
7984213	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
7984254	G	A
7985275	G	A
8009877	C	T
8026754	C	T
8036245	C	T
8042744	G	A
8051051	G	A
8053700	C	T
8062905	A	T
8062911	C	T
8075410	C	T
8077440	G	A
8087405	G	A
8094018	G	A
8095401	G	A
8096270	C	T
8122172	G	A
8123295	G	A
8123721	G	A
8136640	C	T
8161493	C	T
8165695	A	A/T
8165703	A	A/G
8165704	C	C/G
8167086	G	A
8171741	G	A
8179169	G	A
8181933	G	A
8186618	C	T
8193241	C	T
8195170	C	T
8195310	C	T
8199221	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
8202704	C	C/T
8205853	G	A
8212158	C	T
8212583	G	A
8214951	C	T
8221459	G	A
8227017	G	A
8233448	C	T
8237580	G	A
8239310	G	A
8240439	G	A
8241289	G	A
8243590	G	A
8247542	G	A
8248207	C	T
8256006	G	A
8263792	G	A
8267543	G	A
8272330	G	A
8273351	C	T
8278809	G	A
8282707	G	A
8298405	T	T/A
8298413	C	C/G
8302281	G	A
8311927	T	C
8323622	C	T
8325049	G	G/C
8325050	A	G/A
8325073	C	C/G
8325095	G	G/C
8325096	G	G/T
8325102	C	C/G

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
8325109	T	C/T
8325115	C	G/C
8325118	C	C/G
8325121	G	G/C
8325127	G	G/C
8325133	C	G/C
8325203	T	T/C
8325210	A	G/A
8325277	C	C/G
8325286	C	C/G
8349257	G	A
8351616	G	A
8355565	C	T
8355924	C	T
8363036	G	A
8364757	C	T
8365293	G	A
8368404	G	A
8378911	G	A
8379977	G	A
8380006	C	T
8381094	G	A
8384806	G	A
8389000	C	T
8389283	A	G
8393915	G	A
8396831	G	A
8397563	G	A
8402662	G	A
8411820	C	T
8413318	C	T
8414872	C	T
8431655	T	T/A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
8441210	C	T
8449495	G	G/A
8453858	G	A
8463714	G	A
8466767	G	A
8491536	G	A
8497636	C	T
8506267	G	A
8509227	G	A
8515828	G	A
8529144	G	A
8544731	G	A
8546526	C	T
8556565	G	A
8559522	G	A
8560241	C	T
8567608	C	T
8572238	C	T
8576774	G	A
8582623	C	T
8589455	C	T
8589459	C	T
8595339	C	T
8610015	C	T
8622039	C	T
8631175	G	A
8640526	C	T
8646416	G	A
8647802	G	A
8648408	G	A
8655581	C	T
8658688	G	A
8668191	C	T

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
8668196	G	A
8669919	G	A
8674137	C	T
8678961	G	A
8682722	G	A
8690364	C	T
8691972	C	T
8699652	G	A
8699708	G	A
8709561	C	T
8720459	G	A
8731485	G	A
8737851	G	A
8737859	G	A
8742265	C	T
8743148	C	T
8754468	G	A
8754501	G	A
8759529	G	A
8761290	C	T
8769464	T	C
8792629	G	A
8793001	C	T
8809351	C	T
8813761	C	T
8813866	C	T
8816396	G	A
8821923	G	A
8825490	G	A
8828064	C	T
8841828	G	A
8842797	G	A
8843541	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
8845199	T	C
8848419	G	A
8849052	G	A
8854017	C	T
8854256	G	A
8858030	G	A
8859328	G	A
8860995	G	A
8861382	G	A
8871894	C	T
8872344	C	C/T
8875526	G	A
8881555	G	A
8889242	G	A
8893686	G	A
8894581	G	A
8896018	G	A
8901982	G	A
8902511	G	A
8902844	G	A
8902903	G	A
8907784	G	A
8927137	G	A
8929703	G	A
8931762	C	T
8934108	G	A
8937518	C	T
8943513	C	T
8943676	C	T
8944024	C	T
8945415	C	T
8946251	C	T
8948806	G	A

(continuación)

Posición en SEQ ID 16053	Nucleótido en SEQ ID 16053	Nucleótido mutado
8950622	C	T
8951908	C	T
8953417	G	A
8955117	G	A
8956021	C	T
8956608	C	T
8958843	C	T
8959688	G	A
8974326	G	A
8979884	C	T
8982938	G	G/C
8982956	G	G/C
8982975	G	G/C
8983002	G	G/A
8983053	C	C/T
8983087	G	A/G
8983088	G	G/C
8983102	A	G/A
8983134	G	G/C
9008254	C	T
9028349	G	A
9029056	C	T
9045846	G	A
9049564	C	T
9052240	C	T
9052265	G	A
9053107	G	A
9058239	G	A
9060181	C	T
9064090	C	T
9072129	C	C/T

2. Un microorganismo que comprende el ADN según la reivindicación 1.

3. Un procedimiento de producción de acarbossa que comprende las etapas:

- a) cultivar el microorganismo de la reivindicación 2 y
- b) recolectar la acarbosa producida por el microorganismo.

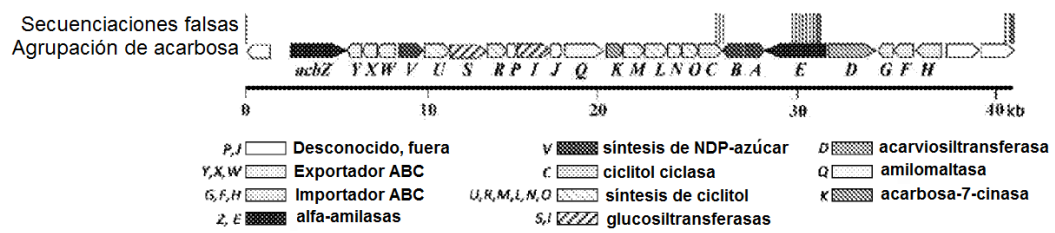


Figura 1

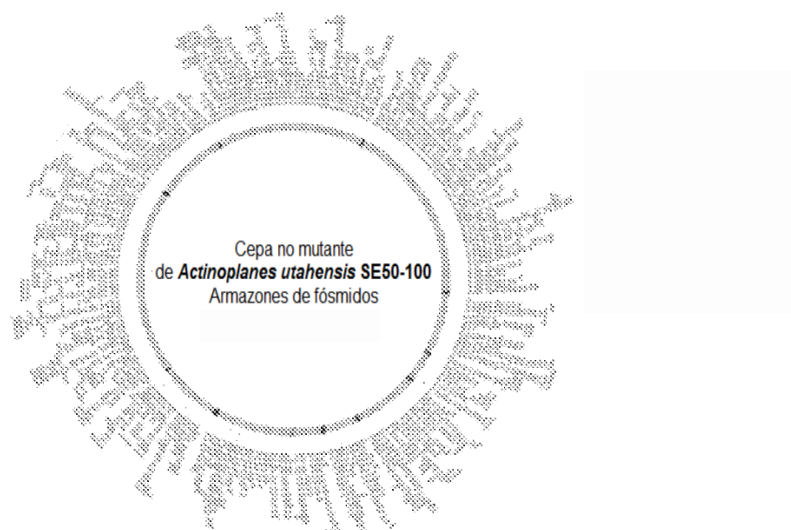


Figura 2

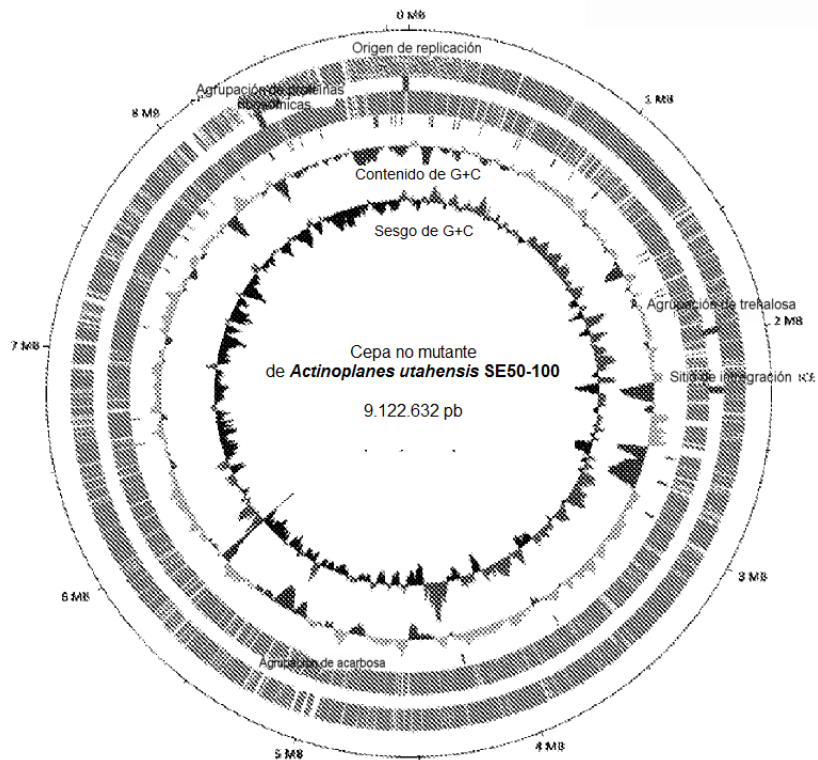


Figura 3

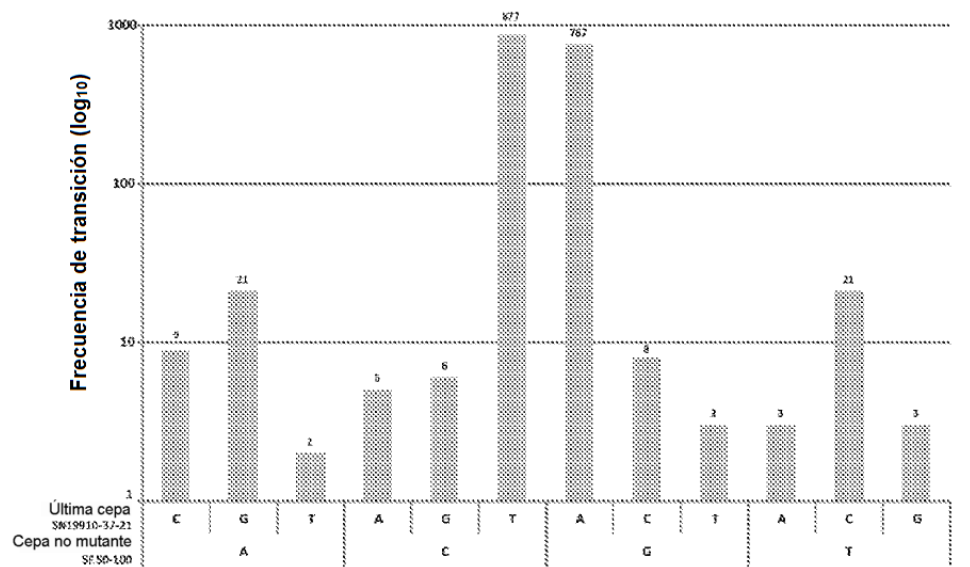


Figura 4

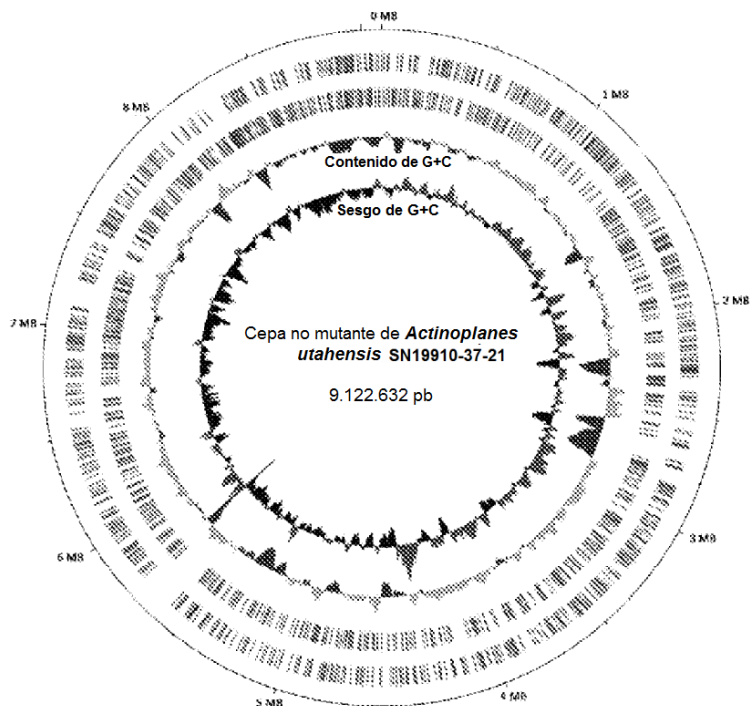


Figura 5

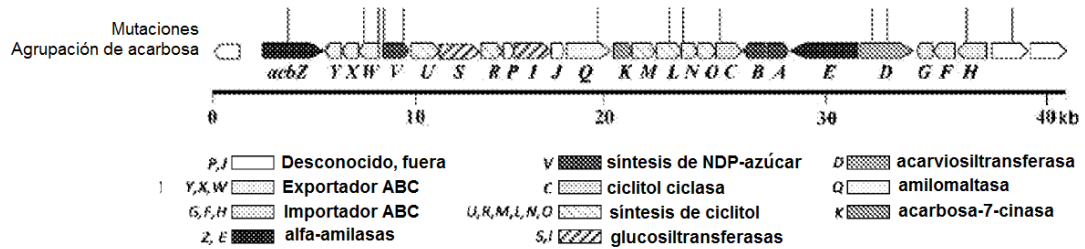


Figura 6