



Title	偏性細胞内寄生性細菌クラミジアの宿主細胞への適応機構に関する研究
Author(s)	石田, 香澄
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(保健科学)
Dissertation Number	甲第11864号
Issue Date	2015-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.k11864
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/58648
Type	doctoral thesis
File Information	Kasumi_Ishida.pdf



学 位 論 文

偏性細胞内寄生性細菌クラミジアの宿主細胞への
適応機構に関する研究

石 田 香 澄

北海道大学大学院保健科学院
保健科学専攻先進医療科学コース

2014年度

目次

要約	...	4
略語一覧	...	6
第1章 序章：偏性細胞内寄生性細菌クラミジアの概要	...	7
1-1 第1章概要	...	8
1-2 緒言	...	8
1-3 クラミジアの発見と分類	...	8
1-4 病原性クラミジアと環境クラミジア	...	9
1-5 クラミジアの細胞内増殖様式と分泌装置	...	10
1-6 結論	...	11
1-7 参考文献	...	12
第1章図表	...	16
第2章 自由生活性アメーバに共生する環境クラミジア <i>Neochlamydia</i> S13 の共生様式から紐解くクラミジアの宿主細胞への適応機構 -ドラフトゲノム解析を中心に-	...	20
2-1 第2章概要	...	21
2-2 緒言	...	22
2-3 対象と方法	...	22
・ アメーバ		
・ レジオネラ		
・ アメーバへの感染		
・ クラミジアの精製とゲノム DNA の抽出		
・ ゲノムシーケンシング、アノテーション、代謝経路予測と比較ゲノム		
・ 蛋白質の立体構造予測		
・ 系統解析		
・ 透過型電子顕微鏡解析(TEM)		
・ 統計解析		
2-4 結果	...	24
・ <i>Neochlamydia</i> S13 が共生するアメーバはレジオネラを撃退する		
・ <i>Neochlamydia</i> S13 ドラフトゲノムの概要		
・ <i>Neochlamydia</i> S13 の不完全な代謝経路について		
・ <i>Neochlamydia</i> S13 の分泌装置と外膜蛋白質について		
・ <i>Neochlamydia</i> S13 の LRR やアンキリンドメインを含む蛋白質をコードすると予測される遺伝子について		
・ <i>Neochlamydia</i> S13 のトランスポゼースについて		
2-5 考察	...	28
2-6 結論	...	31
2-7 参考文献	...	32
第2章図表	...	38

第3章 病原性クラミジアの III 型分泌装置エフェクターCopN と相互作用する 宿主細胞分子の探索	...	56
3-1 第 3 章概要	...	57
3-2 緒言	...	58
3-3 対象と方法	...	59
・ ヒト株化細胞		
・ クラミジアと細胞への感染		
・ 組換え CopN の作製		
・ プルダウンアッセイと質量分析		
・ RNA の抽出と RT-PCR、qRT-PCR		
・ Aldolase A ノックダウン細胞の作製		
・ 封入体形成試験		
・ 蛍光免疫染色		
・ ウェスタンブロット法		
・ 統計解析		
3-4 結果	...	62
・ <i>C. pneumoniae</i> CopN は aldolase A と相互作用する		
・ Aldolase A ノックダウン細胞内でのクラミジアの増殖		
・ <i>C. pneumoniae</i> 感染細胞内での aldolase A 遺伝子発現変化		
3-5 考察	...	64
3-6 結論	...	65
3-7 参考文献	...	66
第 3 章図表	...	71
第4章 統括	...	76
4-1 環境クラミジア <i>Neochlamydia</i> S13 と宿主アメーバの共生様式モデルの提唱	...	77
4-2 病原性クラミジア <i>C. pneumoniae</i> の III 型分泌装置エフェクターCopN と aldolaseA との会合を介した細胞内生存戦略モデルの提唱	...	77
4-3 今後の展望	...	78
第 4 章図表	...	79
謝辞	...	81
別冊 第 2 章 表 1. <i>Neochlamydia</i> S13 の遺伝子 ID と遺伝子の特徴	...	82

要約

偏性細胞内寄生性細菌であるクラミジアは、1907年にトラコーマの原因因子として発見された。しかし、細菌として分類されたのは1966年であり、それまでは培地中で培養できず濾過器を通過することからウイルスであると考えられていた。現在クラミジアは8科に分類されているが、大きく「病原性クラミジア」（例えば *Chlamydia pneumoniae* や *Chlamydia trachomatis*）と「環境クラミジア」（例えば *Neochlamydia* や *Protochlamydia*）に二分することができる。前者はヒトなどの脊椎動物に感染して病気を引き起こし、後者はアメーバなどの原生動物にも感染する。両者のゲノムサイズを比較すると、病原性クラミジアのゲノムは約1.0 Mbp に対して環境クラミジアは約2.5 Mbp と、約2~3倍大きいことがわかった。この違いは両者が進化の過程でそれぞれの宿主に合わせてゲノムを再構築してきたからであると考えられている。しかしながら、両者は共通した性質も保持しており、例えばクラミジアは宿主細胞への感染や増殖に、II型分泌装置やIII型分泌装置から宿主細胞に注入されるエフェクターを巧みに利用する。また、増殖様式についても共通しており、そのクラミジア独自の様式は増殖環と呼ばれる。このように病原性クラミジアと環境クラミジアは約7~10億年前に分岐してから独自に進化してきたにも関わらず、多くの共通した性状を持ち合わせていることから、本博士論文では両方のクラミジアを研究対象とすることで、異なる角度からクラミジアの宿主細胞への適応機構を解明することにした。

1. ドラフトゲノム解析による環境クラミジア *Neochlamydia* S13 のアメーバ内共生様式の解明

我々が以前報告した札幌の河川から分離し株化したアメーバに共生する環境クラミジア *Neochlamydia* S13 は、今までに報告された環境クラミジアとは異なる特徴を持つ。例えば *Neochlamydia* S13 はアメーバを破壊せずに新しい宿主アメーバへと移行すると考えられ、またアメーバから取り出された本菌は二度と他のアメーバに再感染しない。このような特徴から、*Neochlamydia* S13 は宿主アメーバに強く依存していると考えられるが、その理由やメカニズムについては不明である。また *Neochlamydia* S13 が感染するアメーバは非感染アメーバと比べて増殖能や運動能が低下することが示されており、本菌はアメーバにとって負担となっている可能性がある。しかしながら、アメーバは *Neochlamydia* S13 の感染を許容しており、本菌の感染は宿主アメーバに何らかのメリットを与えていると予想される。本研究で我々は *Neochlamydia* S13 が共生しているアメーバ内では通性細胞内寄生性細菌であるレジオネラが増殖できないことを明らかにした。さらに我々は本菌がアメーバへ強く依存する理由を探索すべく、*Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム解析を行ったところ、本菌は解糖系やTCAサイクルなど、主要な代謝経路の重要な酵素を欠いていることが明らかになった。また、ADP/ATP トランスロケースやATP結合カセットトランスポータなどの膜輸送に関わる遺伝子は比較的良く保存されていた。分泌装置に関してはII型、III型分泌装置は保存されているがIV型分泌装置は保存されていないことがわかった。さらに他の環境クラミジアとは対照的に *Neochlamydia* S13 のゲノムには外膜に局在すると推定される外膜蛋白質をコードする遺伝子が少数しか保存されていないことがわかった。また蛋白質間相互作用に重要なLRR (Leucine-rich repeat) やアンキリンリピートドメインを含む遺伝子が複数保存されていた。さらにトランスポゼースが33個みつかったことから、*Neochlamydia* S13 はゲノムサイズの減少を伴わない大規模なゲノム修飾が起こった可能性が考えられた。以上のように、本研究で明らかにした *Neochlamydia* S13 のゲノムの特徴から、本菌は不完全な代謝経路を代償するために宿主アメーバと強く依存していることが示唆された。また、*Neochlamydia* S13 が感染することで宿主アメーバ内でのレジオネラ増殖が抑制されたこと

から、本菌はレジオネラに対する宿主アメーバの防御において重要な役割を果たしていると考えられる。これらの研究成果はクラミジアと宿主細胞の新たな感染モデルを提示するだけでなく、生物間の共生メカニズムを理解する上で重要なヒントを与えるかもしれない。

2. 病原性クラミジアの III 型分泌装置エフェクター CopN の標的分子探索

病原性クラミジアはヒトに感染し、性感染症や肺炎などを引き起こす。クラミジアは宿主細胞内で効率よく増殖するためにグラム陰性細菌に広く保存されている III 型分泌装置を利用しており、それから分泌されるエフェクター分子が宿主細胞の様々な恒常的機能を修飾する。CopN (Chlamydial outer protein N) はクラミジア III 型分泌装置のエフェクターであり、クラミジアの細胞内増殖に必須であることが示唆されている。しかしながら CopN が標的とする分子や、宿主細胞の修飾メカニズムについては不明な点が多い。そこで我々は CopN が標的とする未知の宿主分子を検出し、同定することにした。まず初めに、大腸菌を用いて GST (Glutathione S-transferase) 融合 CopN 蛋白質 (GST-CpCopN : GST と *Chlamydia pneumoniae* TW183 CopN の融合蛋白質、GST-CtCopN : GST と *Chlamydia trachomatis* D/UW-3/CX CopN の融合蛋白質) を作製した。そして、これらとヒト株化上皮細胞 HEp-2 細胞を細胞溶解液で破壊した際の上清を合わせてプルダウンアッセイを行い CopN と結合する HEp-2 細胞蛋白質の検出を行った。その結果、GST-CpCopN とのみ特異的に結合する HEp-2 細胞由来の蛋白質の存在を確認した。これを質量分析 (nano LC-MS/MS) にて解析すると、解糖系酵素の fructose-bisphosphate aldolase A (aldolase A) であることがわかった。また、クラミジア感染細胞における aldolase A の役割を明らかにするために aldolase A 特異的な siRNA を添加して aldolase A をノックダウンした細胞にクラミジアを感染させたところ、クラミジアの増殖が促進することがわかった。さらに、クラミジア感染時の aldolase A の発現を RT-PCR と qRT-PCR で確認したところ、非感染細胞に比べて感染細胞で aldolase A の発現が上昇する傾向にあることがわかった。以上のように、本研究は *C. pneumoniae* の CopN が aldolase A と相互作用することを明らかにした。CopN がなぜ aldolase A と相互作用するのかを理解するためには更なる検討が必要だが、CopN は aldolase A と結合することで aldolase A のクラミジア増殖抑制機能を阻止している可能性が考えられる。本研究成果は CopN の新たな標的分子を提示すると共に、クラミジアの細胞内生存戦略の解明にも貢献するものと考えられる。

略語一覽

ATCC: American type culture collection
Arp2/3: Actin-related protein 2/3
BCYE: Buffered charcoal yeast extract
BLAST: Basic local alignment search tool
CB: Crescent body
CBB: Coomassie brilliant blue
cDNA: complementary DNA
CFU: Colony-forming unit
CopN: Chlamydial outer protein N
CPAF: Chlamydia protease-like activity factor
DAPI: 4',6-Diamidino-2-Phenylindole
DMEM: Dulbecco's modified Eagle's medium
EB: Elementary body
ED: Entner-Doudoroff
EM: Embden-Meyerhof
FCS: Fetal calf serum
FITC: fluorescein isothiocyanate
GAPDH: Glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase
GST: Glutathione S-transferase
HRP: Horseradish peroxidase
IFU: Inclusion forming unit
IncA: Inclusion protein A
IPTG: Isopropyl β -D-1-thiogalactopyranoside
kDa: kilodalton
LB: Lysogeny Broth
LGV: Lymphogranuloma venereum
LPS: Lipopolysaccharide
LRR: Leucine-rich repeat
MOI: Multiplicity of infection
MxiC: Membrane expression of Ipa C
nano LC-MS/MS: nano liquid chromatography-mass spectrometry/ mass spectrometry
PCR: Polymerase chain reaction
PomS: Protochlamydial outer membrane S
PVDF: Polyvinylidene difluoride
qRT-PCR: Quantitative reverse transcription polymerase chain reaction
RB: Reticular body
RpoD: RNA polymerase sigma factor RpoD
RT-PCR: Reverse transcription polymerase chain reaction
Scar: Suppressor of cAMP receptor
SDS-PAGE: Sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoresis
siRNA: small interfering RNA
SNARE: soluble NSF attachment protein receptor
TARP: Translocated actin-recruiting phosphoprotein
TBS: Tris-buffered saline
TCA: Tricarboxylic acid
TyeA: Translocation of Yops into eukaryotic cells A
WASP: Wiskott–aldrich syndrome protein
YopN: *Yersinia* outer membrane protein N

第 1 章

序章：偏性細胞内寄生性細菌クラミジアの概要

1-1 第1章概要

第1章では既存の報告をもとにクラミジアについて概説すると共に、なぜクラミジアの研究を行ったのか、その背景と目的について述べる。

偏性細胞内寄生性細菌であるクラミジアは、1907年にトラコーマの原因因子として発見された[1, 2, 3]。しかし、細菌として分類されたのは1966年であり、それまでは培地中で培養できず濾過器を通過することからウイルスであると考えられていた[9, 11]。現在クラミジアは8科に分類されているが、大きく「病原性クラミジア」と「環境クラミジア」に二分することができる[13, 14]。前者は主にヒトなどの脊椎動物に感染して病気を引き起こし、後者はアメーバなどの原生動物にも感染する。両者のゲノムサイズを比較すると、病原性クラミジアのゲノムは約1.0 Mbpに対して環境クラミジアは約2.5~3.0 Mbpと約2~3倍大きい。このゲノムサイズの違いはクラミジアの祖先が分岐した7~10億年前からの進化の過程で、病原性クラミジアでのみゲノムのスリム化が起こったためと考えられ、環境クラミジアは病原性クラミジアがすでに失った分子や改変される前のプロトタイプ分子を温存していると考えられている[21-23]。しかしながらその一方で、両者は共通した性質も保持している。例えばクラミジアはII型あるいはIII型分泌装置から宿主細胞内に注入される菌体分子(エフェクターと呼ぶ)を巧みに利用することで、感染細胞内を最適化し増殖を可能にしている[40, 41]。また、その細胞内では、大腸菌など他の細菌には見られない二相性の増殖環と呼ばれる独特な様式にて増殖する。このように病原性クラミジアと環境クラミジアは異なる宿主内で独自に進化してきたにも関わらず、多くの共通した性状を持ち合わせていることから、本博士論文では両方のクラミジアを研究対象とすることで、異なる角度からクラミジアの宿主細胞への適応機構について解明することにした。

1-2 緒言

本博士論文の研究対象であるクラミジアは細菌であるが、その中でも「偏性細胞内寄生性」という特徴を持つ。これは一般的な細菌、例えば大腸菌などとは異なり、歴史的に鑑み宿主細胞の中でしか生存・増殖することができないという性質であるが、この性質がクラミジアの培養・検出や遺伝子組換え操作を困難にさせ、他の細菌に比べて研究が立ち後れてしまった要因である。しかしながらクラミジアの発見から約100年経った現在、さまざまな興味深い知見が徐々にではあるが明らかになってきた。例えば、クラミジアは他の細菌には見られない二相性の増殖環を有すること、ヒトに感染するものだけでなくアカントアメーバ(以下アメーバ)といった原生動物に感染するクラミジアが土壌や水系の自然環境に広く生息すること、エネルギー産生のために必要な代謝経路が不完全であること、他の細菌同様に分泌装置から宿主細胞に注入されるエフェクターを巧みに利用して感染細胞内の環境を最適化し増殖することなど、極めて価値の高い生物学的特徴がこれまでに発見されてきた。そこで、本章では既存の報告に基づき、現在までに明らかになっているクラミジアの細胞内増殖様式と細胞内環境の最適化(修飾)機構の特徴について概説するとともに、なぜクラミジアの研究を行ったのか、その背景と目的を述べる。

1-3 クラミジアの発見と分類

クラミジアは1907年にトラコーマの原因因子としてジャワ島でHalberstädterとvon Prowazekによって発見された。彼らはギムザ染色したトラコーマ患者の結膜上皮細胞内に小胞を観察し、その中の青く染まる粒子がマントに覆われているように見えたことから、ギリシャ語でマントを意味する *khlamus* から「*Chlamydozoa* (=マントを被った原生動物)」と名付けた[1-3]。現在ではもちろん、細胞内小胞中の病原体が原生動物ではなく細菌であるとわかっているが、「*Chlamydia*」という名称はトラコーマや性感染症起因菌の *Chlamydia trachomatis* にはもちろん、*Chlamydiaceae* や *Chlamydiae* など科や門の名称としても、現在

まで使用されている[2]。

一方、Halberstädter と von Prowazek によるクラミジア発見後、尿道炎や子宮頸炎の成人患者や非淋菌性結膜炎の新生児からも同じような小胞が検出され、さらにその後数年間で鼠径リンパ肉芽腫症 (LGV) の患者からも同じような細胞内小胞がみつまっている[4-6]。また、1920~1930 年にかけてオウム病の世界的なパンデミックが起こり、オウム病を引き起こすクラミジアの分離培養が行われた[1, 7, 8]。LGV やオウム病を引き起こすクラミジアは分離培養が可能であったが、濾過器を通過し人口培地で培養できなかったことから、しばらくの間クラミジアはウイルスであると考えられていた[9]。1942 年には Rake と Jones によって共通の補体結合抗原が同定され、トラコーマを引き起こすクラミジアも LGV やオウム病を引き起こすクラミジアと同じグループに属することが示された[10]。そしてその後の研究により、クラミジアは DNA と RNA の両方、リボソーム、さらにグラム陰性細菌と同様の細胞壁を持つことが明らかとなり、1966 年について細菌として分類されるようになった[11]。このようにクラミジアが細菌として分類されるようになるまで発見から 60 年以上も時間がかかったのだが、その後もクラミジアの分類については多くの議論があり、1999 年に発表された Everett らの 16S rRNA 遺伝子による系統解析結果により、ようやく統一された[12]。さらにその後一部改変され、現在クラミジアは 8 科に分類されている (図 1) [13, 14]。

1-4 病原性クラミジアと環境クラミジア

これまでの研究により、クラミジアはヒトなどの脊椎動物に感染して病気を引き起こすもの以外に、アメーバなどの原生動物に感染することができるクラミジアの存在も確認されており、一般的に前者を「病原性クラミジア」、後者を「環境クラミジア」と呼ぶ (図 1)。病原性クラミジアには、クラミジア発見のきっかけとなったトラコーマや性感染症の起原菌である *Chlamydia trachomatis*、肺炎などの呼吸器感染症を引き起こす *Chlamydia pneumoniae*、オウム病の起原菌である *Chlamydia psittaci* などが挙げられる。例えば、*C. trachomatis* が引き起こすトラコーマは中国やエジプトでは紀元前から知られ、エジプトのパピルスにもその記載があったといわれているが、現在でもアフリカやアジアなどの公衆衛生環境が劣悪な地域で感染が蔓延しており、失明の原因となっている[1, 15]。また、*C. pneumoniae* は呼吸器感染症の他に喘息や粥状動脈硬化症などの慢性疾患の原因となる可能性が、近年の研究により明らかになりつつある[16, 17]。このように病原性クラミジアはヒトに感染し様々な疾患を引き起こすが、環境クラミジアはヒトへの感染性や病原性についてほとんど報告がなく、一部、肺炎や流産との関連性が指摘されているのみである[18-21]。

病原性クラミジアと環境クラミジアのゲノムサイズを比較すると、病原性クラミジアのゲノムは約 1.0 Mbp に対して環境クラミジアはその約 2~3 倍大きいことがわかり、この違いは両者が進化の過程でゲノムを再構築してきたからであると考えられている[21-23]。クラミジアの祖先が病原性クラミジアと環境クラミジアに分岐したのは今から 7~10 億年前に遡り、分岐後あるグループのクラミジアは安定した環境を提供する哺乳動物細胞に適応する過程で多くの遺伝子を捨て去り、改変することで現在の病原性クラミジアとなった[15]。その一方で分岐後に、温度や栄養環境が不安定な自然環境に生息する単細胞性の原生生物内で進化したクラミジア祖先は、過酷な環境に生息するアメーバの共生細菌故にゲノムのスリム化が見られず、遺伝子の水平伝播などによりゲノムを獲得していったと考えられている[24]。また、病原性クラミジアと環境クラミジアの両方に植物由来の蛋白質と相同性のある蛋白質をコードする遺伝子が多数保存されていることから、クラミジア祖先と植物間で何らかの相互作用があったことが示唆され、クラミジアと植物間で遺伝子の受け渡しが、クラミジアの進化に何らかの影響を与えたものと推察される[23, 25-27]。このように、病原性クラミジアと環境クラミジアのゲノムは、それぞれの宿主に適応するために

その進化の過程で、独自に大きく変化し、それが現在の宿主特異性や病原性の獲得に関係すると考えられる。またその結果、細胞内寄生性という共通した性質はどちらにも見られるものの、主要な代謝経路(例えば TCA 回路: 病原性クラミジアは不完全だが、ほとんどの環境クラミジアには完全に保存されている)に大きな差異を生じた (図 2)。

1-5 クラミジアの細胞内増殖様式と分泌装置

前項では病原性クラミジアと環境クラミジアの違いについて述べたが、本項では他の細菌には見られないがクラミジアに共通して存在する「増殖環」と呼ばれる二相性の増殖様式と、その際にクラミジアが利用する分泌装置とそこから宿主細胞に打ち込まれるエフェクター分子について述べる。

クラミジアは宿主細胞に感染し、増殖環と呼ばれる独自の様式で増殖する。また、クラミジアは基本小体 (EB: elementary body) と網様体 (RB: reticular body) と呼ばれる二種類の形態をとる。まず、感染性のある EB が宿主細胞に付着・侵入し、やがて感染性はないが増殖能がある RB へと変化する。RB は封入体と呼ばれる細胞膜に包まれた小胞の中で二分増殖を繰り返し、やがて EB へと再び姿を変える。その後、封入体が細胞外へ放出されるか、あるいは細胞が破壊されてクラミジアが放出され、EB は新たな宿主細胞へと感染し、再び増殖環が開始する (図 3A)。病原性クラミジア、環境クラミジアともに同じような増殖環を持つが、それぞれの増殖ステージでの菌体構造を詳しく見ると、一部の環境クラミジアは病原性クラミジアのような球形構造をとらないものもある[28-31]。また、*Protochlamydia amoebophila* はアメーバ内での感染時間が長くなると三日月体 (CB: crescent body) と呼ばれる形態に変化するが、CB も EB と同様に感染性があるとされている[32]。さらに、封入体内の様子にも一部違いが認められており、例えば、病原性クラミジアは一つの封入体内で RB が増殖するため、大きな封入体の中に複数の菌体が存在するが、環境クラミジアの多くは宿主細胞内に多数の封入体が存在する[32-35] (図 3B)。

このようにクラミジアは増殖環と呼ばれる独自の様式で非常に効率良く細胞内で増殖するが、食食殺菌など異物を排除するシステム(病原性クラミジアが適応した哺乳動物では自然免疫応答)から回避する必要がある、宿主細胞の中で増殖することは決してクラミジアにとって容易なことではない。これらの問題を克服するために、クラミジアは菌体表面に不均一に配備したニードル状の突起構造すなわち分泌装置とそこから宿主細胞に打ち込むエフェクター分子を巧みに利用し宿主細胞の排除機構を回避していると考えられている。細菌には様々な分泌装置が観察され、現在までに計 7 種類の分泌装置の存在が報告されている。どちらのクラミジアにも II 型と III 型分泌装置が存在するが、一部の環境クラミジアには更に IV 型分泌装置がみついている[36-39]。II 型と III 型分泌装置の構造や分泌の仕組みは異なるが、どちらも宿主細胞の小胞輸送系や、異物感知システムが引き金となって惹起される細胞死誘導を攪乱あるいは阻止するエフェクターと呼ばれる蛋白質を宿主細胞質に直接注入する機能を持つと予想されている[40, 41]。II 型分泌装置から打ち込まれる代表的なエフェクターとしては CPAF (chlamydia protease-like activity factor) とよばれているプロテアーゼがあり、病原性クラミジアと環境クラミジアの両方に良く保存されている[2, 21, 42]。CPAF は宿主細胞のアポトーシス抑制やクラミジアの脂質獲得において中心的な役割を演じるが、CPAF 自身の非常に強いプロテアーゼ活性により実験操作によっては用意に活性化し人為的な蛋白質分解を生じてしまうので、新たな機能解析法の開発が必要とされている[42, 43]。また病原性クラミジアの III 型分泌装置を介して菌体から宿主細胞の細胞質に移行するエフェクターについては既に複数同定されており、感染細胞内で標的となる分子と会合することで標的分子の機能修飾を介して宿主細胞内での増殖・生存に貢献している (表 1)。例えば TARP (translocated actin-recruiting phosphoprotein) は、EB が付着した感染細胞の細胞膜直下のアクチンの再重合を促進することで菌体の非食細胞への侵入

を促進する[44]。また III 型分泌装置から封入体膜に打ち込まれるエフェクター Inc 蛋白質は、封入体膜の維持に重要であり、例えば IncA は宿主の小胞膜融合に重要な SNARE (soluble NSF attachment protein receptor) に非常に良く似た構造をとり、封入体膜同士を融合させる[44]。一方、環境クラミジアにおける III 型分泌装置とエフェクターについては、ゲノム情報からその存在は予想されているものの、その役割や機能についてはほとんど分かっていない。しかしながら、*Waddlia chondrophila* は III 型分泌装置阻害剤を添加すると宿主細胞内での増殖が抑制されることや *P. acanthamoebae* は病原性クラミジアと同様に感染初期から中期にかけて III 型分泌装置に関わる遺伝子を発現させることから、環境クラミジアにおいても III 型分泌装置は宿主細胞内での増殖に必要であると示唆される[45, 46]。このように現在までの研究から病原性クラミジアと環境クラミジアが分泌装置から打ち込むエフェクター分子を介して宿主細胞内の環境を最適化しながら増殖環と呼ばれる独自の様式で増殖することがようやくわかってきた。しかしながら、クラミジアの遺伝子改変技術は困難であり、大腸菌、サルモネラあるいは赤痢菌などその他の一般的な細菌と比べると、細胞内での適応機構については不明な点がまだまだ多いのが現状である。

1-6 結論

本章では現在までに明らかにされている知見をもとに、クラミジアについての概略を述べた。クラミジアは 7~10 億年前に病原性クラミジアと環境クラミジアの二つのグループに分岐し、それぞれ独自に進化してきたと考えられるが「偏性細胞内寄生性」という大きな特徴は共有している。また、「増殖環」と呼ばれるクラミジア独自の増殖様式の特徴や、宿主細胞内で生存するために「分泌装置」とそこから分泌される「エフェクター分子」を利用する、という性状も病原性クラミジアと環境クラミジアで共通しているようである。これらの背景から、病原性クラミジアと環境クラミジアの両方について理解することが、クラミジアの宿主細胞への適応機構を紐解く上で重要であると考え、私は病原性クラミジアと環境クラミジアの両方を研究対象として、クラミジアの宿主細胞への適応機構について新たな知見を見出すことを試みた。本博士論文では以下の二つの研究結果を示し、それぞれ、第 2 章と第 3 章で詳しく述べていく。

- ドラフトゲノム解析による環境クラミジア *Neochlamydia* S13 の性状とアメーバへの共生様式解明 (第 2 章) (第 2 章内容は以下論文に掲載済: PLoS ONE 9:e95166, 2014)
- 病原性クラミジアの III 型分泌装置エフェクター CopN の標的分子と機能解明 (第 3 章) (第 3 章内容は以下論文に掲載済: BMC Microbiology 14:330, 2014)

1-7 参考文献

1. 熊本悦明、橋爪壮 編著 (1988) クラミジア感染症の基礎と臨床. 金原出版株式会社.
2. Subtil A, Collingro A, Horn M (2014) Tracing the primordial Chlamydiae: extinct parasites of plants? *Trends Plant Sci* 19:36-43.
3. Halbersta'dter, L. and von Prowazek, S (1907) Uber Zelleinschlüsse parasita'rer Natur beim Trachom. *Arbeiten aus dem Kaiserlichen Gesundheitsamte Berlin* 26:44-47.
4. Nunes A, Gomes JP (2014) Evolution, phylogeny, and molecular epidemiology of *Chlamydia*. *Infect Genet Evol* 23:49-64.
5. Lindner K (1910) Zur aetiologie der gonokokken-freien urethritis. *Wien. Klin Wochenschr* 8:283-284.
6. Durand N.J, Nicolas J, Favre M (1913) Lymphogranulomatose inguinale subaiguë d'origine g'nitale probable, peut-être v'n'rienne. Bulletin de la Soci'te des M'edecins des H'opitaux de Paris 35:274-288.
7. Coles A.C (1930) Micro-organisms in psittacosis. *Lancet* 1:1011-1012.
8. Lillie R.D (1930) Psittacosis: rickettsia-like inclusions in man and in experimental animals. *Public Health Report* 45:773-778.
9. Miyagawa Y, Mitamura T, Yaoi H, Ishii N, Okanishi J (1935) Fourth report: studies on the virus of lymphogranuloma inguinale Nicolas, Favre and Durand. Cultivation of the virus on the chorioallantoic membrane of the chicken embryo. *Jpn J Exp Med* 13:733-738.
10. Rake G, Jones H.P (1942) Studies on lymphogranuloma venereum: I. development of the agent in the yolk sac of the chicken embryo. *J. Exp. Med.* 75:323-338.
11. Moulder J.W (1966) The relation of the psittacosis group (Chlamydiae) to bacteria and viruses. *Annu Rev Microbiol* 20:107-130.
12. Everett KD, Bush RM, Andersen AA (1999) Emended description of the order *Chlamydiales*, proposal of *Parachlamydiaceae* fam. nov. and *Simkaniaceae* fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family *Chlamydiaceae*, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms. *Int J Syst Bacteriol* 49:415-440.
13. Greub G (2010) International Committee on Systematics of Prokaryotes Subcommittee on the taxonomy of the *Chlamydiae*. *Int J Syst Evol Microbiol* 60:2691-2693.
14. Niemczuk K, Truszczyński M, Szymanska-Czerwinska M (2012) *Chlamydiales* – Taxonomy, Pathogenicity, and Zoonotic Potential. *Bull Vet Inst Pulawy* 56:267-270.
15. WHO (2006) Trachoma control: a guide for programme managers.
16. Belland RJ, Ouellette SP, Gieffers J, Byrne GI (2001) *Chlamydia pneumoniae* and atherosclerosis. *Cell Microbiol* 6: 117-127.

17. Hahn DL, Schure A, Patel K, Childs T, Drizik E, Webley W (2012) *Chlamydia pneumoniae*-specific IgE is prevalent in asthma and is associated with disease severity. *PLoS ONE* 7:e35945.
18. Niemi S, Greub G, Puolakkainen M (2011) *Chlamydia*-related bacteria in respiratory samples in Finland. *Microbes Infect* 13:824-827.
19. Lamoth F, Greub G (2010) Amoebal pathogens as emerging causal agents of pneumonia. *FEMS Microbiol Rev* 34:260-280.
20. Baud D, Thomas V, Arafa A, Regan L, Greub G (2007) *Waddlia chondrophila*, a Potential Agent of Human Fetal Death. *Emerg Infect Dis* 13:1239-1243.
21. Horn M (2008) Chlamydiae as Symbionts in Eukaryotes. *Annu Rev Microbiol* 62:113-131.
22. Omsland A, Sixt BS, Horn M, Hackstadt T (2014) Chlamydial metabolism revisited: interspecies metabolic variability and developmental stage-specific physiologic activities. *FEMS Microbiol Rev* 38:779-801.
23. Horn M, Collingro A, Schmitz-Esser S, Beier CL, Purkhold U, Fartmann B, Brandt P, Nyakatura GJ, Droege M, Frishman D, Rattei T, Mewes HW, Wagner M (2004) Illuminating the Evolutionary History of Chlamydiae. *Science* 30:728-730.
24. Kamneva O.K, Knight S.J, Liberles D.A, Ward N.L (2012) Analysis of genome content evolution in pvc bacterial super-phylum: assessment of candidate genes associated with cellular organization and lifestyle. *Genome Biol Evol* 4:1375–1390.
25. Greub G and Raoult D (2003) History of the ADP/ATP-translocase- encoding gene, a parasitism gene transferred from a *Chlamydiales* ancestor to plants 1 billion years ago. *Appl Environ Microbiol* 69:5530–5535.
26. Schmitz-Esser S, Linka N, Collingro A, L. Beier C, Neuhaus H.E, Wagner M, Horn M (2004) ATP/ADP translocases: a common feature of obligate intracellular amoebal symbionts related to *Chlamydiae* and *Rickettsiae*. *J Bacteriol* 186:683–691.
27. Ast M, Gruber A, Schmitz-Esser S, Neuhaus H.E, Kroth P.G, Horn M, Haferkamp I (2009) Diatom plastids depend on nucleotide import from the cytosol. *Proc Natl Acad Sci U.S.A* 106:3621–3626.
28. Karlsen M, Nylund A, Watanabe K, Helvik J V, Nylund S, Plarre H (2007) Characterization of ‘Candidatus *Clavochlamydia salmonicola*’: an intracellular bacterium infecting salmonid fish. *Environ Microbiol* 10:208–218.
29. Corsaro D, Thomas V, Goy G, Venditti D, Radek R, Greub G (2007) ‘Candidatus *Rhabdochlamydia crassificans*’, an intracellular bacterial pathogen of the cockroach *Blatta orientalis* (Insecta: *Blattodea*). *Syst Appl Microbiol* 30:221–228.
30. Kostanjsek R, Strus J, Drobne D, Avgustin G (2004) ‘Candidatus *Rhabdochlamydia*

- porcellionis', an intra-cellular bacterium from the hepatopancreas of the terrestrial isopod *Porcellio scaber* (Crustacea: Isopoda). *Int J Syst Evol Microbiol* 54:543–549.
31. Thomas V, Casson N, Greub G (2006) *Criblamydia sequanensis*, a new intracellular *Chlamydiales* isolated from Seine River water using amoebal coculture. *Environ Microbiol* 8:2125–2135.
 32. Greub G, Raoult D (2002) Crescent bodies of *Parachlamydia acanthamoebae* and its life cycle within *Acanthamoeba polyphaga*: an electron micrograph study. *Appl Environ Microbiol* 68:3076–3084.
 33. Michel R, Haurolder-Philippczyk B, Müller K-D, Weishaar I (1994) *Acanthamoeba* from human nasal mucosa infected with an obligate intracellular parasite. *Eur J Protistol* 30:104–110.
 34. Collingro A, Toenshoff ER, Taylor MW, Fritsche TR, Wagner M, Horn M (2005) 'Candidatus Protochlamydia amoebophila', an endosymbiont of *Acanthamoeba* spp. *Int J Syst Evol Microbiol* 55:1863–1866.
 35. Fritsche TR, Horn M, Wagner M, Herwig RP, Schleifer KH, Gautam RK (2000) Phylogenetic diversity among geographically dispersed *Chlamydiales* endosymbionts recovered from clinical and environmental isolates of *Acanthamoeba* spp. *Appl Environ Microbiol* 66:2613–2619.
 36. Collingro A, Tischler P, Weinmaier T, Penz T, Heinz E, Brunham RC, Read TD, Bavoil PM, Sachse K, Kahane S, Friedman MG, Rattei T, Myers GS, Horn M (2011) Unity in variety: the pan-genome of the *Chlamydiae*. *Mol Biol Evol* 28: 3253–3270.
 37. Horn M, Collingro A, Schmitz-Esser S, Beier CL, Purkhold U, Fartmann B, Brandt P, Nyakatura GJ, Droege M, Frishman D, Rattei T, Mewes HW, Wagner M (2004) Illuminating the evolutionary history of *Chlamydiae*. *Science* 304:728–730.
 38. Bertelli C, Collyn F, Croxatto A, Rückert C, Polkinghorne A, Kebbi-Beghdadi C, Goesmann A, Vaughan L, Greub G (2010) The *Waddlia* genome: a window into chlamydial biology. *PLoS ONE* 5:e10890.
 39. Greub G, Collyn F, Guy L, Roten CA (2004) A genomic island present along the bacterial chromosome of the *Parachlamydiaceae* UWE25, an obligate amoebal endosymbiont, encodes a potentially functional F-like conjugative DNA transfer system. *BMC Microbiol.* 4:48.
 40. 阿部章夫 (2008) 「病原細菌の分泌装置:その機能と病原性発揮のメカニズム」感染症学雑誌. 83:94-100.
 41. Fronzes R, Christie PJ, Waksman G (2009) The structural biology of type IV secretion systems. *Nat Rev Microbiol* 7:703-714.
 42. Häcker G (2014) The chlamydial protease CPAF: important or not, important for what?

Microbes Infect 16:367-370.

43. Chen AL, Johnson KA, Lee JK, Sütterlin C, Tan M (2012) CPAF: A Chlamydial Protease in Search of an Authentic Substrate. *PLoS Pathog* 8:e1002842.
44. Mueller KE, Plano GV, Fields KA (2014) New Frontiers in Type III Secretion Biology: the *Chlamydia* Perspective. *Infect Immun* 82:2-9.
45. Bertelli C, Collyn F, Croxatto A, Rückert C, Polkinghorne A, Kebbi-Beghdadi C, Goesmann A, Vaughan L, Greub G (2010) The *Waddlia* Genome: A Window into Chlamydial Biology. *PLoS One* 28:e10890.
46. Croxatto A, Murset V, Chassot B, Greub G (2013) Early expression of the type III secretion system of *Parachlamydia acanthamoebae* during a replicative cycle within its natural host cell *Acanthamoeba castellanii*. *Pathog Dis* 69:159-175.
47. Matsuo J, Kobayashi M, Nakamura S, Mizutani Y, Yao T, Hirai I, Yamamoto Y, Yamaguchi H (2010) Stability of *Chlamydophila pneumoniae* in a harsh environment without a requirement for acanthamoebae. *Microbiol Immunol* 54:63-73.
48. Hayashi Y, Nakamura S, Matsuo J, Fukumoto T, Yoshida M, Takahashi K, Mizutani Y, Yao T, Yamaguchi H (2010) Host range of obligate intracellular bacterium *Parachlamydia acanthamoebae*. *Microbiol Immunol* 54:707-713.

第 1 章図表

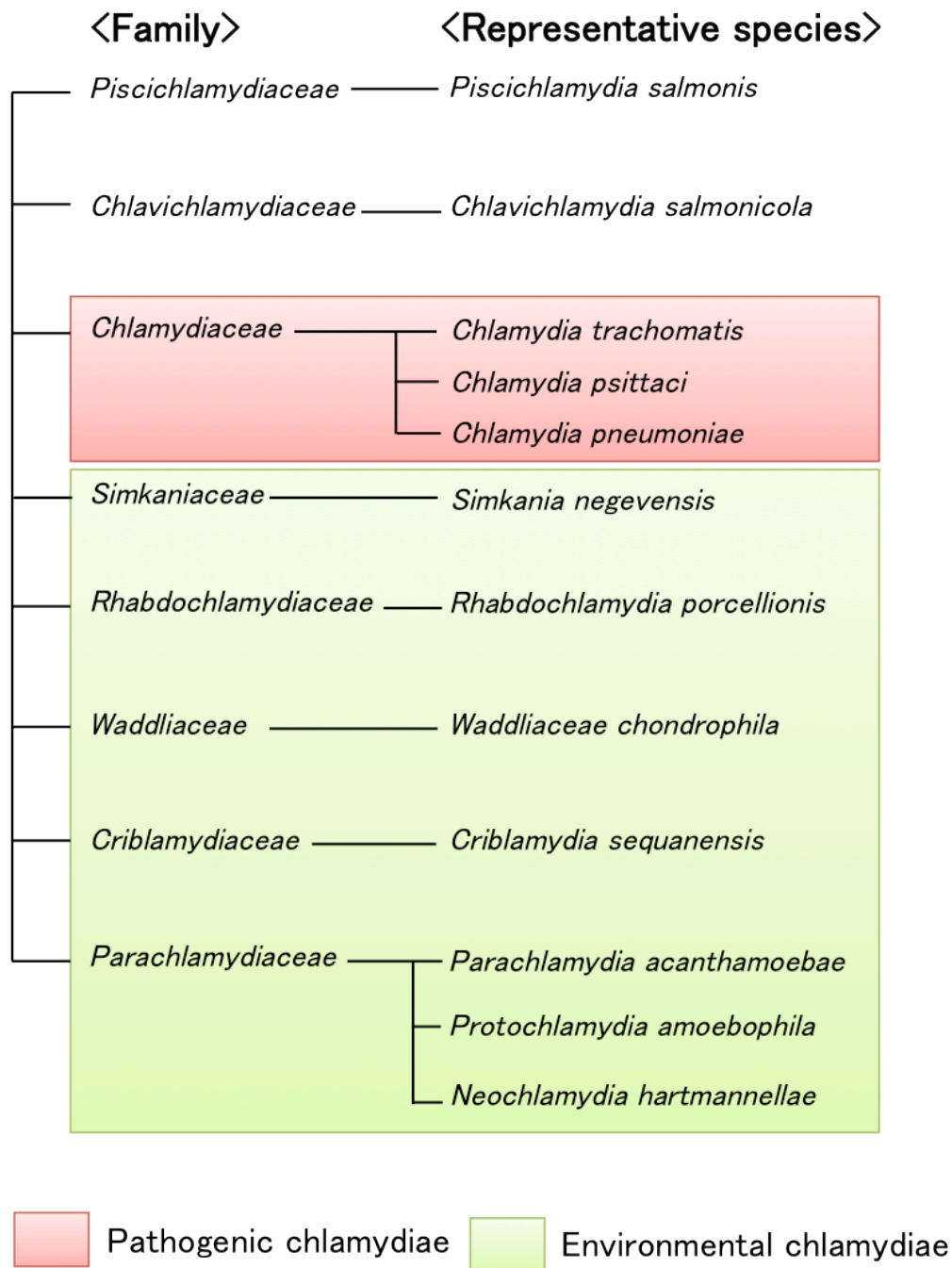


図 1. *Chlamydiales* に属する 8 科とその代表的な種

現在、*Chlamydiales* (目) は 8 種類の科に分類されており、その内 *Chlamydiaceae* (科) に属するクラミジアを病原性クラミジア (pathogenic chlamydiae)、*Simkaniaceae*、*Rhabdochlamydiaceae*、*Waddliaceae*、*Criblamydiaceae*、*Parachlamydiaceae* に属するクラミジアを環境クラミジア (environmental chlamydiae) と呼ぶ。参考文献 21 の図 1 を参考に改変した。

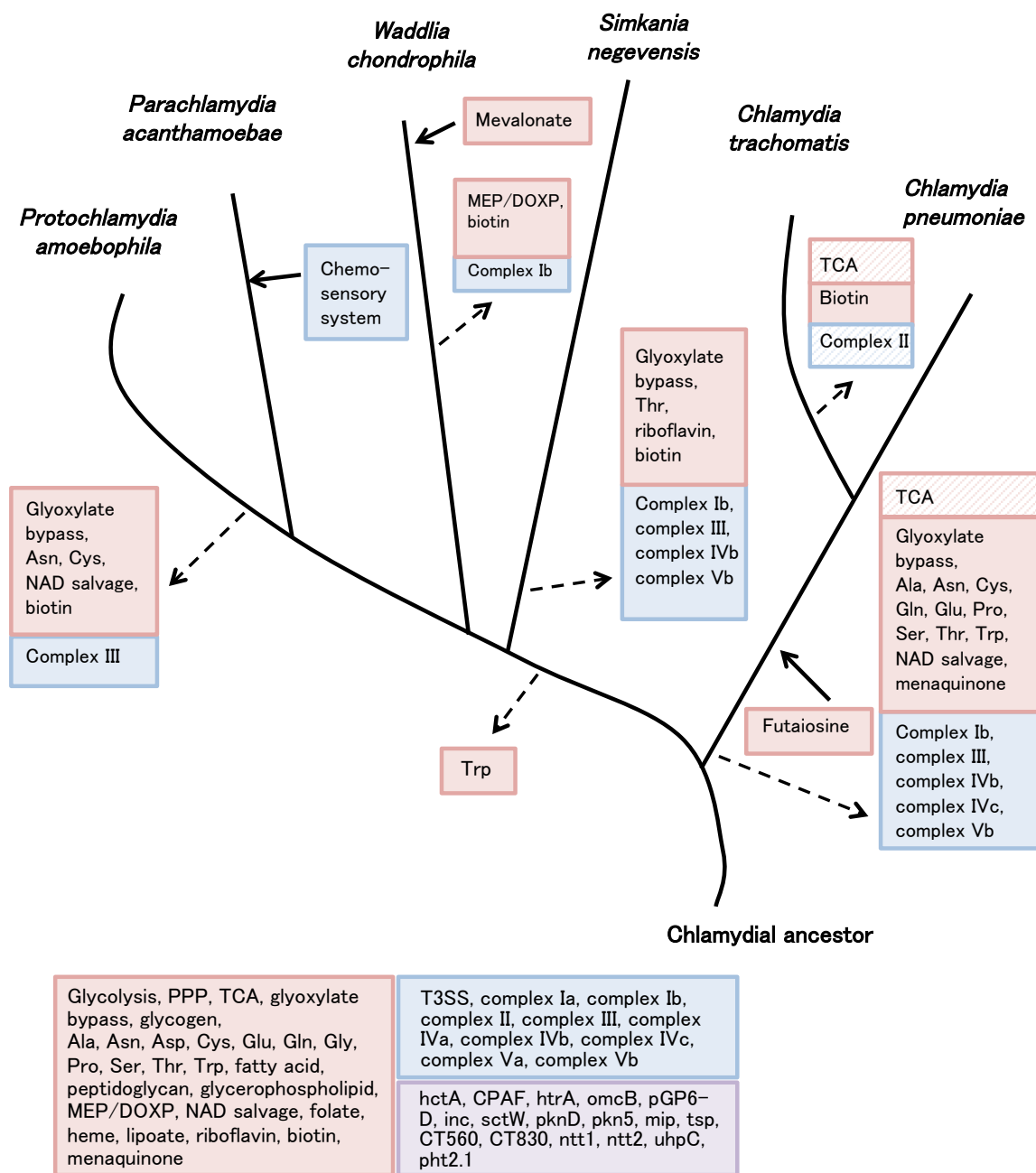
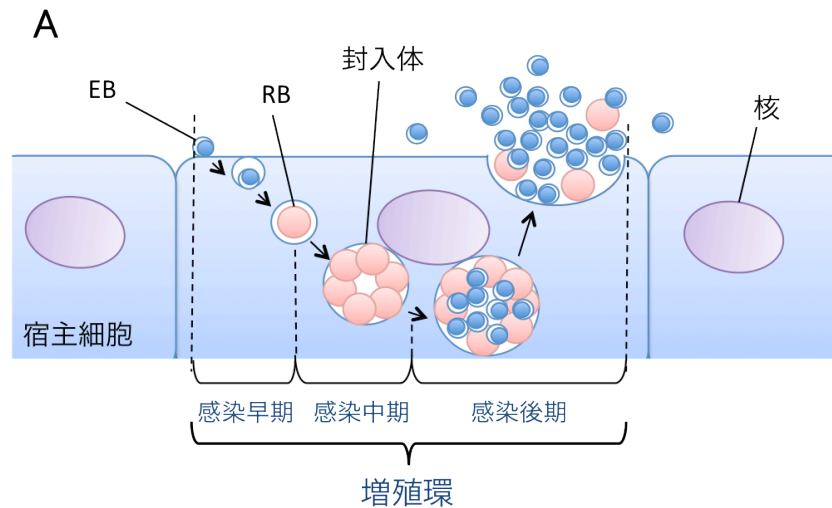


図 2. クラミジア祖先と現在のクラミジアに保存される遺伝子

病原性クラミジアと環境クラミジアの共通祖先に保存されていた遺伝子と、現存するクラミジアが獲得または喪失した遺伝子。赤色四角：代謝経路に関わる遺伝子。青色四角：蛋白質複合体に関わる遺伝子。紫色四角：クラミジア祖先に存在する病原性関連遺伝子と輸送に関わる遺伝子。斜線背景の四角：フレームシフト変異が入った遺伝子。黒線矢印：獲得した遺伝子。点線矢印：喪失した遺伝子。参考文献2の図2を参考に改変した。



B

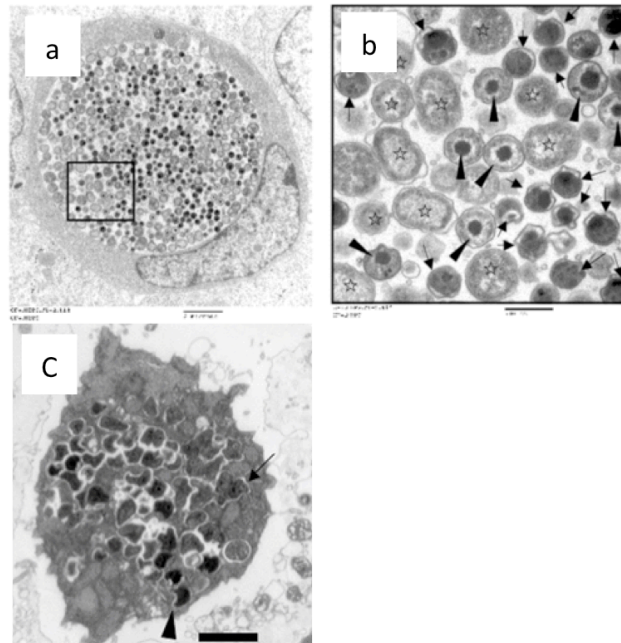


図 3.クラミジアの増殖環

A. クラミジアの感染性を保持する EB（基本小体）が宿主細胞に付着・侵入し、やがて感染性はないが増殖能がある RB（網様体）へと変化する（感染早期）。RB は封入体の中で二分裂増殖を繰り返し（感染中期）、EB へと再び姿を変える。その後、クラミジアが細胞外へ放出され（感染後期）、EB は新たな宿主細胞へと感染し、再び増殖環が開始する。この図は病原性クラミジアの増殖環を示すが、環境クラミジアもアメーバなどの宿主内で同様の増殖環を持ち、一部の環境クラミジアは三日月体（CB: 三日月体）と呼ばれる菌体構造をとる。B. 典型的な封入体の透過型電子顕微鏡像。(a, b) ヒト株化細胞株 HEp-2 内で増殖する病原性クラミジア(*C. pneumoniae*) (画像は参考文献 47 から引用)。矢頭 : EB。星印 : RB。(c) アメーバ内で増殖する環境クラミジア(*P. acanthamoebae*) (画像は参考文献 48 から引用)。矢頭 : EB。矢印 : RB。

Effector	Species range	Intracellular localization	Host target(s)
Tarp	Conserved	Cytosol	Actin
CT694	<i>C. trachomatis</i> , <i>C. muridarum</i>	Cytosol	Ahnak
ChlaOTU	<i>C. caviae</i> , <i>C. pneumoniae</i>	Cytosol	NDP52/ubiquitin
IncA	Conserved	Inclusion membrane	Endocytic SNAREs
IncD	<i>C. trachomatis</i> , <i>C. caviae</i>	Inclusion membrane	CERT
IncG	<i>C. trachomatis</i> , <i>C. muridarum</i>	Inclusion membrane	14-3-3- β
CT228	<i>C. trachomatis</i> , <i>C. muridarum</i> , <i>C. caviae</i>	Inclusion membrane	Myosin phosphatase
CT229	<i>C. trachomatis</i> , <i>C. muridarum</i>	Inclusion membrane	Rab4
CT813	<i>C. trachomatis</i> , <i>C. muridarum</i>	Inclusion membrane	Vamp7, Vamp8
CT850	Conserved	Inclusion membrane	Microtubule network
Cpn0585	<i>C. pneumoniae</i>	Inclusion membrane	Rab1, Rab10, Rab11
Cpn0517	<i>C. pneumoniae</i>	Inclusion membrane	Act1

表 1. 病原性クラミジアの侵入に関わるエフェクターと **Inc** エフェクター

Chlamydia trachomatis、*Chlamydia pneumoniae*、*Chlamydia muridarum*、*Chlamydia caviae* で保存されているエフェクター。参考文献 20 から転載した。

第 2 章

自由生活性アメーバに共生する環境クラミジア *Neochlamydia S13* の
共生様式から紐解くクラミジアの宿主細胞への適応機構
-ドラフトゲノム解析を中心に-

2-1 第 2 章概要

第 2 章では、自由生活性アメーバに共生する環境クラミジア *Neochlamydia* S13 の共生様式からクラミジアの宿主細胞への適応機構を紐解く。具体的には、今まで明らかにされていなかったアメーバの共生細菌である環境クラミジア *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノムを解析し、*Neochlamydia* S13 の性状と、本菌の宿主アメーバへの強い依存性を規定する因子の解明を試みた。

我々が以前に札幌の土壌から分離し株化したアメーバに共生する環境クラミジア *Neochlamydia* S13 は今までに報告された環境クラミジアとは異なる特徴を持つ。例えば、*Neochlamydia* S13 は宿主アメーバへの感染率が 100%であるが、アメーバを破壊せずに新しい宿主アメーバへと移行することが示唆される。また、一度アメーバから取り出された本菌は二度と他のアメーバに再感染できない。このように *Neochlamydia* S13 の生存性は宿主アメーバに強く依存していると考えられるが、その理由やメカニズムについては不明である。また *Neochlamydia* S13 が共生するアメーバは非共生アメーバと比べて増殖能や運動能が低下するので、本菌の共生はアメーバにとって負担となっていると予想される。それでは何故このアメーバは *Neochlamydia* S13 を共生させるのであろうか。その必然性は何か。本研究で我々は *Neochlamydia* S13 が共生しているアメーバ内では、アメーバの天敵である細胞内寄生性細菌レジオネラが増殖できないことを明らかにした。さらに *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム解析により、*Neochlamydia* S13 は解糖系や TCA サイクルなど、いくつかの代謝経路の重要な酵素を欠いていることが明らかになった。また、ADP/ATP トランスポーターや ATP 結合カセットトランスポーターに関わる遺伝子は *Neochlamydia* S13 ゲノム中に保存されていた。分泌装置に関しては II 型、III 型分泌装置は保存されているが IV 型分泌装置は保存されていないことがわかった。さらに他の環境クラミジアとは対照的に *Neochlamydia* S13 のゲノムには外膜やペリプラズム（外膜と内膜との間隙）に局在すると推定される外膜蛋白質をコードする遺伝子が少数しか保存されていないことがわかった。興味深いことに蛋白質-蛋白質相互作用に重要である LRR (Leucine-rich repeat) やアンキリンリピートドメインを含む蛋白質をコードする遺伝子が複数ゲノム中に確認された。さらにトランスポゼースが 33 個みつかったことから、*Neochlamydia* S13 はゲノムサイズの減少を伴わない大規模なゲノム修飾が起こった可能性が考えられた。以上のように、本研究で明らかにした *Neochlamydia* S13 のゲノムの特徴から、本菌は不完全な代謝経路を代償するために宿主アメーバに強く依存していると考えられ、本菌がレジオネラを撃退することが宿主アメーバへの見返りなのかもしれない。これらの研究成果はクラミジアと宿主細胞の新たな感染モデルを提示するだけでなく、生物間の共生メカニズムを理解する上で重要なヒントを与えるかもしれない。

2-2 緒言

近年、我々は環境クラミジアが共生するアメーバを札幌の土壌や河川から複数分離した [5]。その中でも *Neochlamydia* S13 が特に興味深い特徴を有することを以前の研究で明らかにした。まず、本菌は常に宿主アメーバに 100 % 感染しているが、他の環境クラミジアのようにアメーバの破壊は引き起こさないため、宿主アメーバを壊さずに他のアメーバへと移行・伝播すると考えられた (未発表データ)。また *Neochlamydia* S13 は一度宿主アメーバから取り出されると二度とアメーバに再感染できない [5, 6]。これらのことから *Neochlamydia* S13 は宿主アメーバに強く依存しており、両者は強力な共生関係にあることが示唆された。さらに、*Neochlamydia* S13 が共生するアメーバは非共生アメーバと比べて増殖能が低下することが示されており [6]、宿主アメーバにとって大きな負担にもかかわらず *Neochlamydia* S13 の感染を許容している可能性が考えられた。*Neochlamydia* S13 の共生が宿主アメーバに付与しているメリットとは何か。アメーバが生息する土壌や淡水中には様々な細菌が存在しており、その多くはアメーバに貪食されるが、一部アメーバの貪食に抵抗性を持つ細菌の存在が報告されている [7]。その中でも、レジオネラ肺炎の起因菌としてよく知られる通性細胞内寄生性細菌レジオネラは自然環境中でアメーバを宿主とし、アメーバの中で増殖してアメーバを破壊することがわかっている [7-10]。そこで我々は *Neochlamydia* S13 が宿主アメーバに与えるメリットとして、レジオネラ増殖抑制があるのではないかと仮説を立てた。以上の背景から、本研究では *Neochlamydia* S13 の共生が、アメーバと同じく自然環境中に広く生息するレジオネラに対抗するための防御手段を宿主アメーバに寄与する可能性について検討するとともに、本菌のいまだ明らかにされていないドラフトゲノムを解析し、そのゲノム情報から *Neochlamydia* S13 の極めて強い宿主依存性の理由を紐解いた。

2-3 対象と方法

2-3-1 アメーバ

Protochlamydia R18 または *Neochlamydia* S13 が持続的に感染している二つの *Acanthamoeba* (アメーバ) 株を札幌の河川または土壌から分離した [5]。アメーバの共生細菌保有率は DAPI 染色で確認したところ、常に約 100% だった [6]。*Acanthamoeba castellanii* C3 (ATCC50739) (C3) は ATCC から購入し、対照株として使用した。本研究で使用した *Protochlamydia* R18 感染アメーバ由来の非感染アメーバ (R18DOX アメーバ) と *Neochlamydia* S13 共生アメーバ由来の非共生アメーバ (S13RFP アメーバ) はそれぞれのアメーバを doxycycline (64 mg/mL)、または rifampicin (64 mg/mL) 処理により作製した [6]。すべての種類のアメーバは 30 °C、PYG 培地 (0.75% (w/v) ペプトン、0.75% (w/v) イースト抽出液、1.5% (w/v) グルコース) 中で継代維持した [5]。

2-3-2 レジオネラ

アメーバ細胞内での増殖に必要な IV 型分泌装置をコードする *dot/icm* [49]を完全に保持し、ヒトから分離された *Legionella pneumophila Philadelphia I JR32* 株を用いた。この菌株は静岡県立大学の三宅 正紀 博士より供与された。本菌は BCYE 寒天培地 (OXOID, Hampshire, UK) 上で二日間、37 °C で培養し、実験に用いた。

2-3-3 アメーバへのレジオネラ感染

5×10^5 個のアメーバに MOI (Multiplicity of infection: 感染多重度) 1 となるようにレジオネラを添加し (5×10^5 CFU (colony-forming unit))、30 °C で 2 時間静置感染させ、その後 gentamycin (50 µg/ml) を添加し、アメーバに感染していないレジオネラを殺した。PYG 培地で洗浄後、感染アメーバを最大六日間培養した。培養後に回収したアメーバ浮遊液は -80 °C で凍結融解後、段階希釈して BCYE 寒天培地に塗布し、37 °C で二日間培養した。培養後に形成されたコロニー数を計測してレジオネラの CFU 値を算出した。

2-3-4 クラミジアの精製と DNA 抽出

Neochlamydia S13 または *Protochlamydia R18* 感染アメーバは $1,500 \times g$ で 30 分間遠心し、上清を除去して PYG 培地にペレットを懸濁した。それぞれのアメーバは 5 分間ビーズ破碎した後、 $150 \times g$ で 5 分間遠心し、破碎されなかったアメーバと核を除去した[50]。菌体を含む上清は、DNase (Sigma Aldrich, St. Louis, MO, USA)を加えて 30 分間室温で処理した。遠心操作による洗浄後、10 mM HEPES と 145 mM 塩化ナトリウムを含むバッファーにペレットを懸濁した。その後、菌体を含む懸濁液には注意深く 30% Percoll を重層し、 $30,000 \times g$ で 30 分間遠心してクラミジア菌体を濃縮した。菌体ペレットは使用するまで -20 °C に保存し、菌体からの DNA 抽出にはフェノール-クロロホルム法を用いた。

2-3-5 ゲノムシーケンシング、アノテーション、代謝経路の予測、比較ゲノム

Neochlamydia S13 または *Protochlamydia R18* からそれぞれ精製された 1 kbp の DNA ライブラリを Genomic DNA Sample Prep Kit (Illumina, San Diego, CA)を用いて作製した。DNA クラスタは Illumina Cluster Station の Cluster Generation Kit (ver. 4) にてスライド上に作製した。Paired-end sequence (81 mer) によるリードシーケンス解読は Illumina Genome Analyzer IIx (GA IIx)を使用し、その全リード配列を元に ABySS-pe v1.2.0 によってコンティグ (contig) が組み立てられた [51]。ドラフトゲノムシーケンスからの遺伝子のアノテーションには Rapid Annotation using Subsystem Technology (RAST: <http://rast.nmpdr.org/>)と local manual BLASTp を使用した[52]。代謝経路に関わる遺伝子については Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG: <http://www.genome.jp/kegg/>)で予測した[53]。さらにゲノム配列の比較には RAST を使用し、GenomeMatcher 1.69 (<http://www.ige.tohoku.ac.jp/joho/gmProje>)

ct/gmhome.html)を用いて比較した配列を可視化した[54]。

2-3-6 蛋白質の立体構造予測

ドラフトゲノム中の興味深い遺伝子配列は蛋白質の立体構造を BLASTp と Molecular Modeling Database (MMDB) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/MMDB/mmdb.shtml>)を用いて予測した[55]。立体構造の可視化には Cn3D 4.3 (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/CN3D/cn3dmac.shtml>)を用いた[56]。

2-3-7 系統解析

系統解析は ClustalW2 (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) (1000 個の bootstrap replicates による近隣結合法)で行った[56]。系統樹の作製には ClustalW2 や TreeViewX (version 0.5.0)を使用した[57]。

2-3-8 透過型電子顕微鏡解析 (TEM)

TEM 解析に使用したアメーバは 3% glutaraldehyde 含 0.1 M リン酸緩衝液 (PBS) (pH 7.4) 中で 4 °C 下、24 時間固定した。その後 PBS で洗浄し、アメーバはアルコールで脱水処理し、Epon 813 に包埋した。超薄細胞切片はクエン酸鉛と酢酸ウランで染色し、電子顕微鏡 (Hitachi H7100) で観察した[58]。

2-3-9 統計解析

本論文中的数据はスチューデントの t 検定で解析し、 P 値が 0.05 よりも小さいものを有意差ありと評価した。

2-3-10 本論文で解析したコンティグ配列のアクセシオン番号について

Neochlamydia S13 と *Protochlamydia* R18 のドラフトゲノムは、DNA Data Bank of Japan (DDBJ) に登録され公開されている (DDBJ アクセシオン番号: BASK01000001–BASK01001342 (*Neochlamydia* S13), BASL01000001–BASL010 00795 (*Protochlamydia* R18))。

2-4 結果

2-4-1 *Neochlamydia* S13 は宿主アメーバ内でのレジオネラの増殖を抑制する

透過型電子顕微鏡 (TEM) により、*Neochlamydia* S13 が共生するアメーバを観察すると、アメーバの細胞質中には *Neochlamydia* S13 の RB の広範囲な分布が認められたが、EB の分布は観察されなかった (図 1)。この解析結果は、*Neochlamydia* S13 が他のアメーバに二次感染できないことを支持している。以前の研究結果より、*Neochlamydia* S13 はアメーバの

増殖能を低下させるなど、アメーバに悪影響を与えている可能性が考える[6]。それにも関わらずアメーバが細胞質中に *Neochlamydia* S13 を許容し続けている理由については定かでない。そこで我々は *Neochlamydia* S13 が感染するアメーバは、環境中に広く生息しアメーバに感染してアメーバを破壊するレジオネラ[7-10]に対して、感染抵抗性があるかどうかについて検討した。*Neochlamydia* S13 を rifampicin 処理で除菌した S13RFP アメーバではレジオネラが増殖したが、*Neochlamydia* S13 が共生する S13WT アメーバ内では顕著な増殖は認められなかった (図 2A)。また *Protochlamydia* R18 が感染するアメーバと、*Protochlamydia* R18 を doxycycline 処理で除菌した R18DOX アメーバ、また共生細菌が存在しない C3 アメーバではレジオネラの細胞内増殖が確認された (図 2B、C)。さらに *Neochlamydia* S13 が共生するアメーバでレジオネラが増殖しないことはヒメネス染色でも確認された (図 2D)。以上の結果から *Neochlamydia* S13 は宿主アメーバをレジオネラ感染から防御している可能性が示された。また 16S rRNA を指標にした系統解析では *Neochlamydia* S13 は独自のクラスターに分類されたことから (図 3)、本菌がその他のクラミジアにはないユニークなゲノムの特徴を有している可能性が示唆された。

2-4-2 *Neochlamydia* S13 ゲノムの概要と解析の妥当性について

Neochlamydia S13 のドラフトゲノムは ABySS-pe と Illumina GAIIx を用いて決定し、マニキュアル BLAST 解析を備えた RAST サーバによって遺伝子のアノテーションを行った。*Neochlamydia* S13 のドラフトゲノムは 1,317 個の骨格となるコンティグ全てを合わせて 3,206,086 bp から成り、GC 含量は 38.2% だった (DDBJ アクセション番号: BASK01000001-BASK01001342)。そしてゲノム中には 2,832 個の蛋白質コード配列 (CDS) と、43 個の tRNA、6 個のリボソーム RNA が含まれていることが予測された (表 1)。CDS のうち、約半数 (1,577 個、57%) は仮想蛋白質をコードする配列であると予測され、その内 1,030 個 (全体の 36.4%) は他のクラミジア (*Protochlamydia amoebaphila* UWE25 (NC_005861.1), *Parachlamydia acanthamoebae* UV-7 (NC_015702.1), *Simkania negevensis* Z (NC_015713.1) *Waddlia chondrophila* WSU 86-1044 (NC_014225.1), *Chlamydia trachomatis* D/UW-3/CX (NC_000117.1), *C. trachomatis* L2 434 Bu (NC_010287.1), *Chlamydia pneumoniae* CWL029 (NC_000922.1), *C. pneumoniae* TW183 (NC_005043.1)) と相関性がない未知の蛋白質をコードする配列だった (RAST、BLASTp 解析による) (図 4)。また *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム中には反復配列や、非常に多くの未知の遺伝子を含んでおり、ゲノム中のギャップを埋めることができなかった。しかしながら、コンティグのアッセンブルや遺伝子のアノテーションを含めた、我々のシステムの妥当性については、すでに完全長のゲノムが解読されている *Protochlamydia* UWE25 (NC_005861.1) と、その近縁種であり、我々のシステムでドラフトゲノムを構築した *Protochlamydia* R18 (札幌市の河川から分離した環境クラミジア[5]) との比較ゲノム解析から、UWE25 ゲノム中 ORF の 89.7% が同定された

ので、今回用いたドラフトゲノム解読システムは簡便だが有効性が担保された優れたシステムであることを示唆している。*Protochlamydia* R18 のドラフトゲノムは 770 個のコンテイングから成り、サイズは 2,727,392 bp で GC 含量は 38.8% だった (DDBJ アクセション番号: BASL01000001-BASL01000795)。

2-4-3 *Neochlamydia* S13 の不完全な代謝経路について

すでに述べたように、*Neochlamydia* S13 はアメーバへの感染率が 100% でありながらも、アメーバを破壊せずに新しいアメーバへと感染できることから、本菌はエネルギーの産生システムを宿主アメーバに強く依存していると考えられた。そこで我々は KEGG モジュール解析を用いて *Neochlamydia* S13 が完全な代謝経路を保持しているかどうかについて検討した。その結果、*Neochlamydia* S13 の代謝経路は *Protochlamydia* UWE25 や *C. trachomatis* L2 などのその他のクラミジアと明らかに異なることがわかった (図 5: 主要代謝系概要マップ)。例えば、Fructose 1,6-bisphosphate から pyruvate までの解糖系に関わる遺伝子は完全に保存されていたが、hexokinase と 6-phosphofructokinase は保存されていなかったことから Embden–Meyerhof–Parnas pathway (EM) 経路が欠落していることがわかった (図 6)。さらに Entner–Doudoroff pathway (ED) 経路は不完全だったが、ペントースリン酸経路は完全だった (図 6)。一方、驚くべきことに acetyl CoA を二酸化炭素に代謝する tricarboxylic acid cycle (TCA サイクル) に関わる酵素遺伝子はほとんどが保存されていなかった (図 6)。さらに *Neochlamydia* S13 は解糖系や TCA サイクルだけでなく呼吸鎖も不完全であることがわかった (図 7)。本菌の呼吸鎖は NADH dehydrogenase 複合体、cytochrome c oxidase 複合体、V-type ATPase unit しか備えていなく、succinate dehydrogenase complex、cytochrome c reductase complex、F-type ATPase unit は完全に欠落していることがわかった (図 7)。以上の結果から、*Neochlamydia* S13 の主要な代謝経路は病原性クラミジアと比較しても、大きく欠落していることがわかった。また、脂肪酸の生合成経路に関わる遺伝子は、他のクラミジアと同様に保存されていたことから (図 8)、*Neochlamydia* S13 は脂肪酸を作り出すことができると示唆された。しかしながら、脂肪酸合成開始に必要な acetyl-CoA の出発物質である CoA の合成経路 [16, 17] と、脂肪酸産生に必要な補酵素である biotin [18, 19] をコードする遺伝子は *Neochlamydia* S13 に存在していなかったため、生物にとって極めて重要な補酵素である CoA そのものを宿主アメーバに依存している可能性がある。

2-4-4 *Neochlamydia* S13 の分泌装置と外膜蛋白質について

Protochlamydia UWE25 株は 5 つの ATP/ADP トランスロケースを持つが [20, 21]、*Neochlamydia* S13 では病原性クラミジアと同様に 3 つのトランスロケース (NTT1-NTT3) をコードする遺伝子のみがゲノム中に確認された (図 9A)。ABC トランスポーターは生物種を越え非常によく保存されているが、*Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム中には一部し

か同定されなかった(spermidine/putrescine, zinc, mannan, lipopolysaccharide, lipoprotein) (図 9B)。

次に我々は *Neochlamydia* S13 に分泌装置 (Sec 依存的 II 型分泌装置、III 型分泌装置、IV 型分泌装置) が保存されているかどうか確認した。クラミジアに広く分布している III 型分泌装置[25-27]は非常によく保存されており (図 10)、Sec 依存的 II 型分泌装置もほぼ完全に保存されていた (図 11)。興味深いことに、以前に報告された環境クラミジアのゲノム解析結果[5, 14, 28, 29] や *Protochlamydia* R18 とは対照的に、*Neochlamydia* S13 ゲノムには IV 型分泌装置をコードする遺伝子群はみつからなかった (図 12)。さらに外膜やペリプラズムに局在すると推定される外膜蛋白質をコードする遺伝子について調査すると *Neochlamydia* S13 のゲノムには *pomS*, 76 k-Da protein gene (*Protochlamydia* UWE25, pc0004)、*ompW*、*omcB* などが存在していたが、*Protochlamydia* UWE25 と比較すると外膜蛋白質をコードする遺伝子は少数しか保存されていなかった (図 13) [14, 33, 34]。MMDB を使って作製された *Neochlamydia* S13 の推定外膜蛋白質 PomS (NEOS13_1146) の三次元モデルは、PomS が β バレル構造とチャンネルを伴うポーリンであることを示しており、この構造予測から、PomS にはトランスポーター機能がある可能性が示唆された (図 14)。

2-4-5 *Neochlamydia* S13 の LRR (leucine-rich repeat) やアンキリンリピートドメインを含む蛋白質をコードすると予測される遺伝子について

Neochlamydia S13 の共生を介したアメーバのレジオネラの増殖抑制機構を明らかにすることを目的として、*Neochlamydia* S13 からアメーバ中に分泌されるエフェクター分子に注目した。特に、蛋白質相互作用に深く関わる LRR やアンキリンリピートドメインを持つ病原細菌のエフェクターは宿主細胞に分泌されると宿主のシグナル分子の模倣をすることが明らかになってきているので[35-37]、宿主アメーバ内でのレジオネラ増殖制御において重要な役割を担う可能性のある LRR やアンキリンリピートドメインを含む分子[38-42]をコードする遺伝子の探索を試みた。その結果、199 個の LRR を含む分子の候補遺伝子を同定したが、その内 30 個は他の環境クラミジアには見られないユニークな遺伝子だった (表 2)。これら同定された遺伝子の内、15 個は藻類である *Micromonas* や窒素固定細菌の *Nostoc punctiforme* と相同性があることが明らかとなった (45-74%) (表 2)。アンキリンリピートドメインを持つ分子をコードする遺伝子については 8 個の遺伝子 (NEOS13_0151, NEOS13_0209, NEOS13_0435, NEOS13_0856, NEOS13_1517, NEOS13_1563, NEOS13_2364, NEOS13_2796) が同定された。興味深いことに NEOS13_0151 には、他のクラミジアには見られないユニークな遺伝子であり、多数のアンキリンリピートドメインをコードしていた (図 15)。その一方で、NEOS13_0151 の系統解析により、この遺伝子は真核細胞に広く保存されていることから、真核生物にとって重要な役割を演じている可能性が高い (図 16)。

2-4-6 *Neochlamydia* S13 のトランスポゼースについて

我々は *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム中に 33 個のトランスポゼースをコードする遺伝子を同定した (表 1、別紙参照)。*Chlamydia suis* は 2 つのトランスポゼースと推定される配列をコードする挿入因子 (IScs605) を持っており[47]、*Protochlamydia* UWE25 は 82 個のトランスポゼースを持つ[48]。*Neochlamydia* S13 はゲノムサイズの減少がないにも関わらず、宿主アメーバ内での適応に成功している。*Neochlamydia* S13 のゲノムサイズが減少していない理由については明らかでないが、上記のトランスポゼースがゲノムサイズを減少させずに、ゲノム配列を修飾する一因である可能性は否定できない。

2-5 考察

偏性細胞内寄生性細菌であるクラミジアは 7~10 億年前に二つのグループに分岐し、*Chlamydia trachomatis* などの病原性クラミジアは脊椎動物を宿主として適応し、*Neochlamydia* などの環境クラミジアはアメーバなどの原生生物を宿主として適応進化してきた[1-4]。興味深いことに、病原性クラミジアと環境クラミジアのゲノムサイズは大きく異なり、病原性クラミジアのゲノムサイズは約 1.0-1.2 M bp と一般的な真正細菌と比較して小さいが、環境クラミジアは病原性クラミジアの約 2~3 倍のゲノムサイズを持つ[1-4]。しかしながら、両者のゲノムは大きく異なるものの、病原性クラミジアと環境クラミジアには共通の性質が多く保存されているため、環境クラミジアのゲノムを解読し特徴を明らかにすることは、クラミジアの宿主特異性や細胞内寄生を起因する分子の同定する上で重要である。我々は以前に *Neochlamydia* S13 が共生するアメーバを札幌の土壌から分離したが[5]、本菌は常に宿主アメーバに常に 100%感染していることや、一度宿主アメーバから取り出すと二度とアメーバに再感染できないことから、今までに報告されてきた環境クラミジアと比べて非常に強く宿主アメーバに依存していると考えられる[5, 6]。また *Neochlamydia* S13 は宿主アメーバの増殖能を低下させるなど、アメーバに悪影響を及ぼす可能性があるにも関わらず[6]、アメーバは *Neochlamydia* S13 の共生を許容していることから、*Neochlamydia* S13 の共生が栄養源の供給以外に、宿主アメーバに何らかのメリットを与えている可能性が考えられた。本研究で我々は、アメーバに感染してアメーバを破壊する代表的な細菌であるレジオネラが[8-10]、*Neochlamydia* S13 共生アメーバ内では増殖が抑制されることを明らかにした。さらに我々はこれまで明らかにされていなかった *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノムを解析し、ゲノムの特徴を明らかにすることで *Neochlamydia* S13 が宿主アメーバに強く依存しなければいけない原因を探索した。

TEM 解析により、*Neochlamydia* S13 が共生するアメーバの細胞質中には *Neochlamydia* S13 の RB が広く分布し、病原性クラミジアに見られる典型的な封入体は観察されなかった。ゲノム解析から封入体形成に重要な小胞と小胞の融合を司る Inc 蛋白質を欠損してい

ることが明らかになったことから、*Neochlamydia* S13 はアメーバ内で小胞融合が効率よく行うことができず、封入体が成熟できない可能性が考えられる。通常、クラミジアは EB と RB から成る二相性の増殖環をもつが、*Neochlamydia* S13 共生アメーバには EB が認められなかった。このことにより本菌は通常増殖環が不完全であり、菌体の成熟が十分に行われず持続的に感染していることを示唆している。また *Neochlamydia* S13 はアメーバを破壊せずに新しいアメーバへと移行すると考えられ、アメーバ外に移行する必要のないアメーバ間の伝播形式を進化させる過程で、Inc 蛋白質など封入体形成に関わる分子が脱落した可能性が高い。

大変興味深いことに *Neochlamydia* S13 共生アメーバがレジオネラ感染に抵抗性があることを見つけた。既に述べたように、この共生アメーバは、*Neochlamydia* S13 を除菌すると、増殖能が顕著に増した[6]。この結果は、このアメーバの *Neochlamydia* S13 を共生させる理由が、菌体代謝産物などをそのアメーバの生存に補完利用することではないと示唆している。レジオネラはバイオフィームなどの自然環境中でアメーバと生息域が重なるアメーバの天敵といえるので [11-12]、このアメーバはレジオネラ感染への抵抗性を担保するために *Neochlamydia* S13 の共生を許容している可能性がある。近年の研究で自然環境中には、DNA ウイルス Mimivirus といった新たなアメーバの天敵が次々と見つかっている[59]。これらウイルスに対抗できるか否かはまだ不明だが、共生細菌を介した外敵の排除は極めて効率の良いアメーバの生存戦略を生み出す原動力なのかもしれない。

本研究では *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノムを決定したが、本菌のゲノムに存在する蛋白質コード配列 (CDS) の内 36.4%に相当する 1,030 個は他の環境クラミジアや病原性クラミジアと相同性がない未知の蛋白質をコードする配列であり、*Neochlamydia* S13 のゲノムが他のクラミジアとは違うユニークな特徴をもつことが明らかになった。その特徴的な遺伝子構成から *Neochlamydia* S13 が強く宿主アメーバに依存する理由を探るために、KEGG モジュール解析にて *Neochlamydia* S13 の代謝経路の解析を行った。その結果、既に述べたように *Neochlamydia* S13 の代謝経路は *Protochlamydia* UWE25 や *C. trachomatis* L2 などのその他のクラミジアと明らかに異なり、特に興味深いことに、*Neochlamydia* S13 はエネルギー産生に非常に重要な TCA サイクルに関わるほとんどの酵素を保存していなかった。病原性クラミジアは少なくとも半分の TCA サイクルに関わる遺伝子を保持しており[2, 13]、今までに報告された環境クラミジアは TCA サイクルを完全に保持していることから、TCA サイクルを欠落している *Neochlamydia* S13 のゲノムは非常に特徴的であると言える。さらに *Neochlamydia* S13 は呼吸鎖も不完全であり、エネルギー産生に重要な代謝経路はこれまでに報告されているその他のクラミジアと比較して大きく欠落していた。TCA サイクルや呼吸鎖はミトコンドリア内およびその内膜に完備された代謝系なので、*Neochlamydia* S13 はアメーバ内でミトコンドリアと相互作用することで、この代謝系を補完しているのかもしれない。また脂肪酸の生合成経路に関わる遺伝子は、他のクラミジアと同様に保存

されていたが (図 8)、脂肪酸合成開始に必要な acetyl-CoA の出発物質である CoA の合成経路と [16, 17]、脂肪酸産生に必要な補酵素である biotin をコードする遺伝子は *Neochlamydia* S13 に存在していなかった [18, 19]。CoA と biotin は何らかの *Neochlamydia* S13 トランスポーターによって宿主アメーバから本菌に輸送されている可能性が高い。さらに病原性クラミジアと同様に *Neochlamydia* S13 のゲノムにもヌクレオチド合成に直接関わる purine、pyrimidine 代謝経路の多くの重要な酵素を欠落していたことから、本菌は ATP/ADP トランスポーターを介してアメーバの細胞質から ATP を獲得している可能性が考えられる。*Neochlamydia* S13 ゲノム中には限られた ABC トランスポータシステムしか見出せなかった。これらの ABC トランスポーターのみでは *Neochlamydia* S13 の不完全な代謝システムを説明することはできず、未知なるトランスポーターが存在する可能性が考えられる。

クラミジアに広く分布している III 型分泌装置と Sec 依存的 II 型分泌装置は *Neochlamydia* S13 ゲノムによく保存されていたことから、両システムを利用して他のクラミジア同様に宿主アメーバ内で *Neochlamydia* S13 が細胞内環境の最適化を行っている可能性が示唆された [25-27]。その一方で興味深いことに、*Protochlamydia* R18 のゲノム中には IV 型分泌装置に関わる遺伝子群が完全に保存されていたのに対し、*Neochlamydia* S13 ゲノム中には IV 型分泌装置をコードする遺伝子群は存在しなかった。最近の研究により IV 型分泌装置は inflammasome や caspase の活性化を誘導し、細菌を排除に導くことが強く示唆されている [30-32]。そのため、*Neochlamydia* S13 のように宿主アメーバといわゆる「共生関係」にある環境クラミジアにとっては、IV 型分泌装置が有害であり、本菌が IV 型分泌装置に関わる遺伝子を保持していない原因であるのかもしれない。

Protochlamydia UWE25 と対照的に [14, 33, 34]、*Neochlamydia* S13 のゲノムには外膜に局在すると推定される外膜蛋白質をコードする遺伝子が少数しか保存されておらず、本菌はアメーバの自然免疫機構に認識される可能性のある余分な外膜蛋白質を捨てることで、宿主アメーバの細胞質中に持続的に感染できるように適応したことが予想される。また、*Neochlamydia* S13 の外膜蛋白質と推定される PomS (NEOS13_1146) の立体構造予測により、PomS が β バレル構造とチャネルを伴うポーリンであることが推測されたことから、PomS はトランスポーターの機能を保有している可能性が示唆された。

最近の研究により、LRR やアンキリンリピートドメインを持つ病原細菌のエフェクターは宿主細胞に移行して宿主のシグナル分子の模倣をすることが明らかになってきている [35-37]。我々は LRR やアンキリンリピートドメインを含む分子が宿主アメーバ内のレジオネラ増殖制御において重要な役割を担うのではないかと仮定し、それらを含む蛋白質をコードする遺伝子を探索した。その結果、*Neochlamydia* S13 ゲノム中から 199 個の LRR を含む分子の候補遺伝子が同定され、15 個の遺伝子は藻類の *Micromonas* や窒素固定細菌の *Nostoc punctiforme* と相同性があったことから、*Neochlamydia* S13 とこれらの生物間での遺伝子水平伝播を介した相互作用が起こっていた可能性が考えられる [43-45]。LRR と同様に

アンキリンリピートドメインを持つ分子は蛋白質間相互作用において非常に重要な役割を果たすことが知られている[60]。我々は *Neochlamydia* S13 の 8 個の遺伝子がアンキリンリピートドメインを含む蛋白質をコードしていることを明らかにした。興味深いことに NEOS13_0151 は他のクラミジアには見られないユニークな遺伝子であるが、系統解析により真核生物には広く保存されていることが明らかになった。NEOS13_0151 は宿主アメーバの修飾など、アメーバ内環境を最適化するための何らかの役割を果たしている可能性が考えられる。最近の研究により、レジオネラ (AA100/130b 株) は自らの細胞内増殖を有利にするために F-box アンキリンエフェクターを使って宿主細胞を利用することが明らかになっている[46]。

以上の結果から、恐らくこのアメーバは、天敵レジオネラから身を守るために *Neochlamydia* S13 の共生を許容し、安定した細胞内環境を提供することで、*Neochlamydia* S13 の代謝系の欠損を誘発させ、宿主内に留まるようにさせたと推定される。レジオネラの撃退機構は不明だが、LRR やアンキリンドメインを含む蛋白質を候補分子と予想し、その会合分子の探索も含め精力的な研究を現在展開している。

2-6 結論

我々は本研究で *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノムを解析し、本菌のゲノムの特徴を明らかにした。*Neochlamydia* S13 は他のクラミジアと比較して代謝経路が不完全であるために、宿主アメーバに強く依存している可能性が示唆された。さらに *Neochlamydia* S13 共生アメーバではレジオネラの増殖が抑制されたことから、*Neochlamydia* S13 はレジオネラ感染からアメーバを防御していると考えられた。このメカニズムについては明らかでないが *Neochlamydia* S13 ゲノム中には蛋白質間相互作用に深く関わる LRR やアンキリンリピートドメインを含む蛋白質をコードする遺伝子が複数存在しており、これらの分子が何らかの役割を果たしている可能性が考えられる。これらの研究成果はクラミジアが宿主細胞へと適応進化する過程を分子レベルで紐解くユニークなモデルと考えられ、生物間の共生メカニズムを理解する上でも重要なヒントを与えてくれるかもしれない。

2-7 参考文献

1. Greub G, Raoult D (2003) History of the ADP/ATP-translocase-encoding gene, a parasitism gene transferred from a *Chlamydiales* ancestor to plants 1 billion years ago. *Appl Environ Microbiol* 69: 5530–5535.
2. Stephens RS, Kalman S, Lammel C, Fan J, Marathe R, Aravind L, Mitchell W, Olinger L, Tatusov RL, Zhao Q, Koonin EV, Davis RW (1998) Genome sequence of an obligate intracellular pathogen of humans: *Chlamydia trachomatis*. *Science* 282: 754–759.
3. Kalman S, Mitchell W, Marathe R, Lammel C, Fan J, Hyman RW, Olinger L, Grimwood J, Davis RW, Stephens RS (1999) Comparative genomes of *Chlamydia pneumoniae* and *C. trachomatis*. *Nat Genet* 21: 385–389.
4. Horn M, Collingro A, Schmitz-Esser S, Beier CL, Purkhold U, Fartmann B, Brandt P, Nyakatura GJ, Droege M, Frishman D, Rattei T, Mewes HW, Wagner M (2004) Illuminating the evolutionary history of chlamydiae. *Science* 304: 728-730.
5. Matsuo J, Kawaguchi K, Nakamura S, Hayashi Y, Yoshida M, Takahashi K, Mizutani Y, Yao T, Yamaguchi H (2010) Survival and transfer ability of phylogenetically diverse bacterial endosymbionts in environmental *Acanthamoeba* isolates. *Environ Microbiol Rep* 2: 524–533.
6. Okude M, Matsuo J, Nakamura S, Kawaguchi K, Hayashi Y, Sakai H, Yoshida M, Takahashi K, Yamaguchi H (2012) Environmental chlamydiae alter the growth speed and motility of host acanthamoebae. *Microbes Environ* 27: 423-429.
7. Scheid P (2014) Relevance of free-living amoebae as hosts for phylogenetically diverse microorganisms. *Parasitol Res* 113:2407-2414.
8. Lau HY, Ashbolt NJ (2009) The role of biofilms and protozoa in *Legionella* pathogenesis: implications for drinking water. *J Appl Microbiol* 107: 368-378.
9. Shin S, Roy CR (2008) Host cell processes that influence the intracellular survival of *Legionella*. *Cell Microbiol* 10: 1209-1220.
10. Jules M, Buchrieser C (2007) *Legionella pneumophila* adaptation to intracellular life and the host response: clues from genomics and transcriptomics. *FEBS Lett* 2581: 2829-2838.
11. Rodríguez-Zaragoza S (1994) Ecology of free-living amoebae. *Crit Rev Microbiol* 20: 225-241.

12. Declerck P (2010) Biofilms: the environmental playground of *Legionella pneumophila*. *Environ Microbiol* 12: 557-566.
13. Nunes A, Borrego MJ, Gomes JP (2013) Genomic features beyond *Chlamydia trachomatis* phenotypes: What do we think we know? *Infect Genet Evol* 16: 392- 400.
14. Sixt BS, Heinz C, Pichler P, Heinz E, Montanaro J, Op den Camp HJ, Ammerer G, Mechtler K, Wagner M, Horn M (2011) Proteomic analysis reveals a virtually complete set of proteins for translation and energy generation in elementary bodies of the amoeba symbiont *Protochlamydia amoebophila*. *Proteomics* 11: 1868-1892.
15. Horn M (2008) Chlamydiae as symbionts in eukaryotes. *Annu Rev Microbiol* 62: 113-131.
16. Heath RJ, Rock CO (1996) Regulation of fatty acid elongation and initiation by acyl-acyl carrier protein in *Escherichia coli*. *J Biol Chem* 271: 1833-1836.
17. Heath RJ, Rock CO (1996) Inhibition of beta-ketoacyl-acyl carrier protein synthase III (FabH) by acyl-acyl carrier protein in *Escherichia coli*. *J Biol Chem* 271: 10996-11000.
18. Zempleni J, Wijeratne SS, Hassan YI (2009) Biotin. *Biofactors* 35: 36-46.
19. Purushothaman S, Annamalai K, Tyagi AK, Surolia A (2011) Diversity in functional organization of class I and class II biotin protein ligase. *PLoS One* 6: e16850.
20. Haferkamp I, Schmitz-Esser S, Linka N, Urbany C, Collingro A, Wagner M, Horn M, Neuhaus HE (2004) A candidate NAD⁺ transporter in an intracellular bacterial symbiont related to Chlamydiae. *Nature* 432: 622-625.
21. Schmitz-Esser S, Linka N, Collingro A, Beier CL, Neuhaus HE, Wagner M, Horn M (2004) ATP/ADP translocases: a common feature of obligate intracellular amoebal symbionts related to Chlamydiae and Rickettsiae. *J Bacteriol* 186: 683-691.
22. Moraes TF, Reithmeier RA (2012) Membrane transport metabolons. *Biochim Biophys Acta* 1818: 2687-2706.
23. Hinz A, Tampé R (2012) ABC transporters and immunity: mechanism of self- defense. *Biochemistry* 51:4981-4989.
24. Erkens GB, Majsnerowska M, ter Beek J, Slotboom DJ (2012) Energy coupling factor-type ABC transporters for vitamin uptake in prokaryotes. *Biochemistry* 51: 4390-4396.

25. Peters J, Wilson DP, Myers G, Timms P, Bavoil PM (2007) Type III secretion a` la *Chlamydia*. *Trends Microbiol* 15: 241-251.
26. Betts-Hampikian HJ, Fields KA (2010) The Chlamydial Type III Secretion Mechanism: Revealing Cracks in a Tough Nut. *Front Microbiol* 1:114.
27. Dean P (2011) Functional domains and motifs of bacterial type III effector proteins and their roles in infection. *FEMS Microbiol Rev* 35: 1100-1125.
28. Greub G, Collyn F, Guy L, Roten CA (2004) A genomic island present along the bacterial chromosome of the *Parachlamydiaceae* UWE25, an obligate amoebal endosymbiont, encodes a potentially functional F-like conjugative DNA transfer system. *BMC Microbiol* 4: 48.
29. Eugster M, Roten CA, Greub G (2007) Analyses of six homologous proteins of *Protochlamydia amoebophila* UWE25 encoded by large GC-rich genes (lgr): a model of evolution and concatenation of leucine-rich repeats. *BMC Evol Biol* 7: 231.
30. Casson CN, Copenhaver AM, Zwack EE, Nguyen HT, Strowig T, Javdan B, Bradley WP, Fung TC, Flavell RA, Brodsky IE, Shin S (2013) Caspase-11 activation in response to bacterial secretion systems that access the host cytosol. *PLoS Pathog* 9: e1003400.
31. Luo ZQ (2011) Striking a balance: modulation of host cell death pathways by *Legionella pneumophila*. *Front Microbiol* 2: 36.
32. Arlehamn CS, Evans TJ (2011) *Pseudomonas aeruginosa* pilin activates the inflammasome. *Cell Microbiol* 13: 388-401.
33. Aistleitner K, Heinz C, Hörmann A, Heinz E, Montanaro J, Schulz F, Maier E, Pichler P, Benz R, Horn M (2013) Identification and characterization of a novel porin family highlights a major difference in the outer membrane of chlamydial symbionts and pathogens. *PLoS One* 8: e55010.
34. Heinz E, Tischler P, Rattei T, Myers G, Wagner M, Horn M (2009) Comprehensive in silico prediction and analysis of chlamydial outer membrane proteins reflects evolution and life style of the Chlamydiae. *BMC Genomics* 10: 634.
35. Singer AU, Schulze S, Skarina T, Xu X, Cui H, Eschen-Lippold L, Egler M, Srikumar T, Raught B, Lee J, Scheel D, Savchenko A, Bonas U (2013) A pathogen type III effector with a novel E3 ubiquitin ligase architecture. *PLoS Pathog* 9: e1003121

36. Zhu Y, Li H, Hu L, Wang J, Zhou Y, Pang Z, Liu L, Shao F (2008) Structure of a *Shigella* effector reveals a new class of ubiquitin ligases. *Nat Struct Mol Biol* 15:1302-1308.
37. Zhou JM, Chai J (2008) Plant pathogenic bacterial type III effectors subdue host responses. *Curr Opin Microbiol*, 11:179-185.
38. Bierne H, Sabet C, Personnic N, Cossart P (2007) Internalins: a complex family of leucine-rich repeat-containing proteins in *Listeria monocytogenes*. *Microbes Infect* 9: 1156-1166.
39. Kobe B, Kajava AV (2001) The leucine-rich repeat as a protein recognition motif. *Curr Opin Struct Biol* 11: 725-732.
40. Rikihisa Y, Lin M, Niu H (2010) Type IV secretion in the obligatory intracellular bacterium *Anaplasma phagocytophilum*. *Cell Microbiol* 12: 1213-1221.
41. Rikihisa Y, Lin M (2010) *Anaplasma phagocytophilum* and *Ehrlichia chaffeensis* type IV secretion and Ank proteins. *Curr Opin Microbiol* 13: 59-66.
42. Al-Khodor S, Price CT, Kalia A, Abu Kwaik Y (2010) Functional diversity of ankyrin repeats in microbial proteins. *Trends Microbiol* 18:132-139.
43. Huang J, Gogarten JP (2007) Did an ancient chlamydial endosymbiosis facilitate the establishment of primary plastids? *Genome Biol* 8: R99.
44. Moustafa A, Reyes-Prieto A, Bhattacharya D (2008) Chlamydiae has contributed at least 55 genes to Plantae with predominantly plastid functions. *PLoS One* 3: e2205.
45. Becker B, Hoef-Emden K, Melkonian M (2008) Chlamydial genes shed light on the evolution of photoautotrophic eukaryotes. *BMC Evol Biol* 8: 203.
46. Price CT, Al-Quadani T, Santic M, Jones SC, Abu Kwaik Y (2010) Exploitation of conserved eukaryotic host cell farnesylation machinery by an F-box effector of *Legionella pneumophila*. *J Exp Med* 207: 1713-1726.
47. Dugan J, Andersen AA, Rockey DD (2007) Functional characterization of IScs605, an insertion element carried by tetracycline-resistant *Chlamydia suis*. *Microbiology* 153: 71-79.
48. Greub G, Collyn F, Guy L, Roten CA (2004) A genomic island present along the bacterial chromosome of the *Parachlamydiaceae* UWE25, an obligate amoebal endosymbiont,

- encodes a potentially functional F-like conjugative DNA transfer system. *BMC Microbiol* 4: 48.
49. Harada T, Tanikawa T, Iwasaki Y, Yamada M, Imai Y, Miyake M (2012) Phagocytic entry of *Legionella pneumophila* into macrophages through phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate-independent pathway. *Biol Pharm Bull* 35: 1460-1468.
 50. Matsuo J, Oguri S, Nakamura S, Hanawa T, Fukumoto T, Hayashi Y, Kawaguchi K, Mizutani Y, Yao T, Akizawa K, Suzuki H, Simizu C, Matsuno K, Kamiya S, Yamaguchi H (2010) Ciliates rapidly enhance the frequency of conjugation between *Escherichia coli* strains through bacterial accumulation in vesicles. *Res Microbiol* 161: 711-719.
 51. Sekizuka T, Yamamoto A, Komiya T, Kenri T, Takeuchi F, Shibayama K, Takahashi M, Kuroda M, Iwaki M (2012) *Corynebacterium ulcerans* 0102 carries the gene encoding diphtheria toxin on a prophage different from the *C. diphtheriae* NCTC 13129 prophage. *BMC Microbiol* 12: 72.
 52. Aziz RK, Bartels D, Best AA, DeJongh M, Disz T, Edwards RA, Formsma K, Gerdes S, Glass EM, Kubal M, Meyer F, Olsen GJ, Olson R, Osterman AL, Overbeek RA, McNeil LK, Paarmann D, Paczian T, Parrello B, Pusch GD, Reich C, Stevens R, Vassieva O, Vonstein V, Wilke A, Zagnitko O (2008) The RAST Server: rapid annotations using subsystems technology. *BMC Genomics* 9: 75.
 53. Kanehisa M, Goto S (2000) KEGG: kyoto encyclopedia of genes and genomes. *Nucleic Acids Res* 28: 27-30.
 54. Ohtsubo Y, Ikeda-Ohtsubo W, Nagata Y, Tsuda M (2008) GenomeMatcher: a graphical user interface for DNA sequence comparison. *BMC Bioinformatics* 9: 376.
 55. Madej T, Address KJ, Fong JH, Geer LY, Geer RC, Lanczycki CJ, Liu C, Lu S, Marchler-Bauer A, Panchenko AR, Chen J, Thiessen PA, Wang Y, Zhang D, Bryant SH (2012) MMDB: 3D structures and macromolecular interactions. *Nucleic Acids Res* 40(Database issue): D461-464.
 56. Larkin MA, Blackshields G, Brown NP, Chenna R, McGettigan PA, McWilliam H, Valentin F, Wallace IM, Wilm A, Lopez R, Thompson JD, Gibson TJ, Higgins DG (2007) Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics* 23: 2947-2948.

57. Peterson MW, Colosimo ME (2007) TreeViewJ: An application for viewing and analyzing phylogenetic trees. *Source Code Biol Med* 2: 7.
58. Matsuo J, Hayashi Y, Nakamura S, Sato M, Mizutani Y, Asaka M, Yamaguchi H (2008) Novel *Parachlamydia acanthamoebae* quantification method based on coculture with amoebae. *Appl Environ Microbiol* 74: 6397-6404.
59. Raoult D, Boyer M (2010) *Amoebae* as genitors and reservoirs of giant viruses. *Intervirology*.53: 321-329.
60. Al-Khodor S, Price CT, Kalia A, Abu Kwaik Y (2010) Functional diversity of ankyrin repeats in microbial proteins. *Trends Microbiol* 18:132-139.

第 2 章図表

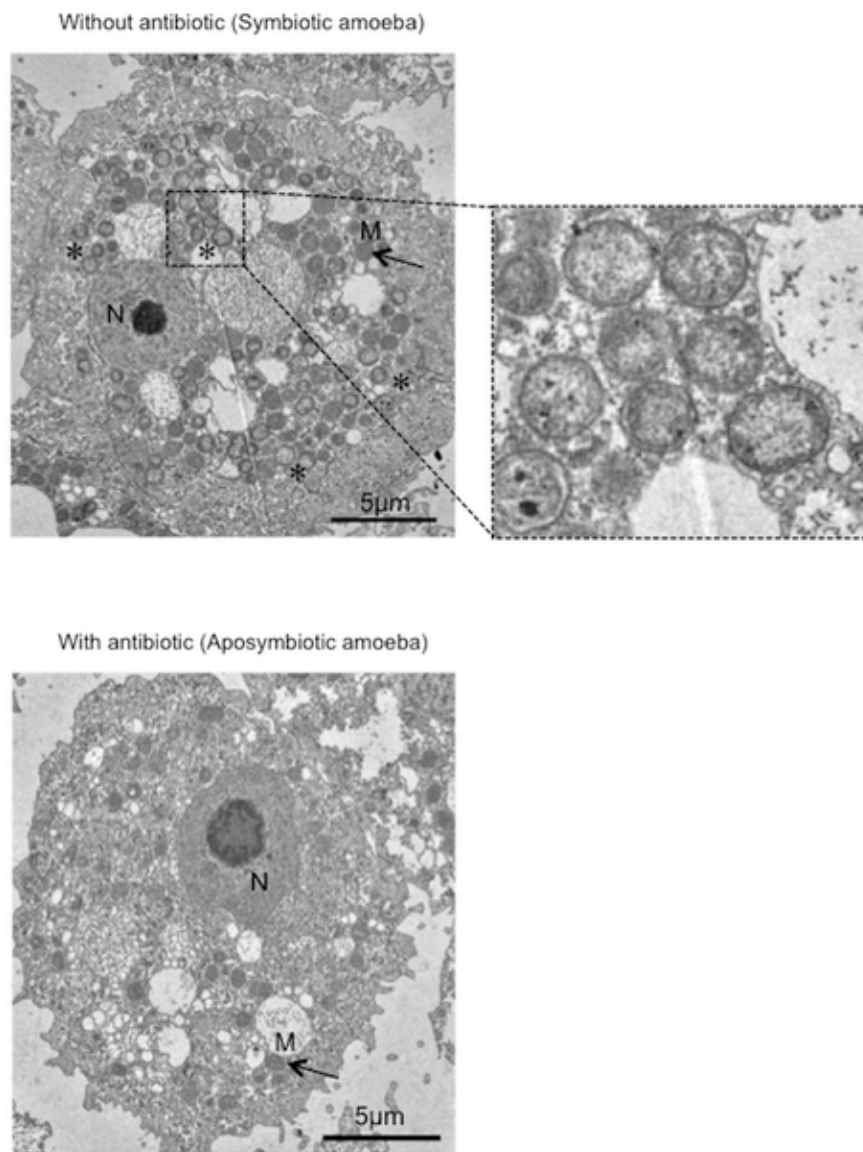


図 1. 宿主アメーバ内の *Neochlamydia S13* の形態学的特徴

Neochlamydia S13 感染アメーバ（上、右（拡大図））と抗菌剤処理により *Neochlamydia S13* を除菌したアメーバ（下）を透過型電子顕微鏡で観察した。点線で囲われた拡大図は *Neochlamydia S13* の RB を示す。* : *Neochlamydia S13*。M : アメーバのミトコンドリア（矢印）。N : アメーバ核。

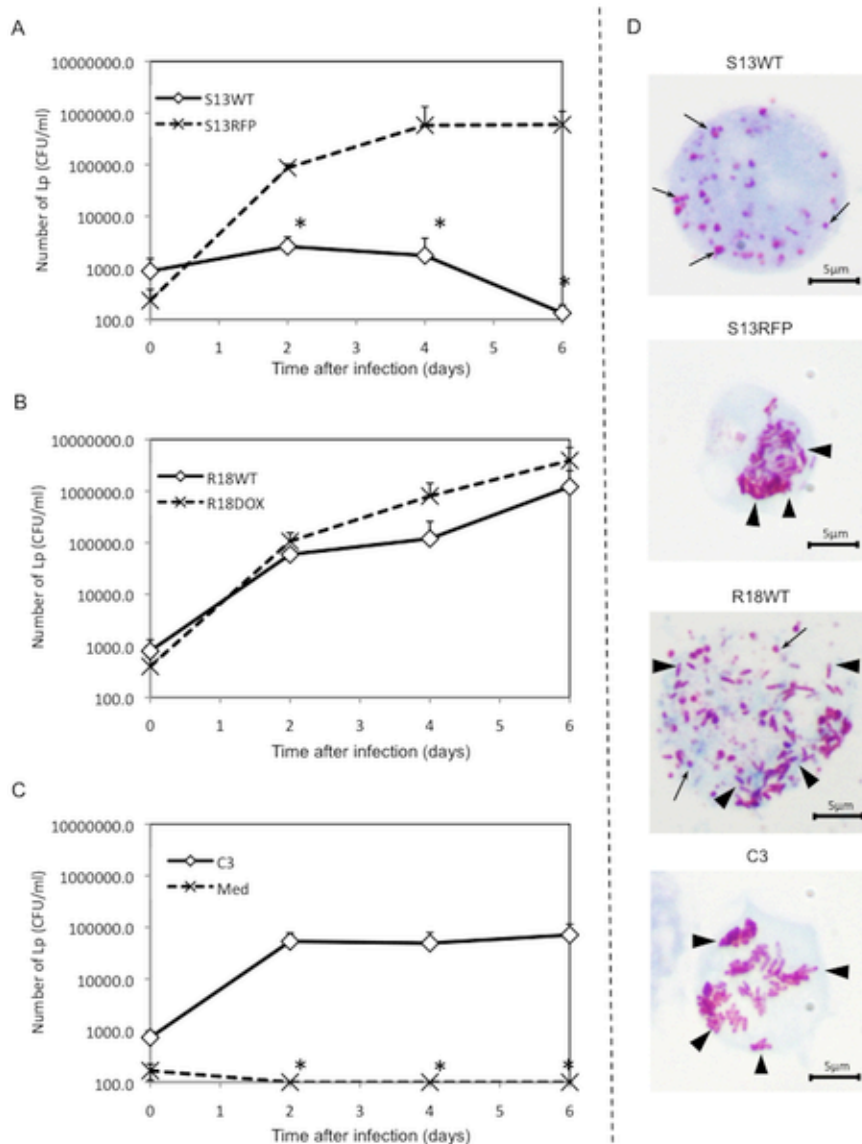


図 2. *Neochlamydia* S13 感染アメーバ内でレジオネラ増殖は抑制される

(A) *Neochlamydia* S13 共生アメーバ (S13WT) 内または、*Neochlamydia* S13 を除菌したアメーバ (S13RFP) 内でのレジオネラ増殖曲線 (MOI 1)。(B) *Protochlamydia* R18 感染アメーバ (R18WT) 内または *Protochlamydia* R18 を除菌したアメーバ (R18DOX) 内でのレジオネラ増殖曲線 (MOI 1)。(C) C3 アメーバ (C3) 内または PYG 培養液のみ (Med) で培養した時のレジオネラ増殖曲線 (MOI 1)。データは少なくとも 3 回以上の独立した実験より得られた、平均値±SD を示す。*：それぞれの感染時間において検定結果が $p < 0.05$ だったものを示す。(D) ヒメネス染色によるアメーバ内で感染 5 日後のレジオネラ増殖像。矢印：*Neochlamydia* S13 (S13WT) または *Protochlamydia* R18 (R18WT)。矢頭：レジオネラ増殖像。

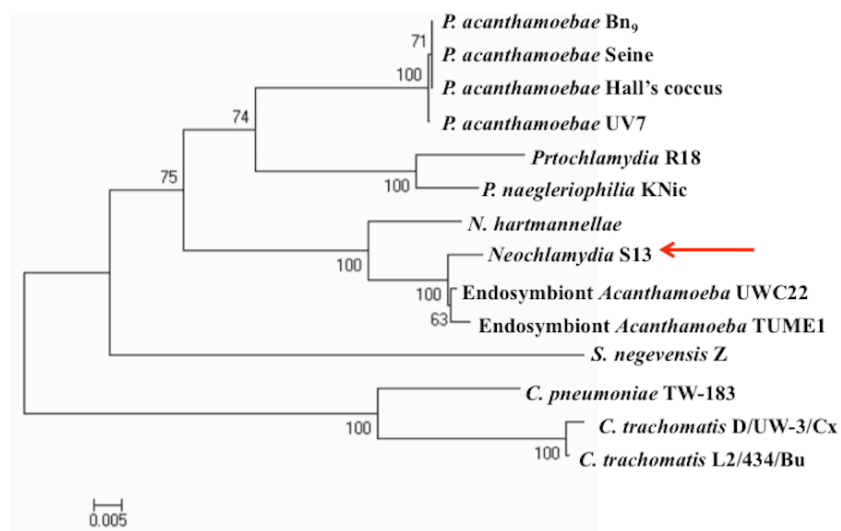


図 3. クラミジア 16S rRNA 遺伝子の系統解析

赤色矢印は *Neochlamydia* S13 の 16S rRNA 遺伝子を示す。図に示されているクラミジアのアクセション番号は以下の通りである (*Chlamydia trachomatis* D/UW_3/CX : NC_000117.1、*Chlamydia trachomatis* L2/434/Bu : NC_010287.1、*Chlamydia pneumoniae* TW-183 : NC_005043.1、*Simkania* Z gsn131 : NC_015713.1、*Parachlamydia acanthamoebae* UV7 : NC_015702.1、endosymbiont *Acanthamoeba* UWC22, : AF083616.1、endosymbiont *Acanthamoeba* TUME1 : AF098330.1、*Neochlamydia hartmannellae* : AF177275.1、*Parachlamydia acanthamoebae* Bn₉ : NR_026357.1、*Parachlamydia* Hall's coccus : AF366365.1、*Parachlamydia acanthamoebae* Seine : DQ309029.1、*Protochlamydia naegleriophila* KNic : DQ632609.1)。

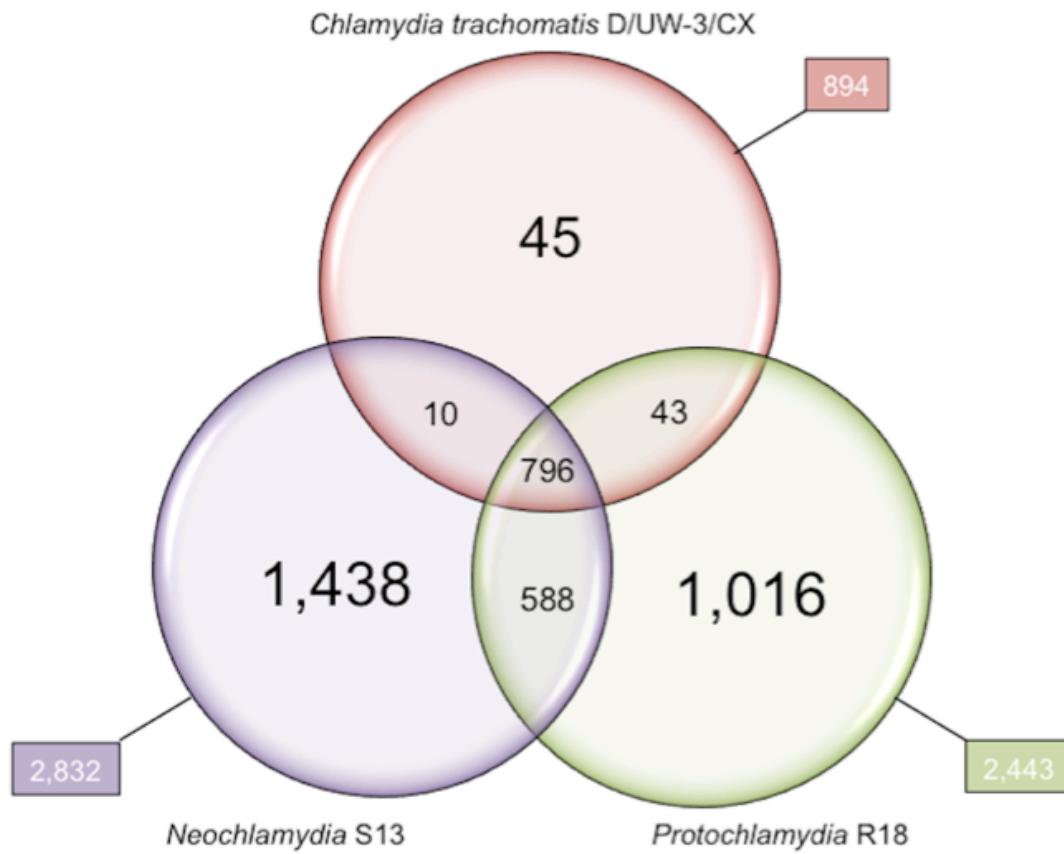


図 4. クラミジア間で保存されている共通または独自の遺伝子数
 赤 : *Chlamydia trachomatis* D/UW_3/CX (NC000117.1)。緑 : *Protochlamydia* R18。赤 :
Neochlamydia S13。

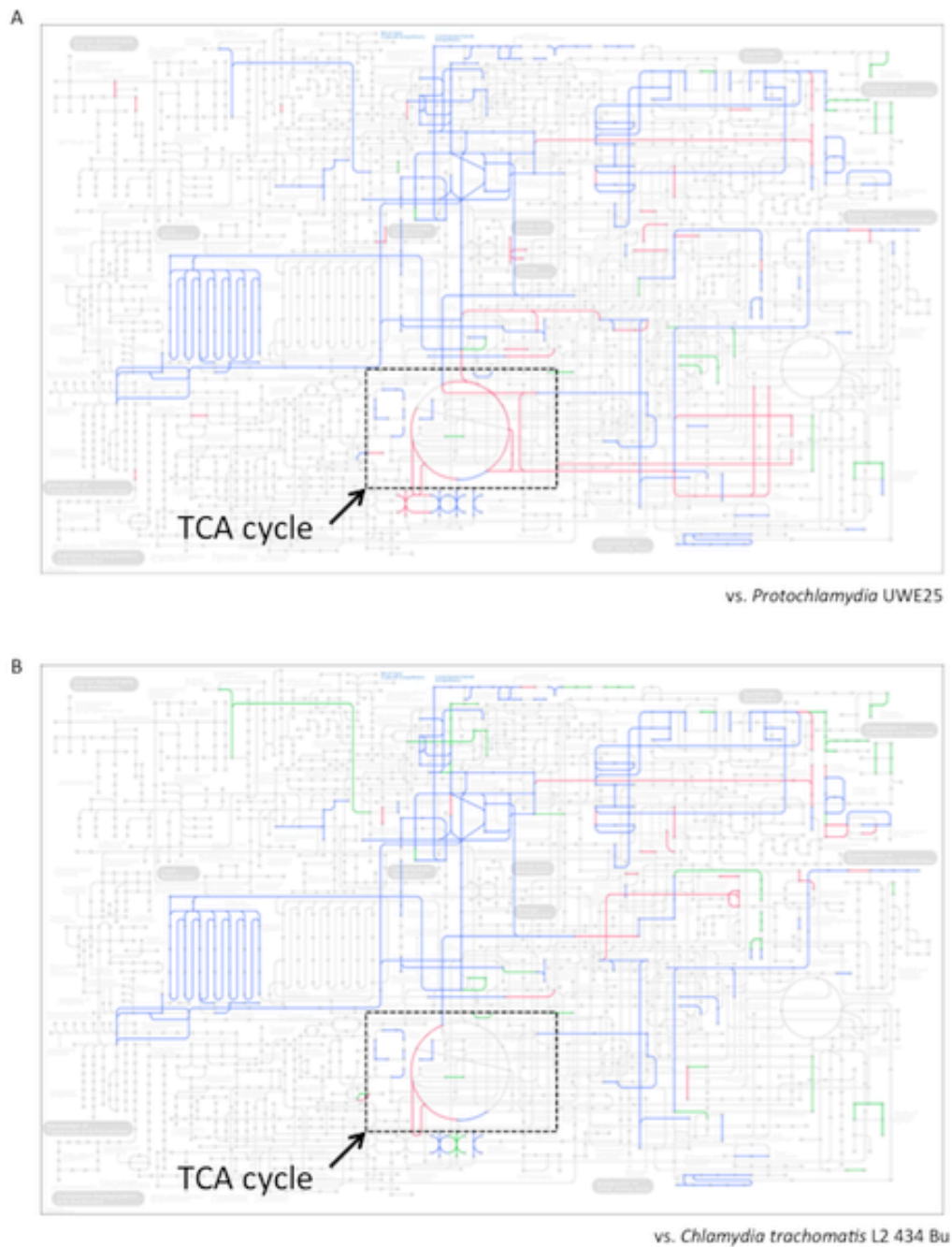


図 5. クラミジア間での代謝経路の比較

(A) *Neochlamydia* S13 と *Protochlamydia amoebophila* UWE25 (NC005861.1) の代謝経路比較。

(B) *Neochlamydia* S13 と *C. trachomatis* L2 434 Bu (NC010287.1) の代謝経路比較。緑線：*Neochlamydia* S13 のみ活性があるモジュール。青線：共通して活性があるモジュール。赤線：*Protochlamydia* または *C. trachomatis* に特異的なモジュール。点線で囲われている部分は TCA サイクルを示す。

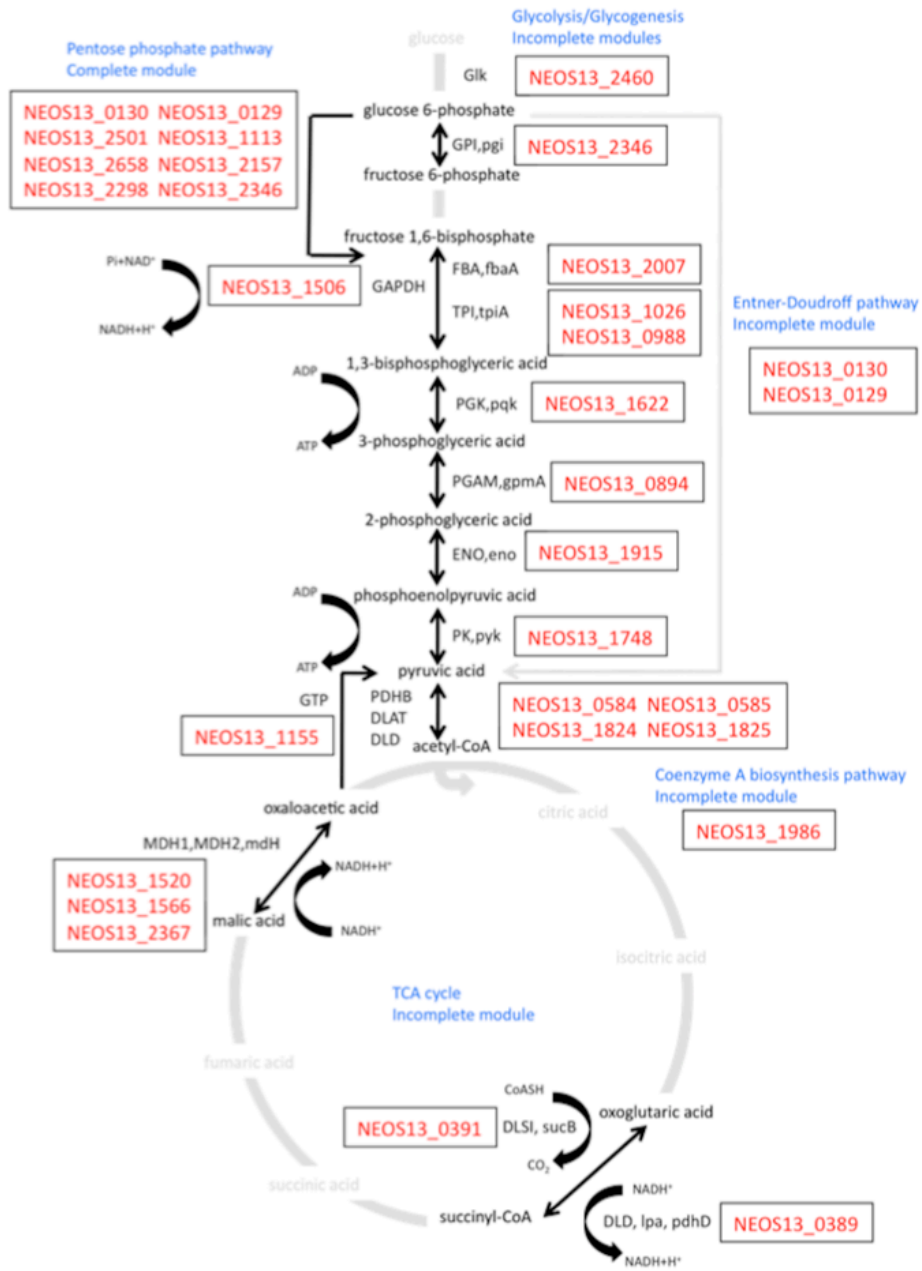


図 6. *Neochlamydia S13* に保存されていると予測される解糖系、ペントースリン酸経路、ED 経路、TCA サイクル

黒線は活性をもつモジュールであると予測される。灰色線は活性のないモジュールであると予測される。赤字は *Neochlamydia S13* の遺伝子 ID を示す。

Respiration
Incomplete module

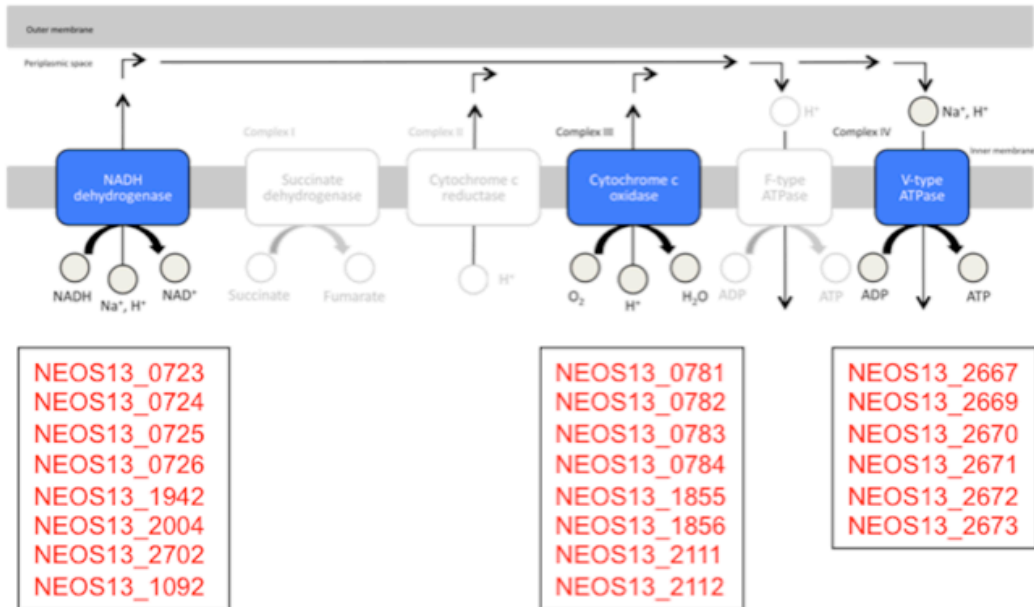


図 7. *Neochlamydia* S13 に保存されていると予測される呼吸鎖経路

黒線は活性をもつモジュールであると予測される。灰色線は活性のないモジュールであると予測される。赤字は *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID を示す。

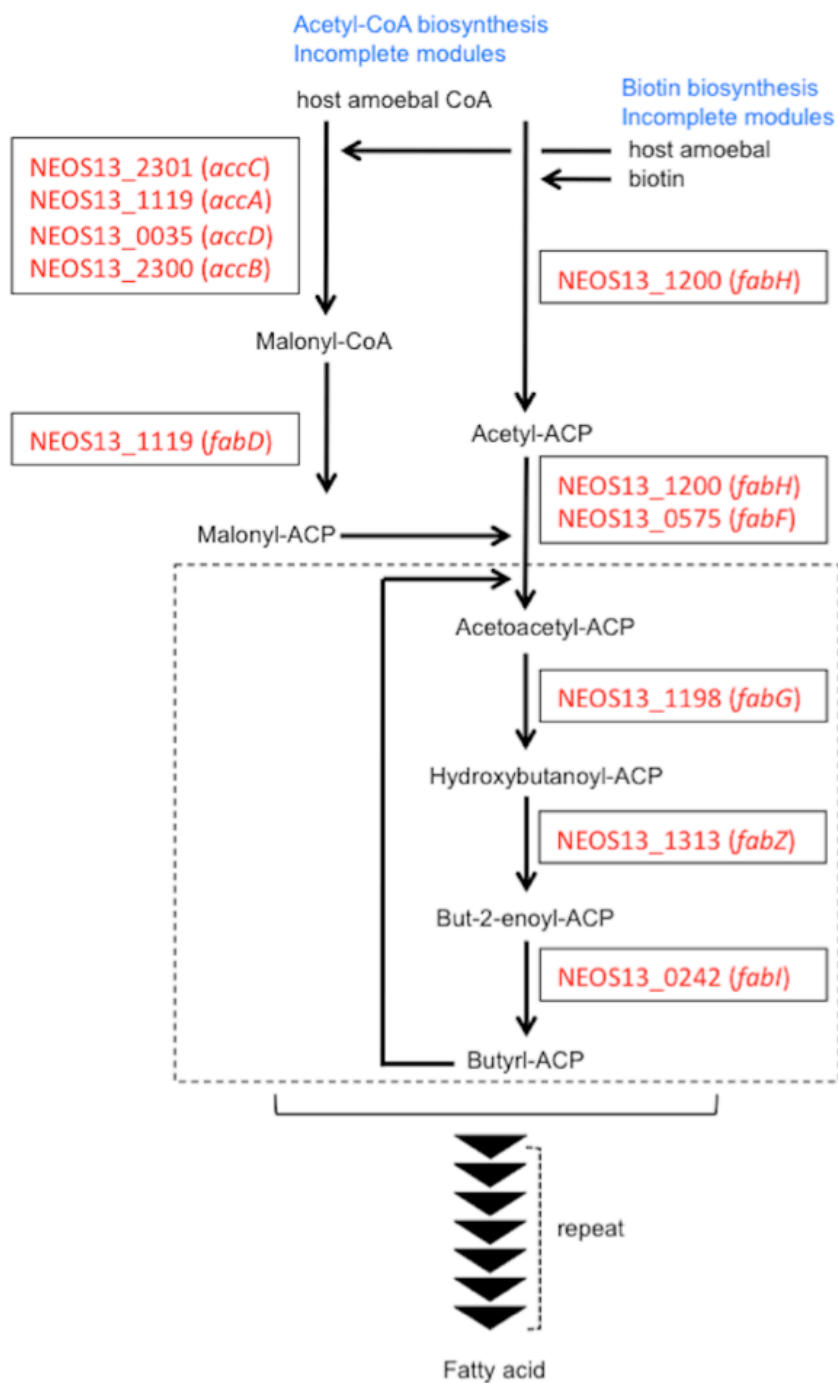


図 8. *Neochlamydia* S13 に保存されていると予測される脂肪酸合成経路
黒線は活性をもつモジュールであると予測される。赤字は *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID
を示す。

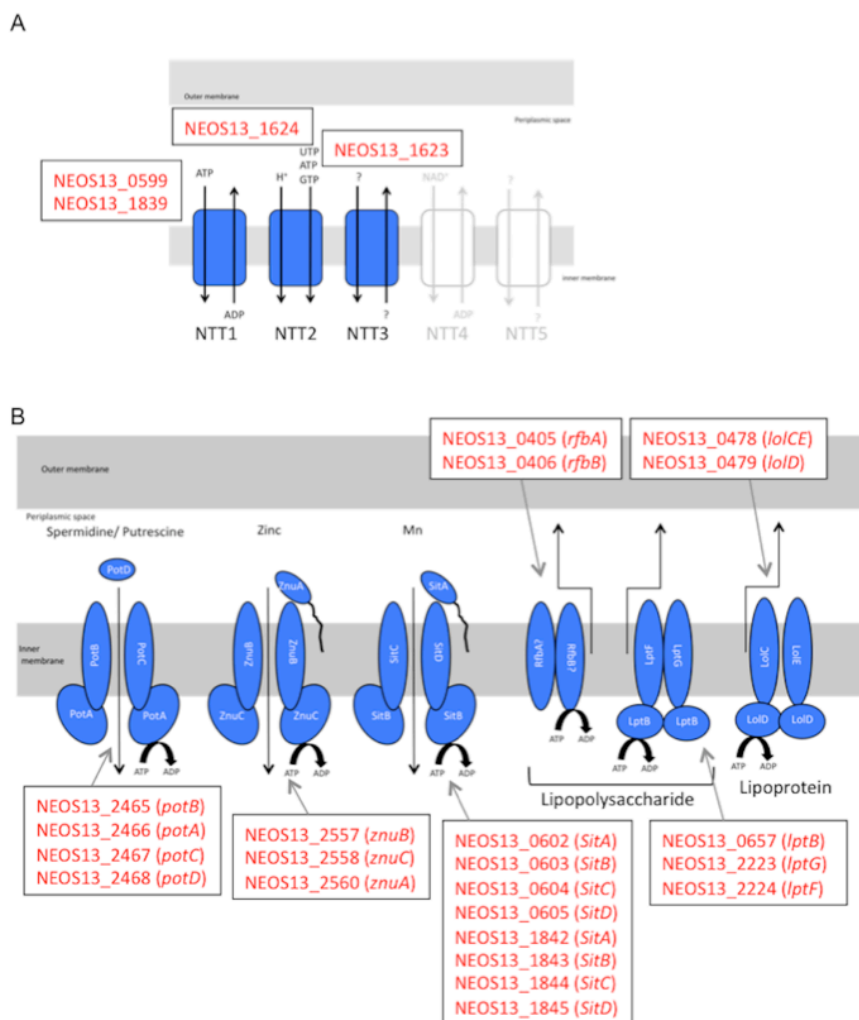


図 9. *Neochlamydia* S13 に保存されていると予測される ATP/ADP トランスロケース (NTT) と ABC トランスポーター

黒線は活性をもつモジュールであると予測される。灰色線は活性のないモジュールであると予測される。赤字は *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID を示す。

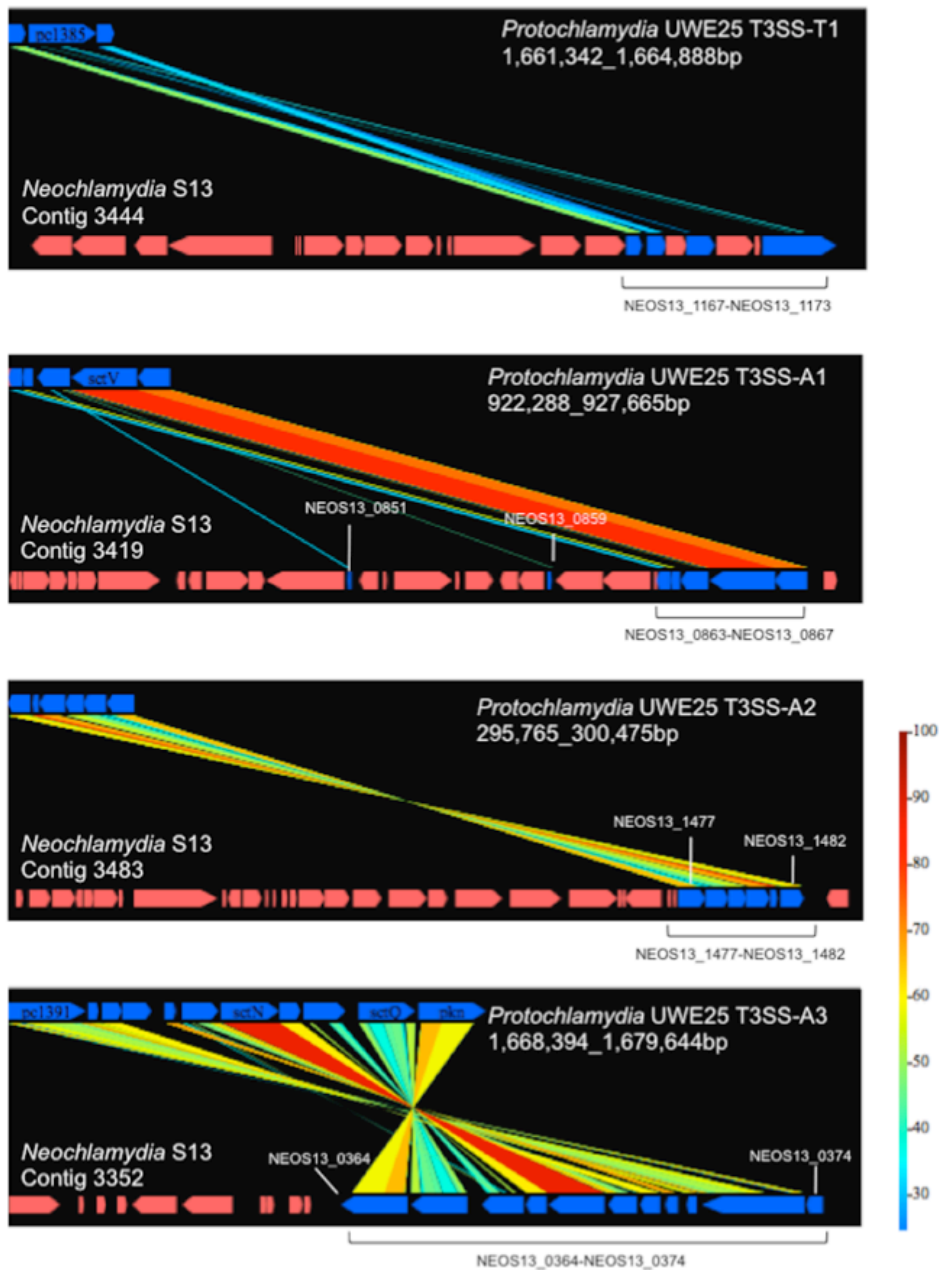


図 10. *Neochlamydia* S13 と *Protochlamydia* UWE25 (NC_005861.1) で保存されている III 型分泌装置をコードする遺伝子の比較

III 型分泌装置をコードするオペロンの構造 (T3SS-T1、T3SS-A1、T3SS-A2、T3SS-A3) を二つのクラミジア間で比較した。上段：T3SS-T1。二段目：T3SS-A1。三段目：T3SS-A2。下段：T3SS-A3。右のスケールは BLASTp で予測される相同性 (%) を示す。

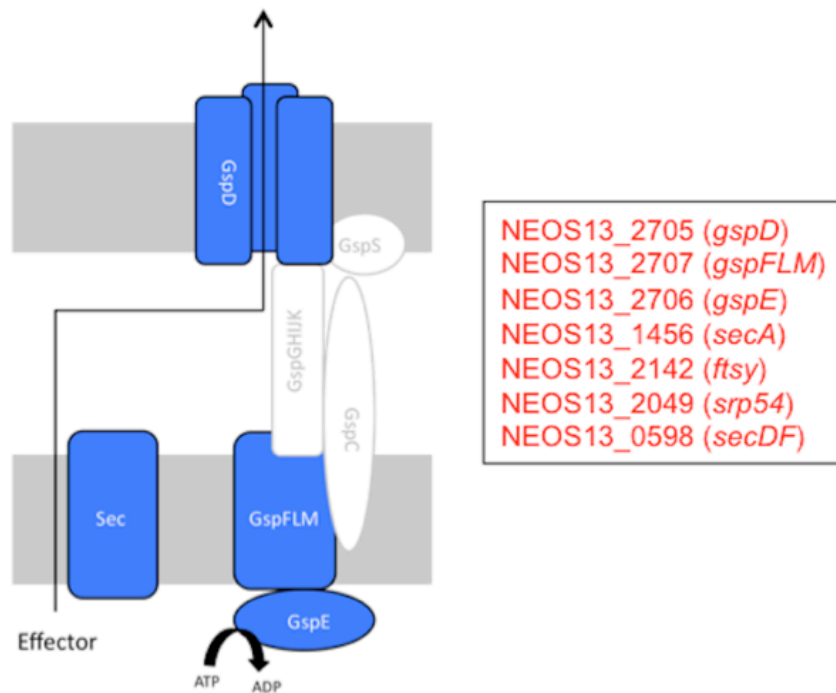


図 11. *Neochlamydia* S13 に保存されていると予測される Sec 依存的な II 型分泌装置に関わる遺伝子

黒線で囲われた図は活性をもつモジュールであると予測される。灰色線で囲われた図は BLAST 解析でヒットしなかった、活性のないと予想されるモジュール。赤字は *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID を示す。

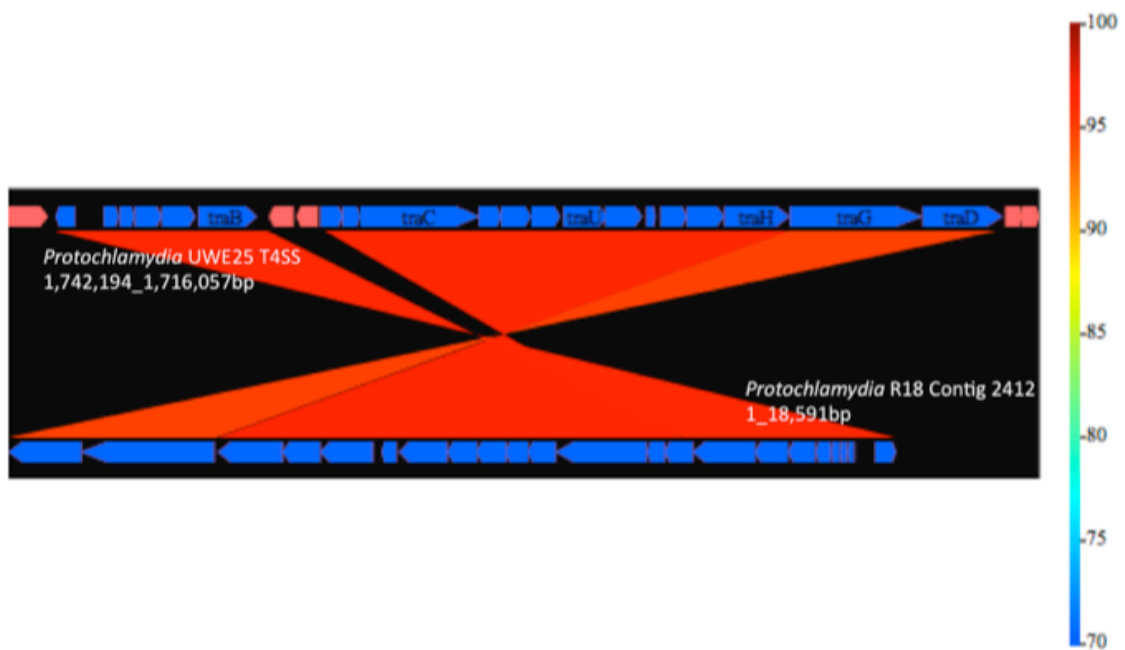


図 12. *Protochlamydia R18* と *Protochlamydia UWE25* (NC_005861.1) で保存されている IV 型分泌装置をコードする遺伝子の比較
 青四角はそれぞれがコードする IV 型分泌装置の領域を示す。

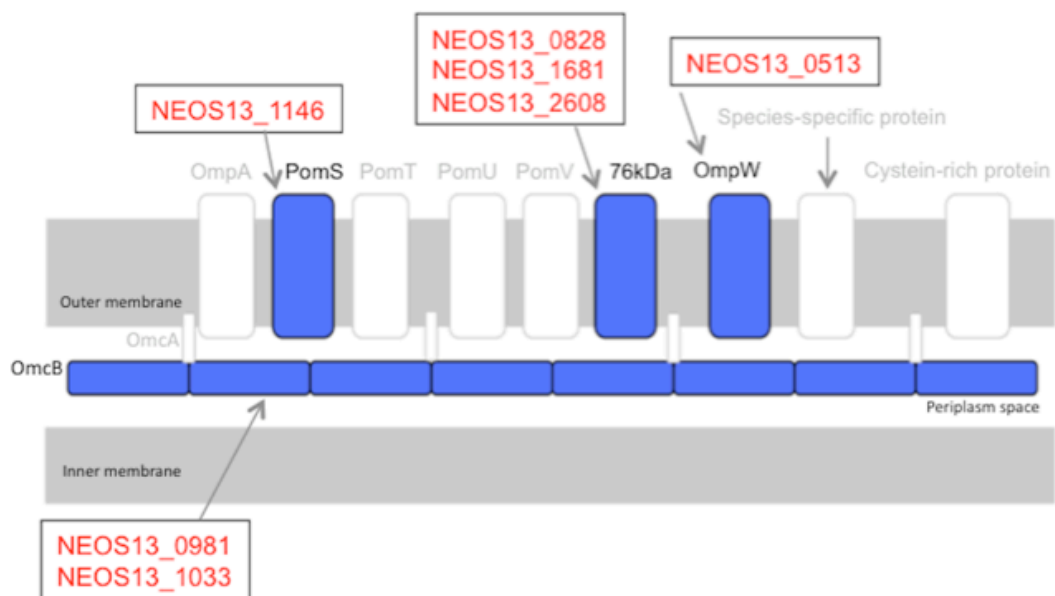


図 13. *Neochlamydia* S13 に保存されていると予測される外膜構造

青色図は活性をもつモジュールであると予測される。灰色図は活性のないモジュールであると予測される。赤字は *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID を示す。この図は Heinz らによって明らかにされた知見に基づき予想された外膜構造[34]と、以前に Aistleitner らによって報告された内容をもとに作成した[34, 35]。

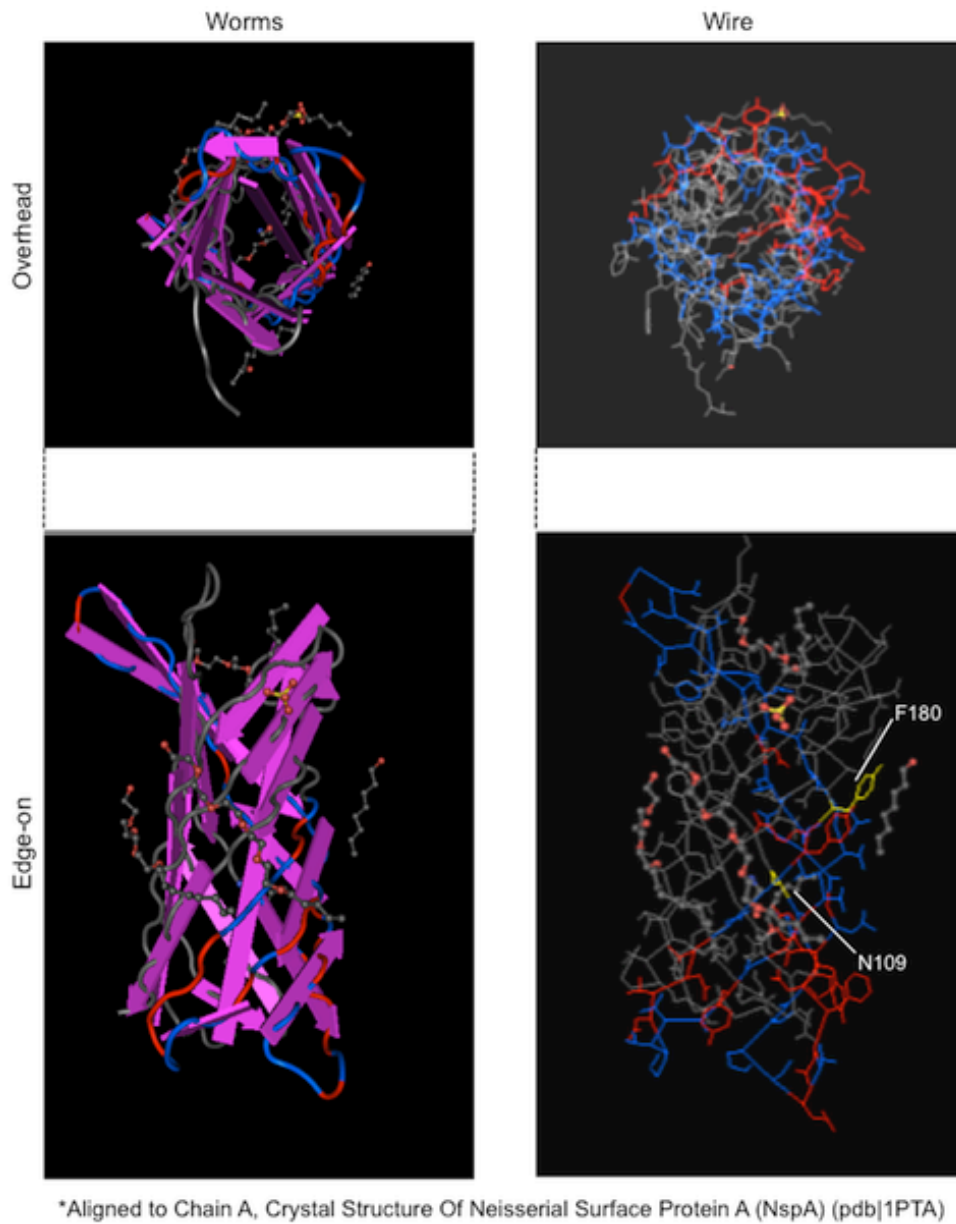


図 14. ポーリンとして *Neochlamydia* S13 外膜に局在することが予想される PomS (NEOS13_1146)の立体構造予測

この立体構造は *Neisseria* の表面蛋白質 (NspA) (pdb:1PTA)の A 鎖結晶構造とアライメントして作製した。N109 (黄色) :アライメントした際の開始アミノ酸。F180 (黄色) :アライメントした際の終止アミノ酸。

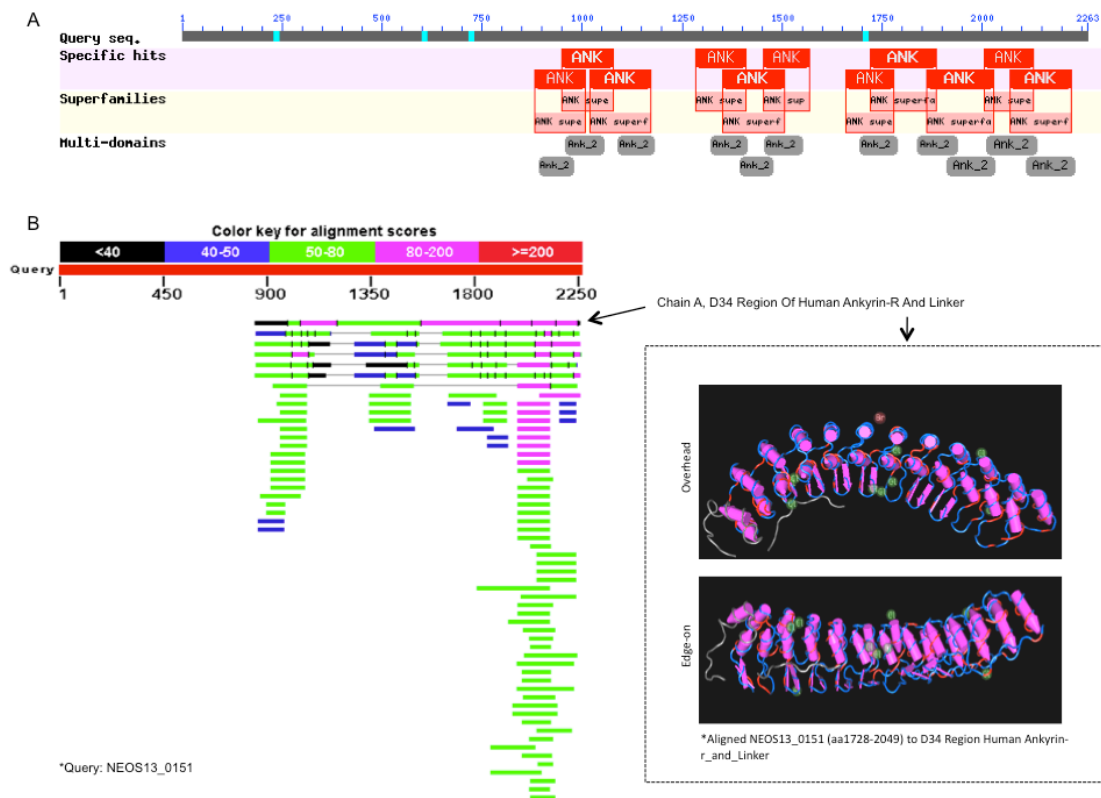


図 15. アンキリンドメインを持つ *Neochlamydia* S13 独自の分子の特徴 (NEOS13_0151)

(A) NEOS13_0151 によってコードされるアミノ酸配列中にアンキリンドメインを検出した。(B) BLASTp と MMDB によって推測されるアライメントスコアと立体構造。

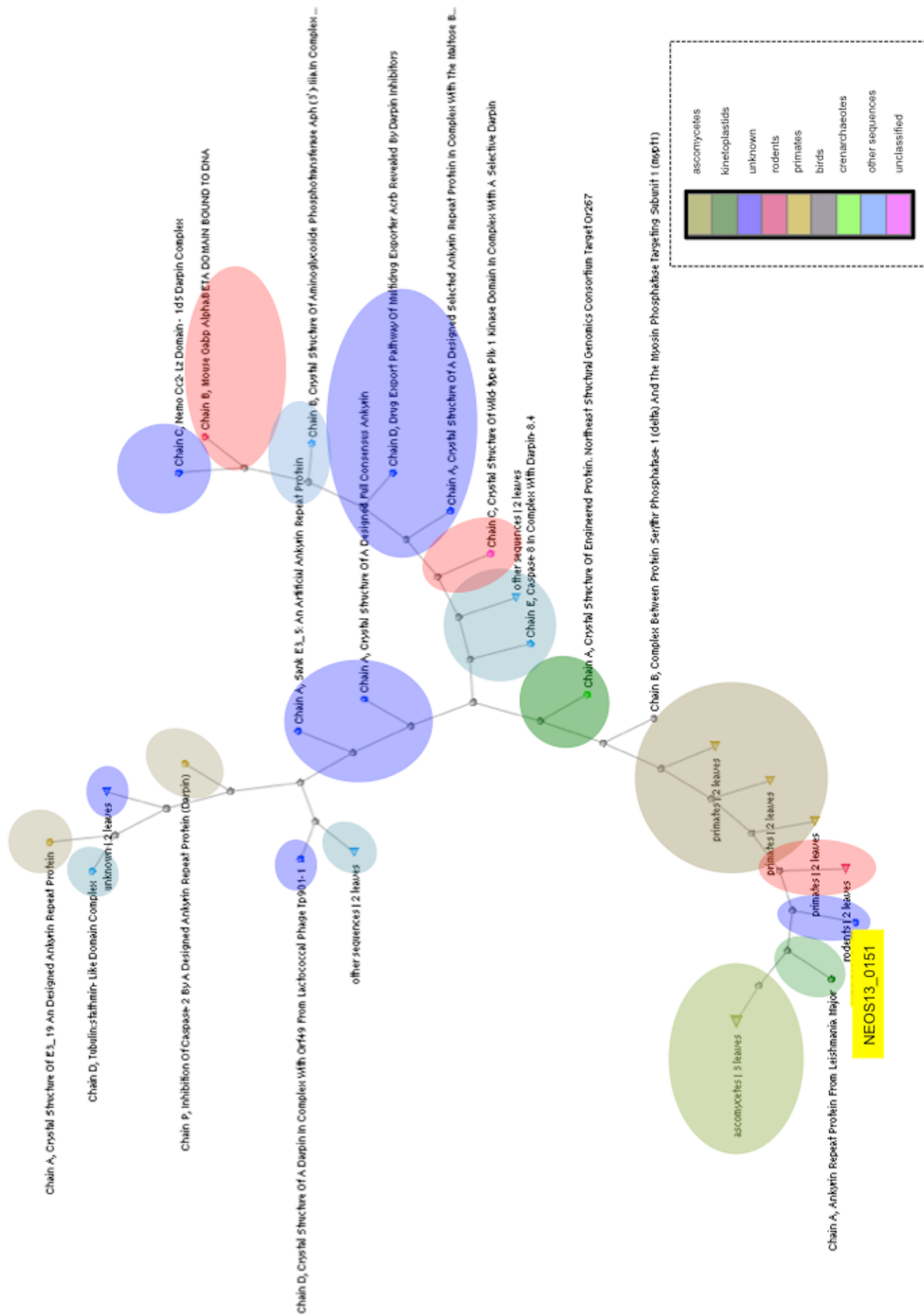


図 16. NEOS13_0151 がコードする蛋白質の系統解析

NEOS13_0151 がコードすると予想される蛋白質と、すでに明らかにされている蛋白質の配列を GenBank から取得して ClustalW2 を使い系統解析した。系統樹は ClustalW2 により作製し、ウェブサイトビューアーで可視化した。

表 1. *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID と遺伝子の特徴 (別冊参照)

表 2. *Neochlamydia* S13 の LRR ドメインを含む遺伝子と相同性がある真核生物の相同遺伝子

Gene feature ID (RAST)	config number	strand	nuc length	pep length	nr database BLAST* (Accession number)	Length	Score	Identities	E value
NEOS13_2442	3583	-	303	100	ref XP_002507353.1 u-box domain/leucine-rich repeat protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO68611.1 u-box domain/leucine-rich repeat protein [Micromonas sp. RCC299]	426	71.2 bits (173)	45/99 (45%)	4E-11
NEOS13_0718	3407	+	174	57	[No hits found]				
NEOS13_0110	3329	+	222	73	ref XP_002503775.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO65033.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	406	80.1 bits (196)	43/69 (62%)	1E-13
NEOS13_1509	3488	+	402	133	ref XP_002509372.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO70630.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	140	89.0 bits (219)	47/80 (58%)	2E-16
NEOS13_0001	1145	+	150	49	[No hits found]				
NEOS13_2799	775	-	234	77	ref XP_002508629.1 hypothetical protein MICPUN_62214 [Micromonas sp. RCC299] gb ACO69887.1 hypothetical protein MICPUN_62214 [Micromonas sp. RCC299]	1098	79.7 bits (195)	40/74 (54%)	1E-13
NEOS13_2805	2642	+	231	77	[No hits found]				
NEOS13_2806	1116	-	219	73	ref XP_002503775.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO65033.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	406	89.4 bits (220)	48/72 (66%)	2E-16
NEOS13_2807	2733	+	210	70	ref XP_002507451.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO68709.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	395	86.3 bits (212)	46/70 (65%)	2E-15
NEOS13_2808	1111	-	210	70	ref XP_002503067.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO64325.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	252	93.6 bits (231)	45/70 (64%)	9E-18
NEOS13_2809	1798	-	201	67	ref YP_001869272.1 Miro domain-containing protein [Nostoc punctiforme PCC 73102] gb ACC84329.1 Miro domain protein [Nostoc punctiforme PCC 73102]	1109	83.6 bits (205)	45/66 (68%)	8E-15
NEOS13_2810	1703	-	192	64	ref XP_002505627.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO6885.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	573	80.9 bits (198)	40/64 (62%)	6E-14
NEOS13_2811	501	+	189	63	ref XP_002507358.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO68616.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	574	83.2 bits (204)	42/62 (67%)	1E-14
NEOS13_2812	1551	-	183	61	ref XP_002509372.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO70630.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	140	78.2 bits (191)	39/60 (65%)	4E-13
NEOS13_2813	2456	-	171	57	ref XP_002503067.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO64325.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	252	73.9 bits (180)	36/57 (63%)	7E-12
NEOS13_2814	2575	-	168	56	ref YP_001869272.1 Miro domain-containing protein [Nostoc punctiforme PCC 73102] gb ACC84329.1 Miro domain protein [Nostoc punctiforme PCC 73102]	1109	73.2 bits (178)	38/56 (67%)	1E-11
NEOS13_2815	2486	+	168	56	[No hits found]				
NEOS13_2816	2732	+	165	55	ref XP_002508688.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO69946.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	518	77.4 bits (189)	41/55 (74%)	7E-13
NEOS13_2817	856	-	156	52	ref XP_002505627.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299] gb ACO6885.1 predicted protein [Micromonas sp. RCC299]	573	70.5 bits (171)	33/52 (63%)	9E-11
NEOS13_2818	3038	-	147	49	[No hits found]				
NEOS13_2819	803	+	138	46	[No hits found]				
NEOS13_2820	1712	+	132	44	[No hits found]				
NEOS13_2821	730	+	132	44	[No hits found]				
NEOS13_2822	1787	-	129	43	[No hits found]				
NEOS13_2823	2417	+	126	42	[No hits found]				
NEOS13_2824	1921	-	126	42	[No hits found]				
NEOS13_2825	1178	-	123	41	[No hits found]				
NEOS13_2826	2984	-	123	41	[No hits found]				
NEOS13_2827	1631	-	114	38	[No hits found]				
NEOS13_2828	1191	-	111	37	[No hits found]				

*BLASTP cutoff: 1.00E-10

第 3 章

病原性クラミジアの III 型分泌装置エフェクター CopN と
相互作用する宿主細胞分子の探索

3-1 第3章概要

第3章では病原性クラミジアのIII型分泌装置エフェクターとして重要な役割を演じると考えられている CopN に注目し、この分子の今まで明らかにされていなかった宿主細胞内標的分子とその機能を明らかにすることで、クラミジアの宿主細胞への適応機構の解明を目指す。

偏性細胞内寄生性細菌である病原性クラミジアはヒトに感染し、性感染症や肺炎などを引き起こす。クラミジアは宿主細胞内で効率よく増殖するためにIII型分泌装置を利用している。III型分泌装置はグラム陰性細菌に広く保存されている分泌装置であり、それから分泌されるエフェクター蛋白質は宿主細胞の様々な分子やシグナルを修飾し、細菌の病原性に重要であると知られている。CopN はクラミジアのIII型分泌装置から分泌されるエフェクターの一つであり、クラミジアの細胞内増殖に必要であることが示唆されている。しかしながら CopN が標的とする宿主細胞内分子や、宿主の修飾メカニズムについては不明な点が多い。そこで我々はプルダウンアッセイを用いて CopN が標的とする未知の宿主分子を同定することにした。まず初めに、大腸菌を用いて GST 融合 CopN 蛋白質 (GST-CpCopN : GST と *Chlamydia pneumoniae* TW183 CopN の融合蛋白質、GST-CtCopN:GST と *Chlamydia trachomatis* D/UW-3/CX CopN の融合蛋白質) を作製した。そして、これら「ベイト蛋白質」とヒト株化上皮細胞 HEp-2 細胞を細胞溶解液で破壊した際の上清を「プレイ蛋白質」としてプルダウンアッセイを行い CopN と結合する HEp-2 細胞蛋白質の検出を行った。プルダウンしたサンプルを SDS-PAGE と CBB 染色で可視化すると GST-CpCopN と特異的に結合するが GST-CtCopN とは結合しない HEp-2 細胞由来の蛋白質の存在を確認した。この蛋白質を質量分析 (nano LC-MS/MS) にて解析すると、これは解糖系や糖新生の重要な酵素の一つである fructose-bisphosphate aldolase A (aldolase A) であることがわかった。さらに先程と同様にプルダウンを行った後、aldolase A 特異的な抗体を用いてウエスタンブロットにて確認すると、やはり GST-CpCopN と aldolase A は結合していたのに対し GST-CtCopN との結合は認められなかった。次に我々はクラミジア感染細胞における aldolase A の役割を明らかにするために aldolase A 特異的な siRNA で aldolase A をノックダウンした細胞内のクラミジア増殖を評価した。ノックダウン細胞と非ノックダウン細胞でクラミジアの封入体形成能に大きな違いは認められなかったが、クラミジアの感染粒子数はノックダウン細胞で増加した。また、クラミジアに恒常的に発現している RpoD の発現量をウエスタンブロットで解析しても、aldolase A ノックダウン細胞で発現量の増加が認められた。これらの結果から aldolase A はクラミジアの増殖抑制に関係することが示唆された。最後に、クラミジア感染時の aldolase A の発現を RT-PCR と qRT-PCR で確認したところ、非感染細胞にくらべて感染細胞で aldolase A の発現が上昇する傾向にあることがわかった。以上のように、本研究は *Chlamydia pneumoniae* の CopN が aldolase A と相互作用することを明らかにした。CopN がなぜ aldolase A と相互作用す

るのかを理解するためには更なる検討が必要だが、aldolase A を介してクラミジアの増殖抑制機構が存在する可能性がある。それ故にクラミジアは、III 型分泌装置のエフェクター CopN を aldolase A と結合させることで aldolase A を介したクラミジア増殖抑制機能の惹起を妨げている可能性が考えられる。本研究成果は、CopN の新たな標的分子を提示するのみならず、クラミジアの知られざる細胞内生存戦略を解き明かす上で有用な情報であると考えられる。

3-2 緒言

クラミジアは独自の二相性の増殖環にて、感染性のある EB と増殖能がある RB の二種類の形態を変化させながら封入体と呼ばれる膜の中で増殖する[6-8]。また、クラミジアは宿主細胞内で増殖するために III 型分泌装置を利用し、種々のエフェクター蛋白質を宿主細胞内に注入する[9]。III 型分泌装置はグラム陰性細菌に広く保存されており、その重要性については *Shigella* や *Salmonella* の実験結果から明らかであるが、例えばこれらの細菌の侵入や細胞内増殖、宿主細胞の生存性維持など細菌の病原性に直接関係することがわかっている[10, 11]。クラミジアについても TARP[12]や IncA[13]、CopN[14]などいくつかのエフェクター蛋白質の機能と共に III 型分泌装置とクラミジア病原性の関連が報告されているが、これらエフェクターによる宿主細胞修飾のメカニズムについては不明な部分も多く存在する。

グラム陰性細菌の III 型分泌装置はチップやニードル、ロッド、プラグを構成する複数の蛋白質により構成されており[15]、エフェクター蛋白質の宿主細胞への移行はプラグ蛋白質により厳密に制御されている。例えば *Shigella flexneri* ではプラグ蛋白質である MxiC がエフェクター分泌を制御していることが知られている[16, 17]。また *Yersinia* の III 型分泌装置を介したエフェクター分泌は YopN/TyeA のプラグ蛋白質複合体により調整されており、細胞外のカルシウム濃度低下または真核細胞との接触によりエフェクター分泌が活性化される[18, 19]。また YopN や MxiC などのプラグ蛋白質はエフェクター同様、宿主細胞に打ち込まれるが、これらの蛋白質自身はエフェクターとして機能しない[16, 20]。

最近の研究により、CopN は YopN や MxiC と相同性のある III 型分泌装置のプラグ蛋白質であることがアミノ酸配列比較により示唆されるが、CopN は YopN や MxiC とは異なり III 型分泌装置のエフェクター蛋白質としても機能することがわかってきた[14, 21, 22]。また大腸菌を用いて作製した His 融合 CopN 蛋白質を使用した gel filtration assay により、CopN は tubulin と結合して微小管の形成を阻害することが明らかになった[23]。さらに yeast two-hybrid 法によっても CopN は tubulin と結合することが明らかにされ、CopN の機能を特異的に阻害する薬剤を添加するとクラミジアの増殖が抑制されることもわかってきた[24]。このように CopN は III 型分泌装置のプラグ蛋白質の機能を持つと同時にエフェクタ

一としても機能し、クラミジアの細胞内増殖に必要であることが示唆されている。しかしながら CopN の標的蛋白質は tubulin しか同定されておらず、tubulin との結合だけでは CopN がクラミジア増殖に必要であることが説明できないため、CopN がその他の宿主分子と相互作用して、クラミジアの細胞内増殖に影響を与えている可能性は十分に考えられる。そこで本研究は、明らかにされていない未知の CopN 標的分子の同定を行い、その役割を明らかにすることを目的とする。

3-3 対象と方法

3-3-1 ヒト株化細胞

ヒト株化上皮細胞 HEp-2 と HeLa はそれぞれ ATCC (Manassas, VA, USA)、Riken cell bank (Tsukuba, Japan) より購入した。細胞は両方ともに 37 °C、5% CO₂ 条件下で三種類の抗菌剤 (GVA : gentamycin (10 ug/mL)、vancomycin (10 ug/mL)、amphotericin (0.5 ug/mL) (すべて Sigma aldrich より購入)) を含む 10% FCS 加 DMEM (Sigma aldrich, St. Louis, MO, USA) で培養した[25, 26]。

3-3-2 クラミジアと細胞への感染

C. pneumoniae TW183 はテネシー大学の G. Byrne 教授より供与された。*C. trachomatis* D/UW3 CX VR-885 株は ATCC より購入した。それぞれのクラミジアは HEp-2 細胞または HeLa 細胞に感染させ、以前の報告を参考に継代培養した[25, 26]。クラミジアの培養には GVA を含む 20%FCS 加 DMEM を使った。クラミジア感染 HEp-2 細胞または HeLa 細胞はそれぞれ 72、48 時間後に回収し -80 °C で保存した。その後、凍結融解によって細胞を破壊し 400×g の遠心操作によって細胞片を除去した。クラミジアは細胞片を除いた上清を 1,000×g で遠心して回収し、SPG バッファー (0.2 M スクロース、3.8 mM KH₂PO₄、6.7 mM Na₂HPO₄、5 mM L-グルタミン酸) で懸濁し、使用するまで -80 °C で保存した。感染粒子数すなわち EB 数は封入体形成 (IFU 法) にて算定した (3-3-7 IFU 法参照) [27]。

3-3-3 組換え CopN の作製

C. pneumoniae TW183 株と *C. trachomatis* UW-3/CX VR-885 株の DNA を High Pure PCR Template Preparation Kit (Roche, Indianapolis, IN, USA) にて抽出し、CopN 遺伝子のクローニングに使用した。CopN 遺伝子の全長配列 [CpcopN: *C. pneumoniae* TW183, CpB0334 (NC_005043.1); CtcopN: *C. trachomatis* UW-3/CX serovar D, CT_089 (NC_000117.1)] をそれぞれのクラミジア DNA を鋳型に、Phusion High-Fidelity DNA Polymerase (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) で増幅した。プライマーには forward と reverse にそれぞれ BamHI、NotI の切断配列を付加したものを使用した。増幅した PCR 産物は精製後、BamHI

I と Not I (いずれも New England Biolabs から購入したものを使用した) で制限酵素処理し、GST 融合蛋白発現プラスミドベクター pGEX-6P-1 (GE Healthcare Bio-Sciences AB, Uppsala, Sweden) の GST 下流に位置するマルチクローニングサイトに *Escherichia coli* Top10 株を用いてクローニングした。pGEX-6P-1 は琉球大学の平井到博士より供与されたものを使用した。形質転換された *Escherichia coli* Top10 株からプラスミドを抽出して CopN 全長配列の挿入を制限酵素処理 (BamHI, NotI) で確認した。CopN 配列の挿入が確認された pGEX-6P-1 プラスミドは *E. coli* BL21 (DE3) 株に添加して形質転換し、0.1 mM IPTG を添加してそれぞれの GST 融合 CopN 蛋白質の発現を誘導し、37 °C で 4 時間振とう培養した。培養後、BL21 (DE2) 株は遠心操作にて回収し B-PER-Reagent (Thermo Fisher Scientific) で溶解した。溶解しなかった大腸菌成分は遠心操作にて除去し、GST 融合 CopN 蛋白質を glutathione-agarose beads (Thermo Fisher Scientific) で精製した。精製した GST 融合蛋白質の濃度は Bradford 法にて測定し、使用するまで -80 °C で保存した。

3-3-4 プルダウンアッセイと質量分析

GST 融合蛋白質は細胞溶解液 (40 mM Tris-HCl (pH 7.5)、150 mM 塩化ナトリウム、0.5% Triton-X-100、1% protease inhibitor cocktail (Nacalai Tesque, Kyoto, Japan)) で HEp-2 細胞を破砕した際の可溶性分画と glutathione-agarose beads (Thermo Fisher Scientific) と混合して 4 ~ 12 時間 4 °C で回転させながら反応させた。50 mM Tris-HCl (pH 6.8) で複数回洗浄した後、glutathione-agarose beads に捉えられた蛋白質は 2-mercaptoethanol 加 2×SDS sample buffer で溶出し、95 °C で 5 分間熱処理後、SDS-PAGE で分離し CBB 染色にて可視化した。CopN 特異的に結合していると推測された蛋白質のバンドはゲルから切り出し、nano LC-MS/MS (Japan Bio Services, Saitama, Japan) にて解析した。

3-3-5 RNA 抽出および RT-PCR と定量(q)RT-PCR

総 RNA はクラミジア感染細胞または非感染細胞より High Pure RNA Isolation Kit (Roche) を用いて抽出した。500 ng の総 RNA は ReverTraAce qPCR RT Master Mix (Toyobo, Osaka, Japan) で逆転写し cDNA を作製した。そして以下のプライマーを用いた PCR にて cDNA を増幅した (*gapdh* : forward 5' -AAC GGG AAG CTC ACT GGC ATG-3', reverse 5' -TCC ACC ACC CTG TTG CTG TAG-3' [28], *aldolase A* : forward 5' -CGC AGA AGG GGT CCT GGT GA-3', reverse 5' -CAG CTC CTT CTT CTG CTC CGG GGT-3' [29], *enolase* : forward 5' -GAG CTC CGG GAC AAT GAT AA-3', reverse 5' -CTG TTC CA TCC ATC TCG ATC-3' [30], *β-actin* : forward 5' -GAC CAC ACC TTC TAC AAT GAG-3', reverse 5' -GCA TAC CCC TCG TAG ATG GG-3' [31], *chlamydial 16S rRNA* : forward 5' -CGG CGT GGA TGA GGC AT-3', reverse 5' -TCA GTC CCA GTG TTG GC-3' [32])。PCR は以下の条件で行った (熱変性 : 95 °C ・ 10 分間、熱変性、アニーリング、伸長反応 : 95 °C ・ 30 秒間、55 または 60 °C ・

30 秒間、72°C・45 秒間 (25~40 サイクル)、伸長反応 : 72 °C・10 分間)。PCR 産物は 2% アガロースで泳動しエチジウムブロマイドで染色して UV 照射にて可視化した。qRT-PCR も同様に上記のプライマーを使って SYBR Green Realtime PCR Master Mix (Toyobo) で標的遺伝子を増幅し、SYBR green の量を測定して遺伝子の発現量を定量した。標的遺伝子の転写量は *β-actin* の転写量を基に標準化した。

3-3-6 Aldolase A ノックダウン細胞の作製とクラミジア感染

一過性の aldolase A ノックダウン細胞は以下に示す aldolase A 特異的な siRNA 配列を HEp-2 細胞にトランスフェクションして作製した (passenger strand : 5' -CCG AGA ACA CCG AGG AGA A dTdT-3'、guide strand : 5' -UUC UCC UCG GUG UUC UCG G dTdT-3')。また陰性コントロールとして使用した scramble RNA は以下の配列を使用した (passenger strand : 5' -UUC UCC GAA CGU GUC ACG UdTdT-3'、guide strand : 5' -ACG UGA CAC GUU CGG AGG AGA AdTdT-3')。これらの passenger および guide strand 配列の合成は北海道システムサイエンスに依頼した。siRNA または scramble RNA のトランスフェクションには Multifectam (Promega, Madison, WI, USA) を使用した。まず 1.0 pmol/uL に調整した siRNA または scramble RNA と 10 uL の Multifectam、合わせて 20 uL を室温で 30 分間反応させた。その後 Multifectam-siRNA または scramble RNA 複合体を 24 穴プレート中に 1×10^5 で調節された HEp-2 細胞に添加して 37°C、5% CO₂ 条件下で 24 時間培養した。siRNA 法による aldolase A の発現抑制は aldolase A 特異的な抗体を用いたウエスタンブロットで確認した。また aldolase A ノックダウン細胞へのクラミジア感染は、トランスフェクション 24 時間後の HEp-2 細胞にクラミジアを MOI 5 で添加し 400 × g で 1 時間遠心して行った。その後 DMEM で洗浄し、感染していないクラミジアを除去した後 37°C、5% CO₂ 条件下で最大 72 時間培養した。Aldolase A ノックダウン細胞内でのクラミジアの増殖は IFU 法と RpoD 特異的な抗体を用いたウエスタンブロットで確認した。

3-3-7 IFU 法

クラミジアの感染粒子数 (EB 数) は IFU 法にて算定した。まず、-80°C で保存された *C. trachomatis* または *C. pneumoniae* 感染細胞を凍結融解で破壊し、それを 96 穴プレートにモノレイヤーに調整した HEp-2 細胞に添加して吸着感染 (400×g、60 分間) させた。感染後は、cycloheximide (2 μg/mL) を含む 20%FCS 加 DMEM (GVA 含)にて 37°C、5%CO₂ 存在下で培養した。培養 48 または 72 時間後に感染細胞を 70%エタノールで 10 分間固定し、HEp-2 細胞内に形成された封入体を FITC 標識抗 *Chlamydia* LPS モノクローナル抗体 (Denka-seiken, Tokyo, Japan) で染色し、蛍光顕微鏡下で封入体数を算定して EB 数を算出した[27]。

3-3-8 蛍光免疫染色

Aldolase A ノックダウン細胞または非ノックダウン細胞に感染させたクラミジア封入体は FITC 標識抗 *Chlamydia* LPS モノクローナル抗体 (Denka-seiken) で染色し観察した。

3-3-9 ウェスタンブロット

いずれのサンプルも 2-mercaptoethanol を含む 2×SDS sample buffer を加えて 95 °C、5 分間の熱処理により蛋白質を変性させた。その後、サンプルに粘性がある場合は超音波処理により粘性を除去し、10% (w/v) SDS-PAGE にてサンプルを泳動し、蛋白質を分離した。泳動後はセミドライ式のブロッティング装置で蛋白質を PVDF 膜に転写した。その後 PVDF 膜は 5% スキムミルクを含む Tween-20 加 TBS (TBST) でブロッキングし、TBST で洗浄後、一次抗体 (mouse anti-GST monoclonal antibody (Nacalai Tesque)、rabbit anti-human aldolase A polyclonal antibody (Cell Signaling Technology, Danvers, MA, USA)、mouse anti- α -tubulin monoclonal antibody (Sigma Aldrich)、rabbit anti-RpoD polyclonal antibody (Sigma Aldrich に作製を依頼した)) を添加して一時間室温で振とう反応させた。その後 TBST で洗浄し、二次抗体 (HRP-conjugated goat anti-mouse IgG and IgM antibody (Jackson ImmunoResearch, West Grove, PA, USA)、HRP-conjugated goat anti-rabbit IgG antibody (KPL, Gaithersburg, MD, USA)) を添加して一時間室温で浸とう反応させた。抗体で標識された蛋白質は Pierce Western Blotting Substrate (Thermo Fisher Scientific) で可視化した。

3-3-10 統計解析

本論文中のデータはスチューデントの *t* 検定で解析し、*P* 値が 0.05 よりも小さいものを有意差ありと評価した。

3-4 結果

3-4-1 *C. pneumoniae* CopN は aldolase A と相互作用する

III 型分泌装置のプラグやエフェクターとして機能する CopN 蛋白質ファミリーは相同性が低いながらもクラミジアのみならず、グラム陰性細菌に広く保存されている[9]。本研究で使用した *C. pneumoniae* TW183 株と *C. trachomatis* D/UW3 CX VR-885 株間のアミノ酸配列の相同性は約 48% だった (図 1A)。我々は CopN と相互作用する宿主蛋白質を同定するために GST 融合 CopN 蛋白質 (*C. pneumoniae*: GST-CpCopN、*C. trachomatis*: GST-CtCopN) と HEp-2 細胞溶解液の上清を使ってプルダウンアッセイを行った。作製した GST 融合 CopN 蛋白質を SDS-PAGE で展開し CBB 染色したところ、検出されたバンドはほぼ単一であり非特異的な蛋白質の混入は見られなかった (図 1B)。プルダウンアッセイの結果、GST-CpCopN 特異的に結合するが、GST-CtCopN や GST 単独の組換え蛋白質には結合しな

い約 40 kDa の HEp-2 細胞蛋白質を検出した (図 1C、矢印)。我々はその約 40 kDa の蛋白質を CopN の推定標的蛋白質と考え、蛋白質のバンドを切り出して、nano LC/-MS/MS にて解析した。質量分析の結果、この 40 kDa の蛋白質は解糖系酵素の一つである aldolase A か lantionine 合成酵素の構成要素である lancC 様蛋白質であることが示唆された (図 2A)。しかしながら、ペプチドヒット数とカバー率は lancC 様蛋白質 1 と比べて aldolase A のほうが明らかに高かったことから (図 2A)、我々は GST-CpCopN の標的蛋白質として解糖系酵素である aldolase A に注目した。GST-Cp CopN と aldolase A の結合を確かめるために、我々は先程と同様にプルダウンしたサンプルを aldolase A 特異的な抗体を用いてウェスタンブロットを行った。その結果、予想した通りに aldolase A は GST-CpCopN とプルダウンしたサンプルでのみ検出された (図 2B、lane Cpn)。興味深いことに aldolase A は *C. trachomatis* CopN とは結合しなかった (図 2B、lane CtD)。

3-4-2 Aldolase A ノックダウン細胞内でのクラミジアの増殖

クラミジアが解糖系酵素 aldolase A と相互作用しなければならない理由は定かでないが、解糖系酵素がウイルスや細菌感染を感知するシグナル分子であり、このシグナルをマスキングすることで宿主細胞内でのクラミジア増殖が促進する可能性が考えられる。この仮説を確かめるために、我々は一過性の aldolase A ノックダウン細胞を作製し、その中でクラミジア増殖が変化するかどうかを検証した。はじめに、aldolase A が siRNA により発現抑制されていることを aldolase A 特異的な抗体を用いたウェスタンブロットで確認した (図 3A、上段右)。Aldolase A ノックダウン細胞におけるクラミジア増殖は封入体の形態、EB 数、RpoD の発現を解析することで評価した。クラミジア封入体を蛍光免疫染色し蛍光顕微鏡で観察したところノックダウン細胞と非ノックダウン細胞内での封入体の形態に大きな違いは認められなかった (図 3B)。しかしながら *C. pneumoniae* の EB 数はノックダウン細胞内で明らかに増加しており (図 3C)、*C. trachomatis* の EB 数もノックダウン細胞で増加する傾向にあった (図 3D)。さらに、RNA ポリメラーゼの構成要素であり、恒常的にクラミジア菌体で発現している RpoD の転写量の変化を RpoD 特異的な抗体にてウェスタンブロットで確認した[35]。すると IFU 法で算定した EB 数と同様に RpoD の発現量は aldolase A ノックダウン細胞で上昇する傾向にあった (図 4)。以上の結果から、aldolase A の発現抑制はクラミジアの増殖を促進することがわかった。また、aldolase A ノックダウン細胞の生存性をトリパンブルー染色で確認したが、生存性はほぼ 100%に維持されていたことから、クラミジアの増殖促進への細胞の生存性の影響は最小限であると考えられた(未発表データ)。

3-4-3 *C. pneumoniae* 感染細胞内での aldolase A 遺伝子発現変化

我々は次に、クラミジア感染が *aldolase A* の発現に転写レベルで影響を与えるかどうかを確認するために、クラミジア感染細胞における *aldolase A* の発現変化を RT-PCR と qRT-PCR で確認した。HEp-2 細胞へのクラミジア感染は非感染細胞に比べて *aldolase A* の発現を上昇させる傾向にあった (図 5A、B 左)。また *gapdh* と *enolase* についても感染細胞でわずかではあるが、増加する傾向が認められた (図 5B、中央と右)。

3-5 考察

病原性クラミジアはヒトに感染して呼吸器感染症や性感染症を引き起こす病原細菌である。クラミジアは偏性細胞内寄生性細菌であるため宿主細胞内で増殖するが、その際に III 型分泌装置を介してエフェクター分子を宿主細胞に注入し、宿主の様々な分子やシグナルを修飾することが知られている[9, 12, 13]。CopN はクラミジアの III 型分泌装置エフェクターであると同時に、アミノ酸配列の相同解析からプラグ蛋白質として機能することも示唆される。最近の研究により、CopN は tubulin と結合して微小管の形成を阻害することや[23]、クラミジアが封入体内で成熟・増殖する上で必須な分子であることが明らかになってきた[24]。しかしながら CopN の標的蛋白質は tubulin しか同定されておらず、tubulin との結合だけでは CopN がクラミジア増殖に必要であることが説明できないため、CopN が宿主細胞内で他の分子と相互作用し、クラミジアの細胞内増殖に影響を与えている可能性は十分に考えられる。そこで本研究は、未知の CopN 標的分子の探索と、その分子の役割を明らかにすることを目的とし実験を行った。

はじめに、我々は CopN と相互作用する宿主蛋白質を同定するため GST 融合 CopN 蛋白質 (*C. pneumoniae*: GST-CpCopN、*C. trachomatis*: GST-CtCopN) と HEp-2 細胞を用いたプルダウンアッセイを行った。プルダウンの結果、GST-CpCopN 特異的に結合するが、GST-CtCopN や GST 単独の組換え蛋白質には結合しない約 40 kDa の HEp-2 細胞蛋白質を検出した。その約 40kDa の蛋白質を nano LC-MS/MS にて解析した結果、解糖系酵素である aldolase A だとわかった。興味深いことに aldolase A は *C. pneumoniae* CopN とのみ結合し、*C. trachomatis* CopN とは結合しなかった。その理由については明らかでないが、両者の相同性が 48% と低いことが理由の一つとして挙げられるかもしれない。さらに、以前の研究により *C. pneumoniae* は CopN を宿主細胞の細胞質に分泌するが、*C. trachomatis* CopN は宿主細胞質には分泌されずに封入体膜に局在することが示唆されている[14]。今回の結果は、*C. pneumoniae* と *C. trachomatis* CopN 間での局在や機能に違いがあることを示唆している。一方、私たちが行ったプルダウンアッセイでは残念なことに、以前に *C. pneumoniae* CopN と相互作用すると報告された tubulin を捉えることができなかった[23]。Archuleta らは gel filtration assay で CopN と結合する蛋白質を検出しているため、検出方法と感度の違

いから異なる CopN の標的蛋白質を捉えたのかもしれない。いずれにしても我々は、プルダウンアッセイで *C. pneumoniae* CopN の標的蛋白質として aldolase A を検出することに成功した。しかしながら、なぜ *C. pneumoniae* は aldolase A という解糖系酵素と相互作用しなければいけないのかは定かでない。そこでその理由の一端を明らかにするため、我々は aldolase A 特異的な siRNA のトランスフェクションにて一過性に aldolase A の発現を抑制し、その細胞内でクラミジアの増殖が促進することをみつけた。解糖系酵素である aldolase A をノックダウンした時にクラミジアの増殖が促進する理由については明らかでないが、最近の研究によると aldolase A を含む解糖系酵素には「moon light functions」と呼ばれる、解糖系酵素以外のはたらきを持つことが示唆されている[36, 37]。例えば、aldolase A は F-アクチンと結合することが報告されており[38]、この結合は小胞輸送や細胞の運動性にも影響を与えていることが明らかになりつつある[38, 39]。さらに aldolase A は WASP と結合し、WASP/Arp2/3 複合体関連のアクチン再構成に影響することも知られている[34, 40]。WASP/Scar 蛋白質は Rho small GTPase ファミリーによって活性化されて、新しいアクチン繊維を作るために Arp2/3 複合体を活性化する[41]。このような aldolase A のアクチン再構成に関わる機能がクラミジア増殖に影響を与えているのかもしれない。さらに重要なことに、caspase-1 は aldolase A を含む解糖系酵素の断片化を認識して細胞死に導くことから、解糖系酵素は細胞の恒常性を阻害するようなシグナルを感知するセンサー蛋白質として機能している可能性が最近報告された[42]。この知見から、CopN が aldolase A と結合することで aldolase A の断片化が抑制され、クラミジア感染細胞の細胞死誘導が緩慢になり、感染細胞内でのクラミジアの長期間の生存性が可能になるのかもしれない。

最後に我々はクラミジア感染細胞では非感染細胞に比べて aldolase A の発現が上昇する傾向にあることを明らかにした。この理由は定かでないが、予期せぬ解糖系のダメージを回復させるためのバックアップシステムが細胞には存在するのかもしれない。最近の研究により、細菌が感染した *Drosophila melanogaster* では解糖系酵素の発現量が変化することが示唆されており[43]、今回の我々の結果は細菌感染が解糖系酵素の発現を変化させる何らかのシグナルを誘導している可能性を示唆している。

3-6 結論

本研究で我々は *C. pneumoniae* CopN と aldolase A が相互作用することを見つけた。また aldolase A ノックダウン細胞を用いた実験結果から、aldolase A がクラミジア増殖に影響を及ぼす可能性が示された。CopN が aldolase A と相互作用しなければいけない理由や、aldolase A がクラミジア増殖に影響を与えている機序については更なる検討が必要であるが、我々の研究結果は、クラミジアの病原性発動に直結する分泌エフェクター CopN の細胞内機能修飾を介したクラミジアと宿主細胞間の相互関係を理解する上で極めて重要な所見であると確信している。

3-7 参考文献

1. Blasi F, Tarsia P, Aliberti S (2009) *Chlamydothila pneumoniae*. *Clin Microbiol Infect* 15: 29-35.
2. Belland RJ, Ouellette SP, Gieffers J, Byrne GI (2001) *Chlamydia pneumoniae* and atherosclerosis. *Cell Microbiol* 6: 117-127.
3. Gottlieb SL, Berman SM, Low N (2010) Screening and treatment to prevent sequelae in women with *Chlamydia trachomatis* genital infection: how much do we know? *J Infect Dis* (Suppl 2) :S156-167.
4. Malik A, Jain S, Rizvi M, Shukla I, Hakim S (2009) *Chlamydia trachomatis* infection in women with secondary infertility. *Fertil Steril* 91: 91-95.
5. Hahn DL, Schure A, Patel K, Childs T, Drizik E, Webley W (2012) *Chlamydia pneumoniae*-specific IgE is prevalent in asthma and is associated with disease severity. *PLoS ONE* 7:e35945.
6. Abdelrahman YM, Belland RJ (2005) The chlamydial developmental cycle. *FEMS Microbiol Rev* 29:949-959.
7. Abromaitis S, Stephens RS (2009) Attachment and entry of *Chlamydia* have distinct requirements for host protein disulfide isomerase. *PLoS Pathog* 5: e1000357.
8. Hybiske K, Stephens RS (2007) Mechanisms of host cell exit by the intracellular bacterium *Chlamydia*. *Proc Natl Acad Sci USA* 104: 11430-11435.
9. Betts-Hampikian HJ, Fields KA (2010) The Chlamydial Type III Secretion Mechanism: Revealing Cracks in a Tough Nut. *Front Microbiol* 1: 114.
10. Carayol N, Tran Van Nhieu G (2013) Tips and tricks about *Shigella* invasion of epithelial cells. *Curr Opin Microbiol* 16: 32-37.
11. van der Heijden J, Finlay BB (2012) Type III effector-mediated processes in *Salmonella* infection. *Future Microbiol* 7: 685-703.

12. Clifton DR, Fields KA, Grieshaber SS, Dooley CA, Fischer ER, Mead DJ, Carabeo RA, Hackstadt T (2004) A chlamydial type III translocated protein is tyrosine-phosphorylated at the site of entry and associated with recruitment of actin. *Proc Natl Acad Sci USA* 101:10166-10171.
13. Subtil A, Parsot C, Dautry-Varsat A (2001) Secretion of predicted Inc proteins of *Chlamydia pneumoniae* by a heterologous type III machinery. *Mol Microbiol* 39:792-800.
14. Fields KA, Hackstadt T (2000) Evidence for the secretion of *Chlamydia trachomatis* CopN by a type III secretion mechanism. *Mol Microbiol* 38:1048-1060.
15. Enninga J, Rosenshine I (2009) Imaging the assembly, structure and activity of type III secretion systems. *Cell Microbiol* 11:1462-1470.
16. Botteaux A, Sory MP, Biskri L, Parsot C, Allaoui A (2009) MxiC is secreted by and controls the substrate specificity of the *Shigella flexneri* type III secretion apparatus. *Mol Microbiol* 71:449-460.
17. Martinez-Argudo I, Blocker AJ (2010) The *Shigella* T3SS needle transmits a signal for MxiC release, which controls secretion of effectors. *Mol Microbiol* 78: 1365-1378.
18. Plano GV, Schesser K (2013) The *Yersinia pestis* type III secretion system: expression, assembly and role in the evasion of host defenses. *Immunol Res* 57:237-245.
19. Cornelis GR, Boland A, Boyd AP, Geuijen C, Iriarte M, Neyt C, Sory MP, Stainier I (1998) The virulence plasmid of *Yersinia*, an antihost genome. *Microbiol Mol Biol Rev* 62: 1315-1352.
20. Ferracci F, Schubot FD, Waugh DS, Plano GV (2005) Selection and characterization of *Yersinia pestis* YopN mutants that constitutively block Yop secretion. *Mol Microbiol* 57: 970-987.

21. Herrmann M, Schuhmacher A, Mühldorfer I, Melchers K, Prothmann C, Dammeier S (2006) Identification and characterization of secreted effector proteins of *Chlamydomophila pneumoniae* TW183. *Res Microbiol* 157: 513-524.
22. Ho TD, Starnbach MN (2005) The *Salmonella enterica* serovar typhimurium-encoded type III secretion systems can translocate *Chlamydia trachomatis* proteins into the cytosol of host cells. *Infect Immun* 73: 905-911.
23. Archuleta TL, Du Y, English CA, Lory S, Lesser C, Ohi MD, Ohi R, Spiller BW (2011) The *Chlamydia* effector chlamydial outer protein N (CopN) sequesters tubulin and prevents microtubule assembly. *J Biol Chem* 286: 33992-33998.
24. Huang J, Lesser CF, Lory S (2008) The essential role of the CopN protein in *Chlamydia pneumoniae* intracellular growth. *Nature* 456: 112-115.
25. Ishida K, Kubo T, Saeki A, Yamane C, Matsuo J, Yimin, Nakamura S, Hayashi Y, Kunichika M, Yoshida M, Takahashi K, Hirai I, Yamamoto Y, Shibata K, Yamaguchi H (2013) *Chlamydomophila pneumoniae* in human immortal Jurkat cells and primary lymphocytes uncontrolled by interferon- γ . *Microbes Infect* 15: 192-200.
26. Yamazaki T, Matsuo J, Nakamura S, Oguri S, Yamaguchi H (2014) Effect of *Ureaplasma parvum* co-incubation on *Chlamydia trachomatis* maturation in human epithelial HeLa cells treated with interferon- γ . *J Infect Chemother* 20: 460-464.
27. Kobayashi M, Ishida K, Matsuo J, Nakamura S, Nagasawa A, Motohashi K, Yao T, Hirai I, Yamamoto Y, Suzuki H, Shimizu C, Matsuno K, Yamaguchi H (2011) *Chlamydomophila pneumoniae* attachment and infection in low proteoglycan expressing human lymphoid Jurkat cells. *Microb Pathog* 51: 209-216.
28. Gnoatto N, Lotufo RF, Matsuda M, Penna V, Marquezini MV (2007) Expression of cell-surface heparan sulfate proteoglycans in human cyclosporin-induced gingival overgrowth. *J Periodontal Res* 42: 553-558.

29. Marone M, Mozzetti S, De Ritis D, Pierelli L, Scambia G (2001) Semiquantitative RT-PCR analysis to assess the expression levels of multiple transcripts from the same sample. *Biol Proced Online* 3: 19-25.
30. Hamaguchi T, Iizuka N, Tsunedomi R, Hamamoto Y, Miyamoto T, Iida M, Tokuhisa Y, Sakamoto K, Takashima M, Tamesa T, Oka M (2008) Glycolysis module activated by hypoxia-inducible factor 1alpha is related to the aggressive phenotype of hepatocellular carcinoma. *Int J Oncol* 33: 725-731.
31. Kim SH, Kim KH, Yoo BC, Ku JL (2012) Induction of LGR5 by H₂O₂ treatment is associated with cell proliferation via the JNK signaling pathway in colon cancer cells. *Int J Oncol* 41: 1744-1750.
32. Everett KD, Bush RM, Andersen AA (1999) Emended description of the order *Chlamydiales*, proposal of *Parachlamydiaceae* fam. nov. and *Simkaniaceae* fam. nov., each containing one monotypic genus, revised taxonomy of the family *Chlamydiaceae*, including a new genus and five new species, and standards for the identification of organisms. *Int J Syst Bacteriol Pt 2*: 415-440.
33. Nawrotek A, Guimarães BG, Velours C, Subtil A, Knossow M, Gigant B (2014) Biochemical and Structural Insights into Microtubule Perturbation by CopN from *Chlamydia pneumoniae*. *J Biol Chem* pii: jbc.M114.568436.
34. Ritterson Lew C, Tolan DR (2013) Aldolase sequesters WASP and affects WASP/Arp2/3-stimulated actin dynamics. *J Cell Biochem* 114: 1928-1939.
35. Saka HA, Thompson JW, Chen YS, Kumar Y, Dubois LG, Moseley MA, Valdivia RH (2011) Quantitative proteomics reveals metabolic and pathogenic properties of *Chlamydia trachomatis* developmental forms. *Mol Microbiol* 82: 1185-1203.

36. Wang J, Morris AJ, Tolan DR, Pagliaro L (1996) The molecular nature of the F-actin binding activity of aldolase revealed with site-directed mutants. *J Biol Chem* 271: 6861-6865.
37. O'Reilly G, Clarke F (1993) Identification of an actin binding region in aldolase. *FEBS Lett* 321: 69-72.
38. Merkulova M, Hurtado-Lorenzo A, Hosokawa H, Zhuang Z, Brown D, Ausiello DA, Marshansky V (2011) Aldolase directly interacts with ARNO and modulates cell morphology and acidic vesicle distribution. *Am J Physiol Cell Physiol* 300: C1442-1455.
39. Du S, Guan Z, Hao L, Song Y, Wang L, Gong L, Liu L, Qi X, Hou Z, Shao S (2014) Fructose-bisphosphate aldolase a is a potential metastasis-associated marker of lung squamous cell carcinoma and promotes lung cell tumorigenesis and migration. *PLoS One* 9: e85804.
40. Buscaglia CA, Penesetti D, Tao M, Nussenzweig V (2006) Characterization of an aldolase-binding site in the Wiskott-Aldrich syndrome protein. *J Biol Chem* 281: 1324-1331.
41. Pollard TD (2003) The cytoskeleton, cellular motility and the reductionist agenda. *Nature* 422: 741-745.
42. Shao W, Yeretssian G, Doiron K, Hussain SN, Saleh M (2007) The caspase-1 digestome identifies the glycolysis pathway as a target during infection and septic shock. *J Biol Chem* 282: 36321-36329.
43. Chambers MC, Song KH, Schneider DS (2012) *Listeria monocytogenes* infection causes metabolic shifts in *Drosophila melanogaster*. *PLoS One* 7: e50679.

第 3 章図表

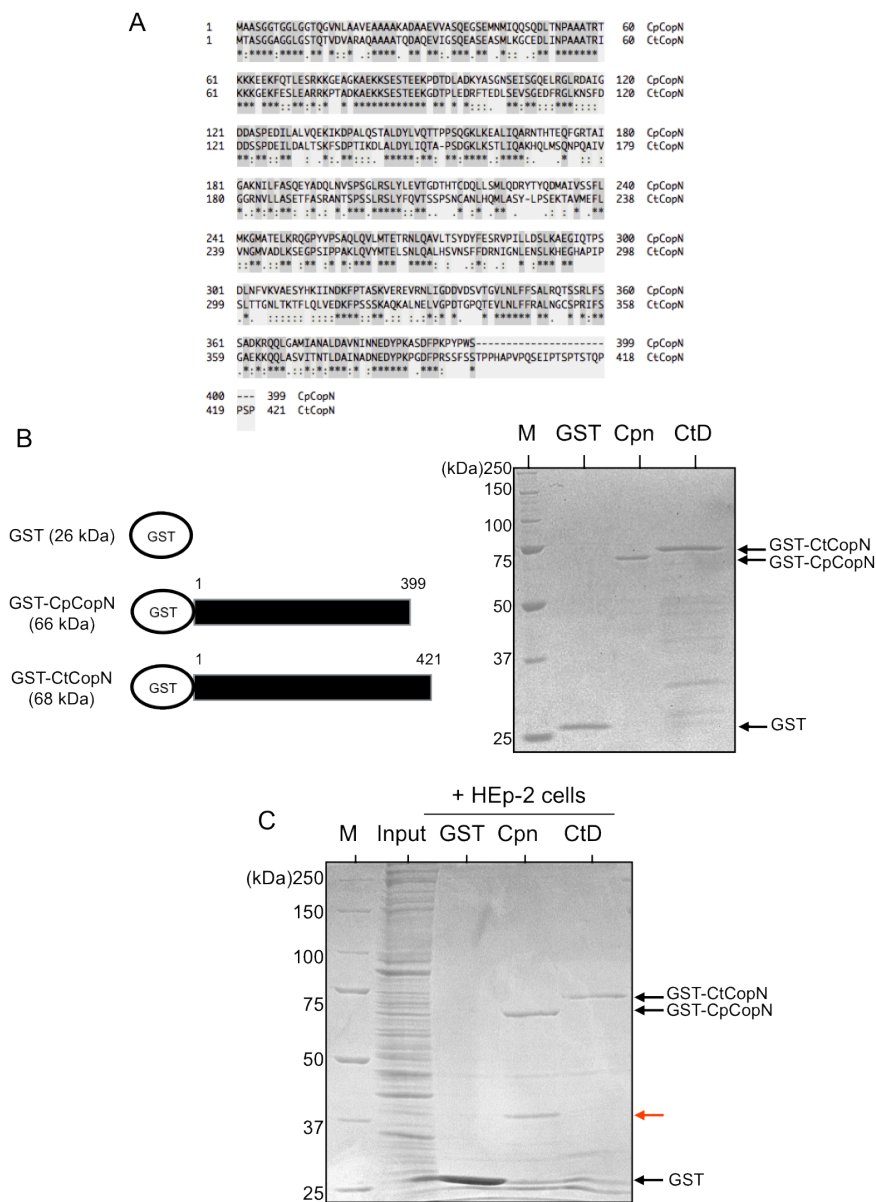


図 1. *C. pneumoniae* と *C. trachomatis* CopN の配列相同性とプルダウンアッセイ

(A) *C. pneumoniae* と *C. trachomatis* CopN のアミノ酸配列相同性の解析結果。アミノ酸の配列情報は NCBI genome site (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/>) より取得した。*C. pneumoniae* TW183 CopN : CpB0334 (accession 番号 : NC_005043.1)。 *C. trachomatis* UW-3/CX serovar D CopN : CT_089 (accession 番号 : NC_000117.1)。アライメントはウェブ上のソフトウェアである UniProt (<http://www.uniprot.org/>) で行った。*C. pneumoniae* CopN は *C. trachomatis* CopN と 48%の相同性があることがわかった。* : 相同性のあるアミノ酸。(B) 大腸菌にて作製した GST 融合 CopN 蛋白質の CBB 染色像。Cpn : *C. pneumoniae* CopN (399 aa) (GST-CpCopN)。CtD : *C. trachomatis* CopN (421 aa) (GST-CtCopN)。GST : 組換え GST 蛋白質。(C) それぞれの GST 融合 CopN 蛋白質と HEp-2 細胞とのプルダウンアッセイの結果。赤矢印 : GST-CpCopN と特異的に結合する HEp-2 細胞蛋白質。

A

Protein	Gene	MW (Da)	Peptide	Coverage (%)
Fructose-bisphosphate aldolase A	ALDOA ALDA	39,420	36	81
LanC-like protein 1	LANCL1 GPR69A	45,283	1	3

MPYQYPALTPEQKKELSDIAHRIVAPGKGILAADESTGSIKRLQSIGTENTEEN
 RRFYRQLLLTADDRVNPCIGGVILFHETLYQKADDGRPFQVIKSKGGVVGKVD
 KGVVPLAGTNGETTTQGLDGLSERCAQYKKGADFAKWRCVVKIGEHTPSALA
 IMENANVLARYASICQQNGIVPIVEPEILPDGDHDLKRCQYVTEKVLAAVYKALS
 DHHIYLEGTLKPNMVTGPHACTQKFSHEEIAMATVTALRRRTVPPAVTGITFLSG
 GQSEEEASINLNAINKCPLLKPWALTFSYGRALQASALKAWGGKKENLKAQAE
 EYVKRALANSLACQGYTPSGQAGAAASESLFVSNHAY

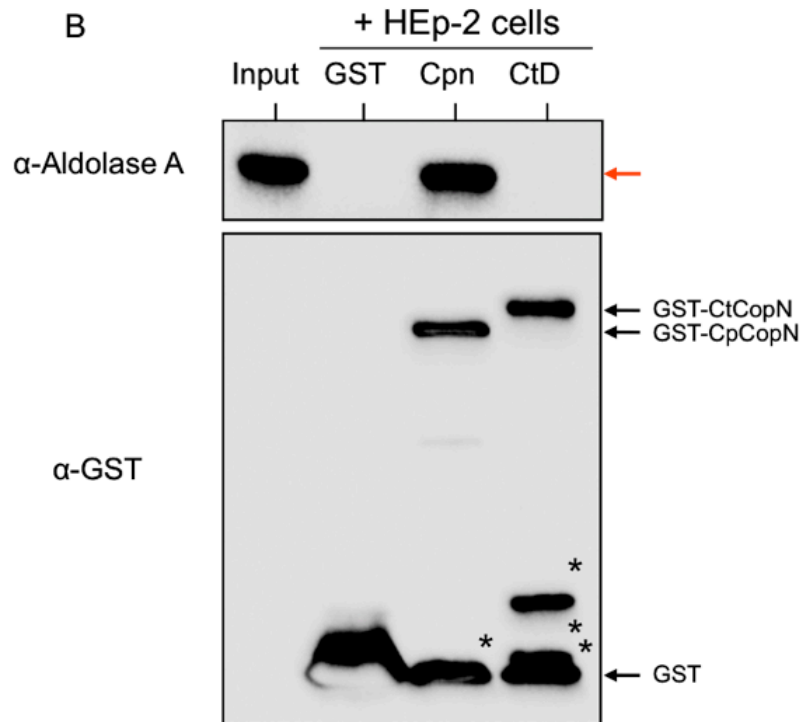


図 2. 質量分析の結果とプルダウンアッセイのウエスタンブロット

(A) nano LC-MS/MS による質量分析結果。赤色太字：アミノ酸配列とマッチしたペプチド。(B) GST 融合 CopN 蛋白質と HEp-2 細胞のプルダウンしたサンプルで aldolase A 特異的に反応する抗体を用いて行ったウエスタンブロットの結果。Input：HEp-2 細胞上清。GST：組換え GST 蛋白質。Cpn：GST 融合 *C. pneumoniae* CopN 蛋白質 (GST-CpnCopN)。CtD：GST 融合 *C. trachomatis* CopN 蛋白質 (GST-CtCopN)。赤矢印：aldolase A。*：分解された組換え蛋白質。

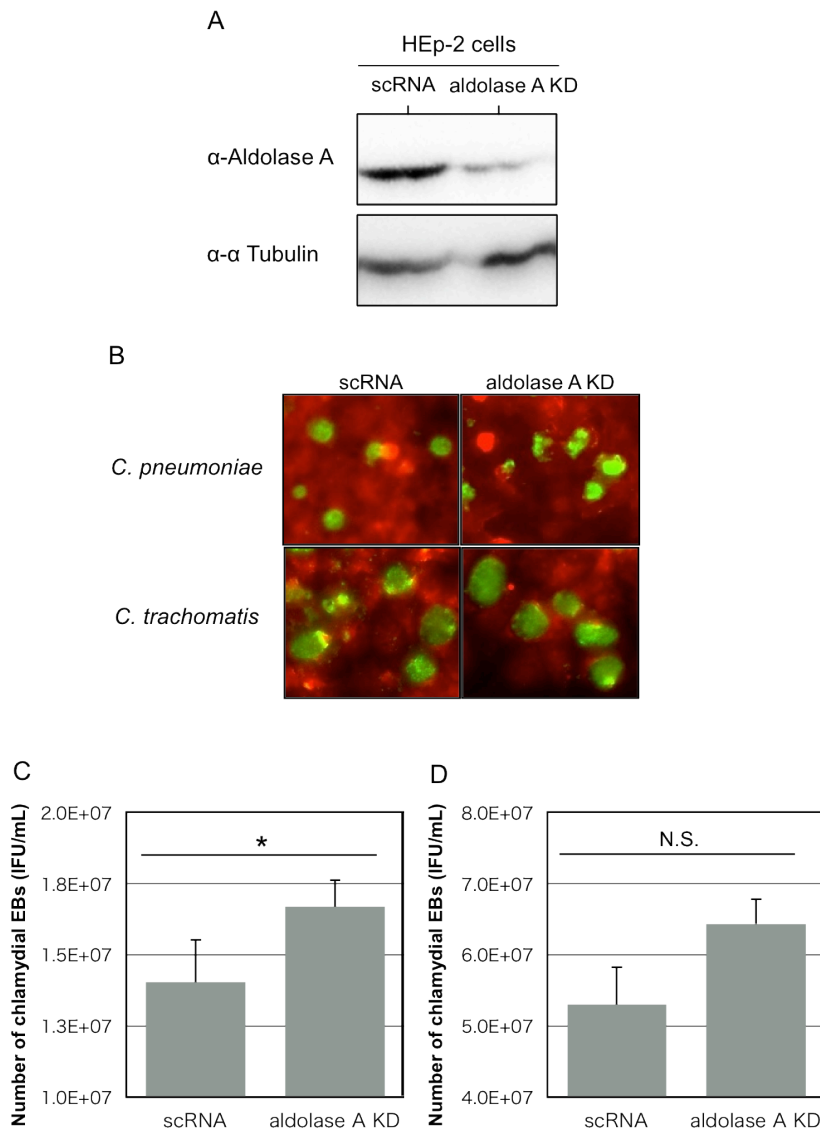


図 3. Aldolase A ノックダウン細胞におけるクラミジア感染粒子数の変化

(A) Aldolase A に特異的な siRNA によって作製した aldolase A ノックダウン HEp-2 細胞における aldolase A の発現をウェスタンブロットで確認した。scRNA : scramble RNA をトランスフェクションした細胞。aldolase A KD : aldolase A を標的とした siRNA をトランスフェクションした細胞。(B) Aldolase A をノックダウンした HEp-2 細胞における封入体像。クラミジアは MOI 5 で細胞に感染させて最大 3 日間培養した。*C. pneumoniae*、*C. trachomatis* の封入体の形態学的特徴はそれぞれ感染 3、2 日後に評価した。緑色 : 封入体。赤色 : HEp-2 細胞。(C, D) Aldolase A をノックダウンした HEp-2 細胞における感染 3、2 日後の *C. pneumoniae* または *C. trachomatis* の感染粒子数 (IFU 値)。クラミジアの IFU 値は IFU 法にて算出した。データは少なくとも三回以上の独立した実験から得られた平均値±SD を示している。* : scRNA トランスフェクション細胞の値と統計処理した際に $p < 0.05$ だったものを示す。N.S. : 有意差なし。

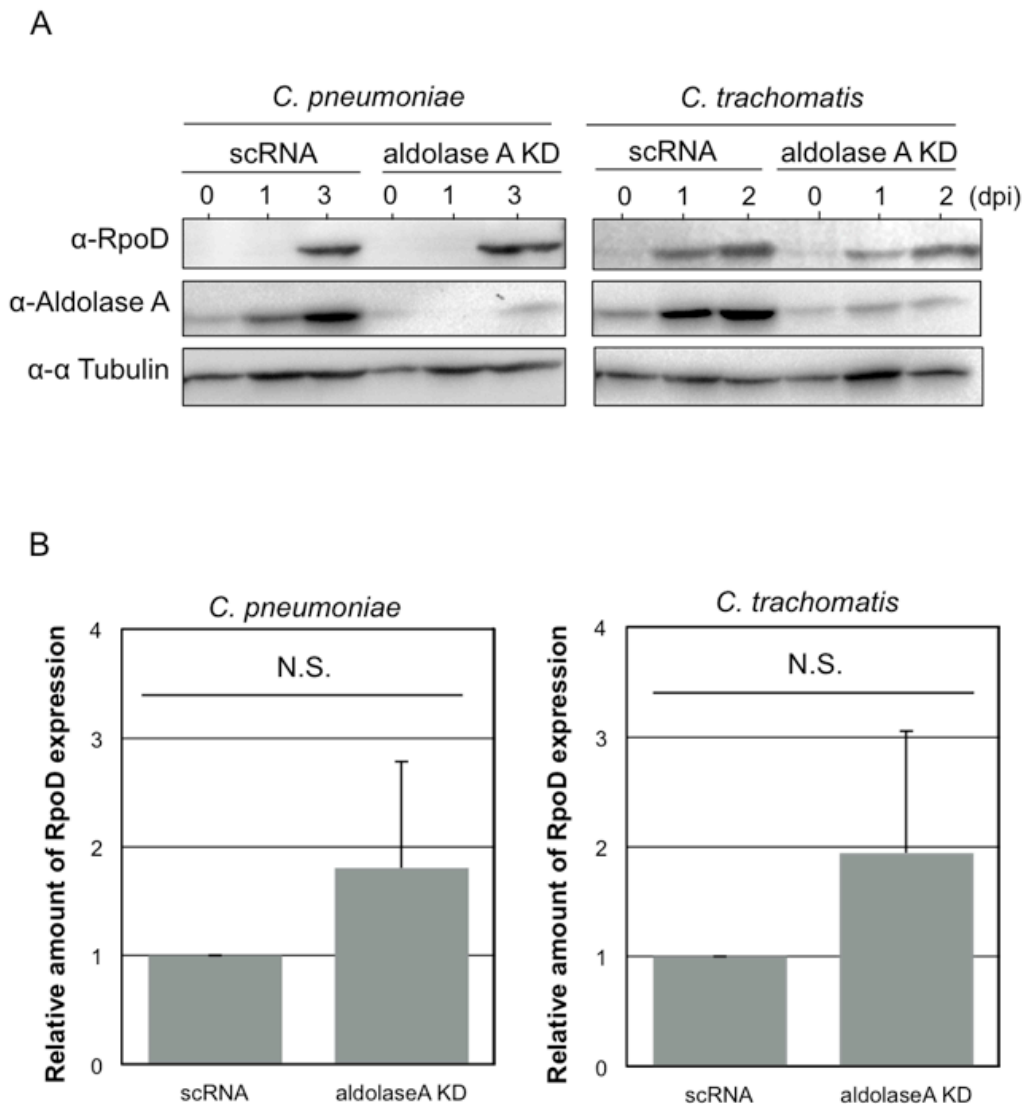


図 4. Aldolase A ノックダウン細胞における RpoD の発現量と変化

(A) Aldolase A をノックダウンした HEp-2 細胞におけるクラミジアの RpoD 蛋白質の発現量。クラミジアは MOI 5 で細胞に感染させて最大 3 日間培養した。RpoD 蛋白質の発現は RpoD 特異的に反応する抗体を用いたウェスタンブロットで評価した。(B) Aldolase A ノックダウン細胞における *C. pneumoniae* または *C. trachomatis* RpoD のそれぞれ感染 3 または 2 日後の発現量比較結果。バンドの面積を Image J ソフトウェアで算出し、それぞれの蛋白質の発現量とした。データは少なくとも三回以上の独立した実験から得られた平均値 \pm SD を示している。N.S. : 有意差なし。

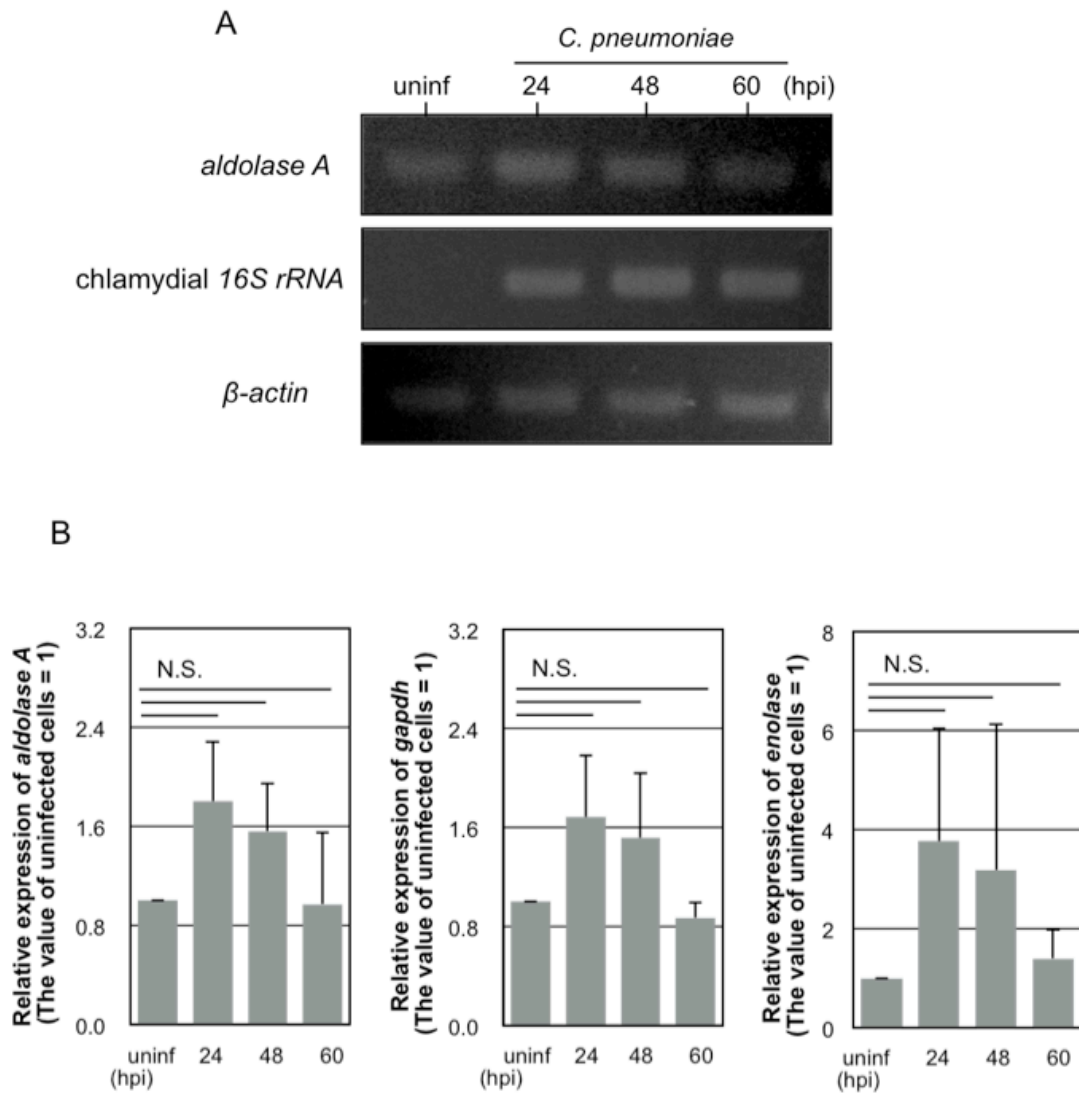


図 5. *C. pneumoniae* 感染細胞における *aldolase A*、*gapdh*、*enolase* などの解糖系酵素の発現変化量

(A) *C. pneumoniae* 感染細胞における *aldolase A*、*chlamydial 16S rRNA*、 β -actin の RT-PCR による遺伝子発現解析結果。*C. pneumoniae* は MOI 5 で HEp-2 細胞に感染させて感染 24、48、60 時間後に回収した。uninf: 非感染 HEp-2 細胞。(B) *C. pneumoniae* 感染による HEp-2 細胞での解糖系酵素の発現量変化の qRT-PCR 解析結果。すべての遺伝子発現量は β -actin の発現量で標準化した。データは少なくとも三回以上の独立した実験から得られた平均値 \pm SD を示している。N.S.: 有意差なし。

第 4 章

統括

4-1 環境クラミジア *Neochlamydia* S13 と宿主アメーバの共生様式モデルの提唱

第2章で示したように、*Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム解析から本菌の性状が明らかになった。また、*Neochlamydia* S13 共生アメーバでは *Neochlamydia* S13 除菌アメーバに比べて、レジオネラの増殖が抑制されたことから、*Neochlamydia* S13 はアメーバ内でのレジオネラ増殖抑制に何らかの形で関わっていることが示唆された。以上の結果から図1に示す *Neochlamydia* S13 のアメーバ内共生様式モデルを提唱する。ドラフトゲノム解析により、本菌は今まで報告されている他の環境クラミジアに比べて、代謝経路が不完全であることがわかった。我々の以前の研究結果から、*Neochlamydia* S13 は宿主アメーバに強く依存していることが示唆されていたが、それは不完全な代謝経路を補うためであると考えられた。また、通常クラミジアは EB と RB の2種類の形態をとるのに対して、透過型電子顕微鏡による *Neochlamydia* S13 感染アメーバ像では、RB しか認められず、また封入体も確認できなかった。このことから、本菌が二相性の増殖環を保持していないと示唆されるが、これは我々が以前に見出した「再感染能がない」という *Neochlamydia* S13 の性状と一致していた。さらに、*Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム中には II 型分泌装置と III 型分泌装置に関わる遺伝子がほぼ完全に存在しており、蛋白質間相互作用に重要なドメインである LRR やアンキリンリピートを含む遺伝子も複数存在していたことから、これらの蛋白質が *Neochlamydia* S13 の分泌装置エフェクターとして何らかの役割を果たしている可能性が考えられる。この仮説を確かめるには更なる解析が必要であるが、さまざまな分子を宿主アメーバから受け取る代わりに *Neochlamydia* S13 はエフェクター分子を介してレジオネラなどアメーバの天敵を撃退することで宿主アメーバにメリットを付与し、その相互関係が、極めて頑強な「共生関係」の成立に寄与していると考えられた。

4-2 病原性クラミジア *Chlamydia pneumoniae* の III 型分泌装置エフェクター CopN と解糖系酵素 aldolase A との会合を介した細胞内生存戦略モデルの提唱

第3章では病原性クラミジア *Chlamydia pneumoniae* の III 型分泌装置エフェクター CopN が解糖系酵素 aldolase A と結合することを示した。さらに aldolase A ノックダウン細胞ではクラミジアの増殖が促進したことから、aldolase A はクラミジア増殖抑制に関わることが示唆された。以上の結果から *C. pneumoniae* の CopN を利用した細胞内生存戦略モデルを提唱する (図2)。現在までの研究により、aldolase A は解糖系酵素として機能する酵素活性だけでなく、アクチン結合能も保持しており、さらには caspase-1 の基質であることもわかっている。Aldolase A のどの機能がクラミジア制御に重要であるかは今後検討する必要があるが、今回の研究結果から aldolase A にはクラミジア増殖を抑制するはたらきがあることが示唆された。また *C. pneumoniae* の III 型分泌装置エフェクター CopN は aldolase A と結合することが明らかになったが、これら二つの蛋白質の相互作用を介して何が起きているのかは定かでない。しかしながら、aldolase A がクラミジア増殖抑制に関わることから、

C. pneumoniae の CopN はこの aldolase A を介したクラミジア増殖抑制作用を阻害するために aldolase A と結合すると推測される。

4.3 今後の展望

本博士論文では、まず第2章で環境クラミジア *Neochlamydia* S13 のドラフトゲノム解析とレジオネラ感染実験から明らかにした *Neochlamydia* S13 の特徴を示した。また、第3章では病原性クラミジア *C. pneumoniae* の III 型分泌装置エフェクター CopN がクラミジア増殖抑制活性をもつと示唆される aldolase A と結合することを示した。第1章で述べたように、クラミジアはヒトなどの脊椎動物を宿主とする病原性クラミジアと、アメーバなどの原生動物を宿主とする環境クラミジアに大別される。両者は約 7~10 億年前に分岐し、それぞれの宿主に適応するよう別々に進化してきた。しかしながら、増殖環や分泌装置など共通する性状も保持していることから、クラミジアの生物学的特徴を明らかにするためには、病原性クラミジアと環境クラミジア両方の理解が必要であると考えられる。本博士論文では環境クラミジアと病原性クラミジアの両方を研究対象とし、クラミジアの宿主細胞内適応機構を解明するために異なる角度から研究を行った。その結果、第2章と第3章で示した通りに、クラミジアの感染様式に関する新たな知見を見出したが、クラミジアの細胞内適応機構については明らかにしなければいけないことはまだ多く存在する。本研究においても、感染能がある EB の形態をとらない *Neochlamydia* S13 の増殖機構や、*Neochlamydia* S13 によるレジオネラ増殖抑制機構、また CopN - aldolase A 相互作用が果たす役割など解明すべき問題は多い。現在までの世界におけるクラミジアの研究状況をみると、ヒトに病原性を示す病原性クラミジアの研究の方が圧倒的に進んでいる。しかしながら、環境クラミジアの生物学的特徴を明らかにすることが病原性クラミジアの理解にもつながると我々は確信している。また、クラミジア感染症の罹患率は現在も決して低くなく、ワクチンや新規治療薬の開発が期待されている。私はクラミジアの細胞内適応機構を解明し、ワクチンや新しい治療薬の標的分子の探索に貢献するために引き続き研究をつづけていきたいと考えている。

第4章図表

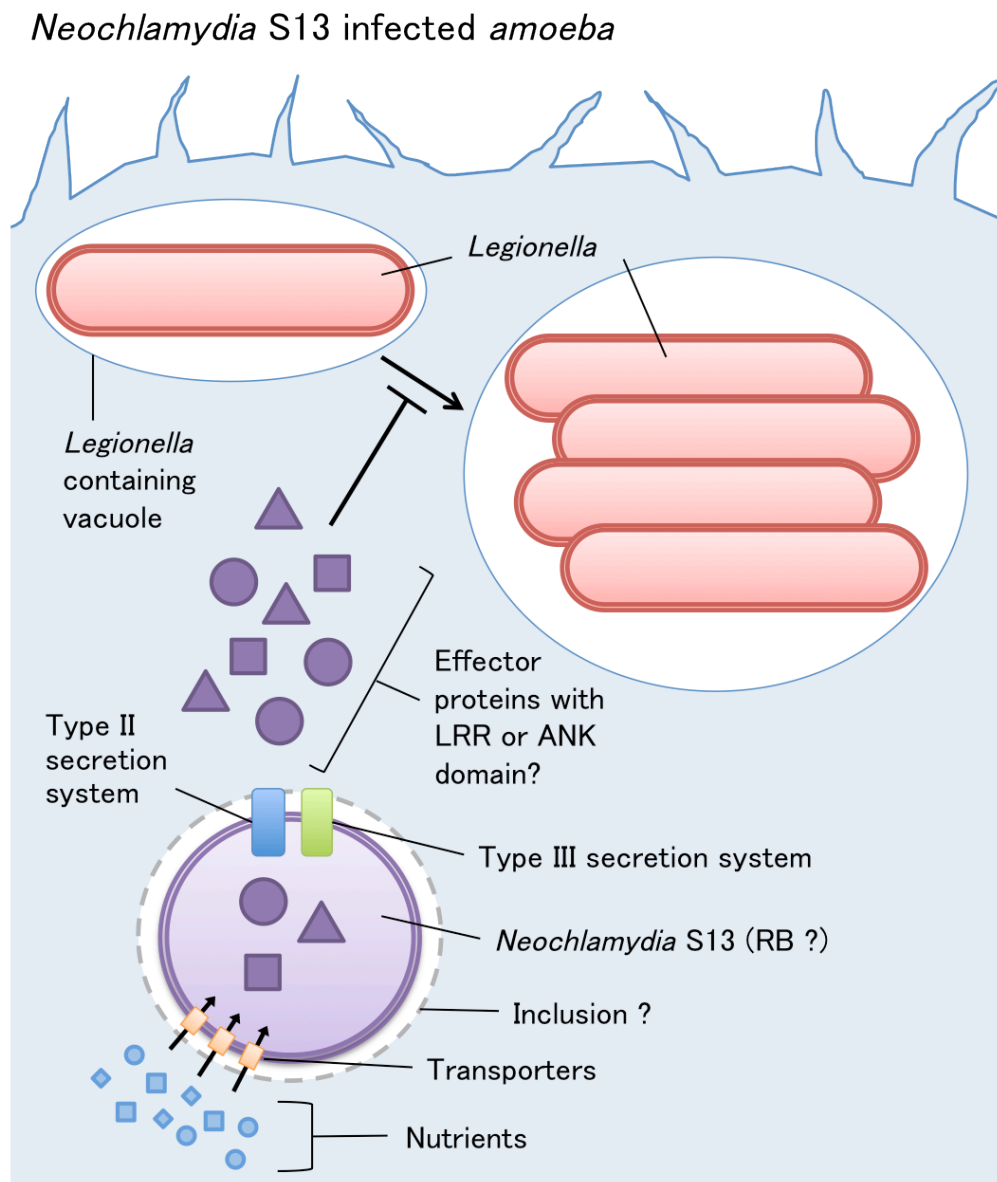


図1. *Neochlamydia* S13 と宿主アメーバの感染様式モデルの提唱

ドラフトゲノム解析から、*Neochlamydia* S13 は代謝経路の多くを喪失していることが明らかとなったことから、本菌は生存や増殖に必要な栄養源を宿主アメーバから獲得していると考えられる。また、透過型電子顕微鏡像から *Neochlamydia* S13 は EB の形態をとらず RB としてアメーバ内に存在することが示唆された。さらに *Neochlamydia* S13 感染アメーバ内ではレジオネラの増殖が抑制されたが、これには *Neochlamydia* S13 の分泌装置によって分泌されるエフェクター蛋白質が関係していると推測される。LRR: ロイシンリッチリピート。ANK: アンキリン。RB: 網様体。

Chlamydia pneumoniae infected HEp-2 cell

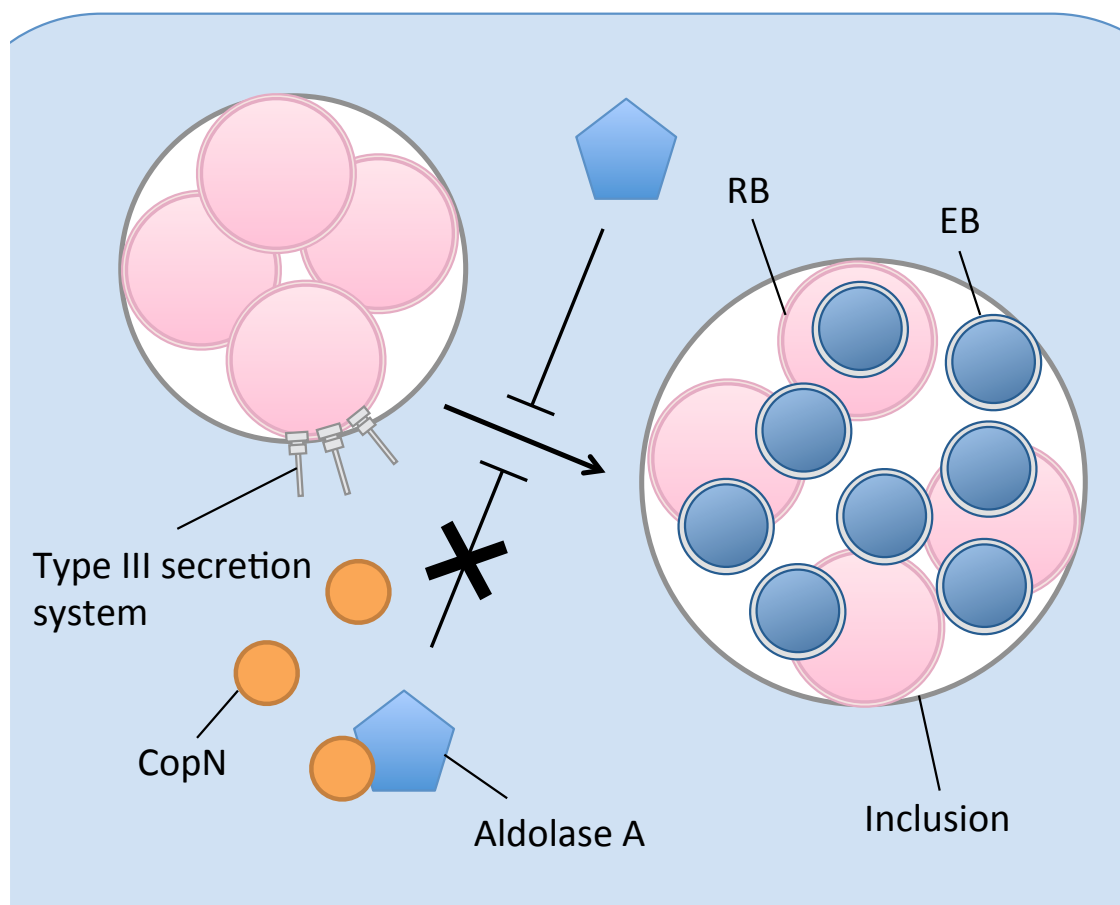


図2. *C. pneumoniae* の III 型分泌装置エフェクター CopN と aldolase A との会合を介した細胞内生存戦略モデル

C. pneumoniae の CopN は解糖系酵素 aldolase A と結合することが明らかにされた。また、aldolase A ノックダウン細胞ではクラミジア増殖が促進したことから、aldolase A はクラミジア増殖を抑制するはたらきがあると予想される。そこで *C. pneumoniae* の CopN は aldolase A と会合することで aldolase A のクラミジア増殖抑制能を阻止しているのではないかと仮説を立てた。

謝辞

本研究の全過程を通じ、直接御指導、御鞭撻を賜りました北海道大学大学院保健科学研究院病態解析学・感染制御検査学教室山口博之教授、松尾淳司講師に厚く御礼申し上げます。また、研究を進めるに際し、御指導、御助言頂いた順天堂大学大学院研究基盤センター細胞病理イメージング研究部門中村眞二助教に深く感謝いたします。そして、本研究の様々な局面にて多大なる御協力いただきました病態解析学・感染制御検査学教室のすべての皆様に、心より感謝申し上げます。最後に、今まで励まし支えつづけてくれた両親と家族に、感謝の意を表します。

別冊 第2章 表 1. *Neochlamydia* S13 の遺伝子 ID と遺伝子の特徴

Number	contig_id	Gene feature_ID	type	location	start	stop	strand	function	Category
1	1145	NEOS13_0001	peg	1145_88_237	88	237	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2	1206	NEOS13_0002	peg	1206_274_146	274	146	-	hypothetical protein	
3	1444	NEOS13_0003	peg	1444_32_166	32	166	+	hypothetical protein	
4	1480	NEOS13_0004	peg	1480_35_169	35	169	+	hypothetical protein	
5	1534	NEOS13_0005	peg	1534_190_71	190	71	-	hypothetical protein	
6	1565	NEOS13_0006	peg	1565_43_228	43	228	+	hypothetical protein	
7	1614	NEOS13_0007	peg	1614_181_41	181	41	-	hypothetical protein	
8	1707	NEOS13_0008	peg	1707_215_352	215	352	+	hypothetical protein	
9	1746	NEOS13_0009	peg	1746_2986_2348	2986	2348	-	hypothetical protein	
10	1969	NEOS13_0010	peg	1969_198_25	198	25	-	hypothetical protein	
11	2031	NEOS13_0011	peg	2031_286_110	286	110	-	hypothetical protein	
12	209	NEOS13_0012	peg	209_2_361	2	361	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
13	2168	NEOS13_0013	peg	2168_243_127	243	127	-	hypothetical protein	
14	2168	NEOS13_0014	peg	2168_518_1780	518	1780	+	putative phosphoprotein phosphatase	
15	2168	NEOS13_0015	peg	2168_1907_2023	1907	2023	+	hypothetical protein	
16	2168	NEOS13_0016	peg	2168_4084_2618	4084	2618	-	Photolyase protein family	
17	2168	NEOS13_0017	peg	2168_6567_4846	6567	4846	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
18	2168	NEOS13_0018	peg	2168_6718_6834	6718	6834	+	hypothetical protein	
19	2168	NEOS13_0019	peg	2168_7328_7726	7328	7726	+	hypothetical protein	
20	2168	NEOS13_0020	peg	2168_7970_8515	7970	8515	+	hypothetical protein	
21	2220	NEOS13_0021	peg	2220_25_297	25	297	+	hypothetical protein	
22	2310	NEOS13_0022	peg	2310_709_233	709	233	-	hypothetical protein	
23	2310	NEOS13_0023	peg	2310_2288_840	2288	840	-	Probable low-affinity inorganic phosphate transporter	
24	2310	NEOS13_0024	peg	2310_2976_2299	2976	2299	-	Phosphate transport regulator (distant homolog of PhoU)	
25	2310	NEOS13_0025	peg	2310_3345_3491	3345	3491	+	hypothetical protein	
26	2406	NEOS13_0026	peg	2406_169_47	169	47	-	hypothetical protein	
27	2436	NEOS13_0027	peg	2436_153_443	153	443	+	putative lipoprotein	
28	2706	NEOS13_0028	peg	2706_13_156	13	156	+	hypothetical protein	
29	2750	NEOS13_0029	peg	2750_912_3479	912	3479	+	ATP-dependent Clp protease, ATP-binding subunit ClpC / Negative regulator of genetic competence clcC/mecB	Genetic_competence
30	2750	NEOS13_0030	peg	2750_3612_5360	3612	5360	+	hypothetical protein	
31	2750	NEOS13_0031	peg	2750_5369_7138	5369	7138	+	hypothetical protein	
32	2750	NEOS13_0032	peg	2750_7913_7224	7913	7224	-	PTS system, IIA component	
33	2750	NEOS13_0033	peg	2750_8377_7928	8377	7928	-	PTS system, IIA component	
34	2750	NEOS13_0034	peg	2750_8941_8489	8941	8489	-	Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase (EC 3.6.1.23)	
35	2750	NEOS13_0035	peg	2750_9873_8947	9873	8947	-	Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase beta chain (EC 6.4.1.2)	Fatty_acid_initiation_elongation
36	2750	NEOS13_0036	peg	2750_9858_9971	9858	9971	+	hypothetical protein	
37	2750	NEOS13_0037	peg	2750_10668_10033	10668	10033	-	Superoxide dismutase [Mn] (EC 1.15.1.1)	
38	2858	NEOS13_0038	peg	2858_121_2	121	2	-	hypothetical protein	
39	2903	NEOS13_0039	peg	2903_122_235	122	235	+	hypothetical protein	
40	2903	NEOS13_0040	peg	2903_1559_429	1559	429	-	hypothetical protein	
41	2903	NEOS13_0041	peg	2903_2020_3399	2020	3399	+	GTPase and tRNA-U34 5-formylation enzyme TrmE	
42	2903	NEOS13_0042	peg	2903_3404_4027	3404	4027	+	Endonuclease III (EC 4.2.99.18)	
43	2903	NEOS13_0043	peg	2903_4194_6311	4194	6311	+	hypothetical protein	
44	2903	NEOS13_0044	peg	2903_6627_6274	6627	6274	-	hypothetical protein	
45	2936	NEOS13_0045	peg	2936_408_560	408	560	+	hypothetical protein	
46	2936	NEOS13_0046	peg	2936_1617_547	1617	547	-	RecA protein	
47	2936	NEOS13_0047	peg	2936_2969_1842	2969	1842	-	hypothetical protein	
48	2936	NEOS13_0048	peg	2936_3751_3131	3751	3131	-	hypothetical protein	
49	2936	NEOS13_0049	peg	2936_5460_3772	5460	3772	-	hypothetical protein	
50	2936	NEOS13_0050	peg	2936_5583_5834	5583	5834	+	Cell division protein YlmG/Ycf19 (putative), YggT family	
51	2936	NEOS13_0051	peg	2936_5858_6874	5858	6874	+	tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-)	
52	2936	NEOS13_0052	peg	2936_7111_7284	7111	7284	+	hypothetical protein	
53	2936	NEOS13_0053	peg	2936_7914_7798	7914	7798	-	hypothetical protein	
54	2936	NEOS13_0054	peg	2936_8110_8250	8110	8250	+	hypothetical protein	
55	2936	NEOS13_0055	peg	2936_8824_8372	8824	8372	-	hypothetical protein	
56	2936	NEOS13_0056	peg	2936_9189_9317	9189	9317	+	hypothetical protein	
57	2936	NEOS13_0057	peg	2936_9686_9474	9686	9474	-	hypothetical protein	
58	2936	NEOS13_0058	peg	2936_10176_9874	10176	9874	-	Bsr0701 protein	
59	2936	NEOS13_0059	peg	2936_13199_10548	13199	10548	-	Osmosensitive K+ channel histidine kinase KdpD (EC 2.7.3.-)	
60	2936	NEOS13_0060	peg	2936_14499_17528	14499	17528	+	hypothetical protein	
61	2936	NEOS13_0061	peg	2936_17625_17792	17625	17792	+	hypothetical protein	
62	2936	NEOS13_0062	peg	2936_18797_20242	18797	20242	+	Heat shock protein Hsp70:G-protein beta WD-40 repeat	
63	2936	NEOS13_0063	peg	2936_22798_20537	22798	20537	-	DinG family ATP-dependent helicase YoaA	
64	2936	NEOS13_0064	peg	2936_24776_23112	24776	23112	-	RNA polymerase sigma factor RpoD	
65	2936	NEOS13_0065	peg	2936_25055_25927	25055	25927	+	competence protein CoiA	Genetic_competence
66	2936	NEOS13_0066	peg	2936_26283_25993	26283	25993	-	30S ribosomal protein S20	
67	2936	NEOS13_0067	peg	2936_26424_27269	26424	27269	+	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)	
68	2936	NEOS13_0068	peg	2936_27277_27705	27277	27705	+	hypothetical protein	
69	2936	NEOS13_0069	peg	2936_28224_29357	28224	29357	+	hypothetical protein	

70	2936	NEOS13_0070	peg	2936_29439_30023	29439	30023	+	16S rRNA (guanine(966)-N(2))-methyltransferase (EC 2.1.1.171) ## SSU rRNA m(2)G966	
71	2937	NEOS13_0071	peg	2937_152_27	152	27	-	hypothetical protein	
72	2937	NEOS13_0072	peg	2937_528_1121	528	1121	+	hypothetical protein	
73	2937	NEOS13_0073	peg	2937_1513_1313	1513	1313	-	hypothetical protein	
74	3111	NEOS13_0074	peg	3111_280_149	280	149	-	hypothetical protein	
75	3214	NEOS13_0075	peg	3214_54_1730	54	1730	+	hypothetical protein	
76	3214	NEOS13_0076	peg	3214_2174_2007	2174	2007	-	hypothetical protein	
77	3214	NEOS13_0077	peg	3214_2686_2814	2686	2814	+	hypothetical protein	
78	3319	NEOS13_0078	peg	3319_1067_285	1067	285	-	conserved hypothetical protein	
79	3320	NEOS13_0079	peg	3320_470_180	470	180	-	hypothetical protein	
80	3320	NEOS13_0080	peg	3320_1869_895	1869	895	-	tRNA dihydrouridine synthase B (EC 1.-.-.)	
81	3320	NEOS13_0081	peg	3320_2632_2321	2632	2321	-	hypothetical protein	
82	3320	NEOS13_0082	peg	3320_2774_4216	2774	4216	+	2-oxoglutarate/malate translocator	
83	3320	NEOS13_0083	peg	3320_5157_4303	5157	4303	-	Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA (EC 1.8.4.11)	
84	3320	NEOS13_0084	peg	3320_5596_5826	5596	5826	+	hypothetical protein	
85	3321	NEOS13_0085	peg	3321_202_71	202	71	-	hypothetical protein	
86	3321	NEOS13_0086	peg	3321_265_381	265	381	+	hypothetical protein	
87	3321	NEOS13_0087	peg	3321_1868_546	1868	546	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
88	3322	NEOS13_0088	peg	3322_95_844	95	844	+	hypothetical protein	
89	3322	NEOS13_0089	peg	3322_1860_850	1860	850	-	hypothetical protein	
90	3322	NEOS13_0090	peg	3322_2605_1826	2605	1826	-	hypothetical protein	
91	3322	NEOS13_0091	peg	3322_2806_2606	2806	2606	-	hypothetical protein	
92	3322	NEOS13_0092	peg	3322_3554_6112	3554	6112	+	Glycogen phosphorylase (EC 2.4.1.1)	
93	3322	NEOS13_0093	peg	3322_6892_6158	6892	6158	-	putative amino acid ABC transporter, periplasmic amino acid-binding protein	ABC_transporter
94	3322	NEOS13_0094	peg	3322_7350_7237	7350	7237	-	hypothetical protein	
95	3322	NEOS13_0095	peg	3322_8014_9360	8014	9360	+	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (EC 2.7.7.27)	
96	3322	NEOS13_0096	peg	3322_9376_10128	9376	10128	+	hypothetical protein	
97	3322	NEOS13_0097	peg	3322_10612_10737	10612	10737	+	hypothetical protein	
98	3322	NEOS13_0098	peg	3322_11641_11862	11641	11862	+	hypothetical protein	
99	3322	NEOS13_0099	peg	3322_12080_14659	12080	14659	+	hypothetical protein	
100	3322	NEOS13_0100	peg	3322_14990_14826	14990	14826	-	hypothetical protein	
101	3322	NEOS13_0101	peg	3322_15165_15043	15165	15043	-	hypothetical protein	
102	3322	NEOS13_0102	peg	3322_15750_16610	15750	16610	+	Putative secreted protein	
103	3322	NEOS13_0103	peg	3322_17025_17771	17025	17771	+	Mobile element protein	
104	3322	NEOS13_0104	peg	3322_18327_18106	18327	18106	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
105	3324	NEOS13_0105	peg	3324_2067_595	2067	595	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
106	3324	NEOS13_0106	peg	3324_2453_2722	2453	2722	+	hypothetical protein	
107	3326	NEOS13_0001ma	rna	3326_422_3449	422	3449	+	Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA	RNA
108	3327	NEOS13_0002ma	rna	3327_234_306	234	306	+	tRNA-Ala-TGC	RNA
109	3327	NEOS13_0003ma	rna	3327_319_392	319	392	+	tRNA-Ile-GAT	RNA
110	3327	NEOS13_0004ma	rna	3327_769_3796	769	3796	+	Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA	RNA
111	3328	NEOS13_0107	peg	3328_38_415	38	415	+	Mobile element protein	
112	3328	NEOS13_0108	peg	3328_1293_538	1293	538	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
113	3329	NEOS13_0109	peg	3329_89_850	89	850	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
114	3329	NEOS13_0110	peg	3329_823_1044	823	1044	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
115	3330	NEOS13_0111	peg	3330_27_467	27	467	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
116	3331	NEOS13_0112	peg	3331_1051_110	1051	110	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
117	3332	NEOS13_0113	peg	3332_165_350	165	350	+	hypothetical protein	
118	3332	NEOS13_0114	peg	3332_483_361	483	361	-	hypothetical protein	
119	3332	NEOS13_0115	peg	3332_1015_533	1015	533	-	hypothetical protein	
120	3332	NEOS13_0116	peg	3332_2067_1516	2067	1516	-	hypothetical protein	
121	3332	NEOS13_0117	peg	3332_4464_2080	4464	2080	-	hypothetical protein	
122	3333	NEOS13_0118	peg	3333_1274_513	1274	513	-	hypothetical protein	
123	3333	NEOS13_0119	peg	3333_2701_1676	2701	1676	-	Transposase	Transposase
124	3333	NEOS13_0120	peg	3333_3010_2729	3010	2729	-	hypothetical protein	
125	3333	NEOS13_0121	peg	3333_3325_3441	3325	3441	+	hypothetical protein	
126	3333	NEOS13_0122	peg	3333_3751_3626	3751	3626	-	hypothetical protein	
127	3333	NEOS13_0123	peg	3333_3713_3910	3713	3910	+	hypothetical protein	
128	3333	NEOS13_0124	peg	3333_4068_4472	4068	4472	+	Mobile element protein	
129	3334	NEOS13_0125	peg	3334_471_938	471	938	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
130	3336	NEOS13_0126	peg	3336_2729_195	2729	195	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
131	3336	NEOS13_0127	peg	3336_4101_3121	4101	3121	-	YgjD/Kae1/Orf7 family, required for threonylcarbamoyladenine (t(6)A) formation in tRNA	
132	3336	NEOS13_0128	peg	3336_4177_4308	4177	4308	+	hypothetical protein	
133	3336	NEOS13_0129	peg	3336_5244_4477	5244	4477	-	6-phosphogluconolactonase (EC 3.1.1.31), eukaryotic type	Pentose_phosphate_pathway Enter_Doudroff_pathway
134	3336	NEOS13_0130	peg	3336_6946_5381	6946	5381	-	Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase (EC 1.1.1.49)	Pentose_phosphate_pathway Enter_Doudroff_pathway
135	3336	NEOS13_0131	peg	3336_7580_7053	7580	7053	-	Protein of unknown function DUF55	
136	3336	NEOS13_0132	peg	3336_8061_7570	8061	7570	-	Putative Holliday junction resolvase (EC 3.1.-.-)	
137	3336	NEOS13_0133	peg	3336_9677_8058	9677	8058	-	CTP synthase (EC 6.3.4.2)	
138	3336	NEOS13_0134	peg	3336_10432_9653	10432	9653	-	3-deoxy-manno-octulosonate cytidylyltransferase (EC 2.7.7.38)	

139	3336	NEOS13_0135	peg	3336_11868_10630	11868	10630	-	Inner membrane protein YihY, formerly thought to be RNase BN	
140	3336	NEOS13_0136	peg	3336_11871_11987	11871	11987	+	hypothetical protein	
141	3336	NEOS13_0137	peg	3336_12314_12057	12314	12057	-	hypothetical protein	
142	3336	NEOS13_0138	peg	3336_12731_12600	12731	12600	-	hypothetical protein	
143	3336	NEOS13_0139	peg	3336_12735_12929	12735	12929	+	hypothetical protein	
144	3336	NEOS13_0140	peg	3336_14334_13009	14334	13009	-	hypothetical protein	
145	3336	NEOS13_0141	peg	3336_15080_14958	15080	14958	-	hypothetical protein	
146	3336	NEOS13_0142	peg	3336_15497_15345	15497	15345	-	Mobile element protein	
147	3336	NEOS13_0143	peg	3336_15984_15625	15984	15625	-	putative transposase	Transposase
148	3336	NEOS13_0144	peg	3336_16521_16117	16521	16117	-	transcriptional regulator, XRE family	
149	3336	NEOS13_0145	peg	3336_16853_16527	16853	16527	-	Protein of unknown function DUF891	
150	3336	NEOS13_0146	peg	3336_17475_18062	17475	18062	+	hypothetical protein	
151	3336	NEOS13_0147	peg	3336_18398_18285	18398	18285	-	hypothetical protein	
152	3336	NEOS13_0148	peg	3336_18732_18848	18732	18848	+	hypothetical protein	
153	3336	NEOS13_0149	peg	3336_19031_19978	19031	19978	+	hypothetical protein	
154	3336	NEOS13_0150	peg	3336_20061_21554	20061	21554	+	hypothetical protein	
155	3336	NEOS13_0151	peg	3336_21581_28372	21581	28372	+	ankyrin repeat protein	Ankyrin
156	3336	NEOS13_0152	peg	3336_28582_32010	28582	32010	+	hypothetical protein	
157	3337	NEOS13_0153	peg	3337_9_143	9	143	+	hypothetical protein	
158	3337	NEOS13_0154	peg	3337_1481_873	1481	873	-	hypothetical protein	
159	3338	NEOS13_0155	peg	3338_556_954	556	954	+	hypothetical protein	
160	3338	NEOS13_0156	peg	3338_947_1228	947	1228	+	hypothetical protein	
161	3338	NEOS13_0157	peg	3338_1260_1424	1260	1424	+	hypothetical protein	
162	3339	NEOS13_0158	peg	3339_809_1909	809	1909	+	GTP-binding and nucleic acid-binding protein YchF	
163	3339	NEOS13_0159	peg	3339_1922_3064	1922	3064	+	Methyltransferase (EC 2.1.1.-)	
164	3339	NEOS13_0160	peg	3339_5839_3323	5839	3323	-	ATP-dependent protease La (EC 3.4.21.53) Type I	
165	3339	NEOS13_0161	peg	3339_6217_7371	6217	7371	+	Deoxyguanosinetriphosphate triphosphohydrolase (EC 3.1.5.1)	
166	3339	NEOS13_0162	peg	3339_7359_8045	7359	8045	+	Inactive homolog of metal-dependent proteases, putative molecular chaperone	
167	3339	NEOS13_0163	peg	3339_8144_8323	8144	8323	+	SSU ribosomal protein S21p	
168	3339	NEOS13_0164	peg	3339_8461_9657	8461	9657	+	Chaperone protein DnaJ	
169	3339	NEOS13_0165	peg	3339_10138_11112	10138	11112	+	hypothetical protein	
170	3339	NEOS13_0166	peg	3339_11330_11461	11330	11461	+	hypothetical protein	
171	3340	NEOS13_0167	peg	3340_1664_6	1664	6	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
172	3340	NEOS13_0168	peg	3340_2290_2147	2290	2147	-	hypothetical protein	
173	3340	NEOS13_0169	peg	3340_2406_2582	2406	2582	+	hypothetical protein	
174	3341	NEOS13_0170	peg	3341_179_400	179	400	+	hypothetical protein	
175	3341	NEOS13_0171	peg	3341_733_2337	733	2337	+	V8-like Glu-specific endopeptidase	
176	3341	NEOS13_0172	peg	3341_2601_3221	2601	3221	+	hypothetical protein	
177	3341	NEOS13_0173	peg	3341_3722_3465	3722	3465	-	hypothetical protein	
178	3341	NEOS13_0174	peg	3341_4957_4103	4957	4103	-	hypothetical protein	
179	3341	NEOS13_0175	peg	3341_5613_4960	5613	4960	-	hypothetical protein	
180	3342	NEOS13_0176	peg	3342_553_428	553	428	-	hypothetical protein	
181	3342	NEOS13_0005ma	rna	3342_4071_1044	4071	1044	-	Large Subunit Ribosomal RNA; LsuRNA; LSU rRNA	RNA
182	3343	NEOS13_0177	peg	3343_711_589	711	589	-	hypothetical protein	
183	3346	NEOS13_0178	peg	3346_39_476	39	476	+	Mobile element protein	
184	3347	NEOS13_0179	peg	3347_765_1430	765	1430	+	hypothetical protein	
185	3347	NEOS13_0180	peg	3347_1551_1685	1551	1685	+	hypothetical protein	
186	3347	NEOS13_0181	peg	3347_2187_2303	2187	2303	+	hypothetical protein	
187	3347	NEOS13_0182	peg	3347_2973_2848	2973	2848	-	hypothetical protein	
188	3347	NEOS13_0183	peg	3347_3469_3290	3469	3290	-	Protein of unknown function DUF891	
189	3347	NEOS13_0184	peg	3347_3950_4876	3950	4876	+	hypothetical protein	
190	3347	NEOS13_0185	peg	3347_4997_5143	4997	5143	+	hypothetical protein	
191	3347	NEOS13_0186	peg	3347_5645_5436	5645	5436	-	hypothetical protein	
192	3347	NEOS13_0187	peg	3347_5681_6472	5681	6472	+	ISSod10, transposase OrfB	Transposase
193	3347	NEOS13_0188	peg	3347_7967_6705	7967	6705	-	Hypothetical protein YggS, proline synthase co-transcribed bacterial homolog PROSC	
194	3347	NEOS13_0189	peg	3347_8870_8193	8870	8193	-	hypothetical protein	
195	3347	NEOS13_0190	peg	3347_9436_8873	9436	8873	-	hypothetical protein	
196	3347	NEOS13_0191	peg	3347_10616_9597	10616	9597	-	DUF1432 domain-containing protein	
197	3347	NEOS13_0192	peg	3347_11081_10620	11081	10620	-	YqeZ	
198	3347	NEOS13_0193	peg	3347_11283_11143	11283	11143	-	hypothetical protein	
199	3347	NEOS13_0194	peg	3347_11890_11249	11890	11249	-	Inorganic pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)	
200	3347	NEOS13_0195	peg	3347_12151_13371	12151	13371	+	cytosine permease	
201	3347	NEOS13_0196	peg	3347_13355_14434	13355	14434	+	protein of unknown function DUF917	
202	3347	NEOS13_0197	peg	3347_14431_15999	14431	15999	+	N-methylhydantoinase (ATP-hydrolyzing) (EC 3.5.2.14)	
203	3347	NEOS13_0198	peg	3347_17346_16039	17346	16039	-	Glutamate-1-semialdehyde aminotransferase (EC 5.4.3.8)	
204	3347	NEOS13_0199	peg	3347_18851_17574	18851	17574	-	hypothetical protein	
205	3347	NEOS13_0200	peg	3347_19157_20938	19157	20938	+	hypothetical protein	
206	3347	NEOS13_0201	peg	3347_20940_24485	20940	24485	+	hypothetical protein	
207	3347	NEOS13_0202	peg	3347_24603_24463	24603	24463	-	hypothetical protein	
208	3347	NEOS13_0203	peg	3347_24737_25651	24737	25651	+	FIG00899508: hypothetical protein	
209	3347	NEOS13_0204	peg	3347_25662_26456	25662	26456	+	Methionine ABC transporter ATP-binding protein	ABC_transporter
210	3347	NEOS13_0205	peg	3347_26453_27640	26453	27640	+	FIG00899462: hypothetical protein	
211	3347	NEOS13_0206	peg	3347_27711_28280	27711	28280	+	transcriptional regulator, putative	
212	3347	NEOS13_0207	peg	3347_28306_29016	28306	29016	+	conserved hypothetical protein	
213	3347	NEOS13_0208	peg	3347_29233_29358	29233	29358	+	hypothetical protein	
214	3347	NEOS13_0209	peg	3347_29514_30863	29514	30863	+	ankyrin repeat protein	Ankyrin

215	3347	NEOS13_0210	peg	3347_31354_31094	31354	31094	-	hypothetical protein	
216	3347	NEOS13_0211	peg	3347_31960_31574	31960	31574	-	SSU ribosomal protein S9p (S16e)	
217	3347	NEOS13_0212	peg	3347_32421_31975	32421	31975	-	LSU ribosomal protein L13p (L13Ac)	
218	3347	NEOS13_0213	peg	3347_32690_34027	32690	34027	+	tRNA-i(6)A37 methylthiotransferase	
219	3347	NEOS13_0214	peg	3347_36236_34245	36236	34245	-	DNA ligase (EC 6.5.1.2)	
220	3347	NEOS13_0215	peg	3347_38415_36244	38415	36244	-	1,4-alpha-glucan (glycogen) branching enzyme, GH-13-type (EC 2.4.1.18)	
221	3347	NEOS13_0216	peg	3347_38914_38798	38914	38798	-	hypothetical protein	
222	3347	NEOS13_0217	peg	3347_39481_40833	39481	40833	+	hypothetical protein	
223	3347	NEOS13_0218	peg	3347_41108_40992	41108	40992	-	hypothetical protein	
224	3347	NEOS13_0219	peg	3347_41147_41266	41147	41266	+	hypothetical protein	
225	3347	NEOS13_0220	peg	3347_41418_41293	41418	41293	-	hypothetical protein	
226	3347	NEOS13_0221	peg	3347_41540_41412	41540	41412	-	hypothetical protein	
227	3347	NEOS13_0222	peg	3347_42009_41587	42009	41587	-	hypothetical protein	
228	3347	NEOS13_0223	peg	3347_42361_41987	42361	41987	-	hypothetical protein	
229	3347	NEOS13_0224	peg	3347_42536_42375	42536	42375	-	hypothetical protein	
230	3347	NEOS13_0225	peg	3347_43065_42694	43065	42694	-	hypothetical protein	
231	3347	NEOS13_0226	peg	3347_43582_43457	43582	43457	-	hypothetical protein	
232	3347	NEOS13_0227	peg	3347_43694_43807	43694	43807	+	hypothetical protein	
233	3347	NEOS13_0228	peg	3347_44937_43924	44937	43924	-	FIG00494467: hypothetical protein	
234	3347	NEOS13_0229	peg	3347_46234_44942	46234	44942	-	MiaB family protein, possibly involved in tRNA or rRNA modification	
235	3347	NEOS13_0230	peg	3347_47069_46359	47069	46359	-	DNA repair protein RadC	
236	3347	NEOS13_0231	peg	3347_47617_47120	47617	47120	-	hypothetical protein	
237	3347	NEOS13_0232	peg	3347_47940_48176	47940	48176	+	hypothetical protein	
238	3347	NEOS13_0233	peg	3347_48308_48967	48308	48967	+	N-Acetylneuraminase cytidyltransferase (EC 2.7.7.43)	
239	3347	NEOS13_0234	peg	3347_48970_50535	48970	50535	+	N-acetylneuraminase synthase (EC 2.5.1.56)	
240	3347	NEOS13_0235	peg	3347_50571_51206	50571	51206	+	HAD-superfamily hydrolase, subfamily IA, variant 3 protein family protein	
241	3347	NEOS13_0236	peg	3347_51193_51903	51193	51903	+	hypothetical protein	
242	3348	NEOS13_0237	peg	3348_15_1688	15	1688	+	hypothetical protein	
243	3348	NEOS13_0238	peg	3348_1973_1857	1973	1857	-	hypothetical protein	
244	3348	NEOS13_0239	peg	3348_2235_3125	2235	3125	+	hypothetical protein	
245	3348	NEOS13_0240	peg	3348_3252_5162	3252	5162	+	ABC transporter ATP-binding protein	ABC_transporter
246	3348	NEOS13_0241	peg	3348_6626_5670	6626	5670	-	unknown protein	
247	3348	NEOS13_0242	peg	3348_6951_7853	6951	7853	+	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH] (EC 1.3.1.9)	Fatty_acid_initiation_elongation
248	3348	NEOS13_0243	peg	3348_7896_8078	7896	8078	+	hypothetical protein	
249	3348	NEOS13_0244	peg	3348_8699_8163	8699	8163	-	hypothetical protein	
250	3348	NEOS13_0245	peg	3348_10528_9035	10528	9035	-	hypothetical protein	
251	3348	NEOS13_0246	peg	3348_11244_10531	11244	10531	-	FolM Alternative dihydrofolate reductase 1	
252	3348	NEOS13_0247	peg	3348_11393_11241	11393	11241	-	hypothetical protein	
253	3348	NEOS13_0248	peg	3348_12015_11608	12015	11608	-	putative dGTP pyrophosphohydrolase/dihydroneopterin aldolase (mutT/fofB, fusion protein)	
254	3348	NEOS13_0249	peg	3348_12843_12058	12843	12058	-	hypothetical protein	
255	3348	NEOS13_0250	peg	3348_16233_13690	16233	13690	-	DNA mismatch repair protein MutS	
256	3348	NEOS13_0251	peg	3348_17087_18535	17087	18535	+	hypothetical protein	
257	3348	NEOS13_0252	peg	3348_18589_18744	18589	18744	+	hypothetical protein	
258	3348	NEOS13_0253	peg	3348_19395_20486	19395	20486	+	hypothetical protein	
259	3348	NEOS13_0254	peg	3348_21024_20788	21024	20788	-	Mobile element protein	
260	3348	NEOS13_0255	peg	3348_21195_21326	21195	21326	+	hypothetical protein	
261	3348	NEOS13_0256	peg	3348_21571_21323	21571	21323	-	Mobile element protein	
262	3348	NEOS13_0257	peg	3348_21698_21582	21698	21582	-	hypothetical protein	
263	3348	NEOS13_0258	peg	3348_22703_21843	22703	21843	-	hypothetical protein	
264	3348	NEOS13_0259	peg	3348_23244_22696	23244	22696	-	hypothetical protein	
265	3348	NEOS13_0260	peg	3348_23682_25682	23682	25682	+	FIG00899452: hypothetical protein	
266	3348	NEOS13_0261	peg	3348_26257_26475	26257	26475	+	hypothetical protein	
267	3348	NEOS13_0262	peg	3348_26459_27184	26459	27184	+	Ubiquinone/menaquinone biosynthesis methyltransferase UbiE (EC 2.1.1.-) @ 2-heptaprenyl-1,4-naphthoquinone methyltransferase (EC 2.1.1.163)	
268	3348	NEOS13_0263	peg	3348_28485_27460	28485	27460	-	O-succinylbenzoic acid--CoA ligase (EC 6.2.1.26)	
269	3348	NEOS13_0264	peg	3348_29638_28823	29638	28823	-	transposase	Transposase
270	3348	NEOS13_0265	peg	3348_30041_31246	30041	31246	+	hypothetical protein	
271	3348	NEOS13_0266	peg	3348_31373_31489	31373	31489	+	hypothetical protein	
272	3348	NEOS13_0267	peg	3348_32861_31464	32861	31464	-	High-affinity carbon uptake protein Hat/HatR	
273	3348	NEOS13_0268	peg	3348_34204_33263	34204	33263	-	hypothetical protein	
274	3348	NEOS13_0269	peg	3348_35109_34201	35109	34201	-	1,4-dihydroxy-2-naphthoate octaprenyltransferase (EC 2.5.1.74)	
275	3348	NEOS13_0270	peg	3348_35960_35130	35960	35130	-	Naphthoate synthase (EC 4.1.3.36)	
276	3348	NEOS13_0271	peg	3348_36664_35951	36664	35951	-	2-succinyl-6-hydroxy-2,4-cyclohexadiene-1-carboxylate synthase (EC 4.2.99.20)	
277	3348	NEOS13_0272	peg	3348_38259_36661	38259	36661	-	2-succinyl-5-enolpyruvyl-6-hydroxy-3-cyclohexene-1-carboxylic-acid synthase (EC 2.2.1.9)	
278	3348	NEOS13_0273	peg	3348_39326_38256	39326	38256	-	menaquinone-specific isochorismate synthase	
279	3348	NEOS13_0274	peg	3348_39987_39388	39987	39388	-	hypothetical protein	
280	3348	NEOS13_0275	peg	3348_40163_41161	40163	41161	+	hypothetical protein	
281	3348	NEOS13_0276	peg	3348_41401_42549	41401	42549	+	Branched-chain amino acid transport system carrier protein	

282	3348	NEOS13_0277	peg	3348_42657_43433	42657	43433	+	hypothetical protein	
283	3348	NEOS13_0278	peg	3348_44329_43943	44329	43943	-	hypothetical protein	
284	3348	NEOS13_0279	peg	3348_44458_45918	44458	45918	+	3'-to-5' exonuclease RNase R	
285	3348	NEOS13_0280	peg	3348_46110_45952	46110	45952	-	hypothetical protein	
286	3348	NEOS13_0281	peg	3348_46290_46150	46290	46150	-	hypothetical protein	
287	3348	NEOS13_0282	peg	3348_46448_46708	46448	46708	+	DNA-damage-inducible protein J	
288	3348	NEOS13_0283	peg	3348_46701_46967	46701	46967	+	hypothetical protein	
289	3348	NEOS13_0284	peg	3348_50114_47253	50114	47253	-	hypothetical protein	
290	3348	NEOS13_0285	peg	3348_50537_50710	50537	50710	+	hypothetical protein	
291	3348	NEOS13_0286	peg	3348_51077_54445	51077	54445	+	hypothetical protein	
292	3348	NEOS13_0287	peg	3348_55703_54699	55703	54699	-	DNA polymerase III delta prime subunit (EC 2.7.7.7)	
293	3348	NEOS13_0288	peg	3348_56426_55782	56426	55782	-	Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)	
294	3348	NEOS13_0289	peg	3348_59002_56423	59002	56423	-	DNA gyrase subunit A (EC 5.99.1.3)	
295	3348	NEOS13_0290	peg	3348_61536_59032	61536	59032	-	DNA gyrase subunit B (EC 5.99.1.3)	
296	3348	NEOS13_0291	peg	3348_61896_61558	61896	61558	-	hypothetical protein	
297	3348	NEOS13_0292	peg	3348_63066_62128	63066	62128	-	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase (EC 1.17.1.2)	
298	3348	NEOS13_0293	peg	3348_63708_63217	63708	63217	-	Low molecular weight protein tyrosine phosphatase (EC 3.1.3.48)	
299	3348	NEOS13_0294	peg	3348_65634_63718	65634	63718	-	Serine/threonine kinase	
300	3348	NEOS13_0295	peg	3348_66550_65645	66550	65645	-	hypothetical protein	
301	3348	NEOS13_0296	peg	3348_67058_69574	67058	69574	+	Inner membrane protein translocase component YidC, long form / Inner membrane protein translocase component YidC, short form Oxal-like	
302	3348	NEOS13_0297	peg	3348_69651_71024	69651	71024	+	Chromosomal replication initiator protein DnaA	
303	3348	NEOS13_0006m a	rna	3348_71411_71485	71411	71485	+	tRNA-Pro-TGG	RNA
304	3348	NEOS13_0298	peg	3348_71542_72438	71542	72438	+	Prolipoprotein diacylglycerol transferase (EC 2.4.99.-)	
305	3348	NEOS13_0299	peg	3348_72549_72773	72549	72773	+	Ferredoxin	
306	3348	NEOS13_0300	peg	3348_72790_73371	72790	73371	+	hypothetical protein	
307	3348	NEOS13_0301	peg	3348_74761_73871	74761	73871	-	hypothetical protein	
308	3348	NEOS13_0302	peg	3348_75116_76582	75116	76582	+	hypothetical protein	
309	3350	NEOS13_0303	peg	3350_1797_799	1797	799	-	hypothetical protein	
310	3350	NEOS13_0304	peg	3350_4206_1822	4206	1822	-	Phenylalanyl-tRNA synthetase beta chain (EC 6.1.1.20)	
311	3350	NEOS13_0305	peg	3350_4874_4662	4874	4662	-	hypothetical protein	
312	3350	NEOS13_0306	peg	3350_5151_4945	5151	4945	-	hypothetical protein	
313	3350	NEOS13_0307	peg	3350_5296_5412	5296	5412	+	hypothetical protein	
314	3350	NEOS13_0308	peg	3350_6629_6441	6629	6441	-	hypothetical protein	
315	3351	NEOS13_0309	peg	3351_256_1890	256	1890	+	hypothetical protein	
316	3351	NEOS13_0310	peg	3351_3032_1959	3032	1959	-	Putative ATP:guanido phosphotransferase YacI (EC 2.7.3.-)	
317	3351	NEOS13_0311	peg	3351_3579_3019	3579	3019	-	FIG00493978: hypothetical protein	
318	3351	NEOS13_0007m a	rna	3351_4221_4149	4221	4149	-	tRNA-Lys-TTT	RNA
319	3351	NEOS13_0008m a	rna	3351_4303_4229	4303	4229	-	tRNA-Glu-TTC	RNA
320	3351	NEOS13_0312	peg	3351_4956_4405	4956	4405	-	Ribosome recycling factor	
321	3351	NEOS13_0313	peg	3351_5777_5007	5777	5007	-	Uridylate kinase (EC 2.7.4.-)	
322	3351	NEOS13_0314	peg	3351_6476_6003	6476	6003	-	hypothetical protein	
323	3351	NEOS13_0315	peg	3351_7532_6486	7532	6486	-	hypothetical protein	
324	3351	NEOS13_0316	peg	3351_8683_7754	8683	7754	-	Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily	
325	3351	NEOS13_0317	peg	3351_12055_8816	12055	8816	-	hypothetical protein	
326	3351	NEOS13_0318	peg	3351_12214_12909	12214	12909	+	Phosphate regulon transcriptional regulatory protein PhoB (SphR)	
327	3351	NEOS13_0319	peg	3351_12977_13222	12977	13222	+	hypothetical protein	
328	3351	NEOS13_0320	peg	3351_13206_13349	13206	13349	+	hypothetical protein	
329	3351	NEOS13_0321	peg	3351_13703_13843	13703	13843	+	hypothetical protein	
330	3351	NEOS13_0322	peg	3351_14309_16063	14309	16063	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
331	3351	NEOS13_0323	peg	3351_16232_16089	16232	16089	-	hypothetical protein	
332	3351	NEOS13_0324	peg	3351_17740_16343	17740	16343	-	Fibronectin/fibrinogen-binding protein	
333	3351	NEOS13_0325	peg	3351_18925_17744	18925	17744	-	S-adenosylmethionine synthetase (EC 2.5.1.6)	
334	3351	NEOS13_0326	peg	3351_19956_19141	19956	19141	-	Glutamate racemase (EC 5.1.1.3)	
335	3351	NEOS13_0327	peg	3351_20510_19953	20510	19953	-	hypothetical protein	
336	3351	NEOS13_0328	peg	3351_21403_20675	21403	20675	-	Outer membrane lipoprotein omp16 precursor	
337	3351	NEOS13_0329	peg	3351_23180_21804	23180	21804	-	tolB protein precursor, periplasmic protein involved in the tonB-independent uptake of group A colicins	
338	3351	NEOS13_0330	peg	3351_24205_23177	24205	23177	-	putative tolA protein of Tol-Pal system	
339	3351	NEOS13_0331	peg	3351_24722_24291	24722	24291	-	Biopolymer transport protein ExbD/TolR	
340	3351	NEOS13_0332	peg	3351_25468_24719	25468	24719	-	MotA/TolQ/ExbB proton channel family protein	
341	3351	NEOS13_0333	peg	3351_25564_27774	25564	27774	+	Cytochrome c-type biogenesis protein DsbD, protein-disulfide reductase (EC 1.8.1.8)	
342	3351	NEOS13_0334	peg	3351_28281_29441	28281	29441	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
343	3351	NEOS13_0335	peg	3351_29727_29960	29727	29960	+	hypothetical protein	
344	3351	NEOS13_0336	peg	3351_30061_30189	30061	30189	+	hypothetical protein	
345	3351	NEOS13_0337	peg	3351_30289_30423	30289	30423	+	hypothetical protein	
346	3351	NEOS13_0338	peg	3351_33166_30500	33166	30500	-	hypothetical protein	

347	3351	NEOS13_0339	peg	3351_33429_34622	33429	34622	+	Heavy metal RND efflux outer membrane protein, CzcC family	
348	3351	NEOS13_0340	peg	3351_34647_35783	34647	35783	+	hypothetical protein	
349	3351	NEOS13_0341	peg	3351_35776_38997	35776	38997	+	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein CzcA; Cation efflux system protein CusA	
350	3351	NEOS13_0342	peg	3351_39577_41184	39577	41184	+	hypothetical protein	
351	3351	NEOS13_0343	peg	3351_42519_41488	42519	41488	-	Ferrocyclase, protoheme ferro-lyase (EC 4.99.1.1)	
352	3351	NEOS13_0344	peg	3351_42719_42522	42719	42522	-	hypothetical protein	
353	3351	NEOS13_0345	peg	3351_44355_42706	44355	42706	-	Outer membrane protein romA	
354	3351	NEOS13_0346	peg	3351_44978_44367	44978	44367	-	Phosphoserine phosphatase (EC 3.1.3.3)	
355	3351	NEOS13_0347	peg	3351_45068_46030	45068	46030	+	probable UDP-glucuronat epimerase	
356	3351	NEOS13_0348	peg	3351_46176_46796	46176	46796	+	hypothetical protein	
357	3351	NEOS13_0349	peg	3351_46898_48772	46898	48772	+	hypothetical protein	
358	3351	NEOS13_0350	peg	3351_49853_49089	49853	49089	-	protein of unknown function DUF152	
359	3351	NEOS13_0351	peg	3351_50097_52277	50097	52277	+	ATP-dependent DNA helicase UvrD/PerA	
360	3351	NEOS13_0352	peg	3351_59243_52350	59243	52350	-	hypothetical protein	
361	3351	NEOS13_0353	peg	3351_59449_59303	59449	59303	-	hypothetical protein	
362	3352	NEOS13_0354	peg	3352_20_1213	20	1213	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
363	3352	NEOS13_0355	peg	3352_1665_1790	1665	1790	+	hypothetical protein	
364	3352	NEOS13_0356	peg	3352_2088_2294	2088	2294	+	Mobile element protein	
365	3352	NEOS13_0357	peg	3352_2563_2790	2563	2790	+	Mobile element protein	
366	3352	NEOS13_0358	peg	3352_3960_2917	3960	2917	-	hypothetical protein	
367	3352	NEOS13_0359	peg	3352_5281_4103	5281	4103	-	hypothetical protein	
368	3352	NEOS13_0360	peg	3352_5933_6076	5933	6076	+	hypothetical protein	
369	3352	NEOS13_0361	peg	3352_6079_6258	6079	6258	+	hypothetical protein	
370	3352	NEOS13_0362	peg	3352_6617_6928	6617	6928	+	transposase, IS4 family protein	Transposase
371	3352	NEOS13_0363	peg	3352_6969_7121	6969	7121	+	hypothetical protein	
372	3352	NEOS13_0364	peg	3352_9404_7839	9404	7839	-	FIG047302: Type III secretion S/T Protein Kinase	T3SA3
373	3352	NEOS13_0365	peg	3352_10811_9489	10811	9489	-	Flagellar motor switch protein Flin	T3SA3
374	3352	NEOS13_0366	peg	3352_12141_11167	12141	11167	-	hypothetical protein	T3SA3
375	3352	NEOS13_0367	peg	3352_12685_12197	12685	12197	-	FIG016940: Type III secretion protein	T3SA3
376	3352	NEOS13_0368	peg	3352_14041_12725	14041	12725	-	Type III secretion cytoplasmic ATP synthase (EC 3.6.3.14, YscN, SpaL, MxiB, HrcN, EscN)	T3SA3
377	3352	NEOS13_0369	peg	3352_14821_14141	14821	14141	-	hypothetical protein	T3SA3
378	3352	NEOS13_0370	peg	3352_15363_14890	15363	14890	-	FIG016921: Type III secretion protein	T3SA3
379	3352	NEOS13_0371	peg	3352_15779_15486	15779	15486	-	unknown protein	T3SA3
380	3352	NEOS13_0372	peg	3352_16229_15990	16229	15990	-	FIG016943: Type III secretion	T3SA3
381	3352	NEOS13_0373	peg	3352_18768_16351	18768	16351	-	FIG016943: Forkhead domain protein	T3SA3
382	3352	NEOS13_0374	peg	3352_19205_18813	19205	18813	-	hypothetical protein	T3SA3
383	3353	NEOS13_0375	peg	3353_210_326	210	326	+	hypothetical protein	
384	3353	NEOS13_0376	peg	3353_486_854	486	854	+	hypothetical protein	
385	3353	NEOS13_0377	peg	3353_899_1018	899	1018	+	hypothetical protein	
386	3353	NEOS13_0378	peg	3353_1148_1336	1148	1336	+	hypothetical protein	
387	3353	NEOS13_0379	peg	3353_1958_1833	1958	1833	-	hypothetical protein	
388	3353	NEOS13_0380	peg	3353_2488_4377	2488	4377	+	Acetyl-coenzyme A synthetase (EC 6.2.1.1)	
389	3353	NEOS13_0381	peg	3353_4882_4436	4882	4436	-	hypothetical protein	
390	3353	NEOS13_0382	peg	3353_5488_4886	5488	4886	-	hypothetical protein	
391	3353	NEOS13_0383	peg	3353_5925_5491	5925	5491	-	hypothetical protein	
392	3353	NEOS13_0384	peg	3353_6507_5998	6507	5998	-	hypothetical protein	
393	3353	NEOS13_0385	peg	3353_7713_6643	7713	6643	-	protein of unknown function UPF0118	
394	3353	NEOS13_0386	peg	3353_7937_7815	7937	7815	-	hypothetical protein	
395	3353	NEOS13_0387	peg	3353_9274_8129	9274	8129	-	LSU m5C1962 methyltransferase Rlml	
396	3353	NEOS13_0388	peg	3353_9650_9321	9650	9321	-	COG2363	
397	3353	NEOS13_0389	peg	3353_11601_10210	11601	10210	-	Dihydrolipoamide dehydrogenase of 2-oxoglutarate dehydrogenase (EC 1.8.1.4)	TCA
398	3353	NEOS13_0390	peg	3353_11642_11767	11642	11767	+	hypothetical protein	
399	3353	NEOS13_0391	peg	3353_12978_11845	12978	11845	-	Dihydrolipoamide succinyltransferase component (E2) of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex (EC 2.3.1.61)	TCA
400	3353	NEOS13_0392	peg	3353_13718_13557	13718	13557	-	hypothetical protein	
401	3353	NEOS13_0393	peg	3353_15092_14247	15092	14247	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
402	3353	NEOS13_0394	peg	3353_15295_15140	15295	15140	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
403	3353	NEOS13_0395	peg	3353_15484_15344	15484	15344	-	hypothetical protein	
404	3353	NEOS13_0396	peg	3353_17177_15486	17177	15486	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
405	3353	NEOS13_0397	peg	3353_17815_17531	17815	17531	-	hypothetical protein	
406	3358	NEOS13_0398	peg	3358_541_164	541	164	-	Mobile element protein	
407	3358	NEOS13_0399	peg	3358_1081_1821	1081	1821	+	hypothetical protein	
408	3358	NEOS13_0400	peg	3358_1818_2666	1818	2666	+	hypothetical protein	
409	3358	NEOS13_0401	peg	3358_2670_2795	2670	2795	+	hypothetical protein	
410	3358	NEOS13_0402	peg	3358_2853_4922	2853	4922	+	hypothetical protein	
411	3358	NEOS13_0403	peg	3358_4948_5862	4948	5862	+	UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)	
412	3358	NEOS13_0404	peg	3358_6158_6547	6158	6547	+	hypothetical protein	
413	3358	NEOS13_0405	peg	3358_6874_7710	6874	7710	+	O-antigen export system, permease protein	ABC_transporter
414	3358	NEOS13_0406	peg	3358_7711_8529	7711	8529	+	Teichoic acid export ATP-binding protein TagH (EC 3.6.3.40)	ABC_transporter
415	3358	NEOS13_0407	peg	3358_8530_9825	8530	9825	+	hypothetical protein	
416	3358	NEOS13_0408	peg	3358_9809_10756	9809	10756	+	Alpha-L-Rha alpha-1,3-L-rhamnosyltransferase (EC 2.4.1.-)	
417	3358	NEOS13_0409	peg	3358_10825_12099	10825	12099	+	hypothetical protein	

418	3358	NEOS13_0410	peg	3358_12092_13927	12092	13927	+	glycosyl transferase, group 2 family protein	
419	3358	NEOS13_0411	peg	3358_13958_15415	13958	15415	+	Probable poly(beta-D-mannuronate) O-acetylase (EC 2.3.1.-)	
420	3358	NEOS13_0412	peg	3358_15417_16559	15417	16559	+	hypothetical protein	
421	3358	NEOS13_0413	peg	3358_17684_16851	17684	16851	-	hypothetical protein	
422	3358	NEOS13_0414	peg	3358_17813_18403	17813	18403	+	Phosphoglycolate phosphatase (EC 3.1.3.18)	
423	3358	NEOS13_0415	peg	3358_18435_18638	18435	18638	+	hypothetical protein	
424	3358	NEOS13_0416	peg	3358_18836_18702	18836	18702	-	hypothetical protein	
425	3358	NEOS13_0417	peg	3358_19539_21698	19539	21698	+	hypothetical protein	
426	3358	NEOS13_0418	peg	3358_21711_21917	21711	21917	+	hypothetical protein	
427	3358	NEOS13_0419	peg	3358_22192_21923	22192	21923	-	hypothetical protein	
428	3358	NEOS13_0420	peg	3358_22879_22484	22879	22484	-	Mobile element protein	
429	3358	NEOS13_0421	peg	3358_23450_23322	23450	23322	-	hypothetical protein	
430	3358	NEOS13_0422	peg	3358_23445_25205	23445	25205	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
431	3359	NEOS13_0423	peg	3359_1375_302	1375	302	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
432	3360	NEOS13_0424	peg	3360_1050_349	1050	349	-	hypothetical protein	
433	3360	NEOS13_0425	peg	3360_2592_1126	2592	1126	-	Mg/Co/Ni transporter MgtE / CBS domain	
434	3360	NEOS13_0426	peg	3360_2784_4586	2784	4586	+	GTP-binding protein TypA/BipA	
435	3360	NEOS13_0427	peg	3360_4856_4731	4856	4731	-	hypothetical protein	
436	3360	NEOS13_0428	peg	3360_5087_4938	5087	4938	-	hypothetical protein	
437	3360	NEOS13_0429	peg	3360_6270_5629	6270	5629	-	FIG006285: hypothetical protein	
438	3360	NEOS13_0430	peg	3360_8678_6267	8678	6267	-	FIG003033: Helicase domain protein	
439	3360	NEOS13_0431	peg	3360_10260_8668	10260	8668	-	ATP-dependent DNA ligase (EC 6.5.1.1) LigC	
440	3360	NEOS13_0432	peg	3360_11183_10257	11183	10257	-	mRNA 3-end processing factor	
441	3360	NEOS13_0433	peg	3360_11291_11410	11291	11410	+	hypothetical protein	
442	3360	NEOS13_0434	peg	3360_13650_11566	13650	11566	-	hypothetical protein	
443	3360	NEOS13_0435	peg	3360_16952_14934	16952	14934	-	ankyrin repeat protein	Ankyrin
444	3360	NEOS13_0436	peg	3360_18167_18313	18167	18313	+	hypothetical protein	
445	3360	NEOS13_0437	peg	3360_18403_18660	18403	18660	+	Mobile element protein	
446	3360	NEOS13_0438	peg	3360_19418_18681	19418	18681	-	Mobile element protein	
447	3360	NEOS13_0439	peg	3360_19579_19415	19579	19415	-	hypothetical protein	
448	3360	NEOS13_0440	peg	3360_19934_19605	19934	19605	-	IS1478 transposase	Transposase
449	3360	NEOS13_0441	peg	3360_20831_20538	20831	20538	-	hypothetical protein	
450	3360	NEOS13_0442	peg	3360_20877_20996	20877	20996	+	hypothetical protein	
451	3360	NEOS13_0443	peg	3360_22372_20993	22372	20993	-	putative zinc protease	
452	3360	NEOS13_0009ma	rna	3360_22534_22615	22534	22615	+	tRNA-Leu-TAG	RNA
453	3360	NEOS13_0444	peg	3360_22782_22648	22782	22648	-	hypothetical protein	
454	3360	NEOS13_0445	peg	3360_23168_22974	23168	22974	-	hypothetical protein	
455	3361	NEOS13_0446	peg	3361_82_1269	82	1269	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
456	3361	NEOS13_0447	peg	3361_1681_1517	1681	1517	-	hypothetical protein	
457	3361	NEOS13_0448	peg	3361_1814_1674	1814	1674	-	Mobile element protein	
458	3361	NEOS13_0449	peg	3361_2006_1875	2006	1875	-	hypothetical protein	
459	3361	NEOS13_0450	peg	3361_2151_1981	2151	1981	-	Mobile element protein	
460	3361	NEOS13_0451	peg	3361_2449_2255	2449	2255	-	Mobile element protein	
461	3361	NEOS13_0452	peg	3361_3144_3287	3144	3287	+	hypothetical protein	
462	3361	NEOS13_0453	peg	3361_3284_4294	3284	4294	+	hypothetical protein	
463	3361	NEOS13_0454	peg	3361_4816_6045	4816	6045	+	hypothetical protein	
464	3361	NEOS13_0455	peg	3361_6566_6396	6566	6396	-	hypothetical protein	
465	3361	NEOS13_0456	peg	3361_6852_6643	6852	6643	-	hypothetical protein	
466	3361	NEOS13_0457	peg	3361_6923_7036	6923	7036	+	hypothetical protein	
467	3361	NEOS13_0458	peg	3361_7619_7287	7619	7287	-	hypothetical protein	
468	3361	NEOS13_0459	peg	3361_7753_7878	7753	7878	+	hypothetical protein	
469	3361	NEOS13_0460	peg	3361_8932_7946	8932	7946	-	putative tyrosine/tryptophan transport protein	
470	3361	NEOS13_0461	peg	3361_8922_9155	8922	9155	+	hypothetical protein	
471	3361	NEOS13_0462	peg	3361_9438_10355	9438	10355	+	hypothetical protein	
472	3361	NEOS13_0463	peg	3361_10549_11643	10549	11643	+	hypothetical protein	
473	3361	NEOS13_0464	peg	3361_11667_14630	11667	14630	+	putative Tyrosine-protein kinase	
474	3361	NEOS13_0465	peg	3361_15679_14852	15679	14852	-	NADPH dependent preQ0 reductase (EC 1.7.1.13)	
475	3361	NEOS13_0466	peg	3361_19752_16360	19752	16360	-	Penicillin-binding protein PBP2	
476	3361	NEOS13_0010ma	rna	3361_19880_19950	19880	19950	+	tRNA-Gly-TCC	RNA
477	3361	NEOS13_0467	peg	3361_20124_20846	20124	20846	+	SSU ribosomal protein S2p (SAe)	
478	3361	NEOS13_0468	peg	3361_20850_21704	20850	21704	+	Translation elongation factor Ts	
479	3361	NEOS13_0469	peg	3361_21867_22742	21867	22742	+	Permease of the drug/metabolite transporter (DMT) superfamily	
480	3361	NEOS13_0470	peg	3361_23664_22921	23664	22921	-	hypothetical protein	
481	3361	NEOS13_0471	peg	3361_25170_23728	25170	23728	-	hypothetical protein	
482	3362	NEOS13_0472	peg	3362_88_219	88	219	+	hypothetical protein	
483	3362	NEOS13_0473	peg	3362_784_1380	784	1380	+	hypothetical protein	
484	3362	NEOS13_0474	peg	3362_1377_2009	1377	2009	+	hypothetical protein	
485	3362	NEOS13_0475	peg	3362_2186_2013	2186	2013	-	hypothetical protein	
486	3363	NEOS13_0476	peg	3363_226_59	226	59	-	hypothetical protein	
487	3363	NEOS13_0477	peg	3363_710_570	710	570	-	hypothetical protein	
488	3363	NEOS13_0478	peg	3363_1278_2942	1278	2942	+	Lipoprotein releasing system transmembrane protein LoLE	ABC_transporter
489	3363	NEOS13_0479	peg	3363_2944_3636	2944	3636	+	Lipoprotein releasing system ATP-binding protein LoLD	ABC_transporter
490	3363	NEOS13_0480	peg	3363_3858_3983	3858	3983	+	hypothetical protein	
491	3363	NEOS13_0481	peg	3363_4032_4184	4032	4184	+	hypothetical protein	
492	3364	NEOS13_0482	peg	3364_15_1199	15	1199	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
493	3365	NEOS13_0483	peg	3365_585_746	585	746	+	hypothetical protein	

494	3366	NEOS13_0484	peg	3366_265_540	265	540	+	hypothetical protein	
495	3366	NEOS13_0485	peg	3366_2037_850	2037	850	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
496	3367	NEOS13_0011ma	rna	3367_1608_70	1608	70	-	Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA	RNA
497	3367	NEOS13_0486	peg	3367_5660_3537	5660	3537	-	Adenosine deaminase (EC 3.5.4.4)	
498	3367	NEOS13_0487	peg	3367_7828_5849	7828	5849	-	Pyrophosphate-energized proton pump (EC 3.6.1.1)	
499	3367	NEOS13_0488	peg	3367_7962_8078	7962	8078	+	hypothetical protein	
500	3367	NEOS13_0489	peg	3367_9319_8036	9319	8036	-	Error-prone, lesion bypass DNA polymerase V (UmuC)	
501	3367	NEOS13_0490	peg	3367_10256_10131	10256	10131	-	hypothetical protein	
502	3367	NEOS13_0491	peg	3367_10580_12385	10580	12385	+	COG0488: ATPase components of ABC transporters with duplicated ATPase domains	ABC_transporter
503	3367	NEOS13_0492	peg	3367_13178_12837	13178	12837	-	membrane protein of unknown function	
504	3367	NEOS13_0493	peg	3367_13868_13746	13868	13746	-	Mobile element protein	
505	3367	NEOS13_0494	peg	3367_14067_13936	14067	13936	-	hypothetical protein	
506	3367	NEOS13_0495	peg	3367_15520_14495	15520	14495	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
507	3368	NEOS13_0496	peg	3368_49_186	49	186	+	hypothetical protein	
508	3369	NEOS13_0497	peg	3369_107_1165	107	1165	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
509	3369	NEOS13_0498	peg	3369_2040_3353	2040	3353	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
510	3372	NEOS13_0499	peg	3372_22_168	22	168	+	hypothetical protein	
511	3372	NEOS13_0500	peg	3372_380_126	380	126	-	Mobile element protein	
512	3372	NEOS13_0501	peg	3372_636_869	636	869	+	hypothetical protein	
513	3372	NEOS13_0502	peg	3372_1120_920	1120	920	-	hypothetical protein	
514	3372	NEOS13_0503	peg	3372_1242_1379	1242	1379	+	hypothetical protein	
515	3372	NEOS13_0504	peg	3372_1475_2548	1475	2548	+	hypothetical protein	
516	3372	NEOS13_0505	peg	3372_2703_3974	2703	3974	+	hypothetical protein	
517	3372	NEOS13_0506	peg	3372_4011_4703	4011	4703	+	hypothetical protein	
518	3372	NEOS13_0507	peg	3372_5067_4927	5067	4927	-	hypothetical protein	
519	3373	NEOS13_0508	peg	3373_1734_961	1734	961	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
520	3374	NEOS13_0509	peg	3374_29_1651	29	1651	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
521	3374	NEOS13_0510	peg	3374_1887_1672	1887	1672	-	Mobile element protein	
522	3374	NEOS13_0511	peg	3374_2605_2483	2605	2483	-	hypothetical protein	
523	3374	NEOS13_0512	peg	3374_3050_2931	3050	2931	-	hypothetical protein	
524	3374	NEOS13_0513	peg	3374_4094_3507	4094	3507	-	hypothetical protein	Outer membrane protein
525	3374	NEOS13_0514	peg	3374_6012_4087	6012	4087	-	internalin, putative	
526	3374	NEOS13_0515	peg	3374_6278_6439	6278	6439	+	hypothetical protein	
527	3375	NEOS13_0516	peg	3375_118_1035	118	1035	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
528	3376	NEOS13_0517	peg	3376_57_272	57	272	+	hypothetical protein	
529	3376	NEOS13_0518	peg	3376_1377_604	1377	604	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
530	3377	NEOS13_0519	peg	3377_427_233	427	233	-	hypothetical protein	
531	3377	NEOS13_0520	peg	3377_952_593	952	593	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
532	3378	NEOS13_0521	peg	3378_678_403	678	403	-	hypothetical protein	
533	3379	NEOS13_0522	peg	3379_747_541	747	541	-	conserved hypothetical protein	
534	3379	NEOS13_0523	peg	3379_1055_747	1055	747	-	conserved hypothetical protein	
535	3379	NEOS13_0524	peg	3379_1275_1117	1275	1117	-	hypothetical protein	
536	3379	NEOS13_0525	peg	3379_1529_1254	1529	1254	-	hypothetical protein	
537	3379	NEOS13_0526	peg	3379_1489_1617	1489	1617	+	hypothetical protein	
538	3379	NEOS13_0527	peg	3379_1851_1666	1851	1666	-	hypothetical protein	
539	3379	NEOS13_0528	peg	3379_1959_2078	1959	2078	+	hypothetical protein	
540	3380	NEOS13_0529	peg	3380_2699_324	2699	324	-	hypothetical protein	
541	3380	NEOS13_0530	peg	3380_3076_2909	3076	2909	-	hypothetical protein	
542	3381	NEOS13_0531	peg	3381_19_741	19	741	+	hypothetical protein	Outer membrane protein
543	3381	NEOS13_0532	peg	3381_1069_1185	1069	1185	+	hypothetical protein	
544	3381	NEOS13_0533	peg	3381_2203_1235	2203	1235	-	Ribosomal large subunit pseudouridine synthase D (EC 4.2.1.70)	
545	3381	NEOS13_0534	peg	3381_2612_2268	2612	2268	-	hypothetical protein	
546	3381	NEOS13_0535	peg	3381_2837_2619	2837	2619	-	hypothetical protein	
547	3381	NEOS13_0536	peg	3381_2755_2949	2755	2949	+	hypothetical protein	
548	3381	NEOS13_0537	peg	3381_3358_3083	3358	3083	-	hypothetical protein	
549	3381	NEOS13_0538	peg	3381_4317_3709	4317	3709	-	hypothetical protein	
550	3381	NEOS13_0539	peg	3381_6215_4335	6215	4335	-	Topoisomerase IV subunit A (EC 5.99.1.-)	
551	3381	NEOS13_0540	peg	3381_8220_6424	8220	6424	-	Topoisomerase IV subunit B (EC 5.99.1.-)	
552	3381	NEOS13_0541	peg	3381_8394_9413	8394	9413	+	UDP-N-acetylglucosamine 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.-)	
553	3381	NEOS13_0542	peg	3381_9468_10496	9468	10496	+	Glutamyl-tRNA reductase (EC 1.2.1.70)	
554	3381	NEOS13_0543	peg	3381_10578_12170	10578	12170	+	hypothetical protein	
555	3381	NEOS13_0544	peg	3381_13359_12628	13359	12628	-	putative lipote-protein ligase	
556	3381	NEOS13_0545	peg	3381_15211_13352	15211	13352	-	tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme GidA	
557	3381	NEOS13_0546	peg	3381_17207_15762	17207	15762	-	Replicative DNA helicase (EC 3.6.1.-)	
558	3381	NEOS13_0547	peg	3381_17614_19098	17614	19098	+	RNA polymerase sigma-54 factor RpoN	
559	3381	NEOS13_0548	peg	3381_19654_21324	19654	21324	+	Sulfate permease	
560	3381	NEOS13_0549	peg	3381_21919_21767	21919	21767	-	Mobile element protein	
561	3381	NEOS13_0550	peg	3381_22195_22317	22195	22317	+	hypothetical protein	
562	3381	NEOS13_0551	peg	3381_22498_22623	22498	22623	+	hypothetical protein	
563	3381	NEOS13_0552	peg	3381_22605_24203	22605	24203	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
564	3381	NEOS13_0553	peg	3381_24223_24366	24223	24366	+	hypothetical protein	
565	3383	NEOS13_0554	peg	3383_376_702	376	702	+	hypothetical protein	
566	3383	NEOS13_0555	peg	3383_965_1081	965	1081	+	hypothetical protein	
567	3385	NEOS13_0556	peg	3385_293_901	293	901	+	hypothetical protein	
568	3385	NEOS13_0557	peg	3385_1765_1631	1765	1631	-	hypothetical protein	

569	3386	NEOS13_0558	peg	3386_48_668	48	668	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
570	3387	NEOS13_0559	peg	3387_48_668	48	668	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
571	3388	NEOS13_0560	peg	3388_1723_1571	1723	1571	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
572	3389	NEOS13_0561	peg	3389_336_70	336	70	-	hypothetical protein	
573	3389	NEOS13_0562	peg	3389_5416_413	5416	413	-	hypothetical protein	
574	3389	NEOS13_0563	peg	3389_9581_5802	9581	5802	-	hypothetical protein	
575	3389	NEOS13_0564	peg	3389_9861_9697	9861	9697	-	hypothetical protein	
576	3389	NEOS13_0565	peg	3389_10058_11161	10058	11161	+	UDP-N-acetylglucosamine--N-acetylmuramyl-(pentapeptide) pyrophosphoryl-undecaprenol N-acetylglucosamine transferase (EC 2.4.1.227)	
577	3389	NEOS13_0566	peg	3389_11158_13593	11158	13593	+	UDP-N-acetylmuramate--alanine ligase (EC 6.3.2.8)	
578	3389	NEOS13_0567	peg	3389_13788_14690	13788	14690	+	hypothetical protein	
579	3389	NEOS13_0568	peg	3389_14915_15193	14915	15193	+	hypothetical protein	
580	3389	NEOS13_0569	peg	3389_15586_15705	15586	15705	+	hypothetical protein	
581	3389	NEOS13_0570	peg	3389_16248_17279	16248	17279	+	tRNA dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.75)	
582	3389	NEOS13_0571	peg	3389_17374_19095	17374	19095	+	hypothetical protein	
583	3389	NEOS13_0572	peg	3389_19058_19732	19058	19732	+	hypothetical protein	
584	3389	NEOS13_0573	peg	3389_20359_20994	20359	20994	+	Nicotinate-nucleotide adenyltransferase (EC 2.7.7.18)	
585	3389	NEOS13_0574	peg	3389_21009_21374	21009	21374	+	lojap protein	
586	3389	NEOS13_0575	peg	3389_21392_22639	21392	22639	+	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASII (EC 2.3.1.41)	Fatty_acid_initiation_elongation
587	3389	NEOS13_0576	peg	3389_22639_23061	22639	23061	+	putative dGTP pyrophosphohydrolase, mutT	
588	3389	NEOS13_0577	peg	3389_23668_23411	23668	23411	-	Antitoxin of toxin-antitoxin system Phd	
589	3389	NEOS13_0578	peg	3389_24295_24059	24295	24059	-	hypothetical protein	
590	3389	NEOS13_0579	peg	3389_24645_24496	24645	24496	-	hypothetical protein	
591	3390	NEOS13_0580	peg	3390_1211_381	1211	381	-	Mobile element protein	
592	3391	NEOS13_0581	peg	3391_42_1190	42	1190	+	hypothetical protein	
593	3392	NEOS13_0582	peg	3392_60_263	60	263	+	hypothetical protein	
594	3392	NEOS13_0583	peg	3392_1150_2226	1150	2226	+	Branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase, E1 component, alpha subunit (EC 1.2.4.4)	
595	3392	NEOS13_0584	peg	3392_2256_3233	2256	3233	+	Branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase, E1 component, beta subunit (EC 1.2.4.4)	Glycolysis_Gluconeogenesis
596	3392	NEOS13_0585	peg	3392_3246_4472	3246	4472	+	Dihydrolipoamide acyltransferase component of branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase complex (EC 2.3.1.168)	Glycolysis_Gluconeogenesis
597	3392	NEOS13_0586	peg	3392_4435_4572	4435	4572	+	hypothetical protein	
598	3392	NEOS13_0587	peg	3392_4726_6417	4726	6417	+	Potassium-transporting ATPase A chain (EC 3.6.3.12) (TC 3.A.3.7.1)	
599	3392	NEOS13_0588	peg	3392_6488_8584	6488	8584	+	Potassium-transporting ATPase B chain (EC 3.6.3.12) (TC 3.A.3.7.1)	
600	3392	NEOS13_0589	peg	3392_8622_9182	8622	9182	+	Potassium-transporting ATPase C chain (EC 3.6.3.12) (TC 3.A.3.7.1)	
601	3392	NEOS13_0590	peg	3392_10789_12501	10789	12501	+	hypothetical protein	
602	3392	NEOS13_0591	peg	3392_12967_14544	12967	14544	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
603	3392	NEOS13_0592	peg	3392_15297_15172	15297	15172	-	hypothetical protein	
604	3392	NEOS13_0593	peg	3392_15614_15495	15614	15495	-	hypothetical protein	
605	3392	NEOS13_0594	peg	3392_16026_15802	16026	15802	-	hypothetical protein	
606	3392	NEOS13_0595	peg	3392_16346_17755	16346	17755	+	hypothetical protein	
607	3392	NEOS13_0596	peg	3392_19313_18027	19313	18027	-	RNA methyltransferase, TrmA family	
608	3392	NEOS13_0597	peg	3392_21063_19306	21063	19306	-	Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)	
609	3392	NEOS13_0598	peg	3392_26196_21622	26196	21622	-	Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1) / Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)	Sec_T2SS
610	3392	NEOS13_0599	peg	3392_28129_26576	28129	26576	-	ADP/ATP Translocase, NTT1	NTT
611	3392	NEOS13_0600	peg	3392_29321_28806	29321	28806	-	FIG00493911: hypothetical protein	
612	3392	NEOS13_0601	peg	3392_29674_30789	29674	30789	+	hypothetical protein	
613	3392	NEOS13_0602	peg	3392_30786_31778	30786	31778	+	Manganese ABC transporter, periplasmic-binding protein SitA	ABC_transporter
614	3392	NEOS13_0603	peg	3392_31775_32563	31775	32563	+	Manganese ABC transporter, ATP-binding protein SitB	ABC_transporter
615	3392	NEOS13_0604	peg	3392_32568_33920	32568	33920	+	Manganese ABC transporter, inner membrane permease protein SitC	ABC_transporter
616	3392	NEOS13_0605	peg	3392_33917_34927	33917	34927	+	Manganese ABC transporter, inner membrane permease protein SitD	ABC_transporter
617	3392	NEOS13_0606	peg	3392_35711_34941	35711	34941	-	hypothetical protein	
618	3392	NEOS13_0607	peg	3392_36382_36263	36382	36263	-	hypothetical protein	
619	3393	NEOS13_0608	peg	3393_1282_8	1282	8	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
620	3393	NEOS13_0609	peg	3393_1638_1345	1638	1345	-	hypothetical protein	
621	3393	NEOS13_0610	peg	3393_1673_1786	1673	1786	+	hypothetical protein	
622	3393	NEOS13_0611	peg	3393_2101_1886	2101	1886	-	hypothetical protein	
623	3393	NEOS13_0612	peg	3393_2088_2477	2088	2477	+	hypothetical protein	
624	3393	NEOS13_0613	peg	3393_2495_3331	2495	3331	+	hypothetical protein	
625	3393	NEOS13_0614	peg	3393_4020_3427	4020	3427	-	DNA-3-methyladenine glycosylase (EC 3.2.2.20)	
626	3393	NEOS13_0615	peg	3393_4152_6374	4152	6374	+	hypothetical protein	
627	3393	NEOS13_0616	peg	3393_6857_7534	6857	7534	+	Aquaporin Z	
628	3393	NEOS13_0617	peg	3393_7757_7572	7757	7572	-	hypothetical protein	
629	3393	NEOS13_0618	peg	3393_8142_7900	8142	7900	-	hypothetical protein	

630	3393	NEOS13_0619	peg	3393_8276_10453	8276	10453	+	POTASSIUM/PROTON ANTIporter ROSB	
631	3393	NEOS13_0620	peg	3393_10605_10462	10605	10462	-	hypothetical protein	
632	3393	NEOS13_0621	peg	3393_11458_12309	11458	12309	+	FIGO1045360: hypothetical protein	
633	3393	NEOS13_0622	peg	3393_12296_12457	12296	12457	+	hypothetical protein	
634	3393	NEOS13_0623	peg	3393_12556_12678	12556	12678	+	hypothetical protein	
635	3393	NEOS13_0624	peg	3393_12994_14454	12994	14454	+	hypothetical protein	
636	3393	NEOS13_0625	peg	3393_14544_25139	14544	25139	+	hypothetical protein	
637	3393	NEOS13_0626	peg	3393_25230_27572	25230	27572	+	hypothetical protein	
638	3393	NEOS13_0627	peg	3393_28381_28220	28381	28220	-	hypothetical protein	
639	3394	NEOS13_0628	peg	3394_626_474	626	474	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
640	3394	NEOS13_0629	peg	3394_1317_673	1317	673	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
641	3395	NEOS13_0630	peg	3395_1025_486	1025	486	-	hypothetical protein	
642	3395	NEOS13_0631	peg	3395_1644_1147	1644	1147	-	hypothetical protein	
643	3395	NEOS13_0632	peg	3395_3210_3395	3210	3395	+	Mobile element protein	
644	3395	NEOS13_0633	peg	3395_4039_4248	4039	4248	+	Integrase, catalytic region	
645	3395	NEOS13_0634	peg	3395_4651_5802	4651	5802	+	hypothetical protein	
646	3396	NEOS13_0635	peg	3396_915_1457	915	1457	+	hypothetical protein	
647	3396	NEOS13_0636	peg	3396_1674_1808	1674	1808	+	hypothetical protein	
648	3397	NEOS13_0637	peg	3397_1781_570	1781	570	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
649	3399	NEOS13_0638	peg	3399_467_207	467	207	-	hypothetical protein	
650	3399	NEOS13_0639	peg	3399_622_1905	622	1905	+	Proton/glutamate symport protein @ Sodium/glutamate symport protein	
651	3399	NEOS13_0640	peg	3399_2033_3061	2033	3061	+	tRNA-specific 2-thiouridylase MnmA	
652	3399	NEOS13_0641	peg	3399_3806_3126	3806	3126	-	hypothetical protein	
653	3399	NEOS13_0642	peg	3399_4239_4379	4239	4379	+	hypothetical protein	
654	3399	NEOS13_0643	peg	3399_4390_4542	4390	4542	+	hypothetical protein	
655	3400	NEOS13_0644	peg	3400_467_207	467	207	-	hypothetical protein	
656	3400	NEOS13_0645	peg	3400_680_937	680	937	+	KH domain RNA binding protein YlqC	
657	3400	NEOS13_0012ma	rna	3400_1351_1279	1351	1279	-	tRNA-Arg-TCT	RNA
658	3400	NEOS13_0646	peg	3400_2906_1857	2906	1857	-	hypothetical protein	
659	3400	NEOS13_0647	peg	3400_3191_3078	3191	3078	-	hypothetical protein	
660	3400	NEOS13_0648	peg	3400_3383_3997	3383	3997	+	archaeal ATPase, fused to C-terminal DUF234 domain	
661	3400	NEOS13_0649	peg	3400_3967_4782	3967	4782	+	archaeal ATPase, fused to C-terminal DUF234 domain	
662	3400	NEOS13_0650	peg	3400_6431_5088	6431	5088	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
663	3400	NEOS13_0651	peg	3400_7146_7024	7146	7024	-	hypothetical protein	
664	3400	NEOS13_0652	peg	3400_7325_7185	7325	7185	-	hypothetical protein	
665	3400	NEOS13_0653	peg	3400_7492_8079	7492	8079	+	2-amino-4-hydroxy-6-hydroxymethylidihydropteridine pyrophosphokinase (EC 2.7.6.3)	
666	3400	NEOS13_0654	peg	3400_8085_8849	8085	8849	+	2-Keto-3-deoxy-D-manno-octulosonate-8-phosphate synthase (EC 2.5.1.55)	
667	3400	NEOS13_0655	peg	3400_9011_9700	9011	9700	+	hypothetical protein	
668	3400	NEOS13_0656	peg	3400_9697_11229	9697	11229	+	hypothetical protein	
669	3400	NEOS13_0657	peg	3400_11344_11973	11344	11973	+	hypothetical protein	ABC transporter
670	3400	NEOS13_0658	peg	3400_12605_12102	12605	12102	-	Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)	
671	3400	NEOS13_0659	peg	3400_13059_12625	13059	12625	-	Nucleoside diphosphate kinase (EC 2.7.4.6)	
672	3400	NEOS13_0660	peg	3400_13157_14401	13157	14401	+	Aminopeptidase S (Leu, Val, Phe, Tyr preference) (EC 3.4.11.24)	
673	3400	NEOS13_0661	peg	3400_15061_15660	15061	15660	+	hypothetical protein	
674	3400	NEOS13_0662	peg	3400_15811_16188	15811	16188	+	hypothetical protein	
675	3400	NEOS13_0663	peg	3400_18024_16501	18024	16501	-	EF hand domain/PKD domain protein	
676	3400	NEOS13_0664	peg	3400_18417_18121	18417	18121	-	Transposase, ISLbp3	Transposase
677	3400	NEOS13_0665	peg	3400_18902_19108	18902	19108	+	hypothetical protein	
678	3400	NEOS13_0666	peg	3400_19421_19546	19421	19546	+	hypothetical protein	
679	3401	NEOS13_0667	peg	3401_55_915	55	915	+	conserved hypothetical protein	
680	3401	NEOS13_0668	peg	3401_1469_1335	1469	1335	-	hypothetical protein	
681	3401	NEOS13_0669	peg	3401_2343_1666	2343	1666	-	Cytidylate kinase (EC 2.7.4.14)	
682	3401	NEOS13_0670	peg	3401_3222_2368	3222	2368	-	Phosphatidate cytidyltransferase (EC 2.7.7.41)	
683	3401	NEOS13_0671	peg	3401_3977_3219	3977	3219	-	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)	
684	3401	NEOS13_0672	peg	3401_5306_3987	5306	3987	-	Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)	
685	3401	NEOS13_0673	peg	3401_7138_5330	7138	5330	-	Translation elongation factor LepA	
686	3401	NEOS13_0674	peg	3401_7966_7331	7966	7331	-	hypothetical protein	
687	3401	NEOS13_0013ma	rna	3401_8083_8000	8083	8000	-	tRNA-Leu-CAG	RNA
688	3401	NEOS13_0675	peg	3401_8749_8138	8749	8138	-	hypothetical protein	
689	3401	NEOS13_0676	peg	3401_8917_10068	8917	10068	+	Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)	
690	3401	NEOS13_0677	peg	3401_10655_10158	10655	10158	-	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)	
691	3401	NEOS13_0678	peg	3401_11006_12022	11006	12022	+	hypothetical protein	
692	3401	NEOS13_0679	peg	3401_12078_13625	12078	13625	+	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)	
693	3401	NEOS13_0680	peg	3401_14409_14996	14409	14996	+	hypothetical protein	
694	3401	NEOS13_0681	peg	3401_15226_16725	15226	16725	+	hypothetical protein	
695	3401	NEOS13_0682	peg	3401_17079_16912	17079	16912	-	hypothetical protein	
696	3401	NEOS13_0683	peg	3401_17210_17404	17210	17404	+	Mobile element protein	

697	3401	NEOS13_0684	peg	3401_17661_18530	17661	18530	+	hypothetical protein	
698	3401	NEOS13_0685	peg	3401_18858_18556	18858	18556	-	hypothetical protein	
699	3401	NEOS13_0686	peg	3401_19051_18938	19051	18938	-	hypothetical protein	
700	3403	NEOS13_0687	peg	3403_775_662	775	662	-	hypothetical protein	
701	3403	NEOS13_0688	peg	3403_2128_1271	2128	1271	-	AMP nucleosidase (EC 3.2.2.4)	
702	3403	NEOS13_0689	peg	3403_3773_2544	3773	2544	-	hypothetical protein	
703	3403	NEOS13_0690	peg	3403_4015_5619	4015	5619	+	Peptide chain release factor 3	
704	3403	NEOS13_0691	peg	3403_5701_5579	5701	5579	-	hypothetical protein	
705	3403	NEOS13_0692	peg	3403_6329_5817	6329	5817	-	hypothetical protein	
706	3403	NEOS13_0693	peg	3403_6402_7451	6402	7451	+	A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)	
707	3403	NEOS13_0694	peg	3403_7681_9597	7681	9597	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
708	3403	NEOS13_0695	peg	3403_9607_9726	9607	9726	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
709	3404	NEOS13_0696	peg	3404_835_659	835	659	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
710	3404	NEOS13_0697	peg	3404_2783_1182	2783	1182	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
711	3404	NEOS13_0698	peg	3404_3050_2826	3050	2826	-	hypothetical protein	
712	3404	NEOS13_0699	peg	3404_3239_3105	3239	3105	-	hypothetical protein	
713	3404	NEOS13_0700	peg	3404_3582_3698	3582	3698	+	Mobile element protein	
714	3405	NEOS13_0701	peg	3405_440_216	440	216	-	hypothetical protein	
715	3405	NEOS13_0702	peg	3405_629_495	629	495	-	hypothetical protein	
716	3405	NEOS13_0703	peg	3405_972_1088	972	1088	+	Mobile element protein	
717	3405	NEOS13_0704	peg	3405_1339_1488	1339	1488	+	hypothetical protein	
718	3405	NEOS13_0705	peg	3405_1765_1577	1765	1577	-	hypothetical protein	
719	3405	NEOS13_0706	peg	3405_2363_2740	2363	2740	+	probable histone H1-like protein	
720	3405	NEOS13_0707	peg	3405_2970_4427	2970	4427	+	RNA methyltransferase, TrmA family	
721	3405	NEOS13_0708	peg	3405_4435_5535	4435	5535	+	tRNA-guanine transglycosylase (EC 2.4.2.29)	
722	3405	NEOS13_0709	peg	3405_5547_5969	5547	5969	+	Preprotein translocase subunit YajC (TC 3.A.5.1.1)	
723	3405	NEOS13_0710	peg	3405_5981_6637	5981	6637	+	Protein-L-isoaspartate O-methyltransferase (EC 2.1.1.77)	
724	3405	NEOS13_0711	peg	3405_6920_7567	6920	7567	+	hypothetical protein	
725	3405	NEOS13_0712	peg	3405_8079_10043	8079	10043	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
726	3405	NEOS13_0014ma	tma	3405_10911_10984	10911	10984	+	tRNA-Arg-ACG	RNA
727	3405	NEOS13_0713	peg	3405_10985_11620	10985	11620	+	Hydroxyacylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.6)	
728	3405	NEOS13_0714	peg	3405_11648_12235	11648	12235	+	Alkyl hydroperoxide reductase subunit C-like protein	
729	3407	NEOS13_0715	peg	3407_554_2293	554	2293	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
730	3407	NEOS13_0716	peg	3407_2488_2372	2488	2372	-	hypothetical protein	
731	3407	NEOS13_0717	peg	3407_2600_3487	2600	3487	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
732	3407	NEOS13_0718	peg	3407_3710_3907	3710	3907	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
733	3407	NEOS13_0719	peg	3407_3996_4256	3996	4256	+	hypothetical protein	
734	3407	NEOS13_0720	peg	3407_4271_4441	4271	4441	+	hypothetical protein	
735	3407	NEOS13_0721	peg	3407_5518_4799	5518	4799	-	Competence protein F homolog, phosphoribosyltransferase domain; protein YhgH required for utilization of DNA as sole source of carbon and energy	Genetic_competence
736	3407	NEOS13_0722	peg	3407_6468_5518	6468	5518	-	unknown protein	
737	3407	NEOS13_0723	peg	3407_7215_8750	7215	8750	+	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit B (EC 1.6.5.-)	Oxidative_Phosphorylation
738	3407	NEOS13_0724	peg	3407_8731_9663	8731	9663	+	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit C (EC 1.6.5.-)	Oxidative_Phosphorylation
739	3407	NEOS13_0725	peg	3407_9802_10440	9802	10440	+	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit D (EC 1.6.5.-)	Oxidative_Phosphorylation
740	3407	NEOS13_0726	peg	3407_10447_11184	10447	11184	+	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit E (EC 1.6.5.-)	Oxidative_Phosphorylation
741	3407	NEOS13_0727	peg	3407_12119_13741	12119	13741	+	hypothetical protein	
742	3407	NEOS13_0728	peg	3407_13810_14133	13810	14133	+	hypothetical protein	
743	3407	NEOS13_0729	peg	3407_14652_14248	14652	14248	-	Glycine cleavage system H protein	
744	3407	NEOS13_0730	peg	3407_15392_14763	15392	14763	-	unknown protein	
745	3407	NEOS13_0731	peg	3407_17903_15510	17903	15510	-	hypothetical protein	
746	3407	NEOS13_0732	peg	3407_18975_18262	18975	18262	-	Lipoate-protein ligase A	
747	3407	NEOS13_0733	peg	3407_19731_19033	19731	19033	-	hypothetical protein	
748	3407	NEOS13_0734	peg	3407_19921_20631	19921	20631	+	Ribonuclease III (EC 3.1.26.3)	
749	3407	NEOS13_0735	peg	3407_20639_22015	20639	22015	+	DNA repair protein RadA	
750	3407	NEOS13_0736	peg	3407_22086_23399	22086	23399	+	Porphobilinogen deaminase (EC 2.5.1.61)	
751	3407	NEOS13_0737	peg	3407_23653_25023	23653	25023	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
752	3407	NEOS13_0738	peg	3407_25260_26864	25260	26864	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
753	3407	NEOS13_0739	peg	3407_27333_27214	27333	27214	-	hypothetical protein	
754	3408	NEOS13_0740	peg	3408_508_206	508	206	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
755	3408	NEOS13_0741	peg	3408_1564_563	1564	563	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
756	3410	NEOS13_0742	peg	3410_118_348	118	348	+	hypothetical protein	
757	3410	NEOS13_0743	peg	3410_348_680	348	680	+	hypothetical protein	
758	3410	NEOS13_0744	peg	3410_2889_1174	2889	1174	-	hypothetical protein	
759	3410	NEOS13_0745	peg	3410_3290_3820	3290	3820	+	Putative preQ0 transporter	
760	3410	NEOS13_0746	peg	3410_5228_4086	5228	4086	-	Branched-chain amino acid transport system carrier protein	
761	3410	NEOS13_0747	peg	3410_5660_6199	5660	6199	+	hypothetical protein	
762	3410	NEOS13_0748	peg	3410_7112_6516	7112	6516	-	hypothetical protein-signal peptide prediction	
763	3410	NEOS13_0749	peg	3410_8008_8229	8008	8229	+	hypothetical protein	
764	3410	NEOS13_0750	peg	3410_8440_8189	8440	8189	-	hypothetical protein	
765	3410	NEOS13_0751	peg	3410_8496_9467	8496	9467	+	CBS domain protein	
766	3410	NEOS13_0752	peg	3410_9474_10718	9474	10718	+	Hemolysin	

767	3410	NEOS13_0753	peg	3410_10814_10960	10814	10960	+	hypothetical protein	
768	3410	NEOS13_0754	peg	3410_13519_11000	13519	11000	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
769	3410	NEOS13_0755	peg	3410_15578_13647	15578	13647	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
770	3410	NEOS13_0756	peg	3410_18450_15997	18450	15997	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
771	3410	NEOS13_0757	peg	3410_18750_18893	18750	18893	+	hypothetical protein	
772	3410	NEOS13_0758	peg	3410_21444_18868	21444	18868	-	hypothetical protein	
773	3410	NEOS13_0759	peg	3410_21555_21683	21555	21683	+	hypothetical protein	
774	3410	NEOS13_0760	peg	3410_23071_22001	23071	22001	-	Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)	
775	3410	NEOS13_0761	peg	3410_23894_23127	23894	23127	-	Protein serine/threonine phosphatase PrpC, regulation of stationary phase	
776	3410	NEOS13_0762	peg	3410_23980_24096	23980	24096	+	hypothetical protein	
777	3410	NEOS13_0763	peg	3410_25351_24083	25351	24083	-	proteinase inhibitor 14, serpin	
778	3410	NEOS13_0764	peg	3410_26241_25351	26241	25351	-	hypothetical protein	
779	3410	NEOS13_0765	peg	3410_26855_26319	26855	26319	-	hypothetical protein	
780	3410	NEOS13_0766	peg	3410_28006_27341	28006	27341	-	Nucleoside triphosphate pyrophosphohydrolase MazG (EC 3.6.1.8)	
781	3410	NEOS13_0767	peg	3410_28317_28781	28317	28781	+	hypothetical protein	
782	3410	NEOS13_0768	peg	3410_30885_29269	30885	29269	-	hypothetical protein	
783	3410	NEOS13_0769	peg	3410_32045_30978	32045	30978	-	Lipopolysaccharide heptosyltransferase I (EC 2.4.1.-)	
784	3410	NEOS13_0770	peg	3410_32917_32042	32917	32042	-	hypothetical protein	
785	3410	NEOS13_0771	peg	3410_34037_33009	34037	33009	-	Phenylalanyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.20)	
786	3410	NEOS13_0772	peg	3410_34478_34122	34478	34122	-	LSU ribosomal protein L20p	
787	3410	NEOS13_0773	peg	3410_35369_34803	35369	34803	-	Translation initiation factor 3	
788	3410	NEOS13_0774	peg	3410_37162_35462	37162	35462	-	Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)	
789	3410	NEOS13_0015ma	rna	3410_37249_37176	37249	37176	-	tRNA-Val-GAC	RNA
790	3410	NEOS13_0775	peg	3410_39176_37350	39176	37350	-	Excinuclease ABC subunit C	ABC transporter
791	3410	NEOS13_0776	peg	3410_39390_39232	39390	39232	-	hypothetical protein	
792	3410	NEOS13_0777	peg	3410_39808_39602	39808	39602	-	hypothetical protein	
793	3410	NEOS13_0778	peg	3410_40991_39924	40991	39924	-	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)	
794	3410	NEOS13_0779	peg	3410_41438_41301	41438	41301	-	hypothetical protein	
795	3410	NEOS13_0780	peg	3410_41468_44524	41468	44524	+	Glycyl-tRNA synthetase alpha chain (EC 6.1.1.14)	
796	3410	NEOS13_0781	peg	3410_45696_44845	45696	44845	-	Heme O synthase, protoheme IX farnesyltransferase (EC 2.5.1.-) COX10-CtaB	Oxidative_Phosphorylation
797	3410	NEOS13_0782	peg	3410_46111_45746	46111	45746	-	Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit IV (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation
798	3410	NEOS13_0783	peg	3410_46721_46113	46721	46113	-	Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit III (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation
799	3410	NEOS13_0784	peg	3410_48412_46724	48412	46724	-	Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation
800	3413	NEOS13_0785	peg	3413_1679_615	1679	615	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
801	3413	NEOS13_0786	peg	3413_1674_1805	1674	1805	+	hypothetical protein	
802	3413	NEOS13_0787	peg	3413_3368_2433	3368	2433	-	YrdC/Sua5 family protein, required for threonylcarbamoyladenosine (t(6)A) formation in tRNA	
803	3413	NEOS13_0788	peg	3413_4591_3353	4591	3353	-	Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7), SufS subfamily	
804	3413	NEOS13_0789	peg	3413_5918_4572	5918	4572	-	Iron-sulfur cluster assembly protein SufD	
805	3413	NEOS13_0790	peg	3413_6700_5915	6700	5915	-	Iron-sulfur cluster assembly ATPase protein SufC	
806	3413	NEOS13_0791	peg	3413_8146_6707	8146	6707	-	Iron-sulfur cluster assembly protein SufB	
807	3413	NEOS13_0792	peg	3413_11203_8639	11203	8639	-	hypothetical protein	
808	3413	NEOS13_0793	peg	3413_12332_11229	12332	11229	-	hypothetical protein	
809	3413	NEOS13_0794	peg	3413_12649_12801	12649	12801	+	hypothetical protein	
810	3413	NEOS13_0795	peg	3413_12798_12962	12798	12962	+	hypothetical protein	
811	3413	NEOS13_0796	peg	3413_13078_13338	13078	13338	+	hypothetical protein	
812	3414	NEOS13_0797	peg	3414_22_225	22	225	+	hypothetical protein	
813	3414	NEOS13_0798	peg	3414_719_925	719	925	+	hypothetical protein	
814	3414	NEOS13_0799	peg	3414_1071_1445	1071	1445	+	hypothetical protein	
815	3416	NEOS13_0800	peg	3416_36_1076	36	1076	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
816	3416	NEOS13_0801	peg	3416_1096_1239	1096	1239	+	hypothetical protein	
817	3417	NEOS13_0802	peg	3417_2308_968	2308	968	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
818	3417	NEOS13_0803	peg	3417_2533_2417	2533	2417	-	hypothetical protein	
819	3417	NEOS13_0804	peg	3417_2696_2565	2696	2565	-	hypothetical protein	
820	3417	NEOS13_0805	peg	3417_3300_3184	3300	3184	-	hypothetical protein	
821	3417	NEOS13_0806	peg	3417_3442_3597	3442	3597	+	Mobile element protein	
822	3417	NEOS13_0807	peg	3417_3814_3674	3814	3674	-	hypothetical protein	
823	3417	NEOS13_0808	peg	3417_6274_4478	6274	4478	-	hypothetical protein	
824	3417	NEOS13_0809	peg	3417_6645_6806	6645	6806	+	hypothetical protein	
825	3417	NEOS13_0810	peg	3417_7058_10480	7058	10480	+	Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5)	
826	3417	NEOS13_0811	peg	3417_10640_11461	10640	11461	+	hypothetical protein	
827	3417	NEOS13_0812	peg	3417_12600_16106	12600	16106	+	Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5)	
828	3417	NEOS13_0813	peg	3417_16163_17911	16163	17911	+	Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5)	
829	3417	NEOS13_0814	peg	3417_18745_18356	18745	18356	-	hypothetical protein	
830	3417	NEOS13_0815	peg	3417_19992_18823	19992	18823	-	hypothetical protein	
831	3417	NEOS13_0816	peg	3417_21339_20854	21339	20854	-	hypothetical protein	
832	3417	NEOS13_0817	peg	3417_21497_21634	21497	21634	+	hypothetical protein	

833	3417	NEOS13_0818	peg	3417_21651_23816	21651	23816	+	Transcription elongation factor GreA	
834	3417	NEOS13_0819	peg	3417_23817_24425	23817	24425	+	Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dTTP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)	
835	3417	NEOS13_0820	peg	3417_24434_25129	24434	25129	+	hypothetical protein	
836	3417	NEOS13_0821	peg	3417_25339_26322	25339	26322	+	hypothetical protein	
837	3417	NEOS13_0016m_a	rna	3417_26467_26539	26467	26539	+	tRNA-Ala-GGC	RNA
838	3417	NEOS13_0822	peg	3417_26619_26768	26619	26768	+	hypothetical protein	
839	3417	NEOS13_0823	peg	3417_27243_27010	27243	27010	-	hypothetical protein	
840	3417	NEOS13_0824	peg	3417_28112_27384	28112	27384	-	hypothetical protein	
841	3417	NEOS13_0825	peg	3417_28906_28175	28906	28175	-	hypothetical protein	
842	3417	NEOS13_0826	peg	3417_28906_29022	28906	29022	+	hypothetical protein	
843	3417	NEOS13_0827	peg	3417_30266_29307	30266	29307	-	hypothetical protein	
844	3417	NEOS13_0828	peg	3417_32127_30685	32127	30685	-	hypothetical protein	Outer membrane protein
845	3417	NEOS13_0829	peg	3417_35956_33017	35956	33017	-	hypothetical protein	
846	3417	NEOS13_0830	peg	3417_36975_36154	36975	36154	-	hypothetical protein	
847	3417	NEOS13_0831	peg	3417_37298_39235	37298	39235	+	Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)	
848	3417	NEOS13_0832	peg	3417_39223_39975	39223	39975	+	Septum site-determining protein MinD	
849	3417	NEOS13_0833	peg	3417_40112_40858	40112	40858	+	Virulence plasmid protein pGP6-D	
850	3417	NEOS13_0834	peg	3417_41447_41331	41447	41331	-	hypothetical protein	
851	3417	NEOS13_0835	peg	3417_41495_41641	41495	41641	+	hypothetical protein	
852	3417	NEOS13_0836	peg	3417_41770_42477	41770	42477	+	hypothetical protein	
853	3418	NEOS13_0837	peg	3418_63_248	63	248	+	hypothetical protein	
854	3418	NEOS13_0838	peg	3418_1318_638	1318	638	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
855	3419	NEOS13_0839	peg	3419_314_54	314	54	-	hypothetical protein	
856	3419	NEOS13_0840	peg	3419_328_480	328	480	+	hypothetical protein	
857	3419	NEOS13_0841	peg	3419_500_1387	500	1387	+	Protein YicC	
858	3419	NEOS13_0842	peg	3419_1377_1958	1377	1958	+	Guanylate kinase (EC 2.7.4.8)	
859	3419	NEOS13_0843	peg	3419_1983_2306	1983	2306	+	hypothetical protein	
860	3419	NEOS13_0844	peg	3419_2328_2939	2328	2939	+	hypothetical protein	
861	3419	NEOS13_0845	peg	3419_2993_5044	2993	5044	+	Methionyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.10)	
862	3419	NEOS13_0846	peg	3419_5883_5608	5883	5608	-	LSU ribosomal protein L28p	
863	3419	NEOS13_0847	peg	3419_6434_5997	6434	5997	-	hypothetical protein	
864	3419	NEOS13_0848	peg	3419_6598_8013	6598	8013	+	Soluble pyridine nucleotide transhydrogenase (EC 1.6.1.1)	
865	3419	NEOS13_0849	peg	3419_8000_8521	8000	8521	+	hypothetical protein	
866	3419	NEOS13_0850	peg	3419_11182_8576	11182	8576	-	ClpB protein	
867	3419	NEOS13_0851	peg	3419_11420_11286	11420	11286	-	hypothetical protein	
868	3419	NEOS13_0852	peg	3419_12311_11688	12311	11688	-	hypothetical protein	
869	3419	NEOS13_0853	peg	3419_12473_12610	12473	12610	+	hypothetical protein	
870	3419	NEOS13_0854	peg	3419_12846_14762	12846	14762	+	1-hydroxy-2-methyl-2-(E)-butenyl 4-diphosphate synthase (EC 1.17.7.1)	
871	3419	NEOS13_0855	peg	3419_14889_15002	14889	15002	+	hypothetical protein	
872	3419	NEOS13_0856	peg	3419_15209_16147	15209	16147	+	ankyrin repeat protein	Ankyrin
873	3419	NEOS13_0857	peg	3419_16987_16388	16987	16388	-	Cob(I)alamin adenosyltransferase PduO (EC 2.5.1.17)	
874	3419	NEOS13_0858	peg	3419_17838_16990	17838	16990	-	hypothetical protein	
875	3419	NEOS13_0859	peg	3419_17963_18091	17963	18091	+	hypothetical protein	
876	3419	NEOS13_0860	peg	3419_19794_18232	19794	18232	-	hypothetical protein	
877	3419	NEOS13_0861	peg	3419_21396_19795	21396	19795	-	4-alpha-glucanotransferase (amylomaltase) (EC 2.4.1.25)	T3SA1
878	3419	NEOS13_0862	peg	3419_21518_21634	21518	21634	+	hypothetical protein	T3SA1
879	3419	NEOS13_0863	peg	3419_22060_21587	22060	21587	-	hypothetical protein	T3SA1
880	3419	NEOS13_0864	peg	3419_22388_22068	22388	22068	-	hypothetical protein	T3SA1
881	3419	NEOS13_0865	peg	3419_23318_22410	23318	22410	-	hypothetical protein	T3SA1
882	3419	NEOS13_0866	peg	3419_25536_23356	25536	23356	-	Low Calcium Response D (Type III secretion inner membrane protein SctV)	T3SA1
883	3419	NEOS13_0867	peg	3419_26613_25540	26613	25540	-	Type III secretion inner membrane protein (YscU, SpaS, EscU, HrcU, SsaU, homologous to flagellar export components)	T3SA1
884	3419	NEOS13_0868	peg	3419_27179_27607	27179	27607	+	transposase, IS4 family protein	T3SA1, Transposase
885	3420	NEOS13_0869	peg	3420_22_189	22	189	+	hypothetical protein	
886	3420	NEOS13_0870	peg	3420_448_1848	448	1848	+	hypothetical protein	
887	3420	NEOS13_0871	peg	3420_2076_2783	2076	2783	+	hypothetical protein	
888	3420	NEOS13_0872	peg	3420_2799_3467	2799	3467	+	hypothetical protein	
889	3420	NEOS13_0873	peg	3420_3580_3711	3580	3711	+	hypothetical protein	
890	3420	NEOS13_0874	peg	3420_3713_3844	3713	3844	+	hypothetical protein	
891	3420	NEOS13_0875	peg	3420_3914_4087	3914	4087	+	hypothetical protein	
892	3420	NEOS13_0876	peg	3420_6442_4466	6442	4466	-	Chaperone protein DnaK	
893	3420	NEOS13_0877	peg	3420_7202_6582	7202	6582	-	Heat shock protein GrpE	
894	3420	NEOS13_0878	peg	3420_8410_7217	8410	7217	-	Heat-inducible transcription repressor HrcA	
895	3420	NEOS13_0879	peg	3420_9401_8628	9401	8628	-	hypothetical protein	
896	3420	NEOS13_0880	peg	3420_10928_9561	10928	9561	-	hypothetical protein	
897	3420	NEOS13_0881	peg	3420_12952_11216	12952	11216	-	hypothetical protein	
898	3420	NEOS13_0882	peg	3420_15326_13338	15326	13338	-	Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)	
899	3420	NEOS13_0883	peg	3420_16090_15332	16090	15332	-	hypothetical protein	
900	3420	NEOS13_0884	peg	3420_16302_17219	16302	17219	+	hypothetical protein	
901	3420	NEOS13_0885	peg	3420_19404_17341	19404	17341	-	hypothetical protein	
902	3421	NEOS13_0886	peg	3421_35_982	35	982	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
903	3421	NEOS13_0887	peg	3421_1002_1145	1002	1145	+	hypothetical protein	

904	3422	NEOS13_0888	peg	3422_1894_1037	1894	1037	-	hypothetical protein	
905	3423	NEOS13_0889	peg	3423_1112_348	1112	348	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
906	3424	NEOS13_0890	peg	3424_31_204	31	204	+	hypothetical protein	
907	3424	NEOS13_0891	peg	3424_468_1886	468	1886	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
908	3424	NEOS13_0892	peg	3424_2868_2080	2868	2080	-	nifU protein, putative	
909	3424	NEOS13_0893	peg	3424_4045_2879	4045	2879	-	Cysteine desulfurase (EC 2.8.1.7)	
910	3424	NEOS13_0894	peg	3424_4703_4047	4703	4047	-	Phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.1)	Glycolysis_Gluconogenesis
911	3424	NEOS13_0895	peg	3424_4972_5649	4972	5649	+	putative ribosomal large chain pseudouridine synthase B	
912	3424	NEOS13_0896	peg	3424_5649_6815	5649	6815	+	hypothetical protein	
913	3424	NEOS13_0897	peg	3424_6828_8219	6828	8219	+	hypothetical protein	
914	3424	NEOS13_0898	peg	3424_9268_8222	9268	8222	-	hypothetical protein	
915	3424	NEOS13_0899	peg	3424_10125_9436	10125	9436	-	hypothetical protein	
916	3424	NEOS13_0900	peg	3424_10908_10141	10908	10141	-	hypothetical protein	
917	3425	NEOS13_0901	peg	3425_22_1353	22	1353	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
918	3425	NEOS13_0902	peg	3425_1723_1854	1723	1854	+	hypothetical protein	
919	3425	NEOS13_0903	peg	3425_2604_2269	2604	2269	-	hypothetical protein	
920	3425	NEOS13_0904	peg	3425_3396_2674	3396	2674	-	hypothetical protein	
921	3426	NEOS13_0905	peg	3426_15_1049	15	1049	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
922	3426	NEOS13_0906	peg	3426_1543_1361	1543	1361	-	hypothetical protein	
923	3426	NEOS13_0907	peg	3426_1538_2740	1538	2740	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
924	3426	NEOS13_0908	peg	3426_5011_4262	5011	4262	-	tRNA pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)	
925	3426	NEOS13_0909	peg	3426_5698_5015	5698	5015	-	2-C-methyl-D-erythritol 4-phosphate cytidyltransferase (EC 2.7.7.60)	
926	3426	NEOS13_0910	peg	3426_6683_5703	6683	5703	-	hypothetical protein	
927	3426	NEOS13_0911	peg	3426_7057_6785	7057	6785	-	SWIB (YM74) complex protein	
928	3426	NEOS13_0912	peg	3426_7291_9501	7291	9501	+	hypothetical protein	
929	3426	NEOS13_0913	peg	3426_9918_9532	9918	9532	-	hypothetical protein	
930	3426	NEOS13_0914	peg	3426_9944_10096	9944	10096	+	hypothetical protein	
931	3426	NEOS13_0915	peg	3426_11596_10289	11596	10289	-	hypothetical protein	
932	3426	NEOS13_0916	peg	3426_12172_13152	12172	13152	+	Peptide chain release factor 2; programmed frameshift-containing	
933	3426	NEOS13_0917	peg	3426_13149_13661	13149	13661	+	Amino Group Acetyl Transferase	
934	3426	NEOS13_0918	peg	3426_13708_14385	13708	14385	+	hypothetical protein	
935	3426	NEOS13_0919	peg	3426_14431_15156	14431	15156	+	FIG000859: hypothetical protein YebC	
936	3426	NEOS13_0920	peg	3426_15782_16759	15782	16759	+	hypothetical protein	
937	3426	NEOS13_0921	peg	3426_17086_18609	17086	18609	+	Prolyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.15)	
938	3426	NEOS13_0922	peg	3426_19148_18831	19148	18831	-	hypothetical protein	
939	3426	NEOS13_0923	peg	3426_19359_19709	19359	19709	+	hypothetical protein	
940	3426	NEOS13_0924	peg	3426_20606_19683	20606	19683	-	Integral membrane protein TerC	
941	3426	NEOS13_0925	peg	3426_20649_20771	20649	20771	+	hypothetical protein	
942	3426	NEOS13_0926	peg	3426_21068_24619	21068	24619	+	Chromosome partition protein smc	
943	3427	NEOS13_0927	peg	3427_18_1205	18	1205	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
944	3428	NEOS13_0928	peg	3428_148_291	148	291	+	hypothetical protein	
945	3428	NEOS13_0929	peg	3428_545_333	545	333	-	hypothetical protein	
946	3428	NEOS13_0930	peg	3428_1645_3864	1645	3864	+	hypothetical protein	
947	3428	NEOS13_0931	peg	3428_4753_5727	4753	5727	+	hypothetical protein	
948	3428	NEOS13_0932	peg	3428_8314_5918	8314	5918	-	Xylulose-5-phosphate phosphoketolase (EC 4.1.2.9); Fructose-6-phosphate phosphoketolase (EC 4.1.2.22)	
949	3428	NEOS13_0933	peg	3428_9914_8889	9914	8889	-	Porphobilinogen synthase (EC 4.2.1.24)	
950	3428	NEOS13_0934	peg	3428_10450_10301	10450	10301	-	hypothetical protein	
951	3428	NEOS13_0935	peg	3428_10683_11282	10683	11282	+	Putative two-domain glycosyltransferase	
952	3428	NEOS13_0936	peg	3428_12776_11568	12776	11568	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
953	3428	NEOS13_0937	peg	3428_13166_13008	13166	13008	-	hypothetical protein	
954	3428	NEOS13_0938	peg	3428_13344_14963	13344	14963	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
955	3428	NEOS13_0939	peg	3428_15259_15116	15259	15116	-	hypothetical protein	
956	3429	NEOS13_0940	peg	3429_139_279	139	279	+	hypothetical protein	
957	3429	NEOS13_0941	peg	3429_1195_503	1195	503	-	hypothetical protein	
958	3429	NEOS13_0942	peg	3429_2503_1232	2503	1232	-	hypothetical protein	
959	3429	NEOS13_0943	peg	3429_3731_2658	3731	2658	-	hypothetical protein	
960	3429	NEOS13_0944	peg	3429_3964_3827	3964	3827	-	hypothetical protein	
961	3429	NEOS13_0945	peg	3429_4086_4286	4086	4286	+	hypothetical protein	
962	3429	NEOS13_0946	peg	3429_4570_4337	4570	4337	-	hypothetical protein	
963	3429	NEOS13_0947	peg	3429_4826_5080	4826	5080	+	Mobile element protein	
964	3429	NEOS13_0948	peg	3429_5184_5038	5184	5038	-	hypothetical protein	
965	3429	NEOS13_0949	peg	3429_5347_5895	5347	5895	+	hypothetical protein	
966	3429	NEOS13_0950	peg	3429_6041_6385	6041	6385	+	transposase family protein	Transposase
967	3429	NEOS13_0951	peg	3429_6460_6744	6460	6744	+	Mobile element protein	
968	3429	NEOS13_0952	peg	3429_6800_6991	6800	6991	+	Integrase, catalytic region	
969	3429	NEOS13_0953	peg	3429_6997_7170	6997	7170	+	hypothetical protein	
970	3430	NEOS13_0954	peg	3430_130_1092	130	1092	+	hypothetical protein	
971	3430	NEOS13_0955	peg	3430_1651_1812	1651	1812	+	hypothetical protein	
972	3431	NEOS13_0956	peg	3431_973_815	973	815	-	hypothetical protein	
973	3431	NEOS13_0957	peg	3431_1620_1165	1620	1165	-	Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)	
974	3431	NEOS13_0958	peg	3431_1678_1535	1678	1535	-	hypothetical protein	
975	3431	NEOS13_0959	peg	3431_2065_2565	2065	2565	+	hypothetical protein	
976	3431	NEOS13_0960	peg	3431_3068_2646	3068	2646	-	LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH	
977	3431	NEOS13_0961	peg	3431_3571_3116	3571	3116	-	tmRNA-binding protein SmpB	
978	3431	NEOS13_0962	peg	3431_3794_4930	3794	4930	+	DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)	
979	3431	NEOS13_0963	peg	3431_4952_5986	4952	5986	+	DNA recombination and repair protein RecF	

980	3431	NEOS13_0964	peg	3431_7346_6015	7346	6015	-	hypothetical protein	
981	3431	NEOS13_0965	peg	3431_7496_7618	7496	7618	+	hypothetical protein	
982	3431	NEOS13_0966	peg	3431_7644_7871	7644	7871	+	hypothetical protein	
983	3431	NEOS13_0967	peg	3431_8913_7861	8913	7861	-	Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE	
984	3431	NEOS13_0968	peg	3431_9825_8935	9825	8935	-	Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methyltetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)	
985	3431	NEOS13_0969	peg	3431_9988_9869	9988	9869	-	hypothetical protein	
986	3431	NEOS13_0970	peg	3431_10640_11188	10640	11188	+	hypothetical protein	
987	3431	NEOS13_0971	peg	3431_12996_11713	12996	11713	-	hypothetical protein	
988	3431	NEOS13_0972	peg	3431_13336_12959	13336	12959	-	Ferredoxin, 2Fe-2S	
989	3431	NEOS13_0973	peg	3431_13841_13338	13841	13338	-	hypothetical protein	
990	3431	NEOS13_0974	peg	3431_14714_14007	14714	14007	-	Undecaprenyl-phosphate galactosephosphotransferase (EC 2.7.8.6)	
991	3431	NEOS13_0975	peg	3431_16258_15383	16258	15383	-	Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltranstransferase (farnesylidiphosphate synthase) (EC 2.5.1.10) / Geranylgeranyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.29)	
992	3431	NEOS13_0976	peg	3431_17667_16309	17667	16309	-	UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)	
993	3431	NEOS13_0977	peg	3431_19936_17750	19936	17750	-	hypothetical protein	
994	3431	NEOS13_0978	peg	3431_22044_20335	22044	20335	-	hypothetical protein	
995	3431	NEOS13_0979	peg	3431_22618_22034	22618	22034	-	Septum formation protein Maf	
996	3431	NEOS13_0980	peg	3431_22964_22644	22964	22644	-	hypothetical protein	
997	3431	NEOS13_0981	peg	3431_24868_23234	24868	23234	-	hypothetical protein	Outer_membrane_protein
998	3431	NEOS13_0982	peg	3431_25662_25495	25662	25495	-	hypothetical protein	
999	3431	NEOS13_0983	peg	3431_26977_26126	26977	26126	-	NAD kinase (EC 2.7.1.23)	
1000	3431	NEOS13_0984	peg	3431_28888_26987	28888	26987	-	1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)	
1001	3431	NEOS13_0985	peg	3431_29159_28908	29159	28908	-	Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)	
1002	3431	NEOS13_0986	peg	3431_30507_29152	30507	29152	-	Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)	
1003	3431	NEOS13_0987	peg	3431_30879_30754	30879	30754	-	hypothetical protein	
1004	3431	NEOS13_0988	peg	3431_30851_31642	30851	31642	+	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)	Glycolysis_Gluco-genesis
1005	3431	NEOS13_0989	peg	3431_31639_31935	31639	31935	+	Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)	
1006	3431	NEOS13_0990	peg	3431_32431_31982	32431	31982	-	hypothetical protein	
1007	3431	NEOS13_0991	peg	3431_33251_32715	33251	32715	-	Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)	
1008	3431	NEOS13_0992	peg	3431_33620_33787	33620	33787	+	hypothetical protein	
1009	3431	NEOS13_0993	peg	3431_34233_34096	34233	34096	-	hypothetical protein	
1010	3431	NEOS13_0994	peg	3431_34357_34482	34357	34482	+	hypothetical protein	
1011	3431	NEOS13_0995	peg	3431_34504_34881	34504	34881	+	hypothetical protein	
1012	3431	NEOS13_0996	peg	3431_34944_35222	34944	35222	+	hypothetical protein	
1013	3431	NEOS13_0997	peg	3431_35661_35783	35661	35783	+	hypothetical protein	
1014	3431	NEOS13_0998	peg	3431_36247_39489	36247	39489	+	hypothetical protein	
1015	3431	NEOS13_0999	peg	3431_41026_39677	41026	39677	-	Magnesium and cobalt efflux protein CorC	
1016	3431	NEOS13_1000	peg	3431_41566_41045	41566	41045	-	Metal-dependent hydrolase YbeY, involved in rRNA and/or ribosome maturation and assembly	
1017	3431	NEOS13_1001	peg	3431_41787_41629	41787	41629	-	hypothetical protein	
1018	3431	NEOS13_1002	peg	3431_41976_41803	41976	41803	-	hypothetical protein	
1019	3431	NEOS13_1003	peg	3431_42166_43650	42166	43650	+	hypothetical protein	
1020	3431	NEOS13_1004	peg	3431_43822_43706	43822	43706	-	hypothetical protein	
1021	3431	NEOS13_1005	peg	3431_44077_43949	44077	43949	-	hypothetical protein	
1022	3431	NEOS13_1006	peg	3431_44318_44178	44318	44178	-	hypothetical protein	
1023	3431	NEOS13_1007	peg	3431_44477_44914	44477	44914	+	Mobile element protein	
1024	3432	NEOS13_1008	peg	3432_258_398	258	398	+	hypothetical protein	
1025	3432	NEOS13_1009	peg	3432_499_627	499	627	+	hypothetical protein	
1026	3432	NEOS13_1010	peg	3432_754_870	754	870	+	hypothetical protein	
1027	3432	NEOS13_1011	peg	3432_2410_926	2410	926	-	hypothetical protein	
1028	3432	NEOS13_1012	peg	3432_2600_2773	2600	2773	+	hypothetical protein	
1029	3432	NEOS13_1013	peg	3432_2789_2947	2789	2947	+	hypothetical protein	
1030	3432	NEOS13_1014	peg	3432_3010_3531	3010	3531	+	Metal-dependent hydrolase YbeY, involved in rRNA and/or ribosome maturation and assembly	
1031	3432	NEOS13_1015	peg	3432_3550_4899	3550	4899	+	Magnesium and cobalt efflux protein CorC	
1032	3432	NEOS13_1016	peg	3432_8329_5087	8329	5087	-	hypothetical protein	
1033	3432	NEOS13_1017	peg	3432_8915_8793	8915	8793	-	hypothetical protein	
1034	3432	NEOS13_1018	peg	3432_9632_9354	9632	9354	-	hypothetical protein	
1035	3432	NEOS13_1019	peg	3432_10072_9695	10072	9695	-	hypothetical protein	
1036	3432	NEOS13_1020	peg	3432_10219_10094	10219	10094	-	hypothetical protein	
1037	3432	NEOS13_1021	peg	3432_10343_10480	10343	10480	+	hypothetical protein	
1038	3432	NEOS13_1022	peg	3432_10956_10789	10956	10789	-	hypothetical protein	
1039	3432	NEOS13_1023	peg	3432_11325_11861	11325	11861	+	Peptide deformylase (EC 3.5.1.88)	
1040	3432	NEOS13_1024	peg	3432_12145_12594	12145	12594	+	hypothetical protein	
1041	3432	NEOS13_1025	peg	3432_12937_12641	12937	12641	-	Preprotein translocase subunit SecG (TC 3.A.5.1.1)	
1042	3432	NEOS13_1026	peg	3432_13725_12934	13725	12934	-	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1)	Glycolysis_Gluco-genesis
1043	3432	NEOS13_1027	peg	3432_13697_13822	13697	13822	+	hypothetical protein	
1044	3432	NEOS13_1028	peg	3432_14069_15424	14069	15424	+	Exodeoxyribonuclease VII large subunit (EC 3.1.11.6)	

1045	3432	NEOS13_1029	peg	3432_15417_15668	15417	15668	+	Exodeoxyribonuclease VII small subunit (EC 3.1.11.6)	
1046	3432	NEOS13_1030	peg	3432_15688_17589	15688	17589	+	1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate synthase (EC 2.2.1.7)	
1047	3432	NEOS13_1031	peg	3432_17599_18450	17599	18450	+	NAD kinase (EC 2.7.1.23)	
1048	3432	NEOS13_1032	peg	3432_18914_19081	18914	19081	+	hypothetical protein	
1049	3432	NEOS13_1033	peg	3432_19708_21342	19708	21342	+	hypothetical protein	Outer_membrane_protein
1050	3432	NEOS13_1034	peg	3432_21612_21932	21612	21932	+	hypothetical protein	
1051	3432	NEOS13_1035	peg	3432_21958_22542	21958	22542	+	Septum formation protein Maf	
1052	3432	NEOS13_1036	peg	3432_22532_24241	22532	24241	+	hypothetical protein	
1053	3432	NEOS13_1037	peg	3432_24640_26826	24640	26826	+	hypothetical protein	
1054	3432	NEOS13_1038	peg	3432_26909_28267	26909	28267	+	UDP-glucose dehydrogenase (EC 1.1.1.22)	
1055	3432	NEOS13_1039	peg	3432_28318_29193	28318	29193	+	Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltransferase (farnesyl-diphosphate synthase) (EC 2.5.1.10) / Geranylgeranyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.29)	
1056	3432	NEOS13_1040	peg	3432_29862_30569	29862	30569	+	Undecaprenyl-phosphate galactosephosphotransferase (EC 2.7.8.6)	
1057	3432	NEOS13_1041	peg	3432_30735_31238	30735	31238	+	hypothetical protein	
1058	3432	NEOS13_1042	peg	3432_31240_31617	31240	31617	+	Ferredoxin, 2Fe-2S	
1059	3432	NEOS13_1043	peg	3432_31580_32863	31580	32863	+	ATPase, AAA family protein	
1060	3432	NEOS13_1044	peg	3432_33936_33388	33936	33388	-	hypothetical protein	
1061	3432	NEOS13_1045	peg	3432_34588_34707	34588	34707	+	hypothetical protein	
1062	3432	NEOS13_1046	peg	3432_34751_35641	34751	35641	+	Methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+) (EC 1.5.1.5) / Methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase (EC 3.5.4.9)	
1063	3432	NEOS13_1047	peg	3432_35663_36715	35663	36715	+	Thiamin biosynthesis lipoprotein ApbE	
1064	3432	NEOS13_1048	peg	3432_36932_36705	36932	36705	-	hypothetical protein	
1065	3432	NEOS13_1049	peg	3432_37080_36958	37080	36958	-	hypothetical protein	
1066	3432	NEOS13_1050	peg	3432_37230_38561	37230	38561	+	hypothetical protein	
1067	3432	NEOS13_1051	peg	3432_39624_38590	39624	38590	-	DNA recombination and repair protein RecF	
1068	3432	NEOS13_1052	peg	3432_40782_39646	40782	39646	-	DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)	
1069	3432	NEOS13_1053	peg	3432_41005_41460	41005	41460	+	tmRNA-binding protein SmpB	
1070	3432	NEOS13_1054	peg	3432_41508_41930	41508	41930	+	LSU m3Psi1915 methyltransferase RlmH	
1071	3432	NEOS13_1055	peg	3432_42511_42011	42511	42011	-	hypothetical protein	
1072	3432	NEOS13_1056	peg	3432_42898_43041	42898	43041	+	hypothetical protein	
1073	3432	NEOS13_1057	peg	3432_42956_43411	42956	43411	+	Holo-[acyl-carrier protein] synthase (EC 2.7.8.7)	
1074	3432	NEOS13_1058	peg	3432_43603_43761	43603	43761	+	hypothetical protein	
1075	3433	NEOS13_1059	peg	3433_638_78	638	78	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1076	3434	NEOS13_1060	peg	3434_1458_1273	1458	1273	-	hypothetical protein	
1077	3435	NEOS13_1061	peg	3435_1331_138	1331	138	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1078	3436	NEOS13_1062	peg	3436_1838_138	1838	138	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1079	3436	NEOS13_1063	peg	3436_3384_2326	3384	2326	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1080	3437	NEOS13_1064	peg	3437_1215_952	1215	952	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1081	3438	NEOS13_1065	peg	3438_2374_1025	2374	1025	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1082	3439	NEOS13_1066	peg	3439_193_327	193	327	+	hypothetical protein	
1083	3439	NEOS13_1067	peg	3439_561_448	561	448	-	hypothetical protein	
1084	3439	NEOS13_1068	peg	3439_908_735	908	735	-	Mobile element protein	
1085	3439	NEOS13_1069	peg	3439_1381_944	1381	944	-	Mobile element protein	
1086	3440	NEOS13_1070	peg	3440_229_438	229	438	+	hypothetical protein	
1087	3440	NEOS13_1071	peg	3440_539_748	539	748	+	hypothetical protein	
1088	3440	NEOS13_1072	peg	3440_2540_1467	2540	1467	-	dTDP-glucose 4,6-dehydratase (EC 4.2.1.46)	
1089	3440	NEOS13_1073	peg	3440_3430_2537	3430	2537	-	Glucose-1-phosphate thymidyltransferase (EC 2.7.7.24)	
1090	3440	NEOS13_1074	peg	3440_3728_5374	3728	5374	+	Thymidylate synthase thyX (EC 2.1.1.-)	
1091	3440	NEOS13_1075	peg	3440_5850_7067	5850	7067	+	Tyrosine-specific transport protein	
1092	3440	NEOS13_1076	peg	3440_7152_8309	7152	8309	+	Tyrosine-specific transport protein	
1093	3440	NEOS13_1077	peg	3440_8322_9404	8322	9404	+	Tryptophanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.2)	
1094	3440	NEOS13_1078	peg	3440_9972_9850	9972	9850	-	hypothetical protein	
1095	3440	NEOS13_1079	peg	3440_10027_12021	10027	12021	+	Excinuclease ABC subunit B	ABC transporter
1096	3440	NEOS13_1080	peg	3440_12632_12841	12632	12841	+	conserved hypothetical protein	
1097	3440	NEOS13_1081	peg	3440_13343_14686	13343	14686	+	Mobile element protein	
1098	3441	NEOS13_1082	peg	3441_6326_609	6326	609	-	hypothetical protein	
1099	3441	NEOS13_1083	peg	3441_7079_9841	7079	9841	+	hypothetical protein	
1100	3441	NEOS13_1084	peg	3441_13004_10488	13004	10488	-	Leucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.4)	
1101	3441	NEOS13_1085	peg	3441_13061_15373	13061	15373	+	3'-to-5' exoribonuclease RNase R	
1102	3441	NEOS13_1086	peg	3441_15373_15957	15373	15957	+	DNA-3-methyladenine glycosylase II (EC 3.2.2.21)	
1103	3441	NEOS13_1087	peg	3441_16069_16740	16069	16740	+	hypothetical protein	
1104	3441	NEOS13_1088	peg	3441_16737_17396	16737	17396	+	hypothetical protein	
1105	3441	NEOS13_1089	peg	3441_17383_17811	17383	17811	+	hypothetical protein	
1106	3441	NEOS13_1090	peg	3441_18119_17874	18119	17874	-	hypothetical protein	
1107	3441	NEOS13_1091	peg	3441_19404_19285	19404	19285	-	hypothetical protein	
1108	3441	NEOS13_1092	peg	3441_19740_20267	19740	20267	+	putative NADH-ubiquinone oxidoreductase chain C/D	Oxidative_Phosphorylation
1109	3441	NEOS13_1093	peg	3441_20949_20458	20949	20458	-	transposase	Transposase

1110	3441	NEOS13_1094	peg	3441_21356_21060	21356	21060	-	Transposase	Transposase
1111	3441	NEOS13_1095	peg	3441_21532_22947	21532	22947	+	hypothetical protein	
1112	3441	NEOS13_1096	peg	3441_23273_23157	23273	23157	-	hypothetical protein	
1113	3441	NEOS13_1097	peg	3441_23603_23469	23603	23469	-	hypothetical protein	
1114	3441	NEOS13_1098	peg	3441_25637_24063	25637	24063	-	peptidase C26	
1115	3441	NEOS13_1099	peg	3441_26836_26096	26836	26096	-	hypothetical protein	
1116	3441	NEOS13_1100	peg	3441_28547_28684	28547	28684	+	hypothetical protein	
1117	3441	NEOS13_1101	peg	3441_28881_29108	28881	29108	+	hypothetical protein	
1118	3441	NEOS13_1102	peg	3441_29120_29422	29120	29422	+	hypothetical protein	
1119	3441	NEOS13_1103	peg	3441_29878_30054	29878	30054	+	hypothetical protein	
1120	3441	NEOS13_0017m a	rna	3441_30549_30478	30549	30478	-	tRNA-Asn-GTT	RNA
1121	3441	NEOS13_1104	peg	3441_32252_30627	32252	30627	-	Heat shock protein 60 family chaperone GroEL	
1122	3441	NEOS13_1105	peg	3441_32603_32277	32603	32277	-	Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES	
1123	3441	NEOS13_1106	peg	3441_34571_32727	34571	32727	-	Oligoendopeptidase F	
1124	3441	NEOS13_1107	peg	3441_37211_35562	37211	35562	-	hypothetical protein	
1125	3441	NEOS13_1108	peg	3441_37510_37397	37510	37397	-	hypothetical protein	
1126	3441	NEOS13_1109	peg	3441_39363_37786	39363	37786	-	hypothetical protein	
1127	3441	NEOS13_1110	peg	3441_39661_39476	39661	39476	-	hypothetical protein	
1128	3441	NEOS13_1111	peg	3441_40305_40421	40305	40421	+	hypothetical protein	
1129	3441	NEOS13_1112	peg	3441_40850_40434	40850	40434	-	FIG00494004: hypothetical protein	
1130	3441	NEOS13_1113	peg	3441_41785_41078	41785	41078	-	Ribose 5-phosphate isomerase A (EC 5.3.1.6)	Pentose_phosphate_pathway
1131	3441	NEOS13_1114	peg	3441_41827_42582	41827	42582	+	FIG137478: Hypothetical protein Ybgl	
1132	3441	NEOS13_1115	peg	3441_42780_42896	42780	42896	+	hypothetical protein	
1133	3441	NEOS13_1116	peg	3441_43183_44457	43183	44457	+	Tyrosyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.1)	
1134	3441	NEOS13_1117	peg	3441_44690_45007	44690	45007	+	Integration host factor alpha/beta	
1135	3441	NEOS13_1118	peg	3441_45296_46381	45296	46381	+	FIG00899523: hypothetical protein	
1136	3441	NEOS13_1119	peg	3441_46458_47417	46458	47417	+	Acetyl-coenzyme A carboxyl transferase alpha chain (EC 6.4.1.2)	Fatty_acid_initiation_elongation
1137	3441	NEOS13_1120	peg	3441_47610_49529	47610	49529	+	Lipid A export ATP-binding/permease protein MsbA (EC 3.6.3.25)	
1138	3441	NEOS13_1121	peg	3441_49510_50226	49510	50226	+	Queuosine Biosynthesis QueC ATPase	
1139	3441	NEOS13_1122	peg	3441_50819_50535	50819	50535	-	hypothetical protein	
1140	3441	NEOS13_1123	peg	3441_51381_51004	51381	51004	-	hypothetical protein	
1141	3441	NEOS13_1124	peg	3441_52146_54074	52146	54074	+	hypothetical protein	
1142	3441	NEOS13_1125	peg	3441_55295_55170	55295	55170	-	hypothetical protein	
1143	3441	NEOS13_1126	peg	3441_55257_55379	55257	55379	+	hypothetical protein	
1144	3441	NEOS13_1127	peg	3441_55857_55354	55857	55354	-	Mobile element protein	
1145	3441	NEOS13_1128	peg	3441_56911_56090	56911	56090	-	Nucleoside-diphosphate-sugar epimerases	
1146	3441	NEOS13_1129	peg	3441_57618_56926	57618	56926	-	DNA polymerase III epsilon subunit (EC 2.7.7.7)	
1147	3441	NEOS13_1130	peg	3441_58371_57901	58371	57901	-	hypothetical protein	
1148	3441	NEOS13_1131	peg	3441_58565_58389	58565	58389	-	hypothetical protein	
1149	3441	NEOS13_1132	peg	3441_59470_58844	59470	58844	-	hypothetical protein	
1150	3441	NEOS13_1133	peg	3441_59533_60213	59533	60213	+	hypothetical protein	
1151	3441	NEOS13_1134	peg	3441_60215_60985	60215	60985	+	hypothetical protein	
1152	3441	NEOS13_1135	peg	3441_60992_63220	60992	63220	+	Helicase PriA essential for oriC/DnaA-independent DNA replication	
1153	3441	NEOS13_1136	peg	3441_64419_63313	64419	63313	-	hypothetical protein	
1154	3441	NEOS13_1137	peg	3441_65228_66718	65228	66718	+	Ribosomal protein S12p Asp88 (E. coli) methylthiotransferase	
1155	3441	NEOS13_1138	peg	3441_67216_68835	67216	68835	+	Lysyl-tRNA synthetase (class II) (EC 6.1.1.6)	
1156	3441	NEOS13_1139	peg	3441_69064_68948	69064	68948	-	hypothetical protein	
1157	3441	NEOS13_1140	peg	3441_69311_75283	69311	75283	+	hypothetical protein	
1158	3441	NEOS13_1141	peg	3441_75917_75666	75917	75666	-	hypothetical protein	
1159	3441	NEOS13_1142	peg	3441_77373_75925	77373	75925	-	Cysteinyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.16)	
1160	3441	NEOS13_1143	peg	3441_80195_77463	80195	77463	-	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase (EC 6.2.1.3)	
1161	3441	NEOS13_1144	peg	3441_80687_81232	80687	81232	+	Substrate-specific component BioY of biotin ECF transporter	
1162	3441	NEOS13_1145	peg	3441_82836_81661	82836	81661	-	hypothetical protein	
1163	3441	NEOS13_1146	peg	3441_84146_83529	84146	83529	-	OmpA/MotB domain protein	Outer_membrane_protein
1164	3441	NEOS13_1147	peg	3441_84544_84750	84544	84750	+	hypothetical protein	
1165	3441	NEOS13_1148	peg	3441_86209_85613	86209	85613	-	NADPH:quinone oxidoreductase	
1166	3441	NEOS13_1149	peg	3441_86877_86320	86877	86320	-	hypothetical protein	
1167	3441	NEOS13_1150	peg	3441_86839_87018	86839	87018	+	hypothetical protein	
1168	3441	NEOS13_1151	peg	3441_87470_87676	87470	87676	+	hypothetical protein	
1169	3441	NEOS13_1152	peg	3441_87922_88434	87922	88434	+	hypothetical protein	
1170	3441	NEOS13_1153	peg	3441_89427_88903	89427	88903	-	hypothetical protein	
1171	3444	NEOS13_1154	peg	3444_2126_780	2126	780	-	hypothetical protein	
1172	3444	NEOS13_1155	peg	3444_3910_2123	3910	2123	-	Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP] (EC 4.1.1.32)	TCA
1173	3444	NEOS13_1156	peg	3444_5299_4208	5299	4208	-	Rod shape-determining protein MreB	
1174	3444	NEOS13_1157	peg	3444_8804_5319	8804	5319	-	FIG00899436: hypothetical protein	
1175	3444	NEOS13_0018m a	rna	3444_9592_9663	9592	9663	+	tRNA-Gly-GCC	RNA
1176	3444	NEOS13_0019m a	rna	3444_9697_9768	9697	9768	+	tRNA-Gly-GCC	RNA
1177	3444	NEOS13_1158	peg	3444_9881_11215	9881	11215	+	Cell division trigger factor (EC 5.2.1.8)	
1178	3444	NEOS13_1159	peg	3444_11279_11884	11279	11884	+	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)	

1179	3444	NEOS13_1160	peg	3444_11902_13158	11902	13158	+	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpX	
1180	3444	NEOS13_1161	peg	3444_13283_14203	13283	14203	+	COG0454: Histone acetyltransferase HPA2 and related acetyltransferases	
1181	3444	NEOS13_1162	peg	3444_14311_14442	14311	14442	+	hypothetical protein	
1182	3444	NEOS13_1163	peg	3444_14785_14663	14785	14663	-	hypothetical protein	
1183	3444	NEOS13_1164	peg	3444_14875_17622	14875	17622	+	hypothetical protein	
1184	3444	NEOS13_1165	peg	3444_17802_19136	17802	19136	+	hypothetical protein	
1185	3444	NEOS13_1166	peg	3444_19280_20608	19280	20608	+	hypothetical protein	
1186	3444	NEOS13_1167	peg	3444_20640_21194	20640	21194	+	putative low calcium response protein H	T3ST1
1187	3444	NEOS13_1168	peg	3444_21353_21979	21353	21979	+	putative low calcium response protein H	T3ST1
1188	3444	NEOS13_1169	peg	3444_21983_22669	21983	22669	+	hypothetical protein	T3ST1
1189	3444	NEOS13_1170	peg	3444_22666_23628	22666	23628	+	hypothetical protein	
1190	3444	NEOS13_1171	peg	3444_23674_24909	23674	24909	+	hypothetical protein	
1191	3444	NEOS13_1172	peg	3444_24954_25130	24954	25130	+	hypothetical protein	
1192	3444	NEOS13_1173	peg	3444_25203_27680	25203	27680	+	hypothetical protein	
1193	3445	NEOS13_1174	peg	3445_1274_1714	1274	1714	+	hypothetical protein	
1194	3445	NEOS13_1175	peg	3445_1931_2359	1931	2359	+	hypothetical protein	
1195	3445	NEOS13_1176	peg	3445_2377_2496	2377	2496	+	hypothetical protein	
1196	3445	NEOS13_1177	peg	3445_2579_5308	2579	5308	+	hypothetical protein	
1197	3446	NEOS13_1178	peg	3446_770_594	770	594	-	hypothetical protein	
1198	3446	NEOS13_1179	peg	3446_886_1029	886	1029	+	hypothetical protein	
1199	3447	NEOS13_1180	peg	3447_89_343	89	343	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1200	3447	NEOS13_1181	peg	3447_931_2757	931	2757	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1201	3448	NEOS13_1182	peg	3448_2417_693	2417	693	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1202	3450	NEOS13_1183	peg	3450_40_687	40	687	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1203	3450	NEOS13_1184	peg	3450_899_3346	899	3346	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1204	3450	NEOS13_1185	peg	3450_3629_3949	3629	3949	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1205	3450	NEOS13_1186	peg	3450_4005_4907	4005	4907	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1206	3450	NEOS13_1187	peg	3450_5126_4941	5126	4941	-	hypothetical protein	
1207	3450	NEOS13_1188	peg	3450_5967_5107	5967	5107	-	hypothetical protein	
1208	3450	NEOS13_1189	peg	3450_6920_5967	6920	5967	-	Thioredoxin reductase (EC 1.8.1.9)	
1209	3450	NEOS13_1190	peg	3450_7193_7459	7193	7459	+	hypothetical protein	
1210	3450	NEOS13_1191	peg	3450_8365_7577	8365	7577	-	hypothetical protein	
1211	3450	NEOS13_1192	peg	3450_9988_8396	9988	8396	-	hypothetical protein	
1212	3450	NEOS13_1193	peg	3450_10700_12955	10700	12955	+	putative bumetanide-sensitive Na-K-Cl	
1213	3450	NEOS13_1194	peg	3450_13179_14678	13179	14678	+	Proline/sodium symporter PutP (TC 2.A.21.2.1) @ Propionate/sodium symporter	
1214	3450	NEOS13_1195	peg	3450_18459_14989	18459	14989	-	hypothetical protein	
1215	3450	NEOS13_1196	peg	3450_18647_18841	18647	18841	+	hypothetical protein	
1216	3450	NEOS13_1197	peg	3450_20047_19808	20047	19808	-	Acyl carrier protein	
1217	3450	NEOS13_1198	peg	3450_20870_20130	20870	20130	-	3-oxoacyl-[acyl-carrier protein] reductase (EC 1.1.1.100)	Fatty_acid_initiation_elongation
1218	3450	NEOS13_1199	peg	3450_21823_20882	21823	20882	-	Malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase (EC 2.3.1.39)	
1219	3450	NEOS13_1200	peg	3450_22862_21846	22862	21846	-	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase, KASIII (EC 2.3.1.41)	Fatty_acid_initiation_elongation
1220	3450	NEOS13_1201	peg	3450_23236_23832	23236	23832	+	Recombination protein RecR	
1221	3450	NEOS13_1202	peg	3450_23932_26340	23932	26340	+	Outer membrane protein assembly factor YaeT precursor	
1222	3450	NEOS13_1203	peg	3450_26368_26964	26368	26964	+	Outer membrane protein H precursor	
1223	3450	NEOS13_1204	peg	3450_26982_28040	26982	28040	+	UDP-3-O-[3-hydroxymristoyl] glucosamine N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)	
1224	3450	NEOS13_1205	peg	3450_30421_28346	30421	28346	-	hypothetical protein	
1225	3450	NEOS13_1206	peg	3450_30577_30437	30577	30437	-	hypothetical protein	
1226	3452	NEOS13_1207	peg	3452_542_721	542	721	+	hypothetical protein	
1227	3452	NEOS13_1208	peg	3452_1730_1599	1730	1599	-	hypothetical protein	
1228	3452	NEOS13_1209	peg	3452_2345_2962	2345	2962	+	hypothetical protein	
1229	3452	NEOS13_1210	peg	3452_3909_3010	3909	3010	-	Octaprenyl-diphosphate synthase (EC 2.5.1.-) / Dimethylallyltransferase (EC 2.5.1.1) / Geranyltransferase (farnesyl) diphosphate synthase (EC 2.5.1.10) / Geranylgeranyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.29)	
1230	3452	NEOS13_1211	peg	3452_4552_3959	4552	3959	-	Glucosamine-1-phosphate N-acetyltransferase (EC 2.3.1.157)	
1231	3452	NEOS13_1212	peg	3452_4929_5111	4929	5111	+	hypothetical protein	
1232	3452	NEOS13_1213	peg	3452_5209_6333	5209	6333	+	putative 23S rRNA (Uracil-5-)-methyltransferase	
1233	3452	NEOS13_1214	peg	3452_6476_6357	6476	6357	-	hypothetical protein	
1234	3452	NEOS13_0020ma	rna	3452_7029_6955	7029	6955	-	tRNA-Pro-GGG	RNA
1235	3452	NEOS13_1215	peg	3452_7295_7041	7295	7041	-	hypothetical protein	
1236	3452	NEOS13_1216	peg	3452_7424_7305	7424	7305	-	hypothetical protein	
1237	3452	NEOS13_1217	peg	3452_7502_8191	7502	8191	+	Uracil-DNA glycosylase, family 1	
1238	3452	NEOS13_1218	peg	3452_8201_8341	8201	8341	+	hypothetical protein	
1239	3452	NEOS13_1219	peg	3452_8533_8931	8533	8931	+	hypothetical protein	
1240	3452	NEOS13_1220	peg	3452_8996_10159	8996	10159	+	hypothetical protein	
1241	3452	NEOS13_1221	peg	3452_10296_10454	10296	10454	+	hypothetical protein	
1242	3452	NEOS13_1222	peg	3452_11083_10817	11083	10817	-	Mobile element protein	
1243	3452	NEOS13_1223	peg	3452_12274_11654	12274	11654	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1244	3453	NEOS13_1224	peg	3453_232_1557	232	1557	+	hypothetical protein	
1245	3453	NEOS13_1225	peg	3453_1723_1893	1723	1893	+	Mobile element protein	
1246	3453	NEOS13_1226	peg	3453_2135_2275	2135	2275	+	Mobile element protein	

1247	3453	NEOS13_1227	peg	3453_2611_2775	2611	2775	+	Integrase, catalytic region	
1248	3453	NEOS13_1228	peg	3453_3053_6259	3053	6259	+	hypothetical protein	
1249	3453	NEOS13_1229	peg	3453_6730_8781	6730	8781	+	hypothetical protein	
1250	3453	NEOS13_1230	peg	3453_9241_9128	9241	9128	-	hypothetical protein	
1251	3453	NEOS13_1231	peg	3453_9505_9389	9505	9389	-	hypothetical protein	
1252	3453	NEOS13_1232	peg	3453_9603_10487	9603	10487	+	hypothetical protein	
1253	3453	NEOS13_1233	peg	3453_10451_11071	10451	11071	+	putative ATP/GTP-binding protein	
1254	3453	NEOS13_1234	peg	3453_11209_12297	11209	12297	+	hypothetical protein	
1255	3453	NEOS13_1235	peg	3453_12768_13979	12768	13979	+	hypothetical protein	
1256	3453	NEOS13_1236	peg	3453_14231_14106	14231	14106	-	hypothetical protein	
1257	3453	NEOS13_1237	peg	3453_14305_17160	14305	17160	+	hypothetical protein	
1258	3453	NEOS13_1238	peg	3453_17581_17447	17581	17447	-	hypothetical protein	
1259	3453	NEOS13_1239	peg	3453_19881_18007	19881	18007	-	hypothetical protein	
1260	3453	NEOS13_1240	peg	3453_20456_20001	20456	20001	-	hypothetical protein	
1261	3453	NEOS13_1241	peg	3453_20765_20574	20765	20574	-	hypothetical protein	
1262	3453	NEOS13_1242	peg	3453_20867_21607	20867	21607	+	putative signal peptide	
1263	3453	NEOS13_1243	peg	3453_22194_22078	22194	22078	-	hypothetical protein	
1264	3453	NEOS13_1244	peg	3453_22312_22196	22312	22196	-	hypothetical protein	
1265	3454	NEOS13_1245	peg	3454_1036_344	1036	344	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1266	3455	NEOS13_1246	peg	3455_170_1057	170	1057	+	hypothetical protein	
1267	3455	NEOS13_1247	peg	3455_1359_1123	1359	1123	-	Mobile element protein	
1268	3456	NEOS13_1248	peg	3456_170_1057	170	1057	+	transposase	Transposase
1269	3457	NEOS13_1249	peg	3457_1339_344	1339	344	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1270	3458	NEOS13_1250	peg	3458_42_1367	42	1367	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1271	3459	NEOS13_1251	peg	3459_52_918	52	918	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1272	3460	NEOS13_1252	peg	3460_429_295	429	295	-	hypothetical protein	
1273	3460	NEOS13_1253	peg	3460_1303_626	1303	626	-	Cytidylylase (EC 2.7.4.14)	
1274	3460	NEOS13_1254	peg	3460_2182_1328	2182	1328	-	Phosphatidate cytidylyltransferase (EC 2.7.7.41)	
1275	3460	NEOS13_1255	peg	3460_2937_2179	2937	2179	-	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase (EC 2.5.1.31)	
1276	3460	NEOS13_1256	peg	3460_4266_2947	4266	2947	-	Adenylosuccinate synthetase (EC 6.3.4.4)	
1277	3460	NEOS13_1257	peg	3460_6098_4290	6098	4290	-	Translation elongation factor LepA	
1278	3460	NEOS13_1258	peg	3460_6926_6291	6926	6291	-	Thiamin pyrophosphokinase (EC 2.7.6.2)	
1279	3460	NEOS13_0021ma	rna	3460_7043_6960	7043	6960	-	tRNA-Leu-CAG	RNA
1280	3460	NEOS13_1259	peg	3460_7709_7098	7709	7098	-	hypothetical protein	
1281	3460	NEOS13_1260	peg	3460_7877_9028	7877	9028	+	Sulfite reductase [NADPH] flavoprotein alpha-component (EC 1.8.1.2)	
1282	3460	NEOS13_1261	peg	3460_9615_9118	9615	9118	-	2-C-methyl-D-erythritol 2,4-cyclodiphosphate synthase (EC 4.6.1.12)	
1283	3460	NEOS13_1262	peg	3460_9966_10982	9966	10982	+	putative lipase transmembrane protein	
1284	3460	NEOS13_1263	peg	3460_11038_12585	11038	12585	+	UDP-N-acetylglucosamine 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.7)	
1285	3460	NEOS13_1264	peg	3460_13369_13956	13369	13956	+	hypothetical protein	
1286	3460	NEOS13_1265	peg	3460_14186_15685	14186	15685	+	hypothetical protein	
1287	3460	NEOS13_1266	peg	3460_16039_15872	16039	15872	-	hypothetical protein	
1288	3460	NEOS13_1267	peg	3460_16170_16364	16170	16364	+	Mobile element protein	
1289	3460	NEOS13_1268	peg	3460_16621_17490	16621	17490	+	Lysyl-lysine 2,3-aminomutase	
1290	3460	NEOS13_1269	peg	3460_17818_17516	17818	17516	-	hypothetical protein	
1291	3460	NEOS13_1270	peg	3460_18011_17898	18011	17898	-	hypothetical protein	
1292	3461	NEOS13_1271	peg	3461_1086_652	1086	652	-	hypothetical protein	
1293	3461	NEOS13_1272	peg	3461_1604_2995	1604	2995	+	hypothetical protein	
1294	3461	NEOS13_1273	peg	3461_3149_3298	3149	3298	+	hypothetical protein	
1295	3461	NEOS13_1274	peg	3461_3328_3465	3328	3465	+	hypothetical protein	
1296	3461	NEOS13_1275	peg	3461_3906_3739	3906	3739	-	hypothetical protein	
1297	3461	NEOS13_1276	peg	3461_4431_4616	4431	4616	+	hypothetical protein	
1298	3461	NEOS13_1277	peg	3461_4774_4965	4774	4965	+	hypothetical protein	
1299	3461	NEOS13_1278	peg	3461_5010_5207	5010	5207	+	hypothetical protein	
1300	3461	NEOS13_1279	peg	3461_5580_5762	5580	5762	+	Mobile element protein	
1301	3461	NEOS13_1280	peg	3461_6379_6573	6379	6573	+	hypothetical protein	
1302	3461	NEOS13_1281	peg	3461_6619_6867	6619	6867	+	hypothetical protein	
1303	3461	NEOS13_1282	peg	3461_7344_7219	7344	7219	-	hypothetical protein	
1304	3461	NEOS13_1283	peg	3461_7454_7741	7454	7741	+	hypothetical protein	
1305	3461	NEOS13_1284	peg	3461_8050_8244	8050	8244	+	hypothetical protein	
1306	3461	NEOS13_1285	peg	3461_11279_8592	11279	8592	-	COG0553: Superfamily II DNA/RNA helicases, SNF2 family	
1307	3461	NEOS13_1286	peg	3461_11356_12183	11356	12183	+	hypothetical protein	
1308	3461	NEOS13_1287	peg	3461_13227_12265	13227	12265	-	Rhodanese domain protein UPF0176, Firmicutes subgroup	
1309	3461	NEOS13_1288	peg	3461_14112_13252	14112	13252	-	hypothetical protein	
1310	3461	NEOS13_1289	peg	3461_14749_15069	14749	15069	+	Thioredoxin	
1311	3461	NEOS13_1290	peg	3461_15836_15480	15836	15480	-	tRNA (cytosine34-2'-O)-methyltransferase (EC 2.1.1.-)	
1312	3461	NEOS13_1291	peg	3461_16834_16016	16834	16016	-	putative mip (macrophage infectivity potentiator, ftkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase)	
1313	3461	NEOS13_1292	peg	3461_18680_16893	18680	16893	-	Aspartyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.12)	
1314	3461	NEOS13_1293	peg	3461_20138_18690	20138	18690	-	Histidyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.21)	
1315	3461	NEOS13_1294	peg	3461_20375_21529	20375	21529	+	hypothetical protein	
1316	3461	NEOS13_1295	peg	3461_24292_21728	24292	21728	-	hypothetical protein	
1317	3461	NEOS13_1296	peg	3461_24532_25884	24532	25884	+	Hexose phosphate uptake regulatory protein UhpC	

1318	3461	NEOS13_1297	peg	3461_26465_30214	26465	30214	+	DNA polymerase III alpha subunit (EC 2.7.7.7)	
1319	3461	NEOS13_1298	peg	3461_31368_32372	31368	32372	+	hypothetical protein	
1320	3461	NEOS13_1299	peg	3461_32379_32939	32379	32939	+	hypothetical protein	
1321	3461	NEOS13_1300	peg	3461_33376_34908	33376	34908	+	transposase	Transposase
1322	3461	NEOS13_1301	peg	3461_35505_35080	35505	35080	-	hypothetical protein	
1323	3461	NEOS13_1302	peg	3461_35782_36981	35782	36981	+	D-alanyl-D-alanine carboxypeptidase (EC 3.4.16.4)	
1324	3461	NEOS13_1303	peg	3461_37874_37996	37874	37996	+	hypothetical protein	
1325	3461	NEOS13_1304	peg	3461_38263_38469	38263	38469	+	hypothetical protein	
1326	3461	NEOS13_1305	peg	3461_39301_38453	39301	38453	-	SSU rRNA (adenine(1518)-N(6)/adenine(1519)-N(6))-dimethyltransferase (EC 2.1.1.182)	
1327	3461	NEOS13_1306	peg	3461_40486_39404	40486	39404	-	hypothetical protein	
1328	3461	NEOS13_1307	peg	3461_41731_40604	41731	40604	-	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)	
1329	3461	NEOS13_1308	peg	3461_41854_41741	41854	41741	-	hypothetical protein	
1330	3461	NEOS13_1309	peg	3461_42204_42320	42204	42320	+	hypothetical protein	
1331	3461	NEOS13_1310	peg	3461_42476_42360	42476	42360	-	hypothetical protein	
1332	3461	NEOS13_1311	peg	3461_42538_44202	42538	44202	+	Apolipoprotein N-acyltransferase (EC 2.3.1.-)	
1333	3461	NEOS13_1312	peg	3461_45020_45898	45020	45898	+	UDP-3-O-[3-hydroxymyristoyl] N-acetylglucosamine deacetylase (EC 3.5.1.-)	
1334	3461	NEOS13_1313	peg	3461_45898_46365	45898	46365	+	(3R)-hydroxymyristoyl-[acyl carrier protein] dehydratase (EC 4.2.1.-)	Fatty_acid_initiation_elongation
1335	3461	NEOS13_1314	peg	3461_46409_47272	46409	47272	+	Acyl-[acyl-carrier-protein]-UDP-N-acetylglucosamine O-acyltransferase (EC 2.3.1.129)	
1336	3461	NEOS13_1315	peg	3461_47344_48291	47344	48291	+	Methionyl-tRNA formyltransferase (EC 2.1.2.9)	
1337	3461	NEOS13_1316	peg	3461_48608_48754	48608	48754	+	hypothetical protein	
1338	3461	NEOS13_1317	peg	3461_49055_49972	49055	49972	+	hypothetical protein	
1339	3461	NEOS13_1318	peg	3461_50029_51312	50029	51312	+	hypothetical protein	
1340	3461	NEOS13_1319	peg	3461_51605_51342	51605	51342	-	hypothetical protein	
1341	3461	NEOS13_1320	peg	3461_51747_51634	51747	51634	-	hypothetical protein	
1342	3461	NEOS13_1321	peg	3461_52410_52523	52410	52523	+	hypothetical protein	
1343	3461	NEOS13_1322	peg	3461_52885_53448	52885	53448	+	hypothetical protein	
1344	3461	NEOS13_1323	peg	3461_53683_54354	53683	54354	+	LSU ribosomal protein L3p (L3e)	
1345	3461	NEOS13_1324	peg	3461_54378_55067	54378	55067	+	LSU ribosomal protein L4p (L1e)	
1346	3461	NEOS13_1325	peg	3461_55112_55447	55112	55447	+	LSU ribosomal protein L23p (L23Ac)	
1347	3461	NEOS13_1326	peg	3461_55467_56312	55467	56312	+	LSU ribosomal protein L2p (L8e)	
1348	3461	NEOS13_1327	peg	3461_56315_56596	56315	56596	+	SSU ribosomal protein S19p (S15e)	
1349	3461	NEOS13_1328	peg	3461_56593_56934	56593	56934	+	LSU ribosomal protein L22p (L17e)	
1350	3461	NEOS13_1329	peg	3461_56938_57582	56938	57582	+	SSU ribosomal protein S3p (S3e)	
1351	3461	NEOS13_1330	peg	3461_57585_58004	57585	58004	+	LSU ribosomal protein L16p (L10e)	
1352	3461	NEOS13_1331	peg	3461_58014_58214	58014	58214	+	putative 50S ribosomal protein L29	
1353	3461	NEOS13_1332	peg	3461_58242_58481	58242	58481	+	SSU ribosomal protein S17p (S11e)	
1354	3461	NEOS13_1333	peg	3461_58515_58883	58515	58883	+	LSU ribosomal protein L14p (L23e)	
1355	3461	NEOS13_1334	peg	3461_58899_59258	58899	59258	+	50S ribosomal protein L24	
1356	3461	NEOS13_1335	peg	3461_59267_59824	59267	59824	+	LSU ribosomal protein L5p (L11e)	
1357	3461	NEOS13_1336	peg	3461_59841_60245	59841	60245	+	SSU ribosomal protein S8p (S15Ae)	
1358	3461	NEOS13_1337	peg	3461_60284_60829	60284	60829	+	LSU ribosomal protein L6p (L9e)	
1359	3461	NEOS13_1338	peg	3461_60987_61232	60987	61232	+	LSU ribosomal protein L18p (L5e)	
1360	3461	NEOS13_1339	peg	3461_61264_61764	61264	61764	+	SSU ribosomal protein S5p (S2e)	
1361	3461	NEOS13_1340	peg	3461_61761_62210	61761	62210	+	LSU ribosomal protein L15p (L27Ae)	
1362	3461	NEOS13_1341	peg	3461_62244_63617	62244	63617	+	Preprotein translocase secY subunit (TC 3.A.5.1.1)	
1363	3461	NEOS13_1342	peg	3461_63777_64145	63777	64145	+	SSU ribosomal protein S13p (S18e)	
1364	3461	NEOS13_1343	peg	3461_64167_64580	64167	64580	+	SSU ribosomal protein S11p (S14e)	
1365	3461	NEOS13_1344	peg	3461_64620_65735	64620	65735	+	DNA-directed RNA polymerase alpha subunit (EC 2.7.7.6)	
1366	3461	NEOS13_1345	peg	3461_65810_66181	65810	66181	+	LSU ribosomal protein L17p	
1367	3461	NEOS13_1346	peg	3461_66277_67521	66277	67521	+	FIG047466: hypothetical protein	
1368	3461	NEOS13_1347	peg	3461_69569_68136	69569	68136	-	hypothetical protein	
1369	3462	NEOS13_1348	peg	3462_958_110	958	110	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1370	3463	NEOS13_1349	peg	3463_166_279	166	279	+	hypothetical protein	
1371	3463	NEOS13_1350	peg	3463_308_649	308	649	+	Transposase, IS4 family protein	Transposase
1372	3463	NEOS13_1351	peg	3463_2078_1014	2078	1014	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1373	3463	NEOS13_1352	peg	3463_2053_2184	2053	2184	+	hypothetical protein	
1374	3463	NEOS13_1353	peg	3463_3984_2362	3984	2362	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1375	3463	NEOS13_1354	peg	3463_6029_4269	6029	4269	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1376	3463	NEOS13_1355	peg	3463_7518_6316	7518	6316	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1377	3463	NEOS13_1356	peg	3463_9580_7751	9580	7751	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1378	3463	NEOS13_1357	peg	3463_10932_9868	10932	9868	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1379	3463	NEOS13_1358	peg	3463_10931_11068	10931	11068	+	hypothetical protein	
1380	3463	NEOS13_1359	peg	3463_11796_11323	11796	11323	-	hypothetical protein	
1381	3463	NEOS13_1360	peg	3463_12799_11894	12799	11894	-	Translation elongation factor P Lys34:lysine transferase	
1382	3463	NEOS13_1361	peg	3463_13417_12848	13417	12848	-	Translation elongation factor P	
1383	3463	NEOS13_1362	peg	3463_13685_13810	13685	13810	+	hypothetical protein	
1384	3463	NEOS13_1363	peg	3463_13851_14012	13851	14012	+	hypothetical protein	
1385	3463	NEOS13_1364	peg	3463_19465_14045	19465	14045	-	hypothetical protein	
1386	3463	NEOS13_1365	peg	3463_19851_19976	19851	19976	+	hypothetical protein	
1387	3464	NEOS13_1366	peg	3464_1044_595	1044	595	-	hypothetical protein	
1388	3465	NEOS13_1367	peg	3465_188_394	188	394	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1389	3466	NEOS13_1368	peg	3466_263_96	263	96	-	hypothetical protein	
1390	3466	NEOS13_1369	peg	3466_804_454	804	454	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat

1391	3467	NEOS13_1370	peg	3467_345_136	345	136	-	hypothetical protein	
1392	3467	NEOS13_1371	peg	3467_1500_712	1500	712	-	hypothetical protein	
1393	3467	NEOS13_1372	peg	3467_1643_1783	1643	1783	+	hypothetical protein	
1394	3468	NEOS13_1373	peg	3468_251_99	251	99	-	hypothetical protein	
1395	3469	NEOS13_1374	peg	3469_61_621	61	621	+	hypothetical protein	
1396	3469	NEOS13_1375	peg	3469_853_4506	853	4506	+	hypothetical protein	
1397	3469	NEOS13_1376	peg	3469_5659_4496	5659	4496	-	Cell division protein FtsW	
1398	3469	NEOS13_1377	peg	3469_6446_5697	6446	5697	-	Membrane-bound lytic murein transglycosylase D precursor (EC 3.2.1.-)	
1399	3469	NEOS13_1378	peg	3469_7813_6473	7813	6473	-	UDP-N-acetylmuramoylalanine--D-glutamate ligase (EC 6.3.2.9)	
1400	3469	NEOS13_1379	peg	3469_9021_7825	9021	7825	-	Phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase (EC 2.7.8.13)	
1401	3469	NEOS13_1380	peg	3469_10429_9056	10429	9056	-	UDP-N-acetylmuramoylalanyl-D-glutamyl-2,6-diaminopimelate--D-alanyl-D-alanine ligase (EC 6.3.2.10)	
1402	3469	NEOS13_1381	peg	3469_11017_10841	11017	10841	-	hypothetical protein	
1403	3469	NEOS13_1382	peg	3469_11724_11101	11724	11101	-	hypothetical protein	
1404	3470	NEOS13_1383	peg	3470_376_1017	376	1017	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1405	3470	NEOS13_1384	peg	3470_1327_1172	1327	1172	-	hypothetical protein	
1406	3470	NEOS13_1385	peg	3470_1373_1594	1373	1594	+	hypothetical protein	
1407	3470	NEOS13_1386	peg	3470_1563_1871	1563	1871	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1408	3470	NEOS13_1387	peg	3470_2018_2131	2018	2131	+	hypothetical protein	
1409	3471	NEOS13_1388	peg	3471_110_1003	110	1003	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1410	3471	NEOS13_1389	peg	3471_1519_2004	1519	2004	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1411	3471	NEOS13_1390	peg	3471_2029_2514	2029	2514	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1412	3471	NEOS13_1391	peg	3471_3090_2929	3090	2929	-	hypothetical protein	
1413	3472	NEOS13_1392	peg	3472_496_1047	496	1047	+	DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)	
1414	3472	NEOS13_1393	peg	3472_1270_1148	1270	1148	-	hypothetical protein	
1415	3473	NEOS13_1394	peg	3473_358_633	358	633	+	cytoplasmic membrane protein	
1416	3473	NEOS13_1395	peg	3473_1296_1159	1296	1159	-	hypothetical protein	
1417	3473	NEOS13_1396	peg	3473_1600_1391	1600	1391	-	Protein YidD	
1418	3473	NEOS13_1397	peg	3473_2391_1597	2391	1597	-	hypothetical protein	
1419	3473	NEOS13_0022ma	rna	3473_2648_2565	2648	2565	-	tRNA-Leu-GAG	RNA
1420	3473	NEOS13_1397	peg	3473_3461_2778	3461	2778	-	DNA repair protein RecO	
1421	3473	NEOS13_0023ma	rna	3473_3549_3621	3549	3621	+	tRNA-Arg-TCG	RNA
1422	3473	NEOS13_1399	peg	3473_3636_4703	3636	4703	+	Ribosomal RNA large subunit methyltransferase N (EC 2.1.1.-)	
1423	3473	NEOS13_1400	peg	3473_4989_4828	4989	4828	-	hypothetical protein	
1424	3473	NEOS13_1401	peg	3473_5562_6200	5562	6200	+	Ribosomal subunit interface protein	
1425	3473	NEOS13_1402	peg	3473_6260_6718	6260	6718	+	hypothetical protein	
1426	3473	NEOS13_1403	peg	3473_6778_9660	6778	9660	+	hypothetical protein	
1427	3473	NEOS13_1404	peg	3473_11240_9657	11240	9657	-	hypothetical protein	
1428	3473	NEOS13_1405	peg	3473_11432_11914	11432	11914	+	hypothetical protein	
1429	3473	NEOS13_1406	peg	3473_12020_12439	12020	12439	+	hypothetical protein	
1430	3473	NEOS13_1407	peg	3473_12478_15498	12478	15498	+	hypothetical protein	
1431	3473	NEOS13_1408	peg	3473_15669_17912	15669	17912	+	hypothetical protein	
1432	3473	NEOS13_1409	peg	3473_18434_18012	18434	18012	-	Mobile element protein	
1433	3474	NEOS13_1410	peg	3474_59_1270	59	1270	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1434	3476	NEOS13_1411	peg	3476_464_195	464	195	-	hypothetical protein	
1435	3477	NEOS13_1412	peg	3477_333_986	333	986	+	hypothetical protein	
1436	3477	NEOS13_1413	peg	3477_1604_1026	1604	1026	-	Pyridoxine biosynthesis glutamine amidotransferase, glutaminase subunit (EC 2.4.2.-)	
1437	3477	NEOS13_1414	peg	3477_2510_1605	2510	1605	-	Pyridoxine biosynthesis glutamine amidotransferase, synthase subunit (EC 2.4.2.-)	
1438	3477	NEOS13_1415	peg	3477_3447_2698	3447	2698	-	DNA polymerase III subunit epsilon	
1439	3477	NEOS13_1416	peg	3477_4064_3444	4064	3444	-	GTP-binding protein EngB	
1440	3477	NEOS13_1417	peg	3477_4480_4061	4480	4061	-	ATPase YjeE, predicted to have essential role in cell wall biosynthesis	
1441	3477	NEOS13_1418	peg	3477_5205_4483	5205	4483	-	FIG00899449: hypothetical protein	
1442	3477	NEOS13_1419	peg	3477_5322_6401	5322	6401	+	Leucine dehydrogenase (EC 1.4.1.9)	
1443	3477	NEOS13_1420	peg	3477_6420_8186	6420	8186	+	Arginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.19)	
1444	3477	NEOS13_1421	peg	3477_8530_8745	8530	8745	+	hypothetical protein	
1445	3478	NEOS13_1422	peg	3478_316_137	316	137	-	hypothetical protein	
1446	3478	NEOS13_1423	peg	3478_715_323	715	323	-	hypothetical protein	
1447	3478	NEOS13_1424	peg	3478_714_830	714	830	+	hypothetical protein	
1448	3478	NEOS13_1425	peg	3478_2092_1160	2092	1160	-	Mobile element protein	
1449	3479	NEOS13_1426	peg	3479_516_388	516	388	-	hypothetical protein	
1450	3479	NEOS13_1427	peg	3479_882_1100	882	1100	+	hypothetical protein	
1451	3479	NEOS13_1428	peg	3479_1975_1397	1975	1397	-	hypothetical protein	
1452	3479	NEOS13_1429	peg	3479_2319_2447	2319	2447	+	hypothetical protein	
1453	3479	NEOS13_1430	peg	3479_2673_3104	2673	3104	+	hypothetical protein	
1454	3479	NEOS13_1431	peg	3479_3712_4248	3712	4248	+	hypothetical protein	
1455	3479	NEOS13_1432	peg	3479_4445_4948	4445	4948	+	hypothetical protein	
1456	3479	NEOS13_1433	peg	3479_5028_5906	5028	5906	+	Uncharacterized protein conserved in bacteria, NMA0228-like	
1457	3479	NEOS13_1434	peg	3479_5903_6802	5903	6802	+	hypothetical protein	
1458	3479	NEOS13_1435	peg	3479_6786_8027	6786	8027	+	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)	
1459	3479	NEOS13_1436	peg	3479_8909_8244	8909	8244	-	hypothetical protein	
1460	3479	NEOS13_1437	peg	3479_9361_8918	9361	8918	-	hypothetical protein	
1461	3479	NEOS13_1438	peg	3479_14630_9621	14630	9621	-	hypothetical protein	

1462	3479	NEOS13_1439	peg	3479_14706_14828	14706	14828	+	hypothetical protein	
1463	3479	NEOS13_1440	peg	3479_15858_15244	15858	15244	-	hypothetical protein	
1464	3479	NEOS13_1441	peg	3479_16723_15908	16723	15908	-	hypothetical protein	
1465	3479	NEOS13_1442	peg	3479_16926_16723	16926	16723	-	hypothetical protein	
1466	3479	NEOS13_1443	peg	3479_17541_18368	17541	18368	+	Mobile element protein	
1467	3479	NEOS13_1444	peg	3479_19907_18852	19907	18852	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1468	3480	NEOS13_1445	peg	3480_155_24	155	24	-	hypothetical protein	
1469	3480	NEOS13_1446	peg	3480_880_194	880	194	-	hypothetical protein	
1470	3480	NEOS13_1447	peg	3480_1410_925	1410	925	-	hypothetical protein	
1471	3481	NEOS13_1448	peg	3481_76_1242	76	1242	+	transposase	Transposase
1472	3483	NEOS13_1449	peg	3483_312_569	312	569	+	transposase	Transposase
1473	3483	NEOS13_1450	peg	3483_807_1601	807	1601	+	Putative deoxyribonuclease YcfH	
1474	3483	NEOS13_1451	peg	3483_1669_2529	1669	2529	+	hypothetical protein	
1475	3483	NEOS13_1452	peg	3483_2791_2522	2791	2522	-	hypothetical protein	
1476	3483	NEOS13_1453	peg	3483_2841_3200	2841	3200	+	hypothetical protein	
1477	3483	NEOS13_1454	peg	3483_3206_4117	3206	4117	+	Phosphatidylserine decarboxylase (EC 4.1.1.65)	
1478	3483	NEOS13_1455	peg	3483_4134_4283	4134	4283	+	hypothetical protein	
1479	3483	NEOS13_1456	peg	3483_4705_7800	4705	7800	+	Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)	Sec_T2SS
1480	3483	NEOS13_1457	peg	3483_7990_8130	7990	8130	+	hypothetical protein	
1481	3483	NEOS13_1458	peg	3483_8651_8199	8651	8199	-	hypothetical protein	
1482	3483	NEOS13_1459	peg	3483_8745_9440	8745	9440	+	hypothetical protein	
1483	3483	NEOS13_1460	peg	3483_9573_9695	9573	9695	+	hypothetical protein	
1484	3483	NEOS13_1461	peg	3483_9850_9966	9850	9966	+	hypothetical protein	
1485	3483	NEOS13_1462	peg	3483_10196_10402	10196	10402	+	hypothetical protein	
1486	3483	NEOS13_1463	peg	3483_10494_10733	10494	10733	+	hypothetical protein	
1487	3483	NEOS13_1464	peg	3483_10807_11787	10807	11787	+	Lipoate synthase	
1488	3483	NEOS13_1465	peg	3483_11784_12710	11784	12710	+	hypothetical protein	
1489	3483	NEOS13_1466	peg	3483_12834_13880	12834	13880	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1490	3483	NEOS13_1467	peg	3483_14163_15578	14163	15578	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1491	3483	NEOS13_1468	peg	3483_15627_16337	15627	16337	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1492	3483	NEOS13_1469	peg	3483_16632_18392	16632	18392	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1493	3483	NEOS13_1470	peg	3483_18672_20570	18672	20570	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1494	3483	NEOS13_1471	peg	3483_20866_22650	20866	22650	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1495	3483	NEOS13_1472	peg	3483_22672_22833	22672	22833	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1496	3483	NEOS13_1473	peg	3483_22954_22823	22954	22823	-	hypothetical protein	
1497	3483	NEOS13_1474	peg	3483_24308_22935	24308	22935	-	similar to transport protein	
1498	3483	NEOS13_1475	peg	3483_24669_24532	24669	24532	-	hypothetical protein	
1499	3483	NEOS13_1476	peg	3483_24854_24738	24854	24738	-	hypothetical protein	
1500	3483	NEOS13_1477	peg	3483_24931_25923	24931	25923	+	Type III secretion protein SetJ	T3SA2
1501	3483	NEOS13_1478	peg	3483_25935_26798	25935	26798	+	hypothetical protein	T3SA2
1502	3483	NEOS13_1479	peg	3483_26795_27451	26795	27451	+	Type III secretion translocase SetL	T3SA2
1503	3483	NEOS13_1480	peg	3483_27444_28331	27444	28331	+	Type III secretion inner membrane protein SetR	T3SA2
1504	3483	NEOS13_1481	peg	3483_28342_28623	28342	28623	+	probable type III secretion inner membrane protein SetS	T3SA2
1505	3483	NEOS13_1482	peg	3483_28721_29605	28721	29605	+	Type III secretion inner membrane protein SetT	T3SA2
1506	3483	NEOS13_1483	peg	3483_31242_30448	31242	30448	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1507	3484	NEOS13_1484	peg	3484_560_375	560	375	-	hypothetical protein	
1508	3484	NEOS13_1485	peg	3484_2118_631	2118	631	-	hypothetical protein	
1509	3484	NEOS13_1486	peg	3484_2470_2303	2470	2303	-	hypothetical protein	
1510	3484	NEOS13_1487	peg	3484_2536_3036	2536	3036	+	ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D-glycero-beta-D-manno-heptose 7-phosphate kinase	
1511	3484	NEOS13_1488	peg	3484_3048_4226	3048	4226	+	putative glpG protein	
1512	3484	NEOS13_1489	peg	3484_4293_5150	4293	5150	+	Ribonuclease Z (EC 3.1.26.11)	
1513	3484	NEOS13_1490	peg	3484_5162_6157	5162	6157	+	Tyrosine recombinase XerC	
1514	3484	NEOS13_1491	peg	3484_6409_8004	6409	8004	+	ABC transporter ATP-binding protein uup	ABC_transporter
1515	3484	NEOS13_1492	peg	3484_8021_8773	8021	8773	+	putative tRNA/rRNA methyltransferase (EC:2.1.1.-)	
1516	3484	NEOS13_1493	peg	3484_8754_9458	8754	9458	+	GTP cyclohydrolase I (EC 3.5.4.16) type 1	
1517	3484	NEOS13_1494	peg	3484_11104_10331	11104	10331	-	FIG137478: Hypothetical protein	
1518	3484	NEOS13_1495	peg	3484_11648_13132	11648	13132	+	Serine hydroxymethyltransferase (EC 2.1.2.1)	
1519	3484	NEOS13_1496	peg	3484_13190_13801	13190	13801	+	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit (EC 3.4.21.92)	
1520	3484	NEOS13_1497	peg	3484_13951_13838	13951	13838	-	hypothetical protein	
1521	3484	NEOS13_1498	peg	3484_13905_14714	13905	14714	+	Diaminopimelate epimerase (EC 5.1.1.7)	
1522	3484	NEOS13_1499	peg	3484_15648_14677	15648	14677	-	histone deacetylase superfamily	
1523	3484	NEOS13_1500	peg	3484_18519_16330	18519	16330	-	hypothetical protein	
1524	3484	NEOS13_1501	peg	3484_19610_19735	19610	19735	+	hypothetical protein	
1525	3484	NEOS13_1502	peg	3484_20069_20194	20069	20194	+	hypothetical protein	
1526	3484	NEOS13_1503	peg	3484_20302_20418	20302	20418	+	hypothetical protein	
1527	3484	NEOS13_1504	peg	3484_20595_20753	20595	20753	+	hypothetical protein	
1528	3484	NEOS13_0024ma	rna	3484_21686_21604	21686	21604	-	tRNA-Leu-TAA	RNA
1529	3484	NEOS13_1505	peg	3484_22716_21748	22716	21748	-	hypothetical protein	
1530	3484	NEOS13_1506	peg	3484_23815_22805	23815	22805	-	NAD-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)	Glycolysis_Gluconogenesis
1531	3484	NEOS13_1507	peg	3484_24057_26183	24057	26183	+	hypothetical protein	
1532	3487	NEOS13_1508	peg	3487_70_1125	70	1125	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1533	3488	NEOS13_1509	peg	3488_22_402	22	402	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1534	3489	NEOS13_1510	peg	3489_797_675	797	675	-	hypothetical protein	

1535	3489	NEOS13_1511	peg	3489_1233_3203	1233	3203	+	hypothetical protein	
1536	3489	NEOS13_1512	peg	3489_3658_3209	3658	3209	-	hypothetical protein	
1537	3490	NEOS13_1513	peg	3490_33_302	33	302	+	hypothetical protein	
1538	3491	NEOS13_1514	peg	3491_115_246	115	246	+	hypothetical protein	
1539	3491	NEOS13_1515	peg	3491_1342_683	1342	683	-	Queuosine Biosynthesis QueC ATPase	
1540	3491	NEOS13_1516	peg	3491_1992_1345	1992	1345	-	Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM	
1541	3491	NEOS13_1517	peg	3491_2303_4144	2303	4144	+	ankyrin repeat protein	Ankyrin
1542	3491	NEOS13_1518	peg	3491_4212_4325	4212	4325	+	hypothetical protein	
1543	3491	NEOS13_1519	peg	3491_4327_4440	4327	4440	+	hypothetical protein	
1544	3491	NEOS13_1520	peg	3491_4533_5543	4533	5543	+	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)	TCA
1545	3491	NEOS13_1521	peg	3491_5802_6629	5802	6629	+	hypothetical protein	
1546	3491	NEOS13_1522	peg	3491_7802_6786	7802	6786	-	hypothetical protein	
1547	3491	NEOS13_1523	peg	3491_8019_8204	8019	8204	+	hypothetical protein	
1548	3491	NEOS13_1524	peg	3491_8201_9007	8201	9007	+	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I; PhnP protein	
1549	3491	NEOS13_1525	peg	3491_9019_10344	9019	10344	+	GTP-binding protein HflX	
1550	3491	NEOS13_1526	peg	3491_12112_10634	12112	10634	-	Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)	
1551	3491	NEOS13_1527	peg	3491_12651_12133	12651	12133	-	Single-stranded DNA-binding protein	
1552	3491	NEOS13_1528	peg	3491_12863_12708	12863	12708	-	hypothetical protein	
1553	3491	NEOS13_1529	peg	3491_13597_13076	13597	13076	-	FIG00493912: hypothetical protein	
1554	3491	NEOS13_1530	peg	3491_14109_16154	14109	16154	+	Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)	
1555	3491	NEOS13_1531	peg	3491_16814_16683	16814	16683	-	hypothetical protein	
1556	3491	NEOS13_1532	peg	3491_17049_19325	17049	19325	+	hypothetical protein	
1557	3491	NEOS13_1533	peg	3491_21274_19661	21274	19661	-	DNA repair protein RecN	
1558	3491	NEOS13_1534	peg	3491_21376_21537	21376	21537	+	hypothetical protein	
1559	3491	NEOS13_1535	peg	3491_22633_21719	22633	21719	-	Ribonuclease HIII (EC 3.1.26.4)	
1560	3491	NEOS13_1536	peg	3491_22735_23145	22735	23145	+	FIG00899448: hypothetical protein	
1561	3491	NEOS13_1537	peg	3491_23290_23174	23290	23174	-	hypothetical protein	
1562	3491	NEOS13_1538	peg	3491_23436_24380	23436	24380	+	hypothetical protein	
1563	3491	NEOS13_1539	peg	3491_25251_24637	25251	24637	-	tRNA pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)	
1564	3491	NEOS13_1540	peg	3491_25383_25264	25383	25264	-	hypothetical protein	
1565	3491	NEOS13_1541	peg	3491_26010_25411	26010	25411	-	FIG00899512: hypothetical protein	
1566	3491	NEOS13_1542	peg	3491_26620_26021	26620	26021	-	FIG00899458: hypothetical protein	
1567	3491	NEOS13_1543	peg	3491_28662_27241	28662	27241	-	hypothetical protein	
1568	3491	NEOS13_1544	peg	3491_28791_28973	28791	28973	+	hypothetical protein	
1569	3491	NEOS13_1545	peg	3491_29932_29051	29932	29051	-	hypothetical protein	
1570	3491	NEOS13_1546	peg	3491_31369_30338	31369	30338	-	hypothetical protein	
1571	3491	NEOS13_1547	peg	3491_32556_31396	32556	31396	-	hypothetical protein	
1572	3491	NEOS13_1548	peg	3491_33122_32571	33122	32571	-	hypothetical protein	
1573	3491	NEOS13_1549	peg	3491_33604_34962	33604	34962	+	hypothetical protein	
1574	3491	NEOS13_1550	peg	3491_34972_35973	34972	35973	+	Holliday junction DNA helicase RuvB	
1575	3491	NEOS13_1551	peg	3491_36168_35956	36168	35956	-	hypothetical protein	
1576	3491	NEOS13_1552	peg	3491_36143_36826	36143	36826	+	hypothetical protein	
1577	3491	NEOS13_1553	peg	3491_37080_38117	37080	38117	+	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.)	
1578	3491	NEOS13_1554	peg	3491_38657_40723	38657	40723	+	hypothetical protein	
1579	3491	NEOS13_1555	peg	3491_40736_40861	40736	40861	+	hypothetical protein	
1580	3491	NEOS13_1556	peg	3491_41058_42740	41058	42740	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1581	3491	NEOS13_1557	peg	3491_43203_44732	43203	44732	+	Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19)	
1582	3491	NEOS13_1558	peg	3491_44933_46399	44933	46399	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1583	3491	NEOS13_0025ma	rna	3491_46787_46873	46787	46873	+	tRNA-Ser-TGA	RNA
1584	3491	NEOS13_1559	peg	3491_48259_47477	48259	47477	-	hypothetical protein	
1585	3492	NEOS13_1560	peg	3492_115_246	115	246	+	hypothetical protein	
1586	3492	NEOS13_1561	peg	3492_1342_683	1342	683	-	Queuosine Biosynthesis QueC ATPase	
1587	3492	NEOS13_1562	peg	3492_1992_1345	1992	1345	-	Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM	
1588	3492	NEOS13_1563	peg	3492_2303_4144	2303	4144	+	ankyrin repeat protein	Ankyrin
1589	3492	NEOS13_1564	peg	3492_4212_4325	4212	4325	+	hypothetical protein	
1590	3492	NEOS13_1565	peg	3492_4327_4440	4327	4440	+	hypothetical protein	
1591	3492	NEOS13_1566	peg	3492_4533_5543	4533	5543	+	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)	TCA
1592	3492	NEOS13_1567	peg	3492_5802_6629	5802	6629	+	hypothetical protein	
1593	3492	NEOS13_1568	peg	3492_7802_6786	7802	6786	-	hypothetical protein	
1594	3492	NEOS13_1569	peg	3492_8019_8204	8019	8204	+	hypothetical protein	
1595	3492	NEOS13_1570	peg	3492_8201_9007	8201	9007	+	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I; PhnP protein	
1596	3492	NEOS13_1571	peg	3492_9019_10344	9019	10344	+	GTP-binding protein HflX	
1597	3492	NEOS13_1572	peg	3492_12112_10634	12112	10634	-	Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)	
1598	3492	NEOS13_1573	peg	3492_12651_12133	12651	12133	-	Single-stranded DNA-binding protein	
1599	3492	NEOS13_1574	peg	3492_12863_12708	12863	12708	-	hypothetical protein	
1600	3492	NEOS13_1575	peg	3492_13597_13076	13597	13076	-	FIG00493912: hypothetical protein	
1601	3492	NEOS13_1576	peg	3492_14109_16154	14109	16154	+	Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)	
1602	3492	NEOS13_1577	peg	3492_16814_16683	16814	16683	-	hypothetical protein	
1603	3492	NEOS13_1578	peg	3492_17049_19325	17049	19325	+	hypothetical protein	
1604	3492	NEOS13_1579	peg	3492_21274_19661	21274	19661	-	DNA repair protein RecN	
1605	3492	NEOS13_1580	peg	3492_21376_21537	21376	21537	+	hypothetical protein	
1606	3492	NEOS13_1581	peg	3492_22633_21719	22633	21719	-	Ribonuclease HIII (EC 3.1.26.4)	
1607	3492	NEOS13_1582	peg	3492_22735_23145	22735	23145	+	FIG00899448: hypothetical protein	

1608	3492	NEOS13_1583	peg	3492_23290_23174	23290	23174	-	hypothetical protein	
1609	3492	NEOS13_1584	peg	3492_23436_24380	23436	24380	+	hypothetical protein	
1610	3492	NEOS13_1585	peg	3492_25251_24637	25251	24637	-	tRNA pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)	
1611	3492	NEOS13_1586	peg	3492_25383_25264	25383	25264	-	hypothetical protein	
1612	3492	NEOS13_1587	peg	3492_26010_25411	26010	25411	-	FIG00899512: hypothetical protein	
1613	3492	NEOS13_1588	peg	3492_26620_26021	26620	26021	-	FIG00899458: hypothetical protein	
1614	3492	NEOS13_1589	peg	3492_28662_27241	28662	27241	-	hypothetical protein	
1615	3492	NEOS13_1590	peg	3492_28791_28973	28791	28973	+	hypothetical protein	
1616	3492	NEOS13_1591	peg	3492_29932_29051	29932	29051	-	hypothetical protein	
1617	3492	NEOS13_1592	peg	3492_31369_30338	31369	30338	-	hypothetical protein	
1618	3492	NEOS13_1593	peg	3492_32556_31396	32556	31396	-	hypothetical protein	
1619	3492	NEOS13_1594	peg	3492_33122_32571	33122	32571	-	hypothetical protein	
1620	3492	NEOS13_1595	peg	3492_33604_34962	33604	34962	+	hypothetical protein	
1621	3492	NEOS13_1596	peg	3492_34972_35973	34972	35973	+	Holliday junction DNA helicase RuvB	
1622	3492	NEOS13_1597	peg	3492_36168_35956	36168	35956	-	hypothetical protein	
1623	3492	NEOS13_1598	peg	3492_36143_36826	36143	36826	+	hypothetical protein	
1624	3492	NEOS13_1599	peg	3492_37080_38117	37080	38117	+	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)	
1625	3492	NEOS13_1600	peg	3492_38657_40723	38657	40723	+	hypothetical protein	
1626	3492	NEOS13_1601	peg	3492_40736_40861	40736	40861	+	hypothetical protein	
1627	3492	NEOS13_1602	peg	3492_41058_42740	41058	42740	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1628	3492	NEOS13_1603	peg	3492_43203_44732	43203	44732	+	Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19)	
1629	3492	NEOS13_1604	peg	3492_44933_46399	44933	46399	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1630	3492	NEOS13_0026ma	rma	3492_46787_46873	46787	46873	+	tRNA-Ser-TGA	RNA
1631	3492	NEOS13_1605	peg	3492_48259_47477	48259	47477	-	hypothetical protein	
1632	3493	NEOS13_1606	peg	3493_1982_1038	1982	1038	-	hypothetical protein	
1633	3493	NEOS13_1607	peg	3493_2808_2215	2808	2215	-	hypothetical protein	
1634	3493	NEOS13_1608	peg	3493_3859_2864	3859	2864	-	hypothetical protein	
1635	3493	NEOS13_1609	peg	3493_4976_3888	4976	3888	-	hypothetical protein	
1636	3495	NEOS13_1610	peg	3495_399_623	399	623	+	transposase	Transposase
1637	3495	NEOS13_1611	peg	3495_843_3065	843	3065	+	hypothetical protein	
1638	3495	NEOS13_1612	peg	3495_3236_3421	3236	3421	+	hypothetical protein	
1639	3495	NEOS13_1613	peg	3495_4053_3610	4053	3610	-	hypothetical protein	
1640	3495	NEOS13_1614	peg	3495_5128_4067	5128	4067	-	2-keto-3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase I alpha (EC 2.5.1.54)	
1641	3495	NEOS13_1615	peg	3495_5320_6873	5320	6873	+	hypothetical protein	
1642	3495	NEOS13_1616	peg	3495_7045_8436	7045	8436	+	Sodium/glycine symporter GlyP	
1643	3495	NEOS13_1617	peg	3495_9408_9875	9408	9875	+	Sodium/glycine symporter GlyP	
1644	3496	NEOS13_1618	peg	3496_46_1302	46	1302	+	DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)	
1645	3497	NEOS13_1619	peg	3497_120_251	120	251	+	hypothetical protein	
1646	3497	NEOS13_1620	peg	3497_437_781	437	781	+	Uncharacterized protein y4pE/y4sA	
1647	3497	NEOS13_1621	peg	3497_1539_904	1539	904	-	Pyridoxamine 5'-phosphate oxidase (EC 1.4.3.5)	
1648	3497	NEOS13_1622	peg	3497_1657_2859	1657	2859	+	Phosphoglycerate kinase (EC 2.7.2.3)	Glycolysis Glucogenesis
1649	3497	NEOS13_1623	peg	3497_3186_4784	3186	4784	+	ADP/ATP Translocase, NTT1	NTT
1650	3497	NEOS13_1624	peg	3497_4983_6551	4983	6551	+	ADP/ATP Translocase, NTT1	NTT
1651	3497	NEOS13_1625	peg	3497_6753_6890	6753	6890	+	hypothetical protein	
1652	3497	NEOS13_1626	peg	3497_7602_7189	7602	7189	-	CDP-alcohol phosphatidyltransferase	
1653	3497	NEOS13_1627	peg	3497_7592_7705	7592	7705	+	hypothetical protein	
1654	3497	NEOS13_1628	peg	3497_8471_9106	8471	9106	+	hypothetical protein	
1655	3497	NEOS13_1629	peg	3497_10341_9418	10341	9418	-	hypothetical protein	
1656	3497	NEOS13_1630	peg	3497_11905_10631	11905	10631	-	hypothetical protein	
1657	3497	NEOS13_1631	peg	3497_13514_12420	13514	12420	-	hypothetical protein	
1658	3497	NEOS13_1632	peg	3497_15069_13552	15069	13552	-	Glutamyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.17) @ Glutamyl-tRNA(Gln) synthetase (EC 6.1.1.24)	
1659	3497	NEOS13_1633	peg	3497_17232_15283	17232	15283	-	Peptidase, S41 family	
1660	3497	NEOS13_1634	peg	3497_17586_18014	17586	18014	+	CHLPS Euo Protein	
1661	3497	NEOS13_1635	peg	3497_21632_18657	21632	18657	-	metalloprotease, insulinase family	
1662	3497	NEOS13_1636	peg	3497_21908_22759	21908	22759	+	CDP-diacylglycerol--serine O-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.8)	
1663	3497	NEOS13_1637	peg	3497_23520_22993	23520	22993	-	SOS-response repressor and protease LexA (EC 3.4.21.88)	
1664	3497	NEOS13_1638	peg	3497_24283_23585	24283	23585	-	hypothetical protein	
1665	3497	NEOS13_1639	peg	3497_25214_26644	25214	26644	+	DNA recombination protein RmuC	
1666	3497	NEOS13_1640	peg	3497_28017_26752	28017	26752	-	hypothetical protein	
1667	3497	NEOS13_1641	peg	3497_28929_28225	28929	28225	-	hypothetical protein	
1668	3497	NEOS13_1642	peg	3497_29268_30566	29268	30566	+	Predicted ATPase related to phosphate starvation-inducible protein PhoH	
1669	3497	NEOS13_1643	peg	3497_30805_31425	30805	31425	+	putative exopolysaccharide synthesis protein	
1670	3497	NEOS13_1644	peg	3497_31933_32301	31933	32301	+	hypothetical protein	
1671	3497	NEOS13_1645	peg	3497_32508_32768	32508	32768	+	hypothetical protein	
1672	3497	NEOS13_1646	peg	3497_33883_32861	33883	32861	-	hypothetical protein	
1673	3497	NEOS13_1647	peg	3497_34488_33880	34488	33880	-	hypothetical protein	
1674	3497	NEOS13_1648	peg	3497_34771_35091	34771	35091	+	hypothetical protein	
1675	3497	NEOS13_1649	peg	3497_35407_35117	35407	35117	-	putative Mitomycin resistance protein mcrB	
1676	3497	NEOS13_1650	peg	3497_36092_35955	36092	35955	-	hypothetical protein	
1677	3497	NEOS13_1651	peg	3497_36334_39456	36334	39456	+	Isoleucyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.5)	
1678	3497	NEOS13_1652	peg	3497_40079_41038	40079	41038	+	Arabinose 5-phosphate isomerase (EC 5.3.1.13)	

1679	3497	NEOS13_1653	peg	3497_41817_41260	41817	41260	-	hypothetical protein	
1680	3497	NEOS13_1654	peg	3497_41896_43185	41896	43185	+	Na+/H+ antiporter NhaD type	
1681	3497	NEOS13_0027ma	rna	3497_44355_45893	44355	45893	+	Small Subunit Ribosomal RNA; ssuRNA; SSU rRNA	RNA
1682	3498	NEOS13_1655	peg	3498_2066_726	2066	726	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1683	3498	NEOS13_1656	peg	3498_2291_2175	2291	2175	-	hypothetical protein	
1684	3498	NEOS13_1657	peg	3498_2454_2323	2454	2323	-	hypothetical protein	
1685	3498	NEOS13_1658	peg	3498_3058_2942	3058	2942	-	hypothetical protein	
1686	3498	NEOS13_1659	peg	3498_3200_3355	3200	3355	+	Mobile element protein	
1687	3498	NEOS13_1660	peg	3498_3572_3432	3572	3432	-	hypothetical protein	
1688	3498	NEOS13_1661	peg	3498_6032_4236	6032	4236	-	hypothetical protein	
1689	3498	NEOS13_1662	peg	3498_6403_6564	6403	6564	+	hypothetical protein	
1690	3498	NEOS13_1663	peg	3498_6816_10238	6816	10238	+	Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5)	
1691	3498	NEOS13_1664	peg	3498_10398_11219	10398	11219	+	hypothetical protein	
1692	3498	NEOS13_1665	peg	3498_12358_15864	12358	15864	+	Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5)	
1693	3498	NEOS13_1666	peg	3498_15921_17669	15921	17669	+	Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5)	
1694	3498	NEOS13_1667	peg	3498_18503_18114	18503	18114	-	hypothetical protein	
1695	3498	NEOS13_1668	peg	3498_19750_18581	19750	18581	-	hypothetical protein	
1696	3498	NEOS13_1669	peg	3498_21097_20612	21097	20612	-	hypothetical protein	
1697	3498	NEOS13_1670	peg	3498_21255_21392	21255	21392	+	hypothetical protein	
1698	3498	NEOS13_1671	peg	3498_21409_23574	21409	23574	+	Transcription elongation factor GreA	
1699	3498	NEOS13_1672	peg	3498_23575_24183	23575	24183	+	Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dITP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)	
1700	3498	NEOS13_1673	peg	3498_24192_24887	24192	24887	+	hypothetical protein	
1701	3498	NEOS13_1674	peg	3498_25097_26080	25097	26080	+	hypothetical protein	
1702	3498	NEOS13_0028ma	rna	3498_26225_26297	26225	26297	+	tRNA-Ala-GGC	RNA
1703	3498	NEOS13_1675	peg	3498_26377_26526	26377	26526	+	hypothetical protein	
1704	3498	NEOS13_1676	peg	3498_27001_26768	27001	26768	-	hypothetical protein	
1705	3498	NEOS13_1677	peg	3498_27870_27142	27870	27142	-	hypothetical protein	
1706	3498	NEOS13_1678	peg	3498_28664_27933	28664	27933	-	hypothetical protein	
1707	3498	NEOS13_1679	peg	3498_28664_28780	28664	28780	+	hypothetical protein	
1708	3498	NEOS13_1680	peg	3498_30024_29065	30024	29065	-	hypothetical protein	
1709	3498	NEOS13_1681	peg	3498_31885_30443	31885	30443	-	hypothetical protein	Outer membrane protein
1710	3498	NEOS13_1682	peg	3498_35714_32775	35714	32775	-	hypothetical protein	
1711	3498	NEOS13_1683	peg	3498_36733_35912	36733	35912	-	hypothetical protein	
1712	3498	NEOS13_1684	peg	3498_37056_38993	37056	38993	+	Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)	
1713	3498	NEOS13_1685	peg	3498_38981_39733	38981	39733	+	Septum site-determining protein MinD	
1714	3498	NEOS13_1686	peg	3498_39870_40616	39870	40616	+	Virulence plasmid protein pGP6-D	
1715	3498	NEOS13_1687	peg	3498_41205_41089	41205	41089	-	hypothetical protein	
1716	3498	NEOS13_1688	peg	3498_41253_41399	41253	41399	+	hypothetical protein	
1717	3498	NEOS13_1689	peg	3498_41528_42235	41528	42235	+	hypothetical protein	
1718	3499	NEOS13_1690	peg	3499_2347_305	2347	305	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1719	3500	NEOS13_1691	peg	3500_424_245	424	245	-	hypothetical protein	
1720	3500	NEOS13_1692	peg	3500_823_431	823	431	-	transposase, IS4 family	Transposase
1721	3500	NEOS13_1693	peg	3500_822_938	822	938	+	hypothetical protein	
1722	3500	NEOS13_1694	peg	3500_2200_1268	2200	1268	-	Mobile element protein	
1723	3501	NEOS13_1695	peg	3501_1651_503	1651	503	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1724	3502	NEOS13_1696	peg	3502_1656_370	1656	370	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1725	3504	NEOS13_1697	peg	3504_20_202	20	202	+	hypothetical protein	
1726	3504	NEOS13_1698	peg	3504_637_524	637	524	-	hypothetical protein	
1727	3504	NEOS13_1699	peg	3504_1990_1133	1990	1133	-	AMP nucleosidase (EC 3.2.2.4)	
1728	3504	NEOS13_1700	peg	3504_3635_2406	3635	2406	-	hypothetical protein	
1729	3504	NEOS13_1701	peg	3504_3877_5481	3877	5481	+	Peptide chain release factor 3	
1730	3504	NEOS13_1702	peg	3504_5563_5441	5563	5441	-	hypothetical protein	
1731	3504	NEOS13_1703	peg	3504_6191_5679	6191	5679	-	hypothetical protein	
1732	3504	NEOS13_1704	peg	3504_6264_7313	6264	7313	+	A/G-specific adenine glycosylase (EC 3.2.2.-)	
1733	3504	NEOS13_1705	peg	3504_7543_9459	7543	9459	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1734	3504	NEOS13_1706	peg	3504_9469_9588	9469	9588	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1735	3506	NEOS13_1707	peg	3506_56_202	56	202	+	hypothetical protein	
1736	3506	NEOS13_1708	peg	3506_962_825	962	825	-	hypothetical protein	
1737	3507	NEOS13_1709	peg	3507_736_452	736	452	-	hypothetical protein	
1738	3509	NEOS13_1710	peg	3509_427_287	427	287	-	hypothetical protein	
1739	3509	NEOS13_1711	peg	3509_570_1358	570	1358	+	hypothetical protein	
1740	3510	NEOS13_1712	peg	3510_84_617	84	617	+	hypothetical protein	
1741	3510	NEOS13_1713	peg	3510_658_1740	658	1740	+	hypothetical protein	
1742	3510	NEOS13_1714	peg	3510_2026_2370	2026	2370	+	Mobile element protein	
1743	3511	NEOS13_1715	peg	3511_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1744	3511	NEOS13_1716	peg	3511_1150_2442	1150	2442	+	hypothetical protein	
1745	3511	NEOS13_1717	peg	3511_2698_2853	2698	2853	+	hypothetical protein	
1746	3511	NEOS13_1718	peg	3511_2864_3061	2864	3061	+	Mobile element protein	
1747	3511	NEOS13_1719	peg	3511_3058_3174	3058	3174	+	hypothetical protein	
1748	3511	NEOS13_1720	peg	3511_3181_3423	3181	3423	+	Mobile element protein	
1749	3512	NEOS13_1721	peg	3512_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1750	3512	NEOS13_1722	peg	3512_3968_1224	3968	1224	-	Tetratricopeptide TPR_2 repeat protein	
1751	3512	NEOS13_1723	peg	3512_4562_8761	4562	8761	+	hypothetical protein	
1752	3512	NEOS13_1724	peg	3512_8779_8928	8779	8928	+	hypothetical protein	
1753	3512	NEOS13_1725	peg	3512_8930_9076	8930	9076	+	hypothetical protein	
1754	3512	NEOS13_1726	peg	3512_9395_9135	9395	9135	-	hypothetical protein	
1755	3512	NEOS13_1727	peg	3512_9748_9446	9748	9446	-	reverse transcriptase/retron type, probably fragment	

1756	3513	NEOS13_1728	peg	3513_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1757	3513	NEOS13_1729	peg	3513_1348_5238	1348	5238	+	hypothetical protein	
1758	3514	NEOS13_1730	peg	3514_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1759	3514	NEOS13_1731	peg	3514_1181_1294	1181	1294	+	hypothetical protein	
1760	3514	NEOS13_1732	peg	3514_1763_1647	1763	1647	-	hypothetical protein	
1761	3514	NEOS13_1733	peg	3514_1938_2366	1938	2366	+	hypothetical protein	
1762	3514	NEOS13_1734	peg	3514_2638_2486	2638	2486	-	hypothetical protein	
1763	3514	NEOS13_1735	peg	3514_3264_4058	3264	4058	+	hypothetical protein	
1764	3514	NEOS13_1736	peg	3514_4549_4409	4549	4409	-	hypothetical protein	
1765	3514	NEOS13_1737	peg	3514_5116_4550	5116	4550	-	hypothetical protein	
1766	3514	NEOS13_1738	peg	3514_5961_5650	5961	5650	-	hypothetical protein	
1767	3514	NEOS13_1739	peg	3514_7216_6602	7216	6602	-	Alkaline phosphatase like protein	
1768	3515	NEOS13_1740	peg	3515_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1769	3515	NEOS13_1741	peg	3515_4116_1255	4116	1255	-	Valyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.9)	
1770	3515	NEOS13_1742	peg	3515_7747_4670	7747	4670	-	hypothetical protein	
1771	3515	NEOS13_1743	peg	3515_7967_8089	7967	8089	+	hypothetical protein	
1772	3515	NEOS13_1744	peg	3515_8357_8512	8357	8512	+	hypothetical protein	
1773	3515	NEOS13_1745	peg	3515_9230_8742	9230	8742	-	protein of unknown function DUF192	
1774	3515	NEOS13_1746	peg	3515_15057_9361	15057	9361	-	Excinuclease ABC subunit A, dimeric form	ABC_transporter
1775	3515	NEOS13_1747	peg	3515_15584_15453	15584	15453	-	hypothetical protein	
1776	3515	NEOS13_1748	peg	3515_15747_17516	15747	17516	+	Pyruvate kinase (EC 2.7.1.40)	Glycolysis Glucogenesis
1777	3515	NEOS13_1749	peg	3515_20468_17883	20468	17883	-	DNA topoisomerase I (EC 5.99.1.2)	
1778	3515	NEOS13_1750	peg	3515_20811_20954	20811	20954	+	hypothetical protein	
1779	3515	NEOS13_1751	peg	3515_22059_20956	22059	20956	-	3-dehydroquinate synthase (EC 4.2.3.4)	
1780	3515	NEOS13_1752	peg	3515_23971_23156	23971	23156	-	hypothetical protein	
1781	3515	NEOS13_1753	peg	3515_24061_24882	24061	24882	+	Chromosome (plasmid) partitioning protein ParB / Stage 0 sporulation protein J	
1782	3515	NEOS13_1754	peg	3515_25392_25526	25392	25526	+	hypothetical protein	
1783	3515	NEOS13_1755	peg	3515_26253_27362	26253	27362	+	hypothetical protein	
1784	3515	NEOS13_1756	peg	3515_27561_27394	27561	27394	-	hypothetical protein	
1785	3515	NEOS13_1757	peg	3515_27843_28976	27843	28976	+	BatA (Bacteroides aerotolerance operon)	
1786	3515	NEOS13_1758	peg	3515_28973_31864	28973	31864	+	hypothetical protein	
1787	3515	NEOS13_1759	peg	3515_31858_33606	31858	33606	+	hypothetical protein	
1788	3515	NEOS13_1760	peg	3515_33599_34417	33599	34417	+	putative batE protein	
1789	3515	NEOS13_1761	peg	3515_34665_34552	34665	34552	-	hypothetical protein	
1790	3515	NEOS13_1762	peg	3515_34982_35962	34982	35962	+	hypothetical protein	
1791	3515	NEOS13_1763	peg	3515_36199_36059	36199	36059	-	hypothetical protein	
1792	3515	NEOS13_1764	peg	3515_36271_38283	36271	38283	+	Ribonucleotide reductase of class II (coenzyme B12-dependent) (EC 1.17.4.1)	
1793	3515	NEOS13_1765	peg	3515_39710_39045	39710	39045	-	hypothetical protein	
1794	3515	NEOS13_1766	peg	3515_41117_39732	41117	39732	-	hypothetical protein	
1795	3515	NEOS13_1767	peg	3515_41462_41632	41462	41632	+	hypothetical protein	
1796	3516	NEOS13_1768	peg	3516_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1797	3516	NEOS13_1769	peg	3516_1956_4037	1956	4037	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1798	3516	NEOS13_1770	peg	3516_4079_4237	4079	4237	+	hypothetical protein	
1799	3516	NEOS13_1771	peg	3516_7211_4530	7211	4530	-	Mg(2+) transport ATPase, P-type (EC 3.6.3.2)	
1800	3516	NEOS13_1772	peg	3516_9977_7455	9977	7455	-	hypothetical protein	
1801	3516	NEOS13_1773	peg	3516_11391_11224	11391	11224	-	hypothetical protein	
1802	3516	NEOS13_1774	peg	3516_11345_14116	11345	14116	+	Chaperone protein DnaK	
1803	3516	NEOS13_1775	peg	3516_16144_14276	16144	14276	-	putative sulfate transport protein	
1804	3516	NEOS13_1776	peg	3516_16260_17687	16260	17687	+	GTP-binding protein EngA	
1805	3516	NEOS13_1777	peg	3516_17920_18759	17920	18759	+	Ribosomal protein L11 methyltransferase (EC 2.1.1.-)	
1806	3516	NEOS13_1778	peg	3516_19433_19179	19433	19179	-	hypothetical protein	
1807	3516	NEOS13_1779	peg	3516_21175_19508	21175	19508	-	Heat shock protein 60 family chaperone GroEL	
1808	3516	NEOS13_1780	peg	3516_21505_21212	21505	21212	-	Heat shock protein 60 family co-chaperone GroES	
1809	3516	NEOS13_1781	peg	3516_22877_21618	22877	21618	-	alternate gene name: yzbB	
1810	3516	NEOS13_1782	peg	3516_23479_24912	23479	24912	+	hypothetical protein	
1811	3516	NEOS13_1783	peg	3516_25429_25202	25429	25202	-	Mobile element protein	
1812	3516	NEOS13_1784	peg	3516_25904_25698	25904	25698	-	Mobile element protein	
1813	3516	NEOS13_1785	peg	3516_26327_26202	26327	26202	-	hypothetical protein	
1814	3516	NEOS13_1786	peg	3516_27972_26779	27972	26779	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1815	3517	NEOS13_1787	peg	3517_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1816	3517	NEOS13_1788	peg	3517_2126_1332	2126	1332	-	5-nucleotidase SurE (EC 3.1.3.5)	
1817	3517	NEOS13_1789	peg	3517_2277_3299	2277	3299	+	hypothetical protein	
1818	3517	NEOS13_1790	peg	3517_5221_3368	5221	3368	-	hypothetical protein	
1819	3517	NEOS13_1791	peg	3517_6081_5227	6081	5227	-	hypothetical protein	
1820	3517	NEOS13_1792	peg	3517_7071_6325	7071	6325	-	tRNA(Cytosine32)-2-thiocytidine synthetase	
1821	3517	NEOS13_1793	peg	3517_7191_7445	7191	7445	+	hypothetical protein	
1822	3517	NEOS13_0029ma	rna	3517_7675_7747	7675	7747	+	tRNA-Thr-TGT	RNA
1823	3517	NEOS13_0030ma	rna	3517_7755_7836	7755	7836	+	tRNA-Tyr-GTA	RNA
1824	3517	NEOS13_1794	peg	3517_8922_8032	8922	8032	-	Cassette chromosome recombinase B	
1825	3517	NEOS13_1795	peg	3517_9519_9220	9519	9220	-	hypothetical protein	

1826	3517	NEOS13_1796	peg	3517_9824_9651	9824	9651	-	hypothetical protein	
1827	3517	NEOS13_1797	peg	3517_11935_10715	11935	10715	-	putative Na(+)/H(+) antiporter	
1828	3517	NEOS13_1798	peg	3517_12692_12808	12692	12808	+	hypothetical protein	
1829	3517	NEOS13_1799	peg	3517_12820_12939	12820	12939	+	hypothetical protein	
1830	3517	NEOS13_1800	peg	3517_13164_13592	13164	13592	+	heat shock protein Hsp20	
1831	3517	NEOS13_1801	peg	3517_14266_13928	14266	13928	-	hypothetical protein	
1832	3517	NEOS13_1802	peg	3517_14781_14656	14781	14656	-	hypothetical protein	
1833	3517	NEOS13_1803	peg	3517_14827_16203	14827	16203	+	Mg/Co/Ni transporter MgtE / CBS domain	
1834	3517	NEOS13_1804	peg	3517_16791_17183	16791	17183	+	putative hyperosmotically inducible periplasmic protein	
1835	3517	NEOS13_1805	peg	3517_17199_17786	17199	17786	+	hypothetical protein	
1836	3517	NEOS13_1806	peg	3517_18207_19196	18207	19196	+	hypothetical protein	
1837	3517	NEOS13_1807	peg	3517_19753_19337	19753	19337	-	hypothetical protein	
1838	3517	NEOS13_1808	peg	3517_20169_19750	20169	19750	-	hypothetical protein	
1839	3517	NEOS13_1809	peg	3517_20712_20599	20712	20599	-	hypothetical protein	
1840	3517	NEOS13_1810	peg	3517_21389_20709	21389	20709	-	Probable O-methyltransferase	
1841	3517	NEOS13_1811	peg	3517_21494_21853	21494	21853	+	putative arsenate reductase(EC:1.-)	
1842	3517	NEOS13_1812	peg	3517_22197_22979	22197	22979	+	hypothetical protein	
1843	3517	NEOS13_1813	peg	3517_23251_23394	23251	23394	+	hypothetical protein	
1844	3517	NEOS13_1814	peg	3517_24256_24122	24256	24122	-	hypothetical protein	
1845	3517	NEOS13_1815	peg	3517_24629_25138	24629	25138	+	hypothetical protein	
1846	3517	NEOS13_1816	peg	3517_26235_25237	26235	25237	-	hypothetical protein	
1847	3518	NEOS13_1817	peg	3518_45_1028	45	1028	+	Retron-type RNA-directed DNA polymerase (EC 2.7.7.49)	
1848	3518	NEOS13_1818	peg	3518_1121_1282	1121	1282	+	hypothetical protein	
1849	3518	NEOS13_1819	peg	3518_1385_2095	1385	2095	+	hypothetical protein	
1850	3518	NEOS13_1820	peg	3518_2844_2635	2844	2635	-	hypothetical protein	
1851	3518	NEOS13_1821	peg	3518_2945_3244	2945	3244	+	HigA protein (antitoxin to HigB)	
1852	3518	NEOS13_1822	peg	3518_3680_3871	3680	3871	+	hypothetical protein	
1853	3519	NEOS13_1823	peg	3519_1026_2102	1026	2102	+	Branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase, E1 component, alpha subunit (EC 1.2.4.4)	
1854	3519	NEOS13_1824	peg	3519_2132_3109	2132	3109	+	Branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase, E1 component, beta subunit (EC 1.2.4.4)	Glycolysis_Glucogenesis
1855	3519	NEOS13_1825	peg	3519_3122_4348	3122	4348	+	Dihydrolipoamide acyltransferase component of branched-chain alpha-keto acid dehydrogenase complex (EC 2.3.1.168)	Glycolysis_Glucogenesis
1856	3519	NEOS13_1826	peg	3519_4311_4448	4311	4448	+	hypothetical protein	
1857	3519	NEOS13_1827	peg	3519_4602_6293	4602	6293	+	Potassium-transporting ATPase A chain (EC 3.6.3.12) (TC 3.A.3.7.1)	
1858	3519	NEOS13_1828	peg	3519_6364_8460	6364	8460	+	Potassium-transporting ATPase B chain (EC 3.6.3.12) (TC 3.A.3.7.1)	
1859	3519	NEOS13_1829	peg	3519_8498_9058	8498	9058	+	Potassium-transporting ATPase C chain (EC 3.6.3.12) (TC 3.A.3.7.1)	
1860	3519	NEOS13_1830	peg	3519_10665_12377	10665	12377	+	hypothetical protein	
1861	3519	NEOS13_1831	peg	3519_12843_14420	12843	14420	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1862	3519	NEOS13_1832	peg	3519_15173_15048	15173	15048	-	hypothetical protein	
1863	3519	NEOS13_1833	peg	3519_15490_15371	15490	15371	-	hypothetical protein	
1864	3519	NEOS13_1834	peg	3519_15902_15678	15902	15678	-	hypothetical protein	
1865	3519	NEOS13_1835	peg	3519_16222_17631	16222	17631	+	hypothetical protein	
1866	3519	NEOS13_1836	peg	3519_19189_17903	19189	17903	-	RNA methyltransferase, TrmA family	
1867	3519	NEOS13_1837	peg	3519_20939_19182	20939	19182	-	Single-stranded-DNA-specific exonuclease RecJ (EC 3.1.-.-)	
1868	3519	NEOS13_1838	peg	3519_26072_21498	26072	21498	-	Protein-export membrane protein SecD (TC 3.A.5.1.1) / Protein-export membrane protein SecF (TC 3.A.5.1.1)	
1869	3519	NEOS13_1839	peg	3519_28005_26452	28005	26452	-	ADP/ATP Translocase, NTT1	NTT
1870	3519	NEOS13_1840	peg	3519_29197_28682	29197	28682	-	FIG00493911: hypothetical protein	
1871	3519	NEOS13_1841	peg	3519_29550_30665	29550	30665	+	hypothetical protein	
1872	3519	NEOS13_1842	peg	3519_30662_31654	30662	31654	+	Manganese ABC transporter, periplasmic-binding protein SitA	ABC_transporter
1873	3519	NEOS13_1843	peg	3519_31651_32439	31651	32439	+	Manganese ABC transporter, ATP-binding protein SitB	ABC_transporter
1874	3519	NEOS13_1844	peg	3519_32444_33796	32444	33796	+	Manganese ABC transporter, inner membrane permease protein SitC	ABC_transporter
1875	3519	NEOS13_1845	peg	3519_33793_34803	33793	34803	+	Manganese ABC transporter, inner membrane permease protein SitD	ABC_transporter
1876	3519	NEOS13_1846	peg	3519_35587_34817	35587	34817	-	hypothetical protein	
1877	3519	NEOS13_1847	peg	3519_36258_36139	36258	36139	-	hypothetical protein	
1878	3520	NEOS13_0031m a	rna	3520_311_3338	311	3338	+	Large Subunit Ribosomal RNA; lsuRNA; LSU rRNA	RNA
1879	3520	NEOS13_1848	peg	3520_3643_3765	3643	3765	+	hypothetical protein	
1880	3520	NEOS13_1849	peg	3520_5773_3740	5773	3740	-	hypothetical protein	
1881	3520	NEOS13_1850	peg	3520_6047_7234	6047	7234	+	hypothetical protein	
1882	3520	NEOS13_1851	peg	3520_7954_7256	7954	7256	-	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase E (EC 2.1.1.-)	
1883	3520	NEOS13_1852	peg	3520_9060_7957	9060	7957	-	FIG00493852: hypothetical protein	
1884	3520	NEOS13_1853	peg	3520_9902_9195	9902	9195	-	Hypothetical protein YbbP, contains nucleotide-binding domain of DisA bacterial checkpoint controller	
1885	3520	NEOS13_1854	peg	3520_10783_10007	10783	10007	-	Dihydropterolate synthase (EC 2.5.1.15)	
1886	3520	NEOS13_1855	peg	3520_10913_12316	10913	12316	+	Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation
1887	3520	NEOS13_1856	peg	3520_12313_13344	12313	13344	+	Cytochrome d ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation

1888	3520	NEOS13_1857	peg	3520_14584_13358	14584	13358	-	Dihydrofolate synthase (EC 6.3.2.12) / Folylpolyglutamate synthase (EC 6.3.2.17)	
1889	3520	NEOS13_1858	peg	3520_15438_14584	15438	14584	-	COG0613, Predicted metal-dependent phosphoesterases (PHP family)	
1890	3520	NEOS13_1859	peg	3520_16325_15435	16325	15435	-	UDP-N-acetylenolpyruvoylglucosamine reductase (EC 1.1.1.158)	
1891	3520	NEOS13_1860	peg	3520_16842_16330	16842	16330	-	Transcription termination protein NusB	
1892	3520	NEOS13_0032ma	rna	3520_17271_17344	17271	17344	+	tRNA-Met-CAT	RNA
1893	3520	NEOS13_1861	peg	3520_17611_17471	17611	17471	-	hypothetical protein	
1894	3520	NEOS13_1862	peg	3520_17929_17621	17929	17621	-	hypothetical protein	
1895	3520	NEOS13_1863	peg	3520_18302_17913	18302	17913	-	hypothetical protein	
1896	3520	NEOS13_1864	peg	3520_18822_19094	18822	19094	+	hypothetical protein	
1897	3520	NEOS13_1865	peg	3520_19396_19548	19396	19548	+	hypothetical protein	
1898	3520	NEOS13_1866	peg	3520_20728_19787	20728	19787	-	putative MutE/nudix family protein	
1899	3520	NEOS13_1867	peg	3520_21027_20749	21027	20749	-	hypothetical protein	
1900	3520	NEOS13_1868	peg	3520_21682_21158	21682	21158	-	conserved protein	
1901	3520	NEOS13_1869	peg	3520_21876_22103	21876	22103	+	hypothetical protein	
1902	3520	NEOS13_1870	peg	3520_23204_22959	23204	22959	-	hypothetical protein	
1903	3520	NEOS13_1871	peg	3520_23658_23885	23658	23885	+	hypothetical protein	
1904	3520	NEOS13_1872	peg	3520_24862_24722	24862	24722	-	hypothetical protein	
1905	3520	NEOS13_1873	peg	3520_25130_25270	25130	25270	+	hypothetical protein	
1906	3520	NEOS13_1874	peg	3520_25837_27114	25837	27114	+	hypothetical protein	
1907	3520	NEOS13_1875	peg	3520_27675_29894	27675	29894	+	hypothetical protein	
1908	3520	NEOS13_1876	peg	3520_30506_30682	30506	30682	+	hypothetical protein	
1909	3520	NEOS13_1877	peg	3520_31000_30734	31000	30734	-	hypothetical protein	
1910	3520	NEOS13_1878	peg	3520_31234_31001	31234	31001	-	hypothetical protein	
1911	3520	NEOS13_1879	peg	3520_31468_31710	31468	31710	+	hypothetical protein	
1912	3520	NEOS13_1880	peg	3520_32214_32005	32214	32005	-	hypothetical protein	
1913	3520	NEOS13_1881	peg	3520_32362_34233	32362	34233	+	hypothetical protein	
1914	3520	NEOS13_1882	peg	3520_35439_34975	35439	34975	-	hypothetical protein	
1915	3520	NEOS13_1883	peg	3520_35605_35459	35605	35459	-	hypothetical protein	
1916	3520	NEOS13_1884	peg	3520_36071_36190	36071	36190	+	hypothetical protein	
1917	3520	NEOS13_1885	peg	3520_36408_36527	36408	36527	+	hypothetical protein	
1918	3520	NEOS13_1886	peg	3520_37055_37237	37055	37237	+	hypothetical protein	
1919	3520	NEOS13_1887	peg	3520_38807_37314	38807	37314	-	hypothetical protein	
1920	3520	NEOS13_1888	peg	3520_39058_39648	39058	39648	+	GCN5-related N-acetyltransferase	
1921	3520	NEOS13_1889	peg	3520_39938_40114	39938	40114	+	hypothetical protein	
1922	3520	NEOS13_1890	peg	3520_40372_40575	40372	40575	+	DUF378 domain-containing protein	
1923	3520	NEOS13_1891	peg	3520_41520_41071	41520	41071	-	Membrane-associated phospholipid phosphatase	
1924	3520	NEOS13_1892	peg	3520_42319_41834	42319	41834	-	hypothetical protein	
1925	3520	NEOS13_1893	peg	3520_42593_42730	42593	42730	+	hypothetical protein	
1926	3520	NEOS13_1894	peg	3520_42845_43288	42845	43288	+	hypothetical protein	
1927	3520	NEOS13_1895	peg	3520_43390_45432	43390	45432	+	Thymidylate kinase (EC 2.7.4.9)	
1928	3521	NEOS13_1896	peg	3521_879_995	879	995	+	hypothetical protein	
1929	3521	NEOS13_1897	peg	3521_1053_1469	1053	1469	+	hypothetical protein	
1930	3521	NEOS13_1898	peg	3521_1841_2413	1841	2413	+	hypothetical protein	
1931	3521	NEOS13_1899	peg	3521_2403_2657	2403	2657	+	hypothetical protein	
1932	3521	NEOS13_1900	peg	3521_2862_3035	2862	3035	+	hypothetical protein	
1933	3523	NEOS13_1901	peg	3523_1882_605	1882	605	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1934	3523	NEOS13_1902	peg	3523_2213_2010	2213	2010	-	hypothetical protein	
1935	3523	NEOS13_1903	peg	3523_3509_2367	3509	2367	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
1936	3524	NEOS13_1904	peg	3524_1208_420	1208	420	-	hypothetical protein	
1937	3524	NEOS13_1905	peg	3524_1351_1491	1351	1491	+	hypothetical protein	
1938	3524	NEOS13_1906	peg	3524_1826_1584	1826	1584	-	hypothetical protein	
1939	3525	NEOS13_1907	peg	3525_55_927	55	927	+	hypothetical protein	
1940	3526	NEOS13_1908	peg	3526_40_168	40	168	+	hypothetical protein	
1941	3526	NEOS13_1909	peg	3526_283_726	283	726	+	transposase, IS4 family protein	Transposase
1942	3526	NEOS13_1910	peg	3526_1257_5834	1257	5834	+	hypothetical protein	
1943	3526	NEOS13_1911	peg	3526_5818_5931	5818	5931	+	hypothetical protein	
1944	3528	NEOS13_1912	peg	3528_393_172	393	172	-	Mobile element protein	
1945	3529	NEOS13_1913	peg	3529_76_240	76	240	+	hypothetical protein	
1946	3529	NEOS13_1914	peg	3529_557_1213	557	1213	+	Carbonic anhydrase (EC 4.2.1.1)	
1947	3529	NEOS13_1915	peg	3529_2932_1601	2932	1601	-	Enolase (EC 4.2.1.11)	Glycolysis_Gluconogenesis
1948	3529	NEOS13_1916	peg	3529_4394_3240	4394	3240	-	Ribosome small subunit-stimulated GTPase EngC	
1949	3529	NEOS13_1917	peg	3529_5146_4391	5146	4391	-	hypothetical protein	
1950	3529	NEOS13_1918	peg	3529_6513_5446	6513	5446	-	hypothetical protein	
1951	3529	NEOS13_1919	peg	3529_7583_6720	7583	6720	-	hypothetical protein	
1952	3529	NEOS13_1920	peg	3529_8571_8446	8571	8446	-	hypothetical protein	
1953	3529	NEOS13_1921	peg	3529_8834_8995	8834	8995	+	hypothetical protein	
1954	3529	NEOS13_1922	peg	3529_9007_9162	9007	9162	+	hypothetical protein	
1955	3529	NEOS13_1923	peg	3529_9442_9242	9442	9242	-	hypothetical protein	
1956	3529	NEOS13_1924	peg	3529_10844_9609	10844	9609	-	tRNA nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.21) (EC 2.7.7.25)	
1957	3529	NEOS13_1925	peg	3529_10898_12868	10898	12868	+	DNA mismatch repair protein MutL	
1958	3529	NEOS13_1926	peg	3529_12872_13915	12872	13915	+	Aminopeptidase YpdF (MP-, MA-, MS-, AP-, NP- specific)	
1959	3529	NEOS13_1927	peg	3529_15922_13904	15922	13904	-	hypothetical protein	
1960	3529	NEOS13_1928	peg	3529_16449_18239	16449	18239	+	Phosphate regulon sensor protein PhoR (SphS) (EC 2.7.13.3)	
1961	3529	NEOS13_1929	peg	3529_18363_19355	18363	19355	+	MoxR-like ATPase in aerotolerance operon	
1962	3529	NEOS13_1930	peg	3529_19371_20258	19371	20258	+	hypothetical protein PA3071	
1963	3529	NEOS13_1931	peg	3529_20255_21295	20255	21295	+	hypothetical protein	

1964	3529	NEOS13_1932	peg	3529_21489_22109	21489	22109	+	SSU ribosomal protein S4p (S9e)	
1965	3529	NEOS13_1933	peg	3529_22130_22243	22130	22243	+	hypothetical protein	
1966	3529	NEOS13_1934	peg	3529_24249_22735	24249	22735	-	integral membrane protein MviN	
1967	3529	NEOS13_1935	peg	3529_24517_25473	24517	25473	+	Endonuclease IV (EC 3.1.21.2)	
1968	3529	NEOS13_1936	peg	3529_25484_26887	25484	26887	+	Asparaginyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.22)	
1969	3529	NEOS13_1937	peg	3529_27951_28655	27951	28655	+	hypothetical protein	
1970	3529	NEOS13_1938	peg	3529_28633_28776	28633	28776	+	hypothetical protein	
1971	3529	NEOS13_1939	peg	3529_28808_28969	28808	28969	+	hypothetical protein	
1972	3529	NEOS13_1940	peg	3529_29357_29662	29357	29662	+	hypothetical protein	
1973	3529	NEOS13_1941	peg	3529_31344_29707	31344	29707	-	NAD synthetase (EC 6.3.1.5) / Glutamine amidotransferase chain of NAD synthetase	
1974	3529	NEOS13_1942	peg	3529_32693_31362	32693	31362	-	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit F (EC 1.6.5.-)	Oxidative_Phosphorylation
1975	3529	NEOS13_1943	peg	3529_32859_34715	32859	34715	+	Chaperone protein HtpG	
1976	3529	NEOS13_1944	peg	3529_34798_35934	34798	35934	+	hypothetical protein	
1977	3529	NEOS13_1945	peg	3529_36016_36189	36016	36189	+	hypothetical protein	
1978	3529	NEOS13_1946	peg	3529_36250_36933	36250	36933	+	hypothetical protein	
1979	3529	NEOS13_1947	peg	3529_37436_41953	37436	41953	+	hypothetical protein	
1980	3529	NEOS13_1948	peg	3529_42168_43589	42168	43589	+	hypothetical protein	
1981	3529	NEOS13_1949	peg	3529_44312_43848	44312	43848	-	Mobile element protein	
1982	3531	NEOS13_1950	peg	3531_1962_4133	1962	4133	+	Lead, cadmium, zinc and mercury transporting ATPase (EC 3.6.3.3) (EC 3.6.3.5); Copper-translocating P-type ATPase (EC 3.6.3.4)	
1983	3531	NEOS13_1951	peg	3531_4836_4717	4836	4717	-	hypothetical protein	
1984	3531	NEOS13_1952	peg	3531_4939_4811	4939	4811	-	hypothetical protein	
1985	3531	NEOS13_1953	peg	3531_4942_6072	4942	6072	+	hypothetical protein	
1986	3531	NEOS13_1954	peg	3531_6432_6289	6432	6289	-	hypothetical protein	
1987	3531	NEOS13_1955	peg	3531_6618_8033	6618	8033	+	DNA methylation and regulatory protein Ada (EC:2.1.1.63)	
1988	3531	NEOS13_1956	peg	3531_8062_8550	8062	8550	+	Methylated-DNA--protein-cysteine methyltransferase (EC 2.1.1.63)	
1989	3531	NEOS13_1957	peg	3531_8987_8817	8987	8817	-	hypothetical protein	
1990	3532	NEOS13_1958	peg	3532_33_1193	33	1193	+	hypothetical protein	
1991	3532	NEOS13_1959	peg	3532_1877_2053	1877	2053	+	transmembrane protein	
1992	3532	NEOS13_1960	peg	3532_2328_2588	2328	2588	+	hypothetical protein	
1993	3532	NEOS13_1961	peg	3532_2718_3419	2718	3419	+	MgtC/SapB transporter	
1994	3532	NEOS13_1962	peg	3532_3591_3749	3591	3749	+	hypothetical protein	
1995	3532	NEOS13_1963	peg	3532_4193_4975	4193	4975	+	hypothetical protein	
1996	3532	NEOS13_1964	peg	3532_5872_5453	5872	5453	-	hypothetical protein	
1997	3532	NEOS13_1965	peg	3532_7728_6220	7728	6220	-	hypothetical protein	
1998	3532	NEOS13_1966	peg	3532_8758_7685	8758	7685	-	hypothetical protein	
1999	3532	NEOS13_1967	peg	3532_8768_8977	8768	8977	+	hypothetical protein	
2000	3532	NEOS13_1968	peg	3532_9680_8994	9680	8994	-	ABC transporter-related protein	ABC_transporter
2001	3532	NEOS13_1969	peg	3532_10846_9689	10846	9689	-	ABC-transporter permease protein, putative	ABC_transporter
2002	3532	NEOS13_1970	peg	3532_11061_11996	11061	11996	+	heme ABC transporter, ATP-binding protein	ABC_transporter
2003	3532	NEOS13_1971	peg	3532_11986_12768	11986	12768	+	ABC-2 type transporter	ABC_transporter
2004	3532	NEOS13_1972	peg	3532_12809_13087	12809	13087	+	hypothetical protein	
2005	3532	NEOS13_1973	peg	3532_13210_13097	13210	13097	-	hypothetical protein	
2006	3532	NEOS13_1974	peg	3532_13764_13351	13764	13351	-	hypothetical protein	
2007	3532	NEOS13_1975	peg	3532_14197_13910	14197	13910	-	hypothetical protein	
2008	3532	NEOS13_1976	peg	3532_14271_14399	14271	14399	+	hypothetical protein	
2009	3532	NEOS13_1977	peg	3532_14624_15088	14624	15088	+	hypothetical protein	
2010	3532	NEOS13_1978	peg	3532_15089_15418	15089	15418	+	hypothetical protein	
2011	3532	NEOS13_1979	peg	3532_15735_16322	15735	16322	+	hypothetical protein	
2012	3532	NEOS13_1980	peg	3532_16319_17173	16319	17173	+	hypothetical protein	
2013	3532	NEOS13_0033m a	rna	3532_17694_17612	17694	17612	-	tRNA-Leu-CAA	RNA
2014	3532	NEOS13_1981	peg	3532_19234_17834	19234	17834	-	hypothetical protein	
2015	3532	NEOS13_1982	peg	3532_20497_19328	20497	19328	-	conserved hypothetical protein	
2016	3532	NEOS13_1983	peg	3532_20598_21290	20598	21290	+	PqqC-like protein	
2017	3532	NEOS13_1984	peg	3532_21324_22355	21324	22355	+	putative proteinase IV	
2018	3532	NEOS13_1985	peg	3532_22521_25202	22521	25202	+	DNA polymerase I (EC 2.7.7.7)	
2019	3532	NEOS13_1986	peg	3532_25436_25801	25436	25801	+	Dephospho-CoA kinase (EC 2.7.1.24)	Coenzyme_A_biosynthesis
2020	3532	NEOS13_1987	peg	3532_25823_27190	25823	27190	+	Transcription termination factor Rho	
2021	3532	NEOS13_1988	peg	3532_27286_28146	27286	28146	+	hypothetical protein	
2022	3532	NEOS13_1989	peg	3532_28516_28656	28516	28656	+	hypothetical protein	
2023	3533	NEOS13_1990	peg	3533_33_1193	33	1193	+	hypothetical protein	
2024	3533	NEOS13_1991	peg	3533_2621_1404	2621	1404	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2025	3534	NEOS13_1992	peg	3534_33_1193	33	1193	+	hypothetical protein	
2026	3537	NEOS13_1993	peg	3537_404_33	404	33	-	hypothetical protein	
2027	3537	NEOS13_1994	peg	3537_1046_405	1046	405	-	hypothetical protein	
2028	3537	NEOS13_1995	peg	3537_1688_1047	1688	1047	-	hypothetical protein	
2029	3537	NEOS13_1996	peg	3537_2111_1689	2111	1689	-	hypothetical protein	
2030	3537	NEOS13_1997	peg	3537_3000_2194	3000	2194	-	hypothetical protein	
2031	3537	NEOS13_1998	peg	3537_5602_3440	5602	3440	-	hypothetical protein	
2032	3537	NEOS13_1999	peg	3537_5731_5937	5731	5937	+	hypothetical protein	
2033	3538	NEOS13_2000	peg	3538_46_1299	46	1299	+	Mobile element protein	
2034	3539	NEOS13_2001	peg	3539_24_314	24	314	+	Mobile element protein	
2035	3539	NEOS13_2002	peg	3539_422_904	422	904	+	Transposase, IS4 family protein	Transposase
2036	3539	NEOS13_2003	peg	3539_1230_1111	1230	1111	-	hypothetical protein	
2037	3539	NEOS13_2004	peg	3539_2495_1227	2495	1227	-	NADH dehydrogenase (EC 1.6.99.3)	Oxidative_Phosphorylation
2038	3539	NEOS13_2005	peg	3539_3669_2608	3669	2608	-	Cytochrome c551 peroxidase (EC 1.11.1.5)	

2039	3539	NEOS13_2006	peg	3539_3917_4069	3917	4069	+	hypothetical protein	
2040	3539	NEOS13_2007	peg	3539_5560_4481	5560	4481	-	Fructose-bisphosphate aldolase class I (EC 4.1.2.13)	Glycolysis_Gluconeogenesis
2041	3539	NEOS13_2008	peg	3539_5790_7505	5790	7505	+	hypothetical protein	
2042	3539	NEOS13_2009	peg	3539_8259_8074	8259	8074	-	hypothetical protein	
2043	3539	NEOS13_2010	peg	3539_8266_8859	8266	8859	+	hypothetical protein	
2044	3539	NEOS13_2011	peg	3539_9184_9363	9184	9363	+	hypothetical protein	
2045	3539	NEOS13_2012	peg	3539_9539_9658	9539	9658	+	hypothetical protein	
2046	3539	NEOS13_2013	peg	3539_12902_9843	12902	9843	-	RND multidrug efflux transporter; Acriflavin resistance protein	
2047	3539	NEOS13_2014	peg	3539_13777_12965	13777	12965	-	RND efflux membrane fusion protein, acriflavin resistance protein E	
2048	3539	NEOS13_2015	peg	3539_14688_13792	14688	13792	-	outer membrane efflux protein, putative	
2049	3539	NEOS13_2016	peg	3539_16291_15305	16291	15305	-	hypothetical protein	
2050	3539	NEOS13_2017	peg	3539_17782_16565	17782	16565	-	DEAD/DEAH box helicase-like	
2051	3539	NEOS13_2018	peg	3539_18458_18339	18458	18339	-	hypothetical protein	
2052	3539	NEOS13_2019	peg	3540_277_1773	277	1773	+	hypothetical protein	
2053	3540	NEOS13_2020	peg	3540_2361_3866	2361	3866	+	Outer membrane component of tripartite multidrug resistance system	
2054	3540	NEOS13_2021	peg	3540_4016_3834	4016	3834	-	hypothetical protein	
2055	3540	NEOS13_2022	peg	3540_4695_5150	4695	5150	+	RND family multidrug resistance secretion protein	
2056	3540	NEOS13_2023	peg	3540_5153_6703	5153	6703	+	Inner membrane component of tripartite multidrug resistance system	
2057	3540	NEOS13_2024	peg	3540_8617_6878	8617	6878	-	hypothetical protein	
2058	3540	NEOS13_2025	peg	3540_9141_8731	9141	8731	-	putative stress-induced protein OsmC	
2059	3540	NEOS13_2026	peg	3540_9478_9341	9478	9341	-	hypothetical protein	
2060	3540	NEOS13_2027	peg	3540_9774_10556	9774	10556	+	hypothetical protein	
2061	3540	NEOS13_2028	peg	3540_10541_10666	10541	10666	+	hypothetical protein	
2062	3540	NEOS13_2029	peg	3540_10975_10733	10975	10733	-	hypothetical protein	
2063	3541	NEOS13_2030	peg	3541_339_145	339	145	-	hypothetical protein	
2064	3541	NEOS13_2031	peg	3541_864_505	864	505	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2065	3542	NEOS13_2032	peg	3542_537_650	537	650	+	hypothetical protein	
2066	3542	NEOS13_2033	peg	3542_1485_1345	1485	1345	-	hypothetical protein	
2067	3542	NEOS13_2034	peg	3542_1451_1888	1451	1888	+	hypothetical protein	
2068	3542	NEOS13_2035	peg	3542_2363_3040	2363	3040	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2069	3542	NEOS13_2036	peg	3542_4015_4149	4015	4149	+	hypothetical protein	
2070	3542	NEOS13_2037	peg	3542_7426_4523	7426	4523	-	hypothetical protein	
2071	3542	NEOS13_2038	peg	3542_10490_8400	10490	8400	-	Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (EC 2.7.7.8)	
2072	3542	NEOS13_2039	peg	3542_11052_10783	11052	10783	-	SSU ribosomal protein S15p (S13e)	
2073	3542	NEOS13_2040	peg	3542_11392_12066	11392	12066	+	hypothetical protein	
2074	3542	NEOS13_2041	peg	3542_12069_12572	12069	12572	+	tRNA-specific adenosine-34 deaminase (EC 3.5.4.-)	
2075	3542	NEOS13_2042	peg	3542_12959_12837	12959	12837	-	hypothetical protein	
2076	3542	NEOS13_2043	peg	3542_14550_13195	14550	13195	-	WD-40 repeat protein	
2077	3542	NEOS13_2044	peg	3542_15335_15096	15335	15096	-	hypothetical protein	
2078	3542	NEOS13_2045	peg	3542_16520_15669	16520	15669	-	hypothetical protein	
2079	3542	NEOS13_2046	peg	3542_16840_17175	16840	17175	+	LSU ribosomal protein L31p	
2080	3542	NEOS13_2047	peg	3542_17253_18320	17253	18320	+	Peptide chain release factor 1	
2081	3542	NEOS13_2048	peg	3542_18560_19408	18560	19408	+	Methylase of polypeptide chain release factors	
2082	3542	NEOS13_2049	peg	3542_19450_20778	19450	20778	+	Signal recognition particle, subunit Ffh SRP54 (TC 3.A.5.1.1)	Sec_T2SS
2083	3542	NEOS13_2050	peg	3542_20769_21101	20769	21101	+	SSU ribosomal protein S16p	
2084	3542	NEOS13_2051	peg	3542_21180_21803	21180	21803	+	tRNA (Guanine37-N1) - methyltransferase (EC 2.1.1.31)	
2085	3542	NEOS13_2052	peg	3542_21809_22225	21809	22225	+	LSU ribosomal protein L19p	
2086	3542	NEOS13_2053	peg	3542_22235_22918	22235	22918	+	Ribonuclease HII (EC 3.1.26.4)	
2087	3542	NEOS13_2054	peg	3542_23039_23791	23039	23791	+	hypothetical protein	
2088	3542	NEOS13_2055	peg	3542_24725_24853	24725	24853	+	hypothetical protein	
2089	3543	NEOS13_2056	peg	3543_540_2618	540	2618	+	Protein export cytoplasm protein SecA ATPase RNA helicase (TC 3.A.5.1.1)	
2090	3543	NEOS13_2057	peg	3543_2588_3097	2588	3097	+	hypothetical protein	
2091	3543	NEOS13_2058	peg	3543_3372_3911	3372	3911	+	hypothetical protein	
2092	3543	NEOS13_2059	peg	3543_4708_4920	4708	4920	+	hypothetical protein	
2093	3543	NEOS13_2060	peg	3543_5960_5031	5960	5031	-	Mobile element protein	
2094	3543	NEOS13_2061	peg	3543_6091_6267	6091	6267	+	hypothetical protein	
2095	3543	NEOS13_2062	peg	3543_6322_6465	6322	6465	+	hypothetical protein	
2096	3543	NEOS13_2063	peg	3543_6848_7405	6848	7405	+	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)	
2097	3543	NEOS13_2064	peg	3543_7641_7477	7641	7477	-	hypothetical protein	
2098	3543	NEOS13_2065	peg	3543_8729_7785	8729	7785	-	Predicted hydrolase of the alpha/beta-hydrolase fold	
2099	3543	NEOS13_2066	peg	3543_10033_9140	10033	9140	-	Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)	
2100	3543	NEOS13_2067	peg	3543_10394_10645	10394	10645	+	hypothetical protein	
2101	3543	NEOS13_2068	peg	3543_11855_10695	11855	10695	-	hypothetical protein	Outer membrane protein
2102	3544	NEOS13_2069	peg	3544_65_664	65	664	+	hypothetical protein	
2103	3544	NEOS13_2070	peg	3544_1406_1567	1406	1567	+	hypothetical protein	
2104	3545	NEOS13_2071	peg	3545_329_454	329	454	+	hypothetical protein	
2105	3545	NEOS13_2072	peg	3545_948_676	948	676	-	DNA-damage-inducible protein J	
2106	3545	NEOS13_2073	peg	3545_1412_1290	1412	1290	-	hypothetical protein	
2107	3547	NEOS13_2074	peg	3547_838_1407	838	1407	+	hypothetical protein	
2108	3547	NEOS13_2075	peg	3547_1658_1533	1658	1533	-	hypothetical protein	
2109	3547	NEOS13_2076	peg	3547_2116_1787	2116	1787	-	hypothetical protein	
2110	3547	NEOS13_2077	peg	3547_2487_2362	2487	2362	-	hypothetical protein	
2111	3547	NEOS13_2078	peg	3547_3233_2628	3233	2628	-	putative rRNA methylase	

2112	3547	NEOS13_2079	peg	3547_3774_3262	3774	3262	-	hypothetical protein	
2113	3547	NEOS13_2080	peg	3547_4254_3778	4254	3778	-	hypothetical protein	
2114	3547	NEOS13_2081	peg	3547_4307_4804	4307	4804	+	[leader (60) peptide-periplasmic]	
2115	3547	NEOS13_2082	peg	3547_5250_4945	5250	4945	-	SSU ribosomal protein S14p (S29e) @ SSU ribosomal protein S14p (S29e), zinc-independent	
2116	3547	NEOS13_2083	peg	3547_5403_5266	5403	5266	-	LSU ribosomal protein L36p	
2117	3547	NEOS13_2084	peg	3547_5722_5859	5722	5859	+	LSU ribosomal protein L34p	
2118	3547	NEOS13_2085	peg	3547_5856_6209	5856	6209	+	ribonuclease P	
2119	3547	NEOS13_2086	peg	3547_6193_8199	6193	8199	+	ATP-dependent DNA helicase UvrD/PcrA	
2120	3547	NEOS13_2087	peg	3547_9512_8472	9512	8472	-	thioredoxin/thiol-disulfide isomerase	
2121	3547	NEOS13_2088	peg	3547_9594_10064	9594	10064	+	hypothetical protein	
2122	3547	NEOS13_2089	peg	3547_10637_12004	10637	12004	+	sodium/alanine symporter family protein	
2123	3547	NEOS13_2090	peg	3547_12509_12703	12509	12703	+	hypothetical protein	
2124	3547	NEOS13_2091	peg	3547_13961_13359	13961	13359	-	CDP-diacylglycerol--glycerol-3- phosphate 3-phosphatidyltransferase (EC 2.7.8.5)	
2125	3547	NEOS13_2092	peg	3547_15580_14054	15580	14054	-	Glycogen synthase, ADP-glucose transglucosylase (EC 2.4.1.21)	
2126	3547	NEOS13_2093	peg	3547_15730_15873	15730	15873	+	hypothetical protein	
2127	3547	NEOS13_0034ma	rna	3547_16124_16195	16124	16195	+	tRNA-Gln-TTG	RNA
2128	3547	NEOS13_2094	peg	3547_16222_17148	16222	17148	+	Ribose-phosphate pyrophosphokinase (EC 2.7.6.1)	
2129	3547	NEOS13_2095	peg	3547_17228_17791	17228	17791	+	LSU ribosomal protein L25p	
2130	3547	NEOS13_2096	peg	3547_17828_18400	17828	18400	+	Peptidyl-tRNA hydrolase (EC 3.1.1.29)	
2131	3547	NEOS13_2097	peg	3547_18442_18789	18442	18789	+	SSU ribosomal protein S6p	
2132	3547	NEOS13_2098	peg	3547_18802_19059	18802	19059	+	SSU ribosomal protein S18p @ SSU ribosomal protein S18p, zinc- independent	
2133	3547	NEOS13_2099	peg	3547_19078_19575	19078	19575	+	LSU ribosomal protein L9p	
2134	3547	NEOS13_2100	peg	3547_19671_20516	19671	20516	+	4-diphosphocytidyl-2-C-methyl-D- erythritol kinase (EC 2.7.1.148)	
2135	3547	NEOS13_2101	peg	3547_20749_21735	20749	21735	+	ADP-L-glycero-D-manno-heptose-6- epimerase (EC 5.1.3.20)	
2136	3547	NEOS13_2102	peg	3547_21795_23021	21795	23021	+	ADP-heptose synthase (EC 2.7.-.-) / D- glycero-beta-D-manno-heptose 7- phosphate kinase	
2137	3547	NEOS13_2103	peg	3547_23447_25234	23447	25234	+	DNA primase (EC 2.7.7.-)	
2138	3547	NEOS13_2104	peg	3547_25315_26994	25315	26994	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2139	3547	NEOS13_2105	peg	3547_28532_27348	28532	27348	-	Outer membrane autotransporter barrel	
2140	3547	NEOS13_2106	peg	3547_29105_28695	29105	28695	-	hypothetical protein	
2141	3547	NEOS13_2107	peg	3547_29480_29277	29480	29277	-	hypothetical protein	
2142	3547	NEOS13_2108	peg	3547_31301_29637	31301	29637	-	Phosphoglucosmutase (EC 5.4.2.2)	
2143	3547	NEOS13_2109	peg	3547_31666_32172	31666	32172	+	Non-specific DNA-binding protein Dps / Iron-binding ferritin-like antioxidant protein / Ferroxidase (EC 1.16.3.1)	
2144	3547	NEOS13_2110	peg	3547_32177_32296	32177	32296	+	hypothetical protein	
2145	3547	NEOS13_2111	peg	3547_32622_33518	32622	33518	+	Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit II (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation
2146	3547	NEOS13_2112	peg	3547_33558_33866	33558	33866	+	Cytochrome O ubiquinol oxidase subunit I (EC 1.10.3.-)	Oxidative_Phosphorylation
2147	3548	NEOS13_2113	peg	3548_295_182	295	182	-	hypothetical protein	
2148	3548	NEOS13_2114	peg	3548_1102_524	1102	524	-	hypothetical protein	
2149	3548	NEOS13_2115	peg	3548_2936_1659	2936	1659	-	putative aminopeptidase 2	
2150	3548	NEOS13_2116	peg	3548_4579_3302	4579	3302	-	Seryl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.11)	
2151	3548	NEOS13_2117	peg	3548_4854_7778	4854	7778	+	peptidase M16 domain protein	
2152	3548	NEOS13_2118	peg	3548_9651_8311	9651	8311	-	High-affinity carbon uptake protein Hat/HatR	
2153	3548	NEOS13_2119	peg	3548_9819_9974	9819	9974	+	hypothetical protein	
2154	3548	NEOS13_2120	peg	3548_11067_10042	11067	10042	-	putative glycerol-3-phosphate acyltransferase	
2155	3548	NEOS13_2121	peg	3548_12614_11076	12614	11076	-	Cytoplasmic axial filament protein CafA and Ribonuclease G (EC 3.1.4.-)	
2156	3548	NEOS13_2122	peg	3548_13100_13615	13100	13615	+	hypothetical protein	
2157	3548	NEOS13_2123	peg	3548_13647_13826	13647	13826	+	LSU ribosomal protein L32p	
2158	3548	NEOS13_2124	peg	3548_13847_14863	13847	14863	+	Phosphate:acyl-ACP acyltransferase PlsX	
2159	3548	NEOS13_2125	peg	3548_15464_15006	15464	15006	-	Error-prone repair protein UmuD	
2160	3548	NEOS13_2126	peg	3548_16267_15584	16267	15584	-	hypothetical protein	
2161	3548	NEOS13_2127	peg	3548_17427_16264	17427	16264	-	Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)	
2162	3548	NEOS13_2128	peg	3548_18121_17417	18121	17417	-	Lipid-A-disaccharide synthase (EC 2.4.1.182)	
2163	3548	NEOS13_2129	peg	3548_18834_18118	18834	18118	-	putative dolichol-phosphate mannosyltransferase	
2164	3548	NEOS13_2130	peg	3548_19790_19047	19790	19047	-	unknown protein	
2165	3548	NEOS13_2131	peg	3548_21085_19811	21085	19811	-	Poly(A) polymerase (EC 2.7.7.19)	
2166	3548	NEOS13_2132	peg	3548_21435_22802	21435	22802	+	Phosphoglucosamine mutase (EC 5.4.2.10)	
2167	3548	NEOS13_2133	peg	3548_22824_24653	22824	24653	+	Glucosamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] (EC 2.6.1.16)	
2168	3548	NEOS13_2134	peg	3548_25024_25149	25024	25149	+	hypothetical protein	
2169	3550	NEOS13_2135	peg	3550_48_470	48	470	+	Mobile element protein	
2170	3550	NEOS13_2136	peg	3550_513_701	513	701	+	hypothetical protein	

2171	3550	NEOS13_2137	peg	3550_834_2024	834	2024	+	hypothetical protein	
2172	3550	NEOS13_2138	peg	3550_2310_2065	2310	2065	-	hypothetical protein	
2173	3550	NEOS13_2139	peg	3550_2792_2394	2792	2394	-	hypothetical protein	
2174	3550	NEOS13_2140	peg	3550_3488_3610	3488	3610	+	hypothetical protein	
2175	3550	NEOS13_2141	peg	3550_3993_3631	3993	3631	-	hypothetical protein	
2176	3550	NEOS13_2142	peg	3550_5186_4257	5186	4257	-	Signal recognition particle receptor protein FtsY (=alpha subunit) (TC 3.A.5.1.1)	Sec_T2SS
2177	3550	NEOS13_2143	peg	3550_5723_5595	5723	5595	-	hypothetical protein	
2178	3550	NEOS13_2144	peg	3550_5868_7049	5868	7049	+	hypothetical protein	
2179	3550	NEOS13_2145	peg	3550_7164_7595	7164	7595	+	hypothetical protein	
2180	3550	NEOS13_2146	peg	3550_7903_8136	7903	8136	+	hypothetical protein	
2181	3550	NEOS13_2147	peg	3550_9607_8189	9607	8189	-	HtrA protease/chaperone protein	
2182	3550	NEOS13_2148	peg	3550_11003_9618	11003	9618	-	Catalyzes the cleavage of p-aminobenzoyl-glutamate to p-aminobenzoate and glutamate, subunit A	
2183	3550	NEOS13_2149	peg	3550_12426_11119	12426	11119	-	Peptidase M48, Ste24p	
2184	3550	NEOS13_2150	peg	3550_13876_13154	13876	13154	-	hypothetical protein	
2185	3551	NEOS13_2151	peg	3551_116_1510	116	1510	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2186	3552	NEOS13_2152	peg	3552_1029_226	1029	226	-	hypothetical protein	
2187	3552	NEOS13_2153	peg	3552_1763_1032	1763	1032	-	hypothetical protein	
2188	3552	NEOS13_2154	peg	3552_1811_1924	1811	1924	+	hypothetical protein	
2189	3552	NEOS13_2155	peg	3552_3934_2570	3934	2570	-	putative protoporphyrinogen oxidase	
2190	3552	NEOS13_2156	peg	3552_4968_3931	4968	3931	-	Uroporphyrinogen III decarboxylase (EC 4.1.1.37)	
2191	3552	NEOS13_2157	peg	3552_7016_4968	7016	4968	-	Transketolase (EC 2.2.1.1)	Pentose_phosphate_pathway
2192	3552	NEOS13_2158	peg	3552_7091_8050	7091	8050	+	hypothetical protein	
2193	3552	NEOS13_2159	peg	3552_8753_8235	8753	8235	-	Mobile element protein	
2194	3553	NEOS13_2160	peg	3553_819_253	819	253	-	DNA polymerase III beta subunit (EC 2.7.7.7)	
2195	3554	NEOS13_2161	peg	3554_1030_227	1030	227	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2196	3556	NEOS13_2162	peg	3556_74_415	74	415	+	Transposase, IS4 family protein	Transposase
2197	3556	NEOS13_2163	peg	3556_852_2048	852	2048	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2198	3556	NEOS13_2164	peg	3556_2553_2756	2553	2756	+	hypothetical protein	
2199	3556	NEOS13_2165	peg	3556_2737_3009	2737	3009	+	transposase, IS4 family	Transposase
2200	3556	NEOS13_2166	peg	3556_2972_3181	2972	3181	+	hypothetical protein	
2201	3557	NEOS13_2167	peg	3557_966_622	966	622	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2202	3558	NEOS13_2168	peg	3558_576_463	576	463	-	hypothetical protein	
2203	3558	NEOS13_2169	peg	3558_1031_723	1031	723	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2204	3558	NEOS13_2170	peg	3558_1221_1000	1221	1000	-	hypothetical protein	
2205	3558	NEOS13_2171	peg	3558_1267_1422	1267	1422	+	hypothetical protein	
2206	3558	NEOS13_2172	peg	3558_2254_1577	2254	1577	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2207	3559	NEOS13_2173	peg	3559_121_447	121	447	+	transposase, IS4 family	Transposase
2208	3559	NEOS13_2174	peg	3559_763_2454	763	2454	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2209	3560	NEOS13_2175	peg	3560_58_576	58	576	+	Mobile element protein	
2210	3561	NEOS13_2176	peg	3561_1971_1852	1971	1852	-	hypothetical protein	
2211	3562	NEOS13_2177	peg	3562_1542_2003	1542	2003	+	hypothetical protein	
2212	3562	NEOS13_2178	peg	3562_2070_3389	2070	3389	+	hypothetical protein	
2213	3562	NEOS13_2179	peg	3562_3451_3597	3451	3597	+	hypothetical protein	
2214	3562	NEOS13_2180	peg	3562_3810_3691	3810	3691	-	hypothetical protein	
2215	3562	NEOS13_2181	peg	3562_3869_4069	3869	4069	+	hypothetical protein	
2216	3562	NEOS13_2182	peg	3562_4406_4266	4406	4266	-	hypothetical protein	
2217	3562	NEOS13_2183	peg	3562_4419_7067	4419	7067	+	Alanyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.7)	
2218	3562	NEOS13_2184	peg	3562_7396_7617	7396	7617	+	hypothetical protein	
2219	3562	NEOS13_2185	peg	3562_8993_10906	8993	10906	+	Transcription-repair coupling factor	
2220	3562	NEOS13_2186	peg	3562_11641_11036	11641	11036	-	Holliday junction DNA helicase RuvA	
2221	3562	NEOS13_2187	peg	3562_12159_11662	12159	11662	-	Crossover junction endonuclease RuvC (EC 3.1.22.4)	
2222	3562	NEOS13_2188	peg	3562_14220_12169	14220	12169	-	liver stage antigen, putative	
2223	3562	NEOS13_2189	peg	3562_14340_15404	14340	15404	+	ADP-heptose--lipooligosaccharide heptosyltransferase II (EC 2.4.1.-)	
2224	3562	NEOS13_2190	peg	3562_16065_17420	16065	17420	+	N-acetylglucosamine-1-phosphate uridylyltransferase eukaryotic (EC 2.7.7.23)	
2225	3562	NEOS13_2191	peg	3562_17405_17551	17405	17551	+	hypothetical protein	
2226	3562	NEOS13_2192	peg	3562_17634_18632	17634	18632	+	Glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(P)+] (EC 1.1.1.94)	
2227	3562	NEOS13_2193	peg	3562_18683_20176	18683	20176	+	NAD(P)HX epimerase / NAD(P)HX dehydratase	
2228	3562	NEOS13_2194	peg	3562_21798_20569	21798	20569	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2229	3562	NEOS13_2195	peg	3562_21802_21993	21802	21993	+	hypothetical protein	
2230	3562	NEOS13_2196	peg	3562_22271_22591	22271	22591	+	hypothetical protein	
2231	3562	NEOS13_2197	peg	3562_22599_22745	22599	22745	+	Mobile element protein	
2232	3562	NEOS13_2198	peg	3562_22807_22962	22807	22962	+	hypothetical protein	
2233	3562	NEOS13_2199	peg	3562_23296_23171	23296	23171	-	hypothetical protein	
2234	3562	NEOS13_2200	peg	3562_24099_23563	24099	23563	-	hypothetical protein	
2235	3562	NEOS13_2201	peg	3562_26315_24096	26315	24096	-	hypothetical protein	
2236	3562	NEOS13_2202	peg	3562_26795_26325	26795	26325	-	hypothetical protein	
2237	3562	NEOS13_2203	peg	3562_27226_27032	27226	27032	-	hypothetical protein	
2238	3562	NEOS13_2204	peg	3562_27280_27432	27280	27432	+	hypothetical protein	
2239	3562	NEOS13_2205	peg	3562_27541_30714	27541	30714	+	hypothetical protein	
2240	3562	NEOS13_2206	peg	3562_33747_30772	33747	30772	-	hypothetical protein	
2241	3562	NEOS13_2207	peg	3562_34502_34320	34502	34320	-	hypothetical protein	
2242	3562	NEOS13_2208	peg	3562_34686_34567	34686	34567	-	hypothetical protein	
2243	3562	NEOS13_2209	peg	3562_34835_34716	34835	34716	-	hypothetical protein	
2244	3562	NEOS13_2210	peg	3562_35071_34853	35071	34853	-	hypothetical protein	

2245	3562	NEOS13_2211	peg	3562_35223_37283	35223	37283	+	hypothetical protein	
2246	3562	NEOS13_2212	peg	3562_37360_38493	37360	38493	+	hypothetical protein	
2247	3562	NEOS13_2213	peg	3562_38562_40220	38562	40220	+	hypothetical protein	
2248	3562	NEOS13_2214	peg	3562_40213_42912	40213	42912	+	WD-40 repeat protein	
2249	3562	NEOS13_2215	peg	3562_43061_43255	43061	43255	+	hypothetical protein	
2250	3562	NEOS13_2216	peg	3562_43784_43590	43784	43590	-	hypothetical protein	
2251	3563	NEOS13_2217	peg	3563_780_352	780	352	-	transposase, IS4 family protein	Transposase
2252	3563	NEOS13_2218	peg	3563_898_1134	898	1134	+	hypothetical protein	
2253	3563	NEOS13_2219	peg	3563_1392_1505	1392	1505	+	hypothetical protein	
2254	3563	NEOS13_2220	peg	3563_1506_1955	1506	1955	+	putative rhs core protein with extension	
2255	3563	NEOS13_2221	peg	3563_2037_2519	2037	2519	+	unknown protein	
2256	3563	NEOS13_2222	peg	3563_2778_2939	2778	2939	+	hypothetical protein	
2257	3563	NEOS13_2223	peg	3563_4004_2928	4004	2928	-	hypothetical protein	ABC_transporter
2258	3563	NEOS13_2224	peg	3563_5152_4004	5152	4004	-	hypothetical protein	ABC_transporter
2259	3563	NEOS13_2225	peg	3563_5441_5779	5441	5779	+	hypothetical protein	
2260	3563	NEOS13_2226	peg	3563_5784_7109	5784	7109	+	tRNA(Ile)-lysine synthetase	
2261	3563	NEOS13_2227	peg	3563_7503_10268	7503	10268	+	Cell division protein FtsH (EC 3.4.24.-)	
2262	3563	NEOS13_2228	peg	3563_10289_10417	10289	10417	+	hypothetical protein	
2263	3563	NEOS13_2229	peg	3563_10494_11030	10494	11030	+	Adenylate kinase (EC 2.7.4.3)	
2264	3563	NEOS13_2230	peg	3563_11166_12044	11166	12044	+	hypothetical protein	
2265	3563	NEOS13_2231	peg	3563_14149_12908	14149	12908	-	hypothetical protein	
2266	3565	NEOS13_2232	peg	3565_196_1029	196	1029	+	transposase, IS4	Transposase
2267	3565	NEOS13_2233	peg	3565_1246_1362	1246	1362	+	hypothetical protein	
2268	3565	NEOS13_2234	peg	3565_3075_1630	3075	1630	-	RND efflux system, outer membrane lipoprotein CmeC	
2269	3565	NEOS13_2235	peg	3565_6229_3068	6229	3068	-	RND efflux system, inner membrane transporter CmeB	
2270	3565	NEOS13_2236	peg	3565_7411_6233	7411	6233	-	hypothetical protein	
2271	3565	NEOS13_2237	peg	3565_7563_8687	7563	8687	+	Fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1); Delta-9 fatty acid desaturase (EC 1.14.19.1)	
2272	3565	NEOS13_2238	peg	3565_10186_8768	10186	8768	-	hypothetical protein	
2273	3565	NEOS13_0035m a	rna	3565_10402_10472	10402	10472	+	tRNA-Cys-GCA	RNA
2274	3565	NEOS13_2239	peg	3565_10555_11385	10555	11385	+	rRNA small subunit methyltransferase I	
2275	3565	NEOS13_2240	peg	3565_11477_12754	11477	12754	+	putative facilitator of salicylate uptake	
2276	3565	NEOS13_2241	peg	3565_15009_13318	15009	13318	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2277	3565	NEOS13_2242	peg	3565_15509_15673	15509	15673	+	hypothetical protein	
2278	3565	NEOS13_2243	peg	3565_15660_15797	15660	15797	+	hypothetical protein	
2279	3565	NEOS13_2244	peg	3565_16299_16526	16299	16526	+	hypothetical protein	
2280	3565	NEOS13_2245	peg	3565_16665_16856	16665	16856	+	hypothetical protein	
2281	3565	NEOS13_2246	peg	3565_17114_18715	17114	18715	+	Heat shock protein 60 family chaperone GroEL	
2282	3565	NEOS13_2247	peg	3565_18825_20078	18825	20078	+	hypothetical protein	
2283	3565	NEOS13_2248	peg	3565_20095_21153	20095	21153	+	Hemin ABC transporter, permease protein	ABC_transporter
2284	3565	NEOS13_2249	peg	3565_21146_21856	21146	21856	+	hypothetical protein	
2285	3565	NEOS13_2250	peg	3565_22125_23918	22125	23918	+	Phosphoglucomutase (EC 5.4.2.2)	
2286	3565	NEOS13_2251	peg	3565_24042_25937	24042	25937	+	Glutamine amidotransferase	
2287	3565	NEOS13_2252	peg	3565_27388_26222	27388	26222	-	Cold-shock DEAD-box protein A	
2288	3565	NEOS13_2253	peg	3565_28194_27385	28194	27385	-	hypothetical protein	
2289	3565	NEOS13_2254	peg	3565_30343_28163	30343	28163	-	Membrane protein containing HD superfamily hydrolase domain, YQFF ortholog	
2290	3565	NEOS13_2255	peg	3565_30719_31702	30719	31702	+	UDP-glucose 4-epimerase (EC 5.1.3.2)	
2291	3565	NEOS13_2256	peg	3565_32210_32085	32210	32085	-	hypothetical protein	
2292	3565	NEOS13_2257	peg	3565_32220_33758	32220	33758	+	DNA polymerase III subunits gamma and tau (EC 2.7.7.7)	
2293	3565	NEOS13_2258	peg	3565_33767_34081	33767	34081	+	conserved hypothetical protein 103	
2294	3565	NEOS13_2259	peg	3565_36224_34464	36224	34464	-	Phosphoenolpyruvate-protein phosphotransferase of PTS system (EC 2.7.3.9)	
2295	3565	NEOS13_2260	peg	3565_36457_36227	36457	36227	-	Phosphocarrier protein of PTS system	
2296	3565	NEOS13_2261	peg	3565_37442_36465	37442	36465	-	HPr kinase/phosphorylase (EC 2.7.1.-) (EC 2.7.4.-)	
2297	3565	NEOS13_2262	peg	3565_37582_37448	37582	37448	-	hypothetical protein	
2298	3565	NEOS13_2263	peg	3565_37931_37809	37931	37809	-	hypothetical protein	
2299	3565	NEOS13_2264	peg	3565_38079_37885	38079	37885	-	hypothetical protein	
2300	3565	NEOS13_2265	peg	3565_38396_39004	38396	39004	+	hypothetical protein	
2301	3565	NEOS13_2266	peg	3565_39144_40553	39144	40553	+	Late competence protein ComEC, DNA transport	Genetic_competence
2302	3565	NEOS13_2267	peg	3565_44647_40790	44647	40790	-	hypothetical protein	
2303	3565	NEOS13_2268	peg	3565_44834_44706	44834	44706	-	hypothetical protein	
2304	3565	NEOS13_2269	peg	3565_48539_45015	48539	45015	-	hypothetical protein	
2305	3565	NEOS13_2270	peg	3565_49396_49043	49396	49043	-	hypothetical protein	
2306	3565	NEOS13_2271	peg	3565_52604_49377	52604	49377	-	hypothetical protein	
2307	3565	NEOS13_2272	peg	3565_52879_53037	52879	53037	+	hypothetical protein	
2308	3565	NEOS13_0036m a	rna	3565_53028_53101	53028	53101	+	tRNA-His-GTG	RNA
2309	3565	NEOS13_2273	peg	3565_53127_53921	53127	53921	+	Undecaprenyl-diphosphatase (EC 3.6.1.27)	
2310	3565	NEOS13_2274	peg	3565_53930_56437	53930	56437	+	Cell division protein FtsK	
2311	3565	NEOS13_2275	peg	3565_56935_56549	56935	56549	-	hypothetical protein	
2312	3565	NEOS13_2276	peg	3565_57105_57878	57105	57878	+	metal dependent hydrolase, putative	
2313	3565	NEOS13_2277	peg	3565_58836_58045	58836	58045	-	oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family	
2314	3565	NEOS13_2278	peg	3565_59141_59257	59141	59257	+	hypothetical protein	
2315	3565	NEOS13_2279	peg	3565_59747_59595	59747	59595	-	hypothetical protein	

2316	3565	NEOS13_2280	peg	3565_61096_60122	61096	60122	-	hypothetical protein	
2317	3565	NEOS13_2281	peg	3565_63154_61229	63154	61229	-	hypothetical protein	
2318	3565	NEOS13_2282	peg	3565_67566_63190	67566	63190	-	hypothetical protein	
2319	3565	NEOS13_2283	peg	3565_68125_67529	68125	67529	-	hypothetical protein	
2320	3565	NEOS13_2284	peg	3565_69036_68530	69036	68530	-	hypothetical protein	
2321	3565	NEOS13_2285	peg	3565_69253_69116	69253	69116	-	hypothetical protein	
2322	3565	NEOS13_2286	peg	3565_69504_69373	69504	69373	-	hypothetical protein	
2323	3565	NEOS13_2287	peg	3565_69735_70043	69735	70043	+	hypothetical protein	
2324	3566	NEOS13_2288	peg	3566_2915_1998	2915	1998	-	Riboflavin kinase (EC 2.7.1.26) / FMN adenylyltransferase (EC 2.7.7.2)	
2325	3566	NEOS13_2289	peg	3566_3035_2919	3035	2919	-	hypothetical protein	
2326	3566	NEOS13_2290	peg	3566_3907_3185	3907	3185	-	tRNA pseudouridine synthase B (EC 4.2.1.70)	
2327	3566	NEOS13_2291	peg	3566_4268_3900	4268	3900	-	Ribosome-binding factor A	
2328	3566	NEOS13_2292	peg	3566_7062_4294	7062	4294	-	Translation initiation factor 2	
2329	3566	NEOS13_2293	peg	3566_8341_7034	8341	7034	-	Transcription termination protein NusA	
2330	3566	NEOS13_2294	peg	3566_10234_8492	10234	8492	-	SSU ribosomal protein S1p	
2331	3566	NEOS13_2295	peg	3566_10847_10482	10847	10482	-	Queuosine biosynthesis QueD, PTPS-I	
2332	3566	NEOS13_2296	peg	3566_10980_11750	10980	11750	+	Aspartokinase (EC 2.7.2.4)	
2333	3566	NEOS13_2297	peg	3566_11779_13704	11779	13704	+	unknown protein	
2334	3566	NEOS13_2298	peg	3566_14042_14752	14042	14752	+	Ribulose-phosphate 3-epimerase (EC 5.1.3.1)	Pentose_phosphate_pathway
2335	3566	NEOS13_2299	peg	3566_15015_15572	15015	15572	+	Translation elongation factor P-related protein	
2336	3566	NEOS13_2300	peg	3566_15586_16077	15586	16077	+	Biotin carboxyl carrier protein of acetyl-CoA carboxylase	Fatty_acid_initiation_elongation
2337	3566	NEOS13_2301	peg	3566_16087_17451	16087	17451	+	Biotin carboxylase of acetyl-CoA carboxylase (EC 6.3.4.14)	Fatty_acid_initiation_elongation
2338	3566	NEOS13_2302	peg	3566_18055_23004	18055	23004	+	hypothetical protein	
2339	3566	NEOS13_2303	peg	3566_23493_23639	23493	23639	+	Mobile element protein	
2340	3566	NEOS13_2304	peg	3566_23851_24177	23851	24177	+	ISSod13, transposase	Transposase
2341	3566	NEOS13_2305	peg	3566_24338_24679	24338	24679	+	hypothetical protein	
2342	3566	NEOS13_2306	peg	3566_26108_24687	26108	24687	-	hypothetical protein	
2343	3566	NEOS13_2307	peg	3566_27146_27649	27146	27649	+	Transposase	Transposase
2344	3566	NEOS13_2308	peg	3566_28517_27834	28517	27834	-	hypothetical protein	
2345	3566	NEOS13_2309	peg	3566_29804_28884	29804	28884	-	Epoxyqueuosine (oQ) reductase QueG	
2346	3566	NEOS13_2310	peg	3566_30733_29801	30733	29801	-	Uncharacterized membrane protein Bsu2508 (YqfU)	
2347	3566	NEOS13_0037ma	rna	3566_30992_31064	30992	31064	+	tRNA-Val-TAC	RNA
2348	3566	NEOS13_0038ma	rna	3566_31076_31149	31076	31149	+	tRNA-Asp-GTC	RNA
2349	3568	NEOS13_2311	peg	3568_714_190	714	190	-	hypothetical protein	
2350	3568	NEOS13_2312	peg	3568_1178_1065	1178	1065	-	hypothetical protein	
2351	3568	NEOS13_2313	peg	3568_1627_1496	1627	1496	-	hypothetical protein	
2352	3568	NEOS13_2314	peg	3568_2206_2730	2206	2730	+	hypothetical protein	
2353	3569	NEOS13_2315	peg	3569_35_4213	35	4213	+	hypothetical protein	
2354	3571	NEOS13_2316	peg	3571_79_999	79	999	+	hypothetical protein	
2355	3573	NEOS13_2317	peg	3573_2261_2413	2261	2413	+	hypothetical protein	
2356	3573	NEOS13_2318	peg	3573_2678_2415	2678	2415	-	hypothetical protein	
2357	3573	NEOS13_2319	peg	3573_3004_3264	3004	3264	+	Mobile element protein	
2358	3573	NEOS13_2320	peg	3573_4591_3590	4591	3590	-	hypothetical protein	
2359	3573	NEOS13_2321	peg	3573_5068_4751	5068	4751	-	hypothetical protein	
2360	3573	NEOS13_2322	peg	3573_5881_6381	5881	6381	+	Mobile element protein	
2361	3573	NEOS13_2323	peg	3573_6933_7355	6933	7355	+	hypothetical protein	
2362	3573	NEOS13_2324	peg	3573_7566_7441	7566	7441	-	hypothetical protein	
2363	3573	NEOS13_2325	peg	3573_7933_10458	7933	10458	+	putative alanine racemase	
2364	3573	NEOS13_2326	peg	3573_11360_10455	11360	10455	-	Cell division inhibitor	
2365	3573	NEOS13_2327	peg	3573_11963_11382	11963	11382	-	PPO candidate 1	
2366	3573	NEOS13_2328	peg	3573_13616_12189	13616	12189	-	Deoxyribodipyrimidine photolyase (EC 4.1.99.3)	
2367	3574	NEOS13_2329	peg	3574_165_995	165	995	+	Mobile element protein	
2368	3575	NEOS13_2330	peg	3575_165_995	165	995	+	Mobile element protein	
2369	3575	NEOS13_2331	peg	3575_992_1774	992	1774	+	Mobile element protein	
2370	3576	NEOS13_2332	peg	3576_1477_134	1477	134	-	Mobile element protein	
2371	3576	NEOS13_2333	peg	3576_1840_2526	1840	2526	+	Uracil-DNA glycosylase, family 5	
2372	3576	NEOS13_2334	peg	3576_2527_2655	2527	2655	+	hypothetical protein	
2373	3576	NEOS13_2335	peg	3576_2994_5747	2994	5747	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2374	3576	NEOS13_2336	peg	3576_6740_5856	6740	5856	-	Dihydrodipicolinate synthase (EC 4.2.1.52)	
2375	3576	NEOS13_2337	peg	3576_7512_6730	7512	6730	-	Dihydrodipicolinate reductase (EC 1.3.1.26)	
2376	3576	NEOS13_2338	peg	3576_8720_7671	8720	7671	-	hypothetical protein	
2377	3576	NEOS13_2339	peg	3576_10903_8720	10903	8720	-	RecD-like DNA helicase YrrC	
2378	3576	NEOS13_2340	peg	3576_11209_11451	11209	11451	+	hypothetical protein	
2379	3576	NEOS13_2341	peg	3576_11818_12021	11818	12021	+	hypothetical protein	
2380	3576	NEOS13_2342	peg	3576_12520_14574	12520	14574	+	hypothetical protein	
2381	3576	NEOS13_2343	peg	3576_15593_14700	15593	14700	-	Methionine aminopeptidase (EC 3.4.11.18)	
2382	3576	NEOS13_2344	peg	3576_15810_16496	15810	16496	+	tRNA (guanine46-N7)-methyltransferase (EC 2.1.1.33)	
2383	3576	NEOS13_2345	peg	3576_16493_17539	16493	17539	+	hypothetical protein	
2384	3576	NEOS13_2346	peg	3576_17717_19336	17717	19336	+	Glucose-6-phosphate isomerase (EC 5.3.1.9)	Glycolysis_Gluconogenesis Pentose_phosphate_pathway
2385	3576	NEOS13_2347	peg	3576_19355_19861	19355	19861	+	hypothetical protein	
2386	3576	NEOS13_2348	peg	3576_19839_20768	19839	20768	+	probable XerD protein	
2387	3576	NEOS13_2349	peg	3576_21316_20810	21316	20810	-	type III secretion chaperone	
2388	3576	NEOS13_2350	peg	3576_21437_21841	21437	21841	+	hypothetical protein	

2389	3576	NEOS13_2351	peg	3576_21953_21804	21953	21804	-	hypothetical protein	
2390	3576	NEOS13_2352	peg	3576_23712_22252	23712	22252	-	Aspartyl-tRNA(Asn) amidotransferase subunit B (EC 6.3.5.6) @ Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B (EC 6.3.5.7)	
2391	3576	NEOS13_2353	peg	3576_25180_23723	25180	23723	-	Aspartyl-tRNA(Asn) amidotransferase subunit A (EC 6.3.5.6) @ Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A (EC 6.3.5.7)	
2392	3576	NEOS13_2354	peg	3576_25497_25198	25497	25198	-	Aspartyl-tRNA(Asn) amidotransferase subunit C (EC 6.3.5.6) @ Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit C (EC 6.3.5.7)	
2393	3576	NEOS13_2355	peg	3576_28465_26573	28465	26573	-	hypothetical protein	
2394	3578	NEOS13_2356	peg	3578_165_49	165	49	-	Mobile element protein	
2395	3578	NEOS13_2357	peg	3578_508_642	508	642	+	hypothetical protein	
2396	3578	NEOS13_2358	peg	3578_697_921	697	921	+	hypothetical protein	
2397	3581	NEOS13_2359	peg	3581_254_2635	254	2635	+	hypothetical protein	
2398	3581	NEOS13_2360	peg	3581_2639_3190	2639	3190	+	hypothetical protein	
2399	3581	NEOS13_2361	peg	3581_3245_3376	3245	3376	+	hypothetical protein	
2400	3581	NEOS13_2362	peg	3581_4472_3813	4472	3813	-	Queuosine Biosynthesis QueC ATPase	
2401	3581	NEOS13_2363	peg	3581_5122_4475	5122	4475	-	Queuosine Biosynthesis QueE Radical SAM	
2402	3581	NEOS13_2364	peg	3581_5433_7274	5433	7274	+	ankyrin repeat protein	Ankyrin
2403	3581	NEOS13_2365	peg	3581_7342_7455	7342	7455	+	hypothetical protein	
2404	3581	NEOS13_2366	peg	3581_7457_7570	7457	7570	+	hypothetical protein	
2405	3581	NEOS13_2367	peg	3581_7663_8673	7663	8673	+	Malate dehydrogenase (EC 1.1.1.37)	TCA
2406	3581	NEOS13_2368	peg	3581_8932_9759	8932	9759	+	hypothetical protein	
2407	3581	NEOS13_2369	peg	3581_10932_9916	10932	9916	-	hypothetical protein	
2408	3581	NEOS13_2370	peg	3581_11149_11334	11149	11334	+	hypothetical protein	
2409	3581	NEOS13_2371	peg	3581_11331_12137	11331	12137	+	Metal-dependent hydrolases of the beta-lactamase superfamily I; PhnP protein	
2410	3581	NEOS13_2372	peg	3581_12149_13474	12149	13474	+	GTP-binding protein HflX	
2411	3581	NEOS13_2373	peg	3581_15242_13764	15242	13764	-	Cytosol aminopeptidase PepA (EC 3.4.11.1)	
2412	3581	NEOS13_2374	peg	3581_15781_15263	15781	15263	-	Single-stranded DNA-binding protein	
2413	3581	NEOS13_2375	peg	3581_15993_15838	15993	15838	-	hypothetical protein	
2414	3581	NEOS13_2376	peg	3581_16727_16206	16727	16206	-	FIG00493912: hypothetical protein	
2415	3581	NEOS13_2377	peg	3581_17239_19284	17239	19284	+	Glycogen debranching enzyme (EC 3.2.1.-)	
2416	3581	NEOS13_2378	peg	3581_19944_19813	19944	19813	-	hypothetical protein	
2417	3581	NEOS13_2379	peg	3581_20179_22455	20179	22455	+	hypothetical protein	
2418	3581	NEOS13_2380	peg	3581_24404_22791	24404	22791	-	DNA repair protein RecN	
2419	3581	NEOS13_2381	peg	3581_24506_24667	24506	24667	+	hypothetical protein	
2420	3581	NEOS13_2382	peg	3581_25763_24849	25763	24849	-	Ribonuclease HIII (EC 3.1.26.4)	
2421	3581	NEOS13_2383	peg	3581_25865_26275	25865	26275	+	FIG00899448: hypothetical protein	
2422	3581	NEOS13_2384	peg	3581_26420_26304	26420	26304	-	hypothetical protein	
2423	3581	NEOS13_2385	peg	3581_26566_27510	26566	27510	+	FIG028593: membrane protein	
2424	3581	NEOS13_2386	peg	3581_28381_27767	28381	27767	-	tRNA pseudouridine synthase A (EC 4.2.1.70)	
2425	3581	NEOS13_2387	peg	3581_28513_28394	28513	28394	-	hypothetical protein	
2426	3581	NEOS13_2388	peg	3581_29140_28541	29140	28541	-	FIG00899512: hypothetical protein	
2427	3581	NEOS13_2389	peg	3581_29750_29151	29750	29151	-	FIG00899458: hypothetical protein	
2428	3581	NEOS13_2390	peg	3581_31792_30371	31792	30371	-	hypothetical protein	
2429	3581	NEOS13_2391	peg	3581_31921_32103	31921	32103	+	hypothetical protein	
2430	3581	NEOS13_2392	peg	3581_33062_32181	33062	32181	-	hypothetical protein	
2431	3581	NEOS13_2393	peg	3581_34499_33468	34499	33468	-	hypothetical protein	
2432	3581	NEOS13_2394	peg	3581_35686_34526	35686	34526	-	hypothetical protein	
2433	3581	NEOS13_2395	peg	3581_36252_35701	36252	35701	-	hypothetical protein	
2434	3581	NEOS13_2396	peg	3581_36734_38092	36734	38092	+	sodium:neurotransmitter symporter	
2435	3581	NEOS13_2397	peg	3581_38102_39103	38102	39103	+	Holliday junction DNA helicase RuvB	
2436	3581	NEOS13_2398	peg	3581_39298_39086	39298	39086	-	hypothetical protein	
2437	3581	NEOS13_2399	peg	3581_39273_39956	39273	39956	+	hypothetical protein	
2438	3581	NEOS13_2400	peg	3581_40210_41247	40210	41247	+	S-adenosylmethionine:tRNA ribosyltransferase-isomerase (EC 5.-.-.-)	
2439	3581	NEOS13_2401	peg	3581_41787_43853	41787	43853	+	hypothetical protein	
2440	3581	NEOS13_2402	peg	3581_43866_43991	43866	43991	+	hypothetical protein	
2441	3581	NEOS13_2403	peg	3581_44188_45870	44188	45870	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2442	3581	NEOS13_2404	peg	3581_46333_47862	46333	47862	+	Thermostable carboxypeptidase 1 (EC 3.4.17.19)	
2443	3581	NEOS13_2405	peg	3581_48063_49529	48063	49529	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2444	3581	NEOS13_0039ma	rna	3581_49917_50003	49917	50003	+	tRNA-Ser-TGA	RNA
2445	3581	NEOS13_2406	peg	3581_51389_50607	51389	50607	-	hypothetical protein	
2446	3582	NEOS13_2407	peg	3582_254_2638	254	2638	+	hypothetical protein	
2447	3582	NEOS13_2408	peg	3582_2651_3202	2651	3202	+	unknown protein	
2448	3582	NEOS13_2409	peg	3582_3703_4185	3703	4185	+	hypothetical protein	
2449	3582	NEOS13_2410	peg	3582_4235_4357	4235	4357	+	hypothetical protein	
2450	3582	NEOS13_2411	peg	3582_4553_4368	4553	4368	-	hypothetical protein	
2451	3582	NEOS13_2412	peg	3582_4629_4979	4629	4979	+	hypothetical protein	
2452	3583	NEOS13_2413	peg	3583_658_374	658	374	-	hypothetical protein	
2453	3583	NEOS13_2414	peg	3583_1410_1535	1410	1535	+	hypothetical protein	
2454	3583	NEOS13_2415	peg	3583_1600_1743	1600	1743	+	hypothetical protein	
2455	3583	NEOS13_2416	peg	3583_2758_2315	2758	2315	-	hypothetical protein	
2456	3583	NEOS13_2417	peg	3583_3085_4104	3085	4104	+	hypothetical protein	
2457	3583	NEOS13_2418	peg	3583_5688_4171	5688	4171	-	general stress protein	

2458	3583	NEOS13_2419	peg	3583_6289_6498	6289	6498	+	hypothetical protein	
2459	3583	NEOS13_2420	peg	3583_7173_7688	7173	7688	+	Ribonucleotide reductase transcriptional regulator NrdR	
2460	3583	NEOS13_2421	peg	3583_7716_8081	7716	8081	+	DnaK Suppressor	
2461	3583	NEOS13_2422	peg	3583_8084_8611	8084	8611	+	Lipoprotein signal peptidase (EC 3.4.23.36)	
2462	3583	NEOS13_2423	peg	3583_8621_9331	8621	9331	+	hypothetical protein	
2463	3583	NEOS13_2424	peg	3583_9522_10370	9522	10370	+	SAM dependent methyltransferase	
2464	3583	NEOS13_2425	peg	3583_10360_11184	10360	11184	+	macromolecule metabolism; macromolecule synthesis, modification; rna synthesis, modification , dna transcription	
2465	3583	NEOS13_2426	peg	3583_11190_11849	11190	11849	+	Similar to tRNA pseudouridine synthase C_group TruC1	
2466	3583	NEOS13_2427	peg	3583_13173_11947	13173	11947	-	hypothetical protein	
2467	3583	NEOS13_2428	peg	3583_13669_14358	13669	14358	+	hypothetical protein	
2468	3583	NEOS13_2429	peg	3583_15103_15702	15103	15702	+	Phosphoheptose isomerase (EC 5.3.1.-)	
2469	3583	NEOS13_2430	peg	3583_15748_16860	15748	16860	+	Tetraacyldisaccharide 4'-kinase (EC 2.7.1.130)	
2470	3583	NEOS13_2431	peg	3583_19399_17513	19399	17513	-	Signal peptidase I (EC 3.4.21.89)	
2471	3583	NEOS13_2432	peg	3583_19483_19671	19483	19671	+	hypothetical protein	
2472	3583	NEOS13_2433	peg	3583_20533_19778	20533	19778	-	hypothetical protein	
2473	3583	NEOS13_2434	peg	3583_20667_22169	20667	22169	+	Nicotinate phosphoribosyltransferase (EC 2.4.2.11)	
2474	3583	NEOS13_2435	peg	3583_22173_22814	22173	22814	+	Nicotinamidase (EC 3.5.1.19)	
2475	3583	NEOS13_2436	peg	3583_23209_23027	23209	23027	-	hypothetical protein	
2476	3583	NEOS13_2437	peg	3583_23286_25370	23286	25370	+	hypothetical protein	
2477	3583	NEOS13_2438	peg	3583_26053_27654	26053	27654	+	Carboxypeptidase-related protein	
2478	3583	NEOS13_2439	peg	3583_27859_27719	27859	27719	-	hypothetical protein	
2479	3583	NEOS13_2440	peg	3583_28188_27886	28188	27886	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2480	3583	NEOS13_2441	peg	3583_28208_28321	28208	28321	+	hypothetical protein	
2481	3583	NEOS13_2442	peg	3583_30130_29057	30130	29057	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2482	3584	NEOS13_2443	peg	3584_714_28	714	28	-	hypothetical protein	
2483	3584	NEOS13_2444	peg	3584_1802_759	1802	759	-	hypothetical protein	
2484	3584	NEOS13_2445	peg	3584_3077_2016	3077	2016	-	hypothetical protein	
2485	3584	NEOS13_2446	peg	3584_3343_3558	3343	3558	+	Mobile element protein	
2486	3584	NEOS13_2447	peg	3584_3795_4106	3795	4106	+	Mobile element protein	
2487	3584	NEOS13_2448	peg	3584_4110_4283	4110	4283	+	hypothetical protein	
2488	3584	NEOS13_2449	peg	3584_4276_4482	4276	4482	+	hypothetical protein	
2489	3584	NEOS13_2450	peg	3584_4708_5529	4708	5529	+	hypothetical protein	
2490	3584	NEOS13_2451	peg	3584_5593_5796	5593	5796	+	hypothetical protein	
2491	3584	NEOS13_2452	peg	3584_5813_6385	5813	6385	+	hypothetical protein	
2492	3584	NEOS13_2453	peg	3584_6370_6531	6370	6531	+	hypothetical protein	
2493	3584	NEOS13_2454	peg	3584_6588_7637	6588	7637	+	hypothetical protein	
2494	3584	NEOS13_2455	peg	3584_7682_8368	7682	8368	+	hypothetical protein	
2495	3585	NEOS13_2456	peg	3585_38_2110	38	2110	+	hypothetical protein	
2496	3585	NEOS13_2457	peg	3585_2284_3534	2284	3534	+	hypothetical protein	
2497	3586	NEOS13_2458	peg	3586_38_3577	38	3577	+	hypothetical protein	
2498	3586	NEOS13_2459	peg	3586_4631_3720	4631	3720	-	Probable protease htpX homolog (EC 3.4.24.-)	
2499	3586	NEOS13_2460	peg	3586_6290_5298	6290	5298	-	ROK family protein	Glycolysis_Gluconogenesis
2500	3586	NEOS13_2461	peg	3586_6527_7813	6527	7813	+	5-Enolpyruvylshikimate-3-phosphate synthase (EC 2.5.1.19)	
2501	3586	NEOS13_2462	peg	3586_7880_8407	7880	8407	+	Shikimate kinase I (EC 2.7.1.71) # AroE I	
2502	3586	NEOS13_2463	peg	3586_8412_9485	8412	9485	+	Chorismate synthase (EC 4.2.3.5)	
2503	3586	NEOS13_2464	peg	3586_9482_10954	9482	10954	+	shikimate 5-dehydrogenase(EC:1.1.1.25)	
2504	3586	NEOS13_2465	peg	3586_11114_12244	11114	12244	+	Putrescine transport ATP-binding protein PotA (TC 3.A.1.11.1)	ABC_transporter
2505	3586	NEOS13_2466	peg	3586_12246_13115	12246	13115	+	Spermidine Putrescine ABC transporter permease component PotB (TC 3.A.1.11.1)	ABC_transporter
2506	3586	NEOS13_2467	peg	3586_13112_13876	13112	13876	+	Spermidine Putrescine ABC transporter permease component potC (TC 3.A.1.11.1)	ABC_transporter
2507	3586	NEOS13_2468	peg	3586_13878_14915	13878	14915	+	ABC transporter, periplasmic spermidine putrescine-binding protein PotD (TC 3.A.1.11.1)	ABC_transporter
2508	3586	NEOS13_2469	peg	3586_15331_15083	15331	15083	-	HicB protein	
2509	3586	NEOS13_2470	peg	3586_15428_15550	15428	15550	+	hypothetical protein	
2510	3586	NEOS13_2471	peg	3586_17600_15516	17600	15516	-	hypothetical protein	
2511	3586	NEOS13_2472	peg	3586_19382_18198	19382	18198	-	hypothetical protein	
2512	3586	NEOS13_2473	peg	3586_19679_19810	19679	19810	+	hypothetical protein	
2513	3586	NEOS13_2474	peg	3586_20248_19832	20248	19832	-	COG1720: Uncharacterized conserved protein	
2514	3586	NEOS13_2475	peg	3586_20311_20886	20311	20886	+	hypothetical protein	
2515	3586	NEOS13_2476	peg	3586_21076_22101	21076	22101	+	DNA polymerase III delta subunit (EC 2.7.7.7)	
2516	3586	NEOS13_2477	peg	3586_22113_22829	22113	22829	+	SAM-dependent methyltransferase	
2517	3586	NEOS13_2478	peg	3586_23988_22843	23988	22843	-	Hypothetical radical SAM family enzyme, NOT coproporphyrinogen III oxidase, oxygen-independent	
2518	3586	NEOS13_2479	peg	3586_24530_24039	24530	24039	-	FIG00494315: hypothetical protein	
2519	3586	NEOS13_2480	peg	3586_26729_24609	26729	24609	-	hypothetical protein	
2520	3586	NEOS13_2481	peg	3586_26936_28135	26936	28135	+	hypothetical protein	
2521	3586	NEOS13_2482	peg	3586_28411_29802	28411	29802	+	hypothetical protein	
2522	3586	NEOS13_2483	peg	3586_32686_30083	32686	30083	-	hypothetical protein	

2523	3586	NEOS13_2484	peg	3586_33336_32686	33336	32686	-	hypothetical protein	
2524	3586	NEOS13_2485	peg	3586_34045_33734	34045	33734	-	hypothetical protein	
2525	3586	NEOS13_2486	peg	3586_34425_34709	34425	34709	+	hypothetical protein	
2526	3587	NEOS13_2487	peg	3587_119_391	119	391	+	Transposase, IS4 family protein	Transposase
2527	3587	NEOS13_2488	peg	3587_1809_601	1809	601	-	hypothetical protein	
2528	3587	NEOS13_2489	peg	3587_1854_1976	1854	1976	+	hypothetical protein	
2529	3587	NEOS13_2490	peg	3587_2141_5239	2141	5239	+	hypothetical protein	
2530	3587	NEOS13_2491	peg	3587_7231_5885	7231	5885	-	Chromosomal replication initiator protein DnaA	
2531	3587	NEOS13_2492	peg	3587_7401_7547	7401	7547	+	hypothetical protein	
2532	3587	NEOS13_2493	peg	3587_8207_9385	8207	9385	+	Bacillosamine/Legionaminic acid biosynthesis aminotransferase PglE; 4-keto-6-deoxy-N-Acetyl-D-hexosaminyl-(Lipid carrier) aminotransferase	
2533	3587	NEOS13_2494	peg	3587_9797_9402	9797	9402	-	type III secretion chaperone, putative	
2534	3587	NEOS13_2495	peg	3587_10186_9800	10186	9800	-	hypothetical protein	
2535	3587	NEOS13_2496	peg	3587_10518_11450	10518	11450	+	rRNA small subunit methyltransferase H	
2536	3587	NEOS13_2497	peg	3587_11447_11797	11447	11797	+	hypothetical protein	
2537	3587	NEOS13_2498	peg	3587_11854_13839	11854	13839	+	Cell division protein FtsI [Peptidoglycan synthetase] (EC 2.4.1.129)	
2538	3587	NEOS13_2499	peg	3587_13878_15377	13878	15377	+	UDP-N-acetylmuramoyl-L-alanine--2,6-diaminopimelate ligase (EC 6.3.2.13)	
2539	3587	NEOS13_2500	peg	3587_15382_16149	15382	16149	+	N-acetylmuramoyl-L-alanine amidase (EC 3.5.1.28)	
2540	3587	NEOS13_0040ma	rna	3587_16271_16344	16271	16344	+	tRNA-Arg-CCT	RNA
2541	3587	NEOS13_2501	peg	3587_16432_17883	16432	17883	+	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating (EC 1.1.1.44)	Pentose_phosphate_pathway
2542	3587	NEOS13_2502	peg	3587_19325_18441	19325	18441	-	hypothetical protein	
2543	3587	NEOS13_2503	peg	3587_20034_19444	20034	19444	-	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (EC 2.3.1.51)	
2544	3587	NEOS13_2504	peg	3587_20582_20343	20582	20343	-	hypothetical protein	
2545	3588	NEOS13_2505	peg	3588_2110_284	2110	284	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2546	3588	NEOS13_2506	peg	3588_3288_2698	3288	2698	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2547	3588	NEOS13_2507	peg	3588_4644_3529	4644	3529	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2548	3588	NEOS13_2508	peg	3588_6614_4923	6614	4923	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2549	3588	NEOS13_2509	peg	3588_7519_6965	7519	6965	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2550	3589	NEOS13_2510	peg	3589_516_388	516	388	-	hypothetical protein	
2551	3589	NEOS13_2511	peg	3589_882_1100	882	1100	+	hypothetical protein	
2552	3589	NEOS13_2512	peg	3589_1975_1397	1975	1397	-	protein of unknown function DUF892	
2553	3589	NEOS13_2513	peg	3589_2319_2447	2319	2447	+	hypothetical protein	
2554	3589	NEOS13_2514	peg	3589_2673_3104	2673	3104	+	hypothetical protein	
2555	3589	NEOS13_2515	peg	3589_3712_4248	3712	4248	+	hypothetical protein	
2556	3589	NEOS13_2516	peg	3589_4445_4948	4445	4948	+	hypothetical protein	
2557	3589	NEOS13_2517	peg	3589_5028_5906	5028	5906	+	Uncharacterized protein conserved in bacteria, NMA0228-like	
2558	3589	NEOS13_2518	peg	3589_5903_6802	5903	6802	+	hypothetical protein	
2559	3589	NEOS13_2519	peg	3589_6786_8027	6786	8027	+	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase B (EC 2.1.1.-)	
2560	3589	NEOS13_2520	peg	3589_8909_8244	8909	8244	-	hypothetical protein	
2561	3589	NEOS13_2521	peg	3589_9361_8918	9361	8918	-	hypothetical protein	
2562	3589	NEOS13_2522	peg	3589_14630_9621	14630	9621	-	hypothetical protein	
2563	3589	NEOS13_2523	peg	3589_14706_14828	14706	14828	+	hypothetical protein	
2564	3589	NEOS13_2524	peg	3589_15858_15244	15858	15244	-	putative transcriptional regulator	
2565	3589	NEOS13_2525	peg	3589_16723_15908	16723	15908	-	putative transcriptional regulator	
2566	3589	NEOS13_2526	peg	3589_16926_16723	16926	16723	-	hypothetical protein	
2567	3589	NEOS13_2527	peg	3589_17541_18368	17541	18368	+	Mobile element protein	
2568	3589	NEOS13_2528	peg	3589_20015_18852	20015	18852	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2569	3589	NEOS13_2529	peg	3589_22190_20865	22190	20865	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2570	3589	NEOS13_2530	peg	3589_24914_22665	24914	22665	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2571	3589	NEOS13_2531	peg	3589_25255_25109	25255	25109	-	hypothetical protein	
2572	3589	NEOS13_2532	peg	3589_25453_25301	25453	25301	-	hypothetical protein	
2573	3589	NEOS13_2533	peg	3589_29171_25422	29171	25422	-	hypothetical protein	
2574	3589	NEOS13_2534	peg	3589_29364_29173	29364	29173	-	hypothetical protein	
2575	3589	NEOS13_2535	peg	3589_29874_29473	29874	29473	-	conserved hypothetical protein, partial length	
2576	3589	NEOS13_2536	peg	3589_30831_29875	30831	29875	-	hypothetical protein	
2577	3589	NEOS13_2537	peg	3589_33730_30809	33730	30809	-	Type III secretion protein SetC	
2578	3589	NEOS13_2538	peg	3589_34247_34363	34247	34363	+	hypothetical protein	
2579	3589	NEOS13_2539	peg	3589_34781_34665	34781	34665	-	Mobile element protein	
2580	3589	NEOS13_2540	peg	3589_35124_35258	35124	35258	+	hypothetical protein	
2581	3589	NEOS13_2541	peg	3589_35313_35537	35313	35537	+	hypothetical protein	
2582	3590	NEOS13_2542	peg	3590_1317_574	1317	574	-	Segregation and condensation protein B	
2583	3590	NEOS13_2543	peg	3590_2052_1324	2052	1324	-	Segregation and condensation protein A	
2584	3590	NEOS13_2544	peg	3590_2280_4376	2280	4376	+	Peptidase, S41 family	
2585	3590	NEOS13_0041ma	rna	3590_4442_4514	4442	4514	+	tRNA-Phe-GAA	RNA
2586	3590	NEOS13_2545	peg	3590_7593_5329	7593	5329	-	hypothetical protein	
2587	3590	NEOS13_2546	peg	3590_7786_7908	7786	7908	+	hypothetical protein	
2588	3590	NEOS13_2547	peg	3590_8081_8326	8081	8326	+	50S ribosomal protein L21	
2589	3590	NEOS13_2548	peg	3590_8417_8590	8417	8590	+	LSU ribosomal protein L27p	
2590	3590	NEOS13_2549	peg	3590_8694_9695	8694	9695	+	COG0536: GTP-binding protein Obg	
2591	3590	NEOS13_2550	peg	3590_10671_9811	10671	9811	-	dTDP-4-dehydrohamnose reductase (EC 1.1.1.133)	

2592	3590	NEOS13_2551	peg	3590_11216_10668	11216	10668	-	dTDP-4-dehydrohamnose 3,5-epimerase (EC 5.1.3.13)	
2593	3590	NEOS13_2552	peg	3590_11901_13004	11901	13004	+	Acetate kinase (EC 2.7.2.1)	
2594	3590	NEOS13_2553	peg	3590_13309_13187	13309	13187	-	hypothetical protein	
2595	3590	NEOS13_2554	peg	3590_13451_13329	13451	13329	-	hypothetical protein	
2596	3590	NEOS13_2555	peg	3590_13652_15121	13652	15121	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2597	3590	NEOS13_2556	peg	3590_15276_15404	15276	15404	+	hypothetical protein	
2598	3590	NEOS13_0042ma	rna	3590_15552_15639	15552	15639	+	tRNA-Ser-GCT	RNA
2599	3590	NEOS13_2557	peg	3590_16571_15696	16571	15696	-	Zinc ABC transporter, inner membrane permease protein ZnuB	ABC_transporter
2600	3590	NEOS13_2558	peg	3590_17296_16568	17296	16568	-	Zinc ABC transporter, ATP-binding protein ZnuC	ABC_transporter
2601	3590	NEOS13_2559	peg	3590_17765_17577	17765	17577	-	hypothetical protein	
2602	3590	NEOS13_2560	peg	3590_18696_17806	18696	17806	-	Zinc ABC transporter, periplasmic-binding protein ZnuA	ABC_transporter
2603	3590	NEOS13_0043ma	rna	3590_18930_19018	18930	19018	+	tRNA-Ser-GGA	RNA
2604	3590	NEOS13_2561	peg	3590_19322_19188	19322	19188	-	hypothetical protein	
2605	3590	NEOS13_2562	peg	3590_20081_19566	20081	19566	-	hypothetical protein	
2606	3590	NEOS13_2563	peg	3590_20761_20393	20761	20393	-	hypothetical protein	
2607	3590	NEOS13_2564	peg	3590_21881_20895	21881	20895	-	hypothetical protein	
2608	3590	NEOS13_2565	peg	3590_22321_22434	22321	22434	+	hypothetical protein	
2609	3590	NEOS13_2566	peg	3590_22586_23560	22586	23560	+	Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), beta subunit (EC 1.17.4.1)	
2610	3590	NEOS13_2567	peg	3590_23571_25889	23571	25889	+	Ribonucleotide reductase of class Ia (aerobic), alpha subunit (EC 1.17.4.1)	
2611	3590	NEOS13_2568	peg	3590_26400_27659	26400	27659	+	Gamma-glutamyl phosphate reductase (EC 1.2.1.41)	
2612	3590	NEOS13_2569	peg	3590_27864_29744	27864	29744	+	hypothetical protein	
2613	3590	NEOS13_2570	peg	3590_30145_31119	30145	31119	+	hypothetical protein	
2614	3590	NEOS13_2571	peg	3590_31129_31293	31129	31293	+	hypothetical protein	
2615	3590	NEOS13_2572	peg	3590_32000_31773	32000	31773	-	hypothetical protein	
2616	3590	NEOS13_2573	peg	3590_32390_32031	32390	32031	-	hypothetical protein	
2617	3590	NEOS13_2574	peg	3590_34039_33071	34039	33071	-	putative 1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase (ACC deaminase)	
2618	3590	NEOS13_2575	peg	3590_34206_34069	34206	34069	-	hypothetical protein	
2619	3590	NEOS13_2576	peg	3590_34284_34415	34284	34415	+	hypothetical protein	
2620	3590	NEOS13_2577	peg	3590_34498_35742	34498	35742	+	NAD(FAD)-utilizing dehydrogenases	
2621	3590	NEOS13_2578	peg	3590_36678_35872	36678	35872	-	Coproporphyrinogen III oxidase, aerobic (EC 1.3.3.3)	
2622	3590	NEOS13_2579	peg	3590_36919_36728	36919	36728	-	hypothetical protein	
2623	3590	NEOS13_2580	peg	3590_36944_37063	36944	37063	+	hypothetical protein	
2624	3590	NEOS13_2581	peg	3590_38856_37303	38856	37303	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2625	3591	NEOS13_2582	peg	3591_1919_579	1919	579	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2626	3591	NEOS13_2583	peg	3591_2144_2028	2144	2028	-	hypothetical protein	
2627	3591	NEOS13_2584	peg	3591_2307_2176	2307	2176	-	hypothetical protein	
2628	3591	NEOS13_2585	peg	3591_2911_2795	2911	2795	-	hypothetical protein	
2629	3591	NEOS13_2586	peg	3591_3053_3208	3053	3208	+	Mobile element protein	
2630	3591	NEOS13_2587	peg	3591_3425_3285	3425	3285	-	hypothetical protein	
2631	3591	NEOS13_2588	peg	3591_5885_4089	5885	4089	-	hypothetical protein	
2632	3591	NEOS13_2589	peg	3591_6256_6417	6256	6417	+	hypothetical protein	
2633	3591	NEOS13_2590	peg	3591_6669_10091	6669	10091	+	Exodeoxyribonuclease V gamma chain (EC 3.1.11.5)	
2634	3591	NEOS13_2591	peg	3591_10251_11072	10251	11072	+	hypothetical protein	
2635	3591	NEOS13_2592	peg	3591_12211_15717	12211	15717	+	Exodeoxyribonuclease V beta chain (EC 3.1.11.5)	
2636	3591	NEOS13_2593	peg	3591_15774_17522	15774	17522	+	Exodeoxyribonuclease V alpha chain (EC 3.1.11.5)	
2637	3591	NEOS13_2594	peg	3591_18356_17967	18356	17967	-	hypothetical protein	
2638	3591	NEOS13_2595	peg	3591_19603_18434	19603	18434	-	hypothetical protein	
2639	3591	NEOS13_2596	peg	3591_20950_20465	20950	20465	-	hypothetical protein	
2640	3591	NEOS13_2597	peg	3591_21108_21245	21108	21245	+	hypothetical protein	
2641	3591	NEOS13_2598	peg	3591_21262_23427	21262	23427	+	Transcription elongation factor GreA	
2642	3591	NEOS13_2599	peg	3591_23428_24036	23428	24036	+	Nucleoside 5-triphosphatase RdgB (dHATP, dITP, XTP-specific) (EC 3.6.1.15)	
2643	3591	NEOS13_2600	peg	3591_24045_24740	24045	24740	+	hypothetical protein	
2644	3591	NEOS13_2601	peg	3591_24950_25933	24950	25933	+	hypothetical protein	
2645	3591	NEOS13_0044ma	rna	3591_26078_26150	26078	26150	+	tRNA-Ala-GGC	RNA
2646	3591	NEOS13_2602	peg	3591_26230_26379	26230	26379	+	hypothetical protein	
2647	3591	NEOS13_2603	peg	3591_26854_26621	26854	26621	-	hypothetical protein	
2648	3591	NEOS13_2604	peg	3591_27723_26995	27723	26995	-	hypothetical protein	
2649	3591	NEOS13_2605	peg	3591_28517_27786	28517	27786	-	hypothetical protein	
2650	3591	NEOS13_2606	peg	3591_28517_28633	28517	28633	+	hypothetical protein	
2651	3591	NEOS13_2607	peg	3591_29877_28918	29877	28918	-	hypothetical protein	
2652	3591	NEOS13_2608	peg	3591_31738_30296	31738	30296	-	hypothetical protein	
2653	3591	NEOS13_2609	peg	3591_35567_32628	35567	32628	-	hypothetical protein	
2654	3591	NEOS13_2610	peg	3591_36586_35765	36586	35765	-	hypothetical protein	
2655	3591	NEOS13_2611	peg	3591_36909_38846	36909	38846	+	Threonyl-tRNA synthetase (EC 6.1.1.3)	
2656	3591	NEOS13_2612	peg	3591_38834_39586	38834	39586	+	Septum site-determining protein MinD	
2657	3591	NEOS13_2613	peg	3591_39723_40469	39723	40469	+	Virulence plasmid protein pGP6-D	
2658	3591	NEOS13_2614	peg	3591_41058_40942	41058	40942	-	hypothetical protein	
2659	3591	NEOS13_2615	peg	3591_41106_41252	41106	41252	+	hypothetical protein	
2660	3591	NEOS13_2616	peg	3591_41381_42088	41381	42088	+	hypothetical protein	
2661	3591	NEOS13_2617	peg	3591_42070_43437	42070	43437	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat

2662	3591	NEOS13_2618	peg	3591_43972_43844	43972	43844	-	hypothetical protein	
2663	3591	NEOS13_2619	peg	3591_43982_45325	43982	45325	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2664	3592	NEOS13_2620	peg	3592_751_137	751	137	-	hypothetical protein	
2665	3592	NEOS13_2621	peg	3592_1029_1286	1029	1286	+	hypothetical protein	
2666	3592	NEOS13_2622	peg	3592_1675_1490	1675	1490	-	hypothetical protein	
2667	3592	NEOS13_2623	peg	3592_2441_2142	2441	2142	-	hypothetical protein	
2668	3592	NEOS13_2624	peg	3592_2935_3129	2935	3129	+	hypothetical protein	
2669	3592	NEOS13_2625	peg	3592_4358_3231	4358	3231	-	Branched-chain amino acid transport system carrier protein	
2670	3592	NEOS13_2626	peg	3592_6196_5012	6196	5012	-	L,L-diaminopimelate aminotransferase (EC 2.6.1.83)	
2671	3592	NEOS13_2627	peg	3592_7277_6201	7277	6201	-	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.11)	
2672	3592	NEOS13_2628	peg	3592_7613_7735	7613	7735	+	hypothetical protein	
2673	3592	NEOS13_2629	peg	3592_8162_9409	8162	9409	+	putative oxidoreductase iron/ascorbatefamily protein	
2674	3592	NEOS13_2630	peg	3592_11752_9632	11752	9632	-	FIG00494344: hypothetical protein	
2675	3592	NEOS13_2631	peg	3592_12298_13173	12298	13173	+	FIG00493905: hypothetical protein	
2676	3592	NEOS13_2632	peg	3592_13185_13523	13185	13523	+	HIT family protein	
2677	3592	NEOS13_2633	peg	3592_14073_15809	14073	15809	+	hypothetical protein	
2678	3592	NEOS13_2634	peg	3592_15916_17556	15916	17556	+	hypothetical protein	
2679	3592	NEOS13_2635	peg	3592_18092_17823	18092	17823	-	Thioredoxin	
2680	3592	NEOS13_2636	peg	3592_19038_18925	19038	18925	-	hypothetical protein	
2681	3592	NEOS13_2637	peg	3592_19675_21135	19675	21135	+	hypothetical protein	
2682	3592	NEOS13_2638	peg	3592_21397_21254	21397	21254	-	hypothetical protein	
2683	3592	NEOS13_2639	peg	3592_21854_23854	21854	23854	+	hypothetical protein	
2684	3592	NEOS13_2640	peg	3592_25311_23851	25311	23851	-	hypothetical protein	
2685	3592	NEOS13_2641	peg	3592_26175_25945	26175	25945	-	hypothetical protein	
2686	3592	NEOS13_2642	peg	3592_26896_26354	26896	26354	-	putative ATP-binding cassette protein, nasD	
2687	3592	NEOS13_2643	peg	3592_27449_28717	27449	28717	+	Tyrosine-specific transport protein	
2688	3592	NEOS13_2644	peg	3592_28729_29217	28729	29217	+	hypothetical protein	
2689	3592	NEOS13_2645	peg	3592_29268_31091	29268	31091	+	DnaK-related protein	
2690	3592	NEOS13_2646	peg	3592_31185_31298	31185	31298	+	hypothetical protein	
2691	3592	NEOS13_2647	peg	3592_31751_31326	31751	31326	-	Sulfur acceptor protein SufE for iron-sulfur cluster assembly	
2692	3592	NEOS13_2648	peg	3592_32520_32738	32520	32738	+	Translation initiation factor I	
2693	3592	NEOS13_0045ma	rna	3592_32826_32897	32826	32897	+	tRNA-Thr-GGT	RNA
2694	3592	NEOS13_2649	peg	3592_33350_34159	33350	34159	+	Translation elongation factor Tu	
2695	3592	NEOS13_0046ma	rna	3592_34230_34302	34230	34302	+	tRNA-Trp-CCA	RNA
2696	3592	NEOS13_2650	peg	3592_34343_34636	34343	34636	+	putative preprotein translocase SecE	
2697	3592	NEOS13_2651	peg	3592_34658_35206	34658	35206	+	Transcription antitermination protein NusG	
2698	3592	NEOS13_2652	peg	3592_35368_35796	35368	35796	+	LSU ribosomal protein L11p (L12e)	
2699	3592	NEOS13_2653	peg	3592_35818_36516	35818	36516	+	LSU ribosomal protein L1p (L10Ae)	
2700	3592	NEOS13_2654	peg	3592_36529_37056	36529	37056	+	LSU ribosomal protein L10p (P0)	
2701	3592	NEOS13_2655	peg	3592_37098_37481	37098	37481	+	LSU ribosomal protein L7/L12 (P1/P2)	
2702	3592	NEOS13_2656	peg	3592_38082_41504	38082	41504	+	DNA-directed RNA polymerase beta subunit (EC 2.7.7.6)	
2703	3592	NEOS13_2657	peg	3592_41526_45725	41526	45725	+	DNA-directed RNA polymerase beta' subunit (EC 2.7.7.6)	
2704	3592	NEOS13_2658	peg	3592_47389_46418	47389	46418	-	Transaldolase (EC 2.2.1.2)	Pentose_phosphate_pathway
2705	3592	NEOS13_2659	peg	3592_47768_47382	47768	47382	-	hypothetical protein	
2706	3592	NEOS13_2660	peg	3592_48350_48192	48350	48192	-	hypothetical protein	
2707	3592	NEOS13_2661	peg	3592_48591_48478	48591	48478	-	hypothetical protein	
2708	3592	NEOS13_2662	peg	3592_48698_48558	48698	48558	-	hypothetical protein	
2709	3592	NEOS13_2663	peg	3592_49326_48823	49326	48823	-	hypothetical protein	
2710	3592	NEOS13_2664	peg	3592_49574_49338	49574	49338	-	hypothetical protein	
2711	3592	NEOS13_2665	peg	3592_50251_49775	50251	49775	-	hypothetical protein	
2712	3592	NEOS13_2666	peg	3592_50454_50606	50454	50606	+	hypothetical protein	
2713	3592	NEOS13_2667	peg	3592_50793_51419	50793	51419	+	V-type ATP synthase subunit E (EC 3.6.3.14)	Oxidative_Phosphorylation
2714	3592	NEOS13_2668	peg	3592_51425_52210	51425	52210	+	hypothetical protein	
2715	3592	NEOS13_2669	peg	3592_52207_53991	52207	53991	+	V-type ATP synthase subunit A (EC 3.6.3.14)	Oxidative_Phosphorylation
2716	3592	NEOS13_2670	peg	3592_54005_55324	54005	55324	+	V-type ATP synthase subunit B (EC 3.6.3.14)	Oxidative_Phosphorylation
2717	3592	NEOS13_2671	peg	3592_55495_56142	55495	56142	+	V-type ATP synthase subunit D (EC 3.6.3.14)	Oxidative_Phosphorylation
2718	3592	NEOS13_2672	peg	3592_56139_58064	56139	58064	+	V-type ATP synthase subunit I (EC 3.6.3.14)	Oxidative_Phosphorylation
2719	3592	NEOS13_2673	peg	3592_58095_58517	58095	58517	+	V-type ATP synthase subunit K (EC 3.6.3.14)	Oxidative_Phosphorylation
2720	3592	NEOS13_2674	peg	3592_58905_59030	58905	59030	+	hypothetical protein	
2721	3592	NEOS13_2675	peg	3592_59355_60584	59355	60584	+	hypothetical protein	
2722	3592	NEOS13_2676	peg	3592_61029_61319	61029	61319	+	hypothetical protein	
2723	3592	NEOS13_2677	peg	3592_61678_61559	61678	61559	-	hypothetical protein	
2724	3592	NEOS13_2678	peg	3592_63568_62096	63568	62096	-	Sodium-dependent transporter	
2725	3592	NEOS13_2679	peg	3592_64007_63846	64007	63846	-	hypothetical protein	
2726	3592	NEOS13_2680	peg	3592_64060_64698	64060	64698	+	hypothetical protein	
2727	3592	NEOS13_2681	peg	3592_65021_65134	65021	65134	+	hypothetical protein	
2728	3592	NEOS13_0047ma	rna	3592_65248_65162	65248	65162	-	tRNA-Ser-CGA	RNA
2729	3592	NEOS13_2682	peg	3592_65395_65832	65395	65832	+	Mobile element protein	
2730	3592	NEOS13_2683	peg	3592_66497_66610	66497	66610	+	hypothetical protein	
2731	3592	NEOS13_2684	peg	3592_66649_66861	66649	66861	+	hypothetical protein	

2732	3592	NEOS13_2685	peg	3592_66864_67373	66864	67373	+	Protein yciF	
2733	3592	NEOS13_2686	peg	3592_67886_68458	67886	68458	+	ATP-dependent DNA ligase (EC 6.5.1.1) clustered with Ku protein, LigD	
2734	3592	NEOS13_2687	peg	3592_69100_68960	69100	68960	-	hypothetical protein	
2735	3592	NEOS13_2688	peg	3592_70337_70546	70337	70546	+	hypothetical protein	
2736	3593	NEOS13_2689	peg	3593_22_225	22	225	+	hypothetical protein	
2737	3593	NEOS13_2690	peg	3593_719_925	719	925	+	hypothetical protein	
2738	3593	NEOS13_2691	peg	3593_1071_1445	1071	1445	+	hypothetical protein	
2739	3593	NEOS13_2692	peg	3593_1695_1967	1695	1967	+	hypothetical protein	
2740	3593	NEOS13_2693	peg	3593_2080_2490	2080	2490	+	hypothetical protein	
2741	3593	NEOS13_2694	peg	3593_2635_3009	2635	3009	+	hypothetical protein	
2742	3593	NEOS13_2695	peg	3593_3157_3531	3157	3531	+	hypothetical protein	
2743	3593	NEOS13_2696	peg	3593_3851_4087	3851	4087	+	hypothetical protein	
2744	3593	NEOS13_2697	peg	3593_4650_4922	4650	4922	+	hypothetical protein	
2745	3593	NEOS13_2698	peg	3593_5241_5456	5241	5456	+	hypothetical protein	
2746	3593	NEOS13_2699	peg	3593_7096_5750	7096	5750	-	hypothetical protein	
2747	3593	NEOS13_2700	peg	3593_7120_7233	7120	7233	+	hypothetical protein	
2748	3593	NEOS13_2701	peg	3593_7372_7491	7372	7491	+	hypothetical protein	
2749	3593	NEOS13_2702	peg	3593_9469_8078	9469	8078	-	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A (EC 1.6.5.-)	Oxidative_Phosphorylation
2750	3593	NEOS13_2703	peg	3593_10201_9794	10201	9794	-	hypothetical protein	
2751	3593	NEOS13_2704	peg	3593_10568_11974	10568	11974	+	hypothetical protein	
2752	3593	NEOS13_2705	peg	3593_11971_14550	11971	14550	+	General secretion pathway protein D	Sec_T2SS
2753	3593	NEOS13_2706	peg	3593_14537_16165	14537	16165	+	General secretion pathway protein E / Type II secretory pathway, ATPase PulE/Tfp pilus assembly pathway, ATPase PilB	Sec_T2SS
2754	3593	NEOS13_2707	peg	3593_16172_17356	16172	17356	+	general secretion pathway protein F	Sec_T2SS
2755	3593	NEOS13_2708	peg	3593_17377_17766	17377	17766	+	hypothetical protein	
2756	3593	NEOS13_2709	peg	3593_17807_18397	17807	18397	+	hypothetical protein	
2757	3593	NEOS13_2710	peg	3593_22943_18696	22943	18696	-	hypothetical protein	
2758	3593	NEOS13_2711	peg	3593_26380_23027	26380	23027	-	hypothetical protein	
2759	3593	NEOS13_2712	peg	3593_27181_27327	27181	27327	+	hypothetical protein	
2760	3593	NEOS13_2713	peg	3593_27497_28051	27497	28051	+	hypothetical protein	
2761	3593	NEOS13_2714	peg	3593_34565_28296	34565	28296	-	hypothetical protein	
2762	3593	NEOS13_2715	peg	3593_34591_34773	34591	34773	+	hypothetical protein	
2763	3593	NEOS13_2716	peg	3593_36329_35298	36329	35298	-	Oxidoreductase	
2764	3593	NEOS13_2717	peg	3593_36710_37312	36710	37312	+	hypothetical protein	
2765	3593	NEOS13_2718	peg	3593_37357_38034	37357	38034	+	hypothetical protein	
2766	3593	NEOS13_2719	peg	3593_38051_39001	38051	39001	+	hypothetical protein	
2767	3593	NEOS13_2720	peg	3593_38998_39981	38998	39981	+	hypothetical protein	
2768	3593	NEOS13_2721	peg	3593_40247_40651	40247	40651	+	hypothetical protein	
2769	3593	NEOS13_2722	peg	3593_40954_42330	40954	42330	+	probable two-component response regulator	
2770	3593	NEOS13_2723	peg	3593_42816_43721	42816	43721	+	hypothetical protein	
2771	3593	NEOS13_2724	peg	3593_43865_43713	43865	43713	-	hypothetical protein	
2772	3593	NEOS13_2725	peg	3593_45881_43971	45881	43971	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2773	3593	NEOS13_2726	peg	3593_46244_45924	46244	45924	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2774	3594	NEOS13_2727	peg	3594_128_370	128	370	+	hypothetical protein	
2775	3595	NEOS13_2728	peg	3595_110_508	110	508	+	Transposase	Transposase
2776	3595	NEOS13_2729	peg	3595_501_782	501	782	+	transposase	Transposase
2777	3595	NEOS13_2730	peg	3595_814_978	814	978	+	hypothetical protein	
2778	3595	NEOS13_2731	peg	3595_2078_1005	2078	1005	-	Mobile element protein	
2779	3596	NEOS13_2732	peg	3596_293_550	293	550	+	transposase	Transposase
2780	3596	NEOS13_2733	peg	3596_760_1359	760	1359	+	LemA protein	
2781	3596	NEOS13_2734	peg	3596_1434_2423	1434	2423	+	Heat shock protein HtpX (EC 3.4.24.-)	
2782	3596	NEOS13_2735	peg	3596_2942_2826	2942	2826	-	hypothetical protein	
2783	3596	NEOS13_2736	peg	3596_3620_3162	3620	3162	-	DoxX	
2784	3596	NEOS13_2737	peg	3596_4117_4308	4117	4308	+	hypothetical protein	
2785	3596	NEOS13_2738	peg	3596_4475_6853	4475	6853	+	hypothetical protein	
2786	3596	NEOS13_2739	peg	3596_7066_8010	7066	8010	+	hypothetical protein	
2787	3596	NEOS13_2740	peg	3596_8594_8100	8594	8100	-	hypothetical protein	
2788	3596	NEOS13_2741	peg	3596_9571_8627	9571	8627	-	Cobalt-zinc-cadmium resistance protein	
2789	3596	NEOS13_2742	peg	3596_10269_14324	10269	14324	+	hypothetical protein	
2790	3596	NEOS13_2743	peg	3596_14616_14732	14616	14732	+	hypothetical protein	
2791	3596	NEOS13_2744	peg	3596_18258_14830	18258	14830	-	hypothetical protein	
2792	3596	NEOS13_2745	peg	3596_20591_18321	20591	18321	-	hypothetical protein	
2793	3596	NEOS13_2746	peg	3596_21088_20867	21088	20867	-	hypothetical protein	
2794	3596	NEOS13_2747	peg	3596_21693_21340	21693	21340	-	RNA-binding protein	
2795	3596	NEOS13_2748	peg	3596_22456_22100	22456	22100	-	RNA-binding protein	
2796	3596	NEOS13_2749	peg	3596_23291_22842	23291	22842	-	hypothetical protein	
2797	3596	NEOS13_2750	peg	3596_23299_23412	23299	23412	+	hypothetical protein	
2798	3596	NEOS13_2751	peg	3596_24186_23542	24186	23542	-	hypothetical protein	
2799	3596	NEOS13_2752	peg	3596_24496_26091	24496	26091	+	Oligopeptide ABC transporter, periplasmic oligopeptide-binding protein OppA (TC 3.A.1.5.1)	ABC_transporter
2800	3596	NEOS13_2753	peg	3596_26229_26062	26229	26062	-	hypothetical protein	
2801	3596	NEOS13_2754	peg	3596_28069_26417	28069	26417	-	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase, beta subunit (EC 2.7.1.90)	
2802	3596	NEOS13_2755	peg	3596_28899_28105	28899	28105	-	hypothetical protein	
2803	3596	NEOS13_2756	peg	3596_29306_29184	29306	29184	-	hypothetical protein	
2804	3596	NEOS13_2757	peg	3596_29829_29653	29829	29653	-	hypothetical protein	
2805	3596	NEOS13_2758	peg	3596_31267_29846	31267	29846	-	hypothetical protein	
2806	3596	NEOS13_2759	peg	3596_32256_31972	32256	31972	-	hypothetical protein	
2807	3596	NEOS13_2760	peg	3596_32351_32878	32351	32878	+	hypothetical protein	
2808	3596	NEOS13_2761	peg	3596_32954_33082	32954	33082	+	hypothetical protein	

2809	3596	NEOS13_2762	peg	3596_33364_34218	33364	34218	+	Formamidopyrimidine-DNA glycosylase (EC 3.2.2.23)	
2810	3596	NEOS13_2763	peg	3596_34199_34807	34199	34807	+	HAD-superfamily hydrolase, subfamily 1A, variant 3	
2811	3596	NEOS13_2764	peg	3596_35011_35550	35011	35550	+	hypothetical protein	
2812	3596	NEOS13_2765	peg	3596_35756_36943	35756	36943	+	2-amino-3-ketobutyrate coenzyme A ligase (EC 2.3.1.29)	
2813	3596	NEOS13_2766	peg	3596_36982_38016	36982	38016	+	L-threonine 3-dehydrogenase (EC 1.1.1.103)	
2814	3596	NEOS13_0048ma	rna	3596_39199_39127	39199	39127	-	tRNA-Met-CAT	RNA
2815	3596	NEOS13_0049ma	rna	3596_39278_39206	39278	39206	-	tRNA-Met-CAT	RNA
2816	3596	NEOS13_2767	peg	3596_40670_39378	40670	39378	-	3-deoxy-D-manno-octulosonic-acid transferase (EC 2.-.-)	
2817	3596	NEOS13_2768	peg	3596_41113_40994	41113	40994	-	hypothetical protein	
2818	3596	NEOS13_2769	peg	3596_43358_41130	43358	41130	-	Transcription accessory protein (S1 RNA-binding domain)	
2819	3596	NEOS13_2770	peg	3596_44164_43721	44164	43721	-	hypothetical protein	
2820	3596	NEOS13_2771	peg	3596_44309_44196	44309	44196	-	hypothetical protein	
2821	3596	NEOS13_2772	peg	3596_44409_44573	44409	44573	+	hypothetical protein	
2822	3596	NEOS13_2773	peg	3596_44692_45408	44692	45408	+	dienelactone hydrolase family protein	
2823	3596	NEOS13_2774	peg	3596_45414_45743	45414	45743	+	hypothetical protein	
2824	3596	NEOS13_2775	peg	3596_45977_46510	45977	46510	+	hypothetical protein	
2825	3596	NEOS13_2776	peg	3596_46577_47395	46577	47395	+	hypothetical protein	
2826	3596	NEOS13_2777	peg	3596_47421_47936	47421	47936	+	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)	
2827	3596	NEOS13_2778	peg	3596_47942_48097	47942	48097	+	hypothetical protein	
2828	3596	NEOS13_2779	peg	3596_48567_48439	48567	48439	-	hypothetical protein	
2829	3596	NEOS13_2780	peg	3596_51409_48587	51409	48587	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2830	365	NEOS13_2781	peg	365_170_54	170	54	-	hypothetical protein	
2831	389	NEOS13_2782	peg	389_240_34	240	34	-	hypothetical protein	
2832	484	NEOS13_2783	peg	484_1281_148	1281	148	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2833	484	NEOS13_2784	peg	484_1470_1625	1470	1625	+	hypothetical protein	
2834	484	NEOS13_2785	peg	484_2384_1662	2384	1662	-	putative biotin-[acetyl-CoA-carboxylase] ligase/biotin repressor (bifunctional)	
2835	484	NEOS13_2786	peg	484_2438_3574	2438	3574	+	Rod shape-determining protein RodA	
2836	484	NEOS13_2787	peg	484_3574_4023	3574	4023	+	hypothetical protein	
2837	484	NEOS13_2788	peg	484_4155_4313	4155	4313	+	hypothetical protein	
2838	484	NEOS13_2789	peg	484_5008_4652	5008	4652	-	SSU ribosomal protein S10p (S20e)	
2839	484	NEOS13_2790	peg	484_7109_5022	7109	5022	-	Translation elongation factor G	
2840	484	NEOS13_2791	peg	484_7601_7128	7601	7128	-	SSU ribosomal protein S7p (S5e)	
2841	484	NEOS13_2792	peg	484_8160_7789	8160	7789	-	SSU ribosomal protein S12p (S23e)	
2842	484	NEOS13_2793	peg	484_8259_9509	8259	9509	+	1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase (EC 1.1.1.267)	
2843	484	NEOS13_2794	peg	484_9972_11852	9972	11852	+	Membrane-associated zinc metalloprotease	
2844	529	NEOS13_2795	peg	529_205_32	205	32	-	hypothetical protein	
2845	571	NEOS13_2796	peg	571_3774_577	3774	577	-	ankyrin repeat protein	Ankyrin
2846	571	NEOS13_2797	peg	571_5313_3904	5313	3904	-	Protein RtcB	
2847	685	NEOS13_2798	peg	685_122_9	122	9	-	hypothetical protein	
2848	775	NEOS13_2799	peg	775_178_29	178	29	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2849	865	NEOS13_2800	peg	865_365_204	365	204	-	hypothetical protein	
2850	866	NEOS13_2801	peg	866_270_61	270	61	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2851	866	NEOS13_2802	peg	866_258_407	258	407	+	hypothetical protein	
2852	728	NEOS13_2803	peg	728_3_134	3	134	+	transposase	Transposase
2853	635	NEOS13_2804	peg	635_2_121	2	121	+	transposase	Transposase
2854	2642	NEOS13_2805	peg	2642_3_233	3	233	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2855	1116	NEOS13_2806	peg	1116_1_219	1	219	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2856	2733	NEOS13_2807	peg	2733_2_211	2	211	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2857	1111	NEOS13_2808	peg	1111_1_210	1	210	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2858	1798	NEOS13_2809	peg	1798_2_202	2	202	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2859	1703	NEOS13_2810	peg	1703_2_193	2	193	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2860	501	NEOS13_2811	peg	501_1_189	1	189	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2861	1551	NEOS13_2812	peg	1551_1_183	1	183	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2862	2456	NEOS13_2813	peg	2456_3_173	3	173	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2863	2575	NEOS13_2814	peg	2575_3_170	3	170	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2864	2486	NEOS13_2815	peg	2486_2_169	2	169	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2865	2732	NEOS13_2816	peg	2732_2_166	2	166	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2866	856	NEOS13_2817	peg	856_3_158	3	158	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2867	3038	NEOS13_2818	peg	3038_3_149	3	149	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2868	803	NEOS13_2819	peg	803_2_139	2	139	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2869	1712	NEOS13_2820	peg	1712_3_134	3	134	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2870	730	NEOS13_2821	peg	730_2_133	2	133	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2871	1787	NEOS13_2822	peg	1787_3_131	3	131	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2872	2417	NEOS13_2823	peg	2417_2_127	2	127	+	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2873	1921	NEOS13_2824	peg	1921_1_126	1	126	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2874	1178	NEOS13_2825	peg	1178_1_123	1	123	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2875	2984	NEOS13_2826	peg	2984_1_123	1	123	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2876	1631	NEOS13_2827	peg	1631_1_116	3	116	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2877	1191	NEOS13_2828	peg	1191_3_113	3	113	-	Leucine-rich repeat containing protein	Leucine-rich repeat
2878	3484	NEOS13_2829	peg	3484_10062_10217	10062	10217	-	hypothetical protein	
2879	2884	NEOS13_2830	peg	2884_1_240	1	240	-	hypothetical protein	
2880	2195	NEOS13_2831	peg	2195_2_139	2	139	+	hypothetical protein	
2881	691	NEOS13_2832	peg	691_2_199	2	199	+	hypothetical protein	