

Mestrado Profissional
Uso Sustentável de Recursos Naturais em Regiões Tropicais

ALINE MADEIRA MARQUES SARAIVA

**CATEGORIZAÇÃO FUNCIONAL DE PROTEÍNAS DE UM CULTIVO
BIOLÓGICO DA BACTÉRIA *RHODOCOCCUS OPACUS***

Dissertação apresentada como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Uso Sustentável de Recursos Naturais em Regiões Tropicais, área de Ciências Ambientais, do Instituto Tecnológico Vale Desenvolvimento Sustentável (ITV).

Orientador: Rafael Borges da Silva Valadares, Dr.

Belém – PA

2019

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

S243

Saraiva, Aline Madeira Marques.

Categorização funcional de proteínas de um cultivo biológico de bactéria *Rhodococcus opacus*. / Aline Madeira Marques Saraiva, Rafael Borges da Silva Valadares. -- Belém, 2019.

50 f. : il.

Dissertação (mestrado) -- Instituto Tecnológico Vale, 2019.
Orientador(a): Dr. Rafael Borges da Silva Valadares.

1. Biotecnologia. 2. Biossurfactante. 3. *Rhodococcus opacus*. I. Valadares, Rafael Borges da Silva. II. Título

CDD 23. ed. 660.6

Bibliotecária responsável: Nisa Gonçalves / CRB 2 – 525

ALINE MADEIRA MARQUES SARAIVA

**CATEGORIZAÇÃO FUNCIONAL DE PROTEÍNAS DE UM CULTIVO
BIOLÓGICO DA BACTÉRIA *RHODOCOCCUS OPACUS***

Dissertação apresentada como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Uso Sustentável de Recursos Naturais em Regiões Tropicais, área de Ciências Ambientais, do Instituto Tecnológico Vale Desenvolvimento Sustentável (ITV).

Data da aprovação: 27/08/2019

Banca examinadora:

Dr. Rafael Borges da Silva Valadares
Orientador – Instituto Tecnológico Vale (ITV)

Dr. Guilherme Oliveira
Membro Interno – Instituto Tecnológico da Vale (ITV)

Dr. José Augusto P. Bitencourt
Membro interno - Instituto Tecnológico da Vale (ITV)

Prof Dr. Agenor Valadares Santos
Membro externo – Universidade Federal do Pará (UFPA)

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho primeiramente a Deus, pois sem Ele nada seria e à minha família por todo incentivo, força e dedicação.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente a Deus, por ter confiado em mim, por ter atendido as minhas orações e ter me dado forças e coragem para lutar e alcançar esse grande objetivo da minha vida.

Ao meu esposo e filha, por acreditarem em minha capacidade me motivando todos os dias.

À minha família, que se uniu para me ajudar a ter tempo de estudar, cuidando bem da minha pequena Helena na minha ausência. Agradeço em especial à nossa madrinha Geórgia Milla, e minha sogra Izolina Rodrigues.

À minha mãe e irmãs por sempre me apoiar e direcionar, motivar e acreditar.

Ao Instituto Tecnológico da Vale (ITV), que através do Programa de Mestrado Profissional em Uso Sustentável de Recursos Naturais em Regiões Tropicais, me proporcionou um aperfeiçoamento gratuito através da Bolsa de Ensino ofertada e a oportunidade de realizar e concretizar mais uma etapa da minha vida profissional.

Ao meu orientador, Rafael Valadares, pela disposição, orientação excelente e por acreditar no meu potencial de uma forma que eu não acreditava ser capaz de corresponder. Sempre disposto a ajudar, estimulando e incentivando para absorver o máximo de conhecimento. Meu infinito agradecimento.

Aos meus amigos do mestrado, por dividirem comigo as angústias, as alegrias, sempre incentivando uns aos outros e acreditando que tudo daria certo. Em especial Tayná, Karien, Lana e Felipe. Foi bom poder contar com vocês.

Aos amigos Alex, Alisson, Ana Clara, Cárita, Larissa, Sayuri, Tânia, Tássia e Thaís por todo apoio em palavras, incentivos, pesquisas e contribuições em pensamentos positivos ou na ajuda da compreensão de algum dado.

Aos professores e funcionários do ITV com ensinamentos, orientações e amizade me ajudaram ativamente ou passivamente neste projeto.

RESUMO

Biosurfactantes são compostos tensoativos produzidos por vários micro-organismos. A bioflotação pode ser de particular importância para as indústrias de mineração e siderurgia, devido à crescente demanda global por matérias primas e ao esgotamento de recursos minerais de maior qualidade. Apresentam vantagens em comparação aos seus homólogos químicos, incluindo baixa toxicidade, biodegradabilidade, aceitabilidade ecológica, atividade específica em condições extremas. O conhecimento das rotas metabólicas e da fisiologia da bactéria *Rhodococcus opacus* permite inferir possíveis maneiras de otimizar a produção de biosurfactantes. O objetivo deste trabalho foi investigar proteínas envolvidas na rota de biossíntese de biosurfactantes em um cultivo bacteriano em meio líquido. A bactéria *Rhodococcus opacus* foi fornecida pela Coleção Brasileira de Micro-organismos de Ambiente e Indústria – CBMAI – UNICAMP. O cultivo bacteriano foi liofilizado e enviado para o Instituto Tecnológico Vale, localizado em Belém-Pará, para então serem realizadas as etapas de análise das proteínas presentes e dos mapas metabólicos relacionados. A extração foi realizada utilizando método proposto por WANG et al., 2006. A amostra do cultivo biológico de *Rhodococcus opacus* foi submetida a identificação de proteínas por cromatografia líquida bidimensional acoplada a espectrometria de massas. No total, 991 proteínas foram identificadas e categorizadas em três aspectos: funções moleculares (643), componentes celulares (109) e processos biológicos (430). As funções moleculares que podem estar relacionadas a produção de biosurfactantes identificadas neste experimento são associadas a alterações na permeabilidade da membrana e a produção de gliconcojugados de ácido micólico. Destacaram-se também proteínas relacionadas a constituição da parede celular de *Rhodococcus*, além do carreamento de ácido micólico durante a biossíntese da parede celular. Com auxílio da ferramenta KEGG as proteínas identificadas foram mapeadas em rotas metabólicas. Ao todo 26 proteínas detectadas neste experimento estão envolvidas na conversão de glicose em trealose, parte do metabolismo do amido e sacarose. A presença de enzimas e proteínas da via de produção de trealose na bactéria *Rhodococcus opacus* está associada a produção de glicolípidios do tipo trealolípidios, composto com conhecida atividade biosurfactante. A potencialização destas vias pela indução de alterações no metabolismo e fisiologia da bactéria pode ser útil para o aumento da produção de biosurfactantes.

Palavras-chave: Biosurfactante, *Rhodococcus opacus*, Rota metabólica.

ABSTRACT

Biosurfactants are surfactant compounds produced by microorganisms. Bioflooding may be of particular importance to the mining and steel industries due to the growing global demand for raw materials and the depletion of higher quality mineral resources. They have advantages over their chemical counterparts, including low toxicity, biodegradability, ecological acceptability, specific activity under extreme conditions. Knowing the metabolic pathways and physiology of the bacteria *Rhodococcus opacus* allows us to understand how the organic reactions impact the microorganism, from ideal cultivation conditions, seeking to stimulate the production made possible by metabolism. The objective of this work was to investigate proteins involved in the biosurfactant biosynthesis route in a bacterial culture. The bacterium *Rhodococcus opacus* was supplied by the Brazilian Collection of Environment and Industry Microorganisms - CBMAI - UNICAMP. The bacterial culture was lyophilized and sent to the Vale Technological Institute, located in Belém-Pará, for the analysis of the proteins present and related metabolic pathways. Extraction was performed using the method proposed by WANG et al., 2006. The sample from the *Rhodococcus opacus* biological culture was subjected to protein identification by Two-dimensional Liquid Chromatography coupled to Mass Spectrometry. In total, 991 proteins were identified and categorized into three aspects: molecular functions (643), cellular components (109) and biological processes (430). The molecular functions that may be related to biosurfactant production identified in this experiment are associated with changes in membrane permeability and mycolic acid glycoconjugate production. Also highlighted were proteins related to the formation of the *Rhodococcus* cell wall, in addition to mycolic acid loading during cell wall biosynthesis. With the aid of the KEGG tool, the number of proteins identified in the metabolic pathways was obtained. Among the identified routes, 26 proteins are involved in the conversion of glucose to trehalose, starch and sucrose metabolism. The presence of enzymes and proteins of the trehalose production pathway in *Rhodococcus opacus* bacteria is associated with the production of trehalolipid glycolipids, with probable biosurfactant activity. Potentiation of these pathways by inducing changes in bacterial metabolism and physiology may be useful for increasing biosurfactant production.

Keywords: Biosurfactants, *Rhodococcus opacus*, Metabolic pathways

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 -	Espuma de flotação contendo ferro	14
Figura 2 -	Representação da fórmula estrutural dos biossurfactantes	17
Figura 3 -	Micrografia eletrônica de Rhodococcus sp. Cepa RHA1	21
Figura 4 -	Modelo de organização da parede celular do gênero Rhodococcus	22
Figura 5 -	Mecanismo da célula de Rhocococcus em contato com alcanos	24
Figura 6 -	Processos Biológicos da bactéria Rhodococcus opacus	32
Figura 7 -	Função molecular da bactéria Rhodococcus opacus	32
Figura 8 -	Componentes celulares presentes na bactéria Rhodococcus opacus	33
Figura 9 -	Árvore taxonômica enzimática	35
Figura 10 -	Rota metabólica de biossíntese de Trealose	38
Figura 11 -	Rota metabólica da biossíntese de Trealose em Rhodococcus	39

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 -	Classificação dos biossurfactantes	18
Tabela 2 -	Algumas funções, aplicações e características dos biossurfactantes	19
Tabela 3 -	Número de proteínas identificadas no metabolismo da bactéria <i>Rhodococcus opacus</i>	29
Tabela 4 -	Lista de mapas metabólicos presentes na bactéria <i>Rhodococcus opacus</i> . A bactéria apresentou correlação à cepa <i>Rhodococcus opacus</i> B4	36

LISTA DE ABREVIACOES

ACN - Acetonitrila
ATP - Adenosina Trifosfato
BS1 - Biossurfactante 1
BS2 - Biossurfactante 2
HLB - Balanço hidrofílico-lipofílico
CBMAI - Coleção Brasileira de Micro-organismos de Ambiente e Indústria
CMC - Concentração Micelar Crítica
CB1 - Cultivo Bacteriano (*Rhodococcus. opacus*) 1
CB2 - Cultivo Bacteriano (*Rhodococcus. opacus*) 2
DTT - Ditioneitol
EC - Números de Classificação Enzimática
IAA - Iodoacetamida
KEEG – Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes
MME - Ministério de Minas e Energia
OtsA/TPS - Trealose-6-Fosfatase Sintetase
OtsB - trealose-6-Fosfato Fosfatase
PMSF - Fluoreto de Metilfenilsulfonil
PVPP - Polivinilpirrolidona
SDS - Dodecilsulfato de Sódio
TCA - Ciclo do Ácido Tricarboxílico
TFA - Ácido Trifluoacético
TAG - Ácido Triacilglicerol
TSA - Àgar Triptona Soja
TSB – Caldo Triptona Soja

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	12
2	OBJETIVOS	13
2.1	OBJETIVO GERAL	13
2.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS	13
3	REVISÃO DA LITERATURA	14
3.1	FLOTAÇÃO	14
3.2	BIOFLOTAÇÃO	14
3.3	BIOSURFACTANTES	16
3.4	O GÊNERO <i>RHODOCOCCUS</i>	20
4	MATERIAIS E MÉTODOS	24
4.1	CULTIVO E CRESCIMENTO DA BACTÉRIA <i>RHODOCOCCUS OPACUS</i>	24
4.2	EXTRAÇÃO DE PROTEÍNAS	25
4.3	DIGESTÃO DAS PROTEÍNAS	26
4.4	CROMATOGRAFIA LÍQUIDA BIDIMENSIONAL ACOPLADA A ESPECTROMETRIA DE MASSA	27
4.5	BIOINFORMÁTICA	28
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	29
5.1	QUANTIFICAÇÃO E DISTRIBUIÇÃO DE PROTEÍNAS	29
5.2	CATEGORIZAÇÃO FUNCIONAL	31
5.3	ENZIMAS	34
5.4	IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS NO METABOLISMO BACTERIANO	36
5.5	ROTA METABÓLICA DA BIOSÍNTESE DE TREALOSE	37
6	CONCLUSÕES E RECOMENDAÇÕES	39
7	APLICAÇÕES POTENCIAIS	40
	REFERÊNCIAS	41
	APÊNDICES	

1 INTRODUÇÃO

A crescente demanda por minerais, utilizados ativamente no dia-a-dia, aliado ao esgotamento de depósitos; trouxe uma nova realidade para a pesquisa científica, focando no beneficiamento de minérios de baixa qualidade e alta complexidade, a fim de atender ao mercado global a custos competitivos (ROSÁRIO, 2017).

Segundo o Ministério de Minas e Energia (MME), o beneficiamento ou tratamento de minérios visa preparar granulometricamente, concentrar ou purificar minérios por métodos físicos ou químicos sem alteração da constituição química dos minerais. Desta forma, a flotação permite a obtenção de concentrados com elevados teores e expressivas recuperações. O processo é aplicado no beneficiamento de minérios com baixo teor e granulometria fina. É baseado no comportamento físico-químico das superfícies das partículas minerais presentes numa suspensão aquosa. A utilização de reagentes específicos, denominados coletores, depressores e/ou modificadores, permite a recuperação seletiva dos minerais de interesse por adsorção em bolhas de ar (BRASIL, 2019).

O recente foco da indústria em cumprir a legislação ambiental, reduzindo os impactos ao meio ambiente, da lavra e do beneficiamento na mineração, incentivam a realização de inúmeras pesquisas em tecnologias ambientalmente amigáveis. A bioflotação é uma tecnologia baseada no uso de micro-organismos, ou os subprodutos metabólicos, como reagentes de flotação, denominados biorreagentes, sendo coletores, depressores, ativadores ou outros modificadores de superfície, e permitindo a separação seletiva de minerais, com, em alguns casos, maior eficiência e menor toxicidade (ROSÁRIO, 2017).

A presença de grupos funcionais hidrofóbicos (cadeias hidrocarbônicas) e grupos hidrofílicos (carboxilas, fosfatos, hidroxilas) na superfície celular microbiana (parede celular, capsulas, envoltórios), conferem a alguns micro-organismos características similares às de moléculas de surfactantes. Diversos micro-organismos são capazes de produzir biosurfactantes, compostos anfifílicos que atuam na interface das emulsões, contendo partes apolares e polares, em termos de tensão superficial, estabilidade à temperatura e pH, são comparáveis, ou superiores, aos surfactantes sintéticos. Estes biosurfactantes são produzidos por diferentes estipes de micro-organismos vivos, como bactérias, leveduras e fungos. É o caso da bactéria *Rhodococcus opacus* (rop) capaz de sintetizar compostos com propriedades surfactantes como subprodutos metabólicos.

2 OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

Avaliar o proteoma da bactéria *Rhodococcus opacus* em busca de rotas metabólicas p na produção de biossurfactantes úteis para a flotação de minério de ferro.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

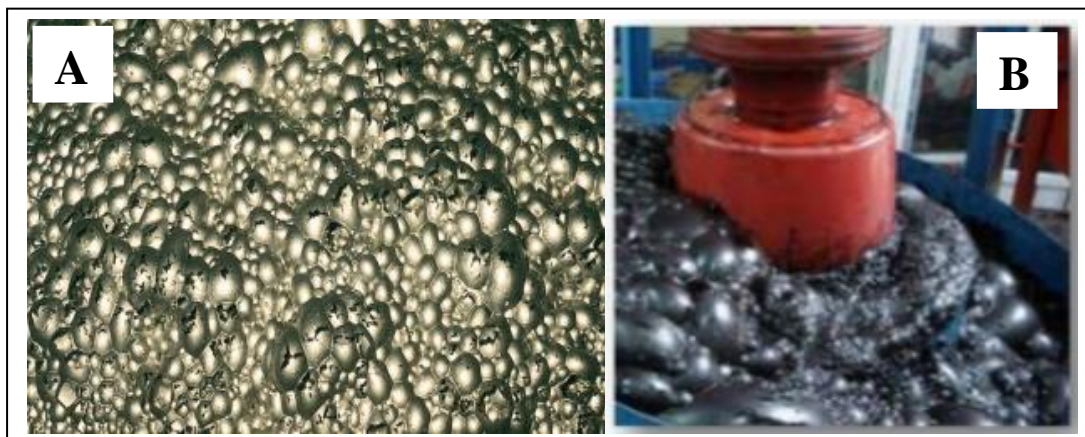
- a) Identificar lista de proteínas presentes no cultivo biológico de *Rhodococcus opacus*.
- b) Mapear as proteínas e peptídeos identificados em categorias funcionais
- c) Identificar rotas metabólicas possivelmente envolvidas na produção de biossurfactantes.

3 REVISÃO DA LITERATURA

3.1 FLOTAÇÃO

No processo de flotação, o ar é borbulhado através de uma polpa de minério de ferro em granulometria adequada, em uma quantidade específica de reagente de flotação. A ação do reagente é modificar a superfície dos óxidos de ferro ou do principal componente da ganga (resíduos impuros de minerais) para que as partículas sejam capazes de aderir à bolha de ar e assim ser conduzida à superfície, onde são removidas na forma de espuma. O minério de ferro pode ser flotado por duas rotas. Na rota direta, o óxido de ferro é flotado usando reagente aniônicos como sulfonato de petróleo ou ácidos graxos. Na rota reversa, industrialmente estabelecida, a sílica sob a forma de quartzo é flotada por coletores catiônicos do tipo amina e o minério de ferro sob a forma de hematita, permanece na polpa auxiliado pelo depressor amido de milho (fubá) (LOPES, 2009; MAEDA, 2014). Na Figura 1 é possível observar a espuma de flotação contendo minerais de ferro.

Figura 1 - Espuma de flotação contendo ferro. (A) Processo de flotação inversa, no qual a sílica é flotada com o auxílio de reagentes catiônicos (aminas) e depressores (amido). Após as células de flotação são filtradas e o minério de ferro liberado. (B) Processo de flotação inversa em escala industrial.



Fonte: Lopes, (2009)

3.2 BIOFLOTAÇÃO

Biorreagentes têm sido utilizados como possível solução para reduzir problemas ambientais, provenientes dos processos industriais de flotação mineral (ROSÁRIO, 2017). Algumas bactérias efetuam mudanças na química superficial dos minerais, realizando separação eficiente. Pois possuem grupos apolares (cadeias hidrocarbônicas) e grupos polares

(carboxilas, fosfatos, hidroxilas) na parede celular microbiana, possibilitando o uso dos produtos metabólicos (proteínas e polissacarídeos) como agentes coletores e modificadores (ROSÁRIO, 2017; RAO, VILINSKA, CHERNYSHOVA, 2010; VILINSKA, RAO, 2008) Estes grupos, quando ionizados, formam sítios ativos capazes de adsorver espécies iônicas presentes no sistema mineral, mediante vários mecanismos de adsorção (específicos e não específicos), como: troca iônica, ligações químicas e interações eletrostáticas (Oliveira, 2015).

A modificação da superfície mineral por produtos bacterianos pode ocorrer por mecanismos diretos ou indiretos. O primeiro, envolve a adesão direta das células microbianas às partículas minerais; e o segundo, a adesão ocorre com os produtos do metabolismo ou frações solúveis da célula como reagentes ativos na superfície. (ROSÁRIO, 2017; MERMA, 2012; MERMA *et al.*, 2013). A flotação mineral pode ocorrer quando um micro-organismo com perfil hidrofóbico adere à superfície mineral total ou parcialmente, atuando como um coletor convencional. Ou quando possui um caráter hidrofílico, podendo atuar como um reagente modificador depressor. A depressão pode resultar da oxidação da bactéria ou por modificação complementar da superfície, ou seja: uma vez que o biorreagente esteja aderido é impedida parcial ou totalmente uma subsequente adesão do coletor (ZHENG; ARPS; SMITH, 2001).

A adesão de células bacterianas à superfície mineral pode ser de três formas:

- a) ligação de células microbianas ao substrato sólido. Os micro-organismos ou seus produtos metabólicos, aderem à superfície de um minério e alteram as características superficiais;
- b) reações de oxidação e adsorção
- c) reações químicas com os produtos de metabolitos produzidos pelos micro-organismos (FAZAELIPOOR, KHOSHDAST, RANJBAR, 2010; BUENO, 2008).

Na literatura são encontrados inúmeros artigos referentes à bioflotação de minerais. Como exemplo, os estudos das interações de células da bactéria *Rhodococcus opacus* com a superfície mineral investigando um sistema de flotação de quartzo-hematita (MESQUITA; LINS; TOREM, 2003) e outro de quartzo-apatita (MERMA, 2012). Nos dois casos, foi comprovado que as células da rop contêm alguns polissacarídeos que interagem com a superfície mineral (MERMA, 2012; DIDYK-MUCHA *et al.*, 2015)

A bioflotação pode ser de particular importância para as indústrias de mineração e siderurgia, devido a crescente demanda global por matérias primas e o esgotamento de recursos de minérios de maior qualidade (MERMA *et al.*, 2013).

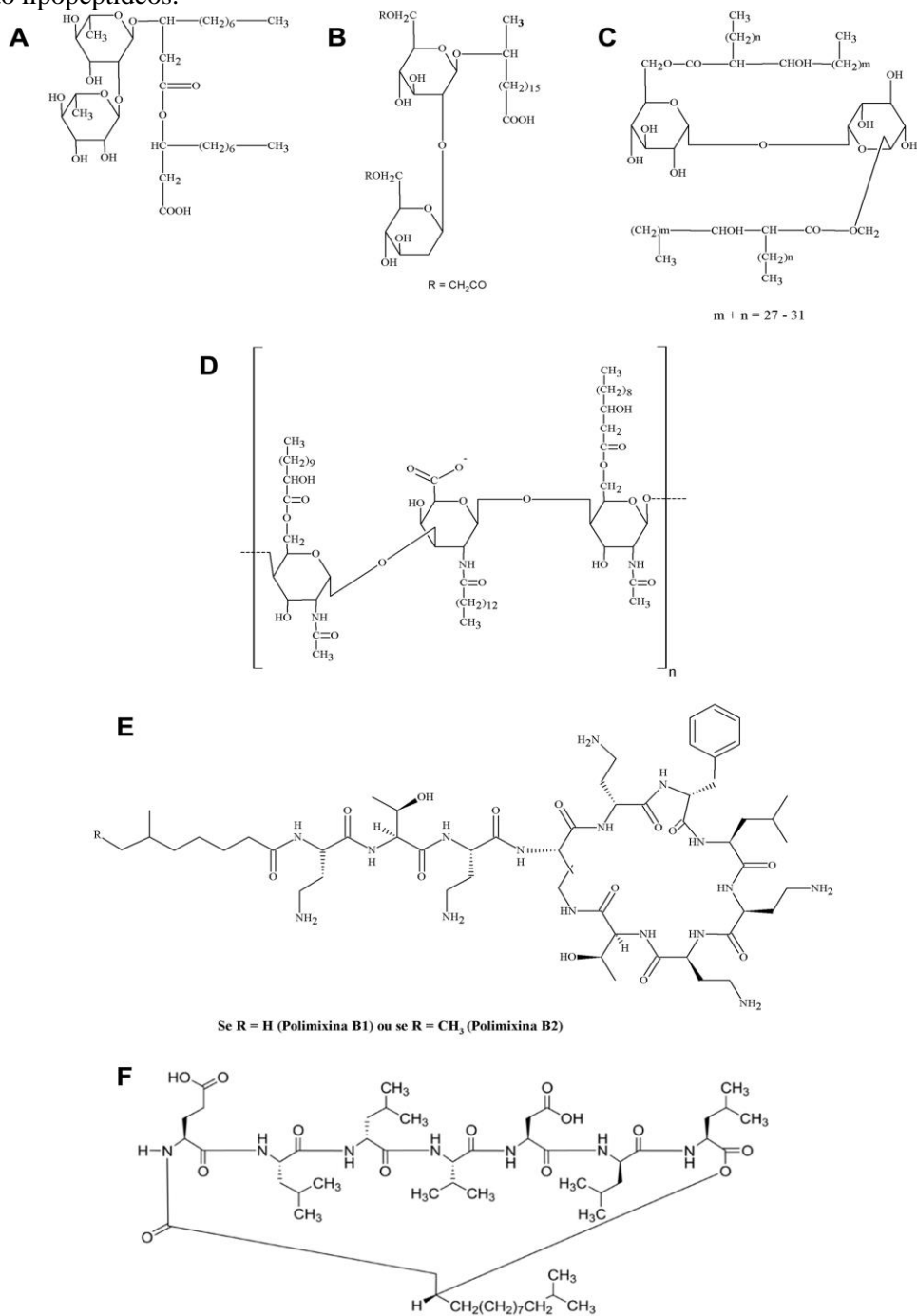
3.3 BIOSSURFACTANTES

Biossurfactantes são moléculas anfipáticas, constituídas por uma porção hidrofílica - composta de aminoácidos ou peptídeos, mono, di ou polissacarídeos - e outra hidrofóbica, constituída de uma cadeia hidrocarbônica de um ou mais ácidos graxos, saturados ou insaturados (OLIVERA, 2018; ALMEIDA, 2009). A figura 2 demonstra a estrutura química de alguns biossurfactantes.

Provenientes de bactérias, fungos filamentosos ou leveduras. Estes compostos são classificados de acordo com a composição química e origem microbiana (Tabela 1), nas classes de glicolipídeos, lipopeptídeos e lipoproteínas; fosfolipídeos e ácidos graxos; surfactantes poliméricos e surfactantes particulados (COLLA, COSTA, 2003; MULLIGAN, *et al.*, 2001; BOGNOLO, 1999; KOSARIC, CAIRNS, 1987).

Os glicolipídios dividem-se em trealose, soforolipídios e ramnolipídios, e estão envolvidos na assimilação de hidrocarbonetos de baixa polaridade. (COLLA, COSTA, 2003; SHAFI, KHANNA, 1995). A amostra trabalhada neste relatório refere-se ao gênero *Rhodococcus*, (Tabela 1) sendo então parte da classe de glicolipídios, do tipo trealolipídio, compostos de um dissacarídeo trealose unido a grupos de ácidos graxos, por ligação éster. São produzidos por vários micro-organismos, incluindo os gêneros de *Mycobacterium*, *Rhodococcus*, *Arthrobacter*, *Nocardia* e *Gordonia* (OLIVERA, 2018; DHANARAJAN, SEN, 2014).

Figura 2 - Representação da fórmula estrutural dos biossurfactantes. (A) ramnolípido; (B) soforolípdeos, (C) trealolípdeos, (D) Emulsan, (E) polimixina e (F) surfactina. Os biossurfactantes A, B e C pertencem à classe dos glicolípdeos, o biossurfactante D aos poliméricos, e os biossurfactantes E e F são lipopeptídicos.



Fonte: FELIPE; DIAS, (2017)

Tabela 1 - Classificação dos biossurfactantes

Classe de biossurfactante	Tipo	Exemplos de micro-organismo produtor
Glicolípidios	Ramrólípidios	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>
	Soforolípidios	<i>Candida bombicola</i> , <i>Torulopsis bombicola</i> , <i>Torulopsis apicola</i>
	Trealolípidios	<i>Rhodococcus erythropolis</i> , <i>Mycobacterium</i> sp.
Lipopeptídios	Viscosina	<i>Pseudomonas fluorescens</i>
	Surfactina	<i>Bacillus subtilis</i>
	Polimixina	<i>Bacillus polymyxa</i>
Fosfolípidios, ácidos graxos e lipídeos neutros	Ácidos graxos	<i>Corynebacterium lepus</i>
	Lipídios neutros	<i>Nocardia erythropolis</i> Cianobactérias
	Fosfolipídios	<i>Thiobacillus thiooxidans</i>
Surfactantes poliméricos	Emulsan	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>
	Biodispersan	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>
	Liposan	<i>Candida lipolytica</i>
Surfactantes particulados	Vesículas	<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>

Fonte: Adaptado de: Nitschke; Pastore (2002); Winterburn; Martin (2012)

Biossurfactantes da classe glicolípidios são amplamente utilizados em tecnologias de biorremediação e bioflotação mineral, devido à disponibilidade de hidrocarbonetos (OLIVERA, 2018; DHANARAJAN, SEN, 2014). As propriedades dos biossurfactantes os tornam vantajosos sobre os surfactantes químicos em inúmeras aplicações. A Tabela 2 mostra um resumo de algumas funções e aplicações.

Tabela 2 - Algumas funções, aplicações e características dos biossurfactantes

FUNÇÕES	APLICAÇÕES	CARACTERISTICAS
Emulsionantes e dispersantes	Cosméticos, tintas, biorremediação, óleos, alimentos	Adequado HLB (Balanço hidrofílico-lipofílico) e segurança ambiental
Solubilizantes	Produtos farmacêuticos e de higiene	Biocompatibilidade e baixa toxicidade
Agentes molhantes e penetrantes	Produtos farmacêuticos, têxteis e tintas	Biocompatibilidade e baixa toxicidade
Detergentes	Produtos de limpeza, agricultura	baixa cmc; biodegradabilidade e estabilidade em condições extremas de pH e salinidade
Agentes espumantes	Produtos de higiene, cosméticos e flotação de minério	Biocompatibilidade, baixa toxicidade, flotação mineral e segurança ambiental
Sequestrantes de metais	Mineração	Flotação mineral
Formadores de vesículas	Cosméticos e sistemas de liberação de drogas	Biocompatibilidade e segurança ambiental
Fator de crescimento microbiano	Tratamento de resíduos oleosos	Estabilidade química; adsorção de superfícies
Demulsificantes	Tratamentos de resíduos recuperação de petróleo	Estabilidade química; adsorção de superfícies
Redutores de viscosidade	Transporte em tubulações, oleodutos	Estabilidade química; adsorção de superfícies
Dispersantes	Mistura carvão-água, calcáreo-água	Biocompatibilidade e segurança ambiental
Fungicida	Controle biológico de fitopatogênos	adsorção de superfícies e segurança ambiental
Agente de recuperação	Recuperação terciária de petróleo	Molhamento nas formações contendo petróleo; formação e estabilização de microemulsão; facilidade de quebra da emulsão após recuperação

Fonte: Khan *et al.*, (2015); Nitschke; Pastore, (2002).

Dentre as características apresentadas na Tabela 2, as vantagens sobre os surfactantes convencionais são:

- i) **Biodegradabilidade.** Os micro-organismos utilizam os biossurfactantes como substrato para obtenção de energia mais facilmente.
- ii) **Baixa toxicidade.** Menor probabilidade de provocar reações alérgicas.
- iii) **Maior atividade superficial e interfacial.** Menores concentrações de biossurfactantes provocam uma maior diminuição da tensão superficial devido a menor cmc (Concentração Micelar Crítica) dos biossurfactante.
- iv) **Eficácia:** Estabilidade térmica, estabilidade em valores extremos de pH, e em ambientes com elevado grau de salinidade
- v) **Economia de produção aceitável.** Possuem inúmeras aplicações e fontes diversas, provindas de substratos renováveis e resíduos agroindustriais - como soro de leite, água de maceração de milho, manipueira. Além de resíduos industriais e subprodutos, o que é de particular interesse para a produção em massa (por exemplo, para utilização em tecnologias relacionadas com o petróleo).
- vi) Capacidade de **modificação estrutural** através da engenharia genética ou técnicas bioquímicas.

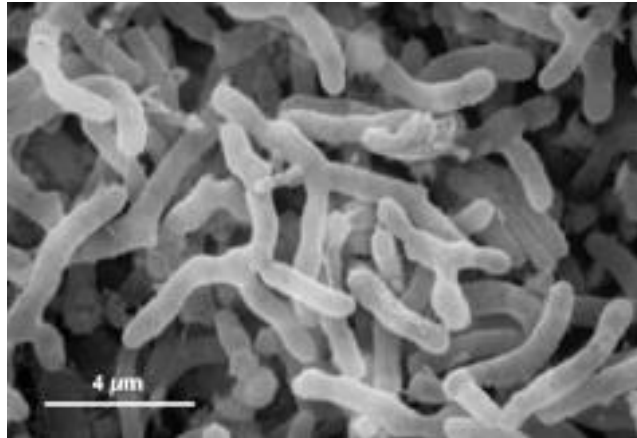
Em relação às desvantagens podemos citar os desafios associados à produção em escala comercial; baixa produtividade dos micro-organismos; perdas com contaminação, devido à produção de espuma durante o processo de produção de biossurfactante em biorreator; e as etapas de recuperação e purificação do biossurfactante, ainda onerosas e com volume de efluentes considerável. (FELIPE, DIAS, 2017; MULLIGAN *et al.*, 2014; SAHARAN, 2011; WINTERBURN, MARTIN, 2012; COLLA, COSTA, 2003; NITSCHKE, PASTORE, 2002; DAVIS *et al.*, 1999; KIM *et al.*, 1997; PRUTHI, CAMEOTRA, 1997).

3.4 O GÊNERO *RHODOCOCCLUS*

As bactérias do gênero *Rhodococcus* pertencem ao táxon supragenérico Mycolata, o qual inclui outros gêneros como *Corynebacterium*, *Mycobacterium* e *Nocardia* (Figura 3). São gram-positivas, possuem parede celular de polissacarídeos do tipo arabinogalactana, longas ramificações de ácidos graxos e ácidos micólicos, ligados covalentemente a uma matriz de

peptideoglicana-arabinogalactana-ácido micólico, como mostra a Figura 4 (PACHECO, 2008.; SUTCLIFFE, 1998).

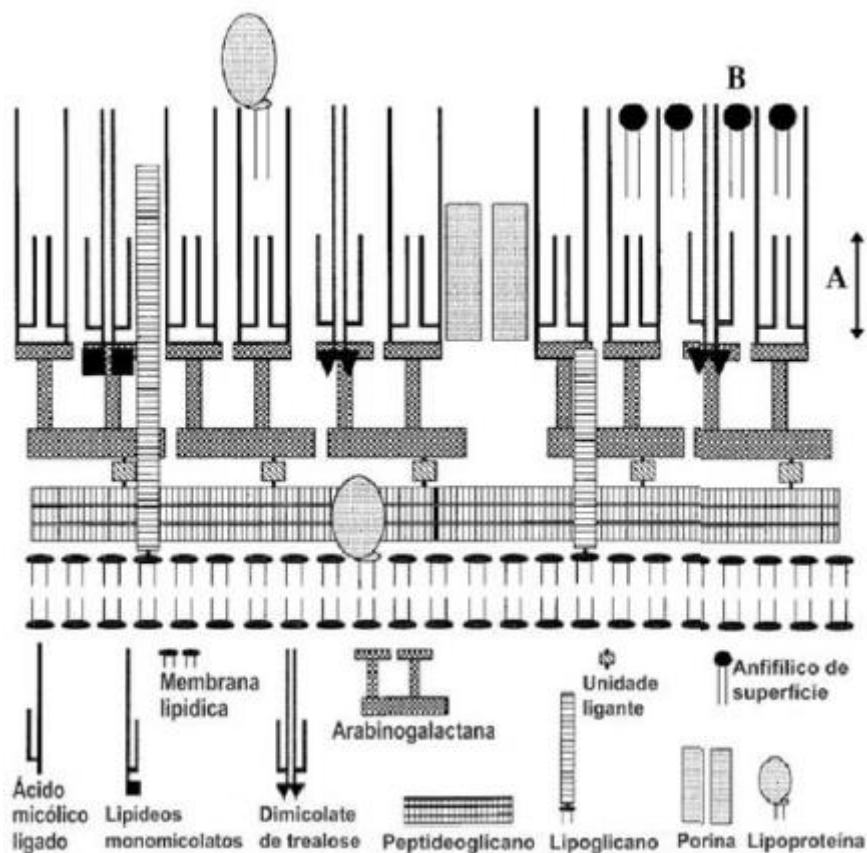
Figura 3 - Micrografia eletrônica de *Rhodococcus* sp. Cepa RHA1, mostrando o crescimento por ramificações filamentosas



Fonte: Adaptado de BC Cancer Agency¹

¹ Disponível em: <http://www.bcgsc.ca/project/Rhodococcus/summary>

Figura 4 - Modelo de organização da parede celular do gênero *Rhodococcus*. (A) barreira lipídica externa formada por ácidos micólicos e (B) lipídeos anfifílicos.



Fonte: Oliveira (2015); Pimentel (2011) *apud* adaptado de Minnikin (1991).

Actinobactérias aeróbias, gram-positivas, com ciclo de vida alternante entre as formas cocos e bastonetes, algumas vezes mostrando projeções filamentosas (FINNERTY, 1992). Não produzem esporos, são imóveis e suas colônias apresentam aspecto mucoide (ESCH *et al.*, 1999). Podem ser encontradas em solos, rochas, águas subterrâneas, sedimentos marinhos, excretas de animais, intestinos de insetos e em plantas (HERNÁNDEZ *et al.*, 2017; PACHECO, 2008; BELL *et al.*, 1998)

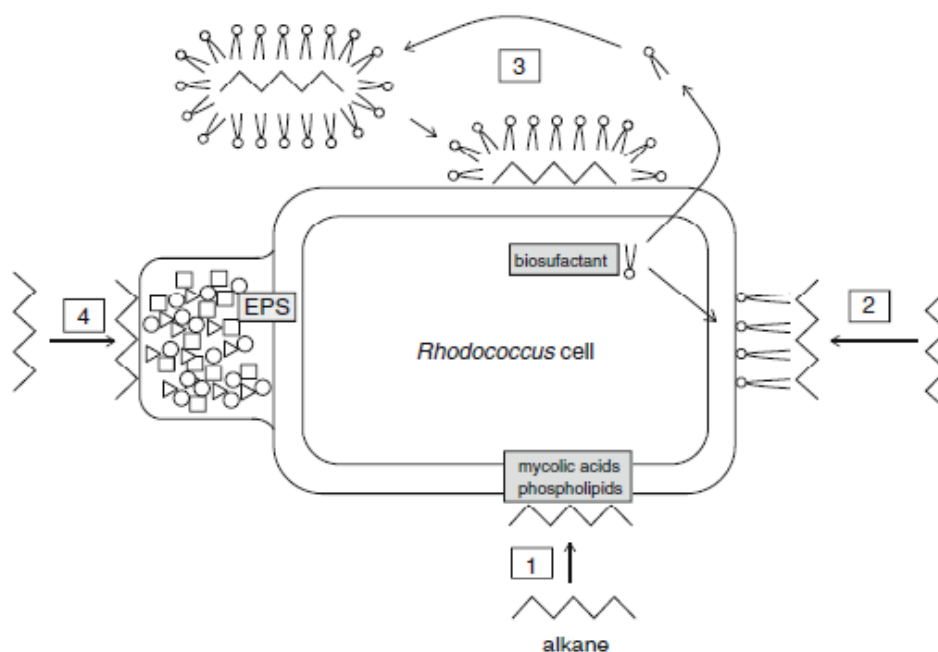
Este gênero possui uma versatilidade metabólica com capacidade de biodegradação e transformação de compostos poluentes, como hidrocarbonetos, pesticidas e outros compostos xenobióticos (MARTÍNKOVÁ *et al.*, 2009; LARKIN *et al.*, 2005; ART INTER, WARHURST, FEWSON, 1994). São candidatos a utilização em processos de biorremediação e descontaminação de solos, devido a elevada tolerância a condições de estresse. Capazes de

sintetizar e metabolizar diversos componentes, como surfactantes, óleos, ésteres, polihidroxicanoatos, glicogênio e polifosfato (ANDERSON *et al.*, 1995; ALVAREZ *et al.*, 1997; ALVAREZ, 2003; HERNÁNDEZ *et al.*, 2008; 2017). Dentre as espécies de *Rhodococcus*, as apontadas como produtoras de biosurfactante estão *R. erythropolis*, *R. ruber*, *R. opacus* e *R. rhodochrous*. (PACHECO, 2008).

As vias do metabolismo central deste gênero de micro-organismo são altamente conservadas, contudo cada espécie adota uma configuração metabólica específica. Neste contexto as vias produzem energia e metabólitos intermediários, não somente em períodos de crescimento, mas também quando as condições ambientais tornam as células metabolicamente ativas. Sob condições de estresse há aparente metabolismo de compostos de reserva podendo transformar diferentes hidrocarbonetos em lipídeos, e estes são utilizados como carbono e energia para manter a viabilidade da célula (HERNÁNDEZ *et al.*, 2008; 2017; 2019; ALVAREZ 2003; ALVAREZ *et al.*, 1997; ANDERSON *et al.*, 1995). Estas reservas podem gerar metabólitos secundários explorados biotecnologicamente, nos setores farmacêutico, ambiental, químico e de energia (PIMENTEL, 2011).

Os lipídeos de trealose, composição dos biosurfactantes, são parte da parede celular das espécies de *Rhodococcus*, e produzidos na superfície ativa durante o crescimento em meio de cultura rico em cadeias longas de n-alcanos. A liberação de biosurfactante, a partir da biossíntese de trealose, pode ser observada na Figura 5.

Figura 5 - Mecanismo da célula de *Rhodococcus sp.* em contato com alcanos. Legenda: (1) (2) O contato proporciona hidrofobicidade da membrana devido a mudanças na composição dos ácidos micólicos e fosfolipídeos; (3) tais mudanças permitem a excreção de biossurfactantes devido a emulsificação de moléculas de n-alcanos; (4) Produção de substâncias Poliméricas Extracelulares (EPS).



Fonte: Cappelletti *et al.* (2019).

A proposta deste trabalho é a elucidação das rotas metabólicas para a possível produção de biossurfactante, como metabólito da bactéria *Rhodococcus opacus*, visando a aplicação como biorreagente na flotação de minério de ferro. Etapa possível graças ao uso de espécies microbianas como reagentes de flotação na separação seletiva de sistemas minerais, caracterizados pelo sistema hematita-quartzo (MESQUITA *et al.*, 2003)

Esta dissertação possui formato de relatório técnico intitulado “Categorização Funcional de Proteínas de um Cultivo Biológico da Bactéria *Rhodococcus Opacus*”.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 CULTIVO E CRESCIMENTO DA BACTÉRIA *RHODOCOCCUS OPACUS*

A bactéria *Rhodococcus opacus* foi fornecida pela Coleção Brasileira de Microorganismos de Ambiente e Indústria – CBMAI – UNICAMP.

Fez-se a propagação das bactérias em meio sólido utilizando placas de Petri, mantidas em refrigerador a 2°C. Para a propagação (em meio sólido) e crescimento (em meio líquido)

das células de *Rhodococcus opacus*, o meio de cultura TSA (Ágar Triptona Soja) e TSB (Caldo Triptona Soja) foi empregado.

O procedimento de inoculação do micro-organismo foi realizado em capela de fluxo laminar previamente esterilizada com lâmpada germicida de luz ultravioleta para evitar contaminação microbiana.

A partir das placas de Petri foi realizado um subcultivo em meio líquido, utilizando frascos Erlenmeyer de 500 ml. Esses frascos foram levados a um *shaker* rotatório (CIEN TEC CT-712) durante 144 horas, a uma temperatura de 28°C e 150 rpm, para atingir o crescimento máximo do micro-organismo e realizarem seus processos metabólicos. O cultivo bacteriano foi liofilizado e enviado para o Instituto Tecnológico Vale, localizado em Belém-Pará, para então serem realizadas as etapas de análise das proteínas presentes, e dos mapas metabólicos relacionados.

As amostras de biorreagente para flotação foram denominadas:

BS1: Biossurfactante 1

BS2: Biossurfactante 2

CB1: Cultivo Bacteriano (*Rhodococcus. opacus*) 1

CB2: Cultivo Bacteriano (*Rhodococcus. opacus*) 2

4.2 EXTRAÇÃO DE PROTEÍNAS

A extração da amostra de cultivo biológico foi realizada utilizando método proposto por (WANG *et al.*, 2006) adaptado, no qual foram realizadas etapas de pré-limpeza para remover contaminantes que afetam a separação (lavagem de ácido tricloro-acético /acetona) e adicionalmente remover compostos (poli)fenóis (lavagem de metanol).

Foram pesadas aproximadamente 3 g de amostra liofilizada e dispostas em falcons de 15 mL, posteriormente foi adicionado 630 µL de DTT (Ditiotreitól) (70 mM final) 10 mL de tampão contendo sacarose (1,5 M), Tris-HCL (1 M, pH 8), SDS (Dodecilsulfato de Sódio, 10%), PMSF (Fluoreto de Metilfenilsulfonil, 100 mM), PVPP (Polivinilpolipirrolidona) e H₂O Ultra Pura, seguido da adição de 10 µL de inibidor de proteases (Protease Inhibitor cocktail - P8340 Sigma-Aldrich) e repouso em temperatura ambiente por 10 minutos.

As amostras foram submetidas à sonicação por seis repetições de 30 segundos, com potência de em torno de 80W e intervalos de aproximadamente 30 – 60 segundos, no gelo,

evitando o aquecimento. Em sequência, a amostra contida em cada falcon foi dividida em oito eppendorfs (epp) de 2 mL, transferindo aproximadamente 1000 µL da amostra em cada epp, e adicionados 700 µL de fenol em cada epp.

As amostras foram homogeneizadas durante 15 minutos em um vortex, em seguida centrifugadas por sete minutos, a 14000 rpm à temperatura de 4°C, para que houvesse a separação da fase fenólica, a qual foi transferida para um epp novo. O processo de centrifugação foi repetido para que fossem eliminados quaisquer resíduos da fase aquosa ou de SDS. Foi então transferido 700 µL do sobrenadante para um novo epp e adicionado outros 700 µL de acetato de amônia em metanol, para a precipitação das proteínas, as amostras foram vortexadas rapidamente apenas para misturá-las e armazenadas à -80°C overnight.

Para a limpeza, as amostras foram submetidas a repetidas etapas de lavagem. Inicialmente centrifugadas por 20 minutos, a 14000 rpm a temperatura de 4°C, todo o líquido foi descartado, e adicionou-se 1500 µL de acetona 80% gelada; o líquido foi continuamente homogeneizado com auxílio de uma pipeta até o pellet se dissolver, nesta etapa todos os pellets foram unidos em um epp, em seguida este epp foi vortexado e o líquido descartado, este processo foi repetido três vezes. Foi adicionado 1500 µL de etanol 70% gelado e os tubos epp centrifugados por 7 minutos, a 14000 rpm a temperatura de 4°C. Todo o líquido foi descartado e as amostras foram deixadas para secar por 30 minutos. Após secas, foram adicionadas 50µL de *RapiGest* SF 0,2% em cada amostra, pipetando repetidamente até a dissolução do pellet. Em seguida foi realizada a quantificação das proteínas através do Qubit 2.0 (Invitrogen).

4.3 DIGESTÃO DAS PROTEÍNAS

A digestão de proteínas foi realizada utilizando 50 µg de proteína de cada amostra, para um volume final de 150 µL por epp, este volume foi padronizado utilizando *RapiGest* SF 0,1%. O preparo da digestão foi realizado inicialmente com a redução de proteínas com Ditioneitol (DTT, 5 mM), incubando-as por 25 minutos a 56°C; em seguida realizou-se a alquilação com a adição de Iodoacetamida (IAA, 14 mM), incubadas por 30 minutos em temperatura ambiente e protegido da luz.

Posteriormente, ocorre a etapa de remoção de IAA residual, adicionando novamente DTT 5mM, com incubação de 15 minutos em temperatura ambiente, protegido da luz. As

amostras foram diluídas em 1:5 de bicarbonato de amônio 50 mM, seguida pela adição de CaCl_2 1 mM. O tratamento foi realizado com tripsina ($20 \text{ ng}/\mu\text{L}^{-1}$) por 16 horas à 37°C , a 200rpm.

Para interromper a reação enzimática, adicionou-se ácido trifluoacético (TFA) na concentração final de 0,4% do volume das amostras. O pH foi verificado em 2 e em seguida as amostras foram vortexadas e incubadas a 37°C por 90 minutos. Após as amostras foram centrifugadas a 14000 rpm, em temperatura de 6°C por 30 minutos e o sobrenadante transferido para o vial. O pH das amostras foi ajustado para 10 a partir da adição de $5 \mu\text{L}$ de 1 N NH_4OH .

As amostras BS1 e BS2 foram refeitas, e quantificadas no vial com volume de $120 \mu\text{L}$. Neste caso, não foi utilizada a quantificação com a complementação do reagente *RapiGest* SF 01%. As amostras CB1, CB2, foram quantificadas no vial com volume de aproximadamente $100 \mu\text{L}$, e utilizando $1 \mu\text{L}$ de amostra.

A partir dos resultados da quantificação de proteínas, o cultivo biológico 1 foi escolhido para a análise do proteoma, pois é o tratamento ideal para avaliar a fisiologia do micro-organismo.

4.4 CROMATOGRAFIA LÍQUIDA BIDIMENSIONAL ACOPLADA A ESPECTROMETRIA DE MASSA

Foi utilizado o cromatógrafo Nano Acquity UPLC (Waters), configurado para um fracionamento em duas dimensões. Para a primeira dimensão foi utilizada uma coluna analítica de $5 \mu\text{m}$ XBridge BEH130 C18 ($300 \mu\text{m} \times 50 \text{ mm}$) em um fluxo de $2 \mu\text{L}$ por minuto. A segunda dimensão foi montada com uma coluna trap C18, $5 \mu\text{m}$ ($180 \mu\text{m} \times 20 \text{ mm}$) e uma coluna analítica $1.7 \mu\text{m}$ BEH130 C18 ($100 \mu\text{m} \times 100 \text{ mm}$) em um fluxo de 400 nLmin^{-1} . A amostra foi separada em cinco frações a partir de um gradiente de 10.8, 14.0, 16.7, 20.4, e 65.0% de Acetonitrila (ACN).

O cromatógrafo foi acoplado diretamente a um espectrômetro de massas ESI-Q-ToF Synapt G2S (Waters) configurado para operar em modo positivo, e fragmentação contínua (MSE) com a energia de colisão oscilando entre 5 a 40 eV. Foram adquiridos espectros de massas dentro da faixa de 50 a 1200 Da, com scan de 0,5 segundos e um intervalo entre scans de 0,1 segundos. A largura do pico e resolução dos espectros de massas foram configurados

no modo automático. O peptídeo (lockmass) [Glu⁻¹] fibrinopeptídeo, de massa 785.4827 Da e cargas +2, foi utilizado como referência e lido a cada 30 segundos (segundo configurações do lockmass spray).

4.5 BIOINFORMÁTICA

Os dados brutos oriundos da espectrometria de massas foram processados no ProteinLynx Global Server 3.0.2 (Waters). Para a quantificação e identificação de proteínas foi utilizada a plataforma Mascot (PERKINS *et al.*, 1999). Para tal faz-se necessário um banco de dados, neste caso o proteoma de *Rhodococcus opcaus* depositado no NCBI.

A análise funcional e enzimática das proteínas identificadas foi realizada utilizando a plataforma Unipept (<https://unipept.ugent.be/>) (MESUERE *et al.*, 2015). Foi utilizado como arquivo de entrada uma lista contendo as sequências dos peptídeos identificados com mais de 95% de certeza. O algoritmo retorna quais enzimas estão presentes na amostra, além da ontologia genética (gene ontology), dividida em três categorias: i) processos biológicos; ii) componente celular; e iii) função molecular. A plataforma KEEG (Enciclopédia de Genes e Genoma de Kioto) (KANEHISA *et al.*, 2018) foi utilizada para o mapeamento das enzimas em rotas metabólicas baseado na sequência completa das proteínas.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 QUANTIFICAÇÃO E DISTRIBUIÇÃO DE PROTEÍNAS

A partir da análise da amostra de cultivo biológico da bactéria *Rhodococcus opacus* foram identificadas 991 proteínas (Anexo B). Estas proteínas foram analisadas na plataforma KEEG e identificadas conforme suas funções no metabolismo bacteriano (Tabela 4). Um total 761 proteínas foram mapeadas em rotas metabólicas. Neste trabalho, as vias do metabolismo de carboidratos foram ressaltadas devido ao conhecimento de o número de n-alcanos influenciar diretamente na composição da parede celular das bactérias do gênero *Rhodococcus*, na constituição de ácido micólico, assim como no metabolismo energético das células. No metabolismo do amido e sacarose foram identificadas 26 proteínas, entre as reações envolvidas neste metabolismo, está a responsável pela produção do composto trealose, um glicolípido que unido ao ácido micólico e à glicoproteína arabinogalactana formam o esqueleto da parede celular. Os processos metabólicos destacados no metabolismo dos lipídeos, também estão relacionados à produção de trealose; a biossíntese de ácidos graxos – relacionada à biossíntese de ácido micólico - e dos componentes da membrana.

Tabela 3 - Número de proteínas identificadas no metabolismo da bactéria *Rhodococcus opacus*

METABOLISMO	DESCRIÇÃO	Nº DE PROTEÍNAS
MAPAS GERAIS	Rotas metabólicas	761
	Biossíntese de metabólitos secundários	261
	Metabolismo microbiano em diversos ambientes	276
	Biossíntese de antibióticos	186
	Metabolismo do carbono	97
	Metabolismo do ácido 2-Oxocarboxílico	24
	Metabolismo de ácidos graxos	22
	Biossíntese de aminoácidos	102
	Degradação de compostos aromáticos	46

Continuação...

METABOLISMO DOS CARBOIDRATOS	*Glicólise/ Gliconeogênese	32
	*Ciclo do Citrato (Ciclo TCA)	24
	*Via Pentose Fosfato	24
	Inter conversões Pentose e glucoronato	10
	*Metabolismo da frutose e manose	19
	*Metabolismo da galactose	16
	Metabolismo do ascorbato e aldarato	6
	***Metabolismo do amido e sacarose	26
	*Metabolismo de açúcares amino e nucleotídeos	29
	*Metabolismo do piruvato	37
	*Metabolismo do glioxilato e dicarboxilato	33
	*Metabolismo do propanoato	32
	*Metabolismo do butanoato	33
	Metabolismo do ácido dibásico ramificado em C5	9
	Metabolismo do fosfato inositol	10
METABOLISMO ENERGÉTICO	*Fosforilação oxidativa	40
	Fotossíntese	8
	Fixação do carbono em organismos fotossintetizantes	11
	Vias de fixação do carbono em procariotos	27
	Metabolismo do metano	32
	Metabolismo do nitrogênio	15
	Metabolismo do enxofre	23
METABOLISMO DE LIPÍDEOS	*Biossíntese de ácidos graxos	9
	*Degradação de ácidos graxos	19
	Síntese e degradação de corpos cetoados	6
	Biossíntese de esteroide	1
	Biossíntese de ácido primário de bile	1
	Biossíntese de hormônio esteroide	3
	*Metabolismo de glicerolipídeos	13
	*Metabolismo de glicerofosfolipídeos	15
	Metabolismo de éter lipídico	2
	Metabolismo de esfingolipídeos	3
	Metabolismo de ácido aracnoide	1
	Metabolismo de ácido alfa-linoléico	2
	Biossíntese de ácidos graxos insaturados	6

Continuação...		
METABOLISMO DE NUCLEOTÍDEOS	Metabolismo da purina	55
	Metabolismo da pirimidina	28
METABOLISMO DE AMINOÁCIDOS	Metabolismo de alanina, aspartato e glutamato	29
	Metabolismo de glicina, serina e treonina	38
	Metabolismo de cisteína e metionina	27
	Degradação de valina, leucina e isoleucina	26
	Biossíntese de valina, leucina e isoleucina	11
	Biossíntese de lisina	13
	Degradação de lisina	13
	Biossíntese de arginina	24
	Metabolismo de arginina e prolina	25
	Metabolismo de histidina	20
	Metabolismo de tirosina	21
	Metabolismo de fenilalanina	29
	Metabolismo de triptofano	16
	Biossíntese de fenilalanina, tirosina e triptofano	20

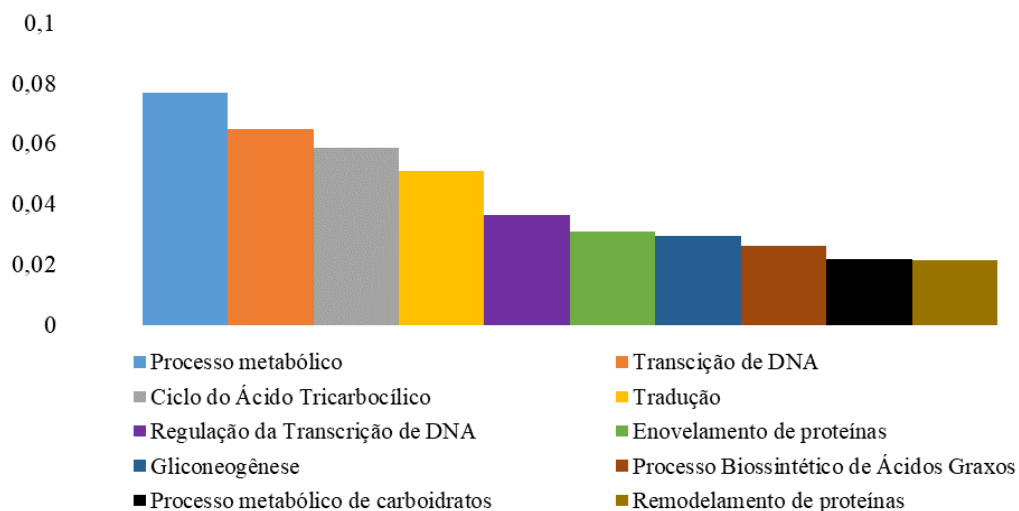
Legenda: *: destaque para as vias metabólicas ligadas à produção de biosurfactante; ***: Via metabólica onde é possível a produção de Trealose

Fonte: KEGG

5.2 CATEGORIZAÇÃO FUNCIONAL

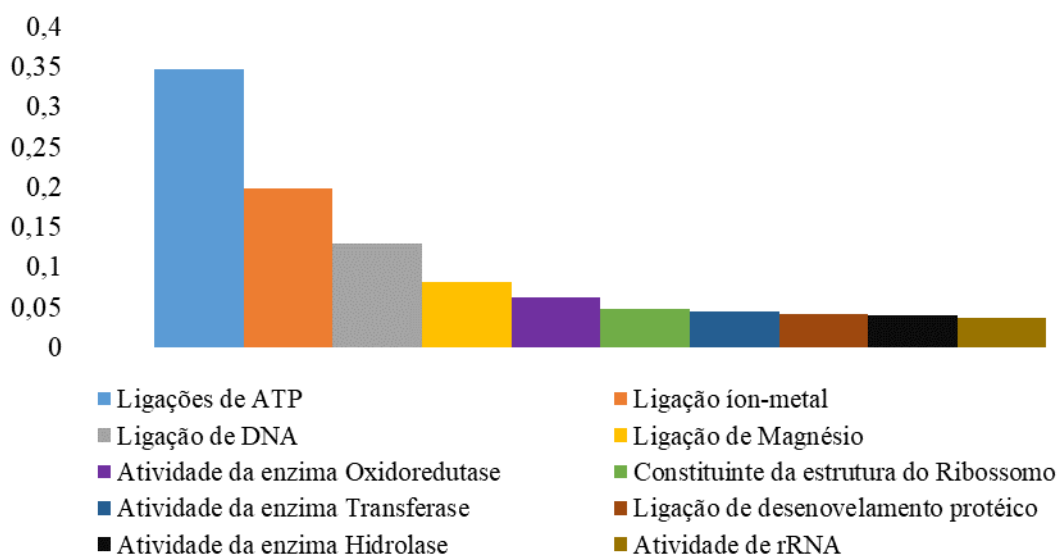
A ferramenta Unipept foi utilizada para obter informações funcionais da bactéria *Rhodococcus opacus*. Para tal, as sequências dos peptídeos identificados foram inseridas na plataforma, gerando dados de Ontologia Genética (gene ontology). Definida como funções gênicas relacionadas umas às outras, e divididos em três aspectos: processo biológico (os processos maiores, ou 'programas biológicos' realizados por múltiplas atividades moleculares) (Figura 6); função molecular (atividades de nível molecular realizadas por produtos genéticos) (Figura 7), e componentes celulares (as localizações relativas a estruturas celulares nas quais um produto gênico desempenha uma função) (Figura 8) (ASHBURNER *et al.*, 2000).

Figura 6 - Processos Biológicos mapeados a partir do proteoma da bactéria *Rhodococcus opacus*. Ranking dos 10 processos com maior número de proteínas identificadas.



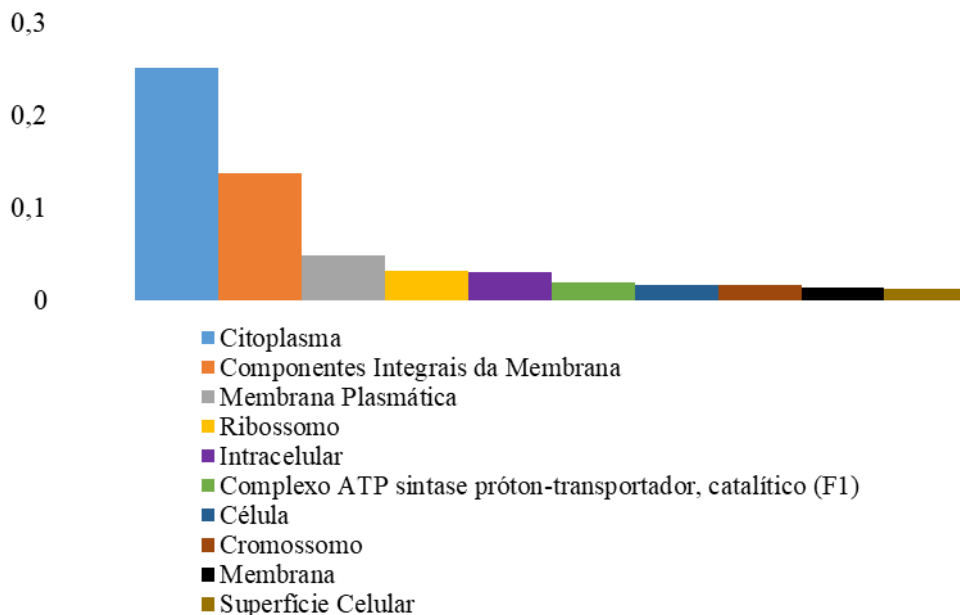
Fonte: Unipept

Figura 7 - Função molecular da bactéria *Rhodococcus opacus*. Ranking dos top 10, no qual podemos destacar atividade das enzimas transferase, hidrolase e oxidoreductase.



Fonte: Unipept

Figura 8 - Componentes celulares presentes na bactéria *Rhodococcus opacus*. Destaque para o número de peptídeos relacionados à constituição do citoplasma, componentes da membrana e da superfície celular.



Fonte: Unipept

Os peptídeos identificados foram agrupados nas três categorias, como demonstrado na figura acima. Na análise das 10 funções mais abundantes, a “ligação de ATP” foi a melhor representada (1369 sequências), seguida de “ligação a íons metálicos” (781 sequências) e “ligação de DNA” e (512 sequências). Juntas, essas categorias representam o equivalente a 67,5% dos peptídeos detectados em todo o experimento. Infere-se que a maioria dos peptídeos estão envolvidos na produção de energia e expressão gênica. Sabe-se que este gênero de bactérias está fortemente associado a resistência da toxicidade de metalóides, devido a algumas alterações como mudanças na permeabilidade da membrana, sequestro intracelular de metais e oxianions, mutações e mecanismos de reparo do DNA (PRESENTATO *et al.*, 2019) As funções relacionadas a atividade da hidrolase e da transferase podem associar-se à produção e liberação de biossurfactantes, visto que possivelmente estão envolvidas nas vias metabólicas do mesmo. Foram identificadas nos peptídeos relacionados à enzima hidrolase a atividade de catálise transmembrana podendo relacionar-se com a liberação de biossurfactantes para o citoplasma; além de enzimas associadas a ligações de ésteres, constituintes da estrutura química da trealose.

A partir dos componentes celulares verifica-se a provável localização da proteína. Das 109 categorias presentes, aquelas observadas com a maioria dos peptídeos identificados estão presentes no citoplasma (997) e formando as proteínas de membrana (547), o que pode estar relacionado à produção de gliconcojugados de ácido micólico, os quais são constituintes da parede celular do gênero *Rhodococcus* (RYLL *et al.*, 2001).

Dentre os 430 processos biológicos detectados, as categorias de maior destaque relacionadas à possível produção de biossurfactantes, são o ciclo do ácido Tricarboxílico (TCA) (232 sequências); este pode produzir substratos finais como citrato, succinato e acetato, os quais auxiliam no fracionamento de ácidos graxos componentes de Triacilgliceróis (TGA) (ALVAREZ; STEINBÜCHEL, 2019). O processo biológico para a biossíntese de ácidos graxos, apresentou 104 sequências. Há forte relação com a constituição da parede celular de *Rhodococcus*, pois são carreadores de ácido micólico durante a biossíntese da parede celular. Os processos de gliconeogênese (117) e metabolismo de carboidratos (87) podem relacionar-se à biossíntese de TAG, pois são produzidos a partir de diversas fontes de carbono (ALVAREZ; STEINBÜCHEL, 2019).

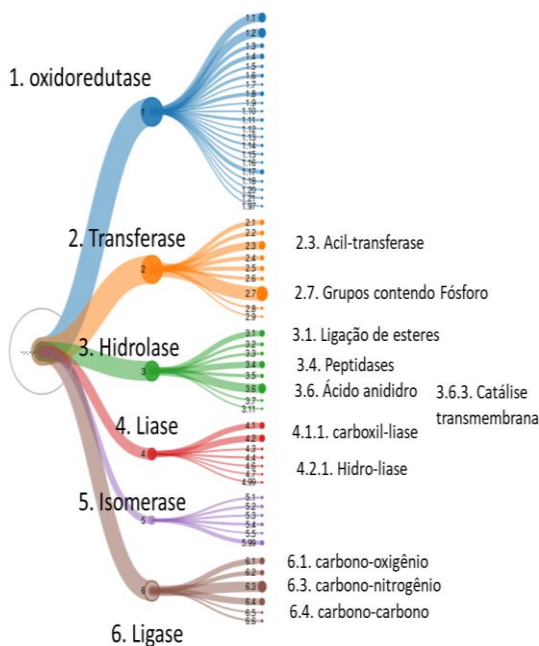
5.3 ENZIMAS

As reações bioquímicas são catalisadas por enzimas, sendo então caracterizadas como indicadores de atividade biológica (ALKORTA *et al.*, 2003). As enzimas são divididas em seis grupos: oxirredutases, hidrolases, transferases, liases, isomerasas e ligases. Cada grupo possui subgrupos que determinam a classe, o número de códigos e o tipo de reação catalisada, tais parâmetros foram determinados de acordo com a Comissão de Enzimas da União Internacional de Bioquímica e Biologia Molecular.

Os peptídeos analisados geraram números EC (Números de Classificação Enzimática) indicando a presença de 3097 peptídeos relacionados a enzimas do gênero *Rhodococcus*. Destes, 977 são relativos à oxirredutases; 955 às transferases, das quais 442 são transferases relativas a grupos contendo fósforo e 221 a acil-transferase (Figura 9). Na classe das hidrolases, 657 peptídeos foram identificados, dos quais 264 atuam como ácidos anidridos, sendo 125 relacionados à catálise do movimento de substâncias transmembranas, como por exemplo os biossurfactante; 168 como peptidases e 150 atuando nas ligações ésteres. Na classe liase foram identificados 359 peptídeos, dos quais 117 são carboxil-liases e 164 são

hidro-liases. A classe de isomerasas apresentou 218 peptídeos, foi a classe menos representada. Os últimos 672 peptídeos foram identificados na classe ligase, caracterizada pela formação de ligações carbono-nitrogênio, carbono-oxigênio e carbono-carbono.

Figura 9 - Árvore taxonômica enzimática. Apresentação das 6 classes de enzimas e dos peptídeos relacionados a enzimas do gênero *Rhodococcus*



Fonte: Unipept

As classes mais expressivas de enzimas identificadas, demonstram intensa demanda energética. Visto o número de enzimas relacionadas à produção de compostos fosfatados, como as nucleotidiltransferases - enzimas transferase de grupos contendo fósforo, que por exemplo, são substituintes de ácidos nucleotídicos. No metabolismo podem atuar na adenililação ou uridililação, permitindo a ativação ou inativação de uma enzima ou alteração de sua especificidade, isto pode levar a regulação de atividades enzimáticas, de forma que somente os compostos necessários sejam produzidos (VOET *et al.*, 2008). A classe de oxidoreductases está envolvida com o metabolismo energético da bactéria, atuando nas etapas de respiração celular, cadeia transportadora de elétrons.

5.4 IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS NO METABOLISMO BACTERIANO

Metabolismo é a soma de processos químicos e físicos que ocorrem dentro de um organismo vivo. A obtenção de energia ocorre através da oxidação de moléculas orgânicas e o metabolismo destas moléculas (carboidratos, lipídeos e proteínas) fornecendo a energia (adenosina trifosfato - ATP) necessária para as bactérias desenvolverem suas funções vitais.

As vias metabólicas são uma série de reações químicas, nas quais o produto de uma reação serve de substrato para uma próxima, e são catalisadas por enzimas. Com auxílio da ferramenta KEGG obteve-se a o número de proteínas identificadas nas rotas metabólicas da bactéria *Rhodococcus* (Tabela 4). Na aba de metabolismo dos carboidratos, destaca-se o metabolismo do amido e sacarose no qual se realiza a conversão de glicose em trealose, composto constituinte da parede celular de *Rhodococcus* e carreador de ácido micólico (OLIVEIRA, 2015) (Figura 4). Com o auxílio da ferramenta KEGG PATHWAY foi possível verificar o número de rotas metabólicas presentes na bactéria em questão (Tabela 5), assim como o número de proteínas em cada via.

Tabela 4 - Lista de mapas metabólicos presentes na bactéria *Rhodococcus opacus*. A bactéria apresentou correlação à cepa *Rhodococcus opacus* B4

MAPA METABÓLICO	Nº DE PROTEINAS
Vias metabólicas	19
Metabolismo microbiano em diversos ecossistemas	7
Biossíntese de metabólitos secundários	7
Biossíntese de antibióticos	6
Metabolismo do nitrogênio	5
Metabolismo da Arginina e Prolina	5
Metabolismo do carbono	4
Metabolismo do metano	3
Metabolismo de Glicerofosfolipídeos	2
Metabolismo do Glioxilato e Dicarboxilato	2
Metabolismo da alanina, aspartato e glutamina	2
Degradação de lisina	2
Metabolismo do triptofano	2
Degradação de ácidos graxos	2
Degradação de benzoato	2
Ciclo do Ácido Tricarboxílico (Ciclo TCA)	1

Continuação...

Degradação de cloroalcano e cloroalqueno	1
Biossíntese de terpenóides	1
Biossíntese de arginina	1
Metabolismo do piruvato	1
Metabolismo da fenilalanina	1
Metabolismo da riboflavina	1

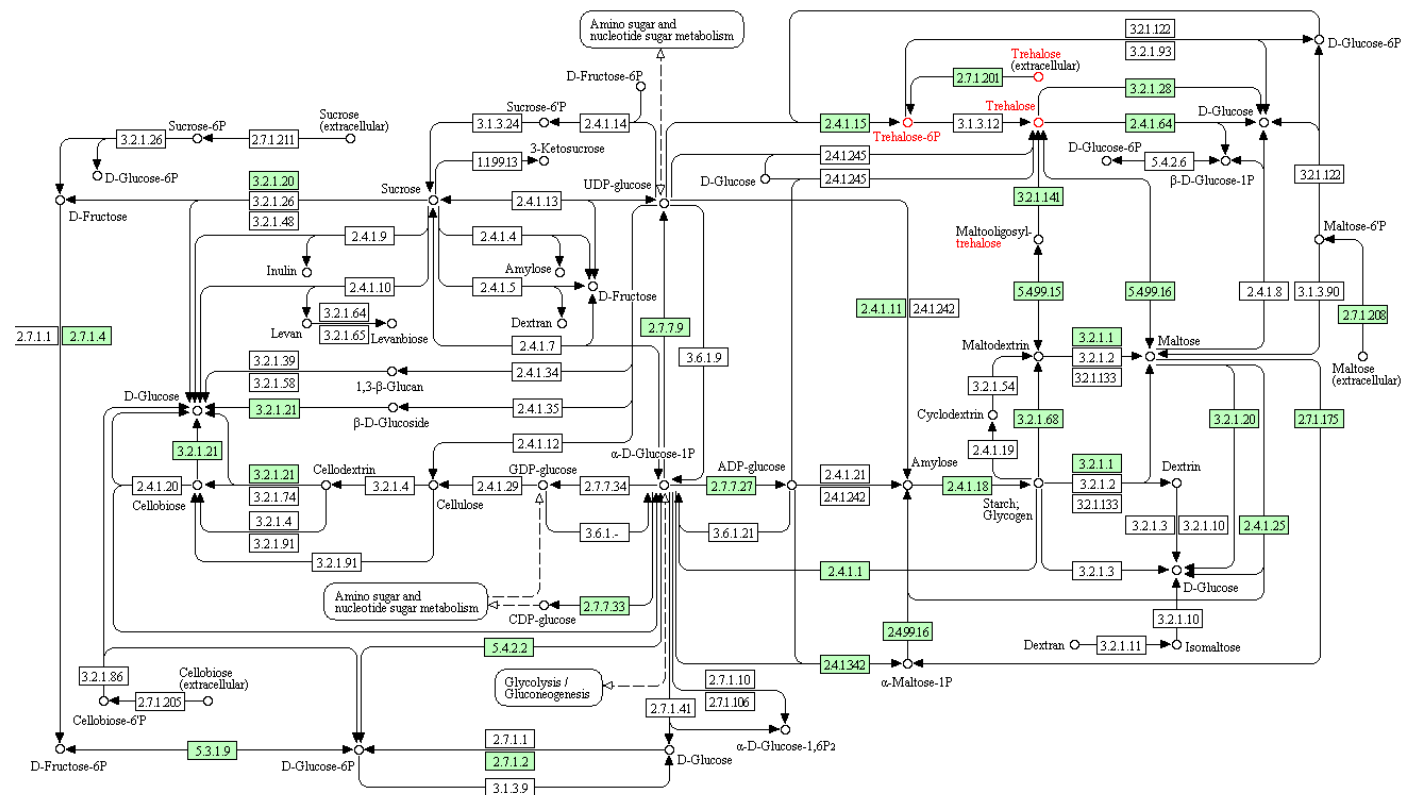
Fonte: KEGG PATHWAY

5.5 ROTA METABÓLICA DA BIODSSÍNTESE DE TREALOSE

Existem quatro rotas até então conhecidas para a biossíntese de trealose: (1) a via induzida por TerYZ – produz trealose a partir de glicogênio (MARUTA *et al.*, 1995); (2) a rota TreS- converte maltose em trealose (TSUSAKI *et al.*, 1996, 1997); (3) a formação de trealose por glicosiltransferase (QU *et al.*, 2004); e (4) a via OtsAB – converte glicose e/ou glicose-6-fosfato em trealose (ELBEIN *et al.*, 2003), segundo (MURPHY *et al.*, 2005) é considerada a via mais importante (Figura 10).

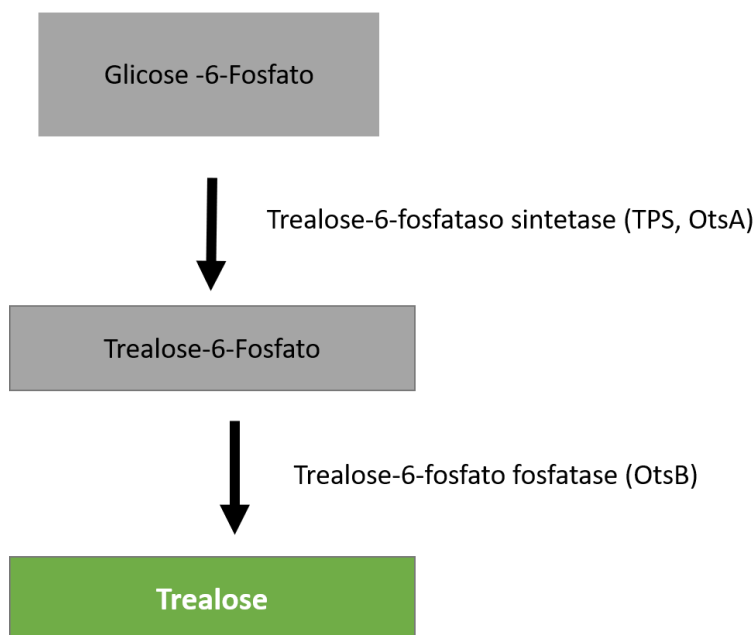
Nesta via, a Trealose-6-Fosfato Sintetase (TPS, OtsA) catalisa a formação de trealose-6-fosfato. Seguido da Trealose-6-Fosfato Fosfatase (OtsB) catalizando a desfosforilação para trealose, podemos observar esses passos na Figura 11. TPS também pode se envolver na biossíntese de trealose contendo glicolipídeos, importates constituintes do grupo Mycolata, onde o gênero *Rhodococcus* está incluso (TISCHLER *et al.*, 2013; KRETSCHMER; WAGNER, 1983; ASSELINEAU; LAN_EELLE, 1998; SUTCLIFFE, 1998; SHIMAKATA; MINATOGAWA, 2000; MINNIKIN *et al.*, 2002).

Figura 10 - Rota metabólica de biossíntese de Trealose. É possível confirmar as etapas de biossíntese da trealose, partindo da desfosforilação de componentes n-alcanos unidos a nucleotídeos glicosil. Os quadros em verde indicam as enzimas presentes nas etapas de biossíntese da trealose.



Fonte:KEGG

Figura 11 - Rota metabólica da biossíntese de Trealose em *Rhodococcus*



Fonte: SARAIVA, 2019

6 CONCLUSÕES E RECOMENDAÇÕES

O metabolismo do amido e da sacarose foi bem representado no proteoma de *Rhodococcus*, com destaque na biossíntese da trealose. Este composto constituinte da parede celular das bactérias do gênero *Rhodococcus*, atua como carreadora de ácido micólico; unidos facilitam a adsorção de metais, atuando assim na flotação mineral, ou seja, como biosurfactante.

O agrupamento dos peptídeos em categorias da análise de Gene Ontology permitiu identificar peptídeos relacionados a alterações na permeabilidade da membrana, mutações e mecanismos de reparo do DNA. As enzimas foram classificadas com destaque para hidrolases e transferases, relacionadas ao metabolismo energético e dos carboidratos.

Em relação aos componentes celulares foi possível identificar peptídeos relacionados à formação do ácido micólico, constituinte da parede celular de *Rhodococcus*. Dos peptídeos detectados nos processos biológicos, os processos de gliconeogênese e metabolismo de carboidratos podem relacionar-se à biossíntese de ácidos graxos.

A identificação da presença de enzimas e proteínas da via de produção de trealose na bactéria *Rhodococcus opacus* está provavelmente associada a produção de glicolípidos do tipo trealolípidios.

Para a produção deste componente, segundo a literatura, o meio de cultura deve estar adicionado de fontes de carbono suficientes, pois há uma relação direta entre o número de

carbonos e a quantidade de ácido micólico produzido, relacionando-se à emulsificação de moléculas de n-alcenos na parede celular de *Rhodococcus* e a consequente liberação de biossurfactante.

7 APLICAÇÕES POTENCIAIS

Segundo Rosário (2017) a rota biotecnológica de processamento mineral é uma alternativa atrativa sob o aspecto comercial, pois oferece baixo custo, e é ambientalmente aceita. Os bioreagentes são capazes de substituir, total ou parcialmente, certos reagentes convencionais de flotação em operações de processamento mineral, permitindo separações seletivas de minerais através de alterações na química de suas superfícies.

A bioflotação pode ser de particular importância para as indústrias de mineração e siderurgia, devido à crescente demanda global por matérias primas e o esgotamento de recursos de minérios de maior qualidade.

Segundo Niescher *et al.* (2006) há uma correlação entre a formação de biomassa (crescimento bacteriano), o consumo de n-alcenos e a formação de glicolipídeos, nos experimentos realizados com a cepa bacteriana *Rhodococcus opacus* 1CP. O consumo de substratos n-alcenos está diretamente relacionado à produção dos lipídeos de trealose, Segundo Colla e Costa (2003), nos cultivos bacterianos em batelada, o acúmulo de lipídios é favorecido quando no meio há excesso da fonte de carbono sobre outros nutrientes limitantes. Estas limitações nos levam a compreender que alterações nas proporções de nutrientes podem favorecer ao acúmulo de lipídeos de trealose.

A utilização de ferramentas moleculares, para o aumento da produção de biossurfactantes podem também ser utilizadas, visto o conhecimento da via metabólica, genes e proteínas envolvidos no processo.

Segundo Naughton *et al.* (2019) os surfactantes são amplamente utilizados na indústria do petróleo, farmacêutica, cosmética, alimentícia, na produção de ração animal, agricultura, nos processos de biorremediação, tratamentos médicos – como contra células cancerosas, tratamentos dentários e dermatológicos. A pressão social e ambiental para a utilização de substâncias biodegradáveis, deu espaço para a pesquisa e utilização de biossurfactantes, produzindo sustentabilidade a partir de recursos renováveis.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA F. C. G. de. **Produção de biossurfactante por *Bacillus licheniformis* utilizando rejeito do abacaxi (*Ananas comosus* L.) como fonte renovável e de baixo custo.**

Orientadora: Galba Maria de Campos Takaki, Dra. 2009. 83 f. Dissertação (Mestrado em Desenvolvimento de Processos Ambientais) – Universidade Católica de Pernambuco, Recife, 2009.

ALVAREZ, H. M., Steinbüchel A. Biology of Triacylglycerol Accumulation by *Rhodococcus*. In: Alvarez H. (Ed). **Biology of Rhodococcus**. Charm: Springer, 2019. (Microbiology Monographs, v. 16).

ALVAREZ H. M, KALSCHEUER R., STEINBÜCHEL, A. Accumulation of storage lipids in species of *Rhodococcus* and *Nocardia* and effect of inhibitors and polyethylene glycol. **Fett-Lipid**, v. 99, p. 239-246, 1997.

ALVAREZ H. M. Relationship between β -oxidation pathway and the hydrocarbon-degrading profile in actinomycetes bacteria. **Int. Biodeterior Biodegrad**, v. 52, p. 35-42, 2003.

ANDERSON A. J. *et al.* Biosynthesis of poly(3-hydroxybutyrate-co-3-hydroxyvalerate) in *Rhodococcus ruber*. **Can. Jour. Microbiol.** v. 41, p. 4–13, 1995.

ASHBURNER, M. *et al.* Gene Ontology: tool for the unification of biology. **Nature Genetics**, v. 25, n. 1, p. 25-29, maio, 2000.

ASSELINÉAU J; LAN_EELLE G. Mycobacterial lipids: a historical perspective. **Front. Biosci.** v. 3, p. 164-174, 1998.

BELL, K. S.; PHILP, J. C.; AW, D. W.; CHRISTOFI, N. The genus *Rhodococcus*. **J. Appl. Microbiol.** v. 85, n. 2, p. 195-210, ago. 1998.

BRASIL. Ministério de Minas e Energia. **Beneficiamento de Minérios**. Brasília, DF: MME, [20??]. Disponível em:
<http://www.mme.gov.br/documents/10584/177708/Beneficiamento+de+Min%C3%A9rios/0b762ba9-35a6-4e73-9e7b-6d1e957e5d8f?version=1.0>

BOGNOLO, G. Biosurfactants as emulsifying agents for hidrocarbons. **Colloids and Surfaces**, n. 152, p. 41-52, 1999.

BUENO, S. M. **Bactérias produtoras de biossurfactantes: isolamento, produção, caracterização e comportamento num sistema modelo**. Orientador: Crispin Humberto Garcia-Cruz, Dr. 2008. 99 f. Tese (Doutorado em Engenharia e Ciência de Alimentos) - Departamento de Engenharia e Tecnologia de Alimentos, Instituto de Biociências, Letras e Ciências Exatas, Universidade Estadual Paulista, São José do Rio Preto, 2008.

COLLA, L. M.; COSTA, J. A. V. Obtenção e aplicação de biossurfactantes. **Vetor**, Rio Grande, v. 13, p. 85-103, 2003.

DAVIS, D. A.; LYNCH, H. C.; VARLEY, J. The production of surfactin in batch culture by *Bacillus subtilis* ATCC 21332 is strongly influenced by the conditions of nitrogen metabolism. **Enzyme and Microbial Technology**, n. 25, p. 322-329, 1999.

DHANARAJAN, G.; SEN, R. Amphiphilic Molecules of Microbial Origin: Classification, Characteristics, Genetic Regulations, and Pathways for Biosynthesis. In: MULLIGAN, C. N.; SHARMA, S. K.; MUDHOO, A. (Eds.). **Biosurfactants: Research Trends and Applications**. [S. l.]: CRC, 2014.

DIDYK-MUCHA, A., POLOWCZYK, I., SADOWSKI, Z.; KUDELKO, J. Electrokinetic and flotation investigations of surface properties modification of magnesite and serpentinite using biosurfactants and surfactants. **Journal of Physical Science and Application**, v. 5, p. 87-95, 2015.

ELBEIN, A. D.; PAN, Y. T.; PASTUSZAK, I.; CARROLL, D. New insights on trehalose: a multifunctional molecule. **Glycobiology**, v. 13, n. 4, p. 17R-27R, jan. 2003.

ESCH, S. W.; MORTON, M. D.; WILLIAMS, T. D.; BULLER, C. S. A novem trisaccharide glycolipid biosurfactant containing trehalose bears ester-linked hexanoate, succinate, and acyloxyacyl moieties: NMR and MS characterization of the underivatized structure. **Carbohydr. Res.** v. 319, p. 112-123, 1999.

FAZAEIPOOR, M. H.; KHOSHDAST, H.; RANJBAR, M. Coal flotation using a biosurfactant from *Pseudomonas aeruginosa* as a frother. **Korean J. Chem. Eng.**, v. 27, p. 1527-1531, 2010.

FELIPE, L. de O.; DIAS, S. C. Surfactantes sintéticos e biosurfactantes: vantagens e desvantagens. **Quím. nova esc.**, São Paulo, v. 39, n. 3, p. 228-236, 2017.

FINNERTY, W. R. The biology and genetics of genus *Rhodococcus*. **Ann. Rev. Microbiol.** v. 46, p. 193-218, 1992.

HERNÁNDEZ, M. A. *et al.* Central Metabolism of Species of the Genus *Rhodococcus*. In: ALVAREZ, H. (Ed). **Biology of *Rhodococcus***. Springer, Cham, 2019. p 61-85. (Microbiology Monographs, vol 16)

HERNÁNDEZ, M. A.; GLEIXNER, G.; SACHSE, D.; ALVAREZ, H. M. Carbon allocation in *Rhodococcus jostii* RHA1 in response to disruption and overexpression of nlpR regulatory gene, based on ¹³C-labeling analysis. **Front Microbiol**, v. 8, p. 1992, 2017.

HERNÁNDEZ, M. A. *et al.* Biosynthesis of storage compounds by *Rhodococcus jostii* RHA1 and global identification of genes involved in their metabolism. **BMC Genomics**, v. 9, p. 600, 2008.

KANEHISA, M. *et al.* New approach for understanding genome variations in KEGG. **Nucleic Acids Research**, p. 1-6, 2018.

KHAN, M. S. A.; SINGH, B.; CAMEOTRA, S. S. Biological Applications of Biosurfactants and Strategies to Potentiate Commercial Production. In: **BIOSURFACTANTS: Production and Utilization-Processes, Technologies, and Economics**. [S. l.]: CRC, 2015. (Surfactant Science).

KIM, H. *et al.* Production and properties of a lipopeptide biosurfactant from *Bacillus subtilis* C9. **Journal of Fermentation and Bioengineering**, v. 84, n. 1, p. 41-46, 1997.

KOSARIC, N.; CAIRNS, W. L. **Biosurfactants and biotechnology** Apud Marcel Dekker, New York. p. 21-46 e 47-88, 1987.

KRETSCHMER, A; WAGNER, F. Characterization of biosynthetic intermediates of trehalose dicorynomycolates from *Rhodococcus erythropolis* grown on n-alkanes. **Biochim Biophys Acta**, v. 753, p. 306-313, 1983.

LARKIN, M. J.; KULAKOV, L. A.; ALLEN, C. C. Biodegradation and *Rhodococcus*-masters of catabolic versatility. **Curr Opin Biotechnol**, v. 16, p. 282-290, 2005.

LI, D. *et al.* MEGAHIT: an ultra-fast single-node solution for large and complex metagenomics assembly via succinct de Bruijn graph. **Bioinformatics**, v. 31, n. 10, p. 1674–1676, 15 maio 2015.

LOPES, G. M. **Flotação Direta de Minério de Ferro**. Orientador: Rosa Malena Fernandes Lima. 2009. 129 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Mineral) – Departamento de Engenharia de Minas, Escola de Minas, Universidade Federal de Ouro Preto, Ouro Preto, 2009

CAPPELLETTI, M. *et al.* Degradation of Alkanes in *Rhodococcus*. In: ALVAREZ, H. (eds) **Biology of Rhodococcus**. Cham: Springer, 2019. (Microbiology Monographs, v. 16)

MAEDA, J. M. M. **Estudo de caracterização mineral e de reagentes na flotação de minério de ferro**. Orientador: Song Won Park, Dr. 2014. 38 f. Relatório (Disciplina PQI2000 - Trabalho de Conclusão de Curso II) - Departamento de Engenharia Química, Escola Politécnica, Universidade de São Paulo, São Paulo, 2014.

MARTÍNKOVÁ, L.; UHNÁKOVÁ, B.; PÁTEK, M.; NÉSVĚRA, J.; KRÉN, V. Biodegradation potential of the genus *Rhodococcus*. **Environ Int**, v. 35, p. 162-177, 2009.

MARUTA, K. *et al.* Formation of trehalose from maltooligosaccharides by a novel enzymatic system. **Biosci Biotechnol Biochem**. v. 59, p. 1829-1834, 1995.

MERMA, A. G. **Aspectos Fundamentais da Bioflotação do Sistema Apatita Quartzo usando a bactéria *Rhodococcus opacus* como biorreagente**. Orientador: Mauricio Leonardo

- TOREM. 2012. 145 f. Tese (Doutorado em Engenharia de Materiais e de Processos Químicos) – Departamento de Engenharia de Materiais, Centro Técnico Científico, Pontifícia Universidade Católica, Rio de Janeiro, 2012.
- MERMA, A. G.; TOREM, M. L.; MORÁN, J. J.; MONTE, M. B. On the fundamental aspects of apatite and quartz flotation using a Gram-positive strain as a bioreagent. **Minerals Engineering**, p. 61-67, 2013.
- MESQUITA, L. M. de, LINS, F.; TOREM, M. L. Interaction of a Hydrophobic Bacterium Strain in a Hematite-Quartz Flotation System. **International Journal of Mineral Processing**. v. 71, p. 31-44, 2003.
- MESUERE, B. *et al.* The Unipept metaproteomics analysis pipeline. **Proteomics**, v. 15, p. 1437-1442, 2015.
- MINNIKIN, D. E. *et al.* The methyl-branched fortifications of Mycobacterium tuberculosis. **Chem Biol**, v. 9, p. 545–553, 2002.
- MINNIKIN, D. E. Chemical principles in the organization of lipid components in the mycobacterial cell envelope. **Res. Microbiol.** 142: 423–427, 1991.
- MULLIGAN, C. N.; SHARMA, S. K.; MUDHOO, A.; MAKHIJANI, K. Green chemistry and biosurfactant research. **In:** MULLIGAN, C. N.; SHARMA, S. K.; MUDHOO, A. (Eds.). Taylor & Francis Group, 2014. **Biosurfactants: Research Trends and Applications**. p. 1-30. (Cap. 1).
- MULLIGAN, C. N.; YONG, R. N.; GIBBS, B. F. Surfactant-enhanced remediation of contaminated soil: a review. **Engineering Geology**. n. 60, p. 371-380, 2001.
- MURPHY, H. N. *et al.* The OtsAB pathway is essential for trehalose biosynthesis in *Mycobacterium tuberculosis*. **J Biol Chem**, v. 280, p. 14524-14529, 2005.
- NITSCHKE, M.; PASTORE, G. M. Biossurfactantes: propriedades e aplicações. **Química Nova**. v. 25, n. 5, p. 772- 776, 2002.
- OLIVEIRA, C. A. **Biofotação da hematita usando a bactéria: *Rhodococcus Erythropolis***. Orientador: Mauricio Leonardo Torem. 2014. 130 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Materiais e Processos Químicos) – Departamento de Engenharia de Materiais, Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2014.
- OLIVERA, C. A. C. **Flotação do sistema hematita-quartzo utilizando o biossurfactante solúvel produzido por *Rhodococcus erythropolis***. Orientador: Maurício Leonardo Torem. 2018. 134 f. Tese (Doutorado em Engenharia de Materiais e de Processos Químicos e Metalúrgicos) - Departamento de Engenharia de Materiais, Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2018.

PACHECO, G. J. **Produção de biossurfactantes por *Rhodococcus erythropolis* e sua aplicação na remoção de óleo de sedimentos arenosos.** Dissertação (Mestrado em Tecnologia de Processos Químicos e Bioquímicos) - Escola de Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2008.

PERKINS, D. N. *et al.* Probability-based protein identification by searching sequence databases using mass spectrometry data. **Electrophoresis**, v. 20, n. 18, p. 3551-3567, 1 dez. 1999.

PIMENTEL, A. M. R. **Remoção de Co (II) e Mn (II) de soluções aquosas utilizando a biomassa *R. opacus*.** Orientador: Maurício Leonardo Torem. 2011. Dissertação (Mestrado em Engenharia de Materiais e de Processos Químicos e Metalúrgicos) - Departamento de Engenharia de Materiais, Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2011.

PRESENTATO, A.; PIACENZA, E.; CAPPELLETTI, M.; TURNER, R. J. Interaction of *Rhodococcus* with Metals and Biotechnological Applications. In: ALVAREZ, H. (eds) **Biology of *Rhodococcus***. Springer, Cham, 2019. (Microbiology Monographs, v. 16)

PRUTHI, V.; CAMEOTRA, S. S. Production and properties of a biosurfactant synthesized by *Arthrobacter protophormiae* – an Antarctic strain. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 13, n. 1, p.137-139, Jan. 1997.

QU, Q; LEE, S. J.; Boos, W. TreT, a novel trehalose glycosyltransferring synthase of the hyperthermophilic archaeon *Thermococcus litoralis*. **J Biol Chem**, v. 279, p. 47890-47897, 2004.

RAO, K. H.; VILINSKA, A.; CHERNYSHOVA, I. V. Minerals Bioprocessing: R & D Needs in Mineral Biobeneficiation. **Hydrometallurgy**. 2010.

ROSÁRIO, L. M. do. **Bioflotação de apatita: Análise comparativa entre o uso da estirpe microbiana *Rhodococcus erythropolis* e do seu biossurfactante.** Orientador: Mauricio Leonardo Torem. 2017. 119 f. Dissertação (Mestrado em engenharia de materiais e de processos químicos) - Departamento de Engenharia Química e de Materiais, Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2017.

RYLL, R.; KUMAZAWA, Y.; YANO, I. Immunological Properties of Trehalose Dimycolate (Cord Factor) and Other Mycolic Acid-Containing Glycolipids-A Review **Microbiol. Immunol.**, v. 45, n. 12, p. 801-811, 2001.

SAHARAN, B. S.; SAHU, R. K.; SHARMA, D. A review on biosurfactants: fermentation, current developments and perspectives. **Genetic Engineering and Biotechnology Journal**. 2011.

SHAFI, R.; KHANNA, S. Biosurfactants. **Indian Journal of Microbiology**, n. 33, p. 163-184, 1995.

SHIMAKATA, T.; MINATOGAWA, Y. Essential role of trehalose in the synthesis and subsequent metabolism of corynomycolic acid in *Corynebacterium matruchotii*. **Arch Biochem Biophys**, v. 380, p. 331-338, 2000.

SUTCLIFFE IC. Cell envelope composition and organization in the genus *Rhodococcus*. **Antonie Van Leeuwenhoek**, v. 74, p. 49-58, 1998.

TISCHLER, D. *et al.* Trehalose phosphate synthases OtsA1 and OtsA2 of *Rhodococcus opacus* 1CP. **FEMS Microbiology Letters** v. 342, n. 2, p. 113-122, maio 2013.

TSUSAKI K, *et al.* Cloning and sequencing of trehalose synthase gene from *Pimelobacter sp.* R48. **Biochim Biophys Acta**, v. 1290, p. 1-3, 1996.

TSUSAKI K. *et al.* Cloning and sequencing of trehalose synthase gene from *Thermus aquaticus* ATCC33923. **Biochim Biophys Acta**, v. 1334, p. 28-32, 1997.

VILINSKA; HANUMANTHA, R. K. “LeptosirillumFerrooxidans – Sulfide Mineral Interaction with Reference to Bioflotation and Bioflocculation.” **Trans. Nonferrous Met. Soc. China**, v. 18, p. 1403-1409, 2008.

VOET, D.; VOET, J. G.; PRATT, C. W. **Fundamentals of Biochemistry** (3rd ed.). [S. l.]: John Wiley & Sons, 2008.

WARHURST, A. M.; FEWSON, C. A. Biotransformation catalyzed by the genus *Rhodococcus*. **Crit. Rev Biotechnol**, v. 14, p. 29-73, 1994.

WINTERBURN, J. B.; MARTIN, P. J. Foam mitigation and exploitation in biosurfactant production. **Biotechnol Lett**, v. 34, n. 2, p. 187-195, 2012.

ZHENG, X.; ARPS, P. J.; SMITH, R. W. Adhesion of two bacteria onto dolomite and apatite: their effect on dolomite depression in anionic flotation. **International Journal Minerals Processing**, v. 62, p. 159-172, 2001.

APÊNDICES

APÊNDICE A – Tabelas com valores de solução estoque para a produção de tampão SDS denso e solução de precipitação

Tabela 1 - Tampão SDS denso

Componentes	Conc. Estoque	Conc. Final	Vol. Final (9ml)
Sacarose	1,5M	0,85 M	5,7 ml
Tris-HCl pH 8,0	1 M	0,1 M	1 ml
SDS	10%	2% (v/v)	2 ml
PMSF	100 mM	1 mM	0,1 ml
PVPP**	-	2%	0,2 g
H₂O miliQ	-	-	0,2 mL

Fonte: Wang 2003, adaptado

Tabela 2 - Solução de precipitação

Componentes	Conc. final	Quantidade (g)	Metanol
Acetato de amônia em metanol	0,1 M	0,77	100 ml

Fonte: Wang, 2003

Dissolver o acetato de amônia em metanol e manter a -20°C

APÊNDICE B – Tabela de identificação das proteínas presentes na bactéria *Rhodococcus opacus*

Proteínas Identificadas (991)	Número de Acesso
Elongation factor Tu OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=tuf PE=3 SV=1	A0A076ET34_RHOOP (+2)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta' OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=rpoC PE=3 SV=1	K8XIQ1_RHOOP
Elongation factor G OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=fusA PE=3 SV=1	A0A076F0P4_RHOOP (+1)
ATP synthase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=atpA PE=3 SV=1	A0A076F1Q2_RHOOP (+2)
Fused acetyl/propionyl-CoA carboxylase subunit alpha/methylmalonyl-CoA decarboxylase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_15595 PE=4 SV=1	A0A3A9TRP8_RHOOP
Protein translocase subunit SecA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=secA PE=3 SV=1	A0A3A9U3H7_RHOOP
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pnp PE=3 SV=1	A0A1B1K4V2_RHOOP
ATP synthase subunit beta OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=atpD PE=3 SV=1	A0A076EV55_RHOOP (+1)
Chaperone protein DnaK OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=dnaK PE=2 SV=1	A0A3A9TY25_RHOOP
Aconitate hydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=acnA PE=3 SV=1	A0A3A9UBZ2_RHOOP
Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=sucC PE=3 SV=1	A0A076EPZ8_RHOOP (+2)
Phosphate-binding protein PstS OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pstS PE=3 SV=1	A0A3A9UHA2_RHOOP
Chaperone protein DnaK OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=dnaK PE=2 SV=1	C1AWP6_RHOOB
Elongation factor Ts OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=tsf PE=3 SV=1	A0A076EM49_RHOOP (+1)

SV=1

Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCG4_RHOOP
GN=lpd2 PE=3 SV=1

Phosphoribosylformylglycinamide synthase subunit PurL A0A3A9TS45_RHOOP
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=purL PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L2 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplB A0A076ENA6_RHOOP
PE=3 SV=1

Phosphoenolpyruvate carboxylase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K6A3_RHOOP
GN=ppc PE=3 SV=1

Pyruvate kinase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=pyk C1AT48_RHOOB
PE=3 SV=1

Trigger factor OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=tig PE=3 K8X732_RHOOP
SV=1

ABC transporter substrate-binding protein OS=Rhodococcus opacus A0A3A9U397_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_10970 PE=4 SV=1

Translation initiation factor IF-2 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TK20_RHOOP
GN=infB PE=3 SV=1

Phosphoglycerate kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pgk A0A3A9TMP4_RHOOP
PE=3 SV=1

Putative acyl-CoA carboxylase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B9P3_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_41490 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S3 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsC A0A076EGS6_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Glutamine synthetase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AUC3_RHOOB
GN=glnA PE=3 SV=1

10 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=groES PE=3 A0A076EN55_RHOOP
SV=1

Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus C1B4L6_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=gap PE=3 SV=1

AAA ATPase forming ring-shaped complexes OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K924_RHOOP
OX=37919 GN=arc PE=3 SV=1

Glucose-6-phosphate isomerase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U238_RHOOP
GN=pgi PE=3 SV=1

RNA polymerase sigma factor SigA OS=Rhodococcus erythropolis (strain C0ZYT9_RHOE4

PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=sigA PE=3 SV=1

Threonine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=thrS A0A3A9TLM5_RHOOP
PE=3 SV=1

Transcription termination factor Rho OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TY93_RHOOP
GN=rho PE=3 SV=1

Ferredoxin reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TNI2_RHOOP
GN=COO55_04745 PE=4 SV=1

Putative acyl-CoA carboxylase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_40770 PE=4 SV=1 C1A2F0_RHOE4

50S ribosomal protein L20 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplT A0A076EY30_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Aconitase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=acn PE=4 C1AS64_RHOOB
SV=1

Protein RecA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=recA PE=3 SV=1 A0A076EH03_RHOOP (+2)

Phosphoenolpyruvate carboxylase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B4M0_RHOOB
OX=632772 GN=ppc PE=3 SV=1

Amine oxidase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=tynA K8XDF8_RHOOP
PE=3 SV=1

Glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TWK8_RHOOP
OX=37919 GN=hemL PE=3 SV=1

Heparin-binding hemagglutinin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076F088_RHOOP (+1)
GN=C5613_17205 PE=4 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus erythropolis C1A193_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=aceE PE=4 SV=1

ATP synthase gamma chain OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=atpG A0A2S8IKZ5_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

Alkyl/aryl-sulfatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TTL9_RHOOP
GN=COO55_15270 PE=4 SV=1

Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis C0ZZF2_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=gap PE=3 SV=1

Single-stranded DNA-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EWK5_RHOOP (+2)
GN=ssb PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K5T7_RHOOP
GN=R1CP_16355 PE=4 SV=1

Proteasome accessory factor PafA2 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EWT5_RHOOP (+1)
GN=C5613_17790 PE=4 SV=1

Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K3M8_RHOOP
GN=icd1 PE=3 SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZW97_RHOE4
100887) OX=234621 GN=groL PE=3 SV=1

Phosphoenolpyruvate carboxylase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 C0ZZF7_RHOE4
/ NBRC 100887) OX=234621 GN=ppc PE=3 SV=1

DUF3068 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U6F2_RHOOP
GN=COO55_10600 PE=4 SV=1

FAD-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UEF5_RHOOP
GN=COO55_25855 PE=4 SV=1

Peptide chain release factor 2 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UTS2_RHOOP
GN=prfB PE=3 SV=1

Putative acetyl-CoA acyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AYF4_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_59020 PE=3 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B1P6_RHOOB
OX=632772 GN=nrdE PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TWM9_RHOOP
GN=COO55_26515 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S5 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsE A0A076EF42_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

Catalase-peroxidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=katG PE=3 A0A3A9U686_RHOOP
SV=1

30S ribosomal protein S2 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsB A0A076EDW1_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L1 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplA A0A076F0K3_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Bifunctional (P)ppGpp synthase/hydrolase relA OS=Rhodococcus opacus A0A076EGB7_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=relA PE=3 SV=1

Superoxide dismutase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=sodA PE=3 A0A1B1JXJ5_RHOOP (+1)
SV=1

4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (flavodoxin) A0A3A9TZF9_RHOOP (+1)
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ispG PE=3 SV=1

Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=sucB PE=3 SV=1 A0A3A9UGS9_RHOOP

2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=sucA PE=4 SV=1 C1A2J5_RHOE4

Adenylosuccinate synthetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=purA PE=3 SV=1 A0A1B1K1V2_RHOOP

Stearoyl-CoA 9-desaturase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=desA3-5 PE=4 SV=1 A0A1B1K3Y6_RHOOP

Long-chain fatty acid--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_06295 PE=4 SV=1 A0A3A9TLM9_RHOOP

Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=lpd PE=3 SV=1 C0ZUK2_RHOE4

Inositol-3-phosphate synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_24805 PE=4 SV=1 A0A076ER66_RHOOP (+1)

50S ribosomal protein L16 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpLP PE=3 SV=1 A0A076EF53_RHOOP (+2)

Electron transfer flavoprotein subunit beta OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=etfB PE=4 SV=1 A0A1B1K4A2_RHOOP (+2)

CTP synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pyrG PE=3 SV=1 A0A3A9U078_RHOOP

2,3-bisphosphoglycerate-dependent phosphoglycerate mutase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gpmA PE=3 SV=1 A0A1B1KCE3_RHOOP (+2)

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_29180 PE=4 SV=1 A0A3A9TYU1_RHOOP

DoxX family membrane protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_31620 PE=4 SV=1 A0A3A9TZR6_RHOOP

Citrate synthase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=gltA PE=3 SV=1 C1ATP1_RHOOB

Two-component histidine kinase MtrB OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=mtrB PE=4 SV=1 C1B1D8_RHOOB

Putative iron-sulfur cluster assembly protein SufC OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=sufC PE=4 SV=1 C1B4P4_RHOOB

Fructose-1,6-bisphosphatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glpX1 PE=3 SV=1 A0A1B1K2I9_RHOOP

Flavodoxin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_17860 PE=4 A0A1B1K6S8_RHOOP (+1)

SV=1

Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B0A5_RHOOB

OX=632772 GN=lpd PE=3 SV=1

Aldolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_14120 PE=3 A0A3A9TQR9_RHOOP

SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8Y247_RHOOP

GN=WSS_A05862 PE=4 SV=1

Phosphate import ATP-binding protein PstB OS=Rhodococcus opacus A0A1B1JZT3_RHOOP (+3)

OX=37919 GN=pstB PE=3 SV=1

NAD-dependent glutamate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=gdh PE=4 SV=1

OX=632772 GN=gdh PE=4 SV=1

Protein GrpE OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=grpE PE=3 SV=1 A0A1B1K1K6_RHOOP (+1)

Probable cell division protein WhiA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K689_RHOOP

GN=whiA PE=3 SV=1

Glutamine synthetase I OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AUD2_RHOOB

GN=glnA PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B9H7_RHOOB

GN=ROP_40830 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S7 OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XSV9_RHOOP

GN=rpsG PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L15 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpI O A0A076EIJ3_RHOOP (+2)

PE=3 SV=1

Isoleucine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ileS A0A3A9UCX3_RHOOP

PE=3 SV=1

Chaperone protein HtpG OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZQF7_RHOE4

100887) OX=234621 GN=htpG PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AWX9_RHOOB

GN=ROP_56550 PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L14 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpIN A0A076EI09_RHOOP (+2)

PE=3 SV=1

Chaperone protein ClpB OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZTC6_RHOE4

100887) OX=234621 GN=clpB PE=3 SV=1

Putative heparin-binding hemagglutinin OS=Rhodococcus erythropolis C0ZUQ2_RHOE4

(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_15890 PE=4 SV=1

Phosphate-binding protein PstS OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1ATC7_RHOOB
OX=632772 GN=pstS PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L4 OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B013_RHOOB
GN=rplD PE=3 SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=groL PE=3 A0A2S8JI62_RHOOP
SV=1

3-hydroxybutyryl-CoA dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TRK6_RHOOP
GN=COO55_11055 PE=4 SV=1

L-cysteine:1D-myo-inositol 2-amino-2-deoxy-alpha-D-glucopyranoside A0A3A9TZL4_RHOOP
ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=mshC PE=3 SV=1

Phenylacetic acid degradation protein PaaN OS=Rhodococcus erythropolis C0ZTJ7_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=paaN PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S1 OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AT24_RHOOB
GN=rpsA PE=4 SV=1

Putative heparin-binding hemagglutinin OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AZE2_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_18230 PE=4 SV=1

L-amino acid oxidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 PE=1 SV=1 Q8VPD4_RHOOP

Tryptophan synthase beta chain OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K9I0_RHOOP (+1)
GN=trpB PE=3 SV=1

Probable malate:quinone oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TK51_RHOOP
OX=37919 GN=mqo PE=3 SV=1

F420-dependent glucose-6-phosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus A0A3A9TWI4_RHOOP
opacus OX=37919 GN=fgd PE=3 SV=1

DNA gyrase subunit A OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZLF0_RHOE4
100887) OX=234621 GN=gyrA PE=3 SV=1

Pyruvate carboxylase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZXP8_RHOE4
100887) OX=234621 GN=pyc PE=4 SV=1

Pyruvate kinase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) C1A0B9_RHOE4
OX=234621 GN=pyk PE=3 SV=1

Phosphoribosylformylglycinamide synthase subunit PurQ C1AT95_RHOOB
OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=purQ PE=3 SV=1

Aminopeptidase N OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AVR3_RHOOB
GN=pepN PE=4 SV=1

Putative tellurium resistance protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B1Z8_RHOOB

OX=632772 GN=ROP_21750 PE=4 SV=1
Riboflavin biosynthesis protein RibBA OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B4K9_RHOOB
OX=632772 GN=ribA PE=3 SV=1
NAD-dependent glutamate dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis C1A1Q4_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=gdh PE=4 SV=1
Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1JXG4_RHOOP (+1)
GN=R1CP_01445 PE=4 SV=1
DNA gyrase subunit B OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZLE9_RHOE4
100887) OX=234621 GN=gyrB PE=3 SV=1
Carbamoyl-phosphate synthase large chain OS=Rhodococcus erythropolis C0ZZC7_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=carB PE=3 SV=1
Crp/Fnr family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus A0A076ELT6_RHOOP (+3)
OX=37919 GN=crp PE=4 SV=1
Alcohol dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ERY6_RHOOP (+2)
GN=EP51_30255 PE=3 SV=1
30S ribosomal protein S16 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsP A0A2S8JH26_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1
NAD(P)H-quinone dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9T260_RHOOP
GN=COO55_38940 PE=4 SV=1
Phosphoribosyl transferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TLT5_RHOOP
GN=COO55_01410 PE=4 SV=1
Chaperone protein HtpG OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=htpG A0A3A9UKM2_RHOOP
PE=3 SV=1
Acyl-CoA carboxylase alpha chain OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B806_RHOOB
OX=632772 GN=accA PE=4 SV=1
LLM class F420-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TRU5_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_11795 PE=4 SV=1
Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UL59_RHOOP
GN=COO55_19775 PE=4 SV=1
Long-chain-fatty-acid--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus M213 K8XMN2_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A10637 PE=4 SV=1
DUF349 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TZ39_RHOOP
GN=COO55_02885 PE=4 SV=1
Ornithine--oxo-acid transaminase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TQ29_RHOOP

GN=rocD PE=3 SV=1

Ribose-phosphate pyrophosphokinase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AY40_RHOOB
OX=632772 GN=prs PE=3 SV=1

2-isopropylmalate synthase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=leuA PE=3 SV=1

Fe-S oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TQB8_RHOOP
GN=COO55_09160 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S9 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsI A0A076EHZ2_RHOOP (+3)
PE=3 SV=1

Acyl carrier protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=acpP PE=3 A0A076EW08_RHOOP (+3)
SV=1

Aconitate hydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=acnA PE=4 A0A3A9T2U7_RHOOP
SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=groL PE=3 SV=1

Glycogen phosphorylase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=glgP PE=4 SV=1

Succinate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AWW1_RHOOB
OX=632772 GN=gabD PE=3 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2B5_RHOOB
OX=632772 GN=aceE PE=4 SV=1

Putative DNA-binding protein HU OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2N2_RHOOB
OX=632772 GN=hup PE=3 SV=1

Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1BBF6_RHOOB
OX=632772 GN=icd PE=3 SV=1

Amino acid--[acyl-carrier-protein] ligase OS=Rhodococcus opacus PD630 W8GVB9_RHOOP
OX=543736 GN=Pd630_LPD02373 PE=4 SV=1

ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TZN7_RHOOP
GN=COO55_31450 PE=4 SV=1

Putative ribonuclease OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_37950 PE=4 SV=1

Probable long-chain fatty-acid--CoA ligase OS=Rhodococcus erythropolis C1A2H1_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=fadD PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L6 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplF A0A076EI07_RHOOP (+2)

PE=3 SV=1

Short chain dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KED1_RHOOP
GN=R1CP_31605 PE=3 SV=1

Sarcosine oxidase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UFD2_RHOOP
GN=COO55_27560 PE=3 SV=1

Phenylalanine--tRNA ligase beta subunit OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UHP1_RHOOP
OX=37919 GN=pheT PE=3 SV=1

Transketolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_20910 A0A3A9ULA0_RHOOP
PE=3 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=nrdE PE=3 SV=1 C0ZXH5_RHOE4

Chaperone protein HtpG OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AYK6_RHOOB
GN=htpG PE=3 SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B076_RHOOB
GN=groL PE=3 SV=1

Fatty acid oxidation complex subunit alpha OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K5A1_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=R1CP_15365 PE=4 SV=1

Homoserine dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AW15_RHOOB (+1)
OX=632772 GN=hom PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XCK5_RHOOP
GN=WSS_A28395 PE=4 SV=1

Nuclear export factor GLE1 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ELS9_RHOOP (+2)
GN=EP51_21560 PE=4 SV=1

DUF3052 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EW15_RHOOP (+3)
GN=C5613_38600 PE=4 SV=1

UvrABC system protein B OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=uvrB A0A076EXM0_RHOOP
PE=3 SV=1

Polyphosphate kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ppk PE=3 A0A1B1K4I3_RHOOP
SV=1

CTP synthase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) C1A035_RHOE4
OX=234621 GN=pyrG PE=3 SV=1

Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase C1A140_RHOE4
complex OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887)
OX=234621 GN=RER_36170 PE=3 SV=1

Glutamine synthetase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=glnA PE=3 SV=1 C1A146_RHOE4
 Putative citrate lyase beta subunit OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_41490 PE=3 SV=1 C1A2M2_RHOE4
 Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_08400 PE=3 SV=1 C1AU79_RHOOB
 Amine oxidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_23340 PE=3 SV=1 C1B2F7_RHOOB
 Putative trehalose-phosphatase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=otsB PE=4 SV=1 C1BAF3_RHOOB
 Aldehyde oxidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_14195 PE=4 SV=1 A0A3A9UI88_RHOOP
 Long-chain-fatty-acid-CoA ligase, FadD11 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_20605 PE=4 SV=1 A0A1B1K8A3_RHOOP (+2)
 GTPase Der OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=engA PE=3 SV=1 C1ASX2_RHOOB
 Cutinase family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_18200 PE=4 SV=1 A0A3A9TV43_RHOOP
 DNA polymerase I OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=polA PE=3 SV=1 C1A095_RHOE4
 Protein-tyrosine kinase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A10862 PE=4 SV=1 K8XWU4_RHOOP
 RNA methyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_15280 PE=3 SV=1 A0A1B1K566_RHOOP (+1)
 Bifunctional glutamine synthetase adenylyltransferase/adenylyl-removing enzyme OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=glnE PE=3 SV=1 C1A171_RHOE4
 Galactofuranosyl transferase GlfT2 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glfT2 PE=4 SV=1 A0A1B1JXL5_RHOOP (+2)
 ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ftsH1 PE=3 SV=1 A0A1B1JYJ2_RHOOP
 Putative phosphoribosyl transferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_18080 PE=4 SV=1 A0A1B1K6R1_RHOOP (+1)
 Alpha-1,4-glucan:maltose-1-phosphate maltosyltransferase A0A3A9TYC5_RHOOP

OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glgE PE=3 SV=1

Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_08780 PE=3 SV=1 C1AUB7_RHOOB

Propionyl-CoA carboxylase beta chain OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=pccB PE=4 SV=1 C1B808_RHOOB

50S ribosomal protein L11 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpIK PE=3 SV=1 A0A076EV41_RHOOP (+2)

Multidrug ABC transporter membrane-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_28630 PE=4 SV=1 A0A1B1KCM9_RHOOP (+3)

Porin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_04780 PE=4 SV=1 A0A2S8JGK8_RHOOP

6-phosphogluconate dehydrogenase (Decarboxylating) OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gnd PE=4 SV=1 A0A3A9TSR0_RHOOP (+1)

DNA topoisomerase 1 OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=topA PE=3 SV=1 C0ZNG9_RHOE4

Putative trehalose-phosphatase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=otsB PE=4 SV=1 C0ZPT5_RHOE4

DNA gyrase subunit B OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gyrB PE=3 SV=1 A0A1B1JWN6_RHOOP

Mycolyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_01760 PE=4 SV=1 A0A1B1JXM7_RHOOP (+1)

2-isopropylmalate synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=leuA PE=3 SV=1 A0A1B1JY14_RHOOP (+1)

Aldose 1-epimerase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_06345 PE=4 SV=1 A0A1B1K065_RHOOP

Prokaryotic ubiquitin-like protein Pup OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pup PE=3 SV=1 A0A1B1K8W1_RHOOP (+2)

Cell wall synthesis protein Wag31 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=wag31 PE=4 SV=1 A0A1B1K9J9_RHOOP (+2)

Triosephosphate isomerase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=tpiA PE=3 SV=1 A0A3A9TKT5_RHOOP

Acetyl-/propionyl-CoA carboxylase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_04995 PE=4 SV=1 A0A3A9TL90_RHOOP

Cation-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TQL5_RHOOP

GN=COO55_13540 PE=4 SV=1

Trehalose-phosphatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=otsB PE=4 A0A3A9TQV4_RHOOP
SV=1

Long-chain fatty acid--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TSH5_RHOOP
GN=COO55_18025 PE=4 SV=1

Putative S9C family peptidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AWL0_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_55360 PE=4 SV=1

2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus C1AZP7_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=sucA PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8GVD5_RHOOP
GN=Pd630_LPD02225 PE=4 SV=1

Phosphotransferase family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UBR8_RHOOP
GN=COO55_28580 PE=4 SV=1

Argininosuccinate synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=argG A0A3A9UD92_RHOOP
PE=3 SV=1

Aspartyl/glutamyl-tRNA(Asn/Gln) amidotransferase subunit B A0A1B1K4C7_RHOOP
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gatB PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L7/L12 OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / C0ZV34_RHOE4
NBRC 100887) OX=234621 GN=rplL PE=3 SV=1

D-3-phosphoglycerate dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis (strain C0ZXM3_RHOE4
PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=serA PE=3 SV=1

ATP synthase epsilon chain OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=atpC A0A1B1KAQ6_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AT16_RHOOB
GN=ROP_07010 PE=4 SV=1

Putative NADPH oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AVT7_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_11200 PE=4 SV=1

Sulfurtransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ATC1_RHOOB
GN=ROP_49380 PE=4 SV=1

Glutamate synthase large subunit OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 C0ZLJ1_RHOE4
/ NBRC 100887) OX=234621 GN=glbB PE=4 SV=1

Phosphoglucomutase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B1M2_RHOOB
GN=pgm PE=3 SV=1

Chaperone protein DnaK OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ASF3_RHOOB

GN=dnaK PE=2 SV=1

Chaperone protein ClpB OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=clpB A0A3A9TUA2_RHOOP
PE=3 SV=1

MspA family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EJL6_RHOOP
GN=EP51_12695 PE=4 SV=1

DNA gyrase subunit A OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gyrA A0A076EMU7_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1JYF1_RHOOP (+1)
GN=R1CP_03035 PE=4 SV=1

6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Rhodococcus A0A1B1K6K7_RHOOP (+2)
opacus OX=37919 GN=yqjI PE=3 SV=1

Leucine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=leuS PE=3 A0A3A9TVC7_RHOOP
SV=1

DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Rhodococcus opacus A0A3A9U3B9_RHOOP
OX=37919 GN=rpoB PE=3 SV=1

Pyruvate carboxylase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ART4_RHOOB
GN=pyc PE=4 SV=1

Enoyl-CoA hydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EYF6_RHOOP
GN=EP51_28475 PE=4 SV=1

Keto-deoxy-phosphogluconate aldolase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TY28_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_24730 PE=4 SV=1

F420-dependent glucose-6-phosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus C1B0G5_RHOOB
opacus (strain B4) OX=632772 GN=fdg PE=3 SV=1

ATP synthase subunit delta OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=atpH A0A3A9UC00_RHOOP
PE=3 SV=1

Protein-export membrane protein YajC OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K5B3_RHOOP (+1)
GN=R1CP_15585 PE=4 SV=1

Phosphoserine phosphatase SerB OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JI64_RHOOP (+2)
GN=serB PE=4 SV=1

Epimerase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_04270 PE=4 A0A3A9TNA8_RHOOP
SV=1

Serine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=serS PE=3 A0A3A9UJA1_RHOOP
SV=1

Guanine deaminase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_13225 A0A2S8JBS4_RHOOP (+2)

PE=4 SV=1

Cholesterol oxidase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XM36_RHOOP
GN=WSS_A15429 PE=4 SV=1

Long-chain fatty-acid--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AZR9_RHOOB
OX=632772 GN=fadD PE=4 SV=1

Acyl-CoA carboxylase alpha chain OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=accA PE=4 SV=1

Fumarate hydratase class I OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AYL3_RHOOB
GN=ROP_59610 PE=3 SV=1

Putative xanthine dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1BAH0_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_44260 PE=4 SV=1

Polyphosphate kinase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=ppk PE=3 SV=1

Phosphoenolpyruvate synthase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=ppsA PE=3 SV=1

Dihydroxy-acid dehydratase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2L7_RHOOB
OX=632772 GN=ilvD PE=3 SV=1

Universal stress protein UspA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U1Z5_RHOOP
GN=COO55_37085 PE=4 SV=1

Putative fatty-acid--CoA ligase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_43270 PE=4 SV=1

Glutamate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B692_RHOOB
GN=ROP_29480 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S8 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsH A0A076EIJ6_RHOOP
PE=3 SV=1

Lsr2 family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_28260 A0A076EKG8_RHOOP (+1)
PE=4 SV=1

D-3-phosphoglycerate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K4F2_RHOOP
GN=serA PE=3 SV=1

1,4-alpha-glucan branching enzyme GlgB OS=Rhodococcus opacus A0A1B1KAR7_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=glgB PE=3 SV=1

LLM class F420-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TS18_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_16570 PE=4 SV=1

Phenylacetic acid degradation bifunctional protein PaaZ OS=Rhodococcus A0A3A9TWZ9_RHOOP

opacus OX=37919 GN=COO55_22680 PE=4 SV=1
 Chaperone protein DnaK OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=dnaK A0A3A9U2A2_RHOOP
 PE=2 SV=1
 Bifunctional glutamine synthetase adenylyltransferase/adenylyl-removing A0A3A9U573_RHOOP
 enzyme OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glnE PE=3 SV=1
 Probable long-chain fatty acyl-AMP ligase FadD32 OS=Rhodococcus C0ZLV1_RHOE4
 erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=fadD32 PE=4
 SV=1
 Putative ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC C0ZPM6_RHOE4
 OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
 GN=clpC PE=4 SV=1
 L-amino acid oxidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AZ10_RHOOB
 GN=lao PE=4 SV=1
 GuaB1 family IMP dehydrogenase-related protein OS=Rhodococcus opacus A0A2S8J3P7_RHOOP
 OX=37919 GN=C5613_25460 PE=4 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8H505_RHOOP
 GN=PD630_LPD05730 PE=4 SV=1
 Arylsulfatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_37205 A0A3A9UFK9_RHOOP
 PE=4 SV=1
 Molybdate ABC molybdate transporter substrate-binding protein A0A1B1K GK9_RHOOP (+1)
 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_35640 PE=4 SV=1
 Adenosylhomocysteinase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZWY9_RHOE4
 100887) OX=234621 GN=ahcY PE=3 SV=1
 Adenylate kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=adk1 PE=3 A0A1B1K3F5_RHOOP (+1)
 SV=1
 Cobaltochelataase CobN subunit OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AR61_RHOOB
 OX=632772 GN=cobN PE=4 SV=1
 GDP-mannose 4,6-dehydratase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1BED2_RHOOB
 OX=632772 GN=gmd PE=3 SV=1
 D-alanine--D-alanine ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ddl A0A076EHG6_RHOOP (+1)
 PE=3 SV=1
 50S ribosomal protein L29 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpmC A0A076ENA0_RHOOP
 PE=3 SV=1
 Aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K3S2_RHOOP

OX=37919 GN=R1CP_12825 PE=3 SV=1
Methylmalonyl-CoA carboxyltransferase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TL81_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_04945 PE=4 SV=1
Polyketide synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TS34_RHOOP
GN=COO55_16335 PE=4 SV=1
Ribonuclease PH OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rph PE=3 SV=1 A0A3A9TYK2_RHOOP
Phosphoenolpyruvate synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U2C4_RHOOP
GN=COO55_37215 PE=3 SV=1
Putative electron transfer flavoprotein alpha subunit OS=Rhodococcus C0ZXJ7_RHOE4
erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=etfA PE=4 SV=1
Nitrogen regulatory protein PII OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / C0ZXR3_RHOE4
NBRC 100887) OX=234621 GN=glnK PE=3 SV=1
Carbamoyl-phosphate synthase large chain OS=Rhodococcus opacus (strain C1B4J1_RHOOB
B4) OX=632772 GN=carB PE=3 SV=1
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC OS=Rhodococcus C1BA83_RHOOB
opacus (strain B4) OX=632772 GN=clpC PE=4 SV=1
Phosphate import ATP-binding protein PstB OS=Rhodococcus erythropolis Q3L9L9_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=pstB PE=3 SV=1
Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B175_RHOOB
GN=ROP_63230 PE=4 SV=1
Phenylacetic acid degradation protein PaaN OS=Rhodococcus opacus (strain C1B3Y6_RHOOB
B4) OX=632772 GN=paaN PE=4 SV=1
DNA repair protein RecN OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=recN A0A1B1K9A4_RHOOP
PE=3 SV=1
DUF427 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9ULH5_RHOOP
GN=COO55_28260 PE=4 SV=1
Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K9R9_RHOOP (+2)
GN=R1CP_23445 PE=4 SV=1
Glycosyl hydrolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_11965 A0A076EJ64_RHOOP
PE=4 SV=1
Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U0N9_RHOOP
GN=COO55_26270 PE=4 SV=1
Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ASY7_RHOOB
GN=ROP_06720 PE=4 SV=1

Probable cold shock protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_43560 PE=4 SV=1 C1A379_RHOE4
 4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=37919 GN=ispH PE=3 SV=1 A0A076EHF1_RHOOP (+5)
 Sarcosine oxidase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=soxA PE=3 SV=1 C1AXP3_RHOOB
 Chromosomal replication initiator protein DnaA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=dnaA PE=3 SV=1 A0A076EVR3_RHOOP
 Homoserine dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=hom PE=3 SV=1 C1A1Z5_RHOE4
 4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate reductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=dapB PE=3 SV=1 C1B356_RHOOB
 Glutamate ABC transporter glutamate-binding protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=gluB PE=3 SV=1 C0ZYN0_RHOE4
 Protein translocase subunit SecE OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=secE PE=3 SV=1 C1AYX8_RHOOB
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_35440 PE=4 SV=1 C1A0W7_RHOE4
 Acyl-CoA carboxylase beta chain OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=accD PE=4 SV=1 C1AZX8_RHOOB
 ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_03560 PE=4 SV=1 A0A076EG66_RHOOP (+1)
 Sensory transduction protein regX3 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=regX3 PE=4 SV=1 A0A076EV99_RHOOP (+3)
 Ketol-acid reductoisomerase (NADP(+)) OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ilvC PE=3 SV=1 A0A1B1K4J7_RHOOP
 Proline--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=proS1 PE=3 SV=1 A0A1B1K4U6_RHOOP
 Glutamate-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gluB PE=4 SV=1 A0A1B1K503_RHOOP (+2)
 Proteasome subunit beta OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=prcB PE=3 SV=1 A0A1B1K8U8_RHOOP (+1)
 Translational GTPase TypA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=typA A0A2S8IRZ9_RHOOP (+2)

PE=4 SV=1

Transcription termination/antitermination protein NusG OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=nusG PE=3 SV=1 C1AYX7_RHOOB

Bifunctional protein FolD OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=folD PE=3 SV=1 C1B145_RHOOB

Copper resistance protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A08059 PE=4 SV=1 K8XQW0_RHOOP

Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=mmsA PE=4 SV=1 C1A228_RHOE4

Transcription termination/antitermination protein NusA OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=nusA PE=3 SV=1 C1B311_RHOOB

Ribosome maturation factor RimM OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpmM PE=3 SV=1 A0A1B1K4K2_RHOOP (+2)

Cell division protein SepF OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=sepF PE=3 SV=1 A0A076EXS9_RHOOP

Putative TetR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_18260 PE=4 SV=1 C1AZE5_RHOOB

NADPH oxidoreductase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_21780 PE=4 SV=1 C0ZX01_RHOE4

30S ribosomal protein S17 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsQ PE=3 SV=1 A0A076EIJ9_RHOOP (+2)

Porphobilinogen deaminase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=hemC PE=3 SV=1 C1AZ43_RHOOB

Thioredoxin reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=trxB PE=3 SV=1 A0A3A9TWW2_RHOOP (+1)

Putative glycosidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_54720 PE=4 SV=1 C1AWE6_RHOOB

Methionine synthase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=metH PE=4 SV=1 C1ASR2_RHOOB

Serine hydroxymethyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glyA PE=3 SV=1 A0A3A9TXZ9_RHOOP (+1)

Hypothetical membrane protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_34640 PE=4 SV=1 C1B7Q8_RHOOB

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B504_RHOOB
 GN=ROP_26830 PE=4 SV=1

Alpha-1,4-glucan:maltose-1-phosphate maltosyltransferase C1A1W2_RHOE4
 OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
 GN=glgE PE=3 SV=1

Bacteriocin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=lin PE=4 SV=1 A0A076EZF5_RHOOP (+2)

Ethyl tert-butyl ether degradation protein EthD OS=Rhodococcus opacus A0A1B1KE95_RHOOP
 OX=37919 GN=R1CP_31475 PE=4 SV=1

Adenosylhomocysteinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ahcY A0A3A9TPQ2_RHOOP
 PE=3 SV=1

Pyruvate carboxylase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TZL5_RHOOP (+1)
 GN=COO55_03850 PE=4 SV=1

Excinuclease ABC subunit UvrA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UA25_RHOOP
 GN=COO55_17550 PE=4 SV=1

Carbamoyl-phosphate synthase large chain OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UC33_RHOOP
 OX=37919 GN=carB PE=3 SV=1

Translation initiation factor OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UGV2_RHOOP
 GN=COO55_11140 PE=4 SV=1

Piperidine-6-carboxylate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain C1B189_RHOOB
 B4) OX=632772 GN=pcd PE=3 SV=1

3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UDU3_RHOOP
 OX=37919 GN=aroA PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U0V1_RHOOP
 GN=COO55_26595 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S18 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsR A0A076EPX0_RHOOP (+3)
 PE=3 SV=1

DUF1348 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J6R2_RHOOP
 GN=C5613_22710 PE=4 SV=1

DUF4191 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EW57_RHOOP (+5)
 GN=C5613_38810 PE=4 SV=1

Leucine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B7N7_RHOOB
 GN=leuS PE=3 SV=1

Putative acyl-CoA oxidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AZ37_RHOOB
 GN=ROP_17180 PE=4 SV=1

Flavin oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1JYL4_RHOOP (+2)
GN=R1CP_03405 PE=4 SV=1

Aconitate hydratase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=acn PE=3 SV=1 C0ZZJ1_RHOE4

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B923_RHOOB
GN=ROP_39290 PE=4 SV=1

6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=gnd PE=3 SV=1 C0ZZM4_RHOE4

Fructose-bisphosphate aldolase class II OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=fba PE=3 SV=1 C0ZTE7_RHOE4

Acyl-CoA desaturase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B1E8_RHOOB
GN=ROP_63960 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S19 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsS A0A076EIK2_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Malate dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_41320 PE=3 SV=1 C1A2K5_RHOE4

Penicillin-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EP64_RHOOP
GN=EP51_24795 PE=4 SV=1

Pyridine nucleotide-disulfide oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TN43_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_08675 PE=4 SV=1

Porphobilinogen deaminase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=hemC PE=3 SV=1 C0ZUV5_RHOE4

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B4Z9_RHOOB
GN=ROP_26780 PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L5 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpLE A0A076EF48_RHOOP (+3)
PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L24 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpIX A0A076EGS2_RHOOP (+3)
PE=3 SV=1

Cell division protein FtsZ OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ftsZ A0A1B1K9K4_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Aspartate aminotransferase family protein OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TJT1_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_02765 PE=3 SV=1

Dihydroxy-acid dehydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ilvD A0A3A9TP66_RHOOP
PE=3 SV=1

Probable cytosol aminopeptidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UCQ5_RHOOP
 GN=pepA PE=3 SV=1

Ribonuclease J OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rnj PE=3 SV=1 A0A3A9UCZ8_RHOOP

Glycogen phosphorylase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AVX3_RHOOB
 GN=glgP PE=4 SV=1

Adenosylhomocysteinase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B1D5_RHOOB
 GN=ahcY PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B1Y6_RHOOB
 GN=ROP_21630 PE=4 SV=1

Transketolase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=tkt C1B4M5_RHOOB
 PE=3 SV=1

Protein-tyrosine kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K1E9_RHOOP
 GN=R1CP_08615 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TU75_RHOOP
 GN=COO55_20440 PE=4 SV=1

Tyrosine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=tyrS PE=3 A0A3A9U592_RHOOP (+1)
 SV=1

Multifunctional fusion protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=nnr A0A1B1K3H9_RHOOP
 PE=3 SV=1

Putative ferredoxin--NADP(+) reductase OS=Rhodococcus erythropolis C0ZTH6_RHOE4
 (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_14410 PE=4 SV=1

Citrate synthase family protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1ATN7_RHOOB
 OX=632772 GN=ROP_50540 PE=3 SV=1

Propionyl-CoA carboxylase beta chain OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) C0ZWV4_RHOE4
 OX=234621 GN=pccB PE=4 SV=1

ATP-dependent DNA helicase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K1X1_RHOOP
 GN=uvrD1 PE=3 SV=1

Murein biosynthesis integral membrane protein MurJ OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TT21_RHOOP
 GN=mviN PE=4 SV=1

Universal stress protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCW1_RHOOP
 GN=R1CP_29035 PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L27 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpmA A0A076F254_RHOOP (+3)
 PE=3 SV=1

Glycosyl transferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TRG2_RHOOP

GN=COO55_15495 PE=4 SV=1
 Probable cystathionine gamma-synthase/cystathionine gamma-lyase C1A2Y8_RHOE4
 OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
 GN=metB PE=3 SV=1
 Putative amino-acid ABC transporter-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_27170 PE=3 SV=1
 opacus OX=37919 GN=R1CP_27170 PE=3 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AUR0_RHOOB
 GN=ROP_51530 PE=4 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KA68_RHOOP
 GN=R1CP_24235 PE=4 SV=1
 DUF2786 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TMK3_RHOOP
 GN=COO55_08160 PE=4 SV=1
 30S ribosomal protein S13 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsM A0A076EGR0_RHOOP (+2)
 PE=3 SV=1
 1,4-dihydroxy-2-naphthoyl-CoA synthase OS=Rhodococcus opacus A0A076EV25_RHOOP (+4)
 OX=37919 GN=menB PE=3 SV=1
 Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=aroH PE=3
 SV=1
 Glycine--tRNA ligase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=glyQS PE=3 SV=1
 Putative non-ribosomal peptide synthetase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_42870 PE=4 SV=1
 B4) OX=632772 GN=ROP_42870 PE=4 SV=1
 50S ribosomal protein L22 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplV A0A076EI12_RHOOP (+2)
 PE=3 SV=1
 Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=icd PE=3 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_27420 PE=4 SV=1
 Peptide methionine sulfoxide reductase MsrA OS=Rhodococcus opacus A0A2S8JED6_RHOOP (+1)
 OX=37919 GN=msrA PE=3 SV=1
 Putative enoyl-CoA hydratase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_23640 PE=4 SV=1
 Chorismate synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=aroC PE=3 A0A076EFX7_RHOOP (+5)

SV=1

Fumarate hydratase class II OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=aspA A0A3A9TME9_RHOOP
PE=3 SV=1

Probable 7,8-didemethyl-8-hydroxy-5-deazariboflavine synthase C1A2Q6_RHOE4
OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
GN=fbiC PE=3 SV=1

DNA integrity scanning protein DisA OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1BAB7_RHOOB
OX=632772 GN=disA PE=3 SV=1

Putative ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpC C0ZNT4_RHOE4
OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
GN=clpC PE=3 SV=1

FAD-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TN39_RHOOP (+1)
GN=COO55_08970 PE=4 SV=1

Glycerol-3-phosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EHQ3_RHOOP
GN=EP51_09200 PE=3 SV=1

Enolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=eno PE=3 SV=1 A0A076EPA7_RHOOP (+3)

Magnesium and cobalt transport protein CorA OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K0G2_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=C5613_33670 PE=3 SV=1

3-ketoacyl-(Acyl-carrier-protein) reductase OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K0Q3_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=fabG4 PE=4 SV=1

NAD-glutamate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J7R6_RHOOP
GN=C5613_20545 PE=4 SV=1

Valine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=valS PE=3 A0A2S8JB68_RHOOP
SV=1

Aspartate aminotransferase family protein OS=Rhodococcus opacus A0A2S8JCB4_RHOOP
OX=37919 GN=C5613_12310 PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TK56_RHOOP
GN=COO55_02965 PE=4 SV=1

DNA topoisomerase 1 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=topA PE=3 A0A3A9TQZ1_RHOOP
SV=1

Transaldolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=tal PE=3 SV=1 A0A3A9U1J5_RHOOP

Phosphate-specific transport system accessory protein PhoU C1ATD1_RHOOB
OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=phoU PE=3 SV=1

Transcription elongation factor GreA OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AYG4_RHOOB

OX=632772 GN=greA PE=3 SV=1
Fructose-1,6-bisphosphatase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AYH9_RHOOB
OX=632772 GN=fbp PE=3 SV=1
Glutamate ABC transporter glutamate-binding protein OS=Rhodococcus C1B385_RHOOB
opacus (strain B4) OX=632772 GN=gluB PE=4 SV=1
NADH dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B4V1_RHOOB
GN=ndh PE=4 SV=1
Polyketide synthase Pks13 OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B937_RHOOB
GN=pks13 PE=4 SV=1
2-isopropylmalate synthase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B9P5_RHOOB
OX=632772 GN=leuA PE=3 SV=1
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K3J9_RHOOP
OX=37919 GN=guaB PE=3 SV=1
Peptide deformylase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=def K8XJ10_RHOOP
PE=3 SV=1
50S ribosomal protein L10 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplJ A0A076ETL6_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1
KsdD-like steroid dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KDD7_RHOOP
GN=R1CP_29965 PE=4 SV=1
Alkyl hydroperoxide reductase AhpD OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9T330_RHOOP
GN=COO55_40050 PE=3 SV=1
Single-stranded DNA-binding protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain C0ZV44_RHOE4
PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=ssb PE=3 SV=1
Thioredoxin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=trxA PE=3 SV=1 A0A076ENK9_RHOOP (+3)
Alpha-hydroxy-acid oxidizing enzyme OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U465_RHOOP
GN=COO55_06095 PE=3 SV=1
Putative plasmid partitioning protein ParA OS=Rhodococcus opacus (strain C1BE56_RHOOB
B4) OX=632772 GN=parA PE=4 SV=1
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase OS=Rhodococcus opacus K8XPF6_RHOOP
M213 OX=1129896 GN=WSS_A23970 PE=4 SV=1
Alkyl hydroperoxide reductase AhpD OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U023_RHOOP (+2)
GN=COO55_31470 PE=3 SV=1
50S ribosomal protein L18 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplR A0A076EGR9_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Rhodococcus opacus PD630 W8GX86_RHOOP
 OX=543736 GN=Pd630_LPD00025 PE=3 SV=1

Glutamate transport ATP-binding protein GluA OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K546_RHOOP
 OX=37919 GN=gluA2 PE=4 SV=1

Carbamoyl-phosphate synthase small chain OS=Rhodococcus erythropolis C0ZZC6_RHOE4
 (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=carA PE=3 SV=1

Phosphoglucomutase, alpha-D-glucose phosphate-specific OS=Rhodococcus A0A3A9U3B7_RHOOP
 opacus OX=37919 GN=COO55_04355 PE=3 SV=1

Alpha-ketoacid dehydrogenase subunit beta OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UFL7_RHOOP (+1)
 OX=37919 GN=COO55_37260 PE=4 SV=1

Malto-oligosyltrehalose synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JF89_RHOOP
 GN=treY PE=4 SV=1

Putative glycerophosphoryl diester phosphodiesterase OS=Rhodococcus C1B8Z6_RHOOB
 opacus (strain B4) OX=632772 GN=glpQ PE=4 SV=1

Protein PafB OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pafB PE=4 SV=1 A0A1B1K908_RHOOP (+3)

Threonine synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=thrC PE=3 A0A1B1KAS4_RHOOP
 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K949_RHOOP (+5)
 GN=R1CP_22380 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1BE83_RHOOB
 GN=ROP_pKNR-00310 PE=4 SV=1

Putative phosphatase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B771_RHOOB
 GN=ROP_32770 PE=4 SV=1

PadR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KDL4_RHOOP (+2)
 GN=R1CP_30275 PE=4 SV=1

Phosphatidylserine decarboxylase proenzyme OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TZ21_RHOOP
 OX=37919 GN=psd PE=3 SV=1

Non-homologous end joining protein Ku OS=Rhodococcus opacus A0A076ECA6_RHOOP (+4)
 OX=37919 GN=ku PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCB2_RHOOP
 GN=R1CP_28035 PE=4 SV=1

Aldehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EQ56_RHOOP
 GN=EP51_26945 PE=3 SV=1

Transcription termination factor Rho OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AW12_RHOOB

OX=632772 GN=rho PE=3 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_02350 PE=4 SV=1 C0ZLW6_RHOE4

Glutamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=glmS PE=3 SV=1 C0ZW84_RHOE4

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_11020 PE=4 SV=1 A0A076EIY6_RHOOP (+6)

Translation initiation factor IF-3 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=infC PE=3 SV=1 A0A1B1K9C7_RHOOP (+2)

Acetate--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=acs PE=4 SV=1 A0A3A9TRC0_RHOOP

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=groL PE=3 SV=1 A0A3A9TZ28_RHOOP (+1)

Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit alpha OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=sucD PE=3 SV=1 C1A3F1_RHOE4

ATP-binding subunit of ATP-dependent Clp protease OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A31570 PE=4 SV=1 K8XK36_RHOOP

Glycogen debranching enzyme GlgX OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glgX PE=3 SV=1 A0A3A9U379_RHOOP

Two-component response regulator MtrA OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=mtrA PE=4 SV=1 C1B1D7_RHOOB

Malto-oligosyltrehalose synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=treY PE=4 SV=1 A0A3A9U1R2_RHOOP

Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=icd PE=3 SV=1 C1B149_RHOOB

23S rRNA (Guanosine(2251)-2'-O)-methyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_28095 PE=3 SV=1 RlmB A0A076EN42_RHOOP (+3)

NAD kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ppnK PE=3 SV=1 A0A076EVU0_RHOOP (+5)

Peptidase M13 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_10960 PE=4 SV=1 A0A3A9TRD2_RHOOP

Methylmalonyl-CoA carboxyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_21195 PE=4 SV=1 A0A076EP81_RHOOP (+1)

Sugar ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TR95_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_15310 PE=3 SV=1

ArsR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EP33_RHOOP
GN=EP51_20915 PE=4 SV=1

Glucose-1-phosphate adenylyltransferase OS=Rhodococcus opacus A0A076EIW3_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=glgC PE=3 SV=1

Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase A0A1B1KB20_RHOOP
complex OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_25750 PE=3
SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EFG1_RHOOP (+2)
GN=EP51_07055 PE=4 SV=1

Aspartokinase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ask C1B9U9_RHOOB
PE=3 SV=1

DNA topoisomerase 1 OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1BA07_RHOOB
GN=topA PE=3 SV=1

Sec-independent protein translocase protein TatC OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K8V1_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=tatC PE=3 SV=1

Ferritin OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ftn PE=3 C1B8Z8_RHOOB
SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K6I8_RHOOP (+2)
GN=R1CP_17830 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TN29_RHOOP
GN=COO55_03835 PE=4 SV=1

Family 65 glycosyl hydrolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TNA1_RHOOP
GN=COO55_09565 PE=4 SV=1

Bifunctional glutamine synthetase adenylyltransferase/adenylyl-removing C1AUD1_RHOOB
enzyme OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=glnE PE=3
SV=1

Transcription termination/antitermination protein NusA OS=Rhodococcus C0ZYA3_RHOE4
erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=nusA PE=3
SV=1

PPOX class F420-dependent enzyme OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TRV9_RHOOP
GN=COO55_16250 PE=4 SV=1

Soj/ParA-related protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K7B5_RHOOP (+1)

GN=R1CP_19250 PE=4 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B9U0_RHOOB
 GN=ROP_41960 PE=4 SV=1
 Acyl-CoA dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EI50_RHOOP (+4)
 GN=EP51_09135 PE=4 SV=1
 Acyl-CoA oxidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_27935 A0A1B1KC92_RHOOP
 PE=4 SV=1
 Malate synthase G OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ASU9_RHOOB
 GN=glcB PE=3 SV=1
 27 kDa antigen Cfp30B OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=cfp30B A0A1B1JXU9_RHOOP (+1)
 PE=4 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AX14_RHOOB
 GN=ROP_56900 PE=4 SV=1
 Transcription termination factor Rho OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=rho PE=3 SV=1
 Aldehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AZW5_RHOOB
 GN=ROP_61390 PE=3 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B473_RHOOB
 GN=ROP_68150 PE=4 SV=1
 NAD(P)/FAD-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UB49_RHOOP
 OX=37919 GN=COO55_19560 PE=4 SV=1
 Cyclase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_12045 PE=4 A0A076ELW5_RHOOP (+4)
 SV=1
 Fumarylacetoacetase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B0R8_RHOOB
 GN=ROP_20210 PE=4 SV=1
 VOC family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U407_RHOOP (+1)
 GN=COO55_12365 PE=4 SV=1
 Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH] OS=Rhodococcus opacus C1B4R0_RHOOB
 (strain B4) OX=632772 GN=fabI PE=3 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ASV0_RHOOB
 GN=ROP_06350 PE=4 SV=1
 Putative glycosidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AY75_RHOOB
 GN=ROP_58230 PE=4 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TZA1_RHOOP

GN=COO55_26265 PE=4 SV=1
Fe-S cluster assembly protein SufB OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EE31_RHOOP (+3)
GN=sufB PE=4 SV=1
Valine--tRNA ligase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=valS PE=3 SV=1
3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase type-2 OS=Rhodococcus opacus A0A1B1JXH7_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=R1CP_01465 PE=3 SV=1
Daunorubicin/doxorubicin resistance ABC transporter ATP-binding protein DrrA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_02515 PE=4 SV=1
Carbonic anhydrase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1BAB0_RHOOB
GN=ROP_43660 PE=3 SV=1
Alpha-1,4-glucan:maltose-1-phosphate maltosyltransferase C1AVX4_RHOOB
OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=glgE PE=3 SV=1
Menaquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=qcrA PE=4 SV=1
SV=1
Oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B0B6_RHOOB
GN=ROP_18690 PE=4 SV=1
Chromosome partitioning protein ParB OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B7R8_RHOOB
OX=632772 GN=parB PE=3 SV=1
RNA polymerase sigma factor OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=sigH PE=3 SV=1
C0ZX09_RHOE4
Putative cobaltochelate CobN subunit OS=Rhodococcus erythropolis C0ZZR4_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=cobN PE=4 SV=1
DUF3027 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TPE7_RHOOP
GN=COO55_11705 PE=4 SV=1
Amino acid adenylation protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UIJ5_RHOOP
GN=COO55_14800 PE=4 SV=1
Phosphate-binding protein PstS OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1JZS6_RHOOP (+1)
GN=pstS3 PE=3 SV=1
Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K3K6_RHOOP (+1)
GN=R1CP_12430 PE=4 SV=1
Acrylyl-CoA reductase AcuI OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=acuI A0A1B1KE11_RHOOP
PE=4 SV=1

Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit OS=Rhodococcus opacus A0A2S8IVG6_RHOOP
OX=37919 GN=C5613_31670 PE=3 SV=1

Putative ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus C1A1Q6_RHOE4
erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_38330
PE=4 SV=1

Signal recognition particle protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K4G6_RHOOP
GN=ffh PE=3 SV=1

Putative ABC transporter substrate-binding protein OS=Rhodococcus opacus C1B092_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=ROP_18450 PE=4 SV=1

Signal recognition particle protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2R5_RHOOB
OX=632772 GN=ffh PE=3 SV=1

LLM class F420-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9U395_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_25270 PE=4 SV=1

Carbamoyl-phosphate synthase small chain OS=Rhodococcus opacus M213 K8XAS7_RHOOP
OX=1129896 GN=carA PE=3 SV=1

Nicotinate phosphoribosyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UGB7_RHOOP
GN=COO55_29270 PE=3 SV=1

Fructose-1,6-bisphosphatase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / C1A2W2_RHOE4
NBRC 100887) OX=234621 GN=fbp PE=3 SV=1

CRP/FNR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus erythropolis C0ZND6_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_04800 PE=4 SV=1

7,8-didemethyl-8-hydroxy-5-deazariboflavine synthase OS=Rhodococcus C1AZI2_RHOOB
opacus (strain B4) OX=632772 GN=fbuC PE=3 SV=1

Stage II sporulation protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TRY9_RHOOP
GN=COO55_16410 PE=4 SV=1

Zinc-binding dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TRV7_RHOOP
GN=COO55_11855 PE=3 SV=1

Hydrolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_18410 PE=4 A0A1B1K704_RHOOP (+1)
SV=1

Tat pathway signal sequence domain protein OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TNF4_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_09665 PE=4 SV=1

Polyphosphate glucokinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ppgK A0A1B1K582_RHOOP
PE=4 SV=1

3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase FabG OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K6A8_RHOOP

OX=37919 GN=fabG5 PE=4 SV=1

DNA-binding response regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TPX2_RHOOP (+1)
GN=COO55_12230 PE=4 SV=1

Isocitrate lyase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) C0ZUN7_RHOE4
OX=234621 GN=aceA PE=4 SV=1

Adenosine deaminase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=add PE=3 A0A1B1K3R1_RHOOP
SV=1

Phage holin family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TV57_RHOOP
GN=COO55_15070 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1JZU6_RHOOP (+4)
GN=R1CP_05745 PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L4 OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=rplD PE=3 SV=1
C0ZW26_RHOE4

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B9K8_RHOOB
GN=ROP_41140 PE=4 SV=1

Cupin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_22570 PE=4 A0A3A9TUQ4_RHOOP
SV=1

50S ribosomal protein L21 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplU A0A076EWT9_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Virulence factor mviN OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8HFL5_RHOOP
GN=OPAG_07521 PE=4 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit beta OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=nrdF PE=3
SV=1 C0ZXH6_RHOE4

Putative acetyl-CoA acyltransferase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=fadA PE=3 SV=1
C0ZRS9_RHOE4

Putative electron transfer flavoprotein beta subunit OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=etfB PE=4 SV=1
C0ZXJ6_RHOE4

Bifunctional purine biosynthesis protein PurH OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=purH PE=3 SV=1
C1AWX2_RHOOB

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KAN3_RHOOP
GN=R1CP_24855 PE=4 SV=1

3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase OS=Rhodococcus opacus A0A2S8JH98_RHOOP
OX=37919 GN=aroA PE=3 SV=1

3-oxoacyl-ACP reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U4J3_RHOOP (+1)
GN=COO55_12055 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B0Y7_RHOOB
GN=ROP_20900 PE=4 SV=1

Acyl-CoA desaturase DesA3 OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B1E9_RHOOB
OX=632772 GN=desA3 PE=4 SV=1

Gamma-glutamyl phosphate reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EVR2_RHOOP
GN=proA PE=3 SV=1

Putative ATP-dependent helicase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B184_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_63320 PE=4 SV=1

Peptidase C56 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_13370 PE=4 A0A076EQ66_RHOOP (+4)
SV=1

Signal recognition particle receptor FtsY OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2R1_RHOOB
OX=632772 GN=ftsY PE=3 SV=1

Putative aminotransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B3B2_RHOOB
GN=ROP_67820 PE=3 SV=1

ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit OS=Rhodococcus opacus C1AVQ4_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=clpP PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K3Y7_RHOOP
GN=R1CP_13110 PE=4 SV=1

Acyl-CoA thioesterase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XN36_RHOOP
GN=WSS_A26225 PE=4 SV=1

Aminodeoxychorismate synthase, component I OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TLH4_RHOOP
OX=37919 GN=pabB PE=4 SV=1

Transaldolase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=tal PE=3 K8X909_RHOOP
SV=1

4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (flavodoxin) C0ZY27_RHOE4
OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
GN=ispG PE=3 SV=1

Glutamate synthase small subunit OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B7Y0_RHOOB
OX=632772 GN=gltD PE=4 SV=1

Two-component histidine kinase MprB OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AX10_RHOOB
OX=632772 GN=mprB PE=4 SV=1

4Fe-4S ferredoxin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_37345 A0A3A9U246_RHOOP

PE=4 SV=1

Periplasmic binding family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KD41_RHOOP
GN=R1CP_29355 PE=4 SV=1

Putative 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase OS=Rhodococcus C0ZRS8_RHOE4
erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_11200
PE=4 SV=1

Ribosomal RNA small subunit methyltransferase OS=Rhodococcus opacus K8XNA8_RHOOP
M213 OX=1129896 GN=WSS_A31975 PE=3 SV=1

Geranylgeranyl pyrophosphate synthase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9U7C2_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_30940 PE=3 SV=1

Putative non-heme bromoperoxidase BpoC OS=Rhodococcus opacus A0A1B1JZD8_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=bpoC PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B8W8_RHOOB
GN=ROP_38740 PE=4 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit beta OS=Rhodococcus opacus A0A076EE55_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=EP51_08300 PE=3 SV=1

Serine hydroxymethyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EIU0_RHOOP (+3)
GN=glyA PE=3 SV=1

Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit alpha OS=Rhodococcus A0A076EJV3_RHOOP (+2)
opacus OX=37919 GN=sucD PE=3 SV=1

Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP] OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K0M6_RHOOP
OX=37919 GN=pckG1 PE=3 SV=1

Multifunctional 2-oxoglutarate metabolism enzyme OS=Rhodococcus A0A1B1K311_RHOOP
opacus OX=37919 GN=kgd PE=4 SV=1

DNA-directed RNA polymerase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K3F8_RHOOP (+3)
OX=37919 GN=rpoA PE=3 SV=1

UDP-glucose 4-epimerase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=galE2 A0A1B1K585_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

ATP synthase subunit b OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=atpF A0A1B1KAU3_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

Pyruvate carboxylase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JGU2_RHOOP
GN=C5613_02775 PE=4 SV=1

S9 family peptidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TYE0_RHOOP
GN=COO55_29830 PE=4 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U2P5_RHOOP
GN=COO55_04225 PE=3 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UMI9_RHOOP
OX=37919 GN=aceE PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_30070 PE=4 SV=1 C0ZZD0_RHOE4

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8X8N6_RHOOP
GN=WSS_A35442 PE=4 SV=1

Glycogen phosphorylase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EV84_RHOOP
GN=EP51_35655 PE=4 SV=1

DUF4193 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EU07_RHOOP (+3)
GN=C5613_28790 PE=4 SV=1

Phosphate import ATP-binding protein PstB OS=Rhodococcus erythropolis C0ZP13_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=pstB PE=3 SV=1

Bifunctional aldehyde dehydrogenase/enoyl-CoA hydratase K8XW11_RHOOP
OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A12063 PE=4
SV=1

Daunorubicin/doxorubicin resistance ABC transporter ATP-binding protein A0A3A9TQT9_RHOOP (+1)
DrrA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_14240 PE=4 SV=1

Polyribonucleotide nucleotidyltransferase (Fragment) OS=Rhodococcus U5U433_RHOOP
opacus OX=37919 GN=pnp PE=3 SV=1

Mycolyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B932_RHOOB
GN=csp1 PE=4 SV=1

DNA helicase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=uvrD2 PE=4 SV=1 A0A1B1K499_RHOOP (+1)

Esterase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_16360 PE=4 A0A3A9U6T8_RHOOP
SV=1

DUF1508 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8IW19_RHOOP
GN=C5613_31160 PE=4 SV=1

Acetyl-CoA C-acyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U712_RHOOP
GN=COO55_22685 PE=3 SV=1

Carbamoyl-phosphate synthase small chain OS=Rhodococcus opacus (strain C1B4J0_RHOOB
B4) OX=632772 GN=carA PE=3 SV=1

Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KD87_RHOOP (+1)
GN=zwf2 PE=3 SV=1

Alpha/beta hydrolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J0K5_RHOOP (+3)
GN=C5613_27835 PE=4 SV=1

Universal stress protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCX7_RHOOP (+1)
GN=R1CP_29045 PE=4 SV=1

Beta-ketoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase II OS=Rhodococcus opacus A0A3A9UUP5_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=COO55_30455 PE=3 SV=1

Cell division protein FtsZ OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / C1A0X2_RHOE4
NBRC 100887) OX=234621 GN=ftsZ PE=3 SV=1

ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH OS=Rhodococcus opacus (strain C1BA67_RHOOB
B4) OX=632772 GN=ftsH PE=3 SV=1

Phenylacetic acid degradation bifunctional protein PaaZ OS=Rhodococcus A0A2S8IM81_RHOOP
opacus OX=37919 GN=C5613_37925 PE=4 SV=1

Pyruvate kinase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8GUJ2_RHOOP
GN=Pd630_LPD01918 PE=3 SV=1

SPFH/Band 7/PHB domain protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UBY2_RHOOP
GN=COO55_00515 PE=4 SV=1

Glutamate synthase large subunit OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B7X9_RHOOB
OX=632772 GN=gltB PE=4 SV=1

FAD-binding oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TYB5_RHOOP
GN=COO55_28270 PE=4 SV=1

Putative S9A family peptidase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B0A6_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_18590 PE=4 SV=1

Long-chain fatty acyl-AMP ligase FadD32 OS=Rhodococcus opacus (strain C1B936_RHOOB
B4) OX=632772 GN=fadD32 PE=4 SV=1

UPF0678 fatty acid-binding protein-like protein ROP_49350 C1ATB8_RHOOB
OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_49350 PE=3
SV=1

LLM class F420-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TXN9_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_24005 PE=4 SV=1

Dihydrolipoyl dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B5N0_RHOOB
OX=632772 GN=lpd PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K0G4_RHOOP (+1)
GN=R1CP_06925 PE=4 SV=1

Putative 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase OS=Rhodococcus opacus C1AV06_RHOOB

(strain B4) OX=632772 GN=ROP_52490 PE=4 SV=1

UDP-galactopyranose mutase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glf A0A076EMN0_RHOOP (+3)
PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L19 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplS A0A076EHE3_RHOOP
PE=3 SV=1

Sensor kinase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 A0A3G9M2U0_RHOOP
GN=OPAG_06466 PE=4 SV=1

Decaprenylphosphoryl-beta-D-ribose oxidase OS=Rhodococcus opacus A0A076EPA0_RHOOP (+3)
OX=37919 GN=EP51_21140 PE=4 SV=1

N5-carboxyaminoimidazole ribonucleotide synthase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9U068_RHOOP
OX=37919 GN=purK PE=3 SV=1

Putative aminotransferase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_58800 PE=3 SV=1
C0ZV94_RHOE4 (+1)

Ribosome-recycling factor OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=frr A0A076EGZ5_RHOOP
PE=3 SV=1

3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 3 OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TSR7_RHOOP
OX=37919 GN=fabH PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCG2_RHOOP (+2)
GN=R1CP_28395 PE=4 SV=1

Putative beta-mannosidase B OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8H3M7_RHOOP
GN=Pd630_LPD02375 PE=4 SV=1

4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate synthase OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K8E9_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=dapA2 PE=3 SV=1

Pyridoxal 5'-phosphate synthase subunit PdxS OS=Rhodococcus opacus A0A076EGI8_RHOOP (+3)
OX=37919 GN=pdxS PE=3 SV=1

50S ribosomal protein L17 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplQ A0A076EHZ9_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Serine hydroxymethyltransferase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=glyA PE=3 SV=1
C1A2X5_RHOE4

MarR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K7G7_RHOOP (+2)
GN=R1CP_19415 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U508_RHOOP
GN=COO55_25290 PE=4 SV=1

FMN-binding glutamate synthase family protein OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TZS7_RHOOP

OX=37919 GN=COO55_27260 PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8X8F7_RHOOP
GN=WSS_A39561 PE=4 SV=1

Sarcosine oxidase subunit gamma OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TXI2_RHOOP
GN=COO55_27555 PE=4 SV=1

Putative fatty-acid--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AZJ2_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_60160 PE=4 SV=1

Ribosome maturation factor RimP OS=Rhodococcus opacus M213 K8XPZ0_RHOOP
OX=1129896 GN=rinP PE=3 SV=1

Heat shock protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_14505 A0A1B1K4T0_RHOOP
PE=3 SV=1

Glutamate ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus C0ZYN1_RHOE4
erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=gluA PE=4
SV=1

Stress-like protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_30080 A0A1B1KDE8_RHOOP (+1)
PE=4 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZN40_RHOE4
100887) OX=234621 GN=RER_03840 PE=4 SV=1

Glycerol-3-phosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TZ49_RHOOP
GN=COO55_02940 PE=3 SV=1

TlyA family RNA methyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UDA0_RHOOP (+3)
GN=COO55_31790 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K7N1_RHOOP (+2)
GN=R1CP_19755 PE=4 SV=1

Putative exodeoxyribonuclease III OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 C0ZUF3_RHOE4
/ NBRC 100887) OX=234621 GN=xthA PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B998_RHOOB
GN=ROP_40040 PE=4 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus A0A076F2D8_RHOOP
OX=37919 GN=EP51_36985 PE=4 SV=1

Lipoprotein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_09240 PE=4 A0A1B1K1X5_RHOOP
SV=1

UDP-N-acetylmuramate--L-alanine ligase OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K9K3_RHOOP
OX=37919 GN=murC PE=3 SV=1

Ribonuclease, Rne/Rng family domain protein OS=Rhodococcus opacus A0A1B1KA85_RHOOP
OX=37919 GN=R1CP_24400 PE=4 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus A0A1B1KDT5_RHOOP
OX=37919 GN=aceE2 PE=4 SV=1

Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase A0A2S8JFC8_RHOOP
complex OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=sucB PE=3 SV=1

Multifunctional oxoglutarate decarboxylase/oxoglutarate dehydrogenase A0A3A9TLZ5_RHOOP
thiamine pyrophosphate-binding subunit/dihydrolipoyllysine-residue
succinyltransferase subunit OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=kgd
PE=4 SV=1

Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A OS=Rhodococcus opacus A0A3A9TPB0_RHOOP
OX=37919 GN=gatA PE=3 SV=1

Methionyl-tRNA formyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TQ51_RHOOP
GN=COO55_12980 PE=4 SV=1

DNA gyrase subunit A OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B7U1_RHOOB
GN=gyrA PE=3 SV=1

Glutamate-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JDD4_RHOOP
GN=C5613_12175 PE=4 SV=1

DNA polymerase I OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=polA PE=3 A0A3A9TZB8_RHOOP
SV=1

Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit OS=Rhodococcus erythropolis C0ZWL6_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=sdhA PE=3 SV=1

UvrABC system protein A OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=uvrA A0A3A9UR38_RHOOP
PE=3 SV=1

Putative zinc-containing alcohol dehydrogenase OS=Rhodococcus C0ZVZ4_RHOE4
erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_18210
PE=3 SV=1

Beta-ketoadipyl-CoA thiolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KE99_RHOOP
GN=R1CP_31465 PE=3 SV=1

Beta-lactamase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_17160 A0A076EKL7_RHOOP (+2)
PE=4 SV=1

Putative enoyl-CoA hydratase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / C0ZQV3_RHOE4
NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_51630 PE=3 SV=1

NADP-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EIH5_RHOOP

GN=EP51_10880 PE=4 SV=1

Malate synthase G OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glcB PE=3 A0A3A9TZJ5_RHOOP
SV=1

Glutamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] C1B063_RHOOB
OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=glmS PE=3 SV=1

Valine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=valS PE=3 A0A3A9TYE9_RHOOP
SV=1

Putative ATP-dependent helicase lhr OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K3Z6_RHOOP
GN=lhr PE=4 SV=1

Putative NAD(P)H nitroreductase acg OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K6L1_RHOOP
GN=acg PE=4 SV=1

Malate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EYJ1_RHOOP
GN=EP51_42585 PE=4 SV=1

NADH-quinone oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8IS50_RHOOP
GN=C5613_34220 PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZP23_RHOE4
100887) OX=234621 GN=RER_48110 PE=4 SV=1

Putative trans-acting enoyl reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K918_RHOOP (+2)
GN=R1CP_22200 PE=4 SV=1

2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase C1A2P5_RHOE4
OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621
GN=dapD PE=3 SV=1

Chaperone protein ClpB OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=clpB A0A3A9U5N1_RHOOP
PE=3 SV=1

Transcription initiation protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EN79_RHOOP (+4)
GN=EP51_22350 PE=4 SV=1

Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K6F6_RHOOP
GN=zwf1 PE=3 SV=1

Sulfurtransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=sseA PE=4 A0A1B1K3T5_RHOOP
SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ESS7_RHOOP (+3)
GN=EP51_32735 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U378_RHOOP
GN=COO55_10870 PE=4 SV=1

Aconitate hydratase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B4Q3_RHOOB
GN=acn PE=3 SV=1

Putative ribonuclease OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AVK3_RHOOB
GN=ROP_10360 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JAY9_RHOOP
GN=C5613_14955 PE=4 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B442_RHOOB
GN=ROP_26430 PE=3 SV=1

Sugar ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus M213 K8X6A8_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A39526 PE=3 SV=1

Acetyl-CoA C-acyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UP26_RHOOP
GN=COO55_27235 PE=3 SV=1

Antitermination regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U2L1_RHOOP
GN=COO55_36820 PE=4 SV=1

FAD-binding oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UU07_RHOOP
GN=COO55_11110 PE=4 SV=1

Heme-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TNS8_RHOOP (+1)
GN=COO55_10060 PE=4 SV=1

3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase II OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=fabF PE=3 SV=1 C1AUG3_RHOOB

Antigen 85 protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_28415 A0A1B1KCL4_RHOOP (+2)
PE=4 SV=1

Sulfurtransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B1A0_RHOOB
GN=ROP_63480 PE=4 SV=1

Signal transduction protein GarA OS=Rhodococcus opacus M213 K8XGJ6_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A37849 PE=4 SV=1

Malto-oligosyltrehalose synthase OS=Rhodococcus opacus PD630 W8H2Q3_RHOOP
OX=543736 GN=OPAG_05955 PE=4 SV=1

GTPase Era OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=era PE=3 SV=1 A0A076EXE0_RHOOP (+3)

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KF86_RHOOP (+1)
GN=R1CP_33170 PE=4 SV=1

Putative acetyl-CoA acyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B748_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_32540 PE=3 SV=1

UvrABC system protein A OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / C1A073_RHOE4

NBRC 100887) OX=234621 GN=uvrA PE=3 SV=1

GMP synthase [glutamine-hydrolyzing] OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K3K4_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=guaA PE=3 SV=1

DUF2334 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TS92_RHOOP (+2)
GN=COO55_12410 PE=4 SV=1

Putative inosine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus C1B4T5_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=ROP_70270 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B9M9_RHOOB
GN=ROP_41350 PE=4 SV=1

Acetoin dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TQI9_RHOOP
GN=COO55_06430 PE=3 SV=1

Phenylalanine--tRNA ligase beta subunit OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=pheT PE=3 SV=1 C1AT04_RHOOB

Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase OS=Rhodococcus opacus A0A2S8JC71_RHOOP
OX=37919 GN=dut PE=3 SV=1

Polyketide cyclase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TZP1_RHOOP
GN=COO55_31880 PE=4 SV=1

Acetate--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U4K8_RHOOP
GN=COO55_37250 PE=4 SV=1

Transcription antitermination protein NusB OS=Rhodococcus opacus A0A076EFI7_RHOOP (+4)
OX=37919 GN=nusB PE=3 SV=1

Bifunctional purine biosynthesis protein PurH OS=Rhodococcus erythropolis C1A3E6_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=purH PE=3 SV=1

Cobaltochelata subunit CobN OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8IQR0_RHOOP
GN=C5613_34990 PE=4 SV=1

Putative ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_41440
PE=3 SV=1 C1A2L7_RHOE4

Probable GTP-binding protein TypA OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=typA PE=4 SV=1 C1A2R5_RHOE4

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U1J4_RHOOP
GN=COO55_36270 PE=4 SV=1

NADH-quinone oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UG04_RHOOP
GN=COO55_06980 PE=3 SV=1

IclR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EF62_RHOOP (+3)
GN=EP51_09965 PE=4 SV=1

GNAT family N-acetyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TKE8_RHOOP
GN=COO55_03445 PE=4 SV=1

4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate synthase OS=Rhodococcus erythropolis C0ZYK5_RHOE4
(strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=dapA PE=3 SV=1

Flippase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_23465 PE=4 A0A076EQI0_RHOOP
SV=1

AAA family ATPase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U219_RHOOP
GN=COO55_37230 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U2G2_RHOOP
GN=COO55_37505 PE=3 SV=1

Magnesium chelatase subunit chlI OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K1T6_RHOOP
GN=R1CP_09325 PE=4 SV=1

Glutamine--fructose-6-phosphate aminotransferase [isomerizing] A0A1B1K3K7_RHOOP (+1)
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glmS PE=3 SV=1

UvrABC system protein C OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=uvrC A0A3A9TIT5_RHOOP
PE=3 SV=1

S-adenosylmethionine synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ECD9_RHOOP (+1)
GN=metK PE=3 SV=1

Proline--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XLG0_RHOOP
GN=proS PE=3 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus PD630 W8HHD1_RHOOP
OX=543736 GN=Pd630_LPD05298 PE=4 SV=1

NADH dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K6L8_RHOOP (+2)
GN=R1CP_17625 PE=4 SV=1

Phosphoenolpyruvate carboxykinase [GTP] OS=Rhodococcus opacus (strain C1AUY7_RHOOB
B4) OX=632772 GN=pckG PE=3 SV=1

2,3,4,5-tetrahydropyridine-2,6-dicarboxylate N-succinyltransferase A0A1B1K2V7_RHOOP (+1)
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=dapD PE=3 SV=1

Phosphogluconate dehydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JBG1_RHOOP
GN=C5613_15355 PE=3 SV=1

Glycogen debranching enzyme OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AU23_RHOOB
OX=632772 GN=glgX PE=3 SV=1

Acetyl-CoA acyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B496_RHOOB
 OX=632772 GN=fadA PE=3 SV=1

Integration host factor OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EKK9_RHOOP (+3)
 GN=C5613_35605 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AX16_RHOOB
 GN=ROP_56920 PE=4 SV=1

LuxR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EIF3_RHOOP (+5)
 GN=EP51_09530 PE=4 SV=1

Enoyl-CoA hydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K497_RHOOP
 GN=R1CP_13685 PE=4 SV=1

Aldo/keto reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U271_RHOOP
 GN=COO55_32060 PE=4 SV=1

Short-chain dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TS24_RHOOP
 GN=COO55_12070 PE=4 SV=1

ATP-dependent RNA helicase DeaD OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K359_RHOOP (+1)
 GN=deaD PE=3 SV=1

Phosphogluconate dehydratase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EUC5_RHOOP
 GN=EP51_31010 PE=3 SV=1

Gamma-glutamyl phosphate reductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AVI9_RHOOB
 OX=632772 GN=proA PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XJ77_RHOOP
 GN=WSS_A15824 PE=4 SV=1

DNA gyrase subunit B OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B7T5_RHOOB
 GN=gyrB PE=3 SV=1

Ribonuclease J OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=rnj C1B364_RHOOB
 PE=3 SV=1

Ribonuclease E OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_36360 A0A076EX77_RHOOP
 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EJ01_RHOOP
 GN=EP51_13995 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K4G3_RHOOP (+2)
 GN=R1CP_14050 PE=4 SV=1

ATP-dependent 6-phosphofructokinase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2L2_RHOOB
 OX=632772 GN=pfkA PE=3 SV=1

Glycine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glyQS A0A1B1KA10_RHOOP
PE=3 SV=1

Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus C1AW62_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=mmsA PE=4 SV=1

Acetyl-CoA acetyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AVY4_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_11670 PE=3 SV=1

Phenylacetate-coenzyme A ligase OS=Rhodococcus opacus M213 K8XW23_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A12113 PE=3 SV=1

GTP-binding protein TypA OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AZH0_RHOOB
OX=632772 GN=typA PE=4 SV=1

NAD-dependent malic enzyme OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U183_RHOOP
GN=COO55_35305 PE=4 SV=1

DUF1918 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U209_RHOOP (+1)
GN=COO55_37170 PE=4 SV=1

ATP-dependent dsDNA exonuclease OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8IRC5_RHOOP
GN=C5613_34440 PE=4 SV=1

Glycine cleavage system H protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EY66_RHOOP (+5)
GN=gcvH PE=3 SV=1

ATP-dependent 6-phosphofructokinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EHI2_RHOOP (+3)
GN=pfkA PE=3 SV=1

UvrABC system protein A OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AT14_RHOOB
GN=uvrA PE=3 SV=1

Enoyl-CoA hydratase/isomerase family protein OS=Rhodococcus opacus C1B2P4_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=ROP_65640 PE=4 SV=1

5'-3' exonuclease OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_32305 A0A3A9TZQ9_RHOOP
PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ETH0_RHOOP (+1)
GN=EP51_29610 PE=4 SV=1

NAD-dependent malic enzyme OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KIB5_RHOOP
GN=R1CP_38335 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AZ09_RHOOB
GN=ROP_16900 PE=4 SV=1

Phenylacetate-coenzyme A ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TV26_RHOOP
GN=paaF PE=3 SV=1

Preprotein translocase subunit SecA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JE78_RHOOP
GN=C5613_09215 PE=4 SV=1

Type VII secretion protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EII6_RHOOP
GN=EP51_09780 PE=4 SV=1

Cell division ATPase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8X9V9_RHOOP
GN=WSS_A36713 PE=3 SV=1

GYD domain protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JAJ5_RHOOP
GN=C5613_15820 PE=4 SV=1

Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase C1AZK1_RHOOB
OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=ROP_60250 PE=3
SV=1

Polyphosphate kinase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B2N4_RHOOB
GN=ppk PE=3 SV=1

Acetyl-CoA C-acyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UFR2_RHOOP
GN=COO55_08770 PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EHR6_RHOOP (+4)
GN=EP51_09320 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B1W9_RHOOB
GN=ROP_21460 PE=4 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B8Z2_RHOOB
GN=ROP_38980 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1BA96_RHOOB
GN=ROP_43520 PE=4 SV=1

Proteasome subunit beta OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=prcB A0A076EY03_RHOOP
PE=3 SV=1

Probable transcriptional regulatory protein EP51_06330 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_06330 PE=3 SV=1
A0A076EF00_RHOOP (+4)

3-oxoacyl-ACP reductase (Fragment) OS=Rhodococcus opacus M213 K8XH43_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A42775 PE=4 SV=1

Serine protease OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_09495 A0A1B1K1Z7_RHOOP (+3)
PE=4 SV=1

Putative NADH dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1BAG8_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_44240 PE=4 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZZX6_RHOE4

100887) OX=234621 GN=RER_32030 PE=4 SV=1
Short-chain dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EJJ9_RHOOP (+2)
GN=EP51_12605 PE=3 SV=1
Acyl-ACP desaturase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ELR2_RHOOP (+5)
GN=EP51_16940 PE=4 SV=1
Bifunctional protein FoLD OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=foLD PE=3 SV=1
Short-chain dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EP71_RHOOP (+2)
GN=EP51_21145 PE=4 SV=1
Aspartokinase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=ask PE=3 SV=1
Nitroreductase family deazaflavin-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_32235 PE=4 SV=1
Putative 8-oxo-dGTP diphosphatase 1 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=mutT1 PE=3 SV=1
IclR family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A07854 PE=4 SV=1
Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=guaB PE=3 SV=1
ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_35925 PE=4 SV=1
Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=icd2 PE=3 SV=1
S-adenosylmethionine synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=metK PE=3 SV=1
Aspartate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=asd PE=3 SV=1
Menaquinol-cytochrome C reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_30810 PE=4 SV=1
Cystathionine gamma-synthase/cystathionine gamma-lyase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=metB PE=3 SV=1
NAD-dependent glutamate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A38366 PE=4 SV=1
Pup--protein ligase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 GN=pafA

PE=3 SV=1

Ketol-acid reductoisomerase (NADP(+)) OS=Rhodococcus opacus PD630 W8H511_RHOOP

OX=543736 GN=ilvC PE=3 SV=1

Ppx/GppA phosphatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K2F2_RHOOP

GN=R1CP_10165 PE=4 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B0L8_RHOOB

GN=ROP_19710 PE=4 SV=1

DNA-directed RNA polymerase subunit alpha OS=Rhodococcus C0ZW54_RHOE4

erythropolis (strain PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=rpoA PE=3

SV=1

Alcohol dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K7N4_RHOOP

GN=R1CP_19765 PE=3 SV=1

SRPBCC family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9UIX3_RHOOP

GN=COO55_15660 PE=4 SV=1

GNAT family N-acetyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JHH0_RHOOP

GN=C5613_01400 PE=4 SV=1

ABC transporter substrate-binding protein OS=Rhodococcus opacus A0A076ER81_RHOOP

OX=37919 GN=EP51_24775 PE=4 SV=1

Long-chain-fatty-acid-AMP ligase FadD32 OS=Rhodococcus opacus A0A1B1JXM4_RHOOP (+1)

OX=37919 GN=fadD32 PE=4 SV=1

Adenylate cyclase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_20065 A0A3A9U7T3_RHOOP

PE=4 SV=1

Transketolase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 A0A3G9MHA0_RHOOP

GN=OPAG_06736 PE=4 SV=1

MspA family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TMY6_RHOOP

GN=COO55_08345 PE=4 SV=1

Alpha/beta hydrolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J7P0_RHOOP

GN=C5613_20580 PE=4 SV=1

FAD-dependent oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TYJ4_RHOOP

GN=COO55_24785 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9U4K7_RHOOP

GN=COO55_13900 PE=3 SV=1

DUF3417 domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J819_RHOOP

GN=C5613_20810 PE=4 SV=1

Aminopeptidase N OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_35995 A0A076E WV1_RHOOP
PE=4 SV=1

Plasmid partitioning protein ParA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EMN8_RHOOP (+3)
GN=EP51_08765 PE=4 SV=1

Acyl-CoA carboxylase alpha chain (Fragment) OS=Rhodococcus opacus K8XDC3_RHOOP
M213 OX=1129896 GN=WSS_A27020 PE=4 SV=1

Rhodanese-like domain-containing protein OS=Rhodococcus opacus A0A076ESV9_RHOOP (+1)
OX=37919 GN=C5613_14585 PE=4 SV=1

Pyruvate kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_28320 A0A076EQI7_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

Cell division protein FtsZ OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AU52_RHOOB
GN=ftsZ PE=3 SV=1

Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Rhodococcus erythropolis (strain C0ZMR1_RHOE4
PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=RER_46110 PE=3 SV=1

Sugar ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus A0A076ENJ5_RHOOP
OX=37919 GN=EP51_20035 PE=3 SV=1

DoxX family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JFM9_RHOOP
GN=C5613_07245 PE=4 SV=1

Transketolase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XJ22_RHOOP
GN=WSS_A17381 PE=3 SV=1

Menaquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur protein OS=Rhodococcus C1AU99_RHOOB
opacus (strain B4) OX=632772 GN=qcrA PE=4 SV=1

Amino acid oxidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J9K7_RHOOP
GN=C5613_16785 PE=4 SV=1

ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K257_RHOOP (+1)
GN=C5613_04500 PE=4 SV=1

Fumarylacetoacetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_31305 A0A076ESP9_RHOOP
PE=4 SV=1

Inositol 2-dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=iolG A0A3A9UGK0_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

ATP-dependent DNA helicase RecG OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B2P7_RHOOB
OX=632772 GN=recG PE=3 SV=1

Isocitrate lyase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_17285 A0A076EUU4_RHOOP (+3)
PE=4 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K4C4_RHOOP
GN=nrdE PE=3 SV=1

Formate-dependent phosphoribosylglycinamide formyltransferase A0A076EZX7_RHOOP (+4)
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=purT PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9T4I5_RHOOP
GN=COO55_37935 PE=4 SV=1

Sulfurtransferase OS=Rhodococcus erythropolis (strain PR4 / NBRC C0ZP22_RHOE4
100887) OX=234621 GN=RER_48100 PE=4 SV=1

L-ectoine synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ectC PE=3 A0A076F258_RHOOP (+3)
SV=1

Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain C1B111_RHOOB
B4) OX=632772 GN=guaB PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K8G4_RHOOP (+1)
GN=R1CP_21220 PE=4 SV=1

VOC family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8IWL6_RHOOP (+2)
GN=C5613_30805 PE=4 SV=1

IMP dehydrogenase family protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B112_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_62600 PE=4 SV=1

Putative molybdopterin synthase sulfurylase MoeB OS=Rhodococcus opacus C1B1H4_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=moeB PE=4 SV=1

Putative oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B3E9_RHOOB
GN=ROP_24000 PE=1 SV=1

Peptidase C69 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_36575 A0A3A9U4F9_RHOOP
PE=4 SV=1

Malate synthase G OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glcB PE=3 A0A076EVX6_RHOOP
SV=1

2,5-diketo-D-gluconic acid reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8J9L1_RHOOP (+1)
GN=C5613_19480 PE=4 SV=1

Branched-chain amino acid transport protein AzlC OS=Rhodococcus opacus W8H8D6_RHOOP
PD630 OX=543736 GN=Pd630_LPD04011 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K8Z1_RHOOP
GN=R1CP_22090 PE=4 SV=1

ATP-dependent DNA helicase RecG OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TKG8_RHOOP
GN=recG PE=3 SV=1

Ferredoxin OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1ATR8_RHOOB
 GN=ROP_50850 PE=4 SV=1

Inorganic pyrophosphatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=ppa A0A076ELM4_RHOOP (+4)
 PE=3 SV=1

Pyruvate kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pyk PE=3 SV=1 A0A3A9TV80_RHOOP

30S ribosomal protein S14 type Z OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EN95_RHOOP (+2)
 GN=rpsZ PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K014_RHOOP (+2)
 GN=R1CP_06080 PE=4 SV=1

Chromosome partition protein Smc OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TMC6_RHOOP
 GN=smc PE=3 SV=1

Glutamate--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B2M6_RHOOB
 GN=gltX PE=3 SV=1

1,4-alpha-glucan branching enzyme GlgB OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=glgB PE=3 SV=1 C1AVX5_RHOOB

SufE family protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8X6Q0_RHOOP
 GN=WSS_A42580 PE=4 SV=1

Universal stress protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EKY6_RHOOP (+3)
 GN=C5613_21085 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KGB1_RHOOP (+2)
 GN=R1CP_35285 PE=4 SV=1

Enolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=eno PE=3 SV=1 A0A076EM21_RHOOP

Putative dipeptidase PepE OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pepE A0A1B1K900_RHOOP
 PE=3 SV=1

DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Rhodococcus opacus A0A2S8J2J7_RHOOP
 OX=37919 GN=rpoB PE=3 SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B0B0_RHOOB
 GN=groL PE=3 SV=1

Electron transfer flavoprotein alpha subunit OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=etfA PE=4 SV=1 C1B1R8_RHOOB

Methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating] OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 GN=Pd630_LPD05678 PE=4 SV=1 W8HD24_RHOOP

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus PD630 W8HG40_RHOOP
 OX=543736 GN=Pd630_LPD06794 PE=4 SV=1

Ribonucleoside-diphosphate reductase subunit beta OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K481_RHOOP (+2)
OX=37919 GN=nrdF PE=3 SV=1

Cystathionine gamma-synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TMA8_RHOOP
GN=COO55_07330 PE=3 SV=1

Acetyl-CoA acyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AV07_RHOOB
OX=632772 GN=fadA PE=3 SV=1

7,8-didemethyl-8-hydroxy-5-deazariboflavin synthase OS=Rhodococcus A0A3A9UEV3_RHOOP
opacus OX=37919 GN=fbiC PE=3 SV=1

Succinate-semialdehyde dehydrogenase (NAD(P)+ OS=Rhodococcus K8XG94_RHOOP
opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A22518 PE=3 SV=1

Fumarylacetoacetase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XQ34_RHOOP
GN=WSS_A28859 PE=4 SV=1

Diaminopimelate epimerase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XMC3_RHOOP
GN=dapF PE=3 SV=1

Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase, mitochondrial A0A1B1K2U5_RHOOP
OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_11155 PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L3 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplC A0A1B1K3F4_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

NAD-dependent succinate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus A0A3A9TRU7_RHOOP
opacus OX=37919 GN=COO55_08645 PE=3 SV=1

3-ketoacyl-CoA thiolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=fadA5 A0A1B1K5B4_RHOOP
PE=3 SV=1

Malate dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=mdh PE=3 A0A1B1K3W5_RHOOP
SV=1

Polyketide cyclase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_28950 A0A2S8J015_RHOOP
PE=4 SV=1

ATP-dependent helicase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TNG2_RHOOP
GN=COO55_04635 PE=3 SV=1

tRNA nucleotidyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B7Q5_RHOOB (+1)
OX=632772 GN=ROP_34610 PE=3 SV=1

Putative peptidase y4nA OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCH7_RHOOP
GN=R1CP_28405 PE=4 SV=1

Putative cyclopropane fatty acid synthase OS=Rhodococcus opacus (strain C1B9M8_RHOOB
B4) OX=632772 GN=cfa PE=4 SV=1

Succinate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AWY5_RHOOB
OX=632772 GN=gabD PE=3 SV=1

Molybdenum cofactor biosynthesis protein OS=Rhodococcus opacus A0A076EJQ4_RHOOP
OX=37919 GN=C5613_04805 PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K9D6_RHOOP (+1)
GN=R1CP_22585 PE=4 SV=1

ABC transporter ATP-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EFZ3_RHOOP
GN=C5613_03100 PE=4 SV=1

Phosphoenolpyruvate synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K6S0_RHOOP
GN=R1CP_17975 PE=3 SV=1

Putative aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 OS=Rhodococcus W8GX87_RHOOP
opacus PD630 OX=543736 GN=Pd630_LPD02933 PE=3 SV=1

DNA polymerase I OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AT34_RHOOB
GN=polA PE=3 SV=1

Succinate dehydrogenase flavoprotein subunit OS=Rhodococcus opacus C1B157_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=sdhA PE=3 SV=1

Ferredoxin-NADP(+) reductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCV6_RHOOP (+1)
GN=R1CP_28945 PE=4 SV=1

NADPH-dependent curcumin reductase OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K315_RHOOP
OX=37919 GN=curA PE=4 SV=1

Phosphoribosylamine--glycine ligase OS=Rhodococcus opacus M213 K8XQT1_RHOOP
OX=1129896 GN=purD PE=3 SV=1

Putative acetate--CoA ligase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B3C7_RHOOB
OX=632772 GN=ROP_67970 PE=4 SV=1

Ribonuclease E OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_29900 A0A3A9U131_RHOOP
PE=4 SV=1

Branched-chain-amino-acid aminotransferase OS=Rhodococcus opacus A0A3A9U3S3_RHOOP
OX=37919 GN=COO55_30735 PE=3 SV=1

Sarcosine oxidase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus M213 K8XSM6_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A04350 PE=3 SV=1

Acyl-ACP desaturase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TW91_RHOOP
GN=COO55_25285 PE=4 SV=1

Dipeptidyl aminopeptidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KAF1_RHOOP
GN=R1CP_24480 PE=4 SV=1

Acetolactate synthase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1B2L9_RHOOB
GN=ilvB PE=3 SV=1

Probable cytosol aminopeptidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JEY1_RHOOP
GN=pepA PE=3 SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=groL3 PE=3 A0A1B1K7T3_RHOOP (+2)
SV=1

Probable M18 family aminopeptidase 2 OS=Rhodococcus opacus PD630 W8H611_RHOOP
OX=543736 GN=apeB PE=3 SV=1

MspA family protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JGP5_RHOOP
GN=C5613_04795 PE=4 SV=1

Branched-chain-amino-acid aminotransferase OS=Rhodococcus opacus A0A076F2I5_RHOOP
OX=37919 GN=EP51_37240 PE=3 SV=1

Probable 30S ribosomal protein S1 OS=Rhodococcus erythropolis (strain C1A085_RHOE4
PR4 / NBRC 100887) OX=234621 GN=rpsA PE=4 SV=1

Sarcosine oxidase subunit alpha OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JFJ3_RHOOP
GN=C5613_05400 PE=3 SV=1

1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase OS=Rhodococcus opacus W8GQC5_RHOOP
PD630 OX=543736 GN=OPAG_06418 PE=4 SV=1

Acetyl-CoA acetyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K0P9_RHOOP
GN=R1CP_07345 PE=3 SV=1

Acyl-ACP desaturase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KCV4_RHOOP
GN=R1CP_29030 PE=4 SV=1

Delta(24)-sterol reductase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8H400_RHOOP
GN=Pd630_LPD00609 PE=4 SV=1

Fructose-bisphosphate aldolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EJY4_RHOOP
GN=EP51_13200 PE=3 SV=1

Oxidoreductase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_23105 A0A3A9U3W2_RHOOP
PE=4 SV=1

Membrane protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_21160 A0A076EMK8_RHOOP (+7)
PE=4 SV=1

Trehalose-phosphatase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=otsB PE=4 A0A2S8ITM6_RHOOP
SV=1

Putative phosphoribosyl transferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K5T2_RHOOP
GN=R1CP_16290 PE=4 SV=1

Putative quinone oxidoreductase YhdH OS=Rhodococcus opacus PD630 W8HGC5_RHOOP
OX=543736 GN=Pd630_LPD06879 PE=4 SV=1

Molybdenum cofactor biosynthesis protein OS=Rhodococcus opacus M213 K8XG33_RHOOP (+1)
OX=1129896 GN=WSS_A22243 PE=4 SV=1

Polyketide synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_21200 A0A076EUF1_RHOOP
PE=4 SV=1

S-(Hydroxymethyl)mycothiol dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus W8HG60_RHOOP
PD630 OX=543736 GN=Pd630_LPD06814 PE=3 SV=1

Acetyl-coenzyme A synthetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KH92_RHOOP
GN=acsA4 PE=4 SV=1

UPF0182 protein WSS_A21569 OS=Rhodococcus opacus M213 K8XGU2_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A21569 PE=3 SV=1

Carbamoyl-phosphate synthase large chain OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K674_RHOOP
OX=37919 GN=carB PE=3 SV=1

Branched-chain-amino-acid aminotransferase OS=Rhodococcus opacus C1AUB3_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=ilvE PE=3 SV=1

Glutamate synthase large subunit OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TWR0_RHOOP
GN=COO55_18210 PE=4 SV=1

UPF0182 protein C5613_03405 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JIA7_RHOOP
GN=C5613_03405 PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XBM2_RHOOP
GN=WSS_A33145 PE=4 SV=1

Ribonuclease J OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rnj PE=3 SV=1 A0A2S8JC90_RHOOP

Phenylalanine--tRNA ligase beta subunit OS=Rhodococcus opacus A0A2S8JFF3_RHOOP
OX=37919 GN=pheT PE=3 SV=1

Fumarylacetoacetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=fahA PE=4 A0A3A9UN53_RHOOP
SV=1

Mycothione reductase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8HBQ3_RHOOP
GN=Pd630_LPD03269 PE=3 SV=1

Malate synthase G OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 A0A3G9MEC6_RHOOP (+1)
GN=OPAG_09184 PE=4 SV=1

Fis family transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EEI3_RHOOP
GN=EP51_02195 PE=4 SV=1

DNA polymerase I OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=polA PE=3 A0A076F2X0_RHOOP

SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EUR4_RHOOP (+4)
GN=EP51_31615 PE=4 SV=1

Acetoin dehydrogenase operon transcriptional activator AcoR W8HA25_RHOOP
OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 GN=OPAG_05114 PE=4
SV=1

Putative acetyl-CoA acetyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KAP5_RHOOP (+2)
GN=R1CP_25115 PE=3 SV=1

Transaldolase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 GN=tal C1B4M4_RHOOB
PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XKZ0_RHOOP
GN=WSS_A17041 PE=4 SV=1

DivIVA family protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) OX=632772 C1AU47_RHOOB
GN=ROP_08080 PE=4 SV=1

Dephospho-CoA kinase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=coaE A0A3A9UUR1_RHOOP
PE=3 SV=1

Cystathionine gamma-synthase (Fragment) OS=Rhodococcus opacus M213 K8X4F2_RHOOP
OX=1129896 GN=WSS_A42900 PE=3 SV=1

60 kDa chaperonin OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=groL PE=3 A0A3A9U1W9_RHOOP
SV=1

Mycothioli-dependent formaldehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus K8XDE2_RHOOP
opacus M213 OX=1129896 GN=WSS_A26565 PE=3 SV=1

Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1B0D6_RHOOB
OX=632772 GN=sodC PE=3 SV=1

Membrane protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=EP51_20385 A0A076ENY1_RHOOP (+3)
PE=4 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076F0A9_RHOOP (+6)
GN=EP51_32475 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S4 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsD A0A076EN81_RHOOP (+1)
PE=3 SV=1

S9 family peptidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TN77_RHOOP
GN=COO55_09185 PE=4 SV=1

Aminopeptidase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8X8X0_RHOOP
GN=WSS_A38426 PE=4 SV=1

Peroxiredoxin osmC OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8H4Q1_RHOOP
 GN=Pd630_LPD00879 PE=4 SV=1

Glycine dehydrogenase (decarboxylating) OS=Rhodococcus opacus A0A1B1K916_RHOOP
 OX=37919 GN=gcvP1 PE=3 SV=1

Glycogen phosphorylase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glgP A0A1B1KAQ5_RHOOP (+1)
 PE=4 SV=1

NADH dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K1S4_RHOOP
 GN=R1CP_09205 PE=4 SV=1

Proline--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=proS PE=3 A0A3A9U2U2_RHOOP
 SV=1

NADPH-ferredoxin reductase fprA OS=Rhodococcus opacus PD630 W8HF43_RHOOP
 OX=543736 GN=Pd630_LPD06422 PE=4 SV=1

30S ribosomal protein S4 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rpsD A0A1B1K3H3_RHOOP
 PE=3 SV=1

Dipeptidyl aminopeptidase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 A0A3G9M4M7_RHOOP
 GN=OPAG_05674 PE=4 SV=1

Malate synthase G OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=glcB PE=3 A0A3A9U376_RHOOP
 SV=1

50S ribosomal protein L3 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplC A0A076EI14_RHOOP
 PE=3 SV=1

O-acetylhomoserine (Thiol)-lyase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EHS7_RHOOP (+2)
 GN=EP51_09395 PE=3 SV=1

Putative Usp family protein OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AT18_RHOOB
 OX=632772 GN=ROP_07030 PE=4 SV=1

Aminopeptidase N OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=pepN PE=4 A0A2S8J828_RHOOP
 SV=1

Pyruvate dehydrogenase E1 component OS=Rhodococcus opacus PD630 W8H335_RHOOP
 OX=543736 GN=Pd630_LPD05297 PE=4 SV=1

Aldehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8XRB0_RHOOP
 GN=WSS_A26675 PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TUM6_RHOOP
 GN=COO55_14000 PE=4 SV=1

Transketolase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=tkt1 PE=3 SV=1 A0A1B1K698_RHOOP

Peptide chain release factor 1 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KAU7_RHOOP

GN=prfA PE=3 SV=1
 Aminopeptidase N OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 A0A3G9MBY2_RHOOP
 GN=OPAG_05618 PE=4 SV=1
 Long-chain-acyl-CoA synthetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8JJ20_RHOOP
 GN=C5613_01245 PE=4 SV=1
 ABC transporter substrate-binding protein OS=Rhodococcus opacus A0A1B1KCH2_RHOOP
 OX=37919 GN=R1CP_28335 PE=4 SV=1
 Fumarylacetoacetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=fah PE=4 A0A1B1KD28_RHOOP
 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8GZP6_RHOOP
 GN=Pd630_LPD02224 PE=4 SV=1
 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ELI1_RHOOP (+3)
 GN=C5613_10620 PE=3 SV=1
 S9 family peptidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A2S8IMQ1_RHOOP
 GN=C5613_37255 PE=4 SV=1
 Acetyl-coenzyme A synthetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KHE0_RHOOP
 GN=acsA5 PE=4 SV=1
 Amine oxidase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=R1CP_31320 A0A1B1KE51_RHOOP (+2)
 PE=3 SV=1
 Transcriptional regulator OS=Rhodococcus opacus M213 OX=1129896 K8X8A5_RHOOP
 GN=WSS_A39671 PE=4 SV=1
 Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8GXX5_RHOOP
 GN=Pd630_LPD03160 PE=4 SV=1
 S-(Hydroxymethyl)mycothiol dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus A0A1B1KDV6_RHOOP
 OX=37919 GN=R1CP_30795 PE=3 SV=1
 Acetyl-CoA acetyltransferase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EL43_RHOOP (+3)
 GN=EP51_18350 PE=3 SV=1
 Acyl-CoA desaturase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A3A9TSV2_RHOOP
 GN=COO55_17835 PE=4 SV=1
 Bifunctional o-acetylhomoserine/o-acetylserine sulfhydrylase A0A3A9TL32_RHOOP
 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=COO55_05230 PE=3 SV=1
 Glutamate-binding protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076ELU8_RHOOP
 GN=EP51_06970 PE=4 SV=1
 Leucine--tRNA ligase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=leuS PE=3 A0A076EMZ6_RHOOP

SV=1

Dipeptidyl peptidase family member 6 OS=Rhodococcus opacus PD630 W8GUY1_RHOOP
OX=543736 GN=PD630_LPD02041 PE=4 SV=1

50S ribosomal protein L23 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=rplW A0A076EF56_RHOOP (+2)
PE=3 SV=1

Citrate (Pro-3S)-lyase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EID9_RHOOP (+2)
GN=EP51_10715 PE=3 SV=1

Succinate-semialdehyde dehydrogenase [NADP(+)] GabD OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=gabD4 PE=3 SV=1
A0A1B1K1X3_RHOOP (+2)

DNA topoisomerase 1 OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=topA PE=3 A0A1B1JYF4_RHOOP
SV=1

AMP-dependent synthetase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A076EFJ5_RHOOP
GN=EP51_10810 PE=4 SV=1

ATP-dependent DNA helicase RecG OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1K4F3_RHOOP
GN=recG PE=3 SV=1

Putative ABC transporter substrate-binding protein OS=Rhodococcus opacus C1B740_RHOOB
(strain B4) OX=632772 GN=ROP_32460 PE=4 SV=1

UvrABC system protein A OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=uvrA A0A076EVQ4_RHOOP
PE=3 SV=1

Uncharacterized protein OS=Rhodococcus opacus OX=37919 A0A1B1KFT5_RHOOP
GN=R1CP_34175 PE=4 SV=1

Serine hydroxymethyltransferase OS=Rhodococcus opacus (strain B4) C1AYH3_RHOOB
OX=632772 GN=glyA PE=3 SV=1

NAD-dependent succinate-semialdehyde dehydrogenase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=C5613_04950 PE=3 SV=1
A0A2S8JHT0_RHOOP

FO synthase OS=Rhodococcus opacus OX=37919 GN=fbiC1 PE=3 SV=1 A0A1B1K2S6_RHOOP

3-ketoacyl-CoA thiolase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8HJ10_RHOOP
GN=OPAG_07334 PE=3 SV=1

Acetate-CoA ligase OS=Rhodococcus opacus PD630 OX=543736 W8GRM9_RHOOP
GN=OPAG_06098 PE=4 SV=1