

UNIWERSYTET GDAŃSKI

Jakub Pudełko
Nr albumu: 281105

Analiza porównawcza operonu *spv* u rodzaju *Salmonella* i innych bakterii:
syntenia, konserwacja i organizacja genów w genomie

Kierunek studiów: Bioinformatyka
Poziom studiów: I stopnia - licencjackie
Profil studiów: ogólnoakademiczny
Forma studiów: studia stacjonarne

Praca dyplomowa licencjacka
wykonana pod kierunkiem
dr Grzegorz Grabe

Wstęp

Bakterie z rodzaju *Salmonella* są odpowiedzialne za występowanie wielu chorób u człowieka i organizmów z podtypu *Vertebrata*¹. Infekcja *Salmonella* u ludzi często prowadzi do nieżytu żołądkowo-jelitowego, duru brzusznego oraz bakteriemi². Bakterie z rodzaju *Salmonella* są wiodącym powodem zatrucia pokarmowych na całym świecie. Serotypy patogenicznej *Salmonella* zazwyczaj posiadają plazmidy wirulencji bogate w geny wirulencji plazmidu *Salmonella* (ang. *spv* - *Salmonella* plasmid virulence). Bakteriemia spowodowana zakażeniem gospodarza bakterią z rodzaju *Salmonella* znacznie różni się od duru brzusznego. Do objawów bakteriemi spowodowanej *Salmonella* zaliczamy: wysoką gorączkę przy braku wysypki i innych objawów miejscowych. Wyraźne objawy miejscowe mogą pojawić się wyłącznie gdy wystąpiło zakażenie powstałe w wyniku rozsiewu bakterii z krwi do odległego narządu lub tkanki (ang. metastatic focal infection) np. kości lub stawu. Rzadkim objawem jest występowanie biegunki przy bakteriemi wywołanej przez *Salmonella*².

Geny wirulencji plazmidu *Salmonella* tzw. *spv* (ang. *Salmonella* plasmid virulence), to wysoce konserwowane sekwencje kodujące białka efektorowe, które są w stanie manipulować komórkami gospodarza³. Białka powstałe w wyniku ekspresji genów *spv*, mają wpływ na rodzaj występującej choroby u gospodarza. Manipulacja komórek za pomocą białek efektorowych Spv ułatwia zakażenie oraz uniknięcie odpowiedzi immunologicznej układu odpornościowego gospodarza. Bakteriemia wywołana przez *Salmonella* może prowadzić do śmierci żywiciela. Charakteryzuje się wysokim wskaźnikiem śmiertelności na całym świecie szczególnie w populacjach Afryki Subsaharyjskiej gdzie roczna zachorowalność na bakteriemię niedurową może prowadzić do śmierci 15% pacjentów³. Region *spv* składa się z pięciu otwartych ramek odczytu. Geny zawarte w *spv* to: pozytywnie regulowany transkrypcyjnie gen *spvR* oraz geny strukturalne: *spvA*, *spvB*, *spvC* i *spvD*⁴. Białko powstałe w wyniku ekspresji genu *spvR* jest pozytywnym regulatorem transkrypcji zaklasyfikowanym do rodziny LysR². Białko SpvA to istotny regulator ekspresji genów *spv*. SpvA jest wymagane do uzyskania skoordynowanej ekspresji *spvRABCD*⁴. Białko efektorowe SpvB wykazuje aktywność

ADP-rybozylującą. SpvB zapobiega polimeryzacji aktyny, działa cytotoksycznie na komórki gospodarza, a jego obecność jest wymagana do opóźnionej śmierci komórki na drodze apoptozy po zakażeniu wewnętrzkomórkowym². Białko SpvC natomiast osłabia jelitową odpowiedź zapalną działając na kinazy białkowe aktywowane mitogenami (MAPK). Czynnikiem powodującym osłabienie odpowiedzi zapalnej jelita jest aktywność liazy fosfotreoninowej SpvC, wobec wspomnianych kinaz białkowych⁴. Na ten moment niejasne jest współdziałanie białek SpvB i SpvC prowadzące do zwiększonej wirulencji². Efektor SpvD negatywnie reguluje szlak sygnalizacyjny NF-κB. Skutkiem negatywnej regulacji szlaku sygnalizacyjnego NF-κB jest zwiększoną wirulencją *Salmonella enterica* serotyp Typhimurium u myszy⁵. Warunkiem wystąpienia fenotypu wirulencji powiązanego z *spv* jest posiadanie genów *spvRBC* przez serotyp *Salmonella*⁶. Serotypy: Typhimurium, Enteritidis, Choleraesuis, Dublin oraz Arizona posiadają geny *spv* i powodują fenotyp wirulencji *spv* u ludzi. Serotypy zaadaptowane do określonych gospodarzy, które również posiadają geny *spv* to: Abortusovis i Gallinarum/Pullorum.

Cel Pracy

Celem niniejszej pracy jest bioinformatyczna charakterystyka operonu *spvRABCD* występującego w szczepie referencyjnym *Salmonella enterica* serotyp Typhimurium 14028s, w kontekście jego konserwacji, syntenii oraz obecności u innych serotypów *Salmonella* i organizmów nie będących przedstawicielami *Salmonella*.

Metody

Pozyskanie sekwencji

Do pozyskania sekwencji nukleotydowych napisano skrypt w języku Python (3.9.13). Skrypt automatycznie przeszukiwał bazę sekwencji nukleotydowych (nt) NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) w poszukiwaniu sekwencji potencjalnie homologicznych względem nukleotydowych (*spvRABCD*) oraz aminokwasowych sekwencji (SpvRABCD) z organizmu referencyjnego (*Salmonella enterica* subspecies *enterica* serotyp Typhimurium 14028s). Poszukiwanie odbywało się w trzech odrębnych fazach. Każda faza posiadała inny filtr taksonomiczny. Faza pierwsza skupiała się na pozyskaniu sekwencji wyłącznie z rodzaju *Salmonella*. Faza druga skupiała się na pozyskaniu sekwencji z domeny *Bacteria* z wyłączeniem rodzaju *Salmonella*. Faza trzecia skupiała się na pozyskaniu sekwencji z organizmów nie należących do domeny *Bacteria*. Faza trzecia nie wykazała żadnych istotnych trafień. W celu otrzymania wiarygodnych sekwencji trafienia były filtrowane przez próg pokrycia (Query_coverage = 80%). W celu otrzymania jak największej ilości sekwencji skrypt używał różnych rodzajów algorytmu BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) z ustawionym parametrem hitlist_size=5000. Użyte rodzaje BLAST to: blastn, megablast, tblastn. Do wysyłania zapytań BLAST skrypt używał biblioteki Biopython (<https://biopython.org/>).

Zmiana orientacji sekwencji

Część pozyskanych sekwencji nukleotydowych była zapisana w odwrotnej orientacji (3'-5'). W tym celu napisano skrypt w języku Python (3.9.13). Skrypt wykrywał sekwencje w orientacji 3'-5' i konwertował je na sekwencje w orientacji 5'-3'.

Translacja sekwencji nukleotydowych na aminokwasowe

W celu translacji sekwencji nukleotydowych na sekwencje aminokwasowe napisano skrypt w języku Python (3.9.13). Skrypt do translacji używał tabeli (transl_table=11) ze strony NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/taxonomyhome.html/index.cgi?chapter=cgencodes>). Skrypt dla każdej sekwencji nukleotydowej identyfikował ORF (otwartą ramkę odczytu) i zapisywał wynik translacji w postaci sekwencji aminokwasowej w formacie FASTA.

MSA

W celu pozyskania plików MSA (MSA - *Multiple Sequence Alignment*) napisano skrypt w języku Python (3.9.13). Skrypt automatycznie wysyłał komplet określonych sekwencji aminokwasowych w formacie FASTA do narzędzia Clustal Omega dostępnego jako usługa webowa REST na serwerach EMBL-EBI. Następnie skrypt pobierał wyniki działania narzędzia w formacie ZIP.

Wizualizacja konserwacji sekwencji

Do wizualizacji konserwacji sekwencji aminokwasowych organizmów użyto WebLogo⁷. Wizualizacja konserwacji sekwencji nastąpiła po wcześniejszym usunięciu sekwencji aminokwasowych organizmów, nie tworzących funkcjonalnych białek. Strona wykorzystana do wygenerowania Logo sekwencji: <https://weblogo.threplusone.com/>. Aminokwasy hydrofilowe oznaczone zostały kolorem niebieskim, aminokwasy neutralne oznaczone kolorem zielonym, aminokwasy hydrofobowe oznaczone kolorem czarnym.

Wizualizacja miejsc konserwowanych na strukturach białek

Do wygenerowania struktur białkowych produktów ekspresji regionu *spv* organizmu referencyjnego użyto AlphaFold 3 Serwer⁸. Do wizualizacji wymienionych struktur wykorzystano program PyMOL (3.1.6.1).

Wizualizacja częstości występowania genów *spv* oraz całego operonu *spv*

Do wizualizacji częstotliwości występowania genów *spv* oraz całego operonu *spv* użyto diagramu Venn'a⁹. Natomiast do stworzenia diagramu wykorzystano stronę: <https://www.interactivenn.net/>.

Analiza Syntenii

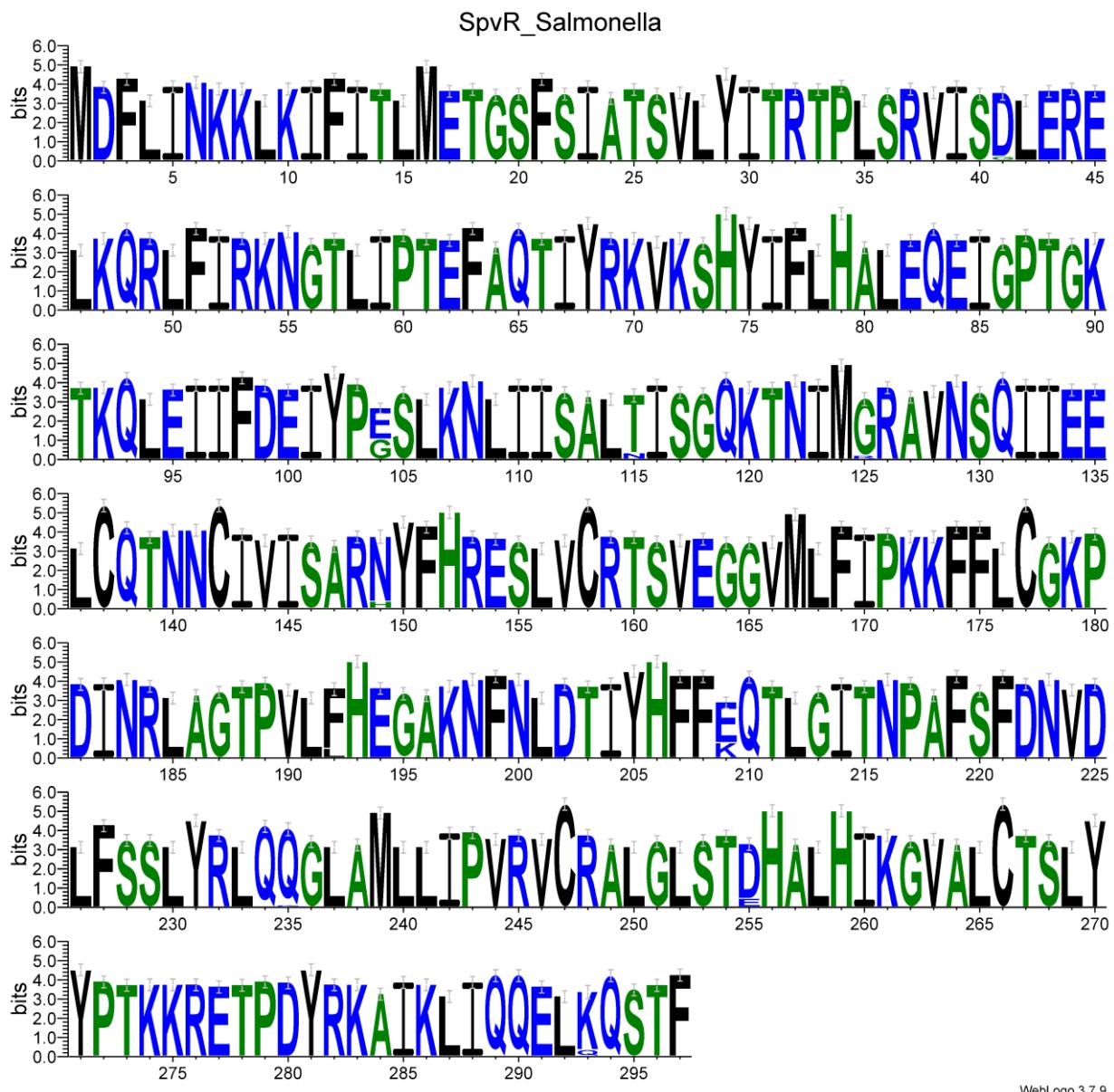
Do określenia syntenii genów *spv* posłużono się narzędziem webFlaGs¹⁰. Część sekwencji aminokwasowych powstały w wyniku translacji skryptu posiadało odpowiedniki w bazie refseq_protein, jednak były to sekwencje przypisane do wielu gatunków. Argumenty opcjonalne: baza danych refseq_protein (full), maksymalna liczba trafień blastp (10), odcięcie wartości E dla wyszukiwania Blastp (1e-3), wartość E Jackhmmera (1e-10), liczba iteracji Jackhammerra (3), maksymalna liczba genów flankujących (4).

Wyniki i Dyskusja

Konserwacja sekwencji

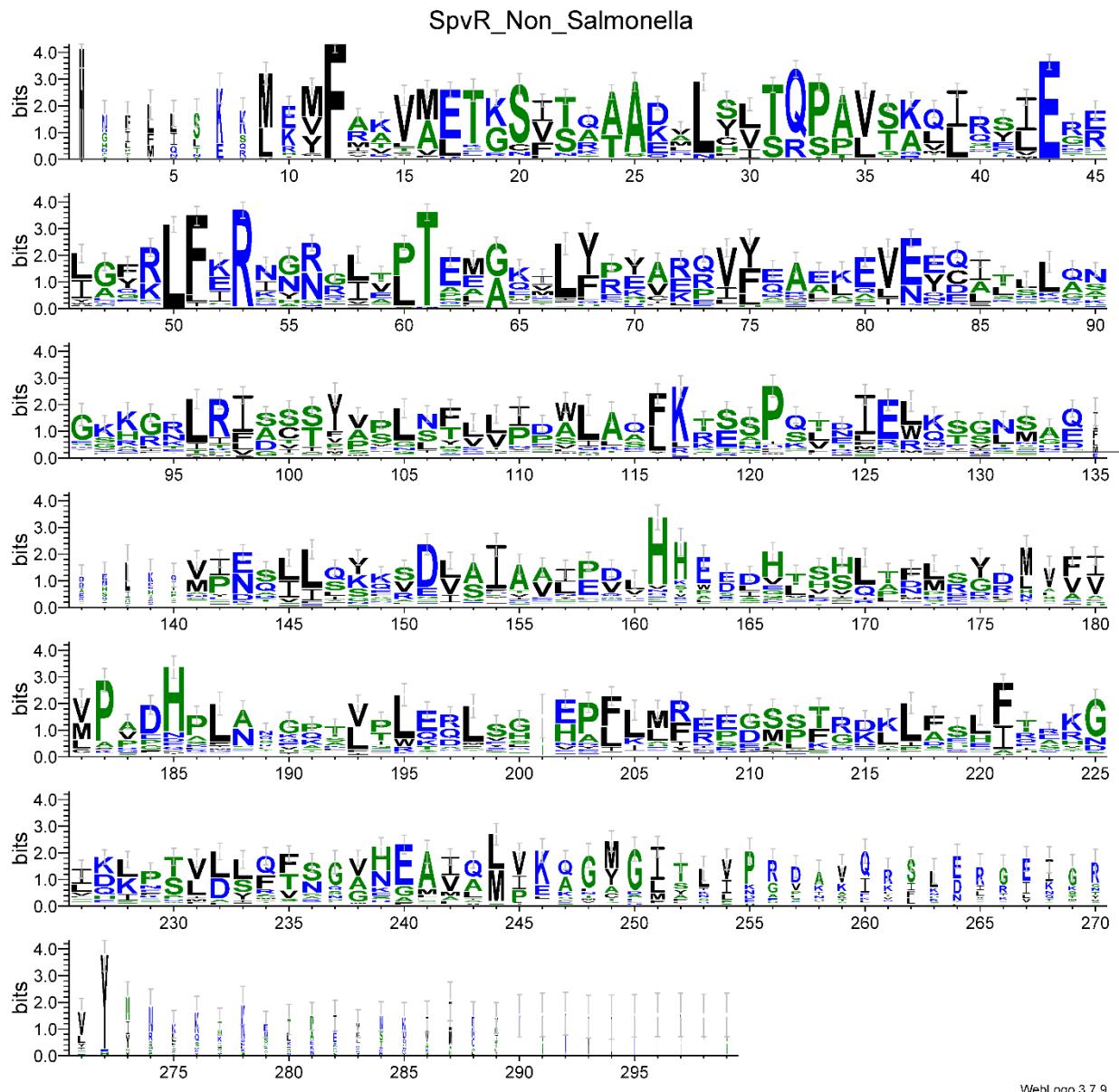
W celu zobrazowania, które aminokwasy są konserwowane między organizmami, wygenerowano 10 rycin logo sekwencji aminokwasowych białek efektorowych Spv bakterii z rodzaju *Salmonella* i ich odpowiedników u organizmów z domeny *Bacteria* z wykluczeniem *Salmonella*.

SpvR



Rycina 1. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvR organizmów z rodzaju *Salmonella* po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

Sekwencje aminokwasowe białka SpvR są wysoce konserwowane na większości długości sekwencji białka. Pozycje istotnych polimorfizmów (możliwości aminokwasowe): 104 (E/G), 209 (E/K).



Rycina 2. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvR organizmów z domeną Bacteria niebędącymi Salmonella i organizmu referencyjnego, po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

WebLogo sekwencji aminokwasowych wykazuje znaczne różnice w długości sekwencji.

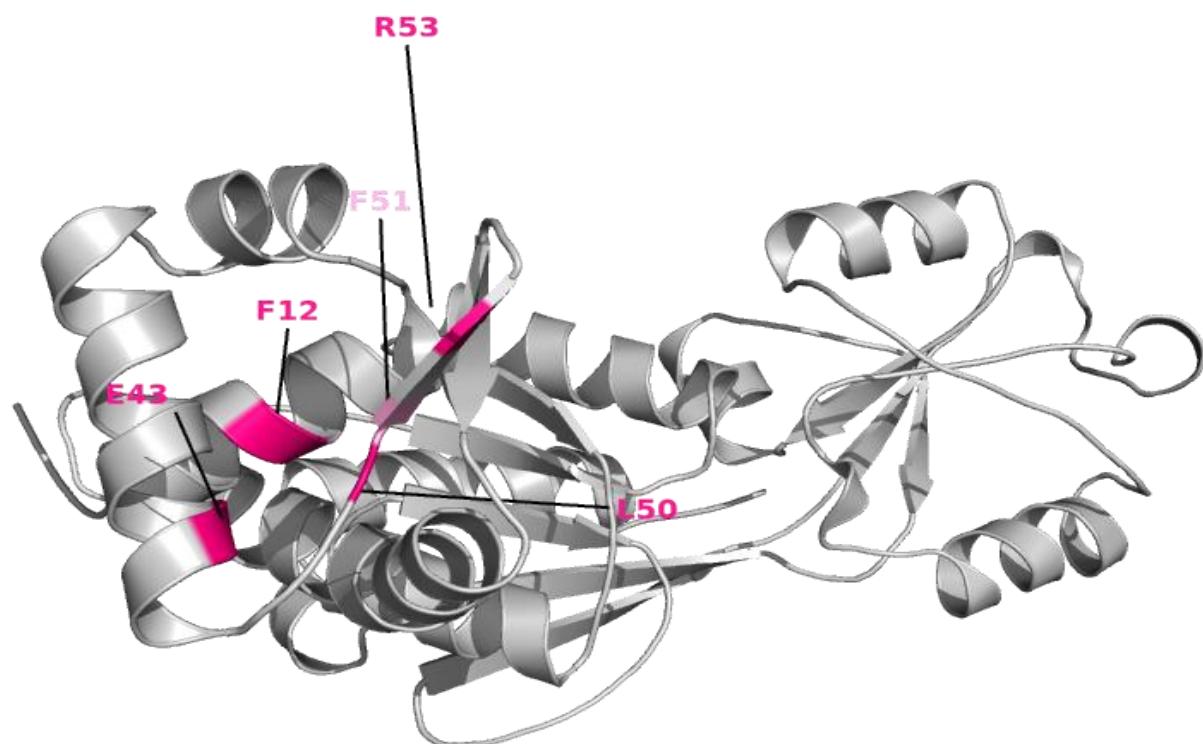
Występuje wiele polimorfizmów sekwencji.

Fragmenty w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Fenyloalanina (12), kwas Glutaminowy (43), Leucyna (50), Arginina (53), Treonina (61).

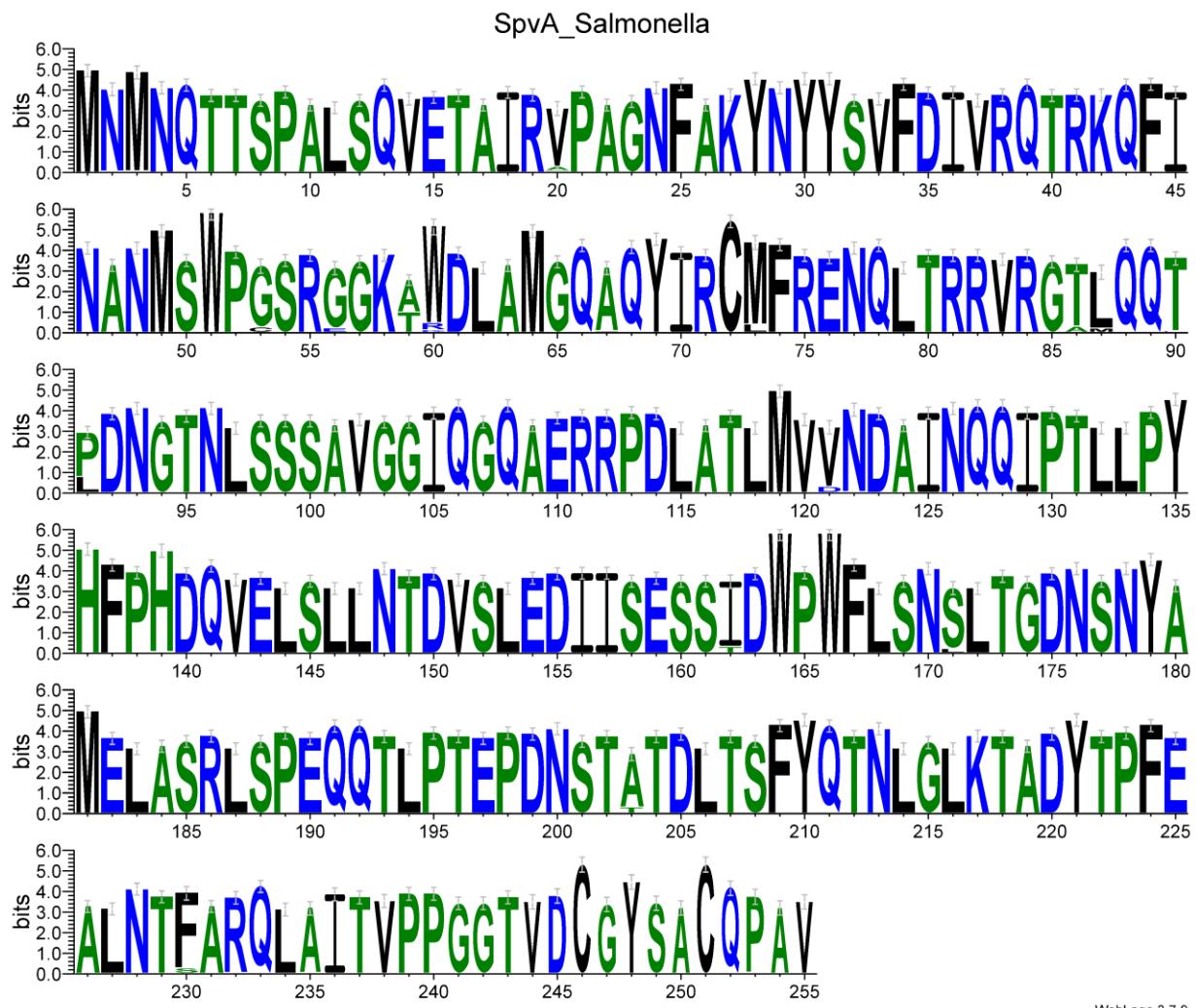
Fragmenty w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Fenyloalanina (51).



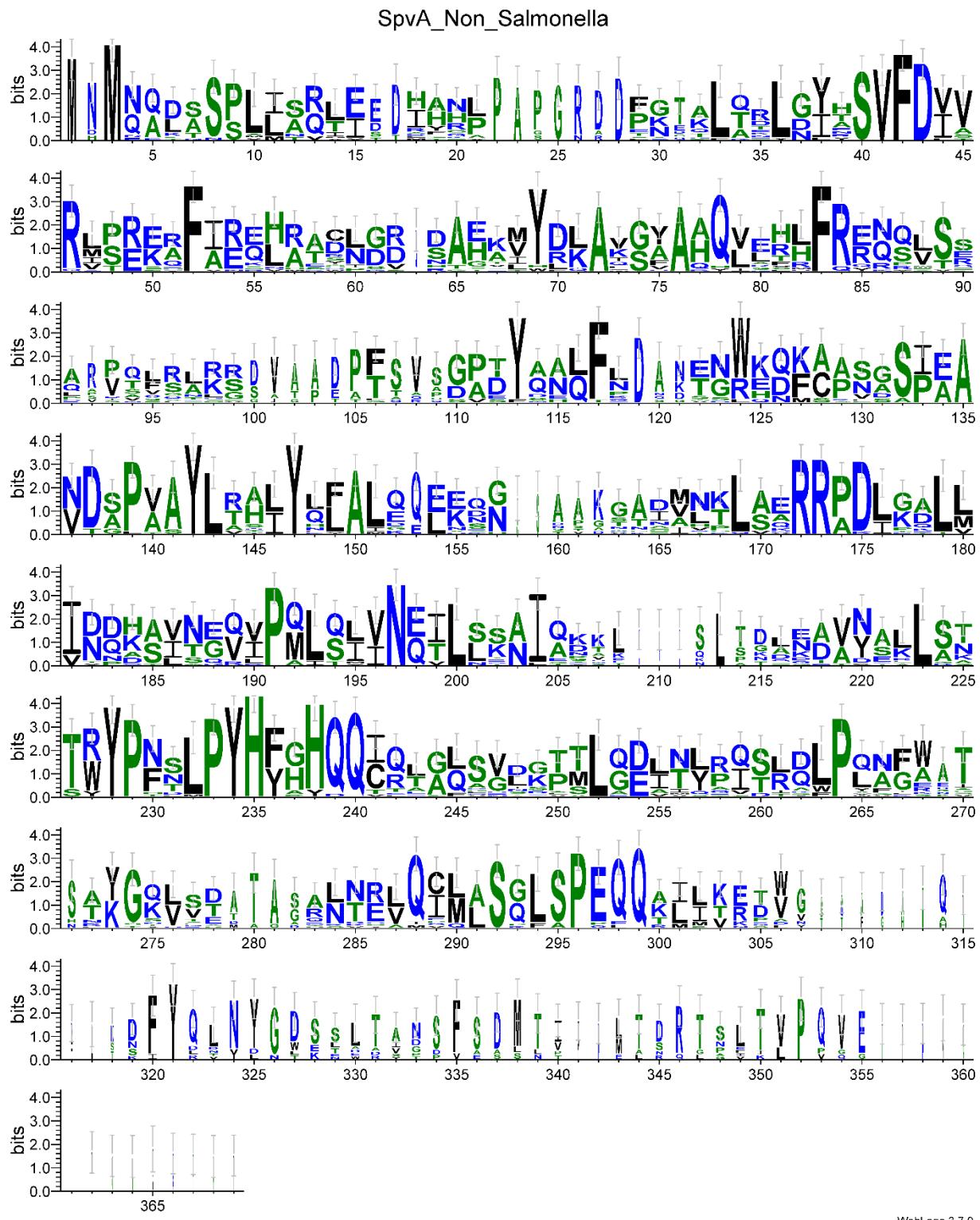
Rycina 3. Struktura białka SpvR organizmu referencyjnego wygenerowana przy pomocy narzędzia AlphaFold, która następnie została zwizualizowana w programie Pymol (3.1.6.1). Fragmenty koloru „hotpink” to aminokwasy w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów z domeny Bacteria nie będących *Salmonella* a organizmem referencyjnym. Fragmenty koloru „pink” to aminokwasy w większości konserwowane.

SpvA



Rycina 4. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvA organizmów z rodzaju *Salmonella* po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

Sekwencja aminokwasowa białka SpvA jest wysoce konserwowane na całej długości sekwencji białka. Pozycje istotnych polimorfizmów (możliwości aminokwasowe): 91 (P/L).



Rycina 5. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvA organizmów z domenami Bacteria niebędącymi *Salmonella* i organizmu referencyjnego, po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

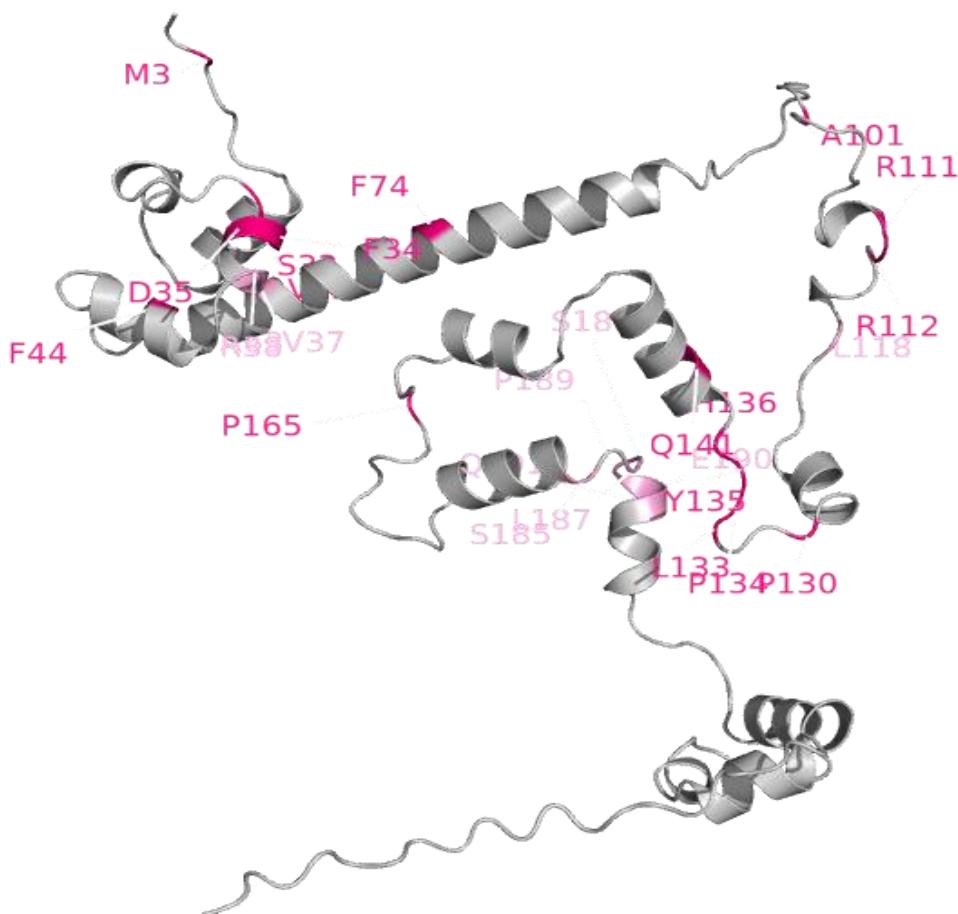
WebLogo sekwencji aminokwasowych wykazuje znaczne różnice w długości sekwencji. Występuje wiele polimorizmów sekwencji.

Fragmenty w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Metionina (3), Seryna (40), Walina (41), Fenyloalanina (42), kwas Asparaginowy (43), Fenyloalanina (52), Fenyloalanina (83), Alanina (135), Tyrozyna (142), Leucyna (143), Tyrozyna (147), Alanina (150), Arginina (172-173), Prolina (191), Leucyna (200), Leucyna (223), Tyrozyna (228), Prolina (229), Leucyna (232), Prolina (233), Tyrozyna (234), Histydyna (235), Glutamina (240), Leucyna (252), Prolina (264), Prolina (296), Glutamina (299).

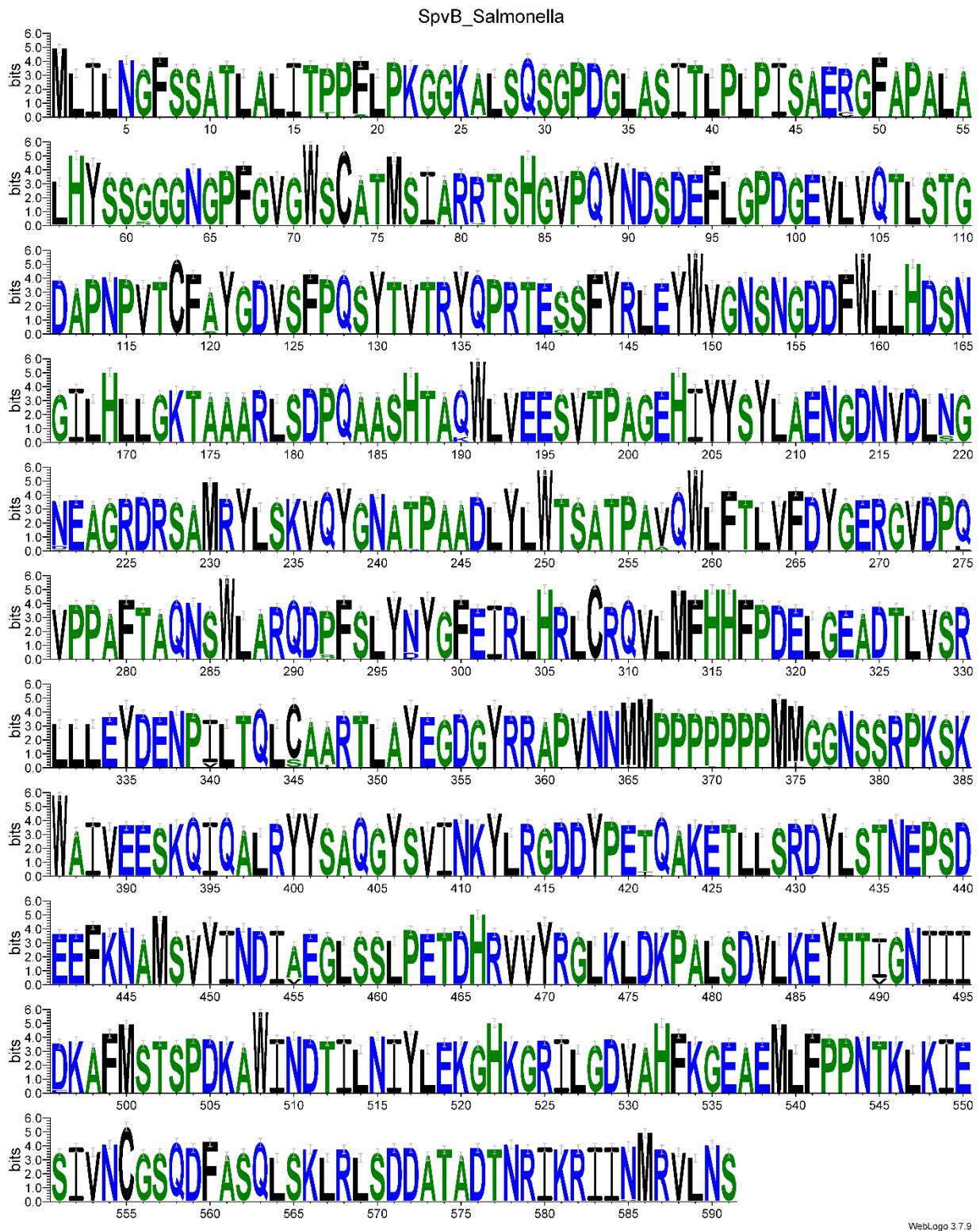
Fragmenty w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Leucyna (33), Leucyna (36), Arginina (46), Arginina (84) Prolina (139), Leucyna (169), kwas Asparaginowy (175), Leucyna (179), Izoleucyna (204), Treonina (226), Glutamina (239), Glutamina (298).



Rycina 6. Struktura białka SpvA organizmu referencyjnego wygenerowana przy pomocy narzędzia AlphaFold, która następnie została zwizualizowana w programie Pymol (3.1.6.1). Fragmenty koloru „hotpink” to aminokwasy w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* a organizmem referencyjnym. Fragmenty koloru „pink” to aminokwasy w większości konserwowane. Rozbieżność numerów spowodowana jest przerwami w nałożeniu sekwencji po procesie MSA. Na strukturze białka zaznaczone są jedynie aminokwasy konserwowane wspólne z sekwencją referencyjną.

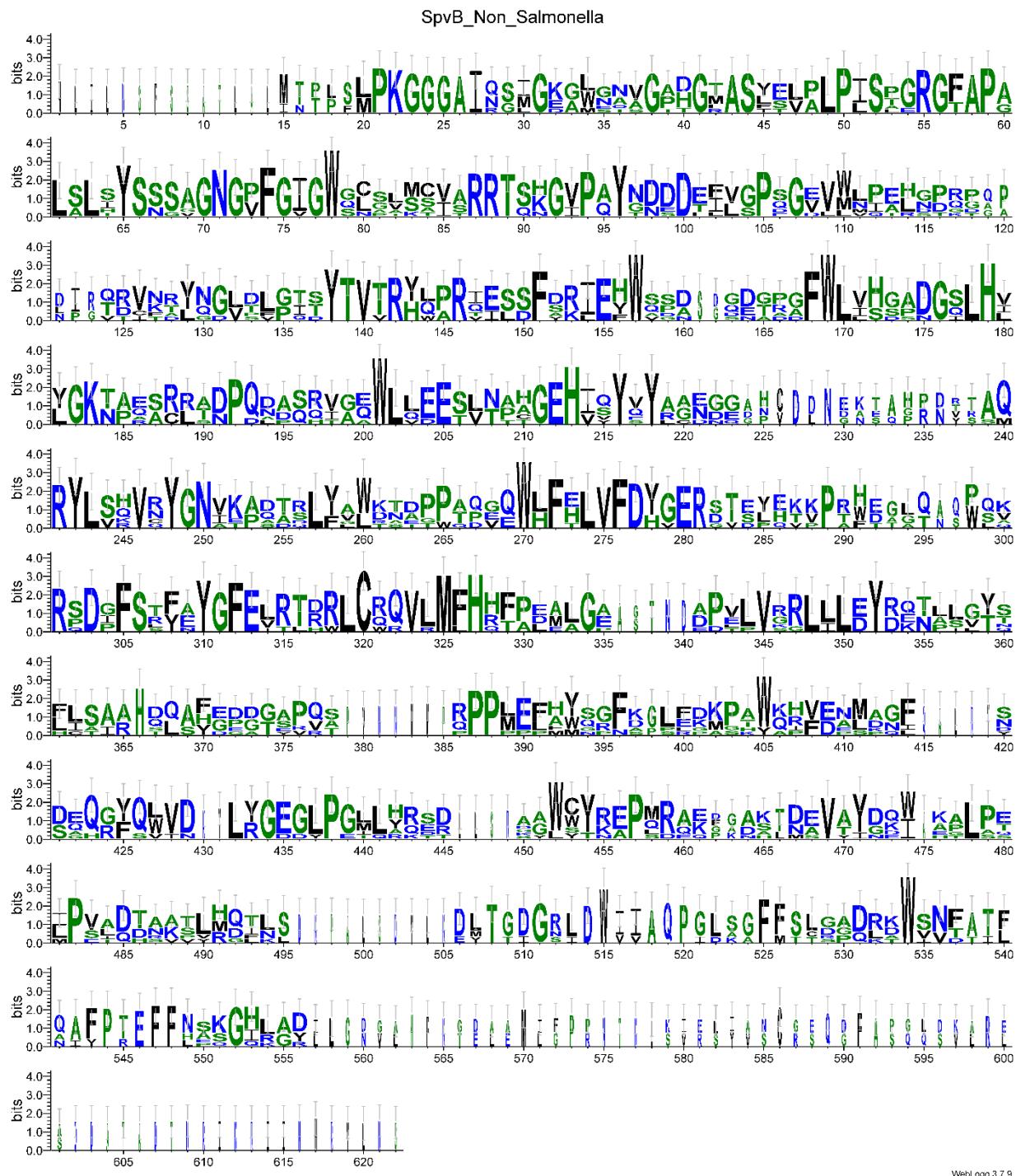
SpvB



Rycina 7. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvB organizmów z rodzaju *Salmonella* po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

WebLogo sekwencji aminokwasowych wykazuje brak istotnych polimorfizmów

pomiędzy serotypami *Salmonella*. Sekwencja aminokwasowa białka SpvB jest wysoce konserwowana na całej długości sekwencji białka.



Rycina 8. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvB organizmów z domeny Bacteria niebędących *Salmonella* i organizmu referencyjnego, po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

WebLogo sekwencji aminokwasowych wykazuje znaczne różnice w długościach sekwencji. Występuje wiele polimorizmów sekwencji.

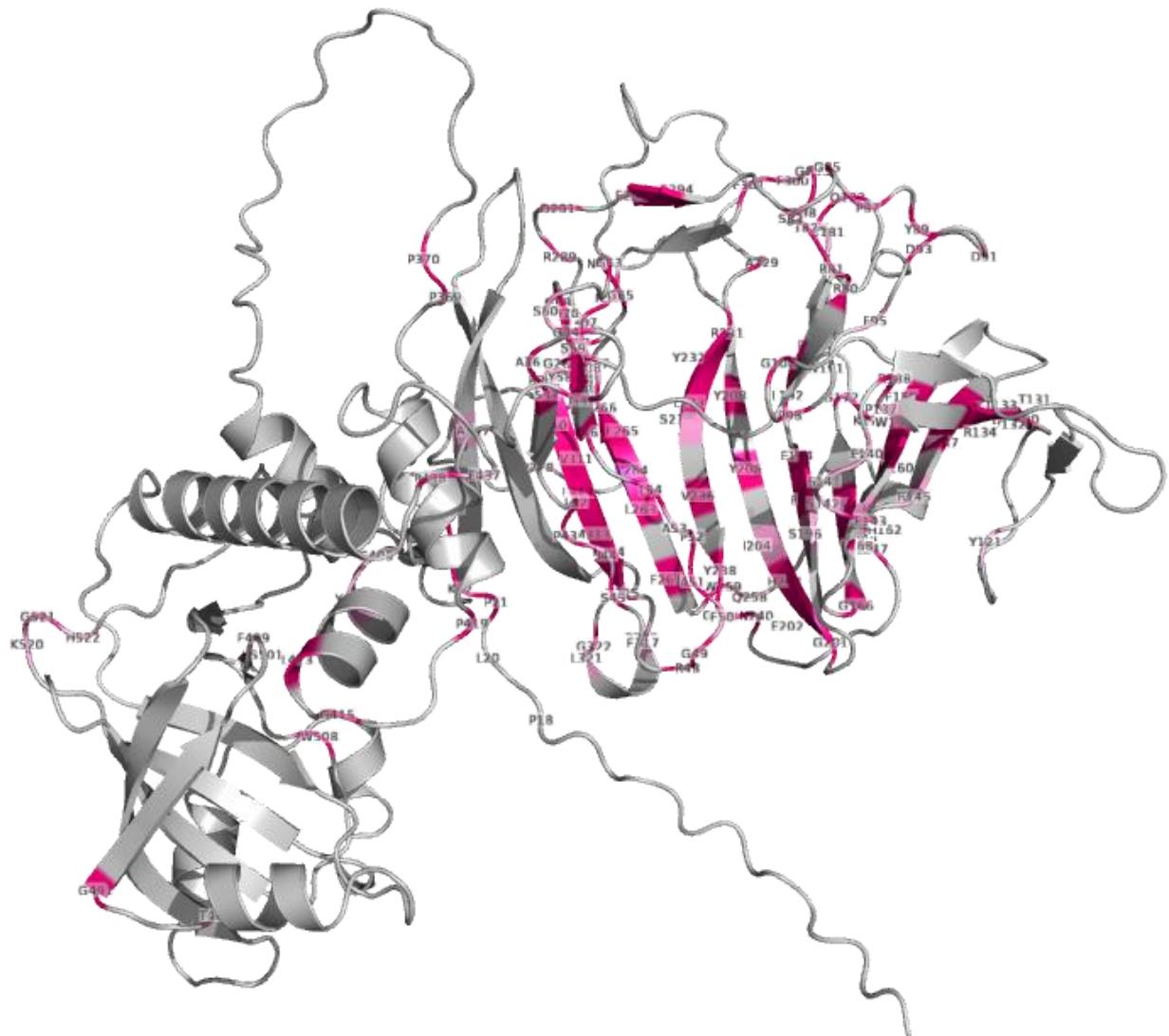
Fragmenty w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Prolina (21), Lizyna (22), Glicyna (23-25), Alanina (26), Izoleucyna (27), Glicyna (31), Glicyna (38), Glicyna (41), Alanina (43), Seryna (44), Leucyna (49), Prolina (50), Seryna (52), Arginina (55), Glicyna (56), Alanina (58), Prolina (59), Leucyna (61), Leucyna (63), Tyrozyna(65), Seryna (66), Glicyna (70), Asparagina (71), Glicyna (72), Fenyloalanina (74), Glicyna (75), Glicyna (77), Tryptofan (78), Arginina (87), Arginina (88), Treonina (89), Glicyna (92), Prolina (94), Tyrozyna (96), kwas Asparaginowy (100), Prolina (105), Glicyna (107), Tyrozyna (138), Treonina (139), Walina (140), Arginina (142), Arginina (146), Fenyloalanina (151), kwas Glutaminowy (155), Tryptofan (157), Fenyloalanina (168), Tryptofan (169), Leucyna (170), Glicyna (176), Leucyna (178), Histydyna (179), Glicyna (182), Lizyna (183), Prolina (192), Tryptofan (201), Leucyna (202), kwas Glutaminowy (205), Glicyna (211), kwas Glutaminowy (212), Histydyna (213), Tyrozyna (216), Tyrozyna (218), Arginina (241), Tyrozyna (242), Leucyna (243), Walina (246), Tyrozyna (248), Glicyna (249), Asparagina (250), Leucyna (257), Tryptofan (270), Fenyloalanina (272), Leucyna (274), Walina (275), Fenyloalanina (276), kwas Asparaginowy (277), kwas Glutaminowy (280), Arginina (281), Prolina (289), Arginina (301), kwas Asparaginowy (303), Fenyloalanina (305), Seryna (306), Tyrozyna (310), Glicyna (311), Fenyloalanina (312), Kwas Glutaminowy (313), Leucyna (319), Cysteina (320), Walina (323), Metionina (325), Histydyna (327), Glicyna (334), Walina (345), Leucyna (348), Leucyna (350), Tyrozyna (352), Histydyna (366), Prolina (387), Prolina (388), Leucyna (432), Glicyna (434), Prolina (438), Prolina (457), Walina (469), Leucyna (478), Prolina (482), Treonina (508), Glicyna (511), kwas Asparaginowy (514), Tryptofan (515), Alanina (518), Glutamina (519), Prolina (520), Fenyloalanina (525), Tryptofan (534), Prolina (544), kwas Glutaminowy (546), Fenyloalanina (547), Fenyloalanina (548), Glicyna (552).

Fragmenty w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Izoleucyna (76), Treonina (141), Izoleucyna (154), kwas Asparaginowy (175), Glutamina (193), kwas Glutaminowy (204), Glutamina (240), Prolina (265), Glicyna (279), Treonina (283), Arginina (315), Treonina (316), Arginina (318), Glutamina (322), Leucyna (324), Fenyloalanina (326), Prolina (342), Leucyna (344), Arginina (347), kwas

Glutaminowy (390), Fenyloalanina (396), Tryptofan (405), Glutamina (423), Glutamina (426), kwas Asparaginowy (429), kwas Glutaminowy (435), Glicyna (436), Lizyna (437), Glicyna (439), Lizyna (441), Tryptofan (452), Tyrozyna (454), Tyrozyna (471), Fenyloalanina (526), Fenyloalanina (543).



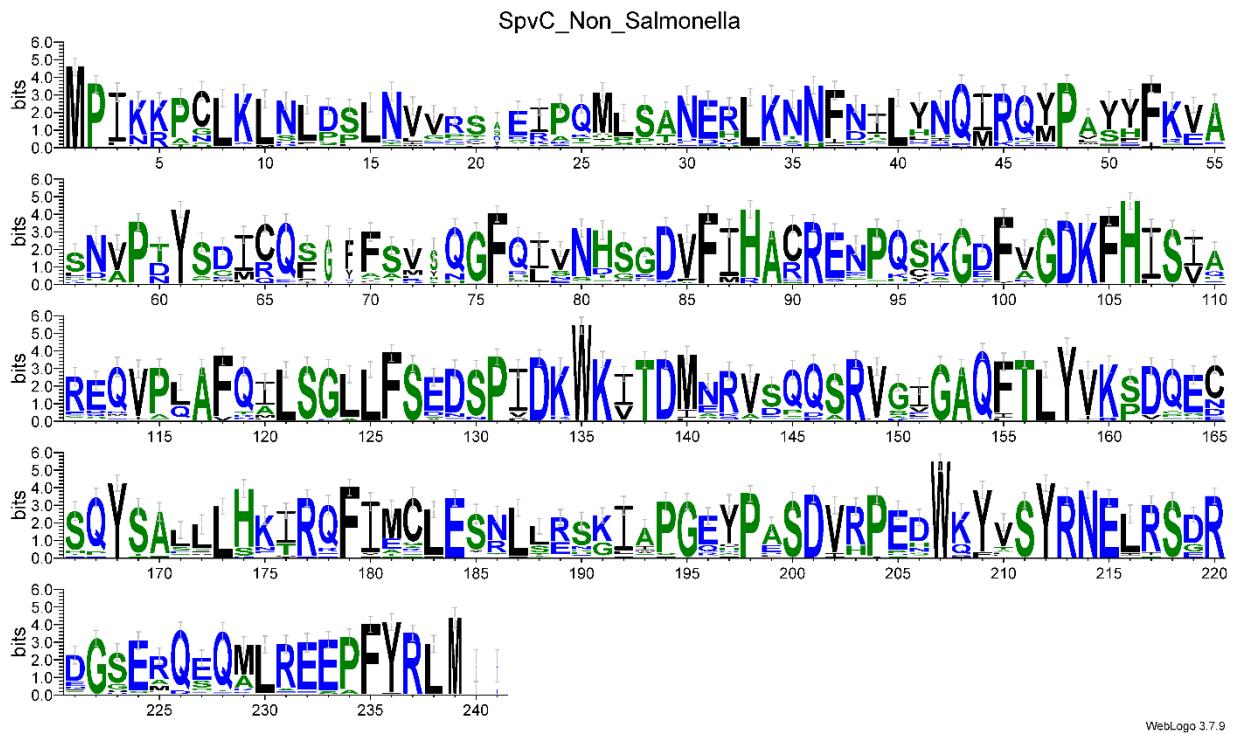
Rycina 9. Struktura białka SpvB organizmu referencyjnego wygenerowana przy pomocy narzędzia AlphaFold, która następnie została zwizualizowana w programie Pymol (3.1.6.1). Fragmenty koloru „hotpink” to aminokwasy w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* oraz organizmu referencyjnego. Fragmenty koloru „pink” to aminokwasy w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* oraz organizmu referencyjnego. Rozbieżność numerów spowodowana jest przerwami w nawiązaniu sekwencji po procesie MSA. Na strukturze białka zaznaczone są jedynie aminokwasy konserwowane wspólne z sekwencją referencyjną.

SpvC



Rycina 10. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvC organizmów z rodzaju *Salmonella* po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

Sekwencja aminokwasowa białka SpvC jest wysoce konserwowana na całej długości sekwencji białka. Pozycje istotnych polimorfizmów (możliwości aminokwasowe): 13 (P/S).



Rycina 11. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvC organizmów z domenami Bacteria niebędących Salmonella i organizmu referencyjnego, po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

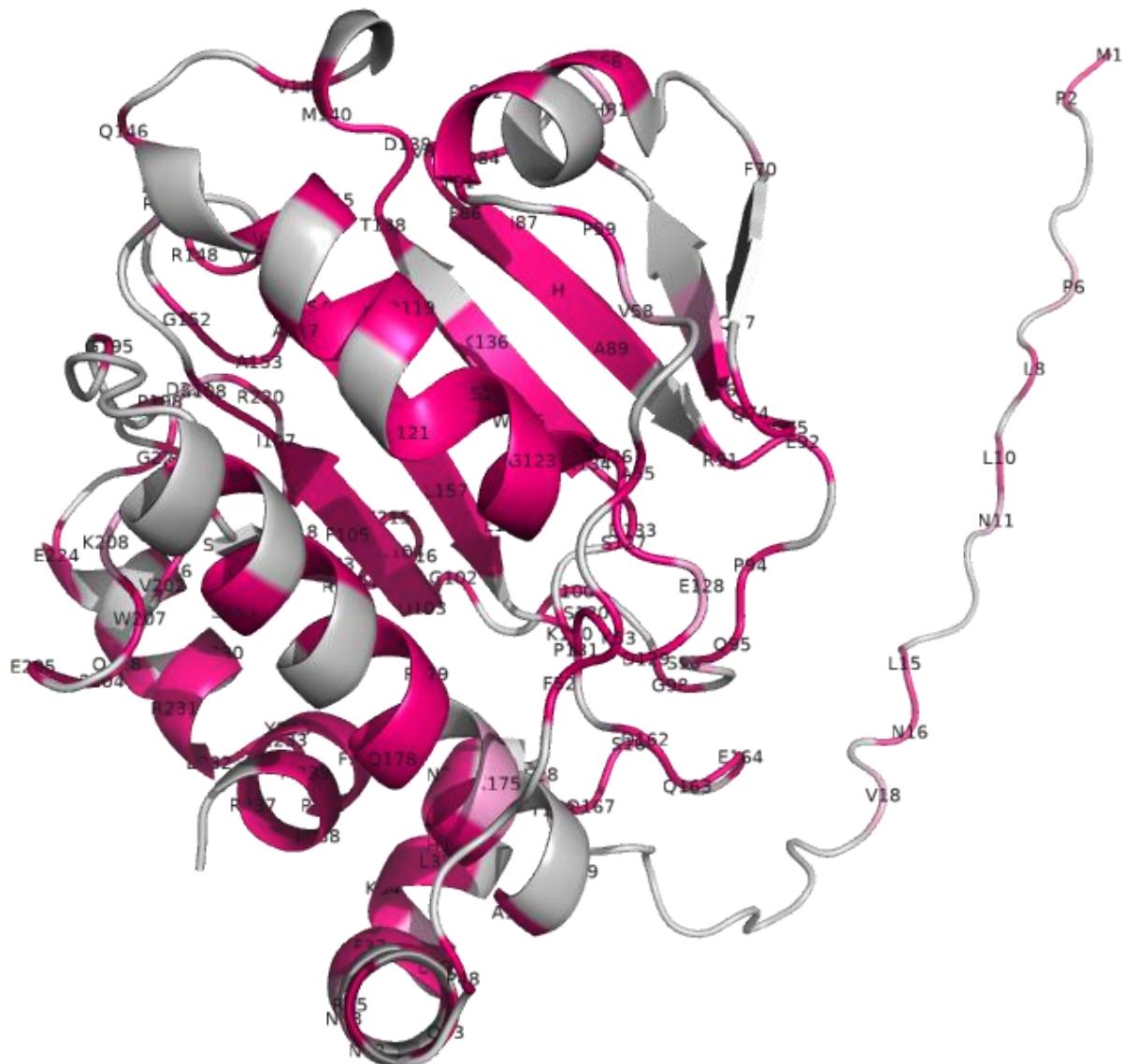
WebLogo wykazuje minimalne różnice w długościach sekwencji. Występuje spora ilość polimorfizmów między sekwencjami.

Fragmenty w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów: Metionina(1), Prolina(2), Leucyna(8), Leucyna(15), Leucyna(33), Leucyna(40), Prolina(48), Prolina(59), Tyrozyna(61), Glicyna(75), Fenyloalanina(76), Fenyloalanina(86), Alanina(89), Arginina(91), Glicyna(98), Glicyna(102), kwas Asparaginowy(103), Lizyna(104), Fenyloalanina(105), Histydyna(106), Seryna(108), Alanina(117), Leucyna(121), Seryna(122), Leucyna(125), Fenyloalanina(126), Seryna(127), Prolina(131), Kwas asparaginowy(133), Tryptofan(135), Lizyna(136), Treonina(138), kwas Asparaginowy(139), Arginina(148), Walina(149), Glicyna(152), Alanina(153), Glutamina(154), Treonina(156), Leucyna(157), Tyrozyna(158), Tyrozyna(168), Leucyna(173), Arginina(177), Fenyloalanina(179), Leucyna(183), Kwas glutaminowy(184), Leucyna(187), Glicyna(195), Prolina(198), Seryna(200), Kwas asparaginowy(201), Prolina(204), Tryptofan(207), Seryna(211), Tyrozyna(212), Arginina(213), Asparagina(214), kwas Glutaminowy(215), Seryna(218), Arginina(220),

Glicyna(222), kwas Glutaminowy(224), Leucyna(230), Fenyloalanina(235), Tyrozyna(236), Arginina(237), Leucyna(238), Metionina(239).

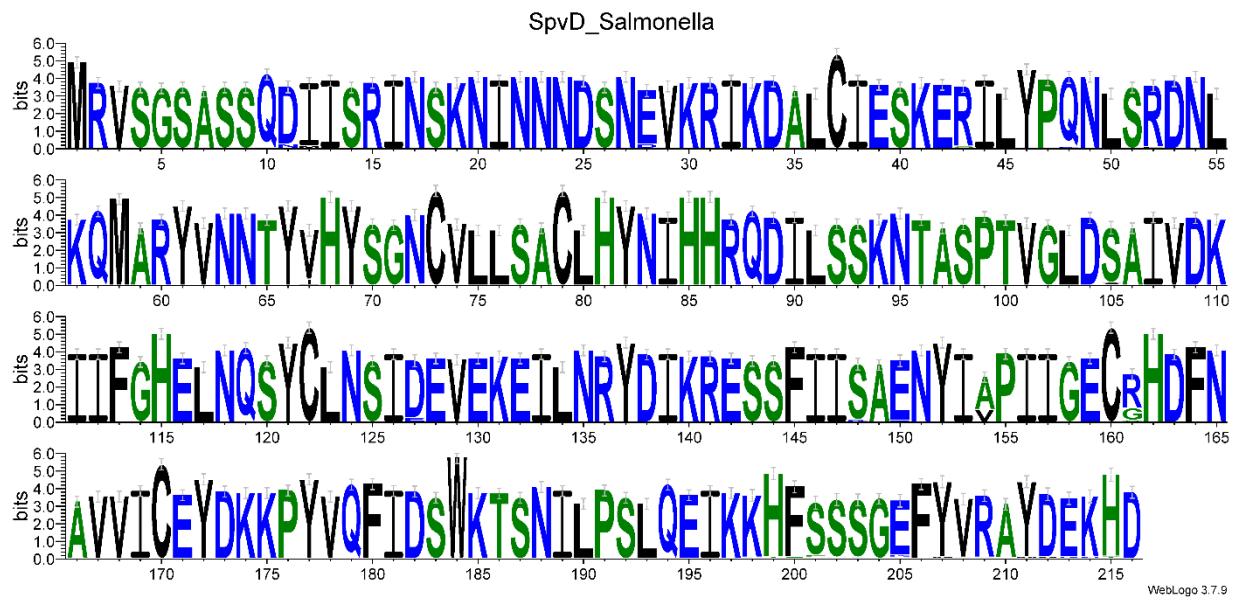
Fragmenty w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Izoleucyna(3), Lizyna(9), Leucyna(10), Leucyna(12), Asparagina(16), kwas Glutaminowy(31), Asparagina(36), Arginina(45), Fenyloalanina(52), Alanina(55), Glutamina(66), Asparagina(80), kwas Asparaginowy(84), Walina(85), Izoleucyna(87), Histydyna(88), Kwas Glutaminowy(92), Prolina(94), Fenyloalanina(100), Izoleucyna(107), Walina(114), Prolina(115), Fenyloalanina(118), Lizyna(134), Metionina(140), Walina(143), Seryna(147), Fenyloalanina(155), Walina(159), Lizyna(160), kwas Asparaginowy(162), Seryna(169), Alanina(170), Histydyna(174), Izoleucyna(180), Prolina(194), Tyrozyna(209), Leucyna(216), Arginina(217), Glutamina(226), Arginina(231), kwas Glutaminowy(232), kwas Glutaminowy(233), Prolina(234).



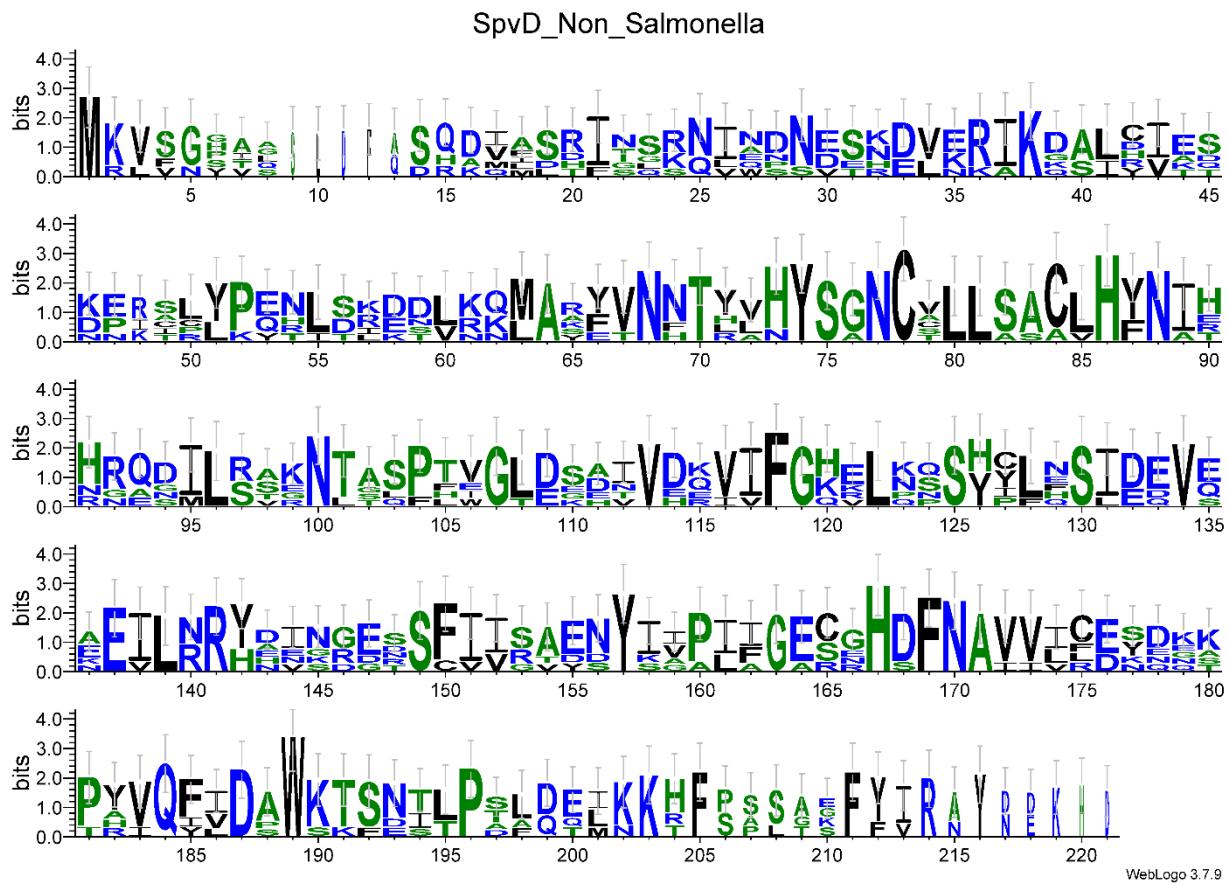
Rycina 12. Struktura białka SpvC organizmu referencyjnego wygenerowana przy pomocy narzędzia AlphaFold, która następnie została zwizualizowana w programie Pymol (3.1.6.1). Fragmenty koloru „hotpink” to aminokwasy w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* oraz organizmu referencyjnego. Fragmenty koloru „pink” to aminokwasy w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* oraz organizmu referencyjnego. Rozbieżność numerów spowodowana jest przerwami w nałożeniu sekwencji po procesie MSA. Na strukturze białka zaznaczone są jedynie aminokwasy konserwowane wspólnie z sekwencją referencyjną.

SpvD



Rycina 13. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvD organizmów z rodzaju *Salmonella* po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

Sekwencja aminokwasowa białka SpvD jest wysoce konserwowana na większość długości sekwencji białka. Pozycje istotnych polimorfizmów (możliwości aminokwasowe): 67 (V/I), 154 (A/V), 161 (R/G).



Rycina 14. WebLogo pliku MSA (Multiple sequence alignment) sekwencji aminokwasowych SpvD organizmów z domeny *Bacteria* niebędących *Salmonella* i organizmu referencyjnego, po eliminacji organizmów, których sekwencja nukleotydowa nie koduje funkcjonalnego białka.

WebLogo wykazuje różnice w długościach sekwencji. Występuje znaczna ilość polimorfizmów między sekwencjami.

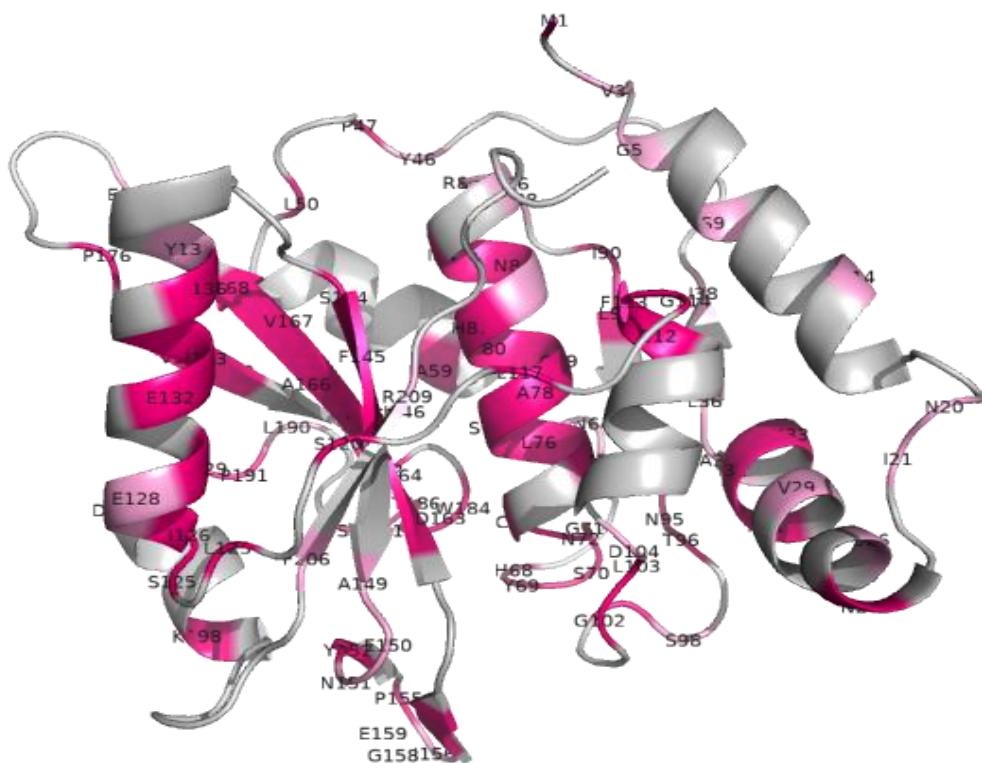
Fragmenty w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Metionina (1), Lizyna (38), Alanina (64), Asparagina (68), Treonina (70), Tyrozyna (74), Seryna (75), Asparagina (77), Cysteina (78), Leucyna (80), Leucyna (81), Histydyna (86), Asparagina (88), Leucyna (96), Asparagina (100), Glicyna (107), Walina (113), Fenyloalanina (118), Glicyna (119), Leucyna (122), Seryna (125), Seryna (130), Walina (134), kwas Glutaminowy (137), Leucyna (139), Arginina (141), Seryna (149), Tyrozyna (157), Glicyna (163), Histydyna (167), Fenyloalanina (169), Asparagina (170), Alanina (171), Glutamina (184), kwas Asparaginowy (187), Tryptofan (189), Prolina (196), Lizyna (203), Fenyloalanina (205), Fenyloalanina (211), Arginina (214), Tyrozyna (216).

Fragmenty w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów:

Izoleucyna (21), Asparagina (29), Arginina (36), Izoleucyna (37), Prolina (52),

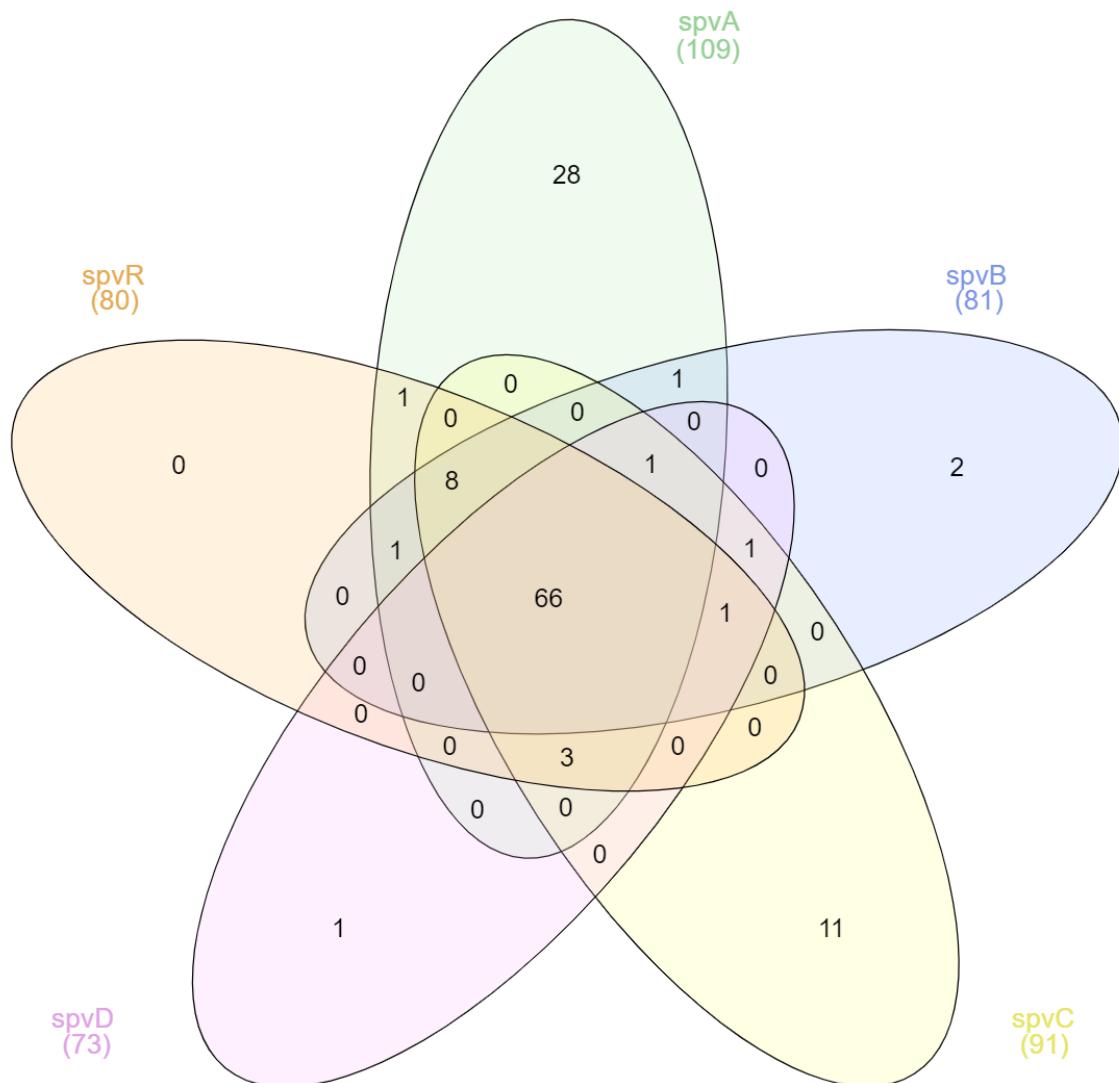
Leucyna (55), Walina (67), Histydyna (73), Glicyna (76), Seryna (82), Alanina (83), Cysteina (84), Leucyna (85), Izoleucyna (89), Izoleucyna (95), Treonina (101), Prolina (104), Leucyna (108), Walina (116), Izoleucyna (117), Leucyna (128), Izoleucyna (131), Izoleucyna (138), Fenyloalanina (150), Izoleucyna (151), Prolina (160), kwas Glutaminowy (164), kwas Asparaginowy (168), Walina (172), Walina (173), Prolina (181), Walina (183), Lizyna (190), Treonina (191), Seryna (192), Lizyna (202), Izoleucyna (213).



Rycina 15. Struktura białka SpvD organizmu referencyjnego wygenerowana przy pomocy narzędzia AlphaFold, która następnie została zwizualizowana w programie Pymol (3.1.6.1). Fragmenty koloru „hotpink” to aminokwasy w pełni konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* oraz organizmu referencyjnego. Fragmenty koloru „pink” to aminokwasy w większości konserwowane pomiędzy sekwencjami organizmów nie będących *Salmonella* oraz organizmu referencyjnego. Rozbieżność numerów spowodowana jest przerwami w nałożeniu sekwencji po procesie MSA. Na strukturze białka zaznaczone są jedynie aminokwasy wspólne z sekwencją referencyjną.

Częstość Występowania genów *spv*

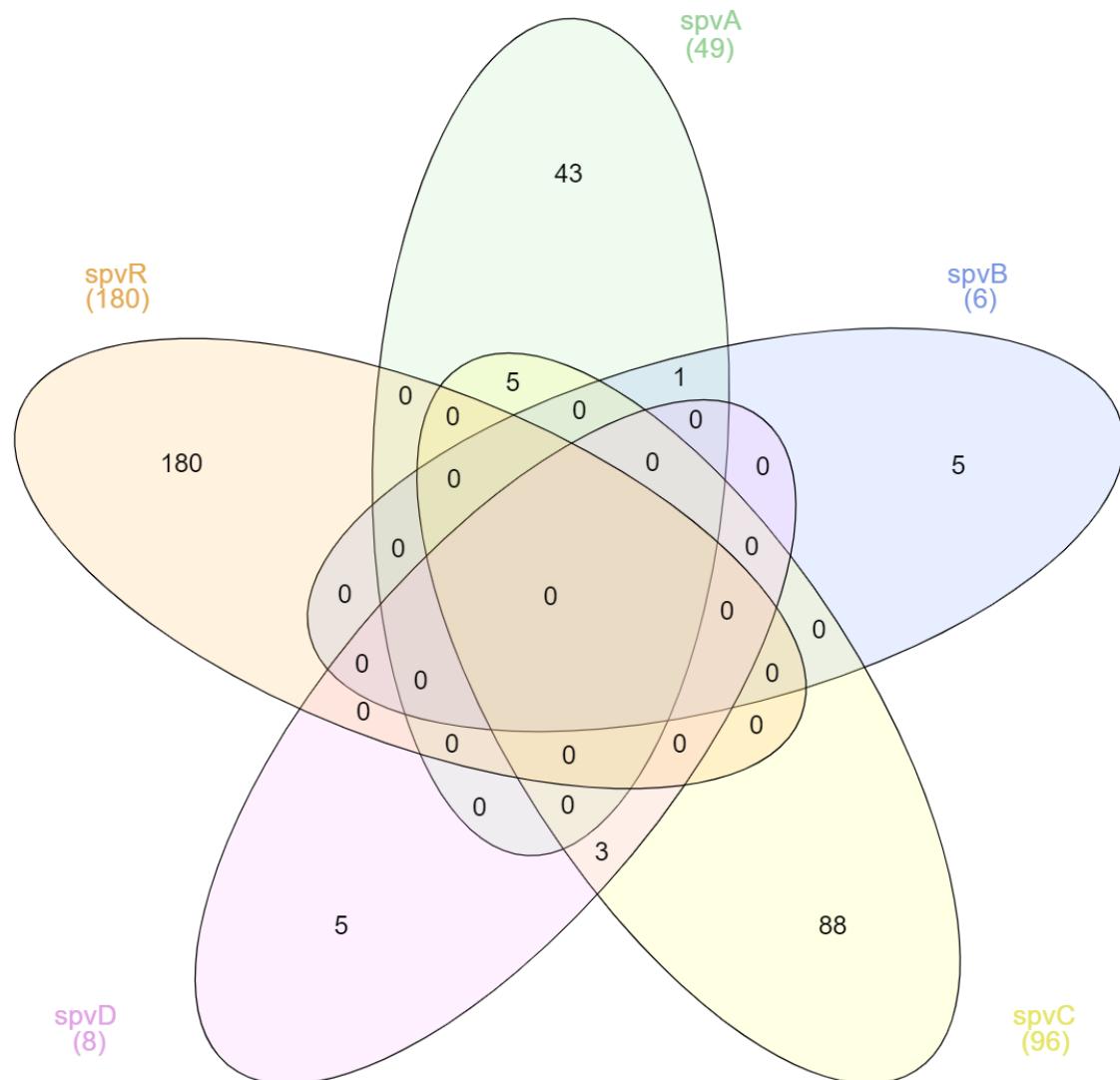
Organizmy z rodzaju *Salmonella*



Rycina 16. Diagram Venn'a opisujący rozkład częstotliwości występowania sekwencji poszczególnych genów plazmidu wirulencji (*spv*) w organizmach należących do rodzaju *Salmonella* pozyskanych dzięki algorytmowi BLAST. Każda elipsa odpowiada jednemu genu z operonu. Miejsca nakładania się elips symbolizują kombinacje posiadanych genów.

Dla 66 serotypów udało się pozyskać sekwencję nukleotydową kompletnego operonu *spv*. Na podstawie badanych organizmów można wyciągnąć wniosek, że Gen *spvD* jest najczęściej eliminowany z kompletnego operonu *spv*.

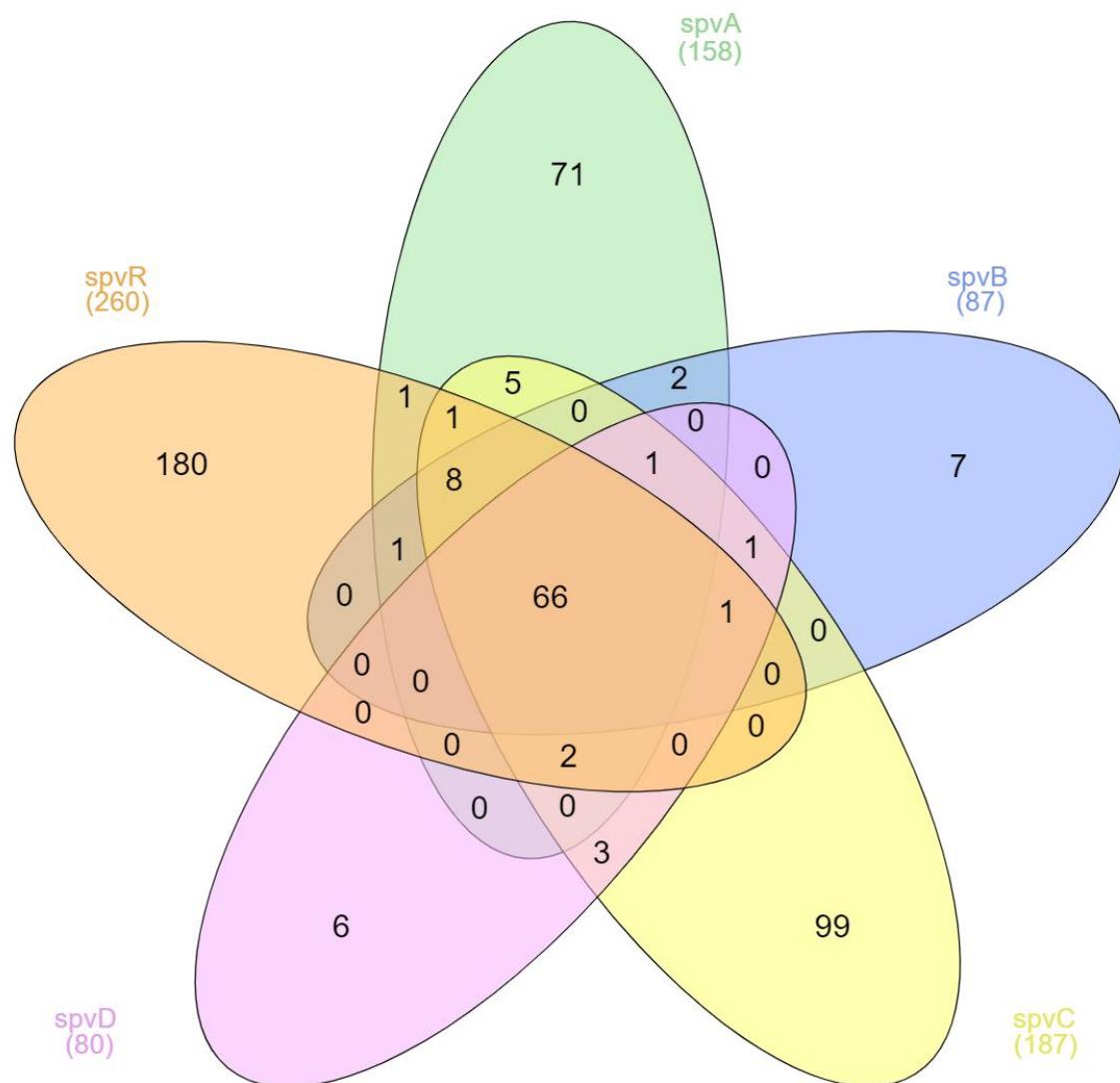
Organizmy z domeną *Bacteria* nie będące *Salmonella*



Rycina 17. Diagram Venna opisujący rozkład częstotliwości występowania sekwencji poszczególnych genów plazmidu wirulencji (spv) w organizmach należących do domeny *Bacteria* z wyłączeniem organizmów, które należą do rodzaju *Salmonella* pozyskanych dzięki algorytmowi BLAST. Każda elipsa odpowiada jednemu genu z operonu. Miejsca nakładania się elips symbolizują kombinacje posiadanych genów.

Dla organizmów z domeną *Bacteria* nie będących *Salmonella*, których pozyskano sekwencje nukleotydowe genów, żaden nie posiada kompletnego operonu spv.

Wszystkie organizmy



Rycina 18. Diagram Venn'a opisujący rozkład częstotliwości występowania poszczególnych genów plazmidu wirulencji (*spv*) we wszystkich analizowanych organizmach, pozyskanych dzięki algorytmowi BLAST. Każda elipsa odpowiada jednemu genowi z operonu. Miejsca nakładania się elips symbolizują kombinacje posiadanych genów.

Analizując wszystkie organizmy, dla których udało się pozyskać sekwencje najczęściej zachowanym genem jest *spvR*.

Dodatkowe informacje:

Więcej informacji dotyczących kompletności operonu *spv* pośród organizmów znalezionych przez skrypt znajduje się w rozdziale „Materiały dodatkowe” na końcu pracy.

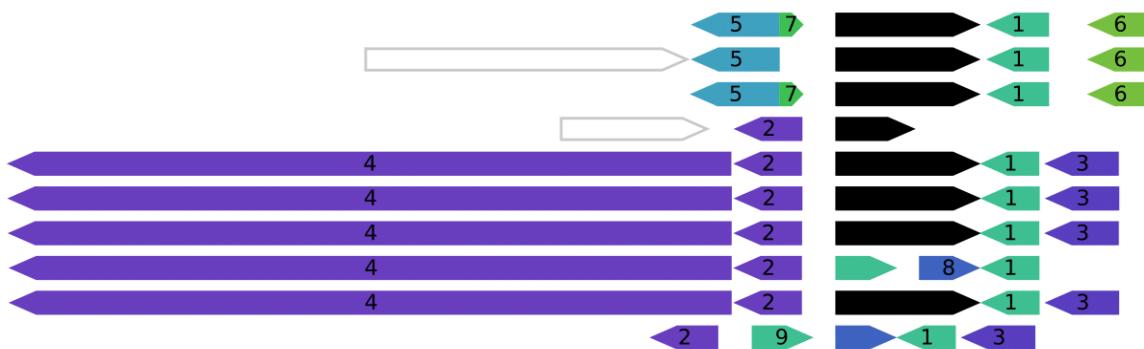
Syntenia genów *spv* u patogenów innych niż *Salmonella*

Narzędzie webFlaGs do określenia syntenii wymaga numeru akcesji białka z bazy proteinowych sekwencji referencyjnych (refseq_protein) NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/refseq/>). Część analizowanych sekwencji pochodzi od niewystarczająco zbadanych gatunków lub szczepów organizmów. Organizmy wykorzystane do analizy nie posiadają dokładnych odpowiedników przypisanych wyłącznie do określonego gatunku bądź szczepu w bazie refseq_protein. Posiadają jednak odpowiedniki sekwencji przypisane do wielu gatunków w obrębie tego samego rodzaju organizmów (MULTISPECIES). Do znalezienia odpowiedników dla takich organizmów użyto blastp (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastp&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome). Warunkiem zaakceptowania odpowiednika było spełnienie warunku procentowej identyczności (99.5%) oraz pokrycia długości zapytania w stosunku do odpowiednika w bazie refseq_protein (99.5%). Poniżej wyniki analizy syntenii patogenów nie będących *Salmonella*, które posiadają odpowiednik genu *spv* w swoim genomie.

spvR

Citrobacter sp. CF971 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_139935201.1) przypisany do wielu gatunków w obrębie rodzaju *Citrobacter*.

Patogeniczność: Bakterie z rodzaju *Citrobacter* mogą powodować choroby, takie jak nieżyt żołądka i jelit, zapalenie opon mózgowo-rdzeniowych, sepsa, ropnie mózgu oraz infekcje dróg moczowych¹¹.

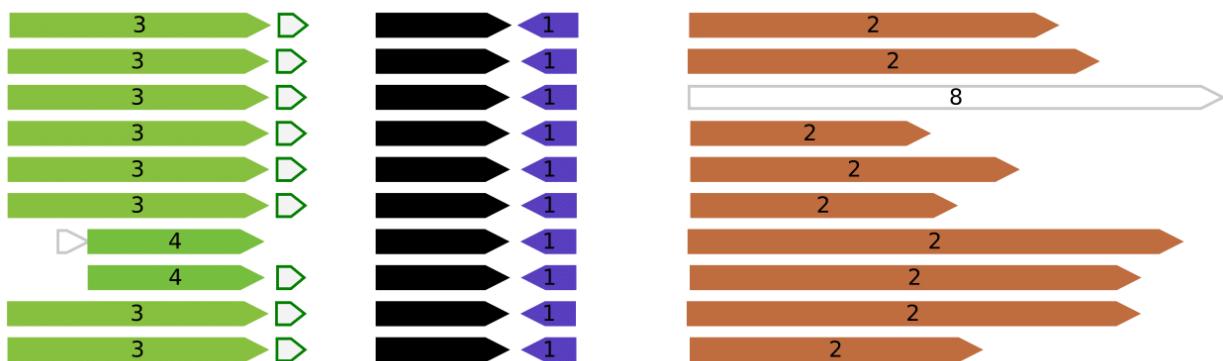


Rycina 19. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvR*. Organizm drugi od dołu to ten którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:

- 1 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_135324606.1), LysR-like (BLAST)
- 2 - Metalopeptydaza z rodziny M15 (NCBI Reference Sequence: WP_139935200.1)
- 3 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_139935203.1)
- 4 - Alfa-L-fukozydaza (NCBI Reference Sequence: WP_139935199.1)
- 5 - Białko z rodziny CigR, regulator anty-wirulencji (NCBI Reference Sequence: WP_002437723.1)
- 6 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_002437729.1)
- 7 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_313481985.1)
- 8 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_326971619.1), LysR-like (BLAST)
- 9 - Regulator transkrypcji z rodziny LysR (NCBI Reference Sequence: WP_326971620.1)

Cronobacter sakazakii ATCC BAA-894 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_012124194.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Cronobacter sakazakii*.

Patogeniczność: *Cronobacter sakazakii* to oportunistyczny patogen. Bywa przyczyną zagrażających życiu schorzeń u noworodków i niemowląt. Związany jest z ogniskami zagrażającego życia martwicznego zapalenia jelit, zapalenia opon mózgowych i sepsy. *Cronobacter sakazakii* dysponuje wieloma czynnikami wirulencji, które pomagają w inwazji komórek gospodarza¹².

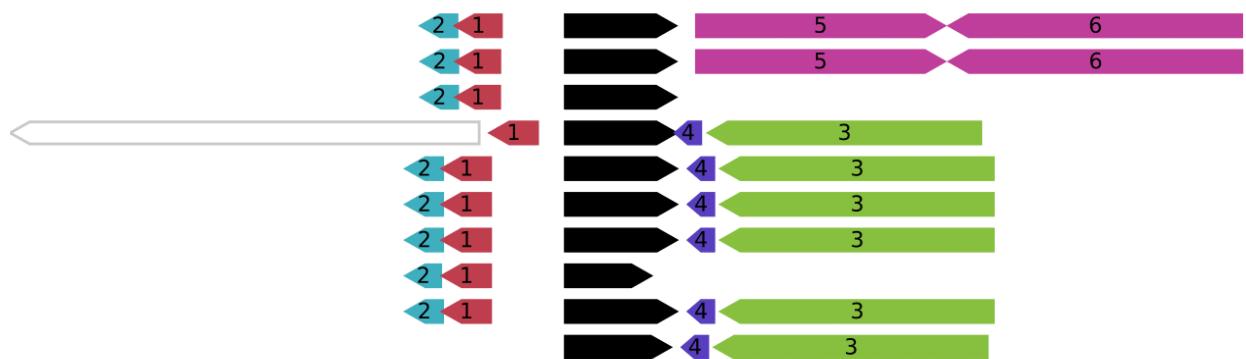


Rycina 20. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik spvR. Organizm pierwszy od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_227001497.1)
2 - Odwrotny autotransporter inwazyjn Inv (NCBI Reference Sequence: WP_012124192.1)
3 - Metaloenzym YejM modulujący-biosyntezę LPS (NCBI Reference Sequence: WP_012124247.1)
4 - Fagowa integraza Arm białko zawierające domenę wiążącą DNA (NCBI Reference Sequence: WP_075183704.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z zielonym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Klebsiella oxytoca isolate 145 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_224251048.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Klebsiella oxytoca*.

Patogeniczność: Choć *K. oxytoca* jest naturalnym składnikiem mikrobioty człowieka, może również działać jako oportunistyczny patogen, odpowiedzialny za infekcje takie jak krwotoczne zapalenie jelita grubego związane ze stosowaniem antybiotyków (AAHC), zakażenia dróg moczowych i bakteriemie¹³.



Rycina 21. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvR*. Organizm drugi od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:

1 - Domniemana holina (NCBI Reference Sequence: WP_064345026.1)

2 - Biały z rodziny fagowych holin (NCBI Reference Sequence: WP_224251150.1)

3 - Symporter pirogronianu/protonu CstA (NCBI Reference Sequence: WP_016809302.1)

4 - Biały z rodziny YbdD/YjiX (NCBI Reference Sequence: WP_004100083.1)

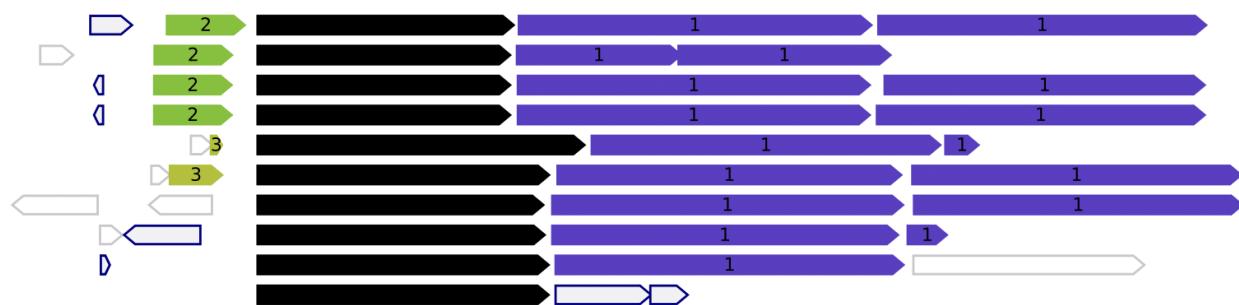
5 - Sulfotransferaza arylowo-siarczanowa (NCBI Reference Sequence: WP_154925727.1)

6 - S-metyltransferaza 5-metyltetrahydropteroiltryglutaminianu-homocysteiny (NCBI Reference Sequence: WP_320483028.1)

spvA

Burkholderia ubonensis strain RF23-BP41 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_059652195.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Burkholderia ubonensis*.

Patogeniczność: *Burkholderia ubonensis* to oportunistyczny patogen, na ogół nie powoduje zagrażających życiu infekcji pośród zdrowych osób¹⁴.



Rycina 22. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik spvA. Organizm pierwszy od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Biało zawierające domenę podobną do neuraminidazy (NCBI Reference Sequence: WP_059652197.1)/ Biało zawierające N-końcową domenę SpvB/TcaC (NCBI:Reference Sequence: WP_274320078.1)
2 - Hipotetyczne biało (NCBI:Reference Sequence: WP_059652194.1)
3 - Biało z rodziny hydrolaz glikozydowych (NCBI:Reference Sequence: WP_407062068.1)/Lizozym (NCBI Reference Sequence: WP_088509552.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Mycetohabitans rhizoxinica strain B47 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_041754710) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Mycetohabitans rhizoxinica*.

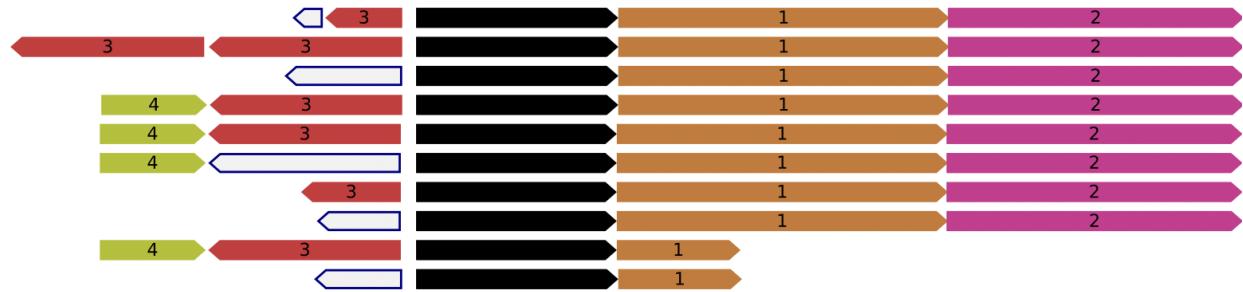
Patogeniczność: Zarejestrowano przypadki bakteriami *M. Rhizoxinica*. *Mycetohabitans rhizoxinica* to bakteria endofungalna zamieszkująca pleśń *Rhizopus microsporus*. Bakteria jest symbiontem, pomagającym pleśni wytwarzać mikotoksyny, takie jak rizoksyna (ang.Rhizoxin), które powodują zarazę sadzonek ryżu¹⁵.



Rycina 23. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik spvA. Organizm drugi od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Biały zawierające N-końcową domenę SpvB/TcaC (NCBI Reference Sequence: WP_041754713.1)/ Biały zawierające domenę powtórzeń RHS (NCBI Reference Sequence: WP_013428530.1)
2 - Biały zawierające domenę podobną do neuraminidazy (NCBI Reference Sequence: WP_013428535.1)
3 - Biały zawierające domenę DUF802 (NCBI Reference Sequence: WP_076795522.1)
4 - Biały zawierające domenę DUF802 (NCBI Reference Sequence: WP_076786813.1)
5 - Biały zawierające domenę podobną do neuraminidazy (NCBI Reference Sequence: WP_013428528.1)
6 - Biały zawierające domenę DUF3348 (NCBI Reference Sequence: WP_323072477.1)

Pseudomonas syringae pv. Tomato strain GM 113 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_007246208.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Pseudomonas syringae*.

Patogeniczność: *P. s.* pv. tomato, jest patogeniczny zarówno dla pomidora, jak i roślin krzyżowych¹⁶.



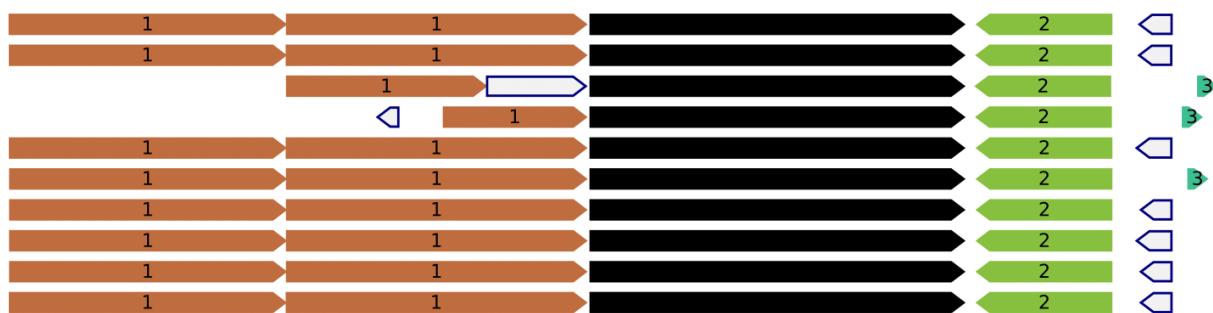
Rycina 24. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik spvA. Organizm piąty od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Białko zawierające domenę podobną do neuraminidazy (NCBI Reference Sequence: WP_007246209.1)
2 - Białko zawierające N-końcową domenę SpvB/TcaC (NCBI Reference Sequence: WP_007246210.1)
3 - Białko zawierające domenę powtórzeń RHS (NCBI Reference Sequence: WP_007246207.1)
4 - Hydrataza fumaranu (NCBI Reference Sequence: WP_003395253.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

spvB

Photorhabdus akhurstii strain 0805-P2R posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_040152807.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Photorhabdus akhurstii*.

Patogeniczność: *Photorhabdus akhurstii* to bakteria pasozytująca na owadach. Jest symbiontem nicienia *Heterorhabditis indica*¹⁷.



Rycina 25. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvB*. Organizm drugi od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:

1 - Biały kompleksu toksyny owadobójczej *TcaB* (NCBI Reference Sequence: WP_040152805.1)

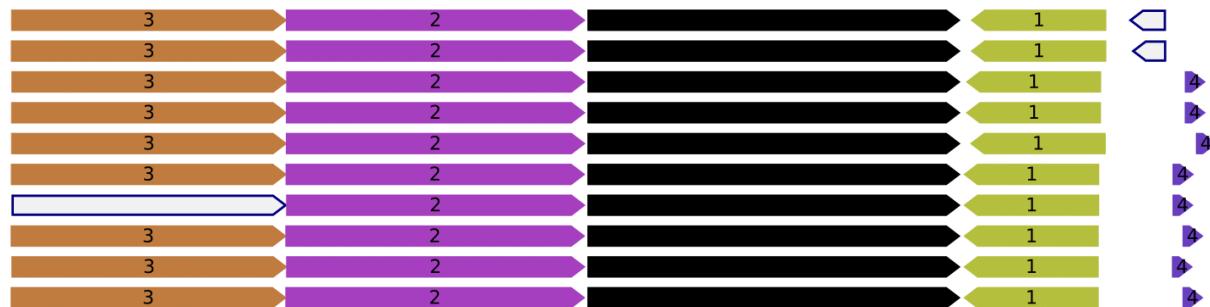
2 - Hipotetyczne Biały (NCBI Reference Sequence: WP_040152808.1)/Toksyna (NCBI Reference Sequence: WP_214069661.1)

3 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_036780415.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Photorhabdus luminescens subsp. *Luminescens* strain ATCC posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_139654632.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Photorhabdus luminescens*.

Patogeniczność: *Photorhabdus luminescens* jest śmiertelnym patogenem owadów i nowo pojawiającym się patogenem ludzkim¹⁸.

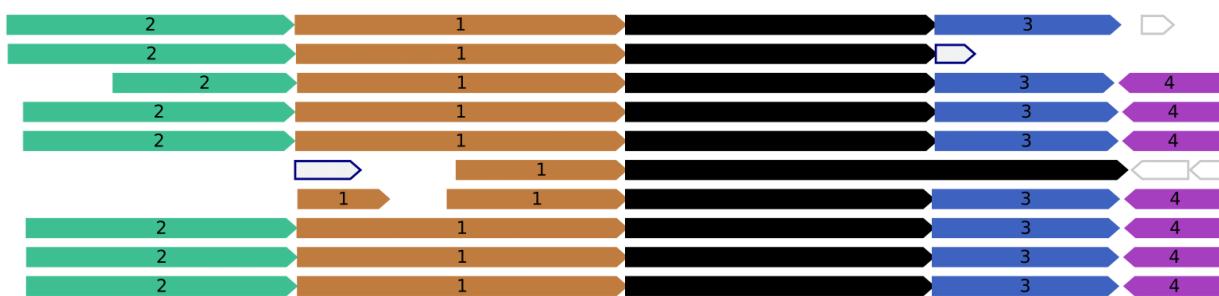


Rycina 26. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvB*. Organizm czwarty od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Toksyna (NCBI Reference Sequence: WP_139654633.1)/Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_049584549.1)/Białko z rodziny hydrolaz glikozylowych 18 białko (NCBI Reference Sequence: WP_265380289.1)
2 - Białko kompleksu toksyny owadobójczej *TcaB* (NCBI Reference Sequence: WP_139654631.1)/Białko zawierające domenę podobną do neuraminidazy (NCBI Reference Sequence: WP_049584547.1)
3 - Białko kompleksu toksyny owadobójczej *TcaA* (NCBI Reference Sequence: WP_074525081.1)
4 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_139654634.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Pseudomonas marginalis strain MGMM3 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_281112347.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Pseudomonas marginalis*.

Patogeniczność: *Pseudomonas marginalis* to patogen pozbiorczy wywołujący miękką zgniliznę w szerokiej gamie zebranych owoców i warzyw¹⁹.



Rycina 27. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik

spvB. Organizm trzeci od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:

1 - Biało zawierające domenę podobną do neuraminidazy (NCBI Reference Sequence:

WP_281112348.1)/Hipotetyczne biało (NCBI Reference Sequence: WP_408012249.1)

2 - Podjednostka A toksyny Tc (NCBI Reference Sequence: WP_281112349.1)/Hipotetyczne biało (NCBI

Reference Sequence: WP_368943418.1)

3 - Biało zawierające domenę powtórzeń RHS (NCBI Reference Sequence: WP_281112346.1)

4 - Guanyltransferaza mannozo-1-fosforanowa/izomeraza mannozo-6-fosforanowa (NCBI Reference Sequence:

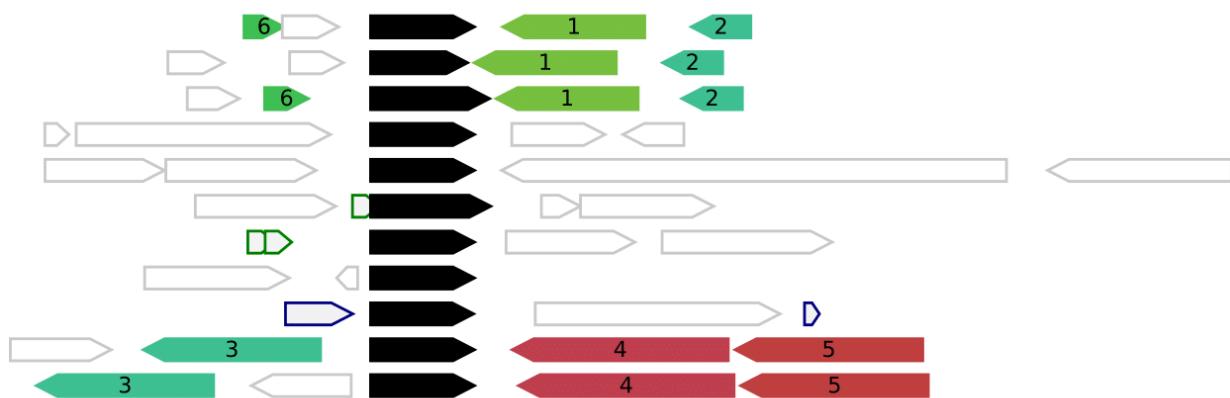
WP_057724648.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

spvC

Chromobacterium violaceum strain NCTC9695 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_011134862.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Chromobacterium violaceum*.

Patogeniczność: *C. Violaceum* nie jest częstym patogenem ludzkim. Infekcje człowieka choć rzadkie bywają intensywne. Do symptomów infekcji *C.Violaceum* można zaliczyć: sepsę, przerzutowe ropnie organów²⁰.



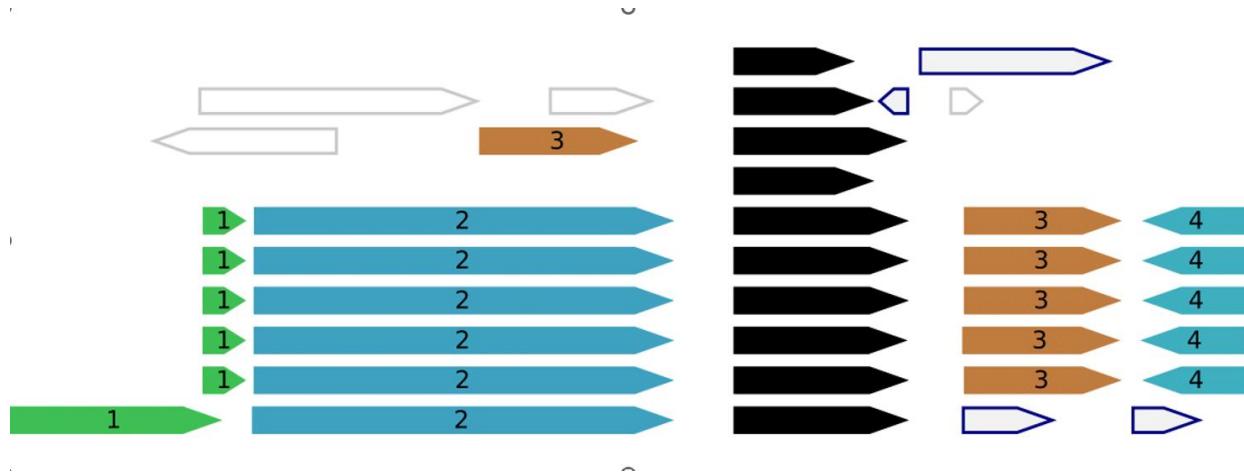
Rycina 28. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvC*. Organizm piąty od dołu to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. *Chromobacterium violaceum* posiada geny flankujące. Nie są one jednak zawarte w bazie refseq_protein. Gen sąsiadujący z ramą koloru zielonego i pustym środkiem to pseudogen. Produkty ekspresji genów flankujących:

- 1 - Biały z rodziny DUF2860 (NCBI Reference Sequence: WP_158274260.1)
- 2 - Hipotetyczne biały (NCBI Reference Sequence: WP_107731885.1)
- 3 - Dwufunkcyjna fosfataza glukozo-1/inozytolu (NCBI Reference Sequence: WP_015683358.1)
- 4 - Karboksypeptydaza M32 (NCBI Reference Sequence: WP_015871266.1)
- 5 - System dwuskładnikowy sensor kinaza histydynowa RstB (NCBI Reference Sequence: WP_012848595.1)
- 6 - Hipotetyczne biały (NCBI Reference Sequence: WP_227108310.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Escherichia marmotae strain HT073016 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_038356011.1) przypisany do wielu gatunków bakterii w obrębie rodzaju *Escherichia*.

Patogeniczność: Bakterie z rodzaju *Escherichia* mogą powodować infekcje dróg i moczowych sepsę²¹.



Rycina 29. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvC*. Organizm trzeci od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Białko hipotetyczne (NCBI Reference Sequence: WP_001526987.1)/Białko wirulencji *SpvA* (NCBI Reference Sequence: WP_232081970.1)
2 - SPI-2 efektor systemu sekrecji typu III NAD(+)–proteinowo-argininowa ADP-rybozylotransferaza *SpvB* (NCBI Reference Sequence: WP_015899537.1)
3 - SPI-2 efektorowa hydrolaza cysteinowa systemu sekrecji typu III *SpvD* (NCBI Reference Sequence: WP_001676646.1)
4 - Transpozaza z rodziny IS200/IS605 (NCBI Reference Sequence: WP_000064919.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Shigella boydii CDC 3083-94 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_010921598.1) przypisany do wielu gatunków bakterii w obrębie rodzaju *Shigella*.

Patogeniczność: Bakterie z rodzaju *Shigella* to jedne z najstarszych patogenów zaadaptowanych do ludzkiego gospodarza²².



Rycina 30. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik spvC. Organizm czwarty od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących: 1 - Toksyna efektorowa systemu sekrecji typu III z rodziny ShET2/EspL2 (NCBI Reference Sequence: WP_038348374.1)

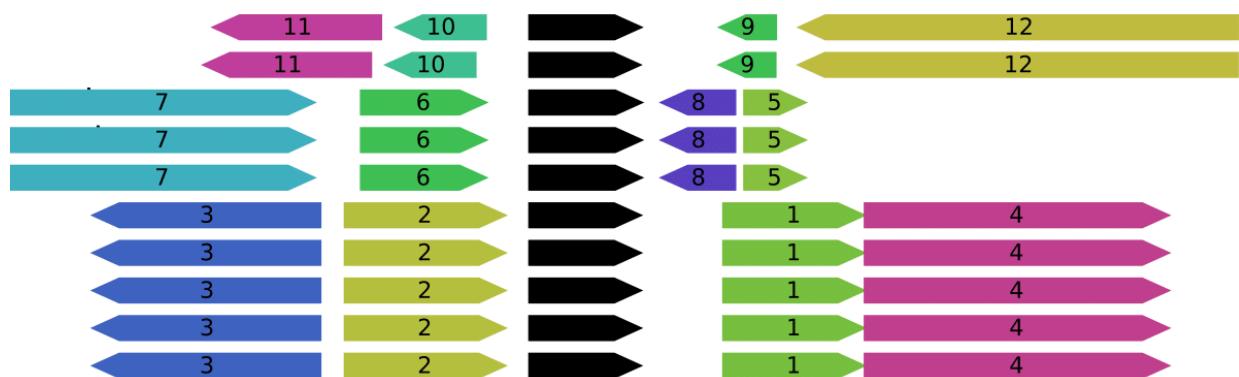
Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

spvD

Pseudomonas asplenii strain ATCC 23835 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_010921598.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Pseudomonas asplenii*.

Patogeniczność:

Pseudomonas asplenii jest patogenem *Asplenium nidus* powodującym plamistość i zarazę liści²².



Rycina 31. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvD*. Organizm pierwszy od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:

1 - Biało zawierające domenę wiążącą substratu transportera odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_019827253.1)

2 - Regulator transkrypcji z rodziny AraC (NCBI Reference Sequence: WP_037032591.1)

3 - Alfa-glukozydaza/alfa-galaktozydaza (NCBI Reference Sequence: WP_019827250.1)

4 - Akonitaza X (NCBI Reference Sequence: WP_198821953.1)

5 - Biało zawierające domenę helisa-turn-helisa (NCBI Reference Sequence: WP_001541541.1)

6 - Liazą fosfotreoninową SpvC - efektor układu wydzielaniczego typu III helisa (NCBI Reference Sequence: WP_010904474.1)

7 - ADP-rybozylotransferaza SpvB (NCBI Reference Sequence: WP_079961211.1)

8 - Transpozaza z rodziny IS200/IS605 (NCBI Reference Sequence: WP_338631372.1)

9 - Ferredoksyna FdxA (NCBI Reference Sequence: WP_003222178.1)

10 - Czynnik sigma polimerazy RNA (NCBI Reference Sequence: WP_017906192.1)

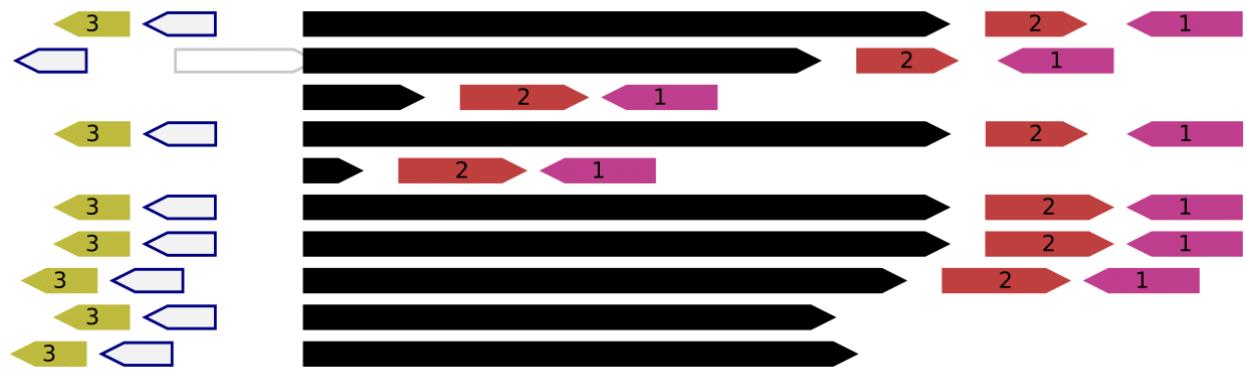
11 - Biało z rodziny FecR (NCBI Reference Sequence: WP_017906193.1)

12 - Biało naprawy niedopasowania DNA MutS (NCBI Reference Sequence: WP_198291680.1)

Achromobacter xylosoxidans isolate AX NCIMB 11015 WG posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_202745693.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Achromobacter xylosoxidans*.

Patogeniczność:

Achromobacter xylosoxidans jest środowiskowym patogenem oportunistycznym, który infekuje coraz większą liczbę pacjentów z obniżoną odpornością²³.

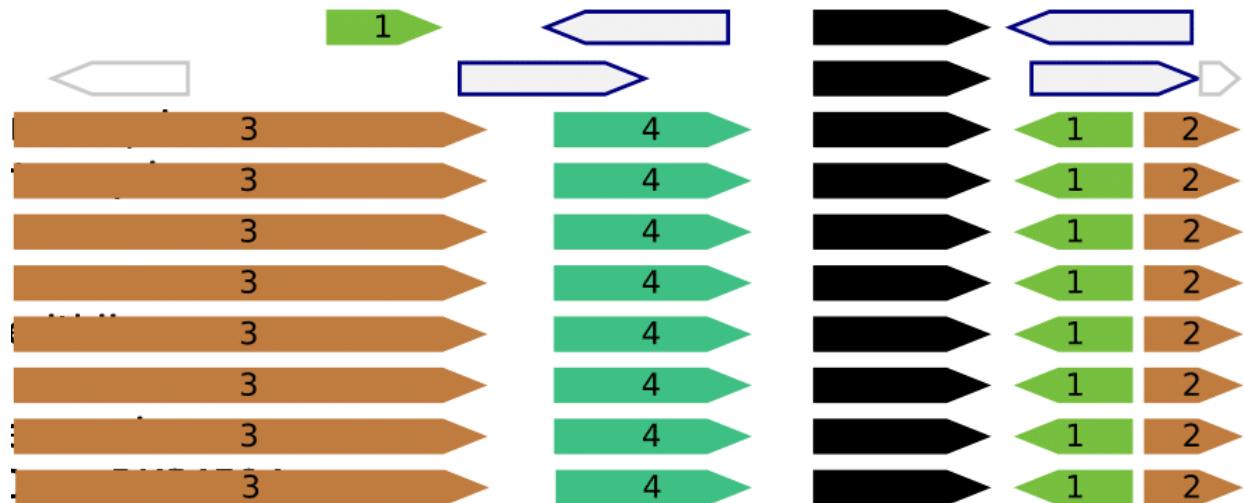


Rycina 32. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvD*. Organizm drugi od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Inhibitor lizozymu z rodziny białek *LprL IS605* (NCBI Reference Sequence: WP_237732084.1)
2 - Białko F-box (NCBI Reference Sequence: WP_202730330.1)
3 - Hipotetyczne białko (NCBI Reference Sequence: WP_155865448.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Edwardsiella ictaluri strain Ei-40 posiada odpowiednik (NCBI Reference Sequence: WP_198077338.1) przypisany do wielu szczepów bakterii w obrębie gatunku *Edwardsiella ictaluri*.

Patogeniczność: *Edwardsiella ictaluri* to patogen zaadaptowany do ryb. Powoduje on wysoce śmiertelną posocznice jelitową²⁴.



Rycina 33. Wynik pracy narzędzia webFlaGs. Sekwencja zaznaczona kolorem czarnym to potencjalny odpowiednik *spvD*. Organizm pierwszy od góry to ten, którego sąsiedztwo analizujemy. Produkty ekspresji genów flankujących:
1 - Transpozaza z rodziny IS200/IS605 (NCBI Reference Sequence: WP_000064919.1)
2 - Biały zawierające domenę helisa-turn-helisa (NCBI Reference Sequence: WP_079786278.1)
3 - SPI-2 efektor systemu wydzielania typu III NAD(+)–proteinowo-argininowa ADP-rybozylotransferaza *SpvB* (NCBI Reference Sequence: WP_329542378.1)
4 - Liazą fosfotreoninowa *SpvC* - efektor układu wydzielania typu III (NCBI Reference Sequence: WP_329542380.1)

Geny wypełnione szarym kolorem z fioletowym obramowaniem to pseudogeny¹⁰.

Podziękowania

Pragnę serdecznie podziękować Panu mgr. Marcelowi Thielowi za udzieloną ekspertyzę oraz cenne konsultacje, które miały istotny wpływ na powstanie niniejszej pracy licencjackiej. Jego zaangażowanie, rzeczowe uwagi oraz wsparcie merytoryczne były dla mnie niezwykle pomocne na każdym etapie przygotowywania pracy.

Referencje

1. Guiney, D. G., Fang, F. C., Krause, M. & Libby, S. Plasmid-mediated virulence genes in non-typhoid *Salmonella* serovars. *FEMS Microbiol Lett* **124**, 1–9 (1994).
2. Guiney, D. G. & Fierer, J. The role of the *spv* genes in *Salmonella* pathogenesis. *Front Microbiol* **2**, (2011).
3. Kang, L., You, J., Li, Y., Huang, R. & Wu, S. Effects and mechanisms of *Salmonella* plasmid virulence gene *spv* on host-regulated cell death. *Current Microbiology* vol. 81 Preprint at <https://doi.org/10.1007/s00284-024-03612-0> (2024).
4. Passaris, I., Cambré, A., Govers, S. K. & Aertsen, A. Bimodal expression of the *salmonella* *typhimurium* *spv* operon. *Genetics* **210**, 621–635 (2018).
5. Grabe, G. J. et al. The *Salmonella* effector SpvD is a cysteine hydrolase with a serovar-specific polymorphism influencing catalytic activity, suppression of immune responses, and bacterial virulence. *Journal of Biological Chemistry* **291**, 25853–25863 (2016).
6. Roudier, C., Fierer, J. & Guiney', D. G. *Characterization of Translation Termination Mutations in the Spv Operon of the Salmonella Virulence Plasmid PSDL2*. *JOURNAL OF BACTERIOLOGY* vol. 174 <https://journals.asm.org/journal/jb> (1992).
7. Crooks, G. E., Hon, G., Chandonia, J. M. & Brenner, S. E. WebLogo: A sequence logo generator. *Genome Res* **14**, 1188–1190 (2004).
8. Abramson, J. et al. Accurate structure prediction of biomolecular interactions with AlphaFold 3. *Nature* **630**, 493–500 (2024).
9. Heberle, H., Meirelles, V. G., da Silva, F. R., Telles, G. P. & Minghim, R. InteractiVenn: A web-based tool for the analysis of sets through Venn diagrams. *BMC Bioinformatics* **16**, (2015).
10. Saha, C. K., Pires, R. S., Brolin, H., Delannoy, M. & Atkinson, G. C. FlaGs and webFlaGs: Discovering novel biology through the analysis of gene neighbourhood conservation. *Bioinformatics* **37**, 1312–1314 (2021).
11. Sami, H. et al. Citrobacter as a uropathogen, its prevalence and antibiotics susceptibility pattern. *CHRISMED Journal of Health and Research* **4**, 23 (2017).
12. Singh, N., Goel, G. & Raghav, M. Insights into virulence factors determining the pathogenicity of *cronobacter sakazakii*. *Virulence* vol. 6 433–440 Preprint at <https://doi.org/10.1080/21505594.2015.1036217> (2015).
13. Yang, J. et al. Klebsiella oxytoca Complex: Update on Taxonomy, Antimicrobial Resistance, and Virulence. *Clinical Microbiology Reviews* vol. 35 Preprint at <https://doi.org/10.1128/CMR.00006-21> (2022).
14. Price, E. P. et al. Accurate and Rapid Identification of the *Burkholderia pseudomallei* Near-Neighbour, *Burkholderia ubonensis*, Using Real-Time PCR. *PLoS One* **8**, (2013).
15. Orbea, M., Fortini, M., Amerson-Brown, M. H., Palazzi, D. L. & Dunn, J. J. *Mycetohabitans rhizoxinica* bacteremia in the setting of invasive fungal disease in an immunocompromised patient. *ASM Case Reports* **1**, (2025).
16. Cuppels, D. A. & Ainsworth, T. *Molecular and Physiological Characterization of Pseudomonas Syringae Pv. Tomato and Pseudomonas Syringae Pv. Maculicola Strains That Produce the Phytotoxin Coronatine*. *APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY* vol. 61 <https://journals.asm.org/journal/aem> (1995).
17. Dutta, T. K., Mathur, C., Mandal, A. & Somvanshi, V. S. The differential strain virulence of the candidate toxins of *Photorhabdus akhurstii* can be correlated with their inter-strain gene sequence diversity. *3 Biotech* **10**, 299 (2020).
18. Rodou, A., Ankrah, D. O. & Stathopoulos, C. Toxins and secretion systems of *Photorhabdus luminescens*. *Toxins (Basel)* **2**, 1250–1264 (2010).
19. Liao, C.-H. et al. *Identification of Gene Loci Controlling Pectate Lyase Production and Soft-Rot Pathogenicity in Pseudomonas Marginalis1*. *NRC Canada Can. J. Microbiol* vol. 43 www.nrcresearchpress.com (1997).

20. Yang, C. H. & Li, Y. H. Chromobacterium violaceum infection: A clinical review of an important but neglected infection. *Journal of the Chinese Medical Association* **74**, 435–441 (2011).
21. Siddi, G. et al. Pathogenic profile and antimicrobial resistance of Escherichia coli, Escherichia marmotae and Escherichia ruyiae detected from hunted wild boars in Sardinia (Italy). *Int J Food Microbiol* **421**, 110790 (2024).
22. Lampel, K. A., Formalt, S. B. & Maurelli, A. T. A Brief History of Shigella. *EcoSal Plus* **8**, (2018).
23. Tim Holm Jakobsen & Martin Asser Hansen. Complete Genome Sequence of the Cystic Fibrosis Pathogen Achromobacter Xylosoxidans NH44784-1996 Complies with Important Pathogenic Phenotypes. *PLoS One* **11**, (2016).
24. Keskin Selçuk Seçer Müjgan İzgür, O. *Edwardsiella Ictaluri Infection in Rainbow Trout (Oncorhynchus Mykiss)*. *Turkish Journal of Veterinary & Animal Sciences* vol. 28 (2004).

Materiały dodatkowe

Tabela nr.1 - Zbiór wszystkich organizmów pozyskanych do analizy z podziałem kolorystycznym.

Tabela nr.2 - Zbiór wszystkich organizmów posiadających gen o sekwencji podobnej do *spvR* organizmu referencyjnego. Kolumna „skład” opisuje jakie geny podobne do genów referencyjnych posiada organizm. Kolumna „taxid” opisuje numer używany do klasyfikacji taksonomicznej organizmów NCBI Taxonomy Browser (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>). Kolumna „LOKALIZACJA” opisuje miejsce występowania genu. Kolumna „NT” opisuje procentowe pokrycie sekwencji nukleotydowej w stosunku do sekwencji genu referencyjnego. Kolumna „AA” opisuje procentowe pokrycie sekwencji aminokwasowej w stosunku do sekwencji aminokwasowej białka pochodzącego od organizmu referencyjnego.

Tabela nr.3 - Zbiór wszystkich organizmów posiadających gen o sekwencji podobnej do *spvA* organizmu referencyjnego. Kolumna „skład” opisuje jakie geny podobne do genów referencyjnych posiada organizm. Kolumna „taxid” opisuje numer używany do klasyfikacji taksonomicznej organizmów NCBI Taxonomy Browser (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>). Kolumna „LOKALIZACJA” opisuje miejsce występowania genu. Kolumna „NT” opisuje procentowe pokrycie sekwencji nukleotydowej w stosunku do sekwencji genu referencyjnego. Kolumna „AA” opisuje procentowe pokrycie sekwencji aminokwasowej w stosunku do sekwencji aminokwasowej białka pochodzącego od organizmu referencyjnego.

Tabela nr.4 - Zbiór wszystkich organizmów posiadających gen o sekwencji podobnej do *spvB* organizmu referencyjnego. Kolumna „skład” opisuje jakie geny podobne do genów referencyjnych posiada organizm. Kolumna „taxid” opisuje numer używany do klasyfikacji taksonomicznej organizmów NCBI Taxonomy Browser (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>). Kolumna „LOKALIZACJA” opisuje miejsce występowania genu. Kolumna „NT” opisuje procentowe pokrycie sekwencji nukleotydowej w stosunku do sekwencji genu

referencyjnego. Kolumna „AA” opisuje procentowe pokrycie sekwencji aminokwasowej w stosunku do sekwencji aminokwasowej białka pochodzącego od organizmu referencyjnego.

Tabela nr.5 - Zbiór wszystkich organizmów posiadających gen o sekwencji podobnej do *spvC* organizmu referencyjnego. Kolumna „skład” opisuje jakie geny podobne do genów referencyjnych posiada organizm. Kolumna „taxid” opisuje numer używany do klasyfikacji taksonomicznej organizmów NCBI Taxonomy Browser (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>). Kolumna „LOKALIZACJA” opisuje miejsce występowania genu. Kolumna „NT” opisuje procentowe pokrycie sekwencji nukleotydowej w stosunku do sekwencji genu referencyjnego. Kolumna „AA” opisuje procentowe pokrycie sekwencji aminokwasowej w stosunku do sekwencji aminokwasowej białka pochodzącego od organizmu referencyjnego.

Tabela nr.6 - Zbiór wszystkich organizmów posiadających gen o sekwencji podobnej do *spvD* organizmu referencyjnego. Kolumna „skład” opisuje jakie geny podobne do genów referencyjnych posiada organizm. Kolumna „taxid” opisuje numer używany do klasyfikacji taksonomicznej organizmów NCBI Taxonomy Browser (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi>). Kolumna „LOKALIZACJA” opisuje miejsce występowania genu. Kolumna „NT” opisuje procentowe pokrycie sekwencji nukleotydowej w stosunku do sekwencji genu referencyjnego. Kolumna „AA” opisuje procentowe pokrycie sekwencji aminokwasowej w stosunku do sekwencji aminokwasowej białka pochodzącego od organizmu referencyjnego.

Tabela nr.1
Wszystkie organizmy
Salmonella_enterica_strain_UWI-PS_6_isolate_CFSAN103852_plasmid_pUWI-PS6.2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_-strain_PNCS014846_plasmid_p08-4425.2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_12_i_-strain_CFIAFB20160237_plasmid_unnamed_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_5_12_i_-strain_PNCS014854_plasmid_pPNCS014854_S1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Abortusequi_strain_XJP1_plasmid_pXJP-1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._3114_plasmid_pVIRBov_complete_sequence_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._Sal610_plasmid_pSal610
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_strain_SB699_plasmid_pSCD1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._ATCC_10708_plasmid_pCFSAN000679_01_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._SC-B67_plasmid_pSCV50_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_strain_CVM_28296_plasmid_p28296-1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._ATCC_39184_plasmid_pATCC39184_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CFSAN000517_strain_SGSC_2470_isolate_SARB13_plasmid_pCFSAN000517_1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CT_02021853_plasmid_pCT02021853_74_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._18569_plasmid_pCFSAN000006_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._607307-2_plasmid_pCFSAN000045_2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._CDC_2010K_0968_strain_CDC_2010K-0968_plasmid_p00_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20090641_plasmid_pSE9-641_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20120005_plasmid_pSE12-5_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._LA5_pSLA5_plasmid_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._P125109_PT4_plasmid_pSEN_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._RM2968_plasmid_pRM2968-1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_Pullorum_strain_R51_plasmid_unnamed2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_str._287_91_plasmid_pSG_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Hissar_strain SCPM-O-B-4549_plasmid_pB-4549_1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Javiana_str._CFSAN001992_plasmid_pCFSAN001992_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kottbus_strain_DSK01_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Newlands_strain_ZC-S1_3rd_plasmid_p_ZC-S1_3rd_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_07-0715_plasmid_unnamed_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_RKS4594_plasmid_pSPCV_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._ATCC_9120_plasmid_pCFSAN000725_01_complete_sequence

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._CFSAN000606_strain_SGSC_2508_isolate_SARB51_plasmid_pCFSAN000606_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_DT104_plasmid_pDT104_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._14028S_plasmid_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._798_plasmid_p798_93_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2009K-1640_plasmid_pSTY1-2009K-1640_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2011K-1702_plasmid_pSTY1-2011K-1702_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_H2662_plasmid_pSTY1-H2662_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._DT2_plasmid_pSLT_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._L-3553_plasmid_pST3553_DNA_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._LT2_plasmid_pSLT_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SARA13_plasmid_pSARA13_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SL1344_plasmid_pSLT_SL1344_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._T000240_plasmid_pSTM-DT12_L_DNA_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._UK-1_plasmid_pSTU-K-100_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1808_plasmid_pSTY1-1808_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1810_plasmid_pSTY1-1810_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1898_plasmid_pSTY2-1898_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1899_plasmid_pSTY1-1899_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_D23580_genome_assembly_plasmid_D23580_iv_pSLT-BT
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_Z1323HSL0048_plasmid_pZ1323HSL0048-3_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_var._5_-strain_CVM_N16S132_plasmid_pN16S132
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_16_z4_z32__strain_RKS3027_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_Houten_strain_NCTC10401_genome_assembly_chromosome_1
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_str._CFSAN000552_isolate_SARC10_chromosome_complete_genome
Salmonella_sp._174_plasmid_pA_complete_sequence
Salmonella_sp._3C_plasmid_pTL-2_complete_sequence
Salmonella_sp._A39_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Salmonella_sp._CVCC_1806_plasmid_p1_complete_sequence
Salmonella_sp._FORC89_plasmid_pFORC89_complete_sequence
Salmonella_sp._SAL-007_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Salmonella_sp._SAL-020_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Salmonella_sp._SAL-045_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Salmonella_sp._SJTUF14523_plasmid_p14523B_complete_sequence

Salmonella_sp._SJTUF15034_plasmid_p15034B_complete_sequence
Salmonella_sp._strain_ZCX_plasmid_unnamed2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_41_z4_z23_-str_01-0089_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_13_g_z51_-strain_2009K0967_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_41_z4_z23_-strain_2016K-0011_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_53_--str_SA20100345_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_62_z36_-str_RKS2983_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_62_z4_z23_-strain_RSK2980_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_serovar_63_g_z51_-strain_SA19981204_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_RM100_plasmid_pRM100_2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_92-0392_plasmid_pSE92-0392_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022631_plasmid_pCFSAN022631_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_strain_QJ-2D-Sal_plasmid_pQJDsal2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_16A242_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_strain_SCPM-O-B-4548_plasmid_pB-4548_1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_strain_LHICA_AZ23_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str_U288_plasmid_pSTU288-1_complete_sequence
Edwardsiella_ictaluri_strain_Ei-54_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_marginalis_strain_MGMM3_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_poae_strain_5BF_chromosome
Pseudomonas_sp._FP2338_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._antirrhini_str_126_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_strain_pss-2019_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._tomato_strain_GM_113_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022623_plasmid_pCFSAN022623_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_plasmid_pSPUV_complete_sequence
Edwardsiella_ictaluri_strain_Ei-40shipment7_chromosome_complete_genome
Escherichia_marmotae_strain_HT073016_plasmid_pEM76_complete_sequence
Pseudomonas_sp._R11-23-07_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_synxantha_strain_30B_chromosome_complete_genome
Burkholderia_rhizoxinica_HKI_454_plasmid_pBRH01_complete_sequence
Burkholderia_savannae_strain_MSMB266_plasmid_pMSMB0266_complete_sequence
Burkholderia_singularis_strain_MSMB0175_chromosome_2_complete_sequence

Burkholderia_ubonensis_strain_RF23-BP41_plasmid_pRF23_complete_sequence
Mycetohabitans_endofungorum_strain_B60_chromosome_complete_genome
Mycetohabitans_rhizoxinica_strain_B47_plasmid_megaplasmid_complete_sequence
Mycoavidus_cystein exigens_DNA_complete_genome_strain_B1-EB
Photorhabdus_akhurstii_strain_IARI-SGHR2_TccA_gene_complete_cds
Photorhabdus_hindustanensis_strain_IARI-SGMG3_TccA_gene_complete_cds
Photorhabdus_laumondii_subsp._laumondii_strain_DJC_chromosome_complete_genome
Photorhabdus_luminescens_strain_W14_toxin_complex_tcc_locus_partial_sequence
Photorhabdus_luminescens_subsp._laumondii_TTO1_complete_genome_segment_15_17
Photorhabdus_temperata_FFPRI_2_DNA_complete_genome
Photorhabdus_temperata_strain_M1021_insecticidal_toxin_complex_gene_locus_partial_sequence
Photorhabdus_temperata_subsp._thracensis_strain_DSM_15199_complete_genome
Pseudomonas_antarctica_strain_BS2772_genome_assembly_chromosome_I
Pseudomonas brassicacearum_strain_R401_chromosome_complete_genome
Pseudomonas brassicacearum_subsp._brassicacearum_NFM421_complete_genome
Pseudomonas_chlororaphis_strain_DSM_295782_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_coleopterorum_strain_DJ13_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_fluorescens_strain_FW300-N2E3_complete_genome
Pseudomonas_helvetica_strain_DGS28_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_mediterranea_strain_as656_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_migulae_strain_HY-2_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_ogarae_strain_SWRI108_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_rhizosphaerae_strain_DSM_16299_complete_genome
Pseudomonas_sp._DR48_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._MPB03_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._NA-150_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R1-43-08_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R2-37-08W_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R2-60-08W_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R2-7-07_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R3-52-08_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R4-34-07_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._R4-35-07_chromosome_complete_genome

Pseudomonas_sp_R4-39-08_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_strain_Ps25_chromosome
Rahnella_aquatilis_CIP_78.65_ATCC_33071_complete_genome
Rahnella_aquatilis_strain_MEMORY_chromosome_complete_genome
S.typhimurium_DNA_for_mkaB_gene
Salmonella_choleraesuis_plasmid_DNA_for_M2_and_M3_proteins
Salmonella_enterica_serovar_Choleraesuis_50k_virulence_plasmid_DNA_complete_sequence
Salmonella_enterica_SpvA_spvA_pseudogene_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_47_k_z35_strain_2015K-1072_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_48_i_z_strain_NWU_5_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_50_k_z_str_MZ0080_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_50_k_z_strain_RKS2978_chromosome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_58_r_z53_strain_28N_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_60_r_e_n_x_z15_strain_CFSAN044923_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_60_r_z_strain_2016K-0056_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_61_k_1_5_7_strain_14-SA00836-0_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_65_z10_e_n_x_z15_strain_2015K-0019_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_serovar_b_50_--strain_XXB1403_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_diarizonae_strain_11-01855_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_enterica_serovar_1_4_5_12_i_-strain_PNCS007098_plasmid_pPNCS007087.2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp_enterica_serovar_4_5_12_i_-strain_CVM_N18S0993_plasmid_pN18S0993-2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp_enterica_serovar_Dublin_strain_RM079_plasmid_pRM079_2_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp_enterica_serovar_Enteritidis_plasmid_pNL2001_genes_for_SpvA_SpvB_and_SpvC_complete_cds
Salmonella_enterica_subsp_enterica_serovar_Gallinarum_strain_SCPCM-O-B-4493_plasmid_pB-4493_1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp_enterica_serovar_Gallinarum_strain_SG9R_plasmid_SpvC_spvC_SpvB_spvB_SpvA_spvA_and_SpvR_spvR_genes_complete_cds
Salmonella_enterica_subsp_enterica_strain_Se32_plasmid_pSe32_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp_houtenae_serovar_1_40_g_z51_-strain_RKS3013_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_houtenae_serovar_43_z4_strain_CVM_24399_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_houtenae_serovar_44_z4_z32_-strain_2009K1701_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_houtenae_serovar_45_g_z51_-strain_20-369_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_VII_serovar_1_40_g_z51__strain_2439-64_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp_VII_str_CFSAN000554_strain_SGSC_3121_isolate_SARC16_chromosome_complete_genome
Serratia_marcescens_E41_plasmid_pE41_DNA_complete_sequence

Photorhabdus_akhurstii_strain_0805-P2R_chromosome_complete_genome
Photorhabdus_luminescens_subsp._luminescens_strain_ATCC_29999_insecticidal_toxin_complex_protein_tcaC_gene_complete_cds
Pseudomonas_sp._B21-010_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._P9_32_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._P9_35_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_OU7025_plasmid_pOU1113_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_PartC-Senterica-RM8376_plasmid_unnamed_complete_sequence
Burkholderia_oklahomensis_C6786_chromosome_1_complete_sequence
Chromobacterium_haemolyticum_CH06-BL_DNA_complete_genome
Chromobacterium_haemolyticum_strain_UGAL515B_03_chromosome_complete_genome
Chromobacterium_rhizoryzae_strain_32279_chromosome_complete_genome
Chromobacterium_sp._ATCC_53434_chromosome_complete_genome
Chromobacterium_sp._Rain0013_chromosome_complete_genome
Chromobacterium_violaceum_ATCC_12472_complete_genome
Chromobacterium_violaceum_strain_FDAARGOS_1274_chromosome_complete_genome
Chromobacterium_violaceum_strain_NCTC9695_genome_assembly_chromosome_1
Edwardsiella_ictaluri_93-146_chromosome_complete_genome
Edwardsiella_ictaluri_93-146_complete_genome
Edwardsiella_piscicida_C07-087_complete_genome
Edwardsiella_piscicida_strain_LADL99-462_chromosome_complete_genome
Edwardsiella_piscicida_strain_S07-262_chromosome_complete_genome
Escherichia_albertii_strain_BIA_17_plasmid_pEA17_1_complete_sequence
Escherichia_coli_53638_plasmid_p53638_226_complete_sequence
Escherichia_coli_O121_strain_201805972_plasmid_pINV_complete_sequence
Escherichia_coli_strain_B185_O148_H10_fimH562_3577_ST_Warwick_genome_assembly_chromosome_1
Microbulbifer_sp._MKSA007_plasmid_p_1_complete_sequence
Morganella_morganii_strain_Jiangxi_chromosome_complete_genome
Morganella_morganii_subsp._morganii_KT_complete_genome
Morganella_morganii_subsp._morganii_strain_ATCC_25830_chromosome_complete_genome
Paludibacterium_paludis_strain_BCRC_80514_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_alkylphenolica_strain_IMGN1_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_amygda.li_pv._lachrymans_str._M301315_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_amygda.li_pv._lachrymans_strain_NM002_chromosome_complete_genome

Pseudomonas_amygdaли_pv._tabaci_6605_DNA_complete_genome
Pseudomonas_amygdaли_pv._tabaci_str._ATCC_11528_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_amygdaли_stain_35-1_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_antarctica_stain_PAMC_27494_plasmid_pP27494_1_complete_sequence
Pseudomonas_avellanae_stain_R2leaf_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_chlororaphis_stain_PA23_complete_genome
Pseudomonas_reinekei_stain_BS3776_genome_assembly_chromosome_I
Pseudomonas_savastanoi_stain_CAS03_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_CC440_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_CC457_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_Cit_7_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_group_genomosp._3_isolate_CFBP6411_genome_assembly_chromosome_I
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae ICMP_18708_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae ICMP_18884_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae_str._Shaanxi_M228_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae_stain_MAFF212063_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._actinidifoliorum ICMP_18803_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._atrofaciens_stain_UPB_463_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._avii_isolate_CFBP3846_genome_assembly_chromosome_1
Pseudomonas_syringae_pv._lapsa_stain_ATCC_10859_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._maculicola_stain_MAFF_302723_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_B301D_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_HS191_complete_genome
Pseudomonas_syringae_pv._tomato_str._DC3000_complete_genome
Pseudomonas_syringae_stain_MUP17_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_UB303_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_UMAF0158_complete_genome
Pseudomonas_syringae_USA007_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_syringae_USA011_chromosome_complete_genome
Pseudovibrio_brasiliensis_stain_Ab134_chromosome
Pseudovibrio_sp._FO-BEG1_complete_sequence
Salmonella_enterica_subsp._arizonaе_stain_PartD-Sarizonae-RM8376_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Milwaukee_stain_SA19950795_plasmid_pIncFII.2_complete_sequence

Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_42_f_g_t--strain_RKS2986_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_48_z81_z39_strain_2015K-0023_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_56_b_1_5_strain_SA20053897_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_56_z10_e_n_x_strain_SA20011914_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_57_z29_z42_strain_ST114_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_58_c_z6_strain_2013K-0366_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_60_z10_z39_strain_2011K-1889_chromosome_complete_genome
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_Greenside_strain_NCTC9936_genome_assembly_chromosome_1
Salmonella_enterica_subsp._salamae_strain_CFSAN001013_chromosome_complete_genome
Shewanella_psychrophila_strain_WP2_complete_genome
Shigella_boydii_CDC_3083-94_plasmid_pBS512_211_complete_sequence
Shigella_boydii_Sb227_plasmid_pSB4_227_complete_sequence
Shigella_boydii_strain_ATCC_8700_plasmid_unnamed1
Shigella_boydii_strain_CIP_56-18_plasmid_pINV_complete_sequence
Shigella_dysenteriae_1617_plasmid_pSLG231_complete_sequence
Shigella_dysenteriae_Sd197_plasmid_pSD1_197_complete_sequence
Shigella_dysenteriae_strain_ATCC_12039_plasmid_unnamed_complete_sequence
Shigella_flexneri_1a_strain_0439_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Shigella_flexneri_1b_strain_SF-018-002_plasmid_psflex002A_complete_sequence
Shigella_flexneri_1c_strain_Y394_plasmid_pINV-Y394_complete_sequence
Shigella_flexneri_2002017_plasmid_pSFxv_1_complete_sequence
Shigella_flexneri_2a_str_301_virulence_plasmid_pCP301_complete_sequence
Shigella_flexneri_2a_strain_ATCC_29903_plasmid_unnamed1_complete_sequence
Shigella_flexneri_3a_isolate_83_genome_assembly_plasmid_83_VP
Shigella_flexneri_3a_strain_888048_plasmid_unnamed_complete_sequence
Shigella_flexneri_4c_strain_1205_plasmid_1205p2_complete_sequence
Shigella_flexneri_7b_strain_94-3007_plasmid_unnamed3_complete_sequence
Shigella_flexneri_G1663_plasmid_pG1663_complete_sequence
Shigella_flexneri_plasmid_pINV_F6_M1382_OspF_ospF_and_OspD2_ospD2_genes_complete_cds
Shigella_flexneri_strain_AUSMDU00021847_genome_assembly_plasmid_2
Shigella_flexneri_virulence_plasmid_pWR100_from_1_to_213494
Shigella_flexneri_Y_strain_93-3063_plasmid_unnamed3_complete_sequence
Shigella_sonnei_53G_plasmid_A_complete_genome

Shigella_sonnei_Ss046_plasmid_pSS_046_complete_sequence
Shigella_sonnei_strain_373220_plasmid_p373220_1_complete_sequence
Shigella_sonnei_strain_ST152_plasmid_pSO87_002_complete_sequence
Tatumella_ptyseos_strain_Sample4_4_chromosome_complete_genome
Thalassomonas_actiniarum_strain_A5K-106_chromosome_pTact_complete_sequence
TPA_exp_Pseudomonas_syringae_pv._syringae_B728a
Trinickia_caryophylli_strain_ATCC_25418_chromosome_1_complete_sequence
Achromobacter_xylosoxidans_isolate_AX_NCIMB_11015_WG_genome_assembly_chromosome_BN2877
Pseudomonas_asplenii_strain_ATCC_23835_genome_assembly_chromosome_I
Pseudomonas_psychrophila_strain_A_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_synxantha_strain_10586_genome_assembly_chromosome_1
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_49-2444_plasmid_pSE49-2444_complete_sequence
unidentified_bacterial_endosymbiont_isolate_Enterobacter_chilo_genome_assembly_chromosome_1
Achromobacter_veterisilvae_strain_AB1_chromosome_complete_genome
Acidovorax_sp._BLS4_chromosome_complete_genome
Aciduricibacillus_chroicocephali_strain_44XB_chromosome_complete_genome
Amedibacterium_intestinale_JCM_30884_DNA_complete_genome
Atlantibacter_hermannii_strain_NCTC12129_genome_assembly_chromosome_1
Bacillus_aerius_strain_KW1_chromosome_complete_genome
Bacillus_altitudinis_strain_Sample7_7_chromosome_complete_genome
Bacillus_amyloliquefaciens_CC178_complete_genome
Bacillus_amyloliquefaciens_strain_HM618_chromosome_complete_genome
Bacillus_amyloliquefaciens_subsp._plantarum_NAU-B3_complete_genome
Bacillus_amyloliquefaciens_subsp._plantarum_str._FZB42_complete_genome
Bacillus_amyloliquefaciens_Y2_complete_genome
Bacillus_pumilus_SAFR-032_chromosome_complete_genome
Bacillus_pumilus_strain_FUA2115_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._A1_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._AM1_2019_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._BH072_complete_genome
Bacillus_sp._BS1807G30_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FCW2_chromosome
Bacillus_sp._FSL_K6-0046_chromosome_complete_genome

Bacillus_sp._FSL_K6-0923_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_K6-1033_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_K6-2837_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_K6-2841_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_K6-2869_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_K6-3149_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_K6-4563_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_M7-0307_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_M8-0266_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_M8-0277_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R5-0286_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R5-0397_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R5-0422_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R5-0443_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R5-0820_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R7-0651_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R7-0672_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_R7-0675_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W7-1034_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W7-1085_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W7-1346_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W7-1582_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W8-0629_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W8-0920_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W8-1141_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._FSL_W8-1143_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._hwrm1_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._ms-22_chromosome_complete_genome
Bacillus_sp._PPSBB_11_chromosome
Bacillus_sp._SJ-10_chromosome_complete_genome
Bacillus_velezensis_AS43.3_complete_genome
Bacillus_velezensis_SQR9_complete_genome
Bacillus_velezensis_strain_PRO38_chromosome_complete_genome

Bacillus_velezensis_TrigoCor1448_chromosome_complete_genome
Bacillus_xiamensis_strain_VV3_chromosome_complete_genome
Bordetella_sp_N_genome
Chromobacterium_piscinae_strain_W1BCG_chromosome
Citrobacter_sp_CF971_chromosome_complete_genome
Comamonas_thooxydans_R2_DNA_complete_genome
Corallococcus_coralloides_DSM_2259_complete_genome
Corallococcus_coralloides_strain_B035_chromosome_complete_genome
Corallococcus_exercitus_strain_SDU142_chromosome_complete_genome
Corallococcus_interemotor_strain_YZPH-2_chromosome_complete_genome
Corallococcus_macrosporus_DSM_14697_chromosome_complete_genome
Corallococcus_sp_EGB_chromosome_complete_genome
Corallococcus_sp_NCRR_chromosome_complete_genome
Cronobacter_sakazakii_ATCC_BAA-894_complete_genome
Cronobacter_sakazakii_ES15_complete_genome
Cronobacter_sakazakii_SP291_complete_genome
Cronobacter_sakazakii_strain_CS-931_chromosome_complete_genome
Dissulfurimicrobium_hydrothermale_strain_Sh68_chromosome_complete_genome
Enterobacteriaceae_bacterium_bta3-1_complete_genome
Enterobacter_sp_155105_chromosome_complete_genome
Enterobacter_sp_JBIWA008_chromosome_complete_genome
Franconibacter_daqui_strain_HNU6-13_chromosome_complete_genome
Hafnia_alvei_strain_FDAARGOS_1038_chromosome
Klebsiella_aerogenes_strain_C272187_chromosome_complete_genome
Klebsiella_michiganensis_strain_8BG_chromosome_complete_genome
Klebsiella_oxytoca_isolate_145_genome_assembly_chromosome_main
Lacrimispora_sinapis_strain_JR3_chromosome_complete_genome
Lacrimispora_sp_HJ-01_chromosome_complete_genome
Lacrimispora_xylinisolvens_strain_ASCUSBR21_chromosome_complete_genome
Lacrimispora_xylytlica_strain_sy1_chromosome_complete_genome
Lelliottia_amnigena_strain_JUb66_chromosome
Lelliottia_sp_JS-SCA-14_chromosome_complete_genome
Leminorella_grimontii_strain_LG-KP-E1-2-T0_chromosome_complete_genome

MAG_Hafnia_paralvei_isolate_UW_FK_HAF1_1_chromosome
MAG_Pseudomonas_hunanensis_isolate_7c4130d5-e296-482e-aaf2-ca483165042d_genome_assembly_chromosome_1
Methylorubrum_populi_strain_YC-XJ1_chromosome_complete_genome
Myxococcus_hansupus_strain_mixupus_complete_genome
Myxococcus_macrosporus_strain_HW-1_complete_genome
Myxococcus_sp._MxC21-1_chromosome_complete_genome
Myxococcus_xanthus_DK_1622_complete_genome
Myxococcus_xanthus_DZ2_chromosome_complete_genome
Myxococcus_xanthus_strain_R31_chromosome_complete_genome
Nocardia_sp._NBC_00508_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_amylolyticus_strain_Sample9_7_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_pabuli_strain_E1_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_sp._DCT19_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_sp._FSL_H8-0280_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_sp._FSL_K6-0108_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_sp._FSL_M8-0142_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_sp._FSL_R5-0341_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_sp._FSL_R7-0313_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_tundrae_strain_MLY93_chromosome_complete_genome
Paenibacillus_xylanexedens_strain_BH4_chromosome_complete_genome
Paraburkholderia_pallida_strain_7MH5_chromosome_2
Peribacillus_frigoritolerans_strain_LC22_chromosome_complete_genome
Priestia_megaterium_strain_F20_plasmid_unnamed3_complete_sequence
Pseudomonas_abieticivorans_strain_PIA16_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_allroputida_strain_CBMAL1_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_capeferrum_strain_TDA1_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_kermanshahensis_strain_Mr36_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_kurunegalensis_strain_NMI3456_12_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_monteilii_STW0522-72_DNA_complete_genome
Pseudomonas_putida_B6-2_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_putida_BIRD-1_complete_genome
Pseudomonas_putida_DOT-T1E_complete_genome
Pseudomonas_putida_GB-1_chromosome_complete_genome

Pseudomonas_putida_group_bacterium_ESBL64_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_putida_JB_complete_genome
Pseudomonas_putida_NBRC_14164_DNA_complete_genome
Pseudomonas_putida_ND6_complete_genome
Pseudomonas_putida_S12_complete_genome
Pseudomonas_putida_S13.1.2_complete_genome
Pseudomonas_putida_SJTE-1_complete_genome
Pseudomonas_putida_strain_N1R_genome_assembly_chromosome_I
Pseudomonas_sp._10_2024_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._13.2_chromosome
Pseudomonas_sp._Ap32_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._App30_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._B21-031_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._B21-047_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._BNK-15_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._BNK-30_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._BO3-4_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._CFA_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._CIP-10_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._DCA-1_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._HD6515_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._HN2-3_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._IsoF_chromosome
Pseudomonas_sp._JY-Q_complete_genome
Pseudomonas_sp._LPB4.O_chromosome
Pseudomonas_sp._LPD2_chromosome
Pseudomonas_sp._LTGT-11-2Z_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._LTR0_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._NY8896_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._NY8938_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._NyZ480_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._P1B16_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._Rh2_chromosome_complete_genome

Pseudomonas_sp._SK2_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._SWI36_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._SWI44_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._SWI6_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_sp._VLB120_complete_genome
Pseudomonas_sp._XWY-1_chromosome_complete_genome
Pseudomonas_taiwanensis_strain_WRS8_chromosome_complete_genome
Rahnella_sikkimica_strain_ERMR1_05_chromosome_complete_genome
Rosselloomorea_marisflavi_strain_151-25_chromosome_complete_genome
Shewanella_algae_strain_A291_chromosome_complete_genome
Shewanella_amazonensis_SB2B_complete_genome
Shewanella_avicenniae_strain_FJAT-51800_chromosome_complete_genome
Shewanella_carassii_TUM17387_DNA_complete_genome
Shewanella_chilikensis_strain_NTT9_chromosome_complete_genome
Shewanella_dokdonensis_strain_DSM_23626_chromosome_complete_genome
Shewanella_indica_strain_Colony474_chromosome
Shewanella_khirikhana_strain_JW44_chromosome_complete_genome
Shewanella_litorisediminis_strain_SMK1-12_chromosome_complete_genome
Shewanella_sp._FJAT-52076_chromosome_complete_genome
Shewanella_sp._NFH-SH190041_DNA_complete_genome
Shewanella_yunxiaonensis_strain_FJAT-54481_chromosome_complete_genome
Shewanella_zhangzhouensis_strain_FJAT-52072_chromosome_complete_genome
Staphylococcus_carnosus_strain_TMW_2.1596_chromosome_complete_genome
Staphylococcus_carnosus_subsp._carnosus_TM300_complete_genome
Staphylococcus_condimenti_strain_FDAARGOS_1148_chromosome_complete_genome
Stigmatella_aurantiaca_DW4_3-1_complete_genome
Ureibacillus_sp._FSL_K6-8385_chromosome_complete_genome
Yokenella_regensburgei_strain_W13_chromosome_complete_genome

Tabela nr.2

organizm	skład	taxid	LOKALIZACJA	NT	AA
Achromobacter_veterisilvae_strain_AB1_chromosome_complete_genome	R	2069367	CHROMOSOM	27%	10%
Acidovorax_sp._BLS4_chromosome_complete_genome	R	3273430	CHROMOSOM	27%	10%
Aciduricibacillus_chroicocephali_strain_44XB_chromosome_completere_genome	R	3054939	CHROMOSOM	30%	8%
Amedibacterium_intestinale_JCM_30884_DNA_complete_genome	R	2583452	-	28%	7%
Atlantibacter_hermannii_strain_NCTC12129_genome_assembly_chromosome_1	R	565	CHROMOSOM	41%	26%
Bacillus_aerius_strain_KW1_chromosome_complete_genome	R	293388	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_altitudinis_strain_Sample7_7_chromosome_complete_genome	R	293387	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_amyloliquefaciens_CC178_complete_genome	R	1412898	-	28%	6%
Bacillus_amyloliquefaciens_strain_HM618_chromosome_complete_genome	R	1390	CHROMOSOM	28%	6%
Bacillus_amyloliquefaciens_subsp._plantarum_NAU-B3_complete_genome	R	1385727	-	37%	5%
Bacillus_amyloliquefaciens_subsp._plantarum_str._FZB42_complete_genome	R	326423	-	28%	6%
Bacillus_amyloliquefaciens_Y2_complete_genome	R	1155777	-	37%	5%
Bacillus_pumilus_SAFR-032_chromosome_complete_genome	R	315750	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_pumilus_strain_FUA2115_chromosome_complete_genome	R	1408	CHROMOSOM	37%	22%

Bacillus_sp._A1_chromosome_complete_genome	R	228104	CHROMOSOM	37%	5%
Bacillus_sp._AM1_2019_chromosome_complete_genome	R	2665175	CHROMOSOM	37%	5%
Bacillus_sp._BH072_complete_genome	R	1570330	-	37%	5%
Bacillus_sp._BS1807G30_chromosome_complete_genome	R	3153756	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._FCW2_chromosome	R	2867004	CHROMOSOM	37%	5%
Bacillus_sp._FSL_K6-0046_chromosome_complete_genome	R	2921409	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-0923_chromosome_complete_genome	R	2921454	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-1033_chromosome_complete_genome	R	2921459	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-2837_chromosome_complete_genome	R	2921479	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-2841_chromosome_complete_genome	R	2921481	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-2869_chromosome_complete_genome	R	2921485	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-3149_chromosome_complete_genome	R	2921488	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._FSL_K6-4563_chromosome_complete_genome	R	2921507	CHROMOSOM	37%	22%
Bacillus_sp._FSL_M7-0307_chromosome_complete_genome	R	2921530	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._FSL_M8-0266_chromosome_complete_genome	R	2921569	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_sp._FSL_M8-0277_chromosome_complete_genome	R	2921570	CHROMOSOM	37%	22%

Bacillus_sp._FSL_R5-0286_chromosome_complete_genome	R	2954620	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_R5-0397_chromosome_complete_genome	R	2954558	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_R5-0422_chromosome_complete_genome	R	2921577	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_sp._FSL_R5-0443_chromosome_complete_genome	R	2975302	CHROMOSOM	28%	6%
Bacillus_sp._FSL_R5-0820_chromosome_complete_genome	R	2954560	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_R7-0651_chromosome_complete_genome	R	2954563	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_sp._FSL_R7-0672_chromosome_complete_genome	R	2921587	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_sp._FSL_R7-0675_chromosome_complete_genome	R	2921588	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_sp._FSL_W7-1034_chromosome_complete_genome	R	2954564	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_W7-1085_chromosome_complete_genome	R	2921694	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_W7-1346_chromosome_complete_genome	R	2954565	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_W7-1582_chromosome_complete_genome	R	2954566	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_W8-0629_chromosome_complete_genome	R	2954626	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_W8-0920_chromosome_complete_genome	R	2954636	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._FSL_W8-1141_chromosome_complete_genome	R	2954646	CHROMOSOM	36%	21%
Bacillus_sp._FSL_W8-1143_chromosome_complete_genome	R	2954647	CHROMOSOM	37%	21%

Bacillus_sp._hwrn1_chromosome_complete_genome	R	3315613	CHROMOSOM	28%	6%
Bacillus_sp._ms-22_chromosome_complete_genome	R	2683680	CHROMOSOM	36%	22%
Bacillus_sp._PPSBB_11_chromosome	R	3125777	CHROMOSOM	37%	21%
Bacillus_sp._SJ-10_chromosome_complete_genome	R	563169	CHROMOSOM	37%	5%
Bacillus_velezensis_AS43.3_complete_genome	R	1225788	-	28%	3%
Bacillus_velezensis_SQR9_complete_genome	R	1423138	-	28%	6%
Bacillus_velezensis_strain_PRO38_chromosome_complete_genome	R	492670	CHROMOSOM	37%	5%
Bacillus_velezensis_TrigoCor1448_chromosome_complete_genome	R	1449088	CHROMOSOM	28%	6%
Bacillus_xiamensis_strain_VV3_chromosome_complete_genome	R	1178537	CHROMOSOM	36%	22%
Bordetella_sp._N_genome	R	1746199	-	28%	11%
Chromobacterium_piscinae_strain_W1BCG_chromosome	R	686831	CHROMOSOM	31%	21%
Citrobacter_sp._CF971_chromosome_complete_genome	R	2566012	CHROMOSOM	41%	22%
Comamonas_thiooxydans_R2_DNA_complete_genome	R	363952	-	28%	4%
Corallococcus_coralloides_DSM_2259_complete_genome	R	1144275	-	35%	4%
Corallococcus_coralloides_strain_B035_chromosome_complete_genome	R	184914	CHROMOSOM	35%	4%
Corallococcus_exercitus_strain_SDU142_chromosome_complete_genome	R	2316736	CHROMOSOM	35%	10%

Corallococcus_interemptor_strain_YZPH-2_chromosome_complete_genome	R	2316720	CHROMOSOM	35%	4%
Corallococcus_macrosporus_DSM_14697_chromosome_complete_genome	R	1189310	CHROMOSOM	34%	4%
Corallococcus_sp._EGB_chromosome_complete_genome	R	1521117	CHROMOSOM	36%	5%
Corallococcus_sp._NCRR_chromosome_complete_genome	R	2996782	CHROMOSOM	35%	11%
Cronobacter_sakazakii_ATCC_BAA-894_complete_genome	R	290339	-	39%	24%
Cronobacter_sakazakii_ES15_complete_genome	R	1138308	-	39%	16%
Cronobacter_sakazakii_SP291_complete_genome	R	956149	-	39%	24%
Cronobacter_sakazakii_strain_CS-931_chromosome_complete_genome	R	28141	CHROMOSOM	39%	24%
Dissulfurimicrobium_hydrothermale_strain_Sh68_chromosome_complete_genome	R	1750598	CHROMOSOM	31%	6%
Enterobacter_sp._155105_chromosome_complete_genome	R	2980499	CHROMOSOM	38%	21%
Enterobacter_sp._JBIWA008_chromosome_complete_genome	R	2831892	CHROMOSOM	38%	21%
Enterobacteriaceae_bacterium_bta3-1_complete_genome	R	1265478	-	39%	24%
Franconibacter_daqui_strain_HNU6-13_chromosome_complete_genome	R	2047724	CHROMOSOM	42%	28%
Hafnia_alvei_strain_FDAARGOS_1038_chromosome	R	569	CHROMOSOM	39%	24%
Klebsiella_aerogenes_strain_C272187_chromosome_complete_genome	R	548	CHROMOSOM	42%	27%
Klebsiella_michiganensis_strain_8BG_chromosome_complete_genome	R	1134687	CHROMOSOM	41%	27%

Klebsiella_oxytoca_isolate_145_genome_assembly_chromosome_main	R	571	CHROMOSOM	42%	26%
Lacrimispora_sinapis_strain_JR3_chromosome_complete_genome	R	3111456	CHROMOSOM	37%	26%
Lacrimispora_sp._HJ-01_chromosome_complete_genome	R	3375704	CHROMOSOM	34%	24%
Lacrimispora_xylanisolvens_strain_ASCUSBR21_chromosome_complete_genome	R	384636	CHROMOSOM	29%	6%
Lacrimispora_xylanolytica_strain_sy1_chromosome_complete_genome	R	29375	CHROMOSOM	36%	5%
Lelliottia_amnigena_strain_JUb66_chromosome	R	61646	CHROMOSOM	37%	26%
Lelliottia_sp._JS-SCA-14_chromosome_complete_genome	R	3110110	CHROMOSOM	40%	23%
Leminorella_grimontii_strain_LG-KP-E1-2-T0_chromosome_complete_genome	R	82981	CHROMOSON	40%	23%
MAG_Hafnia_paralvei_isolate_UW_FK_HAF1_1_chromosome	R	546367	CHROMOSOM	39%	25%
MAG_Pseudomonas_hunanensis_isolate_7c4130d5-e296-482e-aaf2-ca483165042d_genome_assembly_chromosome_1	R	1247546	CHROMOSOM	28%	7%
Methylorum_populi_strain_YC-XJ1_chromosome_complete_genome	R	223967	CHROMOSON	27%	8%
Myxococcus_hansupus_strain_mixupus_complete_genome	R	1297742	-	35%	19%
Myxococcus_macrosporus_strain_HW-1_complete_genome	R	35	-	34%	4%
Myxococcus_sp._MxC21-1_chromosome_complete_genome	R	3041439	CHROMOSOM	34%	19%
Myxococcus_xanthus_DK_1622_complete_genome	R	246197	-	35%	19%
Myxococcus_xanthus_DZ2_chromosome_complete_genome	R	1198133	CHROMOSOM	35%	19%

Myxococcus_xanthus_strain_R31_chromosome_complete_genome	R	34	CHROMOSOM	35%	19%
Nocardia_sp._NBC_00508_chromosome_complete_genome	R	2975992	CHROMOSOM	35%	22%
Paenibacillus_amylolyticus_strain_Sample9_7_chromosome_complet e_genome	R	1451	CHROMOSOM	38%	6%
Paenibacillus_pabuli_strain_E1_chromosome_complete_genome	R	1472	CHROMOSOM	38%	10%
Paenibacillus_sp._DCT19_chromosome_complete_genome	R	2211212	CHROMOSOM	38%	8%
Paenibacillus_sp._FSL_H8-0280_chromosome_complete_genome	R	2921382	CHROMOSOM	36%	4%
Paenibacillus_sp._FSL_K6-0108_chromosome_complete_genome	R	2921417	CHROMOSOM	27%	5%
Paenibacillus_sp._FSL_M8-0142_chromosome_complete_genome	R	2954525	CHROMOSOM	34%	17%
Paenibacillus_sp._FSL_R5-0341_chromosome_complete_genome	R	2921636	CHROMOSOM	28%	5%
Paenibacillus_sp._FSL_R7-0313_chromosome_complete_genome	R	2954532	CHROMOSOM	37%	1%
Paenibacillus_tundrae_strain_MLY93_chromosome_complete_gen ome	R	528187	CHROMOSOM	38%	7%
Paenibacillus_xylanexedens_strain_BH4_chromosome_complete_gen ome	R	528191	CHROMOSOM	36%	9%
Paraburkholderia_pallida_strain_7MH5_chromosome_2	R	2547399	CHROMOSOM	32%	8%
Peribacillus_frigoritolerans_strain_LC22_chromosome_complete_gen ome	R	450367	CHROMOSOM	30%	3%
Priestia_megaterium_strain_F20_plasmid_unnamed3_complete_seq uence	R	1404	PLAZMID	35%	4%
Pseudomonas_abieticivorans_strain_PIA16_chromosome_complete_ genome	R	2931382	CHROMOSOM	36%	26%

Pseudomonas_alloputida_strain_CBMAL1_chromosome_complete_genome	R	1940621	CHROMOSOM	29%	8%
Pseudomonas_capeferrum_strain_TDA1_chromosome_complete_genome	R	1495066	CHROMOSOM	37%	27%
Pseudomonas_kermanshahensis_strain_Mr36_chromosome_complete_genome	R	2745482	CHROMOSOM	36%	25%
Pseudomonas_kurunegalensis_strain_NMI3456_12_chromosome_complete_genome	R	485880	CHROMOSOM	35%	28%
Pseudomonas_monteilii_STW0522-72_DNA_complete_genome	R	76759	-	35%	28%
Pseudomonas_putida_B6-2_chromosome_complete_genome	R	1081940	CHROMOSOM	28%	7%
Pseudomonas_putida_BIRD-1_complete_genome	R	931281	-	28%	8%
Pseudomonas_putida_DOT-T1E_complete_genome	R	1196325	-	28%	7%
Pseudomonas_putida_GB-1_chromosome_complete_genome	R	76869	CHROMOSOM	29%	15%
Pseudomonas_putida_group_bacterium_ESBL64_chromosome_complete_genome	R	3122582	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_putida_JB_complete_genome	R	1150601	-	28%	8%
Pseudomonas_putida_NBRC_14164_DNA_complete_genome	R	1211579	-	36%	28%
Pseudomonas_putida_ND6_complete_genome	R	231023	-	28%	8%
Pseudomonas_putida_S12_complete_genome	R	1215087	-	28%	8%
Pseudomonas_putida_S13.1.2_complete_genome	R	1384061	-	28%	9%
Pseudomonas_putida_SJTE-1_complete_genome	R	1193499	-	28%	8%

Pseudomonas_putida_strain_N1R_genome_assembly_chromosome_I	R	303	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_sp._10_2024_chromosome_complete_genome	R	3144667	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_sp._13.2_chromosome	R	3144665	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_sp._Ap32_chromosome_complete_genome	R	3041813	CHROMOSOM	35%	27%
Pseudomonas_sp._App30_chromosome_complete_genome	R	3068990	CHROMOSOM	30%	14%
Pseudomonas_sp._B21-031_chromosome_complete_genome	R	2895482	CHROMOSOM	35%	28%
Pseudomonas_sp._B21-047_chromosome_complete_genome	R	2895489	CHROMOSOM	29%	8%
Pseudomonas_sp._BNK-15_chromosome_complete_genome	R	3376152	CHROMOSOM	35%	29%
Pseudomonas_sp._BNK-30_chromosome_complete_genome	R	3376165	CHROMOSOM	35%	29%
Pseudomonas_sp._BO3-4_chromosome_complete_genome	R	3094916	CHROMOSOM	28%	7%
Pseudomonas_sp._CFA_chromosome_complete_genome	R	2651048	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_sp._CIP-10_chromosome_complete_genome	R	2892442	CHROMOSOM	28%	7%
Pseudomonas_sp._DCA-1_chromosome_complete_genome	R	3344874	CHROMOSOM	28%	7%
Pseudomonas_sp._HD6515_chromosome_complete_genome	R	2856556	CHROMOSOM	28%	7%
Pseudomonas_sp._HN2-3_chromosome_complete_genome	R	2886360	CHROMOSOM	37%	26%
Pseudomonas_sp._IsoF_chromosome	R	2821559	CHROMOSOM	37%	27%

Pseudomonas_sp._JY-Q_complete_genome	R	1338689	-	28%	7%
Pseudomonas_sp._LPB4.O_chromosome	R	3135254	CHROMOSOM	36%	28%
Pseudomonas_sp._LPD2_chromosome	R	3135229	CHROMOSOM	36%	28%
Pseudomonas_sp._LTGT-11-2Z_chromosome_complete_genome	R	2479393	CHROMOSOM	36%	27%
Pseudomonas_sp._LTR0_chromosome_complete_genome	R	3040601	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_sp._NY8896_chromosome_complete_genome	R	3068639	CHROMOSOM	36%	28%
Pseudomonas_sp._NY8938_chromosome_complete_genome	R	3081664	CHROMOSOM	36%	28%
Pseudomonas_sp._NyZ480_chromosome_complete_genome	R	3035289	CHROMOSOM	38%	27%
Pseudomonas_sp._P1B16_chromosome_complete_genome	R	2986074	CHROMOSOM	37%	27%
Pseudomonas_sp._Rh2_chromosome_complete_genome	R	3112956	CHROMOSOM	37%	27%
Pseudomonas_sp._SK2_chromosome_complete_genome	R	2841063	CHROMOSOM	37%	27%
Pseudomonas_sp._SWI36_chromosome_complete_genome	R	2083052	CHROMOSOM	28%	8%
Pseudomonas_sp._SWI44_chromosome_complete_genome	R	2083053	CHROMOSOM	37%	27%
Pseudomonas_sp._SWI6_chromosome_complete_genome	R	2083051	CHROMOSOM	37%	27%
Pseudomonas_sp._VLB120_complete_genome	R	69328	-	37%	27%
Pseudomonas_sp._XWY-1_chromosome_complete_genome	R	2069256	CHROMOSOM	28%	8%

Pseudomonas_taiwanensis_strain_WRS8_chromosome_complete_genome	R	470150	CHROMOSOM	28%	8%
Rahnella_sikkimica_strain_ERMR1_05_chromosome_complete_genome	R	1805933	CHROMOSOM	40%	25%
Rossmallomoreau_marisflavi_strain_151-25_chromosome_complete_genome	R	189381	CHROMOSOM	36%	5%
Salmonella_enterica_strain_UWI-PS_6_isolate_CFSAN103852_plasmid_pUWI-	ABCDR	28901	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_13_g_z51_-_strain_2009K0967_chromosome_complete_genome	ABCR	2734847	CHROMOSOM	98%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-str._01-0089_chromosome_complete_genome	ABCR	1173778	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-_strain_2016K-0011_chromosome_complete_genome	ABCR	1151166	CHROMOSOM	98%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_53_--str._SA20100345_chromosome_complete_genome	ABCR	1243606	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z36_-str._RKS2983_complete_genome	ABCR	1386967	-	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z4_z23_-_strain_RSK2980_chromosome_complete_genome	ABCR	41514	CHROMOSOM	98%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_63_g_z51_-_strain_SA19981204_chromosome_complete_genome	ABCR	1243607	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_strain_LHICA_AZ23_chromosome_complete_genome	ABR	59203	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_-_strain_PNCS014846_plasmid_p08-4425.2_complete_sequence	ABCDR	2583588	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_12_i_-_strain_CFIAB20160237_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	353569	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_5_12_i_-_strain_PNCS014854_plasmid_pPNCS014854_S1_complete_sequence	ABCDR	440524	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Abortusequi_strain_XJP1_plasmid_pXJP-1_complete_sequence	ABCDR	607	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._3114_plasmid_pVIRBov_complete_sequence_complete_genome	ABCDR	1320309	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._Sal610_plasmid_pSal610	ABCDR	1430436	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_strain_SB699_plasmid_pSCD1_complete_sequence	ABCDR	58097	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._ATC_C_10708_plasmid_pCFSAN000679_01_complete_sequence	ABCDR	938142	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._SC-B67_plasmid_pSCV50_complete_sequence	ABCDR	321314	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_strain_C_VM_28296_plasmid_p28296-1_complete_sequence	ABCDR	119912	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._ATCC_39184_plasmid_pATCC39184_complete_sequence	ABCDR	687860	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CFSAN000517_strain_SGSC_2470_isolate_SARB13_plasmid_pCFSAN000517_1	ABCDR	1299226	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CT_02021853_plasmid_pCT02021853_74_complete_sequence	ABCDR	439851	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_RM100_plasmid_pRM100_2_complete_sequence	ACDR	98360	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._18569_plasmid_pCFSAN000006_complete_sequence	ABCDR	696867	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._60730_7-2_plasmid_pCFSAN000045_2_complete_sequence	ABCDR	887070	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._CDC_2010K_0968_strain_CDC_2010K-	ABCDR	886715	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20090641_plasmid_pSE9-641_complete_sequence	ABCDR	1412453	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20120005_plasmid_pSE12-5_complete_sequence	ABCDR	1412468	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._LA5_pSLA5_plasmid_complete_sequence	ABCDR	1147754	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._P1251_09_PT4_plasmid_pSEN_complete_sequence	ABCDR	550537	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._RM29_68_plasmid_pRM2968-1_complete_sequence	ABCDR	998822	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_92-0392_plasmid_pSE92-0392_complete_sequence	ABCR	149539	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_Pullorum_strain_R51_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	604	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_str._287_91_plasmid_pSG_complete_sequence	ABCDR	550538	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_strain_SC_PM-O-B-4548_plasmid_pB-4548_1_complete_sequence	BCDR	594	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Hissar_strain_SCPM-O-B-4549_plasmid_pB-4549_1_complete_sequence	ABCDR	2564534	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Javiana_str._CFSAN001992_plasmid_pCFSAN001992_complete_sequence	ABCDR	1267753	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kottbus_strain_DSK01_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	224727	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022631_plasmid_pCFSAN022631_complete_sequence	ACDR	486996	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Newlands_strain_ZC-S1_3rd_plasmid_p_ZC-S1_3rd_complete_sequence	ABCDR	367181	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_07_0715_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	57046	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_RKS4594_plasmid_pSPCV_complete_sequence	ABCDR	476213	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_plasmid_pSPUV_complete_sequence	AR	605	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._ATCC_9_120_plasmid_pCFSAN000725_01_complete_sequence	ABCDR	1029979	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._CFSAN000606_strain_SGSC_2508_isolate_SARB51_plasmid_pCFSAN000606_	ABCDR	1299269	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_DT104_plasmid_pDT104_complete_genome	ABCDR	85569	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._14028S_plasmid_complete_sequence	ABCDR	588858	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._798_plasmid_p798_93_complete_sequence	ABCDR	1008297	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CD_C_2009K-1640_plasmid_pSTY1-2009K-1640_complete_sequence	ABCDR	1454644	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CD_C_2011K-1702_plasmid_pSTY1-2011K-1702_complete_sequence	ABCDR	1454643	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CD_C_H2662_plasmid_pSTY1-H2662_complete_sequence	ABCDR	1454640	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._DT2_plasmid_pSLT_complete_genome	ABCDR	568709	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._L-3553_plasmid_pST3553_DNA_complete_genome	ABCDR	996633	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._LT2_plasmid_pSLT_complete_sequence	ABCDR	99287	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SA RA13_plasmid_pSARA13_complete_sequence	ABCDR	1029978	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SL1344_plasmid_pSLT_SL1344_complete_sequence	ABCDR	216597	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._T00240_plasmid_pSTM-DT12_L_DNA_complete_genome	ABCDR	718274	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._UK-1_plasmid_pSTUK-100_complete_sequence	ABCDR	990282	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._US DA-ARS-USMARC-1808_plasmid_pSTY1-1808_complete_sequence	ABCDR	1454630	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._US DA-ARS-USMARC-1810_plasmid_pSTY1-1810_complete_sequence	ABCDR	1454647	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._US DA-ARS-USMARC-1898_plasmid_pSTY2-1898_complete_sequence	ABCDR	1454638	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str.US DA-ARS-USMARC-1899_plasmid_pSTY1-1899_complete_sequence	ABCDR	1454639	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_D23580_genome_assembly_plasmid_D23580_liv_pSLT-BT	ABCDR	568708	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_Z 1323HSL0048_plasmid_pZ1323HSL0048-3_complete_sequence	ABCDR	90371	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_var.5- strain_CVM_N16S132_plasmid_pN16S132	ABCDR	1620419	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_16A242_plasmid_unna med1_complete_sequence	ACDR	59201	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_16_z4_z32-- strain_RKS3027_chromosome_complete_genome	ABCDR	41524	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_Houten_strain_NCTC 10401_genome_assembly_chromosome_1	ABCDR	58100	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_str._CFSAN000552_isolate_S ARC10_chromosome_complete_genome	ABCDR	1299291	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_sp._174_plasmid_pA_complete_sequence	ABCDR	3413285	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._3C_plasmid_pTL-2_complete_sequence	ABCDR	2979871	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._A39_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2878546	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._CVCC_1806_plasmid_p1_complete_sequence	ABCDR	3029388	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._FORC89_plasmid_pFORC89_complete_sequence	ABCDR	2204208	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SAL-007_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816952	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SAL-020_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816953	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SAL-045_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816951	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_sp._SJTUF14523_plasmid_p14523B_complete_sequence	ABCDR	2833771	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SJTUF15034_plasmid_p15034B_complete_sequence	ABCDR	2833772	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._strain_ZCX_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	599	PLAZMID	100%	100%
Shewanella_algae_strain_A291_chromosome_complete_genome	R	38313	CHROMOSOM	37%	8%
Shewanella_amazonensis_SB2B_complete_genome	R	326297	-	36%	17%
Shewanella_avicenniae_strain_FJAT-51800_chromosome_complete_genome	R	2814294	CHROMOSOM	36%	6%
Shewanella_carassii_TUM17387_DNA_complete_genome	R	1987584	-	38%	5%
Shewanella_chilikensis_strain_NTT9_chromosome_complete_genome	R	558541	CHROMOSOM	38%	5%
Shewanella_dokdonensis_strain_DSM_23626_chromosome_complete_genome	R	712036	CHROMOSOM	37%	10%
Shewanella_indica_strain_Colony474_chromosome	R	768528	CHROMOSOM	38%	7%
Shewanella_khirikhana_strain_JW44_chromosome_complete_genome	R	1965282	CHROMOSOM	34%	4%
Shewanella_litorisediminis_strain_SMK1-12_chromosome_complete_genome	R	1173586	CHROMOSOM	37%	17%
Shewanella_sp._FJAT-52076_chromosome_complete_genome	R	2864202	CHROMOSOM	36%	17%
Shewanella_sp._NFH-SH190041_DNA_complete_genome	R	2950245	-	38%	8%
Shewanella_yunxiaonensis_strain_FJAT-54481_chromosome_complete_genome	R	2829809	CHROMOSOM	35%	7%
Shewanella_zhangzhouensis_strain_FJAT-52072_chromosome_complete_genome	R	2864213	CHROMOSOM	36%	17%

Staphylococcus_carnosus_strain_TMW_2.1596_chromosome_complete_genome	R	1281	CHROMOSOM	40%	5%
Staphylococcus_carnosus_subsp._carnosus_TM300_complete_genome	R	396513	-	39%	10%
Staphylococcus_condimenti_strain_FDAARGOS_1148_chromosome_complete_genome	R	70255	CHROMOSOM	40%	5%
Stigmatella_aurantiaca_DW4_3-1_complete_genome	R	378806	-	36%	18%
Ureibacillus_sp._FSL_K6-8385_chromosome_complete_genome	R	2954684	CHROMOSOM	33%	21%
Yokenella_regensburgei_strain_W13_chromosome_complete_genome	R	158877	CHROMOSOM	40%	24%

Tabela nr.3

organizm	skład	taxid	LOKALIZACJA	NT	AA
Burkholderia_rhizoxinica_HKI_454_plasmid_pBRH01_complete_sequence	A	882378	PLAZMID	47.39%	24.34%
Burkholderia_savannae_strain_MSMB266_plasmid_pMSMB0266_complete_sequence	A	1637837	PLAZMID	39.30%	5.61%
Burkholderia_singularis_strain_MSMB0175_chromosome_2_complete_sequence	A	1503053	CHROMOSOM	45.03%	21.74%
Burkholderia_ubonensis_strain_RF23-BP41_plasmid_pRF23_complete_sequence	A	101571	PLAZMID	42.60%	22.66%
Mycetohabitans_endofungorum_strain_B60_chromosome_complete_genome	A	417203	CHROMOSOM	44.40%	22.58%
Mycetohabitans_rhizoxinica_strain_B47_plasmid_megaplasmid_complete_sequence	A	412963	PLAZMID	46.62%	21.37%
Mycoavidus_cysteinexigens_DNA_complete_genome_strain_B1-EB	A	1553431	-	45.29%	20.29%
Photorhabdus_akhurstii_strain_IARI-SGHR2_TccA_gene_complete_cds	A	171438	SAM GEN	45.21%	26.29%
Photorhabdus_hindustanensis_strain_IARI-SGMG3_TccA_gene_complete_cds	A	2918802	SAM GEN	44.78%	26.29%
Photorhabdus_laumontii_subsp._laumontii_strain_DJC_chromosome_complete_genome	A	141679	CHROMOSOM	45.11%	24.74%
Photorhabdus_luminescens_strain_W14_toxin_complex_tcc_locus_partial_sequence	A	29488	SAM LOCUS	44.96%	26.29%
Photorhabdus_luminescens_subsp._laumontii_TTO1_complete_genome_segment_15_17	A	243265	-	45.11%	24.74%
Photorhabdus_temperata_FFPRI_2_DNA_complete_genome	A	574560	-	46.81%	26.29%
Photorhabdus_temperata_strain_M1021_insecticidal_toxin_complex_gene_locus_partial_sequence	A	1221520	SAM LOCUS	47.21%	26.29%
Photorhabdus_temperata_subsp._thracensis_strain_DSM_15199_complete_genome	A	230089	-	46.63%	23.08%

Pseudomonas_antarctica_strain_BS2772_genome_assembly_chromosome_I	A	219572	CHROMOSOM	36.00%	23.16%
Pseudomonas_bassicacearum_strain_R401_chromosome_complete_genome	A	930166	CHROMOSOM	32.04%	4.17%
Pseudomonas_bassicacearum_subsp._brassicacearum_NFM421_complete_genome	A	994484	-	32.59%	6.85%
Pseudomonas_chlororaphis_strain_DSM_295782_chromosome_complete_genome	A	587753	CHROMOSOM	42.57%	25.25%
Pseudomonas_coleopterorum_strain_DJ13_chromosome_complete_genome	A	1605838	CHROMOSOM	41.70%	24.26%
Pseudomonas_fluorescens_strain_FW300-N2E3_complete_genome	A	294	-	43.38%	21.62%
Pseudomonas_helvetica_strain_DGS28_chromosome_complete_genome	A	3136738	CHROMOSOM	43.36%	6.25%
Pseudomonas_marginalis_strain_MGMM3_chromosome_complete_genome	AB	298	CHROMOSOM	32.10%	5.23%
Pseudomonas_mediterranea_strain_as656_chromosome_complete_genome	A	183795	CHROMOSOM	32.98%	8.70%
Pseudomonas_migulae_strain_HY-2_chromosome_complete_genome	A	78543	CHROMOSOM	44.33%	24.16%
Pseudomonas_ogarae_strain_SWRI108_chromosome_complete_genome	A	1114970	ChROMOSOM	31.49%	1.35%
Pseudomonas_poae_strain_5BF_chromosome	AC	200451	CHROMOSOM	40.40%	21.32%
Pseudomonas_rhizosphaerae_strain_DSM_16299_complete_genome	A	216142	-	42.10%	23.37%
Pseudomonas_sp._DR48_chromosome_complete_genome	A	2871095	CHROMOSOM	42.16%	19.29%
Pseudomonas_sp._FP2338_chromosome_complete_genome	AC	2954093	CHROMOSOM	37.62%	23.86%
Pseudomonas_sp._MPB03_chromosome_complete_genome	A	3388489	CHROMOSOM	32.30%	4.17%

Pseudomonas_sp._NA-150_chromosome_complete_genome	A	3367525	CHROMOSOM	37.60%	4.11%
Pseudomonas_sp._R11-23-07_chromosome_complete_genome	A	658632	CHROMOSOM	37.46%	24.50%
Pseudomonas_sp._R1-43-08_chromosome_complete_genome	A	1173270	CHROMOSOM	30.86%	3.53%
Pseudomonas_sp._R2-37-08W_chromosome_complete_genome	A	1173273	CHROMOSOM	30.86%	3.53%
Pseudomonas_sp._R2-60-08W_chromosome_complete_genome	A	1173280	CHROMOSOM	37.12%	24.50%
Pseudomonas_sp._R2-7-07_chromosome_complete_genome	A	658641	CHROMOSOM	37.46%	24.50%
Pseudomonas_sp._R3-52-08_chromosome_complete_genome	A	1173284	CHROMOSOM	36.95%	24.50%
Pseudomonas_sp._R4-34-07_chromosome_complete_genome	A	658642	CHROMOSOM	37.63%	24.50%
Pseudomonas_sp._R4-35-07_chromosome_complete_genome	A	658643	CHROMOSOM	36.78%	24.50%
Pseudomonas_sp._R4-39-08_chromosome_complete_genome	A	1173288	CHROMOSOM	31.05%	3.53%
Pseudomonas_synxantha_strain_30B_chromosome_complete_genome	A	47883	CHROMOSOM	38.20%	26.49%
Pseudomonas_syringae_pv._antirrhini_str._126_chromosome_complete_genome	AC	698755	CHROMOSOM	38.06%	21.35%
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_strain_pss-2019_chromosome_complete_genome	AC	321	CHROMOSOM	37.56%	21.91%
Pseudomonas_syringae_pv._tomato_strain_GM_113_chromosome_complete_genome	AC	323	CHROMOSOM	37.90%	21.35%
Pseudomonas_syringae_strain_Ps25_chromosome	A	317	CHROMOSOM	37.90%	21.35%
Rahnella_aquatilis_CIP_78.65_ATCC_33071_complete_genome	A	745277	-	42.04%	8.05%

Rahnella_aquatilis_strain_MEM40_chromosome_complete_genome	A	34038	CHROMOSOM	45.27%	2.97%
S.typhymurium_DNA_for_mkaB_gene	A	90371	SAM GEN	100.00%	100.00%
Salmonella_choleraesuis_plasmid_DNA_for_M2_and_M3_proteins	A	28901	PLAZMID	99.87%	99.59%
Salmonella_enterica_serovar_Choleraesuis_50k_virulence_plasmid_DNA_complete_sequence	A	119912	PLAZMID	99.87%	99.59%
Salmonella_enterica_SpvA_spvA_pseudogene_complete_sequence	A	59205	SAM GEN	92.61%	97.66%
Salmonella_enterica_strain_UWI-PS_6_isolate_CFSAN103852_plasmid_pUWI-PS6.2_complete_sequence	ABCDR	28901	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_13_g_z51_-_strain_2009K0967_chromosome_complete_genome	ABCR	2734847	CHROMOSOM	97.07%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-_str._01-0089_chromosome_complete_genome	ABCR	1173778	CHROMOSOM	97.07%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-_strain_2016K-0011_chromosome_complete_genome	ABCR	1151166	CHROMOSOM	97.07%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_53_--_str_SA20100345_chromosome_complete_genome	ABCR	1243606	CHROMOSOM	97.21%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z36_-_str_RKS2983_complete_genome	ABCR	1386967	-	96.79%	94.42%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z4_z23_-_strain_RSK2980_chromosome_complete_genome	ABCR	41514	CHROMOSOM	97.07%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_63_g_z51_-_strain_SA19981204_chromosome_complete_genome	ABCR	1243607	CHROMOSOM	96.79%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_strain_LHICA_AZ23_chromosome_complete_genome	ABR	59203	CHROMOSOM	97.21%	94.85%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_47_k_z35_strain_2015K-1072_chromosome_complete_genome	A	1192846	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_48_i_z_strain_NWU_5_chromosome_complete_genome	A	1192842	CHROMOSOM	46.57%	31.64%

Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_50_k_z_str._MZ0080_chromosome_complete_genome	A	1243612	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_50_k_z_strain_RKS2978_chromosome	A	1243611	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_58_r_z53_strain_28N_chromosome_complete_genome	A	2577432	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_60_r_e_n_x_z15_strain_CFSAN044923_chromosome_complete_genome	A	1173779	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_60_r_z_strain_2016K-0056_chromosome_complete_genome	A	1967590	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_61_k_1_5_7_strain_14-SA00836-0_chromosome_complete_genome	A	2339227	CHROMOSOM	46.72%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_65_z10_e_n_x_z15_strain_2015K-0019_chromosome_complete_genome	A	2577494	CHROMOSOM	46.72%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_serovar_b_50_--_strain_XXB1403_chromosome_complete_genome	A	2760407	CHROMOSOM	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._diarizonae_strain_11-01855_complete_genome	A	59204	-	46.57%	31.64%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_-_strain_PNCS007098_plasmid_pPNCS007087.2_complete_sequence	A	2583588	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_-_strain_PNCS014846_plasmid_p08-4425.2_complete_sequence	ABCDR	2583588	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_12_i_-_strain_CFIAFB20160237_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	353569	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_5_12_i_-_strain_CVM_N18S0993_plasmid_pN18S0993-2_complete_sequence	A	440524	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_5_12_i_-_strain_PNCS014854_plasmid_pPNCS014854_S1_complete_sequence	ABCDR	440524	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Abortusequi_strain_XJP1_plasmid_pXJP-1_complete_sequence	ABCDR	607	PLAZMID	99.61%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._3114_plasmid_pVIRBov_complete_sequence_complete_genome	ABCDR	1320309	PLAZMID	99.74%	99.22%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._Sal610_plasmid_pSal610	ABCDR	1430436	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_strain_SB699_plasmid_pSCD1_complete_sequence	ABCDR	58097	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._ATCC_10708_plasmid_pCFSAN000679_01_complete_sequence	ABCDR	938142	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._SC-B67_plasmid_pSCV50_complete_sequence	ABCDR	321314	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_strain_CVM_28296_plasmid_p28296-1_complete_sequence	ABCDR	119912	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._ATCC_39184_plasmid_pATCC39184_complete_sequence	ABCDR	687860	PLAZMID	99.74%	99.22
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CFSAN000517_strain-SGSC_2470_isolate_SARB13_plasmid_pCFSAN000517_1_complete_sequence	ABCDR	1299226	PLAZMID	99.61%	99.22
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CT_02021853_plasmid_pCT02021853_74_complete_sequence	ABCDR	439851	PLAZMID	99.74%	99.22
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_RM079_plasmid_pRM079_2_complete_sequence	A	98360	PLAZMID	99.74%	99.18%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_RM100_plasmid_pRM100_2_complete_sequence	ACDR	98360	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_plasmid_pNL2001_genes_for_SpvA_SpvB_and_SpvC_complete_cds	A	149539	PLAZMID	99.74%	99.18%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._18569_plasmid_pCFSAN000006_complete_sequence	ABCDR	696867	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._607307-2_plasmid_pCFSAN000045_2_complete_sequence	ABCDR	887070	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._CDC_2010K_0968_strain_CDC_2010K-0968_plasmid_p00_complete_sequence	ABCDR	886715	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20090641_plasmid_pSE9-641_complete_sequence	ABCDR	1412453	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20120005_plasmid_pSE12-5_complete_sequence	ABCDR	1412468	PLAZMID	99.74%	99.22%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._LA5_pSLA5_plasmid_complete_sequence	ABCDR	1147754	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._P125109_PT4_plasmid_pSEN_complete_sequence	ABCDR	550537	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._RM2968_plasmid_pRM2968-1_complete_sequence	ABCDR	998822	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_92-0392_plasmid_pSE92-0392_complete_sequence	ABCR	149539	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_Pullorum_strain_R51_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	604	PLAZMID	99.48%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_str._287_91_plasmid_pSG_complete_sequence	ABCDR	550538	PLAZMID	99.74%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_strain_SCPM-O-B-4493_plasmid_pB-4493_1_complete_sequence	A	594	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_strain_SG9R_plasmid_SpvC_spvC_SpvB_spvB_SpvA_spvA_and_SpvR_spvR_genes_complete_cds	A	594	SAM LOCUS	99.74%	99.59%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Hissar_strain_SCPM-O-B-4549_plasmid_pB-4549_1_complete_sequence	ABCDR	2564534	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Javiana_str._CFSAN001992_plasmid_pCFSAN001992_complete_sequence	ABCDR	1267753	PLAZMID	99.74%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kottbus_strain_DSK01_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	224727	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022623_plasmid_pCFSAN022623_complete_sequence	AB	486996	PLAZMID	99.87%	99.59%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022631_plasmid_pCFSAN022631_complete_sequence	ACDR	486996	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Newlands_strain_ZC-S1_3rd_plasmid_p_ZC-S1_3rd_complete_sequence	ABCDR	367181	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_07-0715_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	57046	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_RKS4594_plasmid_pSPCV_complete_sequence	ABCDR	476213	PLAZMID	99.87%	99.61%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_plasmid_pSPUV_compl ete_sequence	AR	605	PLAZMID	99.61%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._ATCC_9120_plasmi d_pCFSAN000725_01_complete_sequence	ABCDR	1029979	PLAZMID	99.61%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._CFSAN000606_strai n_SGSC_2508_isolate_SARB51_plasmid_pCFSAN000606_complete_sequence	ABCDR	1299269	PLAZMID	99.61%	99.61%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_strain_QJ-2D- Sal_plasmid_pQJDsal2_complete_sequence	ABCD	605	PLAZMID	99.48%	99.59%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_DT104_plasmid_pD T104_complete_genome	ABCDR	85569	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._14028S_plasmi d_complete_sequence	ABCDR	588858	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._798_plasmid_p 798_93_complete_sequence	ABCDR	1008297	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2009K- 1640_plasmid_pSTY1-2009K-1640_complete_sequence	ABCDR	1454644	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2011K- 1702_plasmid_pSTY1-2011K-1702_complete_sequence	ABCDR	1454643	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_H2662_pl asmid_pSTY1-H2662_complete_sequence	ABCDR	1454640	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._DT2_plasmid_p SLT_complete_genome	ABCDR	568709	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._L- 3553_plasmid_pST3553_DNA_complete_genome	ABCDR	996633	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._LT2_plasmid_p SLT_complete_sequence	ABCDR	99287	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SARA13_plasm id_pSARA13_complete_sequence	ABCDR	1029978	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SL1344_plasmi d_pSLT_SL1344_complete_sequence	ABCDR	216597	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._T000240_plas mid_pSTM-DT12_L_DNA_complete_genome	ABCDR	718274	PLAZMID	100.00%	100.00%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._UK-1_plasmid_pSTUK-100_complete_sequence	ABCDR	990282	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1808_plasmid_pSTY1-1808_complete_sequence	ABCDR	1454630	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1810_plasmid_pSTY1-1810_complete_sequence	ABCDR	1454647	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1898_plasmid_pSTY2-1898_complete_sequence	ABCDR	1454638	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1899_plasmid_pSTY1-1899_complete_sequence	ABCDR	1454639	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_D23580_genome_assembly_plasmid_D23580_liv_pSLT-BT	ABCDR	568708	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_Z1323HSL0048_plasmid_pZ1323HSL0048-3_complete_sequence	ABCDR	90371	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_var._5-strain_CVM_N16S132_plasmid_pN16S132	ABCDR	1620419	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_16A242_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ACDR	59201	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_Se32_plasmid_pSe32_complete_sequence	A	59201	PLAZMID	100.00%	100.00%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_1_40_g_z51-_strain_RKS3013_chromosome_complete_genome	A	1307496	CHROMOSOM	46.57%	32.95%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_16_z4_z32--strain_RKS3027_chromosome_complete_genome	ABCDR	41524	CHROMOSOM	92.61%	97.66%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_43_z4_strain_CVM_24399_chromosome_complete_genome	A	2729104	CHROMOSOM	45.99%	32.95%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_44_z4_z32-_strain_2009K1701_chromosome_complete_genome	A	2577527	CHROMOSOM	45.84%	32.95%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_45_g_z51-_strain_20-369_chromosome_complete_genome	A	1967611	CHROMOSOM	46.13%	32.39%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_Houten_strain_NCTC10401_genome_assembly_chromosome_1	ABCDR	58100	CHROMOSOM	25.61%	5.49%

Salmonella_enterica_subsp._houtenae_str._CFSAN000552_isolate_SARC10_chromosome_complete_genome	ABCDR	1299291	CHROMOSOM	92.61%	97.66%
Salmonella_enterica_subsp._VII_serovar_1_40_g_z51__strain_2439-64_chromosome_complete_genome	A	41520	CHROMOSOM	46.57%	32.95%
Salmonella_enterica_subsp._VII_str._CFSAN000554_strain_SGSC_3121_isolate_SARC16_chromosome_complete_genome	A	1299288	CHROMOSOM	46.57%	32.95%
Salmonella_sp._174_plasmid_pA_complete_sequence	ABCDR	3413285	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._3C_plasmid_pTL-2_complete_sequence	ABCDR	2979871	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._A39_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2878546	PLAZMID	99.87%	99.61%
Salmonella_sp._CVCC_1806_plasmid_p1_complete_sequence	ABCDR	3029388	PLAZMID	99.48%	99.22%
Salmonella_sp._FORC89_plasmid_pFORC89_complete_sequence	ABCDR	2204208	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._SAL-007_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816952	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._SAL-020_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816953	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._SAL-045_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816951	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._SJTUF14523_plasmid_p14523B_complete_sequence	ABCDR	2833771	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._SJTUF15034_plasmid_p15034B_complete_sequence	ABCDR	2833772	PLAZMID	99.74%	99.22%
Salmonella_sp._strain_ZCX_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	599	PLAZMID	28.02%	0.00%
Serratia_marcescens_E41_plasmid_pE41_DNA_complete_sequence	A	615	PLAZMID	44.79%	22.16%

Tabela nr.4

organizm	skład	taxid	LOKALIZACJA	NT	AA
P2R_chromosome_complete_genome	B	171438	CHROMOSOM	51%	42%
Photorhabdus_luminescens_subsp._luminescens_strain_ATCC_29999_insecticidal_toxin_complex_protein_tcaC_gene_complete_cds	B	171439	SAM GEN	50%	41%
Pseudomonas_marginalis_strain_MGMM3_chromosome_complete_genome	AB	298	CHROMOSOM	45%	36%
Pseudomonas_sp_B21-010_chromosome_complete_genome	B	2895471	CHROMOSOM	47%	40%
Pseudomonas_sp_P9_32_chromosome_complete_genome	B	3043449	CHROMOSOM	47%	40%
Pseudomonas_sp_P9_35_chromosome_complete_genome	B	3043450	CHROMOSOM	47%	40%
Salmonella_enterica_strain_UWI-PS_6_isolate_CFSAN103852_plasmid_pUWI-PS6.2_complete_sequence	ABCDR	28901	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_13_g_z51_-_strain_2009K0967_chromosome_complete_genome	ABCR	2734847	CHROMOSOM	98%	97%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-_str._01-0089_chromosome_complete_genome	ABCR	1173778	CHROMOSOM	98%	97%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-_strain_2016K-0011_chromosome_complete_genome	ABCR	1151166	CHROMOSOM	98%	97%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_53_-_str._SA20100345_chromosome_complete_genome	ABCR	1243606	CHROMOSOM	98%	97%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z36_-_str._RKS2983_complete_genome	ABCR	1386967	-	98%	96%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z4_z23_-_strain_RSK2980_chromosome_complete_genome	ABCR	41514	CHROMOSOM	98%	97%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_63_g_z51_-_strain_SA19981204_chromosome_complete_genome	ABCR	1243607	CHROMOSOM	98%	96%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_strain_LHICA_AZ23_chromosome_complete_genome	ABR	59203	CHROMOSOM	98%	97%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_-_strain_PNCS014846_plasmid_p08-4425.2_complete_sequence	ABCDR	2583588	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_12_i_-_strain_CFIAFB20160237_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	353569	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_5_12_i_-_strain_PNCS014854_plasmid_pPNCS014854_S1_complete_sequence	ABCDR	440524	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Abortusequi_strain_XJP1_plasmid_pXJP-1_complete_sequence	ABCDR	607	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._3114_plasmid_pVIRBov_complete_sequence_complete_genome	ABCDR	1320309	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str._Sal610_plasmid_pSal610	ABCDR	1430436	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_strain_SB699_plasmid_pSCD1_complete_sequence	ABCDR	58097	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._ATCC_10708_plasmid_pCFSAN000679_01_complete_sequence	ABCDR	938142	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._SC-B67_plasmid_pSCV50_complete_sequence	ABCDR	321314	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_strain_CVM_28296_plasmid_p28296-1_complete_sequence	ABCDR	119912	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._ATCC_39184_plasmid_pATCC39184_complete_sequence	ABCDR	687860	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CFSAN000517_strain_SGSC_2470_isolate_SARB13_plasmid_pCFSAN000517_1_complete_s	ABCDR	1299226	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CT_02021853_plasmid_pCT02021853_74_complete_sequence	ABCDR	439851	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_OU7025_plasmid_pOU1113_complete_sequence	B	98360	PLAZMID	38%	9%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._18569_plasmid_pcFSAN000006_complete_sequence	ABCDR	696867	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._607307-2_plasmid_pCFSAN000045_2_complete_sequence	ABCDR	887070	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._CDC_2010K_0968_strain_CDC_2010K-0968_plasmid_p00_complete_sequence	ABCDR	886715	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20090641_plasmid_pSE9-641_complete_sequence	ABCDR	1412453	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20120005_plasmid_pSE12-5_complete_sequence	ABCDR	1412468	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._LA5_pSLA5_plasmid_complete_sequence	ABCDR	1147754	PLAZMID	100%	21%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._P125109_PT4_plasmid_pSEN_complete_sequence	ABCDR	550537	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._RM2968_plasmid_pRM2968-1_complete_sequence	ABCDR	998822	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_92-0392_plasmid_pSE92-0392_complete_sequence	ABCR	149539	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_Pullorum_strain_R51_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	604	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_str._287_91_plasmid_pSG_complete_sequence	ABCDR	550538	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_strain_SCPM-O-B-4548_plasmid_pB-4548_1_complete_sequence	BCDR	594	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Hissar_strain_SCPM-O-B-4549_plasmid_pB-4549_1_complete_sequence	ABCDR	2564534	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Javiana_str._CFSAN001992_plasmid_pCFSAN001992_complete_sequence	ABCDR	1267753	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kottbus_strain_DSK01_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	224727	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022623_plasmid_pCFSAN022623_complete_sequence	AB	486996	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Newlands_strain_ZC-S1_3rd_plasmid_p_ZC-S1_3rd_complete_sequence	ABCDR	367181	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_07-0715_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	57046	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_RKS4594_plasmid_pSPCV_complete_sequence	ABCDR	476213	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._ATCC_9120_plasmid_pCFSAN000725_01_complete_sequence	ABCDR	1029979	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._CFSAN000606_strain_SGSC_2508_isolate_SARB51_plasmid_pCFSAN000606_complete_s	ABCDR	1299269	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_strain_QJ-2D-Sal_plasmid_pQJDsal2_complete_sequence	ABCD	605	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_DT104_plasmid_pDT104_complete_genome	ABCDR	85569	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._14028S_plasmid_complete_sequence	ABCDR	588858	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._798_plasmid_p798_93_complete_sequence	ABCDR	1008297	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2009K-1640_plasmid_pSTY1-2009K-1640_complete_sequence	ABCDR	1454644	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2011K-1702_plasmid_pSTY1-2011K-1702_complete_sequence	ABCDR	1454643	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_H2662_plasmid_pSTY1-H2662_complete_sequence	ABCDR	1454640	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._DT2_plasmid_pSLT_complete_genome	ABCDR	568709	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._L-3553_plasmid_pST3553_DNA_complete_genome	ABCDR	996633	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._LT2_plasmid_pSLT_complete_sequence	ABCDR	99287	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SARA13_plasmid_pSARA13_complete_sequence	ABCDR	1029978	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SL1344_plasmid_pSLT_SL1344_complete_sequence	ABCDR	216597	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._T000240_plasmid_pSTM12_L_DNA_complete_genome	ABCDR	718274	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._U288_plasmid_pSTU288-1_complete_sequence	BCD	1171376	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._UK-1_plasmid_pSTUK-100_complete_sequence	ABCDR	990282	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1808_plasmid_pSTY1-1808_complete_sequence	ABCDR	1454630	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1810_plasmid_pSTY1-1810_complete_sequence	ABCDR	1454647	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1898_plasmid_pSTY2-1898_complete_sequence	ABCDR	1454638	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1899_plasmid_pSTY1-1899_complete_sequence	ABCDR	1454639	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_D23580_genome_assembly_plasmid_D23580_liv_pSLT-BT	ABCDR	568708	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_Z1323HSL0048_plasmid_pZ1323HSL0048-3_complete_sequence	ABCDR	90371	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_var._5-_strain_CVM_N16S132_plasmid_pN16S132	ABCDR	1620419	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_PartC-Senterica-RM8376_plasmid_unnamed_complete_sequence	B	59201	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_16_z4_z32__strain_RKS3027_chromosome_complete_genome	ABCDR	41524	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_Houten_strain_NCTC10401_genome_assembly_chromosome_1	ABCDR	58100	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_str._CFSAN000552_isolate_SARC10_chromosome_complete_genome	ABCDR	1299291	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_sp._174_plasmid_pA_complete_sequence	ABCDR	3413285	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._3C_plasmid_pTL-2_complete_sequence	ABCDR	2979871	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._A39_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2878546	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._CVCC_1806_plasmid_p1_complete_sequence	ABCDR	3029388	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._FORC89_plasmid_pFORC89_complete_sequence	ABCDR	2204208	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SAL-007_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816952	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SAL-020_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816953	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SAL-045_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816951	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SJTUF14523_plasmid_p14523B_complete_sequence	ABCDR	2833771	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_sp._SJTUF15034_plasmid_p15034B_complete_sequence	ABCDR	2833772	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._strain_ZCX_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	599	PLAZMID	100%	100%

Tabela nr.5

organizm	skład	taxid	LOKALIZACJA	NT	AA
Burkholderia_oklahomensis_C6786_chromosome_1_complete_sequence	C	441162	CHROMOSOM	63%	61%
Chromobacterium_haemolyticum_CH06-BL_DNA_complete_genome	C	394935	-	64%	64%
Chromobacterium_haemolyticum_strain_UGAL515B_03_chromosome_complete_genome	C	394935	CHROMOSOM	67%	70%
Chromobacterium_rhizoryzae_strain_32279_chromosome_complete_genome	C	1778675	CHROMOSOM	67%	68%
Chromobacterium_sp._ATCC_53434_chromosome_complete_genome	C	2059672	CHROMOSOM	70%	69%
Chromobacterium_sp._Rain0013_chromosome_complete_genome	C	2292447	CHROMOSOM	67%	70%
Chromobacterium_violaceum_ATCC_12472_complete_genome	C	243365	-	82%	77%
Chromobacterium_violaceum_strain_FDAARGOS_1274_chromosome_complete_genome	C	536	CHROMOSOM	81%	78%
Chromobacterium_violaceum_strain_NCTC9695_genome_assembly_chromosome	C	536	CHROMOSOM	83%	78%
Edwardsiella_ictaluri_93-146_chromosome_complete_genome	C	634503	CHROMOSOM	76%	7%
Edwardsiella_ictaluri_93-146_complete_genome	C	634503	-	73%	66%
Edwardsiella_ictaluri_strain_Ei-40shipment7_chromosome_complete_genome	CD	67780	CHROMOSOM	76%	66%
Edwardsiella_ictaluri_strain_Ei-54_chromosome_complete_genome	CD	67780	CHROMOSOM	76%	7%
Edwardsiella_piscicida_C07-087_complete_genome	C	1288122	-	75%	2%
Edwardsiella_piscicida_strain_LADL99-462_chromosome_complete_genome	C	1263550	CHROMOSOM	75%	2%
Edwardsiella_piscicida_strain_S07-262_chromosome_complete_genome	C	1263550	CHROMOSOM	72%	68%
Escherichia_albertii_strain_BIA_17_plasmid_pEA17_1_complete_sequence	C	208962	PLAZMID	83%	74%
Escherichia_coli_53638_plasmid_p53638_226_complete_sequence	C	344610	PLAZMID	66%	63%
Escherichia_coli_O121_strain_201805972_plasmid_pINV_complete_sequence	C	1055537	PLAZMID	66%	63%
Escherichia_coli_strain_B185_O148_H10_fimH562_3577_ST_Warwick_genome_assembly_chromosome_1	C	562	CHROMOSOM	84%	74%
Escherichia_marmotae_strain_HT073016_plasmid_pEM76_complete_sequence	CD	1499973	PLAZMID	53%	45%
Microbulbifer_sp._MKSA007_plasmid_p_1_complete_sequence	C	3054776	PLAZMID	41%	6%
Morganella_morganii_strain_Jiangxi_chromosome_complete_genome	C	582	CHROMOSOM	55%	46%
Morganella_morganii_subsp._morganii_KT_complete_genome	C	1124991	CHROMOSOM	55%	46%

Morganella_morganii_subsp._morganii_strain_ATCC_25830_chromosome_compl ete_genome	C	180434	CHROMOSOM	55%	46%
Paludibacterium_paludis_strain_BCRC_80514_chromosome_complete_genome	C	1225769	CHROMOSOM	55%	9%
Pseudomonas_alkylphenolica_strain_IMGN1_chromosome_complete_genome	C	237609	CHROMOSOM	51%	46%
Pseudomonas_amygdaли_pv._lachrymans_str._M301315_chromosome_complete_ genome	C	629260	CHROMOSOM	48%	4%
Pseudomonas_amygdaли_pv._lachrymans_strain_NM002_chromosome_complete_ genome	C	53707	CHROMOSOM	48%	4%
Pseudomonas_amygdaли_pv._tabaci_6605_DNA_complete_genome	C	322	-	49%	4%
Pseudomonas_amygdaли_pv._tabaci_str._ATCC_11528_chromosome_complete_g enome	C	573066	CHROMOSOM	46%	19%
Pseudomonas_amygdaли_strain_35-1_chromosome_complete_genome	C	47877	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_antarctica_strain_PAMC_27494_plasmid_pP27494_1_complete_se quence	C	219572	PLAZMID	46%	9%
Pseudomonas_avellanae_strain_R2leaf_chromosome_complete_genome	C	46257	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_chlororaphis_strain_PA23_complete_genome	C	587753	-	55%	49%
Pseudomonas_poae_strain_5BF_chromosome	AC	200451	CHROMOSOM	31%	14%
Pseudomonas_reinekei_strain_BS3776_genome_assembly_chromosome_I	C	395598	CHROMOSOM	57%	54%
Pseudomonas_savastanoi_strain_CAS03_chromosome_complete_genome	C	29438	CHROMOSOM	49%	4%
Pseudomonas_sp._FP2338_chromosome_complete_genome	AC	2954093	CHROMOSOM	44%	35%
Pseudomonas_syringae_CC440_chromosome_complete_genome	C	1357284	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_CC457_chromosome_complete_genome	C	1357285	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_Cit_7_chromosome_complete_genome	C	629264	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_group_genomosp._3_isolate_CFBP6411_genome_assemb ly_chromosome_I	C	251701	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiaе ICMP_18708_complete_genome	C	1104679	-	45%	40%

Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae ICMP_18884_complete_genome	C	1095103	-	45%	40%
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae_str._Shaanxi_M228_chromosome_complete_genome	C	1108972	CHROMOSOM	45%	40%
Pseudomonas_syringae_pv._actinidiae_strain_MAFF212063_chromosome_complete_genome	C	103796	CHROMOSOM	45%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._actinidifoliorum ICMP_18803_chromosome_complete_genome	C	1194400	CHROMOSOM	45%	40%
Pseudomonas_syringae_pv._antirrhini_str._126_chromosome_complete_genome	AC	698755	CHROMOSOM	45%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._atrofaciens_strain_UPB_463_chromosome_complete_genome	C	192087	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._avii_isolate_CFBP3846_genome_assembly_chromosome	C	663959	CHROMOSOM	44%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._lapsa_strain_ATCC_10859_complete_genome	C	199201	-	46%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._maculicola_strain_MAFF_302723_chromosome_complete_genome	C	59511	CHROMOSOM	44%	39%
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_B301D_complete_genome	C	1324931	-	47%	6%
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_HS191_complete_genome	C	1324932	-	46%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._syringae_strain_pss-2019_chromosome_complete_genome	AC	321	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_pv._tomato_str._DC3000_complete_genome	C	223283	-	44%	39%
Pseudomonas_syringae_pv._tomato_strain_GM_113_chromosome_complete_genome	AC	323	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_strain_MUP17_chromosome_complete_genome	C	317	CHROMOSOM	46%	41%
Pseudomonas_syringae_UB303_chromosome_complete_genome	C	1357287	CHROMOSOM	47%	6%
Pseudomonas_syringae_UMAF0158_complete_genome	C	1332075	-	46%	41%
Pseudomonas_syringae_USA007_chromosome_complete_genome	C	1357288	CHROMOSOM	45%	40%
Pseudomonas_syringae_USA011_chromosome_complete_genome	C	1357289	CHROMOSOM	47%	6%
Pseudovibrio_brasiliensis_strain_Ab134_chromosome	C	1898042	CHROMOSOM	48%	10%
Pseudovibrio_sp._FO-BEG1_complete_sequence	C	911045	-	41%	5%
PS6.2_complete_sequence	ABCDR	28901	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_13_g_z51_- _strain_2009K0967_chromosome_complete_genome	ABCR	2734847	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-str._01- 0089_chromosome_complete_genome	ABCR	1173778	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_41_z4_z23_-strain_2016K- 0011_chromosome_complete_genome	ABCR	1151166	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_53_- _str_SA20100345_chromosome_complete_genome	ABCR	1243606	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z36_- _str_RKS2983_complete_genome	ABCR	1386967	-	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_62_z4_z23_- _strain_RSK2980_chromosome_complete_genome	ABCR	41514	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_serovar_63_g_z51_- _strain_SA19981204_chromosome_complete_genome	ABCR	1243607	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._arizonae_strain_PartD-Sarizoneae- RM8376_chromosome_complete_genome	C	59203	CHROMOSOM	99%	98%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_- _strain_PNCS014846_plasmid_p08-4425.2_complete_sequence	ABCDR	2583588	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_12_i_- _strain_CFIAB20160237_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	353569	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_4_5_12_i_- _strain_PNCS014854_plasmid_pPNCS014854_S1_complete_sequence	ABCDR	440524	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Abortusequi_strain_XJP1_plasmid_- pXJP-1_complete_sequence	ABCDR	607	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str_3114_plasmid_pVIRBov_complete_sequence_complete_genome	ABCDR	1320309	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_str_Sal610_plasmid_pSal610	ABCDR	1430436	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovismorbificans_strain_SB699_plasmid_pSCD1_complete_sequence	ABCDR	58097	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str_ATCC_10708_plasmid_pCFSAN000679_01_complete_sequence	ABCDR	938142	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_str._SC-B67_plasmid_pSCV50_complete_sequence	ABCDR	321314	PLAZMID	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choleraesuis_strain_CVM_28296_plasmid_p28296-1_complete_sequence	ABCDR	119912	PLAZMID	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._ATCC_39184_plasmid_pATCC39184_complete_sequence	ABCDR	687860	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CFSAN000517_strain_SGSC_2470_isolate_SARB13_plasmid_pCFSAN000517_1_complete_sequence	ABCDR	1299226	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CT_02021853_plasmid_pCT02021853_74_complete_sequence	ABCDR	439851	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_strain_RM100_plasmid_pRM100_2_complete_sequence	ACDR	98360	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._18569_plasmid_pCFSAN000006_complete_sequence	ABCDR	696867	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._607307-2_plasmid_pCFSAN000045_2_complete_sequence	ABCDR	887070	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._CDC_2010K_0968_strain_CDC_2010K-0968_plasmid_p00_complete_sequence	ABCDR	886715	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20090641_plasmid_pSE9-641_complete_sequence	ABCDR	1412453	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20120005_plasmid_pSE12-5_complete_sequence	ABCDR	1412468	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._LA5_pSLA5_plasmid_complete_sequence	ABCDR	1147754	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._P125109_PT4_plasmid_pSEN_complete_sequence	ABCDR	550537	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._RM2968_plasmid_pRM2968-1_complete_sequence	ABCDR	998822	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_92-0392_plasmid_pSE92-0392_complete_sequence	ABCR	149539	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_Pullorum_strain_R51_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	604	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_str._287_91_plasmid_pSG_complete_sequence	ABCDR	550538	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinarum_strain_SCPM-O-B-4548_plasmid_pB-4548_1_complete_sequence	BCDR	594	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Hissar_strain_SCPM-O-B-4549_plasmid_pB-4549_1_complete_sequence	ABCDR	2564534	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Javiana_str._CFSAN001992_plasmid_pCFSAN001992_complete_sequence	ABCDR	1267753	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kottbus_strain_DSK01_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	224727	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022631_plasmid_pCFSAN022631_complete_sequence	ACDR	486996	PLAZMID	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Milwaukee_str._SA19950795_plasmid_pIncFII.2_complete_sequence	C	1243578	PLAZMID	84%	74%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Newlands_strain_ZC-S1_3rd_plasmid_p_ZC-S1_3rd_complete_sequence	ABCDR	367181	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_07-0715_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	57046	PLAZMID	98%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_RKS4594_plasmid_pSPCV_complete_sequence	ABCDR	476213	PLAZMID	98%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._ATCC_9120_plasmid_pCFSAN000725_01_complete_sequence	ABCDR	1029979	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._CFSAN000606_strain_SGSC_2508_isolate_SARB51_plasmid_pCFSAN000606_complete_sequence	ABCDR	1299269	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_strain_QJ-2D-Sal_plasmid_pQJDsal2_complete_sequence	ABCD	605	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_DT104_plasmid_pDT104_complete_genome	ABCDR	85569	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._14028S_plasmid_complete_sequence	ABCDR	588858	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._798_plasmid_p798_93_complete_sequence	ABCDR	1008297	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2009K-1640_plasmid_pSTY1-2009K-1640_complete_sequence	ABCDR	1454644	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2011K-1702_plasmid_pSTY1-2011K-1702_complete_sequence	ABCDR	1454643	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_H2662_plasmid_pSTY1-H2662_complete_sequence	ABCDR	1454640	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._DT2_plasmid_pSLT_complete_genome	ABCDR	568709	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._L-3553_plasmid_pST3553_DNA_complete_genome	ABCDR	996633	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._LT2_plasmid_pSLT_complete_sequence	ABCDR	99287	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SARA13_plasmid_pSARA13_complete_sequence	ABCDR	1029978	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SL1344_plasmid_pSLT_SL1344_complete_sequence	ABCDR	216597	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._T000240_plasmid_pSTM-DT12_L_DNA_complete_genome	ABCDR	718274	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._U288_plasmid_pSTU288-1_complete_sequence	BCD	1171376	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._UK-1_plasmid_pSTUK-100_complete_sequence	ABCDR	990282	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1808_plasmid_pSTY1-1808_complete_sequence	ABCDR	1454630	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1810_plasmid_pSTY1-1810_complete_sequence	ABCDR	1454647	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1898_plasmid_pSTY2-1898_complete_sequence	ABCDR	1454638	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1899_plasmid_pSTY1-1899_complete_sequence	ABCDR	1454639	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_D23580_genome_assembly_plasmid_D23580_liv_pSLT-BT	ABCDR	568708	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_Z1323HSL0048_plasmid_pZ1323HSL0048-3_complete_sequence	ABCDR	90371	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_var._5-strain_CVM_N16S132_plasmid_pN16S132	ABCDR	1620419	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_16A242_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ACDR	59201	PLAZMID	31%	8%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_16_z4_z32--strain_RKS3027_chromosome_complete_genome	ABCDR	41524	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_serovar_Houten_strain_NCTC10401_genome_assembly_chromosome_1	ABCDR	58100	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._houtenae_str._CFSAN000552_isolate_SARC10_chromosome_complete_genome	ABCDR	1299291	CHROMOSOM	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_42_f_g_t--strain_RKS2986_chromosome_complete_genome	C	41518	CHROMOSOM	81%	5%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_48_z81_z39_strain_2015K-0023_chromosome_complete_genome	C	2733501	CHROMOSOM	78%	72%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_56_b_1_5_strain_SA20053897_chromosome_complete_genome	C	2577858	CHROMOSOM	79%	72%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_56_z10_e_n_x_strain_SA20011914_chromosome_complete_genome	C	2577863	CHROMOSOM	81%	5%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_57_z29_z42_strain_ST114_chromosome_complete_genome	C	1710356	CHROMOSOM	81%	4%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_58_c_z6_strain_2013K-0366_chromosome_complete_genome	C	2577872	CHROMOSOM	79%	72%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_60_z10_z39_strain_2011K-1889_chromosome_complete_genome	C	2733502	CHROMOSOM	78%	72%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_serovar_Greenside_strain_NCTC9936_genome_assembly_chromosome_1	C	297361	CHROMOSOM	81%	5%
Salmonella_enterica_subsp._salamae_strain_CFSAN001013_chromosome_complete_genome	C	59202	CHROMOSOM	79%	72%
Salmonella_sp._174_plasmid_pA_complete_sequence	ABCDR	3413285	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._3C_plasmid_pTL-2_complete_sequence	ABCDR	2979871	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_sp._A39_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2878546	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._CVCC_1806_plasmid_p1_complete_sequence	ABCDR	3029388	PLAZMID	99%	98%
Salmonella_sp._FORC89_plasmid_pFORC89_complete_sequence	ABCDR	2204208	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SAL-007_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816952	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SAL-020_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816953	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SAL-045_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816951	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SJTUF14523_plasmid_p14523B_complete_sequence	ABCDR	2833771	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._SJTUF15034_plasmid_p15034B_complete_sequence	ABCDR	2833772	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._strain_ZCX_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	599	PLAZMID	100%	100%
Shewanella_psychrophila_strain_WP2_complete_genome	C	225848	-	29%	9%
Shigella_boydii_CDC_3083-94_plasmid_pBS512_211_complete_sequence	C	344609	PLAZMID	66%	63%
Shigella_boydii_Sb227_plasmid_pSB4_227_complete_sequence	C	300268	PLAZMID	66%	63%
Shigella_boydii_strain_ATCC_8700_plasmid_unnamed1	C	621	PLAZMID	66%	63%
Shigella_boydii_strain_CIP_56-18_plasmid_pINV_complete_sequence	C	621	PLAZMID	66%	63%
Shigella_dysenteriae_1617_plasmid_pSLG231_complete_sequence	C	754093	PLAZMID	66%	63%
Shigella_dysenteriae_Sd197_plasmid_pSD1_197_complete_sequence	C	300267	PLAZMID	66%	63%
Shigella_dysenteriae_strain_ATCC_12039_plasmid_unnamed_complete_sequence	C	622	PLAZMID	66%	63%
Shigella_flexneri_1a_strain_0439_plasmid_unnamed1_complete_sequence	C	374923	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_1b_strain_SF-018-002_plasmid_psflex002A_complete_sequence	C	41434	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_1c_strain_Y394_plasmid_pINV-Y394_complete_sequence	C	1935181	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_2002017_plasmid_pSFxv_1_complete_sequence	C	591020	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_2a_str._301_virulence_plasmid_pCP301_complete_sequence	C	198214	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_2a_strain_ATCC_29903_plasmid_unnamed1_complete_sequenc	C	42897	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_3a_isolate_83_genome_assembly_plasmid_83_VP	C	424717	PLAZMID	66%	63%
Shigella_flexneri_3a_strain_888048_plasmid_unnamed_complete_sequence	C	424717	PLAZMID	66%	63%
Shigella_flexneri_4c_strain_1205_plasmid_1205p2_complete_sequence	C	1617964	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_7b_strain_94-3007_plasmid_unnamed3_complete_sequence	C	2049486	PLAZMID	66%	64%
Shigella_flexneri_G1663_plasmid_pG1663_complete_sequence	C	1435046	PLAZMID	66%	64%

Shigella_flexneri_plasmid_pINV_F6_M1382_OspF_ospF_and_OspD2_ospD2_genes_complete_cds	C	623	SAM LOCUS	66%	63%
Shigella_flexneri_strain_AUSMDU00021847_genome_assembly_plasmid_2	C	623	PLAZMID	66%	63%
Shigella_flexneri_virulence_plasmid_pWR100_from_1_to_213494	C	1086030	PLAZMID	66%	63%
Shigella_flexneri_Y_strain_93-3063_plasmid_unnamed3_complete_sequence	C	424720	PLAZMID	66%	64%
Shigella_sonnei_53G_plasmid_A_complete_genome	C	216599	PLAZMID	66%	63%
Shigella_sonnei_Ss046_plasmid_pSS_046_complete_sequence	C	300269	PLAZMID	66%	63%
Shigella_sonnei_strain_373220_plasmid_p373220_1_complete_sequence	C	624	PLAZMID	66%	63%
Shigella_sonnei_strain_ST152_plasmid_pSO87_002_complete_sequence	C	624	PLAZMID	66%	63%
Tatumella_ptyseos_strain_Sample4_4_chromosome_complete_genome	C	82987	CHROMOSOM	81%	78%
106_chromosome_pTact_complete_sequence	C	485447	CHROMOSOM	52%	1%
TPA_exp_Pseudomonas_syringae_pv._syringae_B728a	C	205918	-	47%	6%
Trinickia_caryophylli_strain_ATCC_25418_chromosome_1_complete_sequence	C	28094	CHROMOSOM	49%	44%

Tabela nr.6

organizm	skład	taxid	LOKALIZACJA	NT	AA
Achromobacter_xylosoxidans_isolate_AX_NCIMB_11015_WG_genome_assembly_chromosome_BN2877	D	85698	CHROMOSOM	57%	52%
Edwardsiella_ictaluri_strain_Ei-40shipment7_chromosome_complete_genome	CD	67780	CHROMOSOM	72%	62%
Edwardsiella_ictaluri_strain_Ei-54_chromosome_complete_genome	CD	67780	CHROMOSOM	72%	7%
Escherichia_marmotae_strain_HT073016_plasmid_pEM76_complete_sequence	CD	1499973	PLAZMID	48%	3%
Pseudomonas_asplenii_strain_ATCC_23835_genome_assembly_chromosome_I	D	53407	CHROMOSOM	49%	37%
Pseudomonas_psychrophila_strain_A_chromosome_c complete_genome	D	122355	CHROMOSOM	52%	47%
Pseudomonas_synxantha_strain_10586_genome_assembly_chromosome_1	D	47883	CHROMOSOM	37%	8%
Salmonella_enterica_strain_UWI-PS_6_isolate_CFSAN103852_plasmid_pUWI-PS6.2_complete_sequence	ABCDR	28901	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_1_4_5_12_i_-strain_PNCS014846_plasmid_p08-4425.2_complete_sequence	ABCDR	2583588	PLAZMID	100%	100%
-_-strain_CFIAFB20160237_plasmid_unnamed_complet e_sequence	ABCDR	353569	PLAZMID	38%	6%
i-strain_PNCS014854_plasmid_pPNCS014854_S1_com plete_sequence	ABCDR	440524	PLAZMID	100%	100%
sequi_strain_XJP1_plasmid_pXJP-1_complete_sequence	ABCDR	607	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovism orbificans_str._3114_plasmid_pVIRBov_complete_seq uence_complete_genome	ABCDR	1320309	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovism orbificans_str._Sal610_plasmid_pSal610	ABCDR	1430436	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Bovism orbificans_strain_SB699_plasmid_pSCD1_complete_s equence	ABCDR	58097	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choler aesuis_str._ATCC_10708_plasmid_pCFSAN000679_01 _complete_sequence	ABCDR	938142	PLAZMID	100%	99%
aesuis_str._SC-B67_plasmid_pSCV50_complete_sequence	ABCDR	321314	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Choler aesuis_strain_CVM_28296_plasmid_p28296-1_comple te_sequence	ABCDR	119912	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin _str._ATCC_39184_plasmid_pATCC39184_complete_s equence	ABCDR	687860	PLAZMID	100%	100%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CFSAN000517_strain_SGSC_2470_isolate_SARB13_plasmid_pCFSAN000517_1_complete_sequence	ABCDR	1299226	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Dublin_str._CT_02021853_plasmid_pCT02021853_74_complete_sequence	ABCDR	439851	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._18569_plasmid_pCFSAN000006_complete_sequence	ABCDR	696867	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._607307-2_plasmid_pCFSAN000045_2_complete_sequence	ABCDR	887070	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._CDC_2010K_0968_strain_CDC_2010K-0968_plasmid_p00_complete_sequence	ABCDR	886715	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._EC20090641_plasmid_pSE9-641_complete_sequence	ABCDR	1412453	PLAZMID	100%	99%
dis_str._EC20120005_plasmid_pSE12-5_complete_sequence	ABCDR	1412468	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_str._LA5_pSLA5_plasmid_complete_sequence	ABCDR	1147754	PLAZMID	100%	99%
dis_str._P125109_PT4_plasmid_pSEN_complete_sequence	ABCDR	550537	PLAZMID	100%	99%
dis_str._RM2968_plasmid_pRM2968-1_complete_sequence	ABCDR	998822	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Enteritidis_strain_49-2444_plasmid_pSE49-2444_complete_sequence	D	149539	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinaram_Pullorum_strain_R51_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	604	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinaram_str._287_91_plasmid_pSG_complete_sequence	ABCDR	550538	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Gallinaram_strain_SCPM-O-B-4548_plasmid_pB-4548_1_complete_sequence	BCDR	594	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Hissar_strain_SCPM-O-B-4549_plasmid_pB-4549_1_complete_sequence	ABCDR	2564534	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Javiana_str._CFSAN001992_plasmid_pCFSAN001992_complete_sequence	ABCDR	1267753	PLAZMID	100%	99%
s_strain_DSK01_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	224727	PLAZMID	100%	93%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Kunzendorf_strain_CFSAN022631_plasmid_pCFSAN022631_complete_sequence	ACDR	486996	PLAZMID	100%	99%

Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Newlands_strain_ZC-S1_3rd_plasmid_p_ZC-S1_3rd_complete_sequence	ABCDR	367181	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Paratyphi_C_strain_07-0715_plasmid_unnamed_complete_sequence	ABCDR	57046	PLAZMID	100%	100%
phi_C_strain_RKS4594_plasmid_pSPCV_complete_sequence	ABCDR	476213	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._ATCC_9120_plasmid_pCFSAN000725_01_complete_sequence	ABCDR	1029979	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_str._CFSAN000606_strain_SGSC_2508_isolate_SAR_B51_plasmid_pCFSAN000606_complete_sequence	ABCDR	1299269	PLAZMID	99%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Pullorum_strain_QJ-2D-Sal_plasmid_pQJDsal2_complete_sequence	ABCD	605	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_DT104_plasmid_pDT104_complete_genome	ABCDR	85569	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._14028S_plasmid_complete_sequence	ABCDR	588858	PLAZMID	100%	100%
urium_str._798_plasmid_p798_93_complete_sequence	ABCDR	1008297	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2009K-1640_plasmid_pSTY1-2009K-1640_complete_sequence	ABCDR	1454644	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_2011K-1702_plasmid_pSTY1-2011K-1702_complete_sequence	ABCDR	1454643	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._CDC_H2662_plasmid_pSTY1-H2662_complete_sequence	ABCDR	1454640	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._DT2_plasmid_pSLT_complete_genome	ABCDR	568709	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._L-3553_plasmid_pST3553_DNA_complete_genome	ABCDR	996633	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._LT2_plasmid_pSLT_complete_sequence	ABCDR	99287	PLAZMID	100%	100%
urium_str._SARA13_plasmid_pSARA13_complete_sequence	ABCDR	1029978	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._SL1344_plasmid_pSLT_SL1344_complete_sequence	ABCDR	216597	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._T000240_plasmid_pSTM-DT12_L_DNA_complete_genome	ABCDR	718274	PLAZMID	100%	100%
urium_str._U288_plasmid_pSTU288-1_complete_sequence	BCD	1171376	PLAZMID	100%	100%

urium_str._UK-1_plasmid_pSTUK-100_complete_sequence	ABCDR	990282	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1808_plasmid_pSTY1-1808_complete_sequence	ABCDR	1454630	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1810_plasmid_pSTY1-1810_complete_sequence	ABCDR	1454647	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1898_plasmid_pSTY2-1898_complete_sequence	ABCDR	1454638	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_str._USDA-ARS-USMARC-1899_plasmid_pSTY1-1899_complete_sequence	ABCDR	1454639	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_D23580_genome_assembly_plasmid_D23580_liv_pSLT-BT	ABCDR	568708	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_serovar_Typhimurium_strain_Z1323HSL0048_plasmid_pZ1323HSL0048-3_complete_sequence	ABCDR	90371	PLAZMID	100%	100%
urium_var_5-strain_CVM_N16S132_plasmid_pN16S132	ABCDR	1620419	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_enterica_subsp._enterica_strain_16A242_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ACDR	59201	PLAZMID	100%	100%
_z32--strain_RKS3027_chromosome_complete_genome	ABCDR	41524	CHROMOSOM	98%	96%
n_strain_NCTC10401_genome_assembly_chromosome_1	ABCDR	58100	CHROMOSOM	98%	96%
0552_isolate_SARC10_chromosome_complete_genome	ABCDR	1299291	CHROMOSOM	98%	96%
Salmonella_sp._174_plasmid_pA_complete_sequence	ABCDR	3413285	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._3C_plasmid_pTL-	ABCDR	2979871	PLAZMID	100%	100%
Salmonella_sp._A39_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2878546	PLAZMID	100%	93%
Salmonella_sp._CVCC_1806_plasmid_p1_complete_sequence	ABCDR	3029388	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._FORC89_plasmid_pFORC89_complete_sequence	ABCDR	2204208	PLAZMID	100%	99%
007_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816952	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SAL-020_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816953	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SAL-045_plasmid_unnamed1_complete_sequence	ABCDR	2816951	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SJTUF14523_plasmid_p14523B_complete_sequence	ABCDR	2833771	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._SJTUF15034_plasmid_p15034B_complete_sequence	ABCDR	2833772	PLAZMID	100%	99%
Salmonella_sp._strain_ZCX_plasmid_unnamed2_complete_sequence	ABCDR	599	PLAZMID	100%	100%

unidentified_bacterial_endosymbiont_isolate_Enterobacter_chilo_genome_assembly_chromosome_1	D	2355	CHROMOSOM	89%	85%
---	---	------	-----------	-----	-----